· 流行病学研究 ·

浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感病例空间自相关分析*

张人杰, 李娜, 王臻, 李傅东, 刘碧瑶

摘　要: 目的　了解浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感病例的时空分布模式, 为疫情的有效防控和预警提供科学依据。**方法**　收集 2013 年 1 月—2014 年 12 月浙江省传染病疫情直报系统中人感染 H7N9 禽流感病例数据, 应用 ArcGIS 10.0 软件分析病例分布的趋势和聚集性, 并预测区域发病风险。**结果**　浙江省 2013—2014 年共报告 140 例人感染 H7N9 禽流感病例, 分别于 2013 年 3—4 月(45 例)和 2014 年 1—2 月(84 例)出现 2 个疫情高峰; 全局自相关分析结果显示, 2014 年病例分布的聚集性($I=0.51$, $Z=6.48$, $P<0.001$)较 2013 年病例分布的聚集性($I=0.27$, $Z=5.93$, $P<0.001$)有所增强; 热点分析结果显示, 2013 年人感染 H7N9 禽流感的热点区域主要分布在浙江省中北部的杭州市区、余杭区、萧山区、富阳市、德清县、海宁市等 6 个地区($Z\geq1.96$), 2014 年热点区域范围进一步扩大至安吉县、柯城区、宁波市区、慈溪市、余姚市等 5 个地区($Z\geq1.96$); 趋势面分析结果显示, 人感染 H7N9 禽流感发病在东西方向上呈先升高后降低趋势, 在南北方向上呈逐步上升趋势; 空间回归分析结果显示, 人感染 H7N9 禽流感病例数与人口密度和纬度有关(均 $P<0.05$), 纬度越高、人口密度越大, 出现病例的数量越多; 协同克里金插值法预测结果显示, 浙江省中北部地区以及东部沿海部分地区出现疫情的概率较高, 与病例空间分布较为一致。**结论**　浙江省人感染 H7N9 禽流感的发病在时间和空间尺度均有明显空间聚集性, 以冬春季节和浙江北部地区的疫情较为严重。

关键词: 人感染 H7N9 禽流感; 空间自相关分析; 趋势面分析; 空间回归分析; 协同克里金插值法

中图分类号: R 373.1+9　**文献标志码:** A　**文章编号:** 1001-0580(2017)01-0070-04　DOI: 10.11847/zgggws2017-33-01-17

Spatial autocorrelation of human H7N9 avian influenza incidents in Zhejiang Province, 2013 – 2014

ZHANG Ren-jie*, LI Na, WANG Zhen, et al (*Management Office, Zhejiang Provincial Center for Disease Control and Prevention, Hangzhou, Zhejiang Province* 310051, China)

Abstract: Objective　To investigate the spatial and temporal distribution of human H7N9 avian influenza cases in Zhejiang province during 2013 – 2014 and to provide evidences for prevention and control of the disease. **Methods**　Data on reported human avian influenza incidents in Zhejiang province from January 2013 through December 2014 were collected from Infectious Disease Reporting System of Zhejiang Province and analyzed with ArcGIS 10.0 to describe spatial distribution and aggregation of the incidents. **Results**　Totally 140 human H7N9 infections were reported and two incident peaks from March to May in 2013 and from January to February in 2014 were observed during the period in the province. Spatial autocorrelation analysis showed that the degree of the incidents aggregation in 2014 ($I=0.51$, $Z=6.48$, $P<0.001$) was stronger than in 2013 ($I=0.27$, $Z=5.93$, $P<0.001$); Getis-Ord statistics showed that the hotspots of the epidemics located mainly in north central area of Zhejiang province (Hangzhou city, Yuhang, Xiaoshan, Fuyang, Deqing, and Haining[$Z\geq1.96$]) in 2013 and then expanded to Anji, Kecheng, Ningbo, Cixi, and Yuyao ($Z\geq1.96$) in 2014. Trend surface was established for the human avian H7N9 influenza incidents, showing that the incidence increased from east to central area then decreased from central area to the west and declined from north to south. Spatial autocorrelation analysis suggested that the number of incidents was correlated with population density and latitude ($P<0.05$); the prediction map for the epidemic generated by Co-Kriking method fits well with the actual incidents. **Conclusion**　The spatial and temporal distribution of human H7N9 avian influenza incidents in Zhejiang province were highly clustered and the epidemics were severer from winter to spring in northern area.

Key words: human H7N9 avian influenza infection; spatial autocorrelation analysis; trend surface analysis; spatial regression analysis; Co-Kriging interpolation

人感染禽流感是由禽流感病毒引起的人类疾病。由于近几年才有人感染 H7N9 禽流感的报道, 因此缺少有效的治疗手段, 使得其病死率高达 40%[1], 曾一度造成公众的恐慌并严重影响了家禽产业的发展。浙江省是中国人感染 H7N9 禽流感疫情最为严重的省份之一, 为了解该地区 2013—2014

* **基金项目:** 浙江省医药卫生科技项目(2016KYB060); 浙江省疾病预防控制中心青年科技项目(2013001)
作者单位: 浙江省疾病预防控制中心, 杭州 310051
作者简介: 张人杰(1989 –), 男, 浙江杭州人, 医师, 硕士, 研究方向: 流行病学与卫生统计。
数字出版日期: 2016 – 4 – 5 16:14
数字出版网址: http://www.cnki.net/kcms/detail/21.1234.R.20160405.1614.042.html

年人感染 H7N9 禽流感病例的时空分布模式，为疫情的有效防控和预警提供科学依据，本研究收集了 2013 年 1 月—2014 年 12 月浙江省传染病疫情直报系统中人感染 H7N9 禽流感病例数据，应用 ArcGIS 10.0 软件分析病例分布的趋势和聚集性，并预测区域发病风险。结果报告如下。

1　资料与方法

1.1　资料来源　浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感疫情资料来源于浙江省传染病疫情直报系统，人口密度数据来源于《浙江省统计年鉴 2014》[2]。H7N9 禽流感病例数据来源于浙江省传染病疫情直报系统，以此为基础建立疫情数据库，并运用 Google Map 搜索病例发病时所在的住址，标记出病例的地理坐标。

1.2　统计分析　以浙江省的行政区划作为研究区域，运用 ArcGIS 10.0 软件将疫情数据库与浙江省电子地图进行匹配，建立空间分析数据库。采用全局自相关分析和热点分析 2 种方法分析浙江省人感染 H7N9 禽流感病例的分布是否存在聚集性。其中，全局自相关通过指数 I 反映病例分布在整个研究范围内是否存在聚集性。I 的取值范围为 -1 ~ 1，取值为 0 表示疫情暴发呈随机分布，越接近 1 说明空间聚集性越强，越接近 -1 则说明疾病的分布越发散。热点分析则进一步解释疾病在局部地区的具体分布特征，通过计算各个县区 Z 值来识别存在空间聚集性的具体区域，若 $Z \geqslant 1.96$，说明该区域存在显著的高值聚类，即疾病“热点区域”；$Z \leqslant -1.96$ 则说明该区域存在显著低值聚类[3]。采用趋势面分析对人感染 H7N9 病例的坐标分布进行三维成像，从而研究发病数量在经纬度上的空间变化趋势[4]。采用最小二乘法建立空间回归模型，研究人感染 H7N9 禽流感病例数与空间变量（如，经纬度坐标、所在地区社会经济学因素等）的关系[5]，并在此基础上使用协同克里金插值法绘制浙江省的人感染 H7N9 禽流感发病概率图。克里金模型是对区域化变量进行无偏最优估计的方法，其核心是基于已知的采样点，运用半变异函数模型进行模拟，从而计算出研究区域内任意点或区域的插值[6]。

2　结　果

2.1　浙江省人感染 H7N9 禽流感疫情时空分布概况（图 1、2）　浙江省 2013 年 1 月—2014 年 12 月共报告人感染 H7N9 禽流感病例 140 例，有 2 个明显的疫情高峰，分别为 2013 年 3—4 月（45 例）和 2014 年 1—2 月（84 例），发病数占病例总数的 92.14%。东、春季为人感染 H7N9 禽流感的主要高发时段，此外秋季也有个别病例出现（图 1）。140 例人感染 H7N9 禽流感病例分别分布在杭州（60 例）、湖州（23 例）、宁波（15 例）、绍兴（14 例）、嘉兴（8 例）、台州（7 例）、温州（6 例）、金华（6 例）、丽水（1 例）9 个市 56 个县区，疫情主要集中在浙北的杭嘉湖平原以及东北部沿海地区（图 2）。

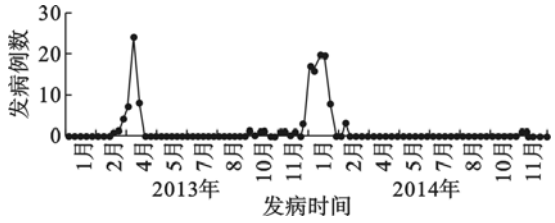

图 1　浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感疫情时间分布图

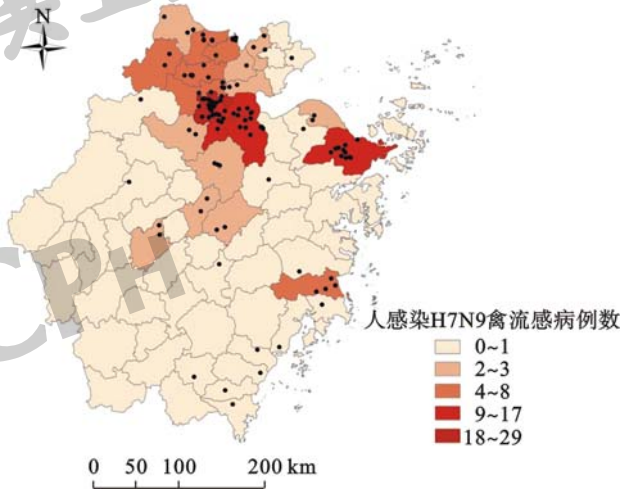

图 2　浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感疫情空间分布图

2.2　空间自相关分析（图 3）　全局自相关分析结果显示，浙江省 2013 年人感染 H7N9 禽流感病例分布的全局自相关指数 $I = 0.27$（$Z = 5.93$，$P < 0.001$），2014 年全局自相关指数 $I = 0.51$（$Z = 6.48$，$P < 0.001$），浙江省 H7N9 禽流感疫情总体上呈空间聚集性，2014 年聚集程度较 2013 年进一步加强。热点分析结果显示，浙江省 2013 年人感染 H7N9 禽流感病例分布的热点区域包括杭州市区、余杭区、萧山区、富阳市、德清县、海宁市 6 个地区，2014 年热点区域范围进一步扩大，新增安吉县、柯城区、宁波市区、慈溪市、余姚市 5 个地区。

2.3　趋势面分析（图 4）　以 X、Y 轴代表人感染 H7N9 禽流感病例分布的经纬度，Z 轴代表人感染 H7N9 禽流感病例数，趋势面分析结果显示，浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感病例分布在 XZ 平面上呈中间高两边低趋势，即在东西走向上病例分布呈先增多后减少趋势；在 YZ 平面上呈病例数随纬度增加而增加趋势，即在南北走向上浙北地区出现的病例较多。

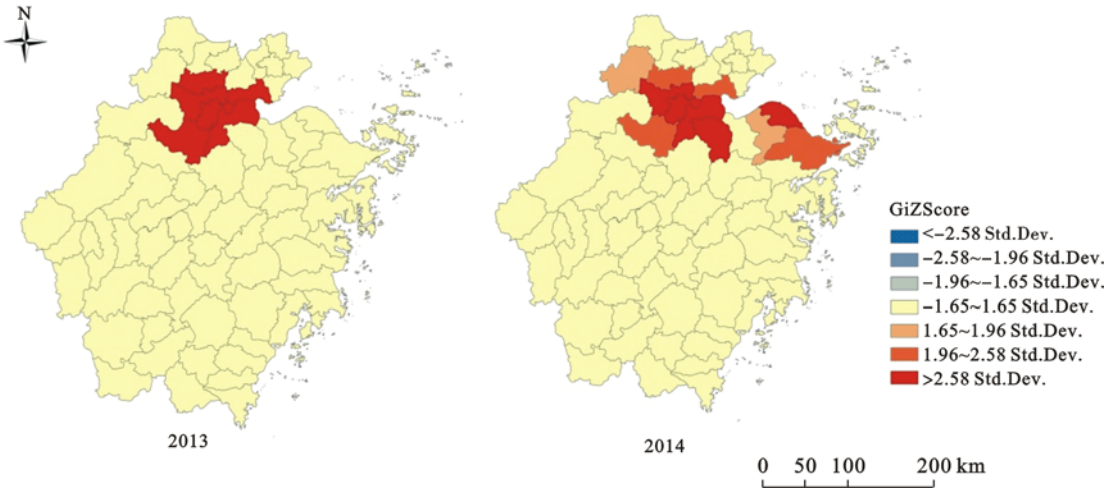

图 3　浙江省 2013—2014 年热点区域分布图

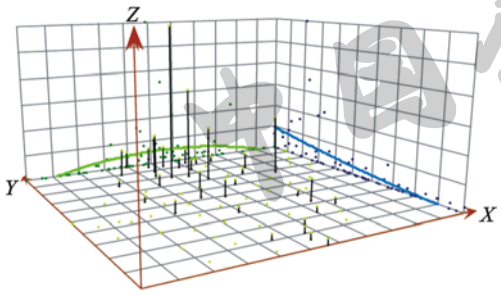

图 4　浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感病例分布趋势面分析图

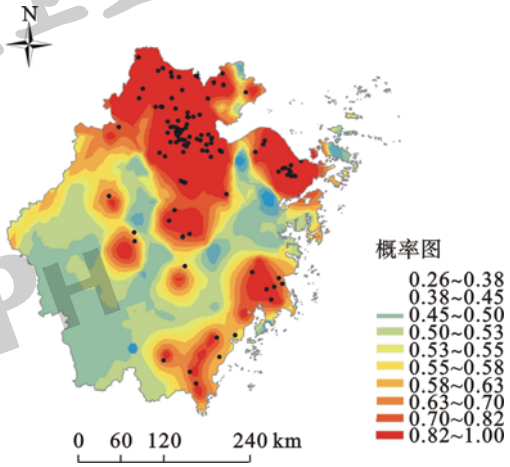

图 5　浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感病例克里金插值法预测图

2.4　*空间回归分析*　以地区的人感染 H7N9 禽流感发病数为因变量，各县区的经度、纬度、人口密度为自变量建立空间回归模型，运用 ArcGIS 普通最小二乘法进行运算，剔除残差具有空间聚集性的地区后再次进行回归分析。线性模型结果显示，区域发病数与纬度和人口密度均呈正相关（均 $P < 0.001$），与经度无相关关系（$P > 0.05$）。最终得到回归方程如下：发病数（例）= 1.64 × 纬度（度）+ 16.34 × 人口密度（万人/平方千米），即纬度越高、人口密度越大，出现病例的数量越多。

2.5　*克里金插值法预测*（图 5）　根据空间回归分析结果，区域发病数除与空间位置相关外，还与人口密度存在空间相关关系，为此本研究采用协同克里金插值法对各地区出现疾病的概率进行预测。以人感染 H7N9 禽流感病例数为主变量，人口密度为协变量，设定预测的阈值为 0，从而获得浙江省各地区出现病例（即超过设定阈值）的概率分布图。图 5 中，蓝色区域表示出现病例的概率较低，红色表示出现病例的概率较高。预测结果显示，浙江中北部地区及东部沿海部分地区出现疫情的概率较高，与病例的实际分布情况较为吻合，克里金插值法对疫情的预测较为理想。

3　讨　论

本研究根据浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感的监测数据，采用基于地理信息系统的空间分析手段对疫情的时空分布规律进行了分析和预测，研究结果显示，浙江省 2013—2014 年人感染 H7N9 禽流感疫情在时间和空间尺度上均存在明显的聚集性。

从时间尺度上看，浙江省人感染 H7N9 禽流感于 2013 年 3—4 月和 2014 年 1—2 月发生了 2 个疫情高峰，病例数占发病总数的 92.14%，在夏季基本无病例出现，提示人感染 H7N9 禽流感疫情的发生具有明显的季节性，冬春交替之际是疫情的高发时段。方立群等[7]对高致病性禽流感发病的环境、气象因素分析显示，禽流感疫情多发生于气温较低、相对湿度和气压较高的时段，且疫情发生前 1 周内气候变化较大，推测气候的剧烈变化会增加人群对病毒的易感性。因此，在冬春季节公众应增强禽流感的预防意识，尽量避免接触活禽。

从空间尺度上看,浙江省 2013 年人感染 H7N9 禽流感疫情的热点区域主要分布在杭州、湖州等地区,2014 年热点区域进一步扩大,拓展至宁波地区。Han 等[8]通过对浙江省地区 H7N9 禽流感病毒基因的进化分析得出湖州地区可能是病毒的起源地之一,与本研究空间分析结果一致,提示杭州、湖州地区在病毒的输入与传播过程中发挥了重要作用,是疫情防控的重点区域。与 2013 年相比,浙江省 2014 年的人感染 H7N9 禽流感病例数明显增加,热点区域进一步扩大,病例的空间聚集性也明显增强(全局自相关指数 I 从 0.27 上升至 0.51)。相关研究结果表明,疾病的空间分布模式与疫情发展有一定关联[9],在疫情流行期间患者的空间分布呈明显的聚集性[10],因此病例聚集性的出现和增强可作为局部、散发疫情向大规模暴发转变的预警指标[11]。此外,人感染 H7N9 禽流感病例在浙江省的分布还具有明显的趋势性,趋势面和空间回归分析结果均发现地区发病数自南向北呈逐步升高趋势,同时发病数还与人口密度有显著关联。家禽暴露作为人感染 H7N9 禽流感的危险因素已得到广泛认可[12],浙北地区尤其是杭嘉湖平原一代农业发达,家禽生产、交易活动频繁,再加上人口的密集,一定程度上增加了家禽暴露的机会,这可能是造成浙江省禽流感疫情分布北高南低的主要原因。由于数据来源较少,纳入空间回归分析的变量有限(经度、纬度、人口密度),因此本研究尚存在一定的局限性,预测模型的准确性和可靠性有待进一步考量。文献检索结果显示,气温、湿度[7]、水域面积、耕地面积[13]等因素也与禽流感疫情的暴发有一定关联;此外,近年来许多研究表明家禽贸易是 H7N9 禽流感传播的重要途径[14-17],因此区域的家禽产量、交易量、家禽交易市场的密度也是影响疫情暴发的重要因素。若能把以上变量纳入预测模型,将有效提升预测结果的可信度。然而目前国内尚未建立有效的数据共享机制,影响疾病预测的重要数据分散在卫生、农业、工商等多个部门,关键数据获取困难成为了地理信息系统技术在疾病预测预警领域有效应用的最大瓶颈。如何打破部门间数据共享的壁垒,形成疫情相关信息的大数据,是今后有效开展疫情预测预警所需解决的重要问题。

志谢　本研究得到南京医科大学彭志行教授在分析软件、研究方法等方面的大量支持与帮助,谨致谢意

参考文献

[1] Wang Y. The H7N9 influenza virus in China - changes since SARS[J]. N Engl J Med,2013,368(25):2348 - 2349.
[2] 浙江省统计局,国家统计局浙江调查总队. 浙江统计年鉴 2014[M]. 北京:中国统计出版社,2014.
[3] McCann CM,Baylis M,Williams DJ. The development of linear regression models using environmental variables to explain the spatial distribution of Fasciola hepatica infection in dairy herds in England and Wales[J]. Int J Parasitol,2010,40(9):1021 - 1028.
[4] 张嘉成,鲍倡俊,刘文东,等. 江苏省病毒性乙型肝炎流行趋势 GIS 空间分析[J]. 中国卫生统计,2013,30(3):351 - 353.
[5] Yang X,Jin W. GIS-based spatial regression and prediction of water quality in river networks:a case study in Iowa[J]. J Environ Manage,2010,91(10):1943 - 1951.
[6] McCoy J,Johnston K,Kopp S. ESRI GIS 空间分析手册[M]. 北京:ESRI 中国(北京)有限公司,2005.
[7] 方立群,曹春香,陈国胜,等. 地理信息系统应用于中国大陆高致病性禽流感的空间分布及环境因素分析[J]. 中华流行病学杂志,2005,26(11):11 - 14.
[8] Han J,Wang L,Liu J,et al. Cocirculation of three hemagglutinin and two neuraminidase subtypes of avian influenza viruses in Huzhou,China,April 2013:implication for the origin of the novel H7N9 virus[J]. J Virol,2014,88(11):6506 - 6511.
[9] Lee SS,Wong NS. The clustering and transmission dynamics of pandemic influenza A(H1N1)2009 cases in Hong Kong[J]. J Infect,2011,63(4):274 - 280.
[10] Zhang Y,Shen Z,Ma C,et al. Cluster of human infections with avian influenza A(H7N9)cases:a temporal and spatial analysis[J]. Int J Environ Res Public Health,2015,12(1):816 - 828.
[11] 张人杰,葛尔佳,张双凤,等. 高致病性 H5N1 禽流感全球分布地理信息系统时空分析[J]. 中国公共卫生,2014,30(1):26 - 29.
[12] Xu J,Lu S,Wang H,et al. Reducing exposure to avian influenza H7N9[J]. Lancet,2013,381(9880):1815 - 1816.
[13] Yupiana Y,de Vlas SJ,Adnan NM,et al. Risk factors of poultry outbreaks and human cases of H5N1 avian influenza virus infection in West Java Province,Indonesia[J]. Int J Infect Dis,2010,14(9):800 - 805.
[14] Wang C,Wang J,Su W,et al. Relationship between domestic and wild birds in live poultry market and a novel human H7N9 virus in China[J]. J Infect Dis,2014,209(1):34 - 37.
[15] Pantin-Jackwood MJ,Miller PJ,Spackman E,et al. Role of poultry in the spread of novel H7N9 influenza virus in China[J]. J Virol,2014,88(10):5381 - 5390.
[16] 于伟文,杜鹏程,陈晨,等. 利用网络数据分析我国活禽市场与人感染 H7N9 禽流感病例的地理关系[J]. 中华流行病学杂志,2014,35(3):266 - 270.
[17] 吕华坤,龚震宇,孙继民,等. 浙江省人感染 H7N9 禽流感疫情特征与活禽市场休市的影响分析[J]. 疾病监测,2014,29(9):700 - 703.

收稿日期:2015-10-13　　(郭薇编辑　郑新校对)