

- 10 Ogasawara S, et al. Lancet, 1993, 341: 361  
 11 黄维德. 中华流行病学杂志, 1993, 14: 98  
 12 Chang TT, et al. J Med Virol, 1994, 42: 91  
 13 Sherlock S. Lancet, 1992, 339: 802  
 14 яшина Тл инр Журн Микробиолу, 1993, (5): 46  
 15 Kamel MA. Lancet 1992, 340: 427  
 16 韩松, 等. 中华传染病学杂志, 1992, 10: 37  
 17 Chen SD. et al. J Infect Dis, 1990, 162: 817  
 18 Prince AM, et al. J Infect Dis, 1992, 165: 438  
 19 Lai ME, et al. Lancet 1994, 343: 388

## 流感病毒的变异起源

黄 平 沈桂章 陈伟师

本世纪流行性感冒(简称流感)曾于1918、1957和1968年发生三次世界性大流行。自30年代Smith分离第一株人类流感病毒以来,流感爆发一直被认为与抗原变异毒株的出现有关。1957年H<sub>2</sub>N<sub>2</sub>亚型毒株引起爆发(亚洲流感);1968年H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>亚型毒株引起爆发(香港流感);1977年H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>亚型毒株再次引起爆发(俄国流感)<sup>[1]</sup>。多年来,人类流感病毒变异毒株的起源受到关注,有关流感的流行病学,分子生物学和生态学都进行了广泛的研究。

### 1 流行毒株出现的机制

毒株的抗原变异或人群易感性增加是引发流感流行的主要原因。流行毒株出现的第一条途径是基因重组,即流感病毒RNA节段基因重组。分子流行病学的研究已经证实了人与动物流感病毒之间的基因重组。H<sub>2</sub>N<sub>2</sub>亚型和H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>亚型的出现与这种机制有关。在H<sub>2</sub>H<sub>2</sub>毒株基因中,血凝素(HA)、神经氨酸酶(NA)和PB<sub>1</sub>三个基因来自鸟禽流感病毒,其它五个基因与以前流行的H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>亚型相同。H<sub>3</sub>H<sub>2</sub>亚型含有鸟禽流感病毒H<sub>3</sub>的HA和PB<sub>1</sub>基因,其它六个基因来自1968年以前的流行株<sup>[2,3]</sup>。

流行毒株产生的第二条途径是鸟禽或哺乳类动物流感病毒直接感染人群,称为宿主转移。1918年的流感爆发(西班牙流感)属于这种产生机制。在堪萨斯军营,猪流感病毒(H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>)感染人群触发世界性流感大流行,死亡达二千万

人<sup>[4]</sup>。

流行毒株产生的第三条途径称为病毒隐藏,即曾经流行的毒株经多年隐藏后,重新出现并引发流行。1950年的H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>毒株隐藏27年以后,于1977年在我国鞍山市出现流行,继而播散到俄国及世界其它地区<sup>[5]</sup>。

### 2 人类流感病毒与动物流感病毒的关系

最早分离的动物流感病毒是鸡瘟病毒(FPV),后来鉴定是甲型流感病毒。目前发现,感染流感病毒的动物有猪、马、鸟、家禽、雪貂、海豹和鲸鱼等<sup>[1]</sup>。

动物流感病毒中,有14个HA亚型,9个NA亚型。人类流感病毒只有3个HA亚型,2个NA亚型。鸟禽流感病毒包括14个HA亚型和9个NA亚型。猪流感病毒有H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>和H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>亚型,与人类的一致。马流感病毒有H<sub>3</sub>N<sub>8</sub>和H<sub>7</sub>N<sub>7</sub>两个亚型<sup>[6]</sup>。

研究发现,1918年人类流行毒株与猪H<sub>1</sub>N<sub>1</sub>毒株关系密切。1957和1968年两次流行毒株的PB<sub>1</sub>基因可能直接来自鸟禽流感病毒。与马流感病毒(H<sub>3</sub>N<sub>8</sub>)比较,人类H<sub>3</sub>N<sub>2</sub>毒株与鸟禽病毒更为接近。目前认为,鸟禽流感病毒遗传性状稳定,型别广泛,可能是流感病毒的宿主<sup>[6]</sup>。

### 3 猪在流行毒株中的作用

由于感染受到分子决定簇的限制,鸟禽流感病毒一般不能感染人群。因此鸟禽流感病毒

作者单位:广东省流行病防治研究所

在感染人群之前, 流感病毒必需预先适应哺乳动物体内的生存条件。人与猪长期密切接触, 这种环境易于猪 H<sub>1</sub>N<sub>1</sub> 和人 H<sub>3</sub>N<sub>2</sub> 在二者之间传播。

流行毒株的来源之一被认为是人类毒株与动物流感毒株基因重组的产物。考虑猪作为基因重组宿主的依据包括: (1) 猪对人类和鸟类 H<sub>1</sub>N<sub>1</sub> 和 H<sub>3</sub>N<sub>2</sub> 亚型病毒均敏感, (2) 都出现 H<sub>1</sub>N<sub>2</sub> 重组株, (3) 人类流感病毒与猪流感病毒的内蛋白基因具有共同祖先, (4) 人类不会自然感染鸟禽流感病毒。然而在 1957 和 1968 年两次流感大流行以前, 猪群中并未检出类似的流感病毒。<sup>[6,7]</sup>

#### 4 流感病毒的生态学

生态学研究显示, 野鸭群分布受到水域的影响, 家鸭群在我国南方的密度较大, 而且流感病毒分离率较高。由于风俗和宗教的关系, 养猪业在很多国家难以兴旺, 而猪肉是我国人民的主要肉食之一。鸭群与猪群的养殖为动物流感病毒提供了良好的生态环境。

鸭群的优势毒株是甲型流感病毒, 常年发

病, 夏季多为流行高峰。猪群的流行株是 H<sub>1</sub>N<sub>1</sub> 和 H<sub>3</sub>N<sub>2</sub> 亚型, 与 1977 年以来 H<sub>1</sub>N<sub>1</sub> 和 H<sub>3</sub>N<sub>2</sub> 两亚型在人群共同流行的局面类似。我国北方是冬春季人群流感流行, 南方是冬夏两次流行高峰<sup>[8]</sup>。

90 年代, 我国被设想是人类流感病毒变异的起源地, 因此流感的监测和研究工作显得更加重要<sup>[9]</sup>。多年来, 人们试图研究流感病毒变异规律, 为预测下次流感大流行寻找途径。

#### 参 考 文 献

- 1 侯云德, 等, 分子病毒学. 科技出版社, 1992, 313.
- 2 Kawaoka Y., et al. J. Virol 1989, 63 : 4603
- 3 Fang. R., et al. Cell. 1981, 25 : 315
- 4 Hinshaw V. S. et al. Virology 1978, 84 : 51.
- 5 Nakajima K. et al. Nature. 1978, 274 : 334
- 6 Welster G. R., et al. Microbiol. Rev 1992, 56 : 152.
- 7 Nerome K et al. J. Gen Virol. 1991, 72 : 693
- 8 Reiehelderfer P. S. et al. Current Topics in Medical virology. world scientific. Siryapore. 1989, 412.
- 9 Shortridge K. F. et al. Lancet 1982, 2 : 812

## 末梢血管微量采血检测 HBsAg 结果分析

饶启琳 欧红丽

静脉抽血检测乙型肝炎表面抗原 (HBsAg), 在大规模乙型肝炎流行病学调查时, 所需器材、资金多, 而用末梢血管微量采血, 便于对人群进行群体监测。为探讨用静脉采血与末梢血管微量血测定 HBsAg 的结果是否有差异, 我们对 156 人同时进行两法测定, 现将结果报告如下:

### 1 检测对象及方法

对象: 在健康从业人员体检中随机抽样检查 79 人, 在已知乙型肝炎表面抗原阳性病人中

检查 77 人。

方法: 按随机抽样方法对 156 人同时用静脉抽血及末梢血管微量采血法取血 (两种取血方法的标本均用同一编号)。静脉血测定 HBsAg 方法按照常规操作, 末梢血测定 HBsAg 的方法为取 2 滴血 (0.05ml), 加入 6 滴生理盐水 (0.15ml) 摇匀, 成悬液, 离心或自然沉淀, 取上清液检测, 两种血标本均用反向间接血凝法检测。

作者单位: 饶平县卫生防疫站