

我国首例输入性D₉基因型麻疹病毒的分离和鉴定

张燕¹, 何吉兰², 孙莉², 王慧玲^{1,3}, 许文波¹

(1.中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所 病毒基因工程国家重点实验室,世界卫生组织西太平洋区麻疹参比实验室,北京 100050;

2.四川省疾病预防控制中心,成都 610041;3.首都医科大学附属北京儿童医院,北京 100045)

摘要: **目的** 分离并鉴定我国首例输入性D₉基因型麻疹病毒。**方法** 使用Vero/SLAM细胞(非洲绿猴肾细胞/淋巴信号激活因子转染的非洲绿猴肾细胞)分离病毒,使用逆转录-聚合酶链反应扩增出编码核蛋白羧基末端450个核苷酸片段,通过对扩增产物进行核苷酸序列测定和分析,构建基因亲缘性关系树,进行遗传距离分析。**结果** 四川省D₉基因型麻疹病毒分离株MVi/Sichuan.CHN/07.09/1和世界卫生组织D₉基因型代表株Victoria.AUS(维多利亚·澳大利亚)/12.99在基因亲缘性关系树上同属一个分支,核苷酸同源性为96.9%;和2008年流行于泰国和荷兰的D₉基因型麻疹野病毒的核苷酸和氨基酸同源性分别为99.8%~100%和99.3%~100%;和中国大陆目前所使用的麻疹疫苗株沪₁₉₁相比,其核苷酸和氨基酸同源性分别为92.3%和90.7%;和中国目前流行的麻疹病毒绝对优势本土基因型H₁基因型代表株相比,其核苷酸和氨基酸同源性分别为90.8%和92.1%。**结论** 输入中国四川省的麻疹病毒株为D₉基因型。

关键词: 麻疹病毒;病毒学监测;D₉基因型;亲缘性分析

中图分类号: R373.36 **文献标识码:** A **文章编号:** 1006-916X(2009)04-0304-06

D₉ Measles Virus was First Isolated from An Imported Measles Case in Sichuan Province of China

ZHANG Yan, HE Ji-lan, SUN Li, *et al.* (World Health Organization Regional Office of the Western Pacific Regional Reference Measles Laboratory and State Key Laboratory for Molecular Virology & Genetic Engineering, Institute for Piral Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100050, China)

Abstract: **Objective** To isolate and identify the genotype and molecular characteristic of an imported D₉ measles virus. **Method** To isolate the virus with Vero/SLAM cell line. And RT-PCR (reverse transcription-polymerase chain reaction) were performed to amplify the 450 nucleotide acids of carboxyl terminal of N (nucleoprotein, N) protein. The phylogenetic tree was constructed and the homology similarity was analyzed. **Results** Sichuan isolate MVi/Sichuan.CHN/07.09/1 was clustered within the same genotype group with WHO D₉ genotype reference strain, the homology of nucleotide acid between Sichuan isolate and WHO D₉ genotype reference strain was 96.9%. The homology of nucleotide acid and amino acid between Sichuan isolate and 2008 D₉ genotype representative strain were 99.8%-100% and 99.3%-100% respectively. Compared with the Chinese measles vaccine strain, the homology of nucleotide acid and amino acid of Shanghai-191 were 92.3% and 90.7% respectively. Compared with the endemic H₁ genotype representative measles strain, the homology of nucleotide acid and amino acid were 90.8% and 92.1% respectively. **Conclusion** The imported virus was D₉ genotype measles virus.

Key Words: Measles virus; Molecular virology surveillance; D₉ genotype; Phylogenetic analysis

麻疹病毒属于副黏病毒科(*Paramyxoviridae*),麻疹病毒属(*Morbillivirus*)。麻疹病毒只有一个血

清型,但有多个基因型。截至2008年,已发现有8个基因组(A~H),共23个基因型正在或曾在世界各地的人群中流行^[1-2]。许文波等对中国30个省(自治区、直辖市,下同)1993~2008年连续16年的麻疹病毒监测研究证实,H₁基因型是中国本土的绝对优势基因型。自1993年我国开展麻疹病毒监测以来,除1994年在北京市监测到1株H₂基因型麻疹野病毒的

收稿日期:2009-06-05;修回日期:2009-06-18

作者简介: 张燕(1975-),女,山东省滕州市人,中国疾病预防控制中心病毒病预防控制所助理研究员,博士,主要从事麻疹病毒等呼吸道病毒的分子病毒学和分子流行病学研究。

责任作者: 许文波

张燕,何吉兰对本文有同等贡献,并列第一作者。

输入外, 未曾发现其他输入病毒^[3-8]。

我国已于2001年建立并完善了包括中国疾病预防控制中心(CDC)病毒病预防控制所国家麻疹实验室(National Measles Laboratory, NML), 31个省CDC和331个市(地区、州、盟, 下同)CDC的麻疹实验室网络。省CDC麻疹实验室针对麻疹爆发或散发病例采集标本, 分离野病毒送至NML进行分子流行病学监测^[9]。NML于2009年3月初收到四川省CDC麻疹实验室送检的麻疹病毒1株, 经逆转录-聚合酶链反应(Reverse Transcription-Polymerase Chain Reaction, RT-PCR)和编码核蛋白(Nucleoprotein, N)羧基(COOH)末端450个核苷酸序列测定和分析, 结合流行病学信息, 证实为输入性的D₉基因型麻疹病毒, 并对该株病毒的N蛋白羧基末端核苷酸和氨基酸特征进行了分析。现将结果报告如下。

材料与方法

1 标本来源 标本来源于四川省某旅行社的一名女导游。该女导游在带团去新加坡、马来西亚、泰国旅游线路回来后的第3d出现麻疹症状, 在患者出疹第2d时同时采集静脉血3ml、咽拭子、尿液标本30ml。血液、咽拭子、尿液标本的采集和处理方法参照麻疹监测方案^[10]。血液标本于常温下1500r/min离心20min, 分离血清。咽拭子保存在2ml麻疹病毒标本运输液(含有2%牛血清和终浓度含青霉素1000U/ml、链霉素1000μg/ml、制霉菌素25U/ml的细胞培养液)中。尿液标本采集后, 首先500×g离心5~10min, 弃上清, 用2ml麻疹病毒标本运输液重新悬浮沉淀。上述处理后的标本, 4℃保存备用。

2 麻疹IgM抗体测定 采用德国Virion/Serion公司麻疹IgM的酶联免疫吸附试验(Enzyme-linked Immunosorbent Assay, ELISA)检测试剂盒(批号:SFY. BL, 有效期至2010年5月), 对收集到的血清标本检测麻疹IgM抗体。按照说明书进行操作。

3 麻疹病毒分离 使用世界卫生组织(WHO)推荐的Vero/SLAM细胞(淋巴信号激活因子转染的非洲绿猴肾细胞)分离病毒, 吸取上述处理后的咽拭子标本和尿液标本0.5ml, 分别接种75%单层覆盖的Vero/SLAM细胞, 吸附1h后弃上清, 换含2%牛血清的细胞维持液, 每天观察细胞液pH值和细胞病变(Cytopathic Effect, CPE), 达75%~90% CPE时收冻。

4 核酸提取和RT-PCR 用QIAgen试剂盒提取病毒悬液中的病毒核糖核酸(Ribonucleic Acid, RNA), 具体方法参照说明书。使用RT-PCR对阳性毒株编码N蛋白羧基末端的676个核苷酸片段进行扩增, 具体方法见文献^[6]。

5 序列测定和分析 扩增后的PCR产物用QIA quick PCR purification kit试剂盒纯化。然后分别使用上下游引物, 用Big Dye™ Terminator V 3.0 Cycle Sequencing Ready reaction kit试剂盒进行双向标记反应, 标记反应和随后的标记产物纯化参照文献方法^[6]。纯化后的产物在Perkin Elmer公司ABI 3100测序仪上自动完成序列测定和校对分析。从序列测定仪上获得的序列资料以标准的图形文件(.abl)保存, 序列整理使用Seguencer 4.0.5软件(Gene Code, Ann Arbor, Michigan, USA), 将扩增的核苷酸片段序列截成所需的450个核苷酸片段。从基因数据库(GenBank)下载23个基因型麻疹病毒代表株, 2008年流行的D₉基因型麻疹病毒代表株和中国使用的麻疹疫苗株, 使用MEGA 4.0软件对这些参考株和本文分离的野病毒株N基因的450bp序列进行核苷酸同源性和基因亲缘性关系分析。

结果

1 血清IgM检测

血清ELISA检查结果显示, 麻疹IgM抗体阳性, 确诊该病例为麻疹病例。

2 麻疹病毒分离和鉴定

采集的咽拭子和尿液标本分别接种Vero/SLAM细胞后, 咽拭子和尿液标本都于第1代出现了典型的麻疹巨细胞融合病变。病毒分离物经RT-PCR鉴定, 有特异性的阳性条带扩增, 片段大小位于500~700bp, 为预期大小的片段。根据WHO推荐的麻疹野病毒的标准命名方法, 将分离到的四川省麻疹病毒命名为: MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1。

3 分离株基因型的确定

将所获得的麻疹病毒分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1编码N蛋白羧基末端序列进行BLAST比对, 结果显示: 该毒株编码N蛋白羧基末端的450个核苷酸, 与2008年流行于泰国和荷兰的D₉基因型序列同源率为99%~100%。同时将所获得的麻疹病毒分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1编码N蛋白羧基末端的450个核苷酸片段序列与23个已知基因型WHO参考株(表1)、2008年流行的D₉基因型麻疹病毒代表株和中国疫苗株沪₁₉₁(S₁₉₁)构建基因亲缘性关系树(图1)。结果显示: 四川省分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1在亲缘关系树上与WHO D₉基因型参考株同在一个大的分支, 其可信度为91。该四川省分离株与2008年流行于泰国和荷兰的D₉基因型麻疹野病毒最为接近, 在亲缘关系树上形成独立的分支。上述分析结果提示MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1属于D₉基因型。

表 1 用于麻疹野毒株基因分析的23个WHO参考毒株

Table 1 The List of 23 WHO Reference Strain Used in the Phylogenetic Tree

基因型 Genotype	WHO标准命名 WHO Standard Name	N基因登记号 Accession Number
A	Edmonston-wt.USA/54	U01987
B ₁	Yaounde.CAE/12.83	U01998
B ₂	Libreville.GAB/84	U01994
B ₃	New York.USA/94;Ibadan.NIE/97/1	L46753;AJ232203
C ₁	Tokyo.JPN/84/K	AY043459
C ₂	Maryland.USA/77;Erlangen.DEU/90	M89921;X84872
D ₁	Bristol.UNK/74	D01005
D ₂	Johannesburg.SOA/88/1	U64582
D ₃	Illinois.USA/89/1	U01977
D ₄	Montreal.CAN/89	U01976
D ₅	Palau.BLA/93;Bangkok.THA/93/1	L46758;AF079555
D ₆	New Jersey.USA/94/1	L46750
D ₇	Victoria.AUS/16.85;Illinois.USA/50.99	AF243450;AY037020
D ₈	Manchester.UNK/30.94	AF280803
D ₉	Victoria.AUS/12.99	AF481485
D ₁₀	Kampala.UGA/51.00/1	AY923185
E	Goettingen.DEU/71	X84879
F	MVs/Madrid.SPA/94 SSPE	X84865
G ₁	Berkeley.USA/83	U01974
G ₂	Amsterdam.NET/49.97	AF171232
G ₃	Gresik.INO/17.02	AY184217
H ₁	Hunan.CHN/93/7	AF045212
H ₂	Beijing.CHN/94/1	AF045217

4 四川省D₉基因型麻疹病毒分离株的核苷酸和氨基酸变异分析

将四川省D₉基因型麻疹病毒分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1和WHO 23个不同基因型代表株的核苷酸和氨基酸同源性进行对比分析,发现MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1分离株和WHO D₉基因型代表株Victoria. AUS(维多利亚·澳大利亚)/12.99的核苷酸和氨基酸同源性分别为96.9%和96.7%,和其他22个基因型代表株的核苷酸和氨基酸同源性分别在89.9%~95.6%和90.7%~97.4%。在核苷酸水平上,四川省分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1和WHO D₉代表株Victoria. AUS/12.99同源性最高,为96.9%;而在氨基酸水平上,四川省分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1和WHO D₅代表株Illinois. USA(伊利诺伊·美国)/89/1, D₅代表株Palau(帕劳). BLA/93的同源性最高,均为97.4%(表2)。

进一步将四川省D₉基因型麻疹病毒分离株MVi/Sichuan. CHN/07. 09/1和2008年流行于其他国家的D₉基因型代表株、A基因型野毒株Edmonston-wt. USA/54/A、中国疫苗株 S₁₉₁/China-vaccine以及中国大陆流行株代表株Hunan. China93-7/H₁进行核苷酸和氨基酸同源性对比分析。结果发现:四川省D₉基

因型麻疹病毒分离株和2008年流行于泰国和荷兰的D₉基因型的麻疹野病毒的核苷酸和氨基酸同源性分别在99.8%~100.0%和99.3%~100.0%;和中国大陆目前所使用的麻疹疫苗株相比较,其核苷酸和氨基酸同源性分别为92.3%和90.7%;和中国目前流行的绝对优势基因型H₁病毒代表株相比较,其核苷酸和氨基酸同源性分别为90.8%和92.1%(表3)。

讨 论

麻疹病毒基因型别具有地理分布特征,不同地区有不同的本土流行株或优势流行株,同时全球麻疹野病毒流行也和年代有一定的相关性^[11-13]。这就为全球麻疹病毒的分子流行病学监测提供了理论依据。可以通过监测不同国家甚至同一国家不同地区所流行的麻疹病毒的基因型分布,来鉴定病毒的来源,确定病毒的传播途径,提供评估控制麻疹策略效果的方法,科学地阻断麻疹病毒的传播^[11-13]。WHO已规定可以通过麻疹病毒编码N蛋白羧基末端的450个核苷酸序列测定来划分该病毒的基因型别。D₉基因型麻疹病毒在1999年首先被发现从印度尼西亚的巴厘岛输入到澳大利亚^[14];2000~2001

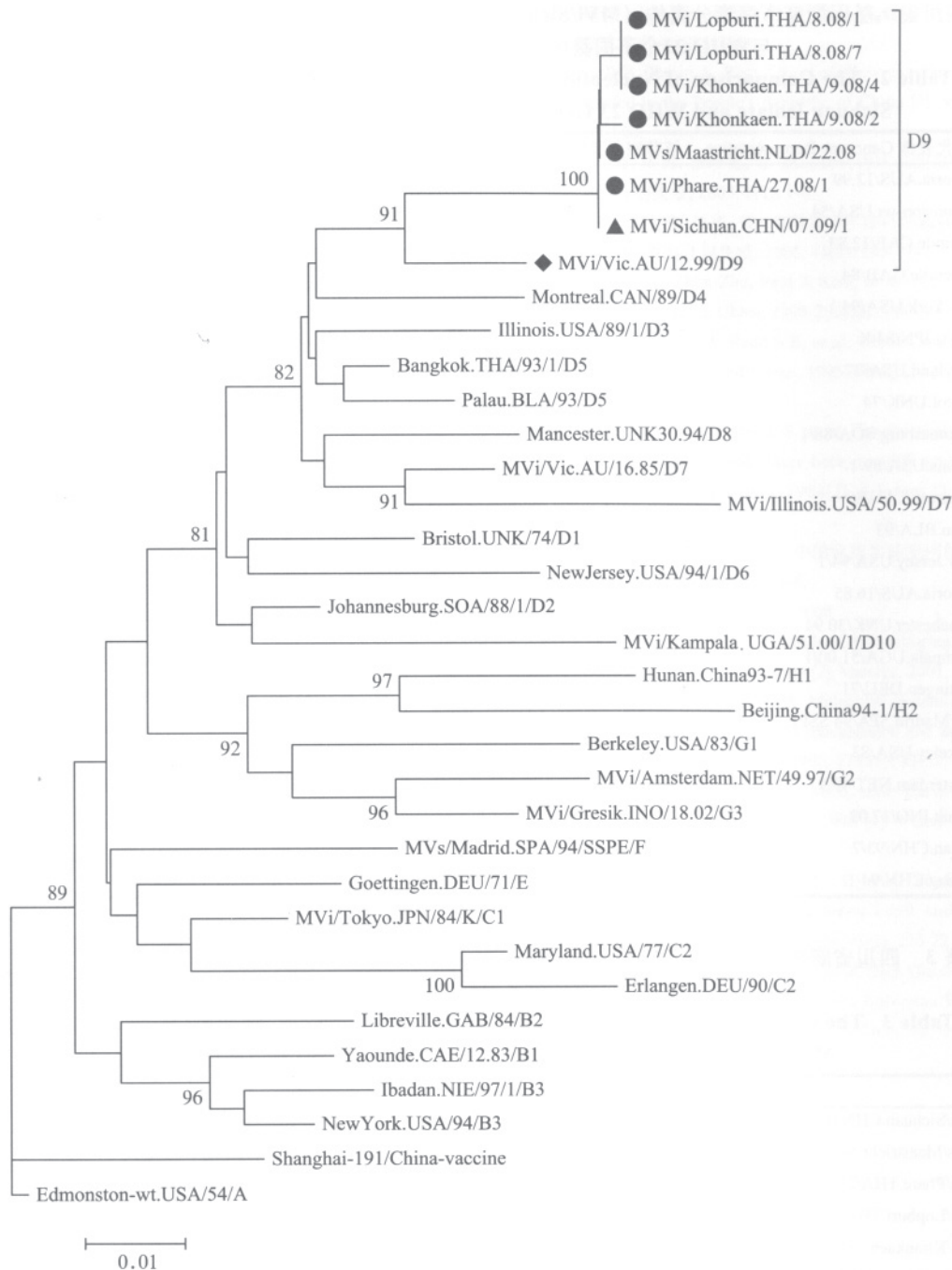


图 1 四川省分离株MVVi/Sichuan. CHN/07. 09/1和WHO 23个麻疹基因型参考株以及2008年流行于其他国家的D₉基因型代表株序列的亲缘性关系树(基于编码N蛋白羧基末端的450个核苷酸序列)

◆为四川省分离株;▲为WHO D₉基因型参考株;●为2008年流行于其他国家的D₉基因型代表株。

Figure 1 The Phylogenetic Tree of WVi/Sichuan. CHN/07.09/1 and WHO 23 Genotype Representative Reference Strains, Based on the 450 Nucleotide Acid Sequence of Carboxyl Terminal of N Protein

◆Sichuan isolate: ▲WHO D₉ genotype reference strain; ●2008 D₉ genotype representative strain.

年D₉基因型在哥伦比亚和委内瑞拉引起麻疹流行;2004年和2006年D₉基因型麻疹病毒分别引起了日本中学生和成人的麻疹流行;2003~2007年曾在欧洲、美国、中国台湾和香港等地区引起流行;2008年在荷兰和泰国都有D₉基因型麻疹病毒的流行^[15]。

将本研究所获得的病毒分离株的编码N蛋白

羧基末端的序列进行BLAST比对结果显示,四川省D₉基因型麻疹病毒分离株和2008年流行于泰国和荷兰的D₉基因型的麻疹野病毒的核苷酸和氨基酸序列高度同源,同源性分别在99.8%~100.0%和99.3%~100.0%,提示该病毒分离株为D₉基因型。与23个已知基因型WHO参考株序列的基因亲缘性

表2 四川省D₉基因型麻疹病毒分离株(MVi/Sichuan.CHN/07.09/1) N基因450核苷酸和150个氨基酸与WHO 23个不同基因型代表株的同源性对比分析

Table 2 The Comparison of Nucleotide and Amino Acid Homology Analysis Between Sichuan Isolate and WHO 23 Genotype Representative Reference Strains

基因型代表株 Genotype Representative	核苷酸同源性 Nucleotide Homology (%)	氨基酸同源性 Amino Acid Homology (%)
D ₉ : Victoria.AUS/12.99	96.90	96.70
A: Edmonston-wt.USA/54	93.90	94.00
B ₁ : Yaounde.CAE/12.83	93.00	92.70
B ₂ : Libreville.GAB/84	92.10	92.70
B ₃ : New York.USA/94	93.20	92.10
C ₁ : Tokyo.JPN/84/K	93.00	92.70
C ₂ : Maryland.USA/77	91.40	90.70
D ₁ : Bristol.UNK/74	94.50	96.00
D ₂ : Johannesburg.SOA/88/1	95.00	96.70
D ₃ : Illinois.USA/89/1	95.60	97.40
D ₄ : Montreal.CAN/89	95.20	96.70
D ₅ : Palau.BLA/93	95.60	97.40
D ₆ : New Jersey.USA/94/1	93.60	94.00
D ₇ : Victoria.AUS/16.85	95.20	96.00
D ₈ : Manchester.UNK/30.94	95.40	95.40
D ₁₀ : Kampala.UGA/51.00/1	92.10	92.10
E: Goettingen.DEU/71	92.50	92.10
F: MVs/Madrid.SPA/94 SSPE	92.80	92.10
G ₁ : Berkeley.USA/83	91.70	92.70
G ₂ : Amsterdam.NET/49.97	91.00	92.70
G ₃ : Gresik.INO/17.02	91.70	92.10
H ₁ : Hunan.CHN/93/7	90.80	92.10
H ₂ : Beijing.CHN/94/1	89.90	91.40

表3 四川省麻疹病毒分离株(MVi/Sichuan.CHN/07.09/1)和D₉、H₁、A基因型代表株及我国疫苗株的核苷酸和氨基酸同源性对比分析(%)

Table 3 The Comparison of Nucleotide and Amino Acid Homology Analysis Between MVi/Sichuan. CHN/07.09/I and D₉、H₁、A、S₁₉₁ Strain (%)

	1	2	3	4	5	6	7	8
1.MVi/Sichuan.CHN/07.09/1		100.00	100.00	100.00	99.30	94.00	90.70	92.10
2.MVs/Maastricht.NLD/22.08/D9	100.00		100.00	100.00	99.30	94.00	90.70	92.10
3.MVi/Phare.THA/27.08/1/D9	100.00	100.00		100.00	99.30	94.00	90.70	92.10
4.MVi/Lopburi.THA/8.08/1/D9	99.80	99.80	99.80		99.30	94.00	90.70	92.10
5.MVi/Khonkaen.THA/9.08/2/D9	99.80	99.80	99.80	99.60		93.40	90.10	91.40
6.Edmonston-wt.USA/54/A	93.90	93.90	93.90	93.60	93.60		96.00	90.70
7.Shanghai-191/China-vaccine	92.30	92.30	92.30	92.10	92.10	97.40		88.70
8.Hunan.China93-7/H1	90.80	90.80	90.80	90.60	90.60	93.90	92.30	

注:左下角为核苷酸同源性, 右上角为氨基酸同源性。

Note: lower-left triangle is the homology for nucleotide acid, and upper-right triangle is the homology for amino acid.

关系分析结果也显示, MVi/Sichuan. CHN/07.09/1和WHO D₉参考株同属于一个分支。对四川省D₉基因型麻疹病毒分离株MVi/Sichuan. CHN/07.09/1的核苷酸和氨基酸分析结果表明:在核苷酸水平上,四川省分离株和WHO D₉代表株同源性最高,在氨基酸水平上却与D₃和D₅代表株的同源性最高。但是,WHO规定可以通过麻疹病毒编码N蛋白羧基末端

450个核苷酸的序列来划分该病毒的基因型别。故依据核苷酸水平,本研究获得的麻疹病毒分离株为D₉基因型的麻疹病毒。

自1993年我国开展麻疹病毒监测以来,除1994年曾在北京市监测到1株H₂基因型野病毒的输入外,未发现其他输入病毒。此次在我国四川省发现的这例成人麻疹病例为旅行社的导游,其麻疹疫苗

接种史不详,其发病前曾带旅行团到过D₉基因型麻疹病毒流行的国家之一——泰国。回国后3d开始发热,最高39.8℃,发热3d后出疹,麻疹病毒感染的潜伏期为7~21d,依次推算,很有可能该病例在带团旅游线路工作期间感染了麻疹病毒。通过病毒分离及其基因型别鉴定,证实从该病例分离到的麻疹病毒为D₉基因型,而D₉基因型病毒为同时期泰国的流行基因型。根据以上流行病学资料和实验室鉴定结果,提示此次在我国四川省发现的该例麻疹为输入性的D₉基因型麻疹病毒引起的。

和中国大陆目前所使用的麻疹疫苗株相比较,四川省D₉基因型麻疹病毒分离株的核苷酸和氨基酸同源性分别为92.3%和90.7%;和中国目前流行的绝对优势本土株病毒代表株相比较,其核苷酸和氨基酸同源性分别为90.8%和92.1%。对该输入病例接触者的调查结果显示,除该导游的丈夫有过低热,其姐曾患咳嗽,均于1d后康复,未出疹外;其他接触者,包括该病例所带团队成员,未发现发热出疹病人。提示我国使用的麻疹疫苗株或H₁基因型本土病毒株的自然感染,可以保护输入的该D₉基因型病毒,但还需要进一步的实验室结果来证实。同时还要加强流行病学和病毒学监测,加强预防控制措施,以防止输入病毒的扩散和传播。

参考文献:

[1] WHO. Update of the nomenclature for describing the genetic characteristics of wild-type measles viruses: new genotypes and reference strains[J]. WER, 2003, 78(27): 229-232.

- [2] WHO. Global measles and rubella laboratory network-update[J]. WER, 2005, 80(44): 384-388.
- [3] Xu WB, Tamin A, Rota J S, *et al.* New genetic group of measles virus isolated in the People's Republic of China [J]. Virus Res, 1998, 54(2): 147-156.
- [4] 许文波, 朱贞, 张珍英, 等. 麻疹野病毒H₁基因型在中国流行的分析[J]. 中国计划免疫, 2003, 9(1): 1-8.
- [5] 张燕, 许文波, 朱贞, 等. 中国2003年流行的麻疹野病毒分子流行病学分析[J]. 中国计划免疫, 2005, 11(3): 165-174.
- [6] Yan Zhang, Zhen Zhu, Paul A Rota, *et al.* Molecular epidemiology of measles viruses in China, 1995-2003[J]. Virology J, 2007, 4(14): 1-9.
- [7] Rota J S, Rota P A, Redd S B, *et al.* Genetic analysis of measles viruses isolated in the United States, 1995-1996[J]. J Infect Dis, 1998, 177(1): 204-208.
- [8] Rota, PA, Rota, JS, Redd, S, *et al.* Genetic analysis of measles viruses isolated in the united states between 1989 and 2001: absence of an endemic genotype since 1994[J]. J Infect Dis, 2004, 189(Suppl): S160-164.
- [9] 许文波, 朱贞, 蒋小泓, 等. 中国麻疹实验室网络的建立及运转[J]. 中国计划免疫, 2006, 12(1): 1-6.
- [10] 卫生部. 麻疹监测方案[S]. 2008
- [11] Mulders MN, Truong AT, Muller CP. Monitoring of measles elimination using molecular epidemiology [J]. Vaccine, 2001, 19 (17): 2245-2249.
- [12] Rota JS, Heath JL, Rota PA. Molecular epidemiology of measles virus: identification of pathways of transmission and implications for measles elimination[J]. J Infect Dis, 1996, 173 (1): 32-37.
- [13] Jin L, Brown DWG, Ramsay MEB, *et al.* The diversity of measles virus in the United Kingdom, 1992-1995 [J]. J Gen Virol, 1997, 78 (Pt 6): 1287-1294.
- [14] Doris C, Michaela R, Michael C, *et al.* Studies of measles viruses circulating in Australia between 1999 and 2001 reveals a new genotype[J]. Virus Research, 2003, 91(2): 213-221.
- [15] Jacques RK, Kevin EB, Li Jin, *et al.* High Genetic Diversity of Measles Virus, World Health Organization European Region, 2005-2006[J]. Emerging Infectious Diseases, 2008, 14(1), 107-114.

北半球旅行者在南半球的流行性感疫苗使用情况

北半球流行性感冒(流感)的流行季节是前一年10月至翌年3月,南半球是4~9月。最近研究表明,流感病毒在热带地区整年都有传播,而且是到热带和亚热带旅行最常见的可用疫苗预防的传染病。在北半球到南半球的旅行者和北半球的旅行团中已有流感爆发报告。为了减少旅行中发生流感的危险,美国免疫实施咨询委员会建议,从北半球来的需要每年接种流感疫苗的旅行者和那些不想患流感而又未接种2008~2009年流感疫苗的人们,在流感季节到南半球旅行前或平时到热带地区旅行前接种流感疫苗,因为4~9月旅行团中可能会有从流感流行区域(例如南半球)来的人。根据南北半球流感病毒监测资料,推测病毒可能产生的变异,对疫苗的组成每年进行更新。因为准备在南半球使用的流感疫苗在美国未广泛使用,所以疫苗成分不是最理想,而北半球的疫苗通常是美国前往南半球旅行的人准备的。不过目前在美国常见

的2008~2009年北半球典型流感病毒株,与南半球流感疫苗所用的典型病毒株是相同的。

保健人员应该了解服务对象的旅行计划,并提醒他们旅行中可能会遇到的流感风险,并告知他们目前的北半球流感疫苗能预防大多数的南半球流感。大部分北半球流感疫苗的有效期表明,美国最迟的使用时间为2009年6月30日。如果可能的话,游客应在出发前2周接种疫苗,但最后可以推迟到旅行日期。无资料表明在前一个秋季已经进行免疫的人,在夏季旅行季节到来前进行重复免疫有好处。此外,人们在旅行前应该了解目的地国家所存在的健康风险。一般公众尤其是那些流感易感性高的人们,应该先征求保健医生对有关流感的风险及其他旅行相关疾病的意见,再着手准备旅行。

(苏磊静编译, 候晓辉校)