

汉族人群 RANTES 基因多态性与 艾滋病病毒-1 感染关系的初步研究

刘雪林 王福生 金磊 刘明旭 徐德忠

【摘要】 目的 分析 RANTES 启动子和内含子等位基因在中国汉族健康人群和艾滋病病毒-1 (HIV-1) 感染者人群的分布特点。方法 用聚合酶链反应-限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)法和 DNA 测序法对中国汉族 HIV-1 感染者以及健康人群的 538 份血液样品的 RANTES 启动子-403、-28 和 300 份样品的内含子 In1.1 等位基因进行检测。结果 汉族的健康人群-403、-28 等位基因具有 6 个基因表型 AC/AC、AC/AG、AC/GC、AG/GC、GC/GC、AG/AG, 比例分别是 12.4%、3.5%、29.2%、10.9%、42.1%、1.5%。从单倍型看,以 GC 最高为 62.7%, AC 为 28.7%, AG 为 8.6%。与 AC/AC 比较 AC/AG、AC/GC、AG/GC、GC/GC 的 OR 值显示有轻度的保护作用。汉族 HIV-1 感染者和汉族健康人群间 RANTES 等位基因频率无统计学差异; RANTES 内含子 In1.1 等位基因 T/T、C/T 和 C/C 分别为 71.0%、19.9% 和 9.1%; 其中 RANTES In1.1T 为 81%, RANTES In1.1C 为 19%。男性感染者和健康人等位基因分布差异有显著性, RANTES In1.1C 比例与健康人比显著增高, 显示 RANTES In1.1C 是 HIV-1 感染的危险因素, 但是女性人群比较差异不显著。三个单核苷酸多态性(SNP)位点之间存在严重的连锁不平衡。结论 本研究证实了在中国汉族人群中存在 RANTES 启动子-403、-28 和内含子 In1.1 突变。内含子 In1.1C 与增加 HIV 易感性有关。与基因表型 AC/AC 比较 AC/AG、AC/GC、AG/GC、GC/GC 的 OR 值显示都有不同程度的保护作用。

【关键词】 人类免疫缺陷病毒; 单核苷酸多态性; 聚合酶链反应/限制性片段长度多态性

Preliminary study on the association of chemokine RANTES gene polymorphisms with HIV-1 infection in Chinese Han population LIU Xue-lin*, WANG Fu-sheng, JIN Lei, LIU Ming-xu, XU De-zhong.
*The Department of Epidemiology, Fourth Military Medical University, Xi'an 710032, China
Corresponding author: WANG Fu-sheng. E-mail: fswang@public.bta.net.cn

【Abstract】 Objective To detect the single nucleotide polymorphism (SNP) of chemokine regulated upon activation, normal T cell expressed and secreted (RANTES) promoter and first intron of asymptomatic, human immunodeficiency virus 1 (HIV-1) infected individuals of in Han Chinese and evaluate the influence on HIV-1 infection by variants. **Methods** Case-control study was adopted, Genotypes of RANTES promoter-403 and -28 from 538 samples and RANTES first intron In1.1 from 300 samples of Han Chinese were detected by DNA sequencing or by polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism. **Results** There were six genotypes of RANTES promoter-403 and -28 found in Han Chinese group. The distribution of genotypes was AC/AC 12.4%, AC/AG 3.5%, AC/GC 29.2%, AG/GC 10.9%, GC/GC 42.1%, AG/AG 1.5%. The haplotypes was GC 62.7%, AC 28.7%, AG 8.6%. Compared with AC/AC, Odd ratio (OR) of RANTES genotypes AC/AG, AC/GC, AG/GC, GC/GC was associated with weaker reduced susceptibility to HIV-1 infection. However, there were no significant contents of the allele frequencies between people living with HIV-1 and healthy individuals. The distribution of RANTES In1.1 alleles were T/T 71.0%, C/T 19.9%, C/C 9.1% and haplotypes were RANTES In1.1T 81%, In1.1C 19%, respectively; There were significant differences of RANTES In1.1 between people with HIV-1 infection and healthy individuals in males. The In1.1C-bearing genotypes would increase susceptibility to HIV-1 infection but no significant differences in females were found. Strong linkage disequilibrium was observed between all of the three RANTES SNPs. **Conclusion** The two -403A/G, -28C/G variants in RANTES promoter region and intron In1.1 T/C mutation genotype were

基金项目 全军“十五”医药卫生重点课题资助项目(012094)北京市自然科学基金资助项目(7011005)

作者单位 710032 西安,第四军医大学流行病学教研室(刘雪林、徐德忠),解放军第三〇二医院传染病研究所全军艾滋病防治重点实验室(王福生、金磊、刘明旭)

通信作者 王福生 E-mail: fswang@public.bta.net.cn

found to be associated with the genetic susceptibility to HIV-1 infection among the Han Chinese. However, the In1.1C allele or its haplotypes in RANTES intron 1 displayed a stronger dominant association with HIV-1 infection in males.

【Key words】 Human immunodeficiency virus; Single nucleotide polymorphism; Polymerase chain reaction-restriction fragment length polymorphism

艾滋病病毒-1(HIV-1)侵入 CD4 + 淋巴细胞是由病毒的包膜糖蛋白与 CD4 + 受体和 HIV-1 辅助受体的相互作用介导的。由 HIV-1 R5 株所使用的初始的 HIV-1 辅助受体是趋化因子受体 CCR5,而在感染后期出现的 HIV-1 X4 株的辅助受体是趋化因子受体 CXCR4。而 CCR5 配体, regulated upon activation, normal T cell expressed and secreted (RANTES) 以及 MIP-1 α 、MIP-1 β 和 CXCR4 配体 SDF-1 都是 HIV-1 进入细胞和复制的有效抑制剂^[1]。HIV-1 辅助受体和它们配体基因的改变已经表明能够改变 HIV-1 的传播和疾病进程^[2-7]。一些研究显示, RANTES 基因突变主要在启动子和内含子区域, 与 HIV/AIDS 有关的是启动子 -403G/A 和 -28C/G 与内含子 In1.1T/C, 这些位点的突变能够改变 RANTES 的转录表达水平, 从而改变个体对 HIV-1 的易感性。考虑到基因多态性潜在的相互作用和 RANTES 基因表达的复杂特点^[4,9]; 中国人群 RANTES 基因多态性尚未见报道, 在 HIV 传播和艾滋病进展中的作用有待评估。为此本文应用聚合酶链反应-限制性片段长度多态性(PCR-RFLP)法, 分析了 RANTES 等位基因启动子区 -403、-28 和内含子 In1.1 在汉族健康人群和 HIV-1 感染者以及静脉吸毒人群中的分布特点, 以期阐明 RANTES 基因变异在中国汉族人群中的分布及意义。

对象与方法

1. 检测对象和样本采集: 本研究对象 202 名健康汉族人选自解放军第 302 医院门诊的健康体检者, 无 HIV 感染, 不同个体间三代内无血缘关系, 其中女性 59 例, 男性 143 例, 年龄 12~75 岁, 平均 31 岁。汉族 HIV 感染者中来自河南、湖北、新疆等省(区)经血液、静脉吸毒感染的为 231 例; 来自深圳等地的性传播感染者为 56 例。所有感染者均经 HIV 抗体检测和 Western Blot 确认。HIV 阴性静脉吸毒者 49 例选自广东、新疆, 有 1~7 次共用注射器静脉吸毒史。

2. PCR-RFLP 检测方法和基因分型: 用 QIAgen 公司的基因组 DNA 提取试剂盒, 自 200 μ l 全血中分

离 DNA 作为 PCR 模板, 新提取的 DNA 经电泳检测后 -20 $^{\circ}$ C 保存。

(1) RANTES 基因启动子 -403、-28 的扩增采用巢式 PCR, 即先用的外引物扩增包括区域的序列, 正向引物: 5'-acttttcccaaaggctcgctt, 反向引物: 5'-cacgtgctgtcttgatcctc, 产物为 692 bp。再以其产物为模板, 分别扩增 -403 和 -28 区。-403 区扩增的正向引物: 5'-caagaattccccaagaggactca, 反向引物: 5'-agttcctgcttattcatcacagatcgta, 用 RSA I 消化。-28 区扩增条件是, 正向引物: 5'-ggtaaaactaaggatgtagcaga, 反向引物: 5'-ctcaggctggcgctttatagggcgaatt。用 EcoR I 消化(引物错配如黑体所示)。采用在线工具 primer3^[10]引物设计, 由赛百盛公司合成。分别检测 -403 中的 A/A、A/G、G/G 和 -28 中的 C/C、C/G、G/G 等位基因频率。

(2) RANTES 内含子 In1.1 的扩增按照 An 等^[11]的方法, 正向引物: 5'-cctggctcttgaccaccaca, 反向引物: 5'-gctgacagcatgagtcaga。用 Mbo II 消化, 检测 T/T、T/C、C/C 等位基因频率。

(3) 基因型根据 PCR/RFLP 产物的大小及电泳带型进行判断。野生型(A) RANTES -403 的电泳条带 218 bp, 突变型(G) PCR 产物含 190 bp 片段。野生型(C) RANTES -28 的电泳条带含 247 bp, 突变型(G) PCR 产物含 219 bp 片段。RANTES In1.1 产物 343 bp, 突变型(C) 可被切开成为 225 bp 和 118 bp 两个片段。

(4) RANTES 基因多态性的测序分析: 为了确认 PCR/RFLP 的结果, 取每一基因型各 5 份标本 PCR 产物进行了序列分析; 采用末端终止法, 由华大基因公司检测, 结果与酶切结果一致。

3. 统计学分析: 采用行列表 χ^2 检验, 检测正常人与 HIV 感染者之间等位基因频率有无差别, 群体分布及性别分布是否平衡; 三种单核苷酸多态性(SNP)之间是否存在连锁性。

结 果

1. RFLP 法和 DNA 测序法分析汉族健康人群 RANTES 基因 SNP 的分布: RANTES -403 等位基

表1 健康汉族人群三个 SNP 位点突变率以及性别差异比较

性别	-403				-28				In1.1			
	A/A	A/G	G/G	合计	C/C	C/G	G/G	合计	T/T	C/T	C/C	合计
男	24	56	64	144	124	18	1	143	93	19	9	121
女	11	26	21	58	45	12	2	59	32	16	7	55
合计	35	82	85	202	169	30	3	202	125	35	16	176
χ^2 值	1.15				4.27				6.43			
P 值	=0.562 12				=0.118 24				=0.040 17			

注:表中数字为人数

因频率很高, A/A、A/G、G/G 分别为 18.8%、39.1% 和 42.1%, 其中男性分别为 15.4%、36.4%、48.2%; 女性分别为 22.1%、50.8%、27.1%, 按单倍型计算 A 为 37.6%, G 为 62.4%; 男女之间分布均衡 ($P > 0.05$)。RANTES-28 突变等位基因频率较高, C/C、C/G、G/G 分别为 84.2%、14.3% 和 1.5%。其中男性分别为 86.7%、12.6%、0.7%; 女性分别为 76.3%、20.3%、3.4%, 男女之间分布差异无显著性 ($P > 0.05$) (表 1)。按单倍型计算 C 为 91.1%、G 为 8.9%。RANTES In1.1 等位基因频率为 T/T 71.0%、C/T 19.9%、C/C 9.1%, 其中男性分别为 76.9%、15.7%、7.4%; 女性分别为 58.2%、29.1%、12.7%, 男女之间分布不均衡 ($P < 0.05$)。按单倍型计算 T 为 81.0%、C 为 19.0%。三个 RANTES SNP 位点之间存在着高度连锁不平衡 ($P < 0.000 1$)。

对启动子区 -403, -28 基因表型分析, 202 名汉族健康人群具有 6 个基因表型, 分别是 AC/AC、AC/AG、AC/GC、AG/GC、GC/GC、AG/AG, 构成见图 1, 以 GC/GC 比例最高, 其次是 AG/GC、AC/AC 和 AG/GC, AC/AG 和 AG/AG 则少见。两个基因的表型在男女之间的分布差异没有显著性 ($\chi^2 = 8.95, P > 0.05$)。从单倍型看, 可以分为 GC、AC、AG, 以 GC 为最高, 为 62.7%, AC 为 28.7%, AG 为 8.6%。

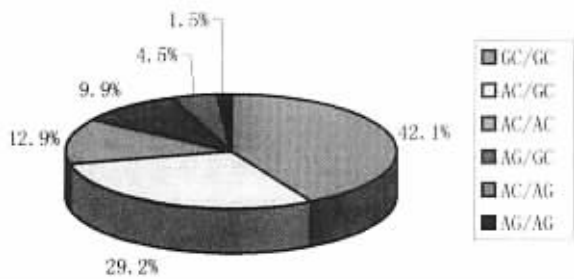


图1 202名汉族健康人-403、-28基因表型分布

2. RANTES 启动子等位基因在 HIV-1 感染者和未感染高危人群中的比较: -403、-28 等位基因在健康人群与静脉吸毒者以及 HIV-1 感染者的频

率分布比例并没有明显的差异。以 AC/AC 基因型为 1, OR 值分别是 AG/GC 0.49、AC/AG 0.59、AC/GC 0.67、GC/GC 0.81, 显示有不同程度的保护作用, 包含 AG 的单倍型具有较高的保护作用, 但是 AG/AG 的 OR 值为 1.09 (表 2)。

表2 汉族 HIV 感染者和未感染者 RANTES-403、-28 基因多态性分布

R \ C	-403				-28			
	A/A	A/G	G/G	合计	C/C	C/G	G/G	合计
健康人	38	79	85	202	170	29	3	202
HIV 阴性吸毒者	6	28	15	49	37	12	0	49
HIV-1 感染者	45	135	107	287	230	55	2	287
合计	89	242	207	538	437	96	5	538

注: -403: $\chi^2 = 6.31, P = 0.177 14$; -28: $\chi^2 = 4.62, P = 0.328 98$, 表中数字为人数

3. RANTES In1.1 基因多态性与 HIV 感染的关系: RANTES In1.1 在 HIV-1 感染者中的分布为 T/T 57.0%、C/T 34.1%、C/C 8.9%, 其中 T/T 明显低于健康人, 而 C/T 高于健康人, 两组差异具有显著性 ($\chi^2 = 8.21, P < 0.05$)。按单倍型计算 In1.1T 为 74.1%、In1.1C 为 25.9% 和健康人差异有显著性 ($\chi^2 = 4.23, P < 0.05$)。由于 RANTES In1.1 存在男女分布不平衡, 按性别分别计算, 男性感染者中 In1.1T/T、C/T 的比例显著较低, In1.1C/C 的比例显著高于健康人 ($P < 0.005$)。单倍型比较, 男性健康人 In1.1T 比例显著高于感染者, 而 In1.1C 显著低于感染者 ($\chi^2 = 8.6, P < 0.001$)。具有 In1.1C 单倍型相对于 In1.1T 的 OR 值为 2.13 (95% CI: 1.5~3.0), 而女性感染者与健康人比较差异并无显著性 (表 3)。这种性别之间的差异是由于人群选择造成 (病例和健康人并非来自一个地区), 还是说明 RANTES In1.1 基因多态性对于男性抵抗 HIV-1 的意义比女性更重要? 还需要深入研究。

讨 论

HIV-1 感染以及 AIDS 的发病进程和预后不仅与 HIV 本身的生物学特性有关, 也受到个体遗传差

异的影响。我们已鉴定了中国人 CCR5、CCR2、

表3 HIV-1 感染者和健康人 RANTES In1.1 基因多态性与感染的关系

R\C	T/T	C/T	C/C	合计	χ^2 值	P 值
男性						
健康人	93	19	9	121	12.23	<0.05
HIV-1 感染者	44	29	8	81		
女性						
健康人	32	16	7	55	1.04	=0.595 09
HIV-1 感染者	25	15	3	43		
合计	194	79	27	300	15.51	<0.05

SDF1 和 CXCR4 基因中新的 SNP 位点和它们在 HIV/AIDS 中的意义^[12-14], 这些突变是相互影响的。

RANTES 是 CD8+ T 淋巴细胞释放的三种 CC 趋化因子之一^[15], 是最强的 CD4+ T 细胞的趋化分子, 一种 68 氨基酸的小蛋白, 是趋化因子受体 CCR5 的天然配体之一, 而 CCR5 是 HIV-1 R5 株进入 CD4+ T 细胞的主要辅助受体。RANTES 能够通过 CCR5 竞争性结合和下调 CCR5 水平抑制 CCR5 介导的 R5 株进入细胞^[16,17]。体外实验显示, 暴露于 HIV-1 而不感染的个体外周血单核细胞 (PBMC) 和 CD4+ T 细胞产生高水平的 RANTES, 而对于 HIV-1 感染者, 那些具有较高 RANTES 水平的个体延缓 AIDS 发病^[16,17]。

对 RANTES 基因的分析发现, 有意义的 SNP 位点主要在启动子区和内含子区, 还没有发现外显子有意义的突变。Liu 等^[6]最早确认位于 RANTES 基因启动子区的两个 SNP 位点, 即 -403G/A 和 -28C/G, 并报告 -28G 上调 RANTES 转录。而另一个研究在不考虑 -28C/G 的情况下, 却认为 -403A 上调 RANTES 转录^[7]。在日本 HIV-1 感染者中, -403A、-28G 单倍型显示与减慢 CD4+ T 细胞损耗有关^[6]。在欧裔美国人复合基因表型 -403G/A、-28C/C 相对与 -403G/G、-28C/C 是 HIV-1 感染的易感因素, 而延缓 AIDS 病程^[7], 但是另外一项研究却认为对于 HIV-1 感染和 AIDS 病程都有易感性, 而这些变异对于非裔美国人的感染和病程没有影响^[8]。An 等^[11]对全部 RANTES 基因的基因多态性在第一个内含子调节单元确认了内含子 In1.1 T/C 具有调节 RANTES 转录, 影响 HIV 感染和发病进程的作用。体外实验证明, In1.1C 相对 In1.1T 能减少 RANTES 表达 3 倍, 说明内含子 1 片段是一

个强烈的调节因子, In1.1C 下调 RANTES 基因转录作用, 具有 In1.1C 基因型在非裔美国人的快速发病进程中的特异危险度 (AR) 为 37%。

我们对汉族健康人群研究发现, RANTES 基因启动子区 -403、-28 和内含子 In1.1 的突变频率, 三个 SNP 位点之间存在严重的连锁不平衡; -403、-28 具有 6 个基因表型和日本人相似。从单倍型看, 以 GC 为最高和日本人、非洲人相似, 而低于欧洲白人 (84%); AC 高于日本人和欧洲白人 (14%), 低于非洲人 (41%); AG 高于欧洲白人 (2%), 低于日本人 (17%) 非洲人极低 (0%~1%)。欧洲白人、非洲人则几乎没有 AG 纯合子^[6-8,18]。但是, -403、-28 基因型单个位点基因型的变异看, 健康人、HIV 感染者 (血源、性传播) 吸毒而未感染者之间的差别不显著, 与 Liu 等^[6]观察结果一致。AC/AC 与增加 HIV-1 易感性有关, 相对于 AC/AC, 其 OR 值分别为 AC/GC 0.67、GC/GC 0.81 有微弱保护作用, 而 GC/AG 为 0.49、AC/AG 为 0.59, 有中度保护作用, 与 Gonzalez 等^[8]的结果相似, 但低于他们观察到的强度, 而 AG/AG 为 1.09, 可能与该型的例数太少, 影响了统计结果, 需要进一步观察。

RANTES In1.1 位点在汉族人群中具有较高的突变率, RANTES In1.1C 为 19%, RANTES In1.1T 为 81%, 而且男女之间分布不平衡。与 An 等^[10]的结果比较, 突变率低于其研究的汉族人 (RANTES In1.1C 为 34%), 高于欧裔美国人 (14%), 接近非裔美国人 (20%)。分析在 HIV-1 感染中的作用, 感染者中 RANTES In1.1C 明显高于未感染者。但是按性别统计, 男性之间比较差异有非常显著性, 而女性差异无显著性。似乎说明 RANTES In1.1T 在男性抵抗 HIV-1 感染的作用更大, 而在女性中的作用似乎不明显, 是否由于女性还有别的抵抗机制, 或者是人群选择造成的误差, 需要深入研究。

以上数据说明, RANTES In1.1T 与降低 HIV-1 感染的危险高度相关; RANTES 启动子区 -403、-28 的多态性与 HIV 感染有一定联系。HIV-1 感染细胞的辅助受体有许多, 辅助受体抵抗 HIV 感染的作用并非特异的, 尤其是 RANTES 基因变异主要在于启动子和内含子区, 其作用在于调节 RANTES 基因的转录和复制从而通过影响 RANTES 的表达水平, 与 CCR5 竞争性结合和下调 CCR5 水平抑制, 而阻断 HIV 感染。

参 考 文 献

- Berger EA, Murphy PM, Farber JM, et al. Chemokine receptors as HIV-1 coreceptors: roles in viral entry, tropism, and disease. *Annu Rev Immunol*, 1999, 17:657.
- Winkler C, Modi W, Smith MW, et al. Genetic restriction of AIDS pathogenesis by an SDF-1 chemokine gene mutation. *Science*, 1998, 279:389.
- Martin MP, Dean M, Smith MW, et al. Genetic acceleration of AIDS progression by a promoter variant of CCR5. *Science*, 1998, 282:1907.
- McDermott DH, Zimmerman PA, Guignard F, et al. CCR5 promoter polymorphism and HIV-1 disease progression. Multicenter AIDS Cohort Study (MACS). *Lancet*, 1998, 352:866.
- An P, Martin MP, Nelson GW, et al. Influence of CCR5 promoter haplotypes on AIDS progression in African-Americans. *AIDS*, 2000, 14:2117.
- Liu H, Chao D, Nakayama EE, et al. Polymorphism in RANTES chemokine promoter affects HIV-1 disease progression. *Proc Natl Acad Sci USA*, 1999, 96:4581.
- McDermott DH, Beecroft MJ, Kleeberger CA, et al. Chemokine RANTES promoter polymorphism affects risk of both HIV infection and disease progression in Multicenter AIDS Cohort Study. *AIDS*, 2000, 14:2671.
- Gonzalez E, Dhanda R, Bamshad M, et al. Global survey of genetic variation in CCR5, RANTES, and MIP-1 alpha: impact on the epidemiology of the HIV-1 pandemic. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2001, 98:5199.
- Schall TJ, Jongstra J, Dyer BJ, et al. A human T cell specific molecule is a member of a new gene family. *J Immunol*, 1988, 141:1018.
- 以色列 WEIZMANN 研究所生物信息学中心. bioinformatics. weizmann. ac. il/cgi-bin/primer/primer3. cgi
- An P, Nelson GW, Wang LH, et al. Modulating influence on HIV/AIDS by interacting RANTES gene variants. *PNAS*, 2002, 99:10002.
- 王福生, 金磊, 刘明旭, 等. 中国普通人群中感染 HIV-1 感染辅助受体和配体基因多态性的分析. *科学通报*, 2001, 46:569.
- 王福生, 金磊, 雷周云, 等. 人类免疫缺陷病毒 1 感染相关的基因多态性在中国汉族人群中的分布. *中华流行病学杂志*, 2000, 21:253.
- Wang FS, Hong WG, Cao YZ, et al. Population survey of CCR5 Δ32, CCR5m303, CCR2b64I and SDF13 'A' alleles frequencies in indigenous Chinese healthy individuals, and in HIV-1-infected and HIV-1-uninfected individuals in HIV-1 risk groups. *J AIDS* 2003, 32:124.
- Zlotnik A, Yoshie O. Chemokines: a new classification system and their role in immunity. *Immunity*, 2000, 12:121.
- Cocchi F, DeVico AL, Garzino-Demo A, et al. Identification of RANTES-γ-MIP1 α, and MIP1 β as the major HIV-suppressive factors produced by CD8+ T cells. *Science*, 1995, 270:1811.
- Trkola A, Paxton WA, Monard SP, et al. Interactions between HIV-1, glycosaminoglycans and the CC-chemokine RANTES: implications for the early steps in the virus life cycle. *J Virol*, 1998, 72:396.
- Marshall H. RANTES polymorphism affects susceptibility to HIV and asthma. *Trend Immunol*, 2001, 22:13.

(收稿日期 2003-04-08)

(本文编辑:尹廉)

· 疾病控制 ·

广东省中山市预防接种安全注射情况调查

周海 赵婉莹 吕海英

1. 现场调查情况:于 2001 年 7 月间,现场抽查 31 个镇区接种点接种技术操作,对 43 名防保人员进行安全注射知识测试。现场接种环境及个人防护情况中较好 9.7%、一般 71.0%、较差 16.1% ;全部接种点均使用一次性注射器。接种技术规范的 83.9%、不够规范的 16.1% ;疫苗管理不够规范的 9.7% 90.3% 接种点有废弃物箱。

2. 安全注射知识测试结果:95.3% 着重于对被接种者的危害性,100% 的调查对象对于避免自身危害性认识不清,只有 41.6% 的人认识到废弃物处理的重要性及对社会的危害性。95.3% 只能说出技术不规范、重复使用注射器、注射失误会引致感染或外伤;4.2% 能说不安全注射会导致血液性传播疾病。46.5% 认为要改善注射环境;95.3% 认为注意规范技术操作;只有 7% 提出对废弃物处理的正确措施。

3. 讨论 接种点的环境多数是比较好的,设有专门的注射室。接种人员穿戴工作服、帽、口罩,自身防护意识较好。31 个接种点的注射器、厂地、批号、许可证及效期等都符

合标准,但进货渠道不一。大多数接种点使用后送医院集中毁型处理,但仍有个别点使用后胡乱丢弃在地上。调查结果表明,造成不安全注射因素是由于本市防保人员对于安全注射意识模糊,未按安全注射三要素严格操作,大多数人只注意到器械污染对接受注射者感染的危害,未意识到引致血传播疾病的严重后果。更令人担心的是对于自身保护及废弃物造成的社会危害认识不足。这与我们缺少对安全注射知识培训及督导工作不够有关。非卫生专业人员未经系统卫生知识培训参与防保工作,技术不规范的现象存在,因此建议:①卫生行政部门制定政策和措施,完善管理制度,定期检查执行情况;②加强安全注射的基本知识及技术操作技能培训,实行持证上岗制度;③积极推广规范预防接种门诊;④备有足够的废弃物箱,接种完废弃物要送焚化炉销毁,并建立完善的登记制度;⑤建立合格的供应系统,加强疫苗在储存与运输的管理,确保疫苗质量,推广应用一次性注射器;⑥加强社会宣传,增强民众对于安全注射的意识。

(收稿日期 2003-04-10)

(本文编辑:尹廉)