

遥感与地理信息系统技术在疟疾研究中的应用与发展

王晓凤 王丽萍 马家奇 宫鹏

【关键词】 疟疾; 遥感; 地理信息系统; 应用与发展

The applications and developments of remote sensing and geographical information system technology in malaria research WANG Xiao-feng¹, WANG Li-ping, MA Jia-qi, et al. ¹State Key Laboratory of Remote Sensing Science, Institute of Remote Sensing Applications, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

Corresponding author: GONG Peng, Email: gong@irsa.ac.cn

【Key words】 Malaria; Remote sensing; Geographical information system; Applications and developments

疟疾是一种由疟原虫引起的、经按蚊叮咬而传播的重要寄生虫病,按蚊是人类疟疾的惟一传播媒介。气候、地理、生态等环境因素直接影响人和按蚊的生存环境,对疟疾的分布起决定性作用,所以地理环境因素对疟疾流行与传播的影响受到关注。地理信息系统(GIS)具有空间数据管理、分析与显示功能,卫星遥感(RS)技术可以对地表环境进行动态观测,获取地理环境信息,且覆盖面广、信息量大、不受地理环境条件限制。近年来,GIS和遥感的结合已越来越广泛地应用到疟疾研究中,在疟疾控制监测及预测预警方面发挥了重要作用。

1. GIS与空间数据分析:GIS是以地理空间数据库为基础,在计算机软、硬件的支持下,对空间相关数据进行采集、管理、操作、分析、模拟和显示,并采用地理模型分析方法,适时提供多种空间和动态的地理信息,为地理研究和空间决策服务而建立起来的计算机技术系统^[1]。

GIS通过空间位置(地理坐标)与疫情数据对接,可以进行交互显示和分析,进行疟疾等自然疫源性传染病医学地图制作和空间流行趋势分析。如Booman等^[2]利用GIS绘制了南非Mpumalanga的疟疾案例分布,对危险性分级显示出明显的空间变化。刘永孝^[3]建立了安徽省疟疾发病的GIS模型,揭示了安徽省疟疾循环高发的规律和严重流行区;李奔福等^[4]制作了云南省疟疾发病和死亡分布密度专题地图,直观地反映了云南省疟疾流行动态;王伟明等^[5]制作了江苏省各年度疟疾流行图。

GIS区别于一般信息系统的关键在于其处理空间数据

的能力。疟疾流行时空分布广泛且复杂,不同发病类型和不同按蚊的生存环境差别很大。疫情数据、按蚊数据以及环境数据有不同的来源及数据表现形式,GIS能支持对这些数据的关系研究,为建立相应的流行病学模型与预警系统提供支撑。

Hu等^[6]利用GIS对云南省疟疾发病率与年平均气温、年降雨量、最低高程(海拔)、森林覆盖度、位置(是否位于边境处)、农民年人均收入、城镇人口比例、医院每千人床位数等进行线性回归,发现云南省疟疾形势与自然环境、传播媒介和人口流动有关。Srivastava等^[7,8]利用GIS集成水量、水质、水文、土壤类型、灌溉渠道等专题地图,分层分析获得Nadiad村疟疾高发的条件;结合GIS分析与布尔运算,模拟出印度大劣按蚊的分布区。Klinkenberg等^[9]通过对斯里兰卡Uda Walawe灌溉区10年疟疾月发病率分布的空间分析得出:高疟疾风险区平均降雨量大,森林覆盖度高,农作物主要采用轮耕,大量灌溉水库闲置而且社会经济水平落后。

人们通过对与疟疾流行相关的气候、生态和社会经济多项因素的GIS分析研究,提高了对区域疟疾流行强度与其影响因子特征的认识,加深了对环境与按蚊、疟疾发病率关系的理解。同时也对空间基础数据提出了更高的要求——数据覆盖范围大、涵盖面广、详细程度高,可整合利用性强等。

2. 遥感与环境信息获取:遥感是通过遥感器“遥远”采集目标的数据,并通过对数据的分析来获取有关地物目标信息的一门科学和技术。高空和外层空间各种平台上的多种传感器获取的地表信息,通过数据的加工处理,可以实现研究地面物体形状、大小、位置、性质及其环境关系等^[10]。遥感技术由于能快速、准确、客观地监测地表环境的变化,且具有覆盖面广、信息丰富、可重复观察、不受地理环境条件的限制等优点;自1971年NASA率先利用航空遥感资料识别蚊媒栖息地以来,随着遥感技术的发展,其在疟疾研究中的应用得到了广泛的关注^[11-18]。

遥感技术可以获取温度(包括大气、土壤及水表面温度)、水(包括识别水体、计算土壤湿度、估计降雨量及大气水汽)、植被(包括地表植被的覆盖状况及其分布、植被类型的识别)、地形及土地利用状况等信息,而这些信息正是与传播媒介按蚊的存在、孳生繁殖及消长以及与疟疾(包括其他的虫媒传染病)传播流行密切相关的生态环境因素。因此通过遥感观测的环境数据与疟疾传播流行的关联研究,可以为疾病监测和控制服务。

在疟疾流行影响因素分析过程中,气温、降雨、植被、土地利用等都可以通过遥感技术获得,如归一化植被指数

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2009.04.025

基金项目:国家自然科学基金(30590370)

作者单位: 100101 北京,中国科学院遥感应用研究所 遥感科学国家重点实验室(王晓凤、宫鹏);中国疾病预防控制中心(王丽萍、马家奇)

通信作者: 宫鹏, Email: gong@irsa.ac.cn

(NDVI)、冷云间期(CCD)、地表温度(LST)等,为疟疾监测研究提供了大量的环境信息^[19-21]。NDVI可综合反映植被覆盖、温度、湿度、降雨量等生态信息,这些生态信息与蚊虫孳生地密切相关。大量研究表明NDVI是疟疾研究中的良好生态信息指标。如Nihei等^[22]利用1997—1998年湄公河流域月NDVI数据,并分别制作0.2+、0.3+、0.35+和0.4+不同级别的NDVI分布图,与不同疟疾参数进行复合分析得出:NDVI值0.3+和0.4+与疟原虫分布匹配较好,特别是在NDVI值0.4+且持续6个月以上的地方疟疾盛行;Liu和Chen^[24]分析中国云南省10个县27个乡镇的月平均气候、按蚊密度、疟疾病例数和NDVI数据,结果显示,遥感获取的NDVI是推算按蚊密度和疟疾发病率的敏感指标。

遥感获取的多种生态环境替代指标与蚊虫密度分布和疟疾疫情具有一定相关性,在疟疾疫情研究、疫情危险性分层与疫情预警等方面的应用已得到了验证^[14,17,25],表明遥感应用能改善疾病与环境的关系研究。

3. 遥感/GIS技术在疟疾研究中的综合应用:影响疟疾流行的因素非常复杂,按蚊是疟疾传播的自然媒介,其分布、密度与疟疾流行关系密切,必须深入探索蚊媒孳生地分布、幼虫和成蚊密度与环境因素的关系,并建立模型实施预测。借助遥感与GIS技术可以监测蚊媒密度、孳生地环境与疟疾疫情;绘制疟疾高危人群分布图和高危地区分布图,确定蚊媒孳生地,合理配置疟防资源;综合分析蚊媒资料、遥感生态资料、疫情资料,建立疟疾疫情预测多因素复合模型,对疟疾疫情进行有效预测。

Wood等^[26]使用加利福尼亚地区TMS和TM数据分析得到区域土地利用图,并用GIS工具计算出水稻田与最近血源(家畜饲养地)的距离,结合104个实地调查结果,分析了幼虫数与水稻分蘖数、叶面积指数以及家畜饲养地距离的关系,使用3种不同统计方法区别出蚊幼虫高密度和低密度分布的水稻田,精度达到75%~85%之间,可以提前2个月识别出蚊幼虫密度较高的稻田。Beck等^[27]利用墨西哥南部Chiapas地区的卫星遥感数据产生景观要素地图,利用GIS计算各景观要素构成比例,研究40个村庄的各景观要素构成与虫媒数量关系,结果显示,最大影响按蚊分布的是变迁性沼泽地和未管理的草地,应用这2个要素的模型可正确区分出媒介分布高和低的村庄,准确率高达90%以上。将此建立的模型用于Huixtla地区,同样用遥感影像生成区域景观要素图,随机检验40个村庄模型总精度达到70%^[28];Kleinschmidt等^[29]利用马里101个疟疾调查点的历史资料和影响疟疾流行的单个潜在因素,包括长期的月平均降雨、降雨量>60mm的月数、平均最高/最低温度、逐月NDVI、人口密度和通过GIS得到的调查点到水体的距离,回归分析建立了区域疟疾预测图;再通过GIS的空间自相关分析和空间插值大大提高了预测精度。同时在KwaZulu Natal地区应用广义线性混合模型和变差方法调整区域强空间相关性,获得了多元回归分析模型^[30],进一步提高了预测精度。

景观流行病学(Landscape epidemiology)、地统计学

(Geo-statistics)等交叉学科与遥感和GIS分析技术相结合,也逐步应用到流行病学研究中^[31,32]。Kleinschmidt等^[33]采用空间统计方法,利用一系列影响疟疾流行强度的生物-物理环境因素建立了西非地区4个农业-生态区的疟疾传播模型,并用这个模型制作出整个西非的疟疾分布预测图。Gempelli等^[34]尝试利用贝叶斯地统计逻辑回归模型,用马尔科夫链蒙特卡罗模拟方法模拟Mali地区疟疾患儿死亡危险性分布,并用空间统计模型揭示出大范围内疟疾的流行程度;Minakawa等^[35]利用空间点格局分析考察Kenya高地的按蚊幼虫孳生地的空间分布,分析干湿季节按蚊生境在土地利用和地形上的特征(包括Kolmogorov-Smirnov单样本检验、逻辑回归和双变异点格局方法),取得了较好的结果。

大量的研究,尤其是利用遥感数据、气候数据建立的GIS疟疾流行模型,在按蚊密度预测、孳生地分析、疟疾潜在流行区制图等方面起到重要作用,推进了全球的疟疾防治。

4. 遥感/GIS技术在疟疾研究中的问题与展望:作为一种信息获取手段,遥感技术在研究疾病影响因素,以及促进GIS技术、地统计学和景观生态学理论的应用等领域都起到了重要作用。利用遥感数据、气候数据对疟疾流行的GIS分析与建模,虽然对加深人们在时间、空间上对疟疾传播过程的理解、制定控制策略有帮助,但是遥感技术对环境监测受到天气、传感器分辨率和重访周期、数据连续性、数据获取费用、环境参数信息提取算法精度等的制约,GIS技术受到数据质量、一致性和相容性等的制约,在流行病学研究中面临诸多挑战。

人们知道疟疾的流行是自然因素与社会经济因素共同作用的结果,目前考虑的因素中,除气候、地表环境因素外,也包括人口、城市化、医学诊治及防疫条件等社会经济因素^[36-39]。由于对疟疾流行机制了解不够加上缺乏相关环境数据,阻碍了人们深入理解疟疾流行机制。必须获得所有相关因素足够准确的数据,并综合纳入预测模型,模型预测的准确性才能进一步提高。只有最终理解了疟疾流行的时空传播过程机制,具备所需数据的准确度,才能建立起高预测精度的模型。研究疟疾时空传播的机制模型,可以参考基于GIS与遥感构建血吸虫病时空传播过程模型的研究^[40,41]。上述问题进一步阐述如下。

(1) 遥感替代指标的合理使用问题:依据遥感资料建立疟疾疫情预测模型的理论基础还不完备,如传统气象学指标与卫星遥感气象学替代指标的关系,遥感生态学替代指标与传统蚊媒传播信息的关系均不明确。还需进一步确定遥感替代指标的适用性,进一步验证遥感替代指标、传统气象学指标及蚊媒传播指标的关系。所以需进一步完善目前已采用指标的使用范围,并不断寻求新的更高精度和更能反映微小环境状况的替代指标。另外,需要提高现有数据的利用率。

(2) 遥感数据与其他数据的统一问题:疾病流行的多种信息,卫生防疫、土地规划、气象监测以及人口统计等,数据来源广泛,不同数据源的数据集中表现在最小分辨单元、采

集时间、频率等不一致。例如,社会数据多为按行政体系收集获得的数据,而遥感数据是以一定空间分辨率的格网收集获得的;因此,需要制定一定的标准规范,按照统一的标准收集与构建数据库,并实现数据共享,解决多源数据的综合应用问题。

(3) 相关学科基础问题: 疟疾疫情变化多样, 影响疫情的因素错综复杂, 如地形对环境参数的影响, 气候和地理因素的相互作用对生态系统造成的影响, 建立疟疾传播模型与蚊虫孳生地模型难度就相当大; 同时, 在现阶段对疾病预防与控制力度加强的情况下, 人类作用的具体指标与量化和在预测模型中的表达均有待研究, 已经建立的预测模型的适用性与准确性需不断检验和完善。

(4) 模型综合问题: 以气候数据、遥感数据为基础利用 GIS 建立起来的预测模型, 和基于疾病数据从公共卫生统计学角度出发建立起来的疟疾监测预测模型, 已得到广泛的发展。而 Ross-Macdonald 模型作为疟疾传播动力学模型, 在空间上没有很好地利用起来。所以加强 Ross-Macdonald 传播动力学模型的研究和应用, 对建立疟疾监测、预测和预警系统有重要意义。

综上所述, 目前疟疾时空传播模拟的诸多挑战突出表现在学科交叉不够。疟疾流行病学应与地理学、GIS 和遥感技术、社会科学等相关领域的学者加强交流。遥感与 GIS 相结合为疟疾研究提供了新的方法, 是宏观研究的有效工具。随着遥感影像数据获取能力和 GIS 计算机软、硬件技术的发展, 两者的结合在疟疾控制工作中将发挥更大的作用。但遥感技术并不能代替常规的检测, 而是更应该与传统的现场调查相结合, 综合利用自然及社会经济信息; 在分析方法上通过多学科交叉拓宽思路, 融合 GIS 空间分析与其他学科的方法, 达到更好地为疟疾控制和预警服务的目的。

参 考 文 献

- [1] 张超, 陈丙咸, 邹伦. 地理信息系统. 北京: 高等教育出版社, 1995: 1-35.
- [2] Booman M, Durrheim DN, Grange KL, et al. Using a geographical information system to plan a malaria control programme in South Africa. Bull WHO, 2000, 78: 1438-1444.
- [3] 刘永孝. 安徽省疟疾发病地理信息系统研究. 疾病控制杂志, 2007, 11: 379-382.
- [4] 李奔福, 李崇珍, 张再兴, 等. 应用 GIS 技术分析云南省 2004 年疟疾流行状况. 中国病原生物学杂志, 2007, 2: 147-149.
- [5] 王伟明, 杨坤, 金小林, 等. 地理信息系统在江苏省疟疾监测中的应用. 中国热带医学, 2007, 7: 1523-1556.
- [6] Hu H, Singhasivanon P, Salazar NP, et al. Factors influencing malaria endemicity in Yunnan province, PR China (analysis of spatial pattern by GIS). Southeast Asian J Trop Med Public Health, 1998, 29: 191-200.
- [7] Srivastava A, Nagpal BN, Saxena R, et al. Geographic information system as a tool to study malaria receptivity in Nadiad Taluka, Kheda district, Gujarat, India. Southeast Asian J Trop Med Public Health, 1999, 30: 650-656.
- [8] Srivastava A, Nagpal BN, Saxena R, et al. Predictive habitat modelling for forest malaria vector species *An.dirus* in India—a GIS-based approach. Curr Sci, 2001, 80: 1129-1134.
- [9] Klinkenberg E, Hoek WV, Amerasinghe FP. A malaria risk analysis in an irrigated area in Sri Lanka. Acta Tropica, 2004, 89: 215-225.
- [10] 赵英时. 遥感应用分析原理与方法. 北京: 科学出版社, 2003: 1-8.
- [11] Hay SI, Snow RW, Rogers DJ. From predicting mosquito habitat to malaria seasons using remotely sensed data: practice, problems and perspectives. Parasitology Today, 1998, 14: 306-313.
- [12] Thomson MC, Connor SJ, Milligan P, et al. The ecology of malaria-as seen from Earth-observation satellites. Ann Trop Med Parasitol, 1996, 90: 243-264.
- [13] Beck LR, Lobitz BM, Wood BL. Remote sensing and human health: new sensors and new opportunities. Emerg Infect Dis, 2000, 6: 217-226.
- [14] Goetz SJ, Prince SD, Small J. Advances in satellite remote sensing of environmental variables for epidemiological applications. Adv Parasitol, 2000, 47: 289-307.
- [15] Rogers DJ, Randolph SE, Snow RW, et al. Satellite imagery in the study and forecast of malaria. Nature, 2002, 415: 710-715.
- [16] Omumbo JA, Hay SI, Goetz SJ, et al. Updating historical maps of malaria transmission intensity in East Africa using remote sensing. Photogramm Eng Rem S, 2002, 668: 161-166.
- [17] Kaya S, Pultz TJ, Mbogo CM, et al. The use of radar remote sensing for identifying environmental factors associated with malaria risk in Coastal Kenya. IGARSS, 2002: 24-28.
- [18] Masuokaa PM, Clabomb DM, Andrec RG, et al. Use of IKONOS and Landsat for malaria control in the Republic of Korea. Remote Sens Environ, 2003, 88: 187-194.
- [19] Rogers DJ, Hay SI, Packer MJ. Predicting the distribution of tsetse-flies in West-Africa using temporal Fourier processed meteorological satellite data. Ann Trop Med Parasitol, 1996, 90: 225-241.
- [20] Hay SI, Tuckey CJ, Rogers DJ, et al. Remotely sensed surrogates of meteorological data for the study of the distribution and abundance of arthropod vectors of disease. Ann Trop Med Parasitol, 1996, 90: 1-19.
- [21] Hay SI, Snow RW, Rogers DJ. Predicting malaria seasons in Kenya using multitemporal meteorological satellite sensor data. Trans R Soc Trop Med Hyg, 1998, 92: 12-20.
- [22] Nihei N, Hashida Y, Kobayashi M, et al. Analysis of malaria endemic areas on the Indochina Peninsula using remote sensing. Jpn J Infect Dis, 2002, 55: 160-166.
- [23] 杨国静, 周晓农, Malone JB, 等. 应用遥感资料预测疟疾流行趋势的可行性研究. 中国寄生虫病防治杂志, 2002, 15: 339-342.
- [24] Liu J, Chen X. Relationship of remote sensing normalized differential vegetation index to anopheles density and malaria incidence rate. Biomed Environ Sci, 2006, 19: 130-132.
- [25] Hay SI, Lennon JJ. Deriving meteorological variables across Africa for the study and control of vector-borne disease: a comparison of remote sensing and spatial interpolation of climate. Trop Med and Intern Health, 1999, 4: 58-71.
- [26] Wood B, Washino R, Beck L, et al. Distinguishing high and low anopheline-producing rice fields using remote sensing and GIS technologies. Prev Vet Med, 1991, 11: 277-288.
- [27] Beck LR, Rodriguez MH, Dister SW, et al. Remote sensing as a landscape epidemiological tool to identify villages at high risk for malaria transmission. Am J Trop Med Hyg, 1994, 51: 271-280.
- [28] Beck LR, Rodriguez MH, Dister SW, et al. Assessment of a remote sensing-based mode for prediction malaria transmission risk in vilages of Chiapas, Mexico. Am J Trop Med Hyg, 1997, 56: 99-106.
- [29] Kleinschmidt I, Bagayoko M, Clarke G, et al. A spatial statistical approach to malaria mapping. Int J Epidemiol, 2000, 29: 355-361.
- [30] Kleinschmidt I, Sharp BL, Clarke G, et al. Use of generalised linear mixed models in the spatial analysis of small area malaria incidence rates in KwaZulu Natal, South Africa. Am J

Epidemiol, 2001, 153:1213-1221.

[31] Graham AJ, Atkinson PM, Danson FM. Spatial analysis for epidemiology. *Acta Tropica*, 2004, 91:219-225.

[32] Ostfeld RS, Glass GE, Keesing F. Spatial epidemiology: an emerging (or re-emerging) discipline. *Trends in Ecology and Evolution*, 2005, 20:328-336.

[33] Kleinschmidt I, Omumbo J, Briet O, et al. An empirical malaria distribution map for West Africa. *Trop Med Intern Health*, 2001, 6:779-786.

[34] Gemperli A, Vounatsou P, Kleinschmidt I, et al. Spatial patterns of infant mortality in Mali: the effect of malaria endemicity. *Am J Epidemiol*, 2004, 159:64-72.

[35] Minakawa N, Munga S, Atieli F, et al. Spatial distribution of anopheline larval habitats in Western Kenya highlands-Effects of land cover types and topography. *Am Soc Trop Med and Hyg*, 2005, 73:157-165.

[36] Guyatt HL, Corlett SK, Robinson TP, et al. Malaria prevention in highland Kenya: indoor residual house-spraying vs. insecticide-treated bednets. *Trop Med and Intern Health*, 2002,

7:298-303.

[37] Hay SI, Guerra CA, Tatem AJ, et al. Urbanization, malaria transmission and disease burden in Africa. *Nature Reviews / Microbiology*, 2005, 3:81-90.

[38] Srivastava HC, Kant R, Sharma SK. Relationship between malaria and sociocultural aspects in villages along the river Mahi in central Gujarat. *J Indian Med Assoc*, 2007, 105:304-306.

[39] Chiyaka C, Tchuente JM, Garira W, et al. A mathematical analysis of the effects of control strategies on the transmission dynamics of malaria. *Applied Mathematics and Computation*, 2008, 195:641-662.

[40] Xu B, Gong P, Seto E, et al. A spatial-temporal model for assessing the effects of inter-village connectivity in schistosomiasis transmission. *Ann AAG*, 2006, 96:31-46.

[41] 官鹏, 徐冰, 梁松. 遥感与地理信息系统在传染病时空动态模拟中的应用. *中国科学C辑*, 2006, 36:184-192.

(收稿日期:2008-10-07)

(本文编辑:尹廉)

· 疾病控制 ·

一株携带四种β-内酰胺酶基因鲍曼不动杆菌的检测

张烽 苏青和 程华莉 陈蓉芳 黄璇 秦玲 糜祖煌 潘宇红

目前鲍曼不动杆菌(Ab)对β-内酰胺类抗生素的耐药情况日益严重,各种Ab菌的β-内酰胺酶基因检出率也逐年上升。本研究检测南通大学附属第三医院烧伤科Ab菌的β-内酰胺酶基因时,发现1株Ab菌同时携带4种β-内酰胺酶基因。该菌株于2007年9月16日分离自我院烧伤科1例患者的痰液标本。采用法国VITEK32全自动微生物分析仪鉴定菌种和KB法测定13种β-内酰胺类抗菌药物的敏感性,根据CLSI 2005年版标准规定的临界值判定结果。PCR检测20种β-内酰胺酶基因:blaTEM、blaSHV、blaOXA-10群、blaOXA-20群、blaPER、blaVEB、blaGES、blaCARB、blaCTX-M-1群、blaCTX-M-2群、blaCTX-M-9群、blaIMP、blaVIM、blaSIM、blaOXA-23群、blaOXA-24群、blaOXA-51群、blaOXA-58群、blaADC和blaDHA。PCR试剂盒由无锡市克隆遗传技术研究所提供。各种靶基因PCR扩增体系均为:每反应体系P₁、P₂引物各0.5 μmol/L, dNTPs各200 mmol/L, KCl 10 mmol/L, (NH₄)₂SO₄ 8 mmol/L, MgCl₂ 2 mmol/L, Tris-HCl (pH 值 9.0) 10 mmol/L, NP₄₀ 0.5%, BSA 0.02% (wt/vol), Taq DNA pol 1 U。总反应体积 20 μl(其中模板液 5 μl)。PCR扩增产物长度>500 bp热循环参数均为:93℃预变性2 min,然后93℃ 60 s、55℃ 60 s、72℃ 60 s,循环35个周期,最后72℃延长5 min。PCR扩增产物长度<500 bp热循环参数均为:93℃预变性2 min,然后93℃ 30 s、55℃ 30 s、72℃ 60 s,循环35个周期,最后72℃延长5 min。扩增产物

做2%琼脂糖凝胶电泳,紫外凝胶电泳成像仪下观察,并记录结果。产物直接在美国ABI公司3730型毛细管全自动测序仪上进行测序,结果做BLASTx比对分析。检测结果显示,该菌株除对头孢哌酮/舒巴坦敏感外,对其余12种β-内酰胺类抗菌药物均耐药。PCR检测β-内酰胺酶基因blaTEM、blaPER、blaADC和blaOXA-23阳性,其余16种β-内酰胺酶基因为阴性。测序结果分别为blaTEM-1、blaPER-1、blaADC-25和blaOXA-23基因型。

近年来,同时携带2种甚至3种β-内酰胺酶基因的Ab菌不断出现^[1-3],本研究发现1株菌同时含有blaTEM(广谱酶基因)、blaPER(ESBL基因)、blaADC(AmpC酶基因)和blaOXA-23(碳青霉烯酶基因)4种β-内酰胺酶基因的Ab菌。该菌株虽不含金属酶基因,却同时含有AmpC酶基因和碳青霉烯酶基因。鉴于OXA酶对碳青霉烯类抗生素水解活性较低^[4],而该菌株对碳青霉烯类抗生素亚胺培南和美罗培南均耐药,因此AmpC酶基因是否发挥了更大的作用抑或两类耐药基因具有协同作用还有待进一步研究。

参 考 文 献

[1] 龙建国, 侯天文, 张健, 等. 不动杆菌高活性β-内酰胺酶的检测及耐药分析. *中华流行病学杂志*, 2004, 25(3):276.

[2] Kim JW, Heo ST, Jin JS, et al. Characterization of *Acinetobacter baumannii* carrying bla(OXA-23), bla(PER-1) and armA in a Korean hospital. *Clin Microbiol Infect*, 2008, 14(7):716-718.

[3] 蔡挺, 张顺, 许小敏, 等. 鲍曼不动杆菌17种β-内酰胺酶基因研究. *中国人兽共患病学报*, 2007, 23(11):1101-1104.

[4] Afzal-Shah M, Woodford N, Livermore DM. Characterization of OXA-25, OXA-26, and OXA-27, molecular class D beta-lactamases associated with carbapenem resistance in clinical isolates of *Acinetobacter baumannii*. *Antimicrob Agents Chemother*, 2001, 45(2):583-588.

(收稿日期:2008-11-10)

(本文编辑:尹廉)

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2009.04.026

基金项目:无锡市社会发展计划项目(CSZ00829)

作者单位:214041 无锡,南通大学附属第三医院检验科(张烽、程华莉、陈蓉芳、黄璇、潘宇红),烧伤科(苏青和);无锡市克隆遗传技术研究所(秦玲、糜祖煌)

通信作者:潘宇红, Email: yuhong100@sina.com