

<<耐药结核病防治手册>>

图书基本信息

书名：<<耐药结核病防治手册>>

13位ISBN编号：9787117121569

10位ISBN编号：7117121564

出版时间：2009-11

出版时间：人民卫生出版社

作者：唐神结 主编

页数：177

版权说明：本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问：<http://www.tushu007.com>

## <<耐药结核病防治手册>>

### 前言

结核病危害人类健康已上万年，直到六七十年前，我们还没有治疗结核病的药物。而现在，又面临耐药结核病的危害，包括对所有主要的抗结核病药物具有耐药性的耐多药和广泛耐药结核病。

世界卫生组织所调查的国家，几乎都发现了耐多药结核病。

2007年估计新增耐多药结核病为51.1万例，其中5万为广泛耐药结核病病例，耐药结核病的出现是抗结核药使用不规范的“后果”，而其治疗极为困难。

2009年5月第六十二届世界卫生大会对预防和控制耐多药和广泛耐药结核病给予了特别的关注，指出全部估算耐多药和广泛耐药结核病病例中只有不到3%的病例接受世界卫生组织推荐的标准化治疗

。如何应对耐多药和广泛耐药结核病带来的严重威胁，已经成为我们必须面对的严肃问题。

在这个时刻，本人有幸预览唐神结教授主编的《耐药结核病防治手册》，精神为之一振，此书涵盖耐药结核病的全部领域，分15章，20余万字，从定义与分类、产生原因、发生的分子机制、宿主机制、免疫学基础、流行现状与趋势，分子流行病学到耐药结核病的诊断、治疗策略、化学治疗、辅助治疗，以及耐药结核病的管理、预防与控制等方面进行了全面深入的阐述。

由国内著名专家和新秀肖和平、刘剑君、马琦、屠德华、朱莉贞、傅瑜、安燕生、张广宇、李琦、梅建、王娃民、吴雪琼、胡忠义、张宗德、高微微、初乃惠、李亮、张侠、李焯坚、王琳、卢水华、朱友生、刘刚、乐军、张惠勇、吴福蓉、张忠顺、沙巍、张青、孙华、许申、陈曦、戈启平、杨楠、陈志、席秀红、熊延青等分工编写，全书内容详尽、写作严谨、讨论深入、资料丰富，各章节一气呵成，引发读者在考虑耐药结核病的诊断和治疗之时，深思控制和预防耐药结核病出路何在。

结核病肆虐人类历史已久，如今人类又面临耐药结核病的威胁，愿我们从大处着眼，从小处着手，脚踏实地走上控制耐药结核病之路。

感谢主编和各位作者给我们指明了出路。

## <<耐药结核病防治手册>>

### 内容概要

本书共分15章，20余万字，全书内容涵括了耐药结核病的流行病学、产生原因、发生机制、诊断、治疗、预防与控制等方面。

在本书的编写过程中恰逢WHO“耐药结核病规划管理指南之紧急更新版”问世，我们汲取了其中的精髓，引入了耐药结核病的国际最新观念，结合我国的实际情况，对耐药结核病的当前热点和难点进行了全面详尽地剖析。

本书内容主要阐述耐药肺结核病的基础、临床和预防等。

<<耐药结核病防治手册>>

书籍目录

第一章 耐药结核病的流行现状第二章 耐药结核病的分子流行病学第三章 耐药结核病的定义与分类第四章 耐药结核病的产生原因第五章 耐药结核病发生的分子机制第六章 耐药结核病发生的宿主遗传学机制第七章 耐药结核病的免疫学基础第八章 耐药结核病的诊断 第一节 耐药结核病的常规检测方法 第二节 耐药结核病的快速检测方法 第三节 噬菌体生物扩增法在耐药结核病诊断中的应用 第四节 耐药结核病的基因学诊断方法 第五节 耐药结核病的其他诊断方法 第六节 结核分枝杆菌药敏试验及其结果的评价第九章 耐药结核病的治疗策略第十章 耐药结核病的化学治疗 第一节 耐药结核病的化疗原则 第二节 耐药结核病的化疗药物 第三节 耐药结核病的化疗方案 第四节 特殊人群耐药结核病的治疗 第五节 耐药结核病的化疗药物不良反应及处理第十一章 耐药结核病的辅助治疗 第一节 耐药结核病的介入治疗 第二节 耐药结核病的免疫治疗 第三节 耐药结核病的人工气腹治疗 第四节 耐药结核病的外科治疗 第五节 耐药结核病的中医药治疗第十二章 广泛耐药结核病第十三章 耐药结核病与人类免疫缺陷病毒双重感染第十四章 耐药结核病的管理第十五章 耐药结核病控制策略与预防措施

## &lt;&lt;耐药结核病防治手册&gt;&gt;

## 章节摘录

(二) 间隔区寡核苷酸分型 (spacer oligonucleotide typing, Spoligotyping) Spoligo-typing方法以染色体直接重复序列位点 (direct repeat locus, DR) 多态性为基础。结核分枝杆菌的直接重复序列区包括10~50个直接重复序列, 每个直接重复序列包含36个碱基对, 直接重复序列被不同的大小在35~71bp范围内的间隔区寡核苷酸序列分隔。任意两个直接重复序列间的寡核苷酸序列具有很高的保守性。由于不同菌株间隔区寡核苷酸序列存在多态性, 因此间隔区寡核苷酸序列可用于区分不同的结核分枝杆菌, 此方法称为Spoligotyping。

Spoligotyping相对于IS6110 RFLP方法有2个优点: 首先, 由于Spoligotyping只需要少量DNA, 因此可直接应用于临床标本; 其次, Spoligotyping的结果被表示为每个间隔为阳性或阴性, 可用一种数字形式表示, 因此结果分析简单, 而且数字化结果便于不同实验室间交换实验结果。但是, Spoligotyping分辨力较低, 尤其不适用于存在优势菌株的区分, 如在东南亚和我国普遍流行的具有相同遗传背景是北京基因型菌株, 需要用其他方法进行分型。

(三) 数目可变串联重复序列分型 数目可变串联重复序列 (variable number of tandem repeats, VNTR) 分型方法是新近发展的以PCR技术为基础的一种基因型分型方法。基因组中重复序列的数目在不同菌株间具有多态性, 而重复序列的大小及两侧的序列高度保守。因此可以通过比较VNTR位点的重复序列的数目来区分不同的菌株。结核分枝杆菌散在分布的重复单位 (mycobacterial interspersed repeat units, MIRUs) 是VNTR分型方法的一种, MIRU位点是在结核分枝杆菌基因组中散在分布的41个重复序列, 重复单位的大小在46~100bp之间, 其中12个MIRU位点在不同菌株间具有重复序列数目的多态性, 因此可以作为VNTR位点进行基因型分型。

由于其具有较好的重复性, 并且操作简便, 快速出结果, 花费低, 同时, 数字化的结果便于不同实验室间交换实验结果, 因此VNTR基因型分型方法逐渐被推广应用。

VNTR分型方法的分辨力取决于所采用位点的分辨力: 包括越多高分辨力位点, 该方法的分辨力越高。

但是由于不同地区流行菌株遗传背景的差异, VNTR不同位点的分辨力在不同地区差异很大。

因此, 近几年很多研究都在鉴定适合于该地区的具有高分辨力的VNTR位点。

最近, Zhang等提出了适合我国地区的16个位点和7个位点分型方案, 其分辨力与IS6110 RFLP相当。

<<耐药结核病防治手册>>

版权说明

本站所提供下载的PDF图书仅提供预览和简介，请支持正版图书。

更多资源请访问:<http://www.tushu007.com>