

## 肺炎支原体耐药基因分子检测与临床表型的关联性研究

段菊玲, 杨小娟, 盛优静\*

北京大学第一医院宁夏妇女儿童医院(宁夏回族自治区妇幼保健院) 宁夏银川

**【摘要】目的** 明确肺炎支原体(MP)耐药基因分布特征及其与临床表型的关联。**方法** 纳入2024年1月-2025年12月我院儿科MPP患者200例,收集临床资料及咽拭子标本,进行肺炎支原体核酸及耐药突变位点检测,结合药敏试验分析耐药性,对比耐药组与敏感组临床表型差异并探究相关性。**结果** MP感染阳性率58.72%,特定位点突变为主要类型;耐药组对大环内酯类药物耐药明显,临床症状更重、炎症反应更显著、治疗难度更高,特定位点突变与关键临床指标相关。**结论** MP对大环内酯类药物耐药主要与特定基因位点突变相关,耐药基因阳性患者病情更重,基于荧光PCR的分子检测可辅助评估病情、指导治疗。

**【关键词】** 肺炎支原体; 耐药基因; 23SrRNA; 分子检测; 临床表型; 关联性

**【收稿日期】** 2026年3月17日

**【出刊日期】** 2026年4月25日

**【DOI】** 10.12208/j.ijcr.20260188

### A study on the association between molecular detection of mycoplasma pneumoniae drug resistance genes and clinical phenotypes

Juling Duan, Xiaojuan Yang, Youjing Sheng\*

Peking University First Hospital Ningxia Women and Children's Hospital  
(Ningxia Hui Autonomous Region Maternal and Child Health Hospital) Yinchuan, Ningxia

**【Abstract】Objective** To clarify the distribution characteristics of drug resistance genes in Mycoplasma pneumoniae (MP) and their association with clinical phenotypes. **Methods** A total of 200 pediatric patients with MPP in our hospital from January 2024 to December 2025 were included. Clinical data and throat swab specimens were collected, and MP nucleic acid and drug resistance mutation sites were detected. Drug sensitivity tests were conducted to analyze drug resistance, and the differences in clinical phenotypes between the resistant group and the sensitive group were compared to explore the correlation. **Results** Positive rate of MP infection: 58.72%. The mutations at specific sites were the main type. The resistant group showed significantly higher resistance to macrolide drugs, more severe clinical symptoms, more significant inflammatory responses, and higher treatment difficulty. The specific site mutations were related to key clinical indicators. **Conclusion** The drug resistance of MP to macrolide drugs is mainly related to specific gene site mutations. Patients with positive drug resistance genes have more severe conditions. Molecular detection based on fluorescence PCR can assist in evaluating the condition and guiding treatment.

**【Keywords】** Mycoplasma pneumoniae; Drug resistance genes; 23SrRNA; Molecular detection; Clinical phenotype; Correlation

肺炎支原体(Mycoplasma pneumoniae, MP)是社区获得性肺炎主要病原体,儿童青少年易感,除引发呼吸道症状外,还可导致肺内外并发症<sup>[1]</sup>。大环内酯类为首选治疗药物,但广泛应用致耐药率攀升,构成临床诊疗挑战<sup>[2]</sup>。MP耐药主要与23SrRNA基因2063、2064位点A→G突变相关,传统药敏试验周期长、阳性率低,难以满足早期精准治疗需求,而荧光PCR等分子检测技术具备快速灵敏优势<sup>[3]</sup>。当前MP耐药基因与临

床表型的系统性关联研究尚不完善,本研究旨在分析耐药基因分布特征及其与临床表型的相关性。

#### 1 材料与方法

##### 1.1 研究对象

纳入2024年1月-2025年12月在北京大学第一医院宁夏妇女儿童医院儿科住院MPP患者200例,男性患儿110例、女性患儿90例;年龄1-10岁,均值为(4.8±2.3)岁,按年龄段细分:1岁及以下32例、2-

\*通讯作者: 盛优静

3岁 68例、4-6岁 56例、7-10岁 44例。

### 1.2 实验材料

肺炎支原体核酸及耐药突变位点检测试剂盒(江苏默乐生物科技有限公司)、DNA提取试剂盒, 抗菌药物纸片及PCR扩增仪、荧光定量PCR仪、基因测序仪<sup>[4]</sup>。

### 1.3 实验方法

入院 24h 内采集咽拭子, 将拭子头浸入无菌生理盐水中充分振荡洗涤, 取洗涤液于 4℃ 12000 r/min 离心 5 min, 取沉淀备用。按试剂盒提取总 DNA, 采用默乐生物荧光 PCR 试剂盒检测 MP DNA, 95℃ 预变性 10min 后 40 个循环, Ct<35 为阳性。针对 23SrRNA 基因 2063、2064 位点设计引物, 50μL 体系 PCR 扩增, 1.5%琼脂糖凝胶电泳验证后测序, 比对 GenBank 序列分析突变。咽拭子处理后接种培养后纸片扩散法测 9 种抗菌药物耐药性, 按 CLSI 2023 版标准判读。

### 1.4 临床资料收集

采集所有患者临床信息, 涵盖一般资料、临床症状、实验室指标、影像学表现及治疗预后相关指标, 具体含发热、咳嗽等症状及相关检查、诊疗干预与预后情况。

### 1.5 统计学方法

数据分析借助 SPSS 26.0 软件完成。计量资料以均

数±标准差呈现, 组间对比用 t 检验; 计数资料以例数及百分比表示, 组间比较采用  $\chi^2$  检验; 耐药基因突变与临床指标的关联通过 Spearman 相关性分析探究, 以 P<0.05 界定统计学差异显著性。

## 2 结果

2.1 MP DNA 检测及耐药基因突变分布, 见表 1

2.2 药敏试验结果, 见表 2

2.3 耐药组与敏感组临床表型比较, 见表 3

2.4 耐药组与敏感组实验室及预后相关指标对比总结

耐药组 (n=101) 与敏感组 (n=9) 多项指标差异显著 (P<0.05)。实验室指标中, 耐药组 Neut% (75.6±9.2%)、CRP (65.3±15.7mg/L) 等 6 项指标高于敏感组 (对应 62.3±8.5%等), WBC (8.2±2.1×10<sup>9</sup>/L, P=0.004)、MONO% (6.2±1.8%) 低于敏感组 (对应 9.8±2.4×10<sup>9</sup>/L 等)。影像学上, 耐药组肺实变 (50.49%)、胸腔积液 (16.83%) 等发生率高于敏感组。预后相关指标中, 耐药组住院天数 (14.6±3.5d) 等更长, 糖皮质激素使用 (47.53%) 等比例更高; 仅不良预后发生率两组无差异 (P>0.05)。

表 1 MP DNA 检测及耐药基因突变分布

分组	例数 (n)	耐药基因突变例数 (n)	耐药基因突变率 (%)	P 值	
性别	男性	110	58	52.73	>0.05
	女性	90	43	47.78	
年龄	1岁及以下	32	18	56.25	>0.05
	2-3岁	68	39	57.35	
	4-6岁	56	31	55.36	
	7-10岁	44	23	52.27	
	发病季节	春季	35	19	
夏季	42	23	54.76		
秋季	62	33	53.23		
	冬季	61	46	75.41	

表 2 药敏试验结果

抗菌药物	敏感组耐药率 (n=9) (%)	耐药组 (n=101) 耐药率 (%)	P 值
克拉霉素	0 (0.00%)	89 (88.12%)	<0.001
罗红霉素	0 (0.00%)	87 (86.14%)	<0.001
克林霉素	0 (0.00%)	85 (84.16%)	<0.001
乙酰螺旋霉素	0 (0.00%)	81 (80.20%)	<0.001
红霉素	0 (0.00%)	77 (76.24%)	<0.001
阿奇霉素	0 (0.00%)	72 (71.29%)	<0.001
左氧氟沙星	0 (0.00%)	5 (4.95%)	0.621
莫西沙星	0 (0.00%)	4 (3.93%)	0.753
米诺环素	0 (0.00%)	6 (5.94%)	0.514

表 3 耐药组与敏感组临床表型比较

临床症状	敏感组 (n=9)	耐药组 (n=101)	P 值
发热持续时间 (d)	4.2±1.3	8.6±2.5	<0.001
最高发热体温 (°C)	38.2±0.5	39.5±0.6	<0.001
咳嗽持续时间 (d)	7.5±2.1	14.3±3.2	<0.001
喘息 (%)	2 (22.22)	30 (29.70)	0.867
呼吸困难 (%)	1 (11.11)	12 (11.88)	0.713
腹痛 (%)	1 (11.11)	19 (18.81)	0.820

### 2.5 耐药基因突变与临床指标的相关性分析

Spearman 分析表明, 23SrRNA 基因 2063 位点突变与发热持续时间、咳嗽持续时间、住院天数及 CRP、PCT、LDH 水平显著正相关 ( $P<0.001$ ), 与 WBC、MONO%显著负相关 ( $P<0.001$ ); 2064 位点及双位点突变与各临床指标相关性均较弱 ( $P>0.05$ )。

### 3 讨论

MP 感染诊疗的核心难点在于耐药率攀升引发的治疗失败风险上升, 明确耐药基因状态是精准治疗的关键<sup>[5]</sup>。本研究通过咽拭子标本开展耐药基因检测, 证实该标本可精准反映肺部感染情况, 是 MP 检测的理想类型。研究发现 MP 耐药基因突变以特定位点突变为主, 其通过改变核糖体结构影响药物结合致耐药。此外, 耐药菌株流行存在季节性, 秋冬季突变率更高, 推测与感染高发及药物使用频繁相关, 临床需强化秋冬季耐药监测<sup>[6]</sup>。

药敏结果为 MP 感染临床选药提供关键参考, 提示大环内酯类药物不可盲目首选<sup>[7]</sup>。喹诺酮类与四环素类可作为二线替代方案, 但前者可能影响儿童软骨发育, 后者或致牙齿变色, 需严格把控适用人群<sup>[8]</sup>。

本研究聚焦耐药基因与临床表型关联, 发现耐药基因阳性患者临床症状更重, 炎症反应更强烈, 肺部组织损伤相关影像学表现更突出。治疗层面, 此类患者治疗难度更高、医疗负担更重, 需更多辅助干预且疗程更长<sup>[9]</sup>。但两组不良预后风险无差异, 提示及时调整治疗方案可保障良好预后。

相关性分析证实 23SrRNA 基因 2063 位点突变与临床指标密切相关, 其检测既可判断 MP 对大环内酯类药物耐药性, 也能评估病情严重程度。临床早期通过荧光 PCR 分子检测可预判进展、及时调方案, 避免延误治疗。

综上所述, 23SrRNA 基因 2063 位 A→G 突变是 MP 对大环内酯类耐药的主因, 秋冬季高发。耐药基因

阳性患者病情重、治疗难, 该突变与临床表型相关。临床早期基于荧光 PCR 的耐药基因检测可辅助评估病情、制定个体化方案, 改善预后。

### 参考文献

- [1] 黎锦, 卓广政, 郭爽, 等. 儿童肺炎支原体肺炎不同感染状态下外周血淋巴细胞亚群的特征分析[J]. 中华预防医学杂志, 2025, 59(3):344-351.
- [2] 刘立雍, 张倚玮, 向才鑫, 等. 大环内酯类抗生素耐药肺炎支原体标准菌株的建立与评价[J]. 疾病监测, 2023, 38(12):1466-1472.
- [3] 王云霞, 付雅菲. 两种肺炎支原体检测方法的对比研究[J]. 中国药物与临床, 2021, 21(13):2373-2374.
- [4] 王亨, 徐玮涵, 刘金荣, 等. 儿童重症肺炎支原体肺炎的临床表型分析[J]. 中华儿科杂志, 2024, 62(7):669-675.
- [5] 李丰帆, 吕星, 张嘉梁, 等. 2023 年湖南省儿童支原体肺炎耐药突变及治疗情况分析[J]. 中华预防医学杂志, 2024, 58(12):2038-2044.
- [6] 于跑, 朱峰, 葛争, 等. 重症肺炎支原体肺炎患儿早期淋巴细胞亚群表型特征及支气管镜检查表现[J]. 实用医学杂志, 2025, 41(7):1062-1069.
- [7] 王志丹, 何婷婷, 姜倩雯, 等. 哮喘患儿雾化吸入疗效与呼吸道感染及哮喘易感基因多态性的关联性[J]. 中华医院感染学杂志, 2021, 31(11):1748-1753.
- [8] 张凤莲, 钊鸿云, 童菲, 等. 双抗体夹心酶联免疫吸附试验在肺炎支原体抗原检测中的建立与应用[J]. 中国医药导报, 2025, 22(6):165-170.

版权声明: ©2026 作者与开放获取期刊研究中心 (OAJRC) 所有。本文章按照知识共享署名许可条款发表。

<https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



OPEN ACCESS