· 调查报告与分析 ·

中国大陆 2006—2012 年人和牲畜布鲁氏菌病空间分布特征及相关性*

廖伟斌[1,2], 孙建国[1,2], 于国伟[3], 雍万铃[1,2], 田德红[4], 王熙蓓[4]

摘　要: 目的　探讨中国大陆地区 2006—2012 年人和牲畜布鲁氏菌病(布病)疫情的空间分布特征及相关性, 为采取相应的防制措施提供参考依据。**方法**　收集公共卫生科学数据中心 2006—2012 年中国法定报告传染病数据库中人布病疫情资料和农业部《兽医公报》中牲畜布病疫情资料, 采用全局、局部空间自相关分析方法对 2006—2012 年人畜布病疫情数据进行分析。**结果**　中国大陆地区 2006—2012 年人间布病发病率由 1.45/10 万上升到 2.93/10 万, 年发病率全局 Moran′s I 指数为 0.179 0 ~ 0.345 8, 且均呈正相关(均 $P<0.01$), 有明显的聚集性; 牲畜布病发病数在这一时期迅猛增加, 由 2 032 头上升到 82 071 头, 其中 2010、2011、2012 年全局 Moran′s I 指数分别为 0.164 3、-0.072 8、-0.0833(均 $P<0.05$); 单变量和双变量局部空间自相关结果均显示人畜布病疫情存在正相关关系, 高聚集区集中在北方农牧区, 低聚集区集中在南方非农牧区, 疫情不断由北方向南方扩散。**结论**　人畜布病疫情均存在不同程度的聚集性, 人间布病疫情聚集程度逐年上升, 而牲畜布病发病数与空间自相关指数大小分布存在一定的差异性。

关键词: 布鲁氏菌病(布病); 空间分布特征; 相关性; 人; 牲畜
中图分类号: R 378.5　**文献标志码**: A　**文章编号**: 1001-0580(2015)10-1289-05　DOI: 10.11847/zgggws2015-31-10-16

Spatial distribution characteristics and correlation of human and livestock brucellosis in mainland China, 2006 – 2012

LIAO Wei-bin*, SUN Jian-guo, YU Guo-wei, et al (* *Faculty of Geomatics, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou, Gansu Province* 730070, China)

Abstract: Objective　To explore the spatial distribution characteristics and correlation of human and livestock brucellosis in mainland China from 2006 to 2012, and to provide references for taking corresponding control measures. **Methods**　Human brucellosis data were extracted from the database of reported notifiable infectious diseases in China published by China Public Health Science Data Center and the livestock brucellosis data from Official Veterinary Bulletin issued by Ministry of Agriculture of China. Global and local spatial autocorrelation analyses were carried out based on the data for the years of 2006 to 2012. **Results**　The overall incidence of human brucellosis increased from 1.45/100 000 to 2.93/100 000 during the period and the global Moran′s I coefficients for the incidence ranged from 0.179 0 to 0.345 8 and were all positive (all $P<0.05$), suggesting a significant spatial clustering of the incidence; the number of livestock brucellosis increased from 2 032 to 82 071 during the same period, with the global Moran′s I coefficients of 0.164 3, -0.072 8, and -0.083 3 (all $P<0.05$) for the year of 2010, 2011, and 2012. Both univariate and bivariate local spatial autocorrelation analysis showed a positive correlation between human and livestock brucellosis. The areas with high clustering of human brucellosis were observed in agricultural and pastoral regions in northern of China and the areas with low clustering in non-agricultural and non-pastoral regions in southern of China. **Conclusion**　Human and livestock brucellosis present different patterns of spatial clustering; the degree of human brucellosis spatial clustering increases yearly, while the distribution of livestock brucellosis cases is not consistent to that of spatial autocorrelation coefficients of the diseases.

Key words: brucellosis; spatial distribution characteristics; correlation; human; livestock

布鲁氏菌病(简称"布病")是布鲁氏菌属的细菌侵入机体, 引起传染 - 变态反应性的人畜共患的传染病, 是《中华人民共和国传染病防治法》规定的乙类传染病[1]。人可通过与携带布鲁氏杆菌的动物及其分泌物接触或食用其肉、乳制品感染。布病常发生在猪、牛、羊等家畜中, 可引起怀孕母畜流产、死胎等现象, 公畜易发生睾丸炎, 使其丧失种用价值, 人感染后会造成人体多器官损伤, 尤其是运动系统, 导致肌肉和关节疼痛, 严重者可丧失劳动力[2-5]。布病在中国流行多年, 20 世纪 50 ~ 60 年代人畜布病疫情严重, 自 70 年代疫情持续下降, 90 年代初期已得到初步的控制, 90 年代中后期疫情呈回升趋势, 21 世纪后回升趋势愈演愈烈[6]。布病疫情的肆虐为人民群众的身体健康和畜牧业的发展影

* **基金项目**: 甘肃省科技计划资助项目(1308RJZA124); 兰州交通大学科技支撑基金(ZC2012006)
作者单位: 1. 兰州交通大学测绘与地理信息学院, 甘肃 兰州 730070; 2. 甘肃省地理国情监测工程实验室; 3. 西北民族大学环境健康研究所; 4. 兰州大学公共卫生学院
作者简介: 廖伟斌(1989 -), 男, 甘肃兰州人, 硕士在读, 研究方向: 遥感和 GIS 应用研究。
数字出版日期: 2015 - 8 - 31 11:03
数字出版网址: http://www.cnki.net/kcms/detail/21.1234.R.20150831.1103.018.html

响巨大,为探讨中国大陆地区 2006—2012 年人和牲畜布病疫情的空间分布特征及相关性,为采取相应的防制措施提供参考依据,本研究收集公共卫生科学数据中心 2006—2012 年中国法定报告传染病数据库中人布病疫情资料和农业部《兽医公报》中牲畜布病疫情资料,采用全局空间自相关、局部空间自相关分析方法对中国大陆地区 2006—2012 年人畜布病疫情数据进行分析。结果报告如下。

1　资料与方法

1.1　资料来源　2006—2012 年人布病疫情资料来自公共卫生科学数据中心的中国法定报告传染病数据库(http://www.phsciencedata.cn/);牲畜布病疫情资料来自 2006—2012 农业部《兽医公报》。基础地理信息数据采用 1∶400 万全国行政区划数字地图。由于本研究以省、自治区、直辖市为行政单元,在该尺度下并不能表达法定传染报告数据库中新疆建设兵团的布病疫情,因此将新疆建设兵团合并到新疆自治区中,并利用各自的布病发病数与发病率重新计算合并后的布病发病情况,牲畜布病疫情数据亦作同样处理。

1.2　统计分析　应用 GeoDa1.6.0 对人和牲畜布病疫情进行全局空间自相关、单变量局部空间自相关和双变量局部空间自相关分析。(1)空间权重构造:本研究在省级尺度上使用 Rook 邻接计算权重矩阵。Rook 权重要求空间要素间有公共边界时使用,若要素间无公共边,权重矩阵会判断该要素无邻居要素,形成"岛效应"。为避免这一现象,需要对生成的权重矩阵加以修改,使海南与广东、广西相连。(2)全局空间自相关:全局空间自相关是空间要素属性值在不同位置上的相关性,从空间上反应出该属性值的聚集程度。全局自相关 Moran′s I 计算公式如下:$I = \frac{n}{S_0}\frac{\sum_{i=1}^{n}\sum_{j=1}^{n} w_{ij} z_i z_j}{\sum_{i=1}^{n} z_i^Z}$。式中,$I$ 为 Moran′s I 指数;n 为空间要素的个数;S_0 是所有要素空间权重的和;w_{ij} 指要素 i 与 j 之间的空间权重,z_i 是空间要素 i 的属性值与其平均值之差;z_j 是空间要素 j 的属性值与其平均值之差[7]。(3)单变量局部空间自相关:全局空间自相关 Moran′s I 可以从整体上判断布病疫情的空间聚集性,而局部自相关 Moran′s I 可以反映出空间单元与其相邻单元布病疫情的相关程度,其公式如下:$I = \frac{(x_i - \overline{X})}{\frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(x_i - \overline{X})^2}\sum_{j=1}^{n} w_{ij}(x_j - \overline{X})$。式中,$I$ 为局部 Moran′s I 指数;n 为空间要素的个数;x_i 是空间要素 i 的属性值;$\overline{X}$ 是空间要素属性的平均值;x_j 是空间要素 j 的属性值;w_{ij} 指要素 i 与 j 之间的空间权重[8]。(4)双变量局部空间自相关:与局部空间自相关 Moran′s I 原理类似,双变量局部空间自相关能够反映出空间单元及其相邻单元不同属性值的关联程度[9]。其公式如下:$J_{kl}^{i} = z_k^i \sum_{j=1}^{n} w_i j z_i^j$。式中,$I_{kl}^{i}$ 为双变量局部 Moran′s I 指数;z_k^i、z_i^j 分别对空间单元 i、j 的属性值 k 和 J 标准差标准化;w^{ij} 是要素 i 与 j 之间的空间权重;n 是空间要素的个数[10]。

2　结　果

2.1　疫情现状(图 1)　中国大陆地区 2006—2012 年我国人间布病疫情总体呈上升态势,发病率由 1.45/10 万上升到 2.93/10 万,其变化趋势可以分为 3 个阶段:其中 2006—2007 年为平稳阶段,发病率维持在 1.5/10 万左右;2008—2009 年为迅速上升阶段,疫情从 2008 年开始迅速上升,到 2009 年达到顶峰,发病率也由 2.1/10 万上升到 2.7/10 万;2010—2012 年为稳定上升期,2010 年较 2009 年发病率下降了 6.2%,但仍高于 2006—2009 年全国布病平均发病率,2011—2012 疫情持续上升,此阶段布病平均发病率达到 2.9/10 万。2006—2012 年牲畜布病发病数迅猛增长,由 2 032 头增长到 82 071 头,同时处在 2006—2012 年人间布病累积发病率和牲畜布病累积发病数前 10 位的省份有 7 个,分别为内蒙古、山西、河北、新疆、宁夏、辽宁、陕西,结果见图 1。

2.2　全局空间自相关分析(表 1)　全局自相关分析结果显示,2006—2012 年人间布病发病率全局自相关 Moran′s I 指数为 0.179 0 ~ 0.345 8,均呈正相关(均 $P < 0.01$),有明显的聚集性。牲畜布病发病数全局自相关 Moran′s I 指数存在一定的差异性,其中 2006、2008、2009 年均呈正相关,2007 年呈负相关,但 2006—2009 年 Moran′s I 指数差异无统计学意义(均 $P > 0.05$);2010 年 Moran′s I 指数为 0.164 3($Z = 2.193\ 3$, $P = 0.045$),2011 和 2012 年 Moran′s I 指数分别为 −0.072 8 和 −0.083 3(均 $P < 0.05$)。

2.3　局部自相关分析

2.3.1　单变量局部空间自相关分析(图 2)　为了进一步探究全国布病聚集分布情况,根据全局空间自相关结果,对 Moran's I 指数具有统计学意义的年份进行局部空间自相关分析并生成 LISA 聚集分布图(图 2)。从图 2 中可见,2006—2012 年人间布病发病率高 − 高聚集区主要有 5 个,分别为内蒙古、山西、河北、吉林、黑龙江,其平均发病率为 14.3/10 万;低低聚集区主要集中在我国南方,如云南、广西、

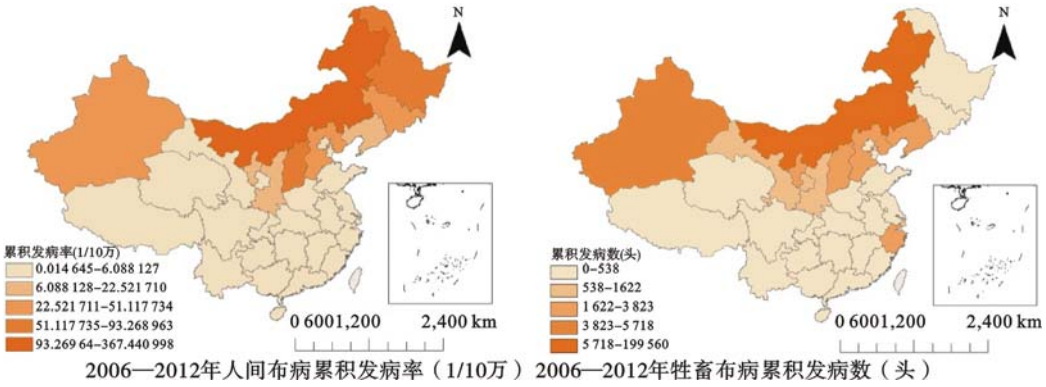

图 1　中国大陆地区 2006—2012 年布病疫情空间分布图

表 1　中国大陆地区 2006—2012 年人和牲畜布病疫情全局自相关 Moran′s I 指数

年份	人布病发病率全局自相关			牲畜布病发病数全局自相关		
	Moran′s I	*Z* 值	*P* 值	Moran′s I	*Z* 值	*P* 值
2006	0.196 6	3.633 9	0.004	0.046 3	0.951 9	0.157
2007	0.196 6	3.612 9	0.005	−0.075 4	−0.525 3	0.330
2008	0.239 3	4.002 1	0.003	0.134 4	1.466 0	0.087
2009	0.195 7	3.954 0	0.004	0.041 7	0.657 3	0.224
2010	0.179 0	3.927 2	0.007	0.164 3	2.193 3	0.045
2011	0.186 0	3.918 2	0.007	−0.072 8	−2.285 7	0.030
2012	0.345 8	4.315 5	0.004	−0.083 3	−2.958 7	0.016

广东、重庆、湖南、贵州、江西、浙江，其平均发病率由 2006 年的 0.008/10 万上升到 2012 年的 0.049/10 万，呈上升趋势；低－高聚集区主要分布在内蒙古的周边，如甘肃、宁夏、陕西、辽宁，其平均发病率由 2006 年 0.72/10 万上升到 2012 年的 3.1/10 万。牲畜布病发病数聚集分布中，2010 年牲畜发病数 LISA 图与人间布病聚集分布相似，高－高聚集区集中在华北及东北地区，低－低聚集区集中在南方，低－高聚集区分布在高－高聚集区周围，反映出牲畜布病发病情况。2011 和 2012 年牲畜发病数迅速上升，此阶段牲畜平均发病数（103 550.5 头）远高于 2006—2010 年平均发病数（3 859.8 头），其中内蒙古上升最快，牲畜发病数分别为 117 623（2011 年）

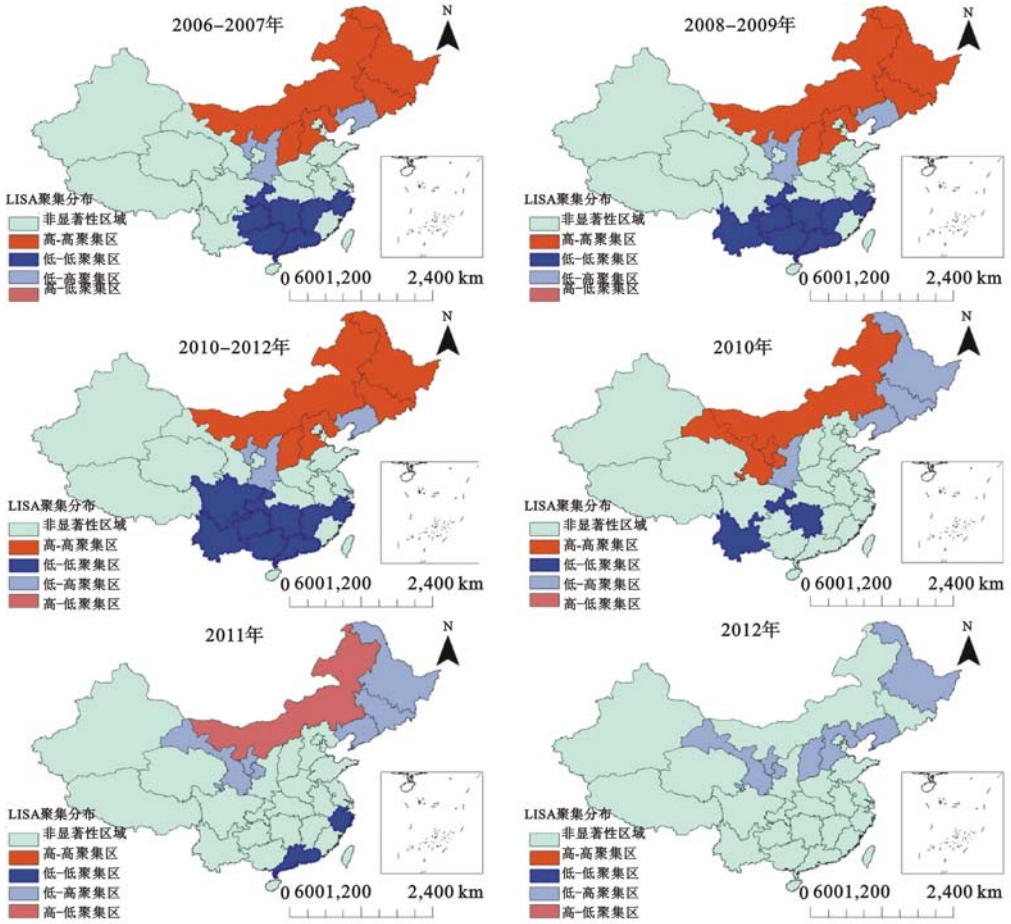

图 2　中国大陆地区 2006—2012 年人和牲畜单变量 LISA 聚集分布图

和 78 750(2012 年),占全国发病数的 94.1% (117 623/125 030)、96.0% (78 750/82 071),内蒙古与周围省份的发病数存在较大差异,而这种差异导致 LISA 不能正确的表现聚集分布。

2.3.2　双变量局部空间自相关结果(图 3)　采用双变量局部空间自相关将人与牲畜布病疫情结合在一起,探究两者之间的相关性。由于 2011—2012 年牲畜发病数全局自相关呈负相关,其 LISA 聚集分布图不明显,本研究以 2010 年人和牲畜的布病疫情数据为例,进行双变量局部空间自相关分析,并得到双变量 LISA 聚集分布图(图 3)。从图 3 可见,2010 年人和牲畜布病疫情间呈正相关(Moran′s I = 0.1501, P = 0.014),其中内蒙古和宁夏为高 - 高聚集区,云南、贵州、重庆、湖南、广西、广东、江西为低 - 低聚集区。山西、河北、辽宁、吉林、黑龙江为低 - 高聚集区,浙江为高 - 低聚集区。

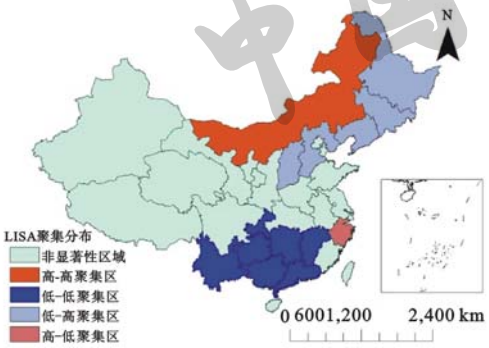

图 3　中国大陆地区 2010 年人和牲畜双变量 LISA 聚集分布图

3　结　论

目前,国内外对布病的研究更多的集中在诊断、治疗、免疫等描述性流行病学上,但布病是一种人畜共患病,它的发生受到地理自然环境、居民的生产生活方式、传染源牲畜的数量、分布及流动等影响[11-12]。空间自相关分析能够定量描述数据之间的依赖关系,分析地理区域间的相互关系,可以用来探索疾病的空间分布特征[13-14]。通过全局自相关分析可以衡量布病在研究区域整体上是否存在自相关性,并进一步采用局部自相关分析可以得到具体聚集区的分布,而利用双变量局部自相关可以分析人和牲畜布病的空间相关性[15]。

本研究以 2006—2012 年中国大陆地区各省市人和牲畜布病疫情数据为基础,分析布病疫情的空间分布特征及人和牲畜布病的相关性。结果显示,2006—2012 年中国大陆地区人间布病疫情表现出明显的聚集性,且聚集程度逐年上升,高聚集区主要集中在我国北方省份,低聚集区集中在我国南方,与文献[16-17]研究结果一致。由于牲畜布病存在空间异质性,其聚集性在 2006—2009 年表现并不明显,而在 2010 年呈正相关,2011—2012 年呈负相关,提示牲畜布病疫情也具有聚集性,其聚集分布呈现南北差异,并有逐渐向南方扩散的趋势。人与牲畜布病相关性研究中,两者表现出正相关,即牲畜布病疫情的增加与扩散影响着人间布病疫情的变化。

针对布病的聚集分布,应将高聚集区作为高危险区,加强该区域内的监测工作,提升工作力度,对低聚集区也需仔细排查疾病的危险因素。本研究中高聚集区与低聚集区呈现明显的南北分布,造成这种差异分布的原因主要有:(1)饲养方式落后、防护意识淡薄。传统的饲养方式,如人畜同院、散养散放等,仍普遍存在于内蒙古、宁夏等牧区,加之布病的防护意识淡薄,无法对感染布病的牲畜进行有效处理,导致布病疫情的不断发生[18];(2)防疫体系不完善、牲畜流通监管不力。防疫体系不完善使布病的预防难以实施,出现疫情的地区也不能得到控制。近年来,我国的畜牧业得到了迅速的发展,但相关兽医机构的防疫条件与技术水平却得不到明显的提升,造成了对牲畜监管的困难[16]。随着跨省间牲畜及相关产品等贸易的增多,牲畜流通监管的不力,为布病由北方转移到南方提供了便利,导致布病疫情由北方向南方扩散及不断出现的布病突发公共卫生事件[19-20]。

由于本研究重点研究人和牲畜布病疫情的空间分布特征及其相关性,忽略了人文环境与自然环境因素对其产生的影响,因此,在今后的研究中需要进一步考虑环境因素,探究影响布病疫情发生与传播的危险因素。

参考文献

[1] 卫生部. 全国人间布鲁氏菌病监测方案[S]. 北京:卫生部,2005.
[2] 陈丹,柳晓琳,刘孝刚,等. 布鲁氏菌病流行趋势及其防治措施的研究进展[J]. 中国地方病防治杂志,2011,26(1):26-28.
[3] 史新涛,古少鹏,郑明学,等. 布鲁氏菌病的流行及防控研究概况[J]. 中国畜牧兽医,2010,37(3):204-206.
[4] 高彦辉,赵丽军,孙殿军,等. 布鲁氏菌病防治基础研究现状与展望[J]. 中国科学:生命科学,2014,44(6):628-635.
[5] 任洪林,卢士英,周玉,等. 布鲁氏菌病的研究与防控进展[J]. 中国畜牧兽医,2009,36(9):139-143.
[6] 崔步云. 中国布鲁氏菌病疫情监测与控制[J]. 疾病监测,2007,22(10):649-651.
[7] Fortin MJ. Spatial analysis. A guide for ecologists[J]. F66 2005,2005,(62).
[8] Anselin L. Local indicators of spatial association-LISA[J]. Geographical Analysis,1995,27(2):93-115.
[9] Gruebner O,Khan MM,Lautenbach S,et al. A spatial epidemiological analysis of self-rated mental health in the slums of Dhaka[J]. International Journal of Health Geographics,2011,10(11):36.
[10] Anselin L,Syabri I,Smirnov O. Visualizing multivariate spatial correlation with dynamically linked windows[C]. //In new tools for spatial data analysis:proceedings of the specialist meet-

ing; Santa Barbara. Edited by: Anselin L, Rey S. Center for Spatially Integrated Social Science (CSISS), University of California, 2002.
[11] 魏巍, 马世春. 我国布鲁氏菌病流行情况及防控建议[J]. 兽医发展与兽药安全, 2013, 12: 38 – 41.
[12] 张俊辉, 杨超, 叶运莉. 我国人间布鲁菌病流行特征变化及防控策略[J]. 寄生虫病与感染性疾病, 2011, , 9(2): 101 – 103.
[13] Abdullayev R, Kracalik I, Ismayilova R, et al. Analyzing the spatial and temporal distribution of human brucellosis in Azerbaijan (1995 – 2009) using spatial and spatio-temporal statistics[J]. Bmc Infectious Diseases, 2012, 12(32): 185 – 196.
[14] Zhang JH. Spatial analysis on human brucellosis incidence in mainland China: 2004 – 2010. [J]. BMJ Open, 2014, 4(4): 297 – 301.
[15] 李淑梅, 袁李东. 绥中县 2004—2012 年布鲁氏菌病流行病学分析[J]. 中国公共卫生, 2014, 30(2): 237 – 239.
[16] 吴清民. 动物布鲁氏菌病防控技术及策略的探讨[C]. //中国畜牧兽医学会, 中国畜牧兽医学会家畜传染病学分会第八届全国会员代表大会暨第十五次学术研讨会论文集, 徐州, 2013. 北京: 中国畜牧兽医学会, 2013.
[17] 范凯, 田疆. 基层医疗机构人员布鲁氏菌病诊断能力调查[J]. 中国公共卫生, 2012, 28(5): 724 – 724.
[18] 李晔, 余晓花, 王大力, 等. 2006—2012 年全国布鲁氏菌病引起突发公共卫生事件特征分析[J]. 疾病监测, 2013, 28(9): 723 – 725.
[19] 崔步云. 关注中国布鲁杆菌病疫情发展和疫苗研究[J]. 中国地方病学杂志, 2012, 31(4): 355 – 356.

收稿日期: 2015 – 03 – 27　（郭薇编辑　韩仰欢校对）

· 调查报告与分析 ·

云南省首例人感染 H5N6 禽流感病例流行病学调查

郑艳, 郭卉, 王荣华, 林燕, 杨静, 贾豫晨

摘　要: 目的　分析云南省首例人感染 H5N6 禽流感病例流行病学特征, 为制定人禽流感防控措施提供依据。**方法**　对人感染 H5N6 禽流感病例、密切接触者和感染来源进行流行病学调查, 采集相关标本进行实验室检测, 并应用描述性流行病学方法进行分析。**结果**　病例确诊为人感染 H5N6 禽流感, 临床表现主要为发热、咳痰、呼吸困难, 胸片示双肺炎变, 白细胞数目先下降后升高, 因呼吸和循环衰竭死亡; 病例有明确的野禽接触史, 但感染来源不清晰, 其密切接触者未发生 H5N6 禽流感传播; 当地的活禽市场广泛存在禽流感病毒污染。**结论**　云南省首次发现人禽流感病例, 未发现人传人的证据。

关键词: 人感染 H5N6 禽流感病例; 首例; 流行病学调查
中图分类号: R 51　**文献标志码:** A　**文章编号:** 1001-0580(2015)10-1293-04　DOI: 10.11847/zgggws2015-31-10-17

Human infection with avian influenza A (H5N6) virus in Yunnan province: first case report

ZHENG Yan, GUO Hui, WANG Rong-hua, et al (*Center for Public Health Emergency Management, Yunnan Provincial Center for Disease Control and Prevention, Kunming, Yunnan Province* 650022, China)

Abstract: Objective　To analyze epidemiological characteristics of the first case of human infection with avian influenza A (H5N6) virus in Yunnan province and to provide evidences for control and prevention of the epidemic. **Methods**　Epidemiological investigations on the infected case, close contacts and infection source were carried out; relevant specimens were collected and tested in laboratories. The data gathered were analyzed with descriptive epidemiology method. **Results**　The case was diagnosed confirmedly as human infection with avian influenza A (H5N6) virus in February 2015, with clinical manifestations of fever, expectoration, dyspnea, inflammatory condition of lungs by X-ray, lower number of white blood cell in early stage and ascending later, and died of respiratory and circulatory failure. The case had confirmed history of contacting with wild avian, but the infection source was not ascertained. There was no secondary case among the close contacts. Avian influenza A viruses contamination existed widely in local poultry markets. **Conclusion**　The first case of human infection with avian influenza A in Yunnan province was reported and no evidence of human-to-human transmission was identified.

Key words: human infection with avian influenza A (H5N6) virus; first case; epidemiological investigation

人感染高致病性禽流感(以下简称“人禽流感”)是由禽甲型流感病毒某些亚型中的一些毒株引起的急性呼吸道传染病[1]。据中国疾病预防控制中心和 WHO 通报, 2013 年以来, 国内的人禽流感疫情以 H7N9 亚型为主, 本次疫情之前全球仅中国报告了 2 例 H5N6 人禽流感病例, 分别发生后在 2014 年 5 月四川省和 2014 年 12 月广东省[2-5]。据媒体报道, 自 2014 年以来, 中国四川省南充市、黑龙

作者单位: 云南省疾病预防控制中心, 昆明 650022
作者简介: 郑艳(1979 –), 女, 四川泸州人, 主管医师, 硕士, 研究方向: 疾病监测与突发公共卫生事件应急处置。
数字出版日期: 2015 – 8 – 31 11:10
数字出版网址: http://www.cnki.net/kcms/detail/21.1234.R.20150831.1110.028.html