

志贺氏菌属菌群分布特征分析

解放军302医院微生物研究室 耿 峪 夏光明 王 丽 魏燕玲

本研究应用新的统计学方法拟合对数线性模型 SPLM软件配合 χ^2 检验对北京地区1979~1986年5908株痢疾杆菌菌群在时间及人群中的构成特征进行了多因素分析,结果表明志贺氏菌属菌群分布与年份、月份、季节、年龄、性别均呈显著相关, P值均 < 0.01 。

八年中5908株痢疾杆菌之菌群构成比为志贺氏(A群)占2.5~9.6%, 福氏(B群)占46.0~75.7%, 鲍氏(C群)占0.2~21.1%, 宋内氏(D群)占15.4~50.4%。D群自1979年(111例)起逐年增高至1984年(370例)超过B群(338例)。C群自1980年(170例)至1985年(1例)逐年下降。不同月份菌群构成各异, 但呈现季节性差异规律, 即春季B群比例增高(340/

399, 85.2%), 秋季下降(1762/3451, 51.1%), 而D、C群则相反, 春季分别占9.3%(37/399)和0.8%(3/399), 秋季升至37.2%(1285/3451)和7.3%(253/3451)。

不同年龄、性别菌群构成各异。18岁以下青少年组以D群为主(1049/1885, 55.6%), B群仅占37.7%(710/1885); 成年人组测以B群为主(70.7%), 而D群降至17.2%; 50岁以上老年人组B群比例又下降, D、C群升高。A群在各年龄组中变化不大。男性A、B群比率分别高于女性1.31、1.36倍, 而女性D群比率高于男性1.74倍。此性别差异主要表现在成年人组, 青少年组男女间无明显差异。

HBsAg阳性各类肝炎及携带者HBV复制指标及传染性的观察

西安医科大学一附院肝炎研究室 李义方 严玉兰 张树林 蒋萍 陈太平

HBsAg(+)各类肝炎及携带者是否具有传染性是值得深入探讨的一个问题。本文采用HBeAg、抗-HBc IgM、HBsAg/IgM、PHSA-R及HBV DNA作为乙型肝炎病毒复制指标, 分别用酶标法、固相放射免疫法及斑点杂交法对HBsAg(+)各类乙肝感染者381例进行了HBVM检测, 暂定任何一项病毒复制指标出现(+), 即作为有病毒复制的可能, 三项以上(+)或HBV DNA(+)者, 即认为有传染性, 结果发现HBsAg(+)的病人其抗-HBs检出率为8.3%, 抗-HBc检出率为97.6%, 抗-HBcIgM检出率为64.1%、HBeAg检出率为43.6%, 抗-HBe检出率为31.9%, HBsAg/IgM检出率为71.0%, PHSA-R检出率为71.6%, HBV DNA检出率为42.5%, 说

明HBsAg(+)者绝大部分(97.6%)其抗-HBc亦为(+)

HBsAg(+)各类肝炎及携带者其HBV复制指标检出结果表明, 除重肝及乙肝肾炎病例较少外, 提示HBsAg(+)乙肝病人及携带者88.5~97.4%是具有复制指标, 其中39.4~56.0%可能具有传染性。复制指标检出率以CAH及无症状携带者为最高, 特别是携带者作为传染源是值得引起重视的问题。

e系统与HBV复制指标明显相关, HBeAg(+)者其他复制指标检出率明显高于抗-HBe(+)者($P < 0.01$), 且在急黄肝、CPH及CAH患者, 二者亦有明显差异($P < 0.05$)。

HBsAg滴度高低与HBV复制指标检出率呈正相