

immunofluorescence assay was used to study the expression of Sjc97 *in vivo* in mice. **RESULTS AND CONCLUSION:** The 2.6 kb cDNA encoding the full-length paramyosin of Chinese *S. japonicum* has been successfully cloned and sequenced for the first time. The full-length sequence of paramyosin of *S. japonicum* was determined. Comparison of the nucleotide sequence and the deduced amino acid sequence of Sjc97 with that of *S. japonicum* paramyosin (Philippine strain) (Sjp97), *S. japonicum* paramyosin (Japanese strain) (Sjj97), *S. mansoni* (Sm97), B6 and Y6 clone (the partial cDNA encoding paramyosin of Chinese strain) showed that Sjc97 differed from Sjp97 by 16/2 601 nucleotide and 3/866 amino acid substitutions (99.4% on nt-level and 99.7% on aa-level in homology); from Sjj97 by 20/2 601 nucleotide and 2/866 amino acid substitutions (99.2% on nt-level and 99.8% on aa-level in homology); and from B6 by 11/1 329 nucleotide and 1/443 amino acid substitutions (99.0% on nt-level and 99.8% on aa-level in homology); from Y6 by 13/1 329 nucleotide and 1/443 amino acid substitutions (98.9% on nt-level and 99.8% on aa-level in homology); Sjc97 differed from the Sm97 by 2 235/2 601 nucleotide and 34/866 amino acid (91.0% on nt-level and 96.0% on aa-level in homology). The plasmid expression vector encoding the full-length paramyosin of Chinese *S. japonicum* has been successfully constructed. The pCMV-Sjc97 vaccine could express Sjc97 protein *in vivo* in mice after intramuscular immunization.

Key words: *Schistosoma japonicum* (Chinese strain), paramyosin, gene cloning, DNA sequence, DNA-based vaccine

* Supported by China Postdoctoral Science Foundation, partially by National 863 Bio-Tech Program (No. 102070401) and TMRC of NIH grant, USA (NIH P50 AI39461)

The sequences reported in this paper have been deposited in the GenBank database (Accession no: AF113971)

** WHO Collaborating Centre for Malaria, Schistosomiasis and Filariasis

浙江省湖州市 1990~1998 年的疟疾监测

浙江省湖州市卫生防疫站 湖州 313000 陆锦明

60 年代湖州市曾发生疟疾暴发流行, 1963 年发病率高达 1 262.76‰。30 多年来, 经过综合防治, 全市在 1989 年达到基本消灭疟疾标准, 随之进入监测阶段, 1993 年通过卫生部抽查复核, 现将 9 年来监测结果及病例分析如下。

方法

1 乡以上医疗机构对临床诊断为疟疾、疑似疟疾及原因不明发热者 (“三热病人”) 血检疟原虫; 设立若干乡与镇为监测点, 血检对象仍为 “三热” 病人, 但血检率从 1990 年的 3%~5%, 减至 1995 年的 1%; 每年血检部分外来流动人口。

2 不定期开展居民疟疾 IFA 检查。

3 媒介按蚊调查。选择若干村庄人房数间连续固定时间捕蚊或捕人房按蚊 100 只以上为一个点, 单管饲养后卵鉴定或成蚊鉴定。

结果与讨论

1 1990~1998 年全市血检 “三热” 病人, 查见疟疾病例的情况见表 1。均为间日疟。

2 居民疟疾 IFAT 检查 1990 年、1991 年及 1993 年居民 IFAT 阳性率依次为 1.4% (35/2 555)、0.8% (5/610) 和 1.3% (4/303)。抗体阳性滴度均为 1 20。

3 1990 和 1991 年共捕获按蚊 1 215 只, 其中经卵鉴定 1 049 只, 经成数鉴定 166 只, 全部属中华按蚊。1995 年捕获按蚊 716 只, 经成蚊鉴定也均属中华按蚊。

湖州市 1990~1998 年疟疾年发病率均在 1‰ 以下, 但当地感染病例和输入继发病例占病例总数的 48.6% (69/142), 表明疟疾传播尚未终止。9 年内共发现输入病例 73 例, 输入继发病例 8 例, 两者之比为 1 0.1, 表明输入病例在当地引起的传播强度不大, 这可能与湖州市目前以中华

按蚊为唯一媒介, 其媒介能量较低有关。

表 1 湖州市 1990~1998 年疟疾发病率及病例来源

年 份	年发病率 (病例数/血检人数) (‰)	本 地 人 口			外来 人口
		当地 感染	外地 感染	输入 继发	
1990	0.077(19/3 180)	10	7	2	0
1991	0.028(7/3 901)	5	0	2	13
1992	0.028(7/4 248)	7	0	0	0
1993	0.016(4/8 431)	2	2	0	3
1994	0.040(10/6 498)	8	2	0	6
1995	0.072(18/5 877)	12	4	2	14
1996	0.044(11/4 250)	4	5	2	7
1997	0.028(7/1 234)	6	1	0	3
1998	0.035(9/4 645)	7	2	0	4
合 计	0.042(92/42 264)	61	23	8	50

血检确诊的 142 例疟疾病例中, 从 “二热” 病人中检出 125 例, 占 88.0%, 表明在以中华按蚊为唯一媒介的基本消灭疟疾地区疟疾监测以血检 “二热” 病人为优, 可节省监测经费, 其效果则与 “三热” 病人血检相似。但疟疾毕竟是一种传播快、易反复的疾病, 在湖州传播环节尚未完全阻断地区, 由于当地居民免疫力较低, 一旦有足够的输入病例进入, 足可引发局部暴发流行, 应引起我们的高度警惕。

1998 年 8 月 24 日收稿 1999 年 2 月 25 日修回

(编辑: 庄兆农)