

广州市人群乙型肝炎病毒感染模式与丙型肝炎病毒感染情况调查

李文勇¹ 朱月娥² 花肇猛¹

摘要 为了解广州市人群乙型肝炎病毒(HBV)与丙型肝炎病毒(HCV)双重感染情况,对1993年4月体检中检出的193例HBV标志物阳性血清归类分析,发现有14种HBV感染模式,其中以HBsAg·HBeAb·HBcAb和HBsAg·HBeAg·HBcAb为多见,阳性模式构成分别为43.01%和30.57%。在HBV感染者中HCV感染的检出率为11.39%(22/193)。不同HBV感染模式组别的抗-HCV阳性率差异有统计学显著意义($P < 0.001$)。

关键词 乙型肝炎病毒 丙型肝炎病毒 感染模式

乙型肝炎病毒(HBV)感染与丙型肝炎病毒(HCV)感染呈世界性分布。此两型病毒双重感染后,易发展成重型肝炎、慢性肝炎、肝硬化,并与肝细胞癌的发生密切相关^[1,2],已引起医学界的关注。为了解HBV与HCV双重感染,我们从人群中筛检出HBV感染阳性者193例再进行血清丙型肝炎抗体(抗-HCV)检测,分析HBV感染模式与HCV感染的关系,结果报告如下。

材料与方 法

一、血清标本来源:1993年4月饮食服务业和工厂的职工体检时,静脉采血,取血清作有关感染标志物的检测。

二、感染指标:HBV感染标志物检测五项:乙肝表面抗原(HBsAg)及其抗体(HBsAb),乙肝e抗原(HBeAg)及其抗体(HBeAb),乙肝核心抗体(HBcAb)。检测结果有一项阳性即判为HBV感染;抗-HCV(HCAb)检测,阳性结果判为HCV感染。

三、检验方法:血清标本的相关抗原抗体采用酶联免疫吸附试验(ELISA)检测。检验HBV标志物用上海实业科华生物技术公司的试剂盒,批号930420;HCAb用珠海亚利生物

技术工程公司引进的第二代试剂盒,批号930512。全部检测均重复二次以确定结果。比较不同HBV感染模式与HCAb阳性,应用卡方检验。

结 果

一、HBV标志物的感染模式:血清HBV感染阳性者193例,进一步作HBV标志物的检测分析,结果从表1中可见,193例HBV五项感染标志物,有14种模式,其中以HBsAg·HBeAb·HBcAb和HBsAg·HBeAg·HBcAb模式为多见,感染模式构成分别为43.01%和30.57%。

二、双重感染:193例HBV感染阳性血清,同时用ELISA法作抗-HCV检测,结果见表2。双重感染检出率11.39%(22/193);按感染模式分析,HBV感染模式不同,HCV感染存在显著差异($\chi^2 = 24.48, P = 2.062 \times 10^{-5}$)。感染模式中,含HBeAb阳性与阴性相比,发生HCV感染的比值比为6.7;含HBcAb阳性的比值比为4.4。显示既往感染HBV,发生HCV感染的危险性增大。

1 中山医科大学流行病学教研室 510089 广州市

2 广州市海珠区卫生防疫站

表1 乙型肝炎感染标志物检测结果

模式* 种类	标志物					阳性 人数	构成比 (%)
	HBsAg	HBsAb	HBeAg	HBeAb	HBcAb		
1	+			+	+	83	43.01
2	+		+		+	59	30.57
3	+				+	19	9.84
4	+		+			3	1.55
5	+	+		+	+	1	0.52
6	+			+		1	0.52
7	+					1	0.52
8		+			+	9	4.66
9		+		+	+	8	4.14
10		+		+		2	1.04
11		+				3	1.55
12				+	+	2	1.04
13				+		1	0.52
14					+	1	0.52
合计						193	100.00

表2 HBV感染模式与丙型肝炎抗体阳性结果

模 式	阳性数	丙肝抗体阳性数	模 式	阳性数	丙肝抗体阳性数
1 HBsAg(+)			13 HBeAb(+)	1	1
HBeAb(+)	83	9	3 HBsAg(+)	19	0
HBcAb(+)			HBcAb(+)		
2 HBsAg(+)			10 HBsAb(+)	2	0
HBeAg(+)	59	3	HBeAb(+)		
HBcAb(+)			6 HBsAg(+)	1	0
8 HBsAb(+)	9	3	HBeAb(+)		
HBcAb(+)			7 HBsAg(+)	1	0
9 HBsAb(+)			14 HBcAb(+)	1	0
HBcAb(+)	8	2	5 HBsAg(+)		
HBcAb(+)			HBsAb(+)	1	0
11 HBsAb(+)	3	2	HBeAb(+)		
4 HBsAg(+)	3	1	HBcAb(+)		
HBeAg(+)					
12 HBeAb(+)	2	1	合 计	193	22
HBcAb(+)					

讨 论

本次调查193例HBV五项标志物有14种模式,表明人群中HBV感染模式的多样性。代红

立等报道其模式有18种^[3],这一差异,可能与血清标本的来源不同有关。不同群体HBV感染模式有何区别,有待进一步研究。

HBV、HCV重叠感染,本次调查结果

HBV感染者中HCV感染检出率11.39%，高于戚中田等报道慢性HBV携带者(3.2%)，低于陶其敏等报道HBsAg阳性者(32.4%)^[1]，而与Fattovich G等报道相近^[4]。提示不同地区或不同群体重叠感染的差异。本文结果多种HBV感染模式可与HCV双重感染，既往感染过HBV，不仅没有交叉免疫力，而且重叠感染HCV的危险性增加。但由于某些模式的样本较少，结果可能不稳定，有待进一步研究证实。

Exploration on the Association between the Pattern of HBV Markers and Infection of HCV among Population Li Wenyong, Zhu Yue'e, and Hua Zhaomeng. Dept. of Epidemiology, Public Health School, Sun Yat-sen of Medical University, Guangzhou 510089

Sera from 193 cases with positive HBV markers in April 1993 were detected for infection of HCV to explore the association between the pattern of HBV markers and the infection of HCV among population. The result showed that 14 patterns were found; the pattern of positive HBsAg, HBeAb, HBcAb

(43.01%) and the pattern of positive HBsAg, HBeAg, HBcAb (30.57%) were more often seen. The percentage of HCV infection among cases infected with HBV was 11.39%. The difference of the positive rate of anti-HCV among various patterns of HBV markers was significant ($\chi^2=24.48, P=2.062 \times 10^{-5}$).

Key words HBV Patterns of HBV markers HCV

参 考 文 献

- 1 戚中田, 杜平主编. 丙型肝炎病毒与丙型肝炎. 上海: 上海科学技术出版社, 1992, 177~188.
- 2 Tabor E, Kobayashi K. Hepatitis C virus, a causative infectious agent of non-A, non-B hepatitis: prevalence and structure-summary of a conference on hepatitis C virus as a cause of hepatocellular carcinoma. J Natl Cancer Inst, 1992, 84(2):86.
- 3 代红立, 缪以懋, 李忠云. 6078例乙肝感染模式分析. 综合临床医学, 1992, 6:13.
- 4 Fattovich G, Tagger A, Brollo L, et al. Hepatitis C virus infection in chronic hepatitis B virus carriers. J Infect Dis, 1991, 163(2):400.

(收稿: 1993-07-21 修回: 1993-08-10)

用聚合酶链反应技术在猫胃内检出幽门螺杆菌*

杨海涛¹ 周殿元¹ 徐智民¹ 王继德¹ 李岱宗² 宋敏³

迄今对幽门螺杆菌(HP)的传染源和传播途径所知甚少。1988年澳大利亚学者Lee等成功地从猫胃内分离出猫胃螺杆菌(HF)。HF与HP不同,菌体较长,有6~10个螺旋和周身边毛。我们对3例猫胃粘膜涂片、革兰氏染色及石蜡切片、Warthin-Starry银染色的结果表明,在猫胃内除HF外,还有一种形态上与HP非常相似的细菌,为了对该菌进行鉴定,我们用互补于HP特异性的尿素酶A基因的两对引物行巢式聚合酶链反应(N-PCR),对该3例猫(M₁~M₃)胃粘膜进行N-PCR检测,其中2例(M₁, M₂)得到了特异性的扩增条带(310bp)。对其中M₂的N-PCR扩增产物进行DNA序列测定,与GeneBank

内的HP尿素酶A基因序列进行比较,同源性为97.7%。为进一步证实该结果,我们又选择了互补于HP 16S rRNA基因的引物行PCR,同样获得了HP特异性条带,说明猫胃内确实存在HP。在猫胃内检出HP,具有两点重要意义:①猫是人类HP感染的可能动物传染源,HP感染是一种人畜共患病;②猫有可能成为很有用的动物模型,用作研究HP的传播途径和致病机理。

(收稿: 1994-03-15 修回: 1994-04-02)

1 第一军医大学附属南方医院消化科 510515 广州市
2 上海市肿瘤研究所 3 第一军医大学组胚教研室
*本研究系国家自然科学基金资助课题