

证计划提供依据。

虽然 HIV 遗传学的高度多样性给研制开发疫苗带来巨大障碍,但随着不断深入研究,人们坚信跨越这一障碍之日能尽快到来。分子流行病学研究发挥其威力的领域首先在于研究 HIV 病毒的自然史,即研究病毒在性接触或母婴间感染的效率和病原性差异等都受哪些基因要素的支配和制约,这是亟待探索的新课题。

总之, HIV-1 之多样性表现决非是无规律可循的。因此, HIV 流行的分子流行病学研究不应只局限于流行地区特点的“描述流行病学”为终点,而应围绕亚型的地区分布差异进一步阐明新的机理。

参 考 文 献

1 玉城英彦. HIV 感染と AIDS の疫学. 最新医学, 1995,

50:328.

2 Myers G, Korber B, Berzofsky JA, et al. Human retroviruses and AIDS 1992: A compilation and analysis of nucleic acid and amino acid sequences. Los Alamos National Laboratory, Los Alamos, New Mexico. 1992, 17:631.

3 Ou C - Y, Takebe Y, Weniger BG, et al. Independent introduction of two major HIV - 1 genotypes into distinct high - risk populations in Thailand. Lancet, 1993, 341: 1171.

4 Weniger BG, Takebe Y, Ou C - Y, et al. The molecular epidemiology of HIV in Asia. AIDS, 1994, 8(Suppl 2): S13.

5 武部豊, 草川茂. 东南アジアにおける HIV 流行の分子疫学, 医学のあゆみ, 1996, 175:3.

(收稿:1997-02-20)

湘西南山区伤寒菌噬菌体分型与耐药性监测

王子敏¹ 易芬贤² 张凤琴³ 米庆秀¹ 刘晓玲² 伍保国³

为研究分析我地区伤寒的流行因素,我们对陆续从全区 12 个县、市卫生防疫站和医院及地区一医院部分伤寒病人收集的血和大便分离的伤寒沙门氏菌进行了噬菌体分型与耐药性监测,结果报道如下。

一、噬菌体型别分布:从 1987 年以来,收集了伤寒沙门氏菌 188 株,通过培养,恢复 Vi 抗原的 121 株,经 96 型噬菌体分型鉴定,主要型别有 B₁ 27 株,占 22.3%;D₂ 23 株,占 19.0%;J₁ 12 株,占 9.9%;M₁ 11 株,占 9.1%;A 8 株,占 6.6%;未定型 21 株,占 17.4%。

二、药敏试验:对近 3 年来分离的 152 株伤寒沙门氏菌进行药敏试验,发现耐药菌株 100 株,耐药率 65.8%,其中耐药率较高的有复方磺胺类(37.0%)、氨苄青霉素(33.0%)、妥布霉素(29.0%)、先锋霉素 V(28.0%)、先锋霉素铋(21.0%)、卡那霉素(17.0%)。从耐药种数分析,耐 1 种药的占 43.0%,

耐 2 种药的占 19.0%,耐 3 种药的占 22.0%。

三、噬菌体分型与耐药株:对 30 株伤寒噬菌体型别与对抗菌药耐药株的关系进行了分析,耐药菌株 23 株,耐药率 76.7%,其中 B₁ 耐药率 78.9%,M₁ 耐药率 66.7%。

本次伤寒沙门氏菌噬菌体分型共 121 株 14 个型,其中 B₁、D₂、J₁、M₁ 为我地区伤寒噬菌体主要型别。14 个型中有 12 个型在国内曾检出,而 C₇、B₇ 在国内尚未见报告。

对检出的伤寒沙门氏菌进行了耐药性监测,总的耐药率虽然较高(65.8%),但以单耐的为多(43.0%),并且对氯霉素(7.2%)、庆大霉素(5.0%)、丁胺卡那霉素(7.2%)均较敏感,与国内报道出现耐氯霉素等多重耐药的 M₁ 暴发流行不同。

国内自 1980 年出现 M₁ 型后,多重耐药的 M₁ 型伤寒菌在 1985 年后已成为全国 13 个市的主要流行型。从本次结果分析,M₁ 型尚不是我地区的主要耐药菌株,而 B₁ 型却是我地区主要流行菌株,而且耐药性也较高(78.9%),值得进一步研究。

(收稿:1996-12-25)

1 湖南省怀化地区卫生防疫站 418000

2 怀化地区第一人民医院

3 北京市卫生防疫站