健康儿童无一例达急性感染标准,表明此方法具有良好的特异性,因此,结果可信。

2. 关于 TWAR 的流行特征: 据报道, 人群中TWAR 的抗体阳性率有随年龄增加而增加的趋势,但从本文对肺炎患儿 TWAR 抗体的检测结果分析,小年龄组的感染率并未低于大年龄组(*P*> 0.05),提示对婴幼儿肺炎患儿仍要注意 TWAR 感染的问题。

本组 69 例患儿标本收集于冬春季, 40 例于夏秋季, TWAR 感染的阳性者分别为 22 例和 14 例, 两组比较差异无显著性, 表明 TWAR 肺炎的发病无明显季节性。

我们的观察结果表明: 小儿 TWAR 肺炎临床表现缺乏特征性, 与小儿支原体肺炎及病毒性肺炎难以区别, 病情多不严重, 除一例病儿明显喘憋外, 多表现为咳嗽、发热、肺部多可闻及中小水泡音、血象多数正常、G一csf 多阴性, 胸片除一例为大片状阴影外其余均为点片状阴影。鉴于小儿 TWAR 肺炎缺乏特征性临床表现, 而 TWAR 感染又相当多见, 我们建议在有条件的单位应开展 TWAR 的实验室检查工作, 以期及早明确诊断。

(收稿: 1998-08-04)

妇科门诊病人生殖支原体感染状况的调查

袁晓璞 丁雁 李 璐 牟琴峰 杨淑兰

为了解女性生殖道生殖支原体 (Mg) 的感染状况, 作者应用套式 PCR 方法, 选择 Mg 的同源多拷贝基因片段—— $16 \mathrm{sRNA}$, 以期查出临床标本中所有 Mg 的感染株。

一、对象和方法.

- 1. 对象: 苏州医学院附属第三医院妇科门诊患 生殖道炎症 128 例(18~45 岁); 该院健康体检女性 26 例(22~55 岁); 病理检验卵巢 26 例, 输卵管 36 例, 子宫 105 例(18~45 岁)。
- 2. 方法: 下生殖道标本用无菌棉拭子采集宫颈分泌物, 上生殖道组织标本用无菌刀片切组织片, 然后分别提取 DNA, 做套式 PCR 扩增 Mg 的 16sRN A基因片段(535bp), 电泳观察结果。最后抽取 5 例阳性标本, 做核酸序列分析, 并与美国 NCBI 的标准株MgG37 比较。

二、结果:

1. 临床无症状体征, 无泌尿生殖道感染病史的女性生殖道分泌物, 26 例经套式 PCR 法查到 Mg-16sRNA 基因阳性 1 例。妇科门诊各种阴道炎分泌物中都有 Mg-DNA 的存在, 其中淋菌性阴道炎为 16'43(37.2%), 霉菌性阴道炎为 12'26(46.1%), 滴虫性阴道炎为5/ 10(50%), 与正常人相比差异有非

常显著性 (P< 0. 0001)。其它阴道炎 4/29 (13.8%),盆腔炎 1/10(10%),与正常人相比差异无显著性。

- 2. 组织标本中, 宫颈炎性息肉 18/27(29.6%) 和宫颈炎 6/30(16.7%) 检出率最高, 与子宫非炎症标本 1/48(3.6%),输卵管妊娠 1/36(2.7%),卵巢 0/26(0%) 相比较, 检出率差异有显著性($P < 0.05 \sim 0.01$)。
- 3. 抽取 5 例 $M_{\rm g}$ = $16{\rm s}\,{\rm RNA}$ 阳性标本,做核苷酸一级结构分析,并与国际标准株比较,发现本地区女性生殖道内 $M_{\rm g}$ 的 $16{\rm s}\,{\rm RNA}$ 基因片段在同一位点上,有一个 T 碱基的插入。
- 三、讨论: 用套式 PCR 方法, 对女性生殖道中Mg-16sRNA 基因(为多拷贝基因) 调查, 我们发现在临床正常女性生殖道也可以检出 Mg 主要部位在下生殖道, 其次是子宫、输卵管, 卵巢组织中未检出Mg-DNA, 提示其传播途径可能主要是逆行感染。阴道炎、子宫炎症时检出率显著增高, 合并淋菌、霉菌、滴虫感染时检出率更高, 提示 Mg 感染不仅局限于性乱人群, 生殖道炎症与 Mg 感染有一定的关系。

对苏州地区女性生殖道 Mg 阳性株 16s rRNA 基因片段的核苷酸序列分析表明, Mg 株有相同的特征性的基因突变, 此变异是否与其感染部位相关, 尚有待进一步证实。

(收稿: 1998-06-24 修回: 1998-07-27)

作者单位: 苏州医学院附属第三医院病理科 江苏常州 213003