

贵州省1 115户居民家庭结构和乙肝感染家庭聚集性关系研究*

卜苏洪^{1,2}, 黄文湧¹, 汪俊华¹, 蒋芝月¹, 官志忠³, 杨敬源^{1,2,4**}

(1. 贵州医科大学 公共卫生学院, 贵州 贵阳 550025; 2. 贵州医科大学 环境污染与疾病监控教育部重点实验室, 贵州 贵阳 550025; 3. 贵州医科大学 分子生物重点实验室, 贵州 贵阳 550025; 4. 贵州省卫生发展研究院, 贵州 贵阳 550025)

[摘要] 目的: 探讨贵州省少数民族地区家庭结构与乙肝感染家庭聚集性的关系。方法: 采用多阶段整群随机抽样的方法, 从贵州省少数民族地区抽取1 115户家庭1 629人进行调查, 并采集5 mL静脉血, 检测乙肝五项指标; 采用二分类非条件 Logistic 回归模型分析, 评估不同家庭结构和乙肝感染家庭聚集性关系。结果: 3代同堂家庭乙肝感染家庭聚集性率最高(56.8%), 隔代家庭HBV感染率最高(57.7%), 不同家庭结构乙肝感染家庭聚集性差异有统计学意义($\chi^2 = 38.983, P < 0.01$); Logistic 回归分析在调整相关危险因素后结果显示, 与传统家庭相比, 隔代家庭($OR = 2.544, 95\% CI$ 为1.254 ~ 5.160)、3代同堂家庭($OR = 3.984, 95\% CI$ 为2.497 ~ 6.357)、一起生活的人有HBsAg阳性($OR = 7.379, 95\% CI$ 为4.741 ~ 11.485), 是乙肝感染的危险因素($P < 0.05$); 接种过乙肝疫苗($OR = 0.448, 95\% CI$ 为0.207 ~ 0.972)、过去一年家庭总收入 $\geq 30\ 000$ 元($OR = 0.408, 95\% CI$ 为0.202 ~ 0.825)是家庭聚集性的保护因素($P < 0.05$)。结论: 贵州省少数民族地区隔代家庭和3代同堂家庭是乙肝感染家庭聚集性的高危人群。

[关键词] 家庭结构; 肝炎, 乙型; 家庭聚集性; 少数民族地区; 影响因素

[中图分类号] R512.6+2 **[文献标识码]** A **[文章编号]** 1000-2707(2019)06-0658-06

DOI: 10.19367/j.cnki.1000-2707.2019.06.008

Study on Association of Family Structures with Family Aggregation of Hepatitis B Virus Infection in 1 115 Households in Guizhou Province

BU Suhong^{1,2}, HUANG Wenyong¹, WANG Junhua¹, JIANG Zhiyue¹, GUAN Zhizhong³, YANG Jingyuan^{1,2,4}

(1. School of Public Health, Guizhou Medical University, Guiyang 550025, Guizhou, China; 2. The Key Laboratory of Environmental Pollution and Disease Surveillance, Ministry of Education, Guizhou Medical University, Guiyang 550025, Guizhou, China; 3. The Key Laboratory of Medical Molecular Biology, Guizhou Medical University, Guiyang 550025, Guizhou, China; 4. Guizhou Institute of Health Development Research, Guiyang 550025, Guizhou, China)

[Abstract] **Objective:** To explore the association of family structure with family aggregation of hepatitis B Virus (HBV) infection in ethnic minority areas of Guizhou Province. **Methods:** 1 629 permanent residents were randomly enrolled from 1 315 households in Guizhou province using a multi-stage cluster random sampling method. 5 mL venous blood from every individual was collected to detect five HBV serological indexes. These indexes were analyzed using a two-class unconditional logistic regression model to calculate OR (95% CI) and assess the association of family structures with HBV infection. **Results:** Among four different family structures, the aggregation rate of HBV infection was the highest rate (56.8%) in the families with three generations living together (FTG), and the rate of HBV infection was the highest rate (57.7%) in the families with only grandparents and children (FGC).

*[基金项目] 科技部“十二五”国家科技支撑计划(2013BAI05B03)

**通信作者 E-mail: yang8880@sina.com

网络出版时间: 2019-06-22 网络出版地址: <http://kns.cnki.net/kcms/detail/52.1164.R.20190622.0723.008.html>

One factor chi-square test showed there was a statistically significant difference in the aggregation of HBV infection among different family structures ($\chi^2 = 38.983, P < 0.01$). After adjusting the relevant risk factors, two classified non conditional Logistic regression analysis showed that FGC ($OR = 2.544$, 95% CI was 1.254 ~ 5.160), FTG $OR = 3.984$, 95% CI was 2.497 ~ 6.357) and living with people who have HBsAg positive ($OR = 7.379$, 95% CI was 4.741 ~ 11.485) were risk factors of family aggregation of HBV infection ($P < 0.05$). Besides, inoculation of HBV vaccine ($OR = 0.448$, 95% CI was 0.207 ~ 0.972) and family yearly income \geq ¥30 000 ($OR = 0.408$, 95% CI : 0.202 ~ 0.825) are protective factors from HBV infection ($P < 0.05$). **Conclusion:** FGC and FTG members are at high-risk for family aggregation of HBV infection in Guizhou ethnic minority areas.

[**Key words**] family structures; hepatitis B; family aggregation; ethnic minority areas; influencing factors

乙型病毒性肝炎 (HBV) 感染是全球较为严重的公共卫生问题之一^[1], 尤其是发展中国家, 乙型病毒性肝炎仍是疾病负担的重要原因之一^[2]。国内外研究均显示乙肝流行呈现出家庭聚集性, 但原因尚未明确^[3]。有调查显示, 贵州省少数民族地区乙肝感染存在家庭聚集性^[4], 并且长期居住在少数民族地区是乙肝感染的危险因素^[5], 但贵州省少数民族地区乙肝感染家庭聚集性原因仍不明确。家庭结构是家庭成员的构成及其相互作用、相互影响的状态, 以及由这种状态形成的相对稳定的联系模式^[6], 有研究表明, 不同家庭结构的家庭支持既可以促进健康^[7], 但也可能对健康行为产生负面影响^[8]。与全国经济发展水平相比, 贵州省少数民族地区经济较为落后, 由于外出务工等原因, 空巢老人和留守儿童较多, 导致家庭结构特殊, 但不同家庭结构与乙肝感染家庭聚集性关系的研究极少。为此, 本次研究从家庭结构的角度分析其对乙肝感染家庭聚集性的关系, 为乙肝的综合防控提供科学依据。

1 对象与方法

1.1 对象

资料来源于 2013 年贵州省少数民族地区乙型病毒性肝炎流行病学研究 (科技部“十二五”国家科技支撑计划项目), 采用多阶段整群随机抽样的方法, 从贵州省少数民族聚居县抽取 8 个行政村, 随机抽取居住在该地区 ≥ 6 个月的 1 115 户 1 640 名常住居民作为调查对象, 实际所得样本 1 629 人。

1.2 调查方法

1.2.1 问卷调查 问卷自行设计, 由经过培训的

调查员面对面询问研究对象人口学基本情况 (性别、年龄、民族等)、家庭情况 (家庭人口数、过去一年家庭总收入、一起生活的人有无 HBsAg 阳性及乙肝疫苗接种史等)。

1.2.2 血清学检测及相关指标判定 抽取调查对象空腹静脉血 5 mL, 采用 DR6608 时间分辨荧光免疫分析仪对调查对象血液样本进行检测。乙型肝炎病毒表面抗原定量测定试剂盒、乙型肝炎病毒表面抗体定量测定试剂盒、乙型肝炎病毒 e 抗原检测等试剂盒均购自广州市达瑞抗体工程技术有限公司, 所有试剂均在有效期内使用。乙肝血清学指标判定标准为: 乙肝表面抗原 (HBsAg) ≥ 0.4 IU/mL 为阳性; 乙肝表面抗体 (HBsAb) ≥ 10 IU/mL 为阳性; 乙肝核心抗体 (HBcAb) ≥ 0.9 PEIU/mL 为阳性; 乙肝 e 抗体 (HBeAb) ≥ 0.2 PEIU/mL 为阳性; 乙肝 e 抗原 (HBeAg) ≥ 0.5 PEIU/mL 为阳性。检测操作程序及结果判定均严格按照试剂盒说明书进行。接种过乙肝疫苗的人群, 除了 HBsAb 阳性以外任何 ≥ 1 项阳性即为 HBV 感染; 没有接种过乙肝疫苗的人群, 指标任何 ≥ 1 项阳性即为 HBV 感染^[9]。家庭聚集性: 一个家庭内出现 ≥ 2 例 HBV 感染的调查者判定为具有家庭聚集性^[10]。通过查阅文献, 家庭结构分为以下几类^[11]。空巢家庭: 已婚无子女夫妇或年轻的未婚子女选择向外流动, 把老人独自留在当地; 隔代家庭: 部分家庭因夫妻外出务工但不能把子女带入城市生活, 选择把子女留给父母看管; 三代同堂家庭: 由祖辈、父辈和孙辈三代共同生活的家庭^[12]; 传统家庭: 已婚夫妇或已婚夫妇和子女共同生活的家庭。

1.3 统计学处理

使用 EpiData 3.02 建立数据库, 使用 SPSS 19.0 软件进行数据分析, 采用率和构成比进行统

计描述,率(或构成比)比较的单因素分析采用 χ^2 检验,多因素分析用二分类 *Logistic* 回归模型,检验水准 $\alpha =0.05$ 。

2 结果

2.1 调查对象基本情况

本次调查人群乙肝感染率为 50.6% (825/1 629),HBsAg 阳性率为 8.3% (136/1 629),1 115 户家庭中有 132 户存在乙肝感染家庭聚集性。825

名乙肝感染居民中,有 484 名居民来自传统家庭,有 214 名居民来自空巢家庭,78 名居民来自隔代家庭,148 名居民来自三代同堂家庭。4 种家庭结构中,乙肝感染家庭聚集性率最高的是三代同堂家庭(56.8%),最低的是传统家庭(29.5%);HBV 感染率最高的是隔代家庭(57.7%),最低的是三代同堂家庭(48.6%)。不同家庭结构基本情况比较见表 1,结果显示,不同家庭结构之间,年龄构成、民族构成、家庭年收入、有无家庭聚集性差异具有统计学意义($P<0.05$)。

表 1 不同家庭结构研究对象基本情况比较
Tab.1 The gender, age, yearly income, ethic group, family aggregation and HBV infection in four different family structures

因素	家庭结构				χ^2	<i>P</i>
	空巢家庭(<i>n</i> ,%)	隔代家庭(<i>n</i> ,%)	三代同堂(<i>n</i> ,%)	传统家庭(<i>n</i> ,%)		
性别						
男	108(25.7)	33 (7.9)	69(16.4)	210(50.0)	3.395	0.335
女	106(21.0)	45 (8.9)	79(15.7)	274(54.4)		
年龄(岁)						
9~19	0 (0.0)	39(33.1)	16(13.6)	63(53.4)	412.899	0.000
20~39	0 (0.0)	5 (2.5)	43(21.2)	155(76.4)		
40~59	61(19.9)	3 (1.0)	30 (9.8)	212(69.3)		
≥60	153(51.5)	31(10.4)	59(19.9)	54(18.2)		
过去 1 年家庭总收入(元)						
<5 000	93(31.4)	22 (7.4)	34(11.5)	147(49.7)	25.490	0.002
5 000~9 999	61(28.9)	7 (3.3)	33(15.6)	110(52.1)		
10 000~29 999	32(17.2)	9 (4.8)	32(17.2)	113(60.8)		
≥30 000	13(19.7)	3 (4.5)	17(25.8)	33(50.0)		
民族						
苗族	72(18.8)	51(13.3)	51(13.3)	210(54.7)	55.886	0.000
侗族	19(46.3)	1 (2.4)	6(14.6)	15(36.6)		
布依族	103(24.1)	16 (3.7)	88(20.6)	221(51.6)		
水族	20(28.2)	10(14.1)	3 (4.2)	38(53.5)		
有无家庭聚集性						
有	66(20.5)	29 (9.0)	84(26.1)	143(44.4)	38.983	0.000
无	148(24.6)	49 (8.1)	64(10.6)	341(56.6)		
是否感染 HBV						
是	111(23.7)	45 (9.6)	72(15.4)	240(51.3)	2.131	0.546
否	103(22.6)	33 (7.2)	76(16.7)	244(53.5)		

2.2 乙肝感染家庭聚集性单因素分析

对家庭人口数≥2 人的调查对象进行单因素分析,结果见表 2,不同家庭结构、家庭人口数、过去 1 年家庭总收入不同、是否接种乙肝疫苗、一起生活的人有无 HBsAg 阳性的居民,家庭聚集性差异有统计学意义($P<0.05$),男女之间乙肝感染家

庭聚集性差异无统计学意义($P>0.05$)。

2.3 乙肝感染家庭聚集性多因素分析

多因素非条件 *Logistic* 回归分析结果见表 3,结果显示以传统家庭为对照,隔代家庭和 3 代同堂家庭是贵州省少数民族地区乙肝感染家庭聚集性的危险因素,以过去一年家庭总收入<5 000 元为

对照组,收入≥30 000 元为保护因素,一起生活的人有 HBsAg 阳性是危险因素,接种过乙肝疫苗是家庭聚集性的保护因素。

表 2 乙肝感染家庭聚集性单因素分析

Tab. 2 One factor Chi-square analysis of family aggregation of HBV infection

因素	有无家庭聚集性		χ^2	<i>P</i>
	有(<i>n</i> ,%)	无(<i>n</i> ,%)		
家庭结构				
空巢家庭	66(30.8)	148(69.2)	38.983	0.000
隔代家庭	29(37.2)	49(62.8)		
三代同堂家庭	84(56.8)	64(43.2)		
传统家庭	143(29.5)	341(70.5)		
性别				
男	150(35.7)	270(64.3)	0.254	0.614
女	172(34.1)	332(65.9)		
家庭人口数(<i>n</i>)				
2	188(28.7)	468(71.3)	122.449	0.000
3	60(32.3)	126(67.7)		
≥4	74(90.2)	8(9.8)		
过去1年家庭总收入(元)				
<5 000	97(32.8)	199(97.2)	17.431	0.001
5 000~9 999	94(44.5)	117(55.5)		
10 000~29 999	52(28.0)	134(72.0)		
≥30 000	15(22.7)	51(77.3)		
是否接种乙肝疫苗				
是	16(20.3)	63(79.7)	8.105	0.004
否	306(36.2)	539(63.8)		
一起生活的人有无 HBsAg 阳性				
有	105(67.7)	50(32.3)	88.754	0.000
无	217(28.2)	552(71.8)		

2.4 不同家庭结构 HBV 感染影响因素的多因素分析

对乙肝感染影响因素做不同家庭结构的 *Logistic* 回归,将没有统计学意义的因素剔除隔代家庭变量后,结果见表 4,一起生活的人有 HBsAg 阳性对 3 种家庭结构都是乙肝感染的危险因素;在传统家庭中,过去一年家庭总收入≥10 000 元是 HBV 感染的保护因素,其中以家庭人口数 2 人为对照组,家庭人口数 3 人是乙肝感染的保护因素;但对于 3 代同堂家庭,以家庭人口数 3 人为对照组,家庭人口数 4 人是乙肝感染的危险因素;接种过乙肝疫苗在传统家庭和 3 代同堂家庭中都是乙肝感染的保护因素。

3 讨论

随着社会经济的发展,农村地区家庭结构也在发生变化,农村家庭留守儿童、空巢老人现象越来越普遍,可能成为影响社会稳定和公共卫生的重要问题^[13],贵州省所处经济相对落后的西南地区,少数民族地区外出务工人口较多,导致该地区家庭结构特殊,且存在乙肝感染家庭聚集性^[4]。既往对乙肝研究很少从家庭结构角度分析家庭聚集性,因此探索两者之间关系对乙肝防治具有重要意义。本次研究发现,在四种家庭结构中,3 代同堂家庭乙肝感染家庭聚集性率(56.8%)最高,可能是因为 3 代同堂家庭人口数一般较多,有研究发现,家庭人口数越多,发生乙肝感染家庭聚集性风险越

表 3 乙肝感染家庭聚集性影响因素非条件 *Logistic* 回归分析

Tab. 3 Unconditional *logistic* regression analysis of influencing factors of family aggregation of HBV infection

因素	<i>B</i>	<i>S. E.</i>	<i>Wald</i> χ^2	<i>P</i>	<i>OR</i> (95% <i>CI</i>)
常量	-1.298	0.172	56.680	0.000	0.273
家庭结构					
传统家庭(参照组)					1.000
空巢家庭	-0.094	0.208	0.203	0.652	0.910(0.605~1.370)
隔代家庭	0.934	0.361	6.695	0.010	2.544(1.254~5.160)
三代同堂家庭	1.382	0.238	33.630	0.000	3.984(2.497~6.357)
过去一年家庭总收入(元)					
<5 000(参照组)					1.000
5 000~9 999	0.657	0.205	10.283	0.001	1.929(1.291~2.881)
10 000~29 999	-0.381	0.229	2.773	0.096	0.683(0.436~1.070)
≥30 000	-0.897	0.359	6.227	0.013	0.408(0.202~0.825)
一起生活的人有无 HBsAg 阳性					
无(参照组)					1.000
有	1.999	0.226	78.400	0.000	7.379(4.741~11.485)
是否接种过乙肝疫苗					
否(参照组)					1.000
是	-0.802	0.395	4.127	0.042	0.448(0.207~0.972)

表 4 不同家庭结构 HBV 感染多因素非条件 Logistic 回归分析

Tab. 4 Multifactor unconditional logistic regression analysis of HBV infection in different family structures						
家庭结构	因素	<i>B</i>	<i>S. E.</i>	<i>Wald</i> χ^2	<i>P</i>	<i>OR</i> (95% <i>CI</i>)
传统家庭	一起生活的人有无 HBsAg 阳性					
	无(参照组)					1. 000
	有	1. 511	0. 329	21. 219	0. 000	4. 532(2. 379 ~ 8. 631)
	过去一年家庭总收入(元)					
	<5 000(参照组)					1. 000
	5 000 ~ 9 999	0. 022	0. 273	0. 007	0. 936	1. 022(0. 599 ~ 1. 745)
	10 000 ~ 29 999	-0. 645	0. 275	5. 505	0. 019	0. 525(0. 306 ~ 0. 899)
	≥30 000	-1. 146	0. 446	6. 616	0. 010	0. 318(0. 133 ~ 0. 761)
	是否接种过乙肝疫苗					
	否(参照组)					1. 000
空巢家庭	是	-2. 949	0. 768	14. 739	0. 000	0. 052(0. 012 ~ 0. 236)
	家庭人口数(<i>n</i>)					
	2(参照组)					1. 000
	3	-0. 778	0. 289	7. 241	0. 007	0. 459(0. 261 ~ 0. 810)
	4	-1. 113	0. 685	2. 640	0. 104	0. 329(0. 086 ~ 1. 258)
	一起生活的人有无 HBsAg 阳性					
	无(参照组)					1. 000
	有	2. 391	0. 550	18. 905	0. 000	10. 929(3. 719 ~ 32. 116)
	三代同堂家庭					
	一起生活的人有无 HBsAg 阳性					
三代同堂家庭	无(参照组)					1. 000
	有	1. 130	0. 508	4. 956	0. 026	3. 096(1. 145 ~ 8. 375)
	家庭人口数(<i>n</i>)					
	3(参照组)					1. 000
	4	1. 156	0. 396	8. 532	0. 003	3. 176(1. 463 ~ 6. 897)
	5	1. 311	0. 736	3. 171	0. 075	3. 711(0. 876 ~ 15. 713)
	是否接种过乙肝疫苗					
	否(参照组)					1. 000
	是	-1. 781	0. 734	5. 880	0. 015	0. 169(0. 040 ~ 0. 711)

高^[4],所以导致了三代同堂家庭聚集率较高,提示三代同堂家庭是乙肝感染家庭聚集性的高危人群。研究还发现,在4种家庭结构中,隔代家庭HBV感染率(57.7%)最高,可能是由于在隔代家庭中,青壮年长期在外打工,老人和儿童缺乏医疗保健意识^[7, 14],对乙肝的防范意识不强,导致HBV感染率较高。

本次单因素和多因素分析结果均表明,一起生活的人有HBsAg阳性是乙肝感染家庭聚集性的危险因素,与黎健等的研究结果类似^[15],同时也是HBV感染的危险因素,提示乙肝可能会通过家庭成员之间密切接触水平或垂直传播^[16-18],从而形成家庭聚集性,提示对于家中有乙肝患者的家庭成员,卫生部门应该重点加强乙肝检查,从而减少家庭聚集性的发生。本次分析还发现,接种过乙肝疫苗是家庭聚集性的保护因素,也是传统家庭和3代

同堂家庭HBV感染的保护因素,说明接种乙肝疫苗是预防乙肝感染和减少家庭聚集性的有效措施^[19-21]。

以传统家庭为对照,隔代家庭(*OR* = 2. 544, 95% *CI* 为 1. 254 ~ 5. 160)、3代同堂家庭(*OR* = 3. 984, 95% *CI* 为 2. 497 ~ 6. 357)是贵州省少数民族地区乙肝感染家庭聚集性的独立危险因素。在3代同堂家庭HBV感染多因素分析中,以家庭人口数3人为对照组,家庭人口数4人是乙肝感染的危险因素,说明3代同堂家庭因为家庭人口数较多,家庭成员之间接触多,感染乙肝风险较高,更容易形成家庭聚集性。多因素分析结果显示,收入较高不仅是家庭聚集性的保护因素,还是传统家庭乙肝感染的保护因素,说明随着收入增加,家庭成员用于医疗保健费用也随之增加^[22];而在隔代家庭中,可能由于经济原因,青壮年长期在外打工,老人

和儿童自我预防保健意识不高,增加了乙肝感染家庭聚集性的形成。

综上所述,贵州省少数民族地区中,缺乏预防保健意识的隔代家庭和家庭人口数较多的三代同堂家庭是乙肝感染家庭聚集性的高危人群,特别是家中存在乙肝患者的家庭,应该加强对家庭成员的乙肝筛查,同时要加强隔代家庭居民预防乙肝的健康教育,以及乙肝疫苗接种的宣传,提升居民自我预防保健意识,减少贵州省少数民族地区乙肝感染家庭聚集性。

4 参考文献

[1] SCHILLIE S, VELLOZZI C, REINGOLD A, et al. Prevention of hepatitis B virus infection in the united states; recommendations of the advisory committee on immunization practices[J]. MMWR Recomm Rep, 2018,67(1):1-31.

[2] ZAMPINO R, BOEMIO A, SAGNELLI C, et al. Hepatitis B virus burden in developing countries[J]. World J Gastroenterol, 2015,21(42):11941-11953.

[3] ZHANG E L, GU J, ZHANG Z Y, et al. MicroRNA expression profiling in patients with hepatocellular carcinoma of familial aggregation and hepatitis B virus infection[J]. Oncol Lett, 2017,14(1):971-976.

[4] 闵定玉, 黄文湧, 杨敬源, 等. 贵州少数民族人群 HBV 感染家庭聚集性及影响因素分析[J]. 中国公共卫生, 2016,32(2):183-187.

[5] 孔毅, 丁峥嵘, 罗梅, 等. 云南省乙型肝炎病毒感染危险因素 Logistic 回归模型分析[J]. 中国疫苗和免疫, 2012,18(2):123-126.

[6] 邢茂源, 温勇. 家庭结构视角下家庭健康自评及影响因素研究[J]. 人口与社会, 2018,34(3):101-110.

[7] WATERWORTH P, ROSENBERG M, BRAHAM R, et al. The effect of social support on the health of Indigenous Australians in a metropolitan community [J]. Soc Sci Med, 2014,119:139-146.

[8] LI L W, ZHANG J, LIANG J. Health among the oldest-old in China: which living arrangements make a difference? [J]. Soc Sci Med, 2009,68(2):220-227.

[9] 杨进业, 沈立萍, 莫兆军, 等. 乙肝疫苗长期免疫地

区乙肝病毒感染家庭聚集性变化趋势的观察[J]. 应用预防医学, 2007,13(1):8-10.

[10] 云霞霞, 刘建华, 蔡衍珊, 等. 广州地区甲型、乙型、戊型肝炎病毒感染家庭聚集性特征分析[J]. 现代预防医学, 2011,38(19):3877-3880.

[11] 罗贤贵. 流动与变迁:民族地区农村家庭结构嬗变研究——以贵州省 9 个少数民族村为例[J]. 农村经济, 2015(8):109-113.

[12] 龚玲. 三代同堂家庭祖辈和父辈共同养育研究[D]. 上海:华东师范大学, 2017.

[13] 黄勇, 刘蔚丹, 崔征. 西南农村家庭网络结构变迁下住区规划设计的几点思考[J]. 现代城市研究, 2015,30(4):35-40.

[14] 冉莉. 铜仁市不同家庭结构老年人健康状况调查及影响因素[J]. 中国老年学杂志, 2012,32(8):1663-1664.

[15] 黎健, 刘景一, 胡家瑜, 等. 上海市乙肝病毒感染家庭聚集性及感染模式研究[J]. 中华疾病控制杂志, 2013,17(8):681-683.

[16] BLUMBERG B S. Complex interactions of hepatitis B virus with its host and environment[J]. J R Coll Physicians Lond, 1995,29(1):31-40.

[17] 徐龙, 吴敏, 邹鲁, 等. 江西部分地区慢性 HBV 感染的家族聚集性分析[J]. 江西医药, 2017,52(9):831-832.

[18] 胡莉萍, 刘德平, 陈钦艳, 等. 隐匿性乙型肝炎病毒感染可通过密切接触传播[J]. 应用预防医学, 2016,22(2):97-101.

[19] 陈胜华, 江金华, 骆碧珍, 等. 乳源县瑶族人群乙型肝炎病毒感染危险因素分析[J]. 中国热带医学, 2015,15(6):692-694.

[20] 孟庆华, 侯维. 2015 年版《慢性乙型肝炎防治指南》——慢性乙型肝炎抗病毒治疗指南解读[J]. 中国全科医学, 2016,19(14):1613-1615.

[21] 徐英, 刘军, 刘建华. 乙型肝炎家庭成员健康管理相关研究进展[J]. 中国病毒病杂志, 2017,7(6):459-464.

[22] 李锋平, 王伟明, 苏培聪, 等. 泉州市居民乙肝病毒感染现状及影响因素分析[J]. 中国公共卫生, 2011,27(10):1223-1225.

(2019-03-10 收稿,2019-05-16 修回)
中文编辑: 刘 平; 英文编辑: 张启芳