

蛋白基因的迁移率与H1N1参考株相同,其它基因片段均类似于H3N2参考株。经核酸序列分析等进一步研究基本可以确定, H1N2新亚型是由H1N1和H3N2亚型在人群体内进行基因重组形成的。这一结果不仅解决了流感大流行的许多疑难问题,也为我们控制流感的大流行提供了新的线索和思路。

5. 媒介生物的研究: 媒介生物的生物学特征、群体遗传结构、进化变异规律以及病原监测等研究,对控制和消除某些传染病的流行有重要的科学价值。如Collins等1988年用DNA探针和传统的细胞学方法进行Anopheles gambiae复合群蚊虫的分型和群体遗传结构等方面的研究。这个复合群共包括6个形态学上不可区分的同属种,其中有非洲疟疾传播媒介。从

现场采集到的蚊虫经细胞学检查发现Kenya标本有88株为An. gambiae, 108株为An. arabiensis。Zimbabwe标本包含6个An. gambiae和55个An. quadriannulatus。所有三个种标本的主要染色体都是多态性的,这一点同以前在东部和南部非洲获得的现场蚊虫记录结果一致。用细胞学方法进行检定的蚊虫有97%可用DNA探针进行检定,两者结果一致性很好,但DNA探针方法要简单、快速得多。

此外分子流行病学还研究传染性疾病的流行规律、传染病检测、流行及疫情预测、预防措施评价、临床治疗评价、病原体和媒介生物在人群和环境中的分布等课题。

## 新疆英吉沙县努维西区戊型肝炎局部流行调查分析

张振东 鲁爱军 达毛拉 杨玉兰

1989年1~4月,新疆英吉沙县色提力乡努维西区,发生了一起戊型肝炎(HE)局部流行。现调查分析如下。

努维西区共有4个自然村,按主灌渠流向,分别为5、6、4和3村,其三面被沙包环绕,交通闭塞,处于一种半封闭状态,故经济文化落后,居民均饮用涝坝和渠水等地表水。

该区在1986年9月至1988年4月新疆南部三地州HE大流行之后(1989年1至4月)共发生45例肝炎病人,其中HE 40例,主要分布于6村和5村。经血清学确诊39例病人(3村1例未计),罹患率2.04%,无死亡。本组病例,男、女罹患率分别为2.19%(22/1006)和1.88%(17/903),经标准化后, $U_s=0.823$ , $P>0.05$ ,性别无显著性差异。各年龄组均有发病,但以15~45岁组人群发病较多,罹患率为3.31%(32/967),占总病例数的82.05%。家庭引入率与发病在年龄分布上高度一致(一致性检验 $\chi^2=0.39$ , $P>0.05$ ),提示青壮年是预防工作的重点人群。流行期间,对该区主灌渠上、中、下三段及其周围的涝坝水,进行了卫生细菌学检验,结果细菌总数及大肠菌群均超标,说明饮用水受到严重污染。因此,本次

局部流行的主要传播方式,与饮用被粪便污染的水源有密切关系。但发病地点不均衡,下游的4、3两村无病例,发病的6、5两村其病例在居民中分布呈高度的地方聚集性(将住户按门牌顺序每10户为一组,进行病户在各组的二项式分布拟合优度卡方检验,结果 $\chi^2=9.12$ , $P<0.005$ ),并且病例在各不同人口家庭中不呈二项式分布( $\chi^2=48.86$ , $P<0.005$ ),具有明显的家庭聚集性,聚集率为35.71%,家庭续发率4.96%,故日常生活接触传播在本次流行也占有较大比重。

此外,采集部分病例急性期粪便标本,结果在42、61号病例粪便中,通过免疫电镜查到了27nm大小的病毒样颗粒,抗体桥清晰,从而在病毒学方面证实为HE流行。

从防制措施看,由于早期对所有病人进行了集中隔离治疗,病例明显减少,流行曲线时间对数分布呈负偏态(偏度 $U_g=-6.69$ , $P<0.001$ ),说明防制有一定效果。

(收稿:1992-07-31 修回:1992-11-14)

本文作者单位:新疆喀什地区卫生防疫站 844000 喀什市