XRCC1 基因单核苷酸多态性与铅毒性遗传易感性的关系

张忠',刘祥铨',王志勇',刘合焜',何颖荣',林侃'

- (1. 福州市疾病预防控制中心,福建 福州 350004; 2. 福建省职业病与化学中毒预防控制中心,福建 福州 350001;
- 3. 福建医科大学基础医学院细胞生物学与遗传学系,福建 福州 350004)

摘要:目的 研究 DNA 修复基因 XRCC1 单核苷酸多态性与铅毒性易感性的关系。方法 采集 326 名某蓄电池企业铅作业工人外周静脉血样品,检测血铅和血锌原卟啉(ZPP),采用聚合酶链式反应-限制性片段长度多态(PCR-RFLP)检测 XRCC1 基因型,分析不同基因型铅作业工人与铅毒性易感性的关系。结果 326 名铅作业工人 XRCC1 基因分布呈现多态现象,各基因型的分布频率符合遗传学的 Hardy-Weinberg 平衡(P>0.05);不同基因型组(XRCC1-194CC/CT+TT、XRCC1-280 GG/GA+AA、XRCC1-399GG/GA+AA)工人 ZPP 差异无统计学意义(P>0.05);XRCC1-194CT+TT 基因型组工人平均血铅值高于 XRCC1-241CC 基因型组(P<0.05),而 XRCC1-280GG/GA+AA、XRCC1-399GG/GA+AA 基因型组工人平均血铅值差异无统计学意义(P>0.05);以血铅水平 1.90 μ mol/L 为界,经 χ^2 检验、logistic 回归分析显示,高铅组 XRCC1-194CT+TT 基因型的比例大于低铅组(P<0.05),XRCC1-194CT+TT 基因型组工人较 XRCC1-194CC 基因型组工人高血铅发生率的风险明显增高(OR=2.78,95% CI=1.49~5.28)。结论 XRCC1 Arg194Trp 基因单核苷酸多态性与血铅升高有一定关联性,C \rightarrow T 多态性提高了接铅工人对铅毒性易感的风险性,XRCC1-194CT/TT 基因型可能是铅毒性易感基因型;XRCC1 Arg280His 和 XRCC1 Arg399Gln 多态性可能与铅毒性易感性无关。

关键词: XRCC1 基因; 单核苷酸多态性; 铅毒性; 易感性

中图分类号: R135.11 文献标识码: A 文章编号: 1002 - 221X(2012)04 - 0247 - 05

Relationship between genetic susceptibility to lead toxicity and single nucleotide polymorphisms in XRCC1 gene

ZHANG Zhong*, LIU Xiang-quan, WANG Zhi-yong, LIU He-kun, HE Ying-rong, LIN Kan (*: Fuzhou City Center for Disease Control and Prevention, Fuzhou 350004, China)

Abstract: Objective To explore the relationship between gene polymorphisms of XRCC1 and susceptibility to lead toxicity. Methods 326 blood samples of lead-exposed workers from a storage battery factory in Fuzhou were taken , lead and ZPP levels in blood were analyzed. An assay based on the polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism (PCR-RFLP) technique of restriction enzyme was used to determine the genotype of the XRCC1 gene , then the relationship between XRCC1 polymorphisms and the susceptibility to lead toxicity was studied by genotypes. Results The distribution frequencies of alleles and genotypes of XRCC1 in 326 lead-exposed workers accorded with Hardy-Weinberg equilibrium (P > 0.05), the ${\it differences \ of \ blood \ ZPP \ levels \ among \ different \ genetypes \ (\ XRCC1-194CC/CT + TT \ , \ XRCC1-280GG/GA + AA \ , \ XRCC1-194CC/CT + TT \ , \ XRCC1-194CC/CT + AA \ , \ XRCC1-194CC/CT$ 399GG/GA + AA) showed no significant significance (P > 0.05), the blood lead level of XRCC1-194CT + TT genotype was higher than that of XRCC1-194CC genotype (P < 0.05), however, the differences of blood lead levels between the genetypes XRCC1-280GG/GA + AA and XRCC1-399GG/GA + AA was no statistical significance (P > 0.05) , while in high blood lead group ($> 1.90 \mu mol/L$) the proportion of XRCC1-494CT + TT genotype was higher than that of XRCC1-494CC (P < 0.05), and the workers with XRCC1-194CT + TT genotype had an increased risk of high blood lead (OR = 2.78, 95% CI = 1.49 ~ 5.28). Conclusion The results showed that there is some correlation between XRCC1Arg194Trp polymorphisms and blood lead level, and the polymorphism of C changes to T increase the risk of susceptivity to lead toxicity, and the XRCC1-194CT/TT genotype may be the susceptible genotype to lead toxicity, while the XRCC1Arg280His and XRCC1Arg399Gln polymorphisms is probably not the susceptible factor to lead toxicity.

Key words: XRCC1 gene; single nucleotide polymorphisms; lead toxicity; susceptivity

铅中毒会危害人体的神经、消化、血液、骨骼系

收稿日期: 2012-03-13

基金项目: 福建省自然科学基金面上项目 (2010J01364); 福州市科技局项目 (2010-S-81)

作者简介: 张忠 (1964—),男,主任医师,研究方向: 职业卫生。

机制中除了环境因素外,遗传因素包括基因多态性发挥了重要作用^[4]。本研究应用聚合酶链式反应-限制性片段长度多态(PCR-RFLP)技术检测 X 射线交错互补修复基因 1 (XRCC1) C26304T (Arg194Trp)、C27466A

统等,成为全球严峻的公共卫生问题[1~3]。铅中毒的

(Arg280His)、G28152A(Arg399Gln)基因单核苷酸多态性, 分析其在接铅作业人群中的分布情况,探讨其分布规律与血铅、ZPP等临床表型的关联性,为阐明 XRCC1基因多态性在铅中毒的作用提供重要的遗传学背景资料。

1 对象与方法

1.1 研究对象

采用整群抽样,遵循知情同意原则对某大型台资蓄电池生产企业接铅人员进行研究。纳入标准: 年龄 18 周岁以上,从事烧焊、包片和倒模铸件等接铅作业1年以上的工人,排除了在铅作业前患有高血压、心脏病、糖尿病、肿瘤和胃肠溃疡等既往疾病史者。

326 名男性汉族接铅作业工人纳入此次研究,按PCR-RFLP 技术对 XRCC1 基因分型的结果进行分组,分为 XRCC1-194CC、XRCC1-194CT、XRCC1-194TT、XRCC1-280GG、XRCC1-280GA、XRCC1-280AA、XRCC1-399GG、XRCC1-399GA、XRCC1-399AA组。由于 XRCC1-194T、XRCC1-280A、XRCC1-399A等位基因频率较低,将XRCC1-194CT和 XRCC1-194TT合并、XRCC1-280GA和XRCC1-194CT和XRCC1-1

1.2 方法

- 1. 2. 1 血样采集 手肘部皮肤用 3% 稀硝酸和去离子水洗涤后消毒,采静脉血 5 ml,其中 1 ml 存于装有乙二胺四乙酸(EDTA)的抗凝管中,以冰盒运送至实验室,24 h 内完成血铅、ZPP 测定; 2 ml 存于装有 EDTA 的抗凝管中, $-20 \text{ }^{\circ}\text{ }$ 冰箱冻存,用于基因多态性检测分析; 2 ml 血样装于非抗凝管用于常规临床检验,在 24 h 内完成检测所有待检项目。
- 1.2.2 血铅、血锌原卟啉 (ZPP) 测定 采用 WS/T20—1996 《血中铅的石墨炉原子吸收光谱测定方法》检测血铅浓度,用 ZPP-3800 型血液锌原卟啉测定仪检测血锌原卟啉浓度。
- 1. 2. 3 作业场所铅浓度测定 按 GBZ159—2004 《工作场所空气中有害物质监测的采样规范》布点,按 GBZ/T160. 10—2004 《工作场所空气中有毒物质测定铅及其化合物》采样检测分析,在车间烧焊、包片和倒模铸件等 6 个生产车间 53 处作业岗位设检测点,每个作业点分不同时段采样 4 次,连续 3 d,采用火焰原子吸收光谱法分析,计算 8 h 时间加权平均浓度(8 h-TWA)。
- 1.2.4 问卷调查 采用自行设计调查表进行问卷调查,包括一般情况、铅作业职业史、疾病史、劳动保护、防护知识、教育程度、吸烟史、饮酒史、卫生习惯、锻炼及自觉症状等。

1.2.5 XRCC1 基因型测定

1. 2. 5. 1 主要仪器和试剂 GeneAmp 9600 型热循环仪、Utrospec Ⅱ紫外分光光度计、DYY-6C 电泳仪、Gel Doc 2000 凝胶成像分析系统、Bio-RAD 梯度 PCR 仪、TIANamp Blood DNA Kit、2 × Taq PCR Master-Mix、引物、核酸染料 GoldView、限制性核酸内切酶 Pvu Ⅱ、RsaI、MspI。

1. 2. 5. 2 外周血基因组 DNA 提取 采用 TIANamp Blood DNA Kit 血液基因组 DNA 提取试剂盒(离心柱型) 提取基因组 DNA,按照说明书操作,提取的基因组 DNA 用紫外分光光度计进行 DNA 浓度和纯度估测,要求 OD260/OD280 比值在 1. 7 ~ 1. 9 之间,保存抽提的基因组 DNA 样本于 - 80℃冰箱中备用。

1. 2. 5. 3 PCR 扩增 PCR 引物根据 GenBank 中 XRCC1 基因的序列用 Primer Premier 5. 0 软件自行设计引物,由上海生工生物工程技术有限公司合成。

PCR 反应总体积 25 μl, 含 2 × Taq PCR Master-Mix 12.5 μl、上游引物(10 μmol/L)1 μl、下游引物(10 μmol/L) 1 μl、下游引物(10 μmol/L) 1 μl、模板 DNA 2 μl, 加双蒸水至总体积。扩增参数:冷启动,94 ℃ 预变性 2 min,94 ℃ 变性 30 s,退火 30 s(XRCC1-494 57 ℃、XRCC1-280 59 ℃、XRCC1-399 57 ℃),72 ℃延伸 45 s,共 30 个循环,最后 72 ℃延伸 7 min。

- 1. 2. 5. 4 限制性片段长度多态性分析 PCR 产物分别进行限制性核酸内切酶消化,酶切反应总体积 15 μ l,其中含 PCR 产物 10 μ l,内切酶 1. 0 μ l(Pvu II 10 U 或 RsaI 10 U 或 MspI 10 U),10 × Buffer 2 μ l,加双蒸水至总体积,37 ℃ 孵育 3 h 使样品完全酶切。扩增产物酶切片段用 3% 琼脂糖凝胶电泳分离,核酸染料 GoldView 染色,用 Gel Doc 2000 凝胶成像分析系统观察电泳结果,根据酶切后各片断大小确定单核苷酸多态性及基因型。见表 1。
- 1.2.6 XRCC1 基因型判断 XRCC1-194 扩增产物经 Pvu II 酶切后,野生纯合型 XRCC1-194CC 为 485 bp,杂合型 XRCC1-194CT 为 485 bp、396 bp 和 89 bp,突变纯合型 XRCC1-194TT 为 396 bp 和 89 bp;XRCC1-280 扩增产物经 RsaI 酶切后,野生纯合型 XRCC1-280GG 为 145 bp 和 56 bp,杂合型 XRCC1-280GA 为 201 bp、145 bp 和 56 bp,突变纯合型 XRCC1-280AA 为 201bp; XRCC1-399 扩增产物经 Msp I 酶切后,野生纯合型 XRCC1-399 GG 为 377 bp和 238 bp,杂合型 XRCC1-399GA 为 615 bp、377 bp和 238 bp,突变纯合型 XRCC1-399AA 为 615 bp。
- 1.2.7 统计学方法 用 Hardy-Weinberg 方程计算等

XRCC1 基因	Prime Sequences (5 → 3 ′)	扩增片	退火	RE 及工	等位基因		
SNP 位点	Time sequences (5-3)	段长度	温度	作温度	片段长度(bp)		
C26304T	F: 5′-GCCCGCTCTGGATTATACG-3	485	57 ℃	Pvu ∏	26304C: 485		
(Arg194Trp)	R: 5′-CTATCATCTCCTGGCCCCC-3	483	37 C	37 ℃	26304T: 396、89		
G27466A	F: 5'-CCAGTGGTGCTAACCTAATC-3	201	50.90	RsaI	27466G: 145、56		
(Arg280His)	R: 5′-CACTCAGCACCACTACCACA-3	201	59 ℃	37 ℃	27466A: 201		
G28152A	F: 5'-TTGTGCTTTCTCTGTGTCCA-3	(15	57 ℃	MspI	28152G: 377、238		
(Arg399Gln)	R: 5′-TCCTCCAGCCTTTTCTGATA-3	615	37 G	37 ℃	28152A: 615		

表 1 XRCC1 基因多态位点引物及限制性内切酶序列

位基因频率分布,用 SPSS13.0 统计软件包进行数据 的统计分析,进行正态性检验,t 检验、 χ^2 检验,Logistic 回归。

2 结果

2.1 一般情况

本课题调查的福州某大型台资蓄电池企业有 14 条现代化生产线,年产各类铅酸蓄电池2000万只, 作业场所接铅岗位主要有称片、极板包片、入盒、烧 焊、整理对焊件、对焊、倒模铸件、烧跨桥等,该企 业职业卫生管理较完善,建立空气铅浓度自测系统, 每年定期委托我中心开展职业卫生检测和职业健康监 护。本次课题工作场所空气中铅浓度采用 2006 年一 2010年我中心连续5年的监测数据,其中空气铅烟 检测 32 点,铅尘检测 21 点,铅烟 TWA 浓度中位数 为 0.016 mg/m³, 范围为 0.004~0.028 mg/m³, 铅尘 TWA 浓度中位数为 0.026 mg/m3, 范围为 0.005~ 0.046 mg/m³ (铅职业接触限值^[5]: 铅尘 PC-TWA 为 0.05 mg/m³, 铅烟 PC-TWA 为 0.03 mg/m³)。 共 326 名男性汉族接铅作业人员纳入此次研究,平均年龄为 (27.61 ± 5.42) 岁,平均接铅工龄为(7.08 ± 2.33) 年,吸烟者190人,饮酒者187人,经常锻炼者248 人,卫生习惯良好者 144 人,防护意识良好者 112人。

2.2 基因型频率和等位基因频率

XRCC1 各多态性位点的基因型频率分布无统计 学意义 (P > 0.05),符合遗传学的 Hardy-Weinberg 平衡。见表 2。

2.3 不同基因型组接铅工人年龄、铅龄、血铅和 ZPP 分析

不 同 基 因 型 组 (XRCC1-494CC/CT + TT、 XRCC1-280GG/GA + AA、 XRCC1-399GG/GA + AA) 工人的年龄、接铅工龄,经 t 检验,结果显示各基因型组差异均无统计学意义(P > 0.05)。326 名铅接触工人 平均 血 铅 为 (1.76 ± 0.35) $\mu mol/L$,平均 ZPP 为(2.46 ± 0.91) $\mu mol/L$,比较不同基因型组

表 2 XRCC1 基因多态性位点 Hardy-Weinberg 平衡检验

基因位点	基因	观察数	预期数	χ^2 值	P 值	等位基因	频率
XRCC1-194 (Pvu ∐)	CC	258	252. 45	1. 995	0. 369	С	0.88
	CT	59	68. 85			T	0. 12
	TT	9	4. 69				
XRCC1-280 (RsaI)	GG	262	258. 22	0. 726	0. 696	G	0. 89
	GA	58	63. 83			A	0.11
	AA	6	3. 94				
XRCC1-399 (MspI)	GG	211	203. 45	1. 617	0. 446	G	0. 79
	GA	96	108. 17			A	0. 21
	AA	19	14. 37				

(XRCC1-194CC/CT+TT,XRCC1-280GG/GA+AA,XRCC1-399GG/GA+AA) 工人的血铅和 ZPP,经 t 检验,结果显示 ZPP 各基因型组差异均无统计学意义 (P>0.05),而 XRCC1-194CT+TT 基因型组工人平均血铅值高于 XRCC1-194CC 基因型组工人 (P<0.05),XRCC1-280GG/GA+AA、XRCC1-399GG/GA+AA 基因型组工人平均血铅值差异无统计学意义 (P>0.05)。见表 3。

2.4 不同血铅水平基因型分布

血铅 \geqslant 1.90 μ mol/L 为慢性铅中毒观察对象^[6],以血铅水平 1.90 μ mol/L 为界,分为低血铅组和高血铅组考察基因型分布,发现 XRCC1-194CT + TT 基因型组高血铅发生率(29.41%) 大于 XRCC1-194CC基因型组(13.95%)(P<0.05),差别有统计学意义,而高血铅发生率在 XRCC1-280GG/GA + AA、XRCC1-399GG/GA + AA 基因型组工人间差异无统计学意义(P>0.05)。

以各基因型野生型纯合子人群为参照组,经 logistic 回归分析发现 XRCC1-194CT + TT 基因型的个体增加铅中毒易感性(OR=2.78, 95% CI = 1.49 ~ 5.28),而 XRCC1-280 GA + AA、XRCC1-399 GA + AA 基因型的个体与铅中毒易感性无统计学意义(OR=1.53, 95% CI = 0.81 ~ 2.17; OR=0.76, 95% CI = 0.41 ~ 1.61)。见表 4。

表 3 XRCC1 不同基因型年龄、接铅丁龄、血铅及 ZPP 水平的比较 $(x \pm s)$

	_	
	- 1	/1
- 11	moi	/

	-1	XV Mitagin		工作、皿品及品:小	1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1 1	μιιοι, Ε
基因位点	基因型	人数	年龄 (岁)	接铅工龄 (年)	血铅水平	ZPP
XRCC1-194	CC	258	28. 21 ± 5. 48	7. 41 ± 2. 19	1. 50 ± 0. 31	2. 36 ± 0. 81
(Pvu ∏)	CT + TT	68	27. 06 ± 5. 12	6.98 ± 2.50	2.32 ± 0.40	2. 47 ± 1. 01
		P 值	0. 11	0. 18	0.00	0. 41
XRCC1-280	GG	262	28. 19 ± 5. 61	7. 15 ± 2. 17	1. 67 ± 0. 37	2. 37 ± 0. 86
(RsaI)	GA + AA	64	27.33 ± 4.98	6.72 ± 2.42	1.74 ± 0.34	2.43 ± 0.97
		P 值	0. 26	0. 18	0. 14	0. 63
XRCC1-399	GG	211	27. 44 ± 5. 08	7. 12 ± 2. 21	1.81 ± 0.35	2. 46 ± 0. 88
(MspI)	GA + AA	115	28.08 ± 5.56	6. 91 ± 2. 42	1.71 ± 0.33	2.39 ± 0.79
		P 值	0.31	0.44	0. 19	0. 36

表 4 不同血铅水平基因型分布比较

基因位点	基因型	人数 1	/IT the \$17.40	京 南红烟	χ² 值	P 值	OR (95% CI)	
			低血铅组	高血铅组			调整前	调整后
XRCC1-194	CC	258	222	36	9. 039	0.003	1.00	1.00
(Pvu II)	CT + TT	68	48	20			2. 57(1. 38 ~ 4. 75)	2. 78(1. 49 ~ 5. 28)
XRCC1-280	GG	262	216	46	0. 639	0.424	1.00	1.00
(RsaI)	GA + AA	64	50	14			1. 31(0. 67 ~ 2. 54)	1.53(0.81~2.17)
XRCC1-399	AA	211	172	39	0.414	0. 520	1.00	1.00
(MspI)	AC + CC	115	97	18			0. 82(0. 45 ~ 1. 50)	0.76(0.41~1.61)

注: 调整因素包括年龄、接铅工龄、接铅浓度、个体防护。

3 讨论

目前国内外关于铅中毒易感性的研究主要集中在卟啉代谢相关的基因如 δ-氨基-γ-酮戊酸脱水酶基因、维生素 D 受体基因和血色病基因的多态性研究,发现这些基因的不同基因型对铅中毒易感性具有一定的影响^[7],但关于铅毒性遗传易感性与 DNA 损伤修复基因单核苷酸多态性的研究鲜见文献报道。事实上,毒物的代谢、活化和对机体的损伤是由个体整体的遗传背景所决定,可能涉及与之相关的代谢、损伤通路的所有基因。个体修复基因与修复能力关系密切,是影响机体易感性的重要因素^[8]。

XRCC1 基因是参于哺乳动物 DNA 修复的 130 种基因之一,在碱基切除修复中起整体作用,为编码碱基损伤修复联合序列一种重要蛋白,对一系列氧化剂导致的 DNA 单链断裂和碱基损伤修复起重要作用^[9]。目前发现 XRCC1 基因编码区有 3 个单核苷酸多态位点,即第 6 外显子 C26304T(Arg194Trp)、第 9 外显子 G27466A(Arg280His)和第 10 外显子 G28152A(Arg399Gln)^[10]。3 个位点氨基酸的改变,可能影响XRCC1 的功能,导致 DNA 修复能力的缺陷,使疾病易感性升高。

本研究发现 326 名铅接触工人中 XRCC1-194CC 基因型有 258 人 (79.14%), XRCC1-194CT 基因型有 59 人 (18.09%), XRCC1-194TT 基因型有 9 人 (2.76%),

等位基因 C 和 T 的频率分别为 88. 19% 和 11. 81%; XRCC1-280GG 基因型有 262 人 (80. 37%), XRCC1-280GA 基因型有 58 人 (17. 79%), XRCC1-280AA 基因型有 6 人 (1. 84%),等位基因 G 和 A 的频率分别为 89. 26% 和 10. 74%; XRCC1-399GG 基因型有 211 人 (64. 72%), XRCC1-399GA 基因型有 96 人 (29. 45%), XRCC1-399AA 基因型有 19 人 (5. 83%),等位基因 G 和 A 的频率分别为 79. 45% 和 20. 55%。基因型分布频率符合遗传学的 Hardy-Weinberg 平衡 (P > 0.05),说明此次研究具有代表性。

326 名铅接触工人不同基因型组(XRCC1-194CC/CT + TT、XRCC1-280GG/GA + AA、XRCC1-399GG/GA + AA、XRCC1-399GG/GA + AA、XRCC1-399GG/GA + AA 基因型组工人平均血铅值差异无统计学意义 (P > 0.05); XRCC1-280GG/GA + AA 基因型组工人平均血铅值差异无统计学意义 (P > 0.05),但 XRCC1-194CT + TT 基因型组工人平均血铅值高于 XRCC1-194CC 基因型组(P < 0.05);血铅 $> 1.90 \mu mol/L$ 为慢性铅中毒观察对象,以血铅水平 $1.90 \mu mol/L$ 为界,经 χ^2 检验、Logistic 回归分析显示,高铅组与低铅组在 XRCC1-280GG/GA + AA、XRCC1-399GG/GA + AA 基因型组工人分布比例无统计学意义 (P > 0.05),高铅组 XRCC1-194CT + TT 基因型的比例高于低铅组 XRCC1-194CC 基因型分布比

(下转第307页)

2.7.1 防毒 (1) 采用系统控制,减少了工人直接接触的机会。(2) 化学水处理单元所需用到的盐酸、氢氧化钠及氨等均通过管道输送并安装了玻璃钢轴流风机。(3) 综合水泵房装有6台功率为3kW的轴流风机以有效排出在循环水处理过程中可能产生的有害气体。(4) 垃圾仓采用全密闭设计,顶部设带过滤装置的一次风和二次风抽气口,把臭气抽入炉膛内作为助燃空气,达到净化的目的。同时保持垃圾仓内微负压,防止臭气外逸。(5) 在卸料平台底部设活性炭吸附塔,用于吸附垃圾贮坑、渗沥液收集池和污水处理站内的臭气。2.7.2 防尘 (1) 石灰浆制备系统在石灰石投料口下方安装有内置式吸风管道,使化浆罐保持负压,以遏制投料时粉

装有内置式吸风管道,使化浆罐保持负压,以遏制投料时粉尘向外逸散,并安装有集尘器。在石灰仓顶部设置有除尘系统,有效控制石灰制备槽加料口处产生的粉尘。(2) 烟气净化系统设计有增湿装置,并且炉渣和炉底漏灰经带水封的除渣机组后排除。(3) 飞灰处理系统中飞灰和水泥的输送均在密闭设备中进行,物料储存和输送设备均设有通风除尘设施。(4) 烟气净化系统采用布袋除尘器,将烟气中的粉尘除去。在活性炭投料口下方安装有内置式吸风管道,活性炭粉仓顶部设有布袋除尘器,以免粉尘飞扬,造成对环境的二次污染。2.7.3 防噪声 对主要高强噪声设备及送风机、引风机、空压机等处,装设隔声罩或消声器。中央控制室采取隔声、吸声等有效措施,以降低室内噪声水平。

2.7.4 防高温 对高温设备管道采用保温隔热材料包裹,防止高温设备和管道表面的温度过高。

2.8 个人使用的防护用品评价

该项目根据员工的岗位来发放个人防护用品,管理措施方面可满足防护用品的及时发放与使用。但个人防护用品的选购及使用等方面不符合国家相关规定,如在可能会接触到石灰石尘、活性炭尘以及其他粉尘的锅炉和化水等岗位,未配备防尘口罩,其配备的纱手套达不到防尘要求。故该项目不能完全达到《个体防护装备选用规范》(GB/T11651—

2008) 的相关要求。

2.9 建筑卫生学及辅助卫生设施评价

该项目在建筑设计中对厂区内建筑物的朝向布局、各建筑物的安全距离、采光以及建筑物的墙体、墙面、地面等都基本符合《工业企业设计卫生标准》(GBZ1—2010)的要求。但在较为封闭的中央控制室和垃圾仓控制室使用循环风而无新风补入。另外,该项目存在活性炭尘和高温,但未设置车间浴室及更衣室。

2.10 职业卫生管理措施

该项目建立了职业卫生管理机构、职业病防治计划、管理制度与操作规程、职业病危害因素定期检测制度、职业病危害事故应急救援预案、个人防护用品使用管理制度,健全了职业卫生档案和劳动者健康监护档案,如何履行告知义务。

2.11 职业健康监护

企业建立了职业健康监护制度,规定委托已取得职业健康监护资质的单位进行职业健康检查,检查周期和内容按照国家《职业健康监护技术规范》要求执行,所有体检资料存档保留。但在进行该项目控制效果评价时,企业运行未满1年,仅对人员进行了岗前检查。

3 结论

通过上述评价,该项目所采取的职业病危害控制技术措施、管理措施总体有效,各项评价要素基本符合《中华人民共和国职业病防治法》等法规、标准、规范的要求。在落实报告提出的补充措施,如增加中央控制室等处新风系统、根据有害因素合理配备个人防护用品等,并加强各项职业卫生管理后则具备竣工验收条件。

参考文献:

- [1] 李树新,李梅莉,杨雪莹.火力发电厂职业病危害控制效果评价分析 [J].中国工业医学杂志,2007,20(1):55-56.
- [2] 朱晓俊,王小兵,陈永青. 某公司自备电站发电工程职业病危害控制效果评价[J]. 中国工业医学杂志,2007,20(6): 420-421.

(上接第250页)

例,XRCC1-194CT + TT 基因型组工人较 XRCC1-194CC 基因型组工人高血铅发生率的风险明显增高 (OR = 2.78, 95% CI = 1.49 ~ 5.28)。提示 XRCC1-194CT + TT 基因型 ($C \rightarrow T$ 突变) 的个体对铅的血液毒性更有易感性,XRCC1-280GA + AA 基因型 ($G \rightarrow A$ 突变) 和 XRCC1-399GA + AA ($G \rightarrow A$ 突变) 的个体对铅的血液毒性没有易感性。

综上,XRCC1 Arg194Trp 基因单核苷酸多态性与血铅升高有一定关联性, $C \rightarrow T$ 多态性提高了接铅工人对铅毒性易感的风险性,XRCC1 $\rightarrow 194CT/TT$ 基因型可能是铅毒性易感基因型; XRCC1 Arg280His 和XRCC1Arg399Gln 多态性可能与铅毒性易感性无关。参考文献:

[1] 高毒物品目录 [Z]. 卫生部文件卫法监发 [2003] 142 号.

- [3] 何凤生. 中华职业医学 [M]. 3 版. 北京: 人民卫生出版社, 2002: 218.
- [4] 叶细标,倪为民,傅华. 基因多态性与铅毒性关系研究的现状 [J]. 中华劳动卫生职业病杂志,2003,21(2): 141-144.
- [5] GBZ2.1—2007, 工作场所有害因素职业接触限值 第1部分: 化 学有害因素 [S].
- [6] GBZ37-2002, 职业性慢性铅中毒诊断标准 [S].
- [7] 张波,白伟,孟紫强. 基因多态性与铅中毒关系的研究 [J]. 环境与健康杂志,2002,19(4):348-350.
- [8] 朱守民,夏昭林. DNA 损伤修复基因与遗传易感性 [J]. 环境与职业医学,2003,20(1):50-52.
- [9] 纪之莹. DNA 修复基因 XRCC1 单核苷酸多态性与肿瘤易感性 [J]. 国外医学生物医学工程分册,2004,31(1): 10-11.
- [10] David-Beabes G L , London S J. Genetic polymorphism of XRCC1 and lung cancer risk among African-Americans and Caucasians [J]. Lung Cancer , 2001 , 34: 333-339.