

从 SARS 到人感染 H7N9 禽流感 ——行为生态型传染病

徐建国

【关键词】 禽流感, H7N9 亚型; 行为生态型传染病

Behavioral and ecological infectious diseases: from SARS to H7N9 avian influenza outbreak in China XU Jian-guo. State Key Laboratory for Infectious Diseases Prevention and Control, National Institute for Communicable Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

Corresponding author: XU Jian-guo, Email: xujianguo@icdc.cn

【Key words】 H7N9 avian influenza; Behavioral and ecological infectious diseases

2003 年春季我国发生 SARS 流行, 引发全世界对新发传染病的重新认识和思考^[1,2]。2013 年春我国发生人感染 H7N9 禽流感, 再次唤醒我们认识新发传染病的重要^[3]。这两次传染病疫情均首先在我国发现, 且为第一次在全世界出现, 告诫我们当前传染病的发生原因、表现形式、社会影响等已经发生了根本性改变, 即现代传染病主要与社会行为、个人习惯、生产模式、生活方式、环境和生态等因素相关, 称之为行为生态型传染病 (behavioral and ecological infectious diseases)。

过去的传染病如霍乱、鼠疫、天花、血吸虫病、疟疾、黑热病、丝虫病、麻疹、甲型肝炎、百日咳、细菌性痢疾等主要和贫穷、落后、营养不良、卫生条件差等因素有关。随着社会经济的快速发展, 人们的生活行为、活动方式以及食品生产、加工、供应和消费模式等发生了重大改变, 居住和活动的的环境、生态等也发生巨大变化。因此主要传染病的种类也随之改变。2003—2013 年的 10 年间, 我国相继发生了 SARS^[2]、人感染猪链球菌^[4]、C 群脑膜炎奈瑟菌引起的流行性脑脊髓膜炎^[5]、人感染 H5N1 禽流感^[6]、嗜吞噬细胞无形体病^[7]、甲型 H1N1 流感^[8]、新型布尼亚病毒引起的出血热^[9,10]、人感染 H7N9 禽流感^[3] 8 种新发传染病, 以及手足口病、布鲁氏菌病、副溶血弧菌腹泻 3 种重发

传染病。

分析过去 10 年间我国发生的 8 种新发传染病和 3 种重发传染病, 发现行为生态型传染病具有以下特点。

1. 与经济动物规模化养殖有关。上述 8 种新发传染病中有 4 种与经济动物规模化养殖关系密切, 如 SARS、人感染猪链球菌、人感染 H5N1 禽流感、人感染 H7N9 禽流感^[2-4,6,11,12]。2005 年我国发生人感染猪链球菌疫情, 发病 215 人, 死亡 38 人。其中除贵州省一例患者外, 其他地区患者分离的 84 株猪链球菌染色体的脉冲场凝胶电泳 (pulse field gel electrophoresis, PFGE) 带型相同, 而所有患者家散养的病猪分离菌株与患者分离菌株的 PFGE 带型相同, 提示为同一传染源, 即向农民提供散养猪仔的种猪场可能是本次疫情的传染源^[4]。2004 年 1 月至 2009 年 4 月我国出现 103 起 H5N1 禽流感疫情, 扑杀或病死禽 350 余万只; 2005 年 10 月至 2009 年 1 月我国卫生部 (现国家卫生和计划生育委员会) 确诊人感染禽流感 H5N1 患者 36 例, 分布在 16 个省市自治区^[6]。2013 年 3 月 30 日发现的人感染 H7N9 禽流感病毒病例, 截至 4 月 22 日已确诊 104 例, 并相继在上海、江苏、浙江、安徽、河南、北京等地的鸡 (包括养殖场、农户的散养鸡)、鸽以及出售活禽的农贸市场环境标本中检测到病毒基因或分离到病毒^[3]。由于感染 H7N9 禽流感病毒的禽类未表现出明显的症状, 给控制传染源带来很大困难。回顾 1999 年春季在苏皖边界地区发生的大肠埃希菌 O157:H7 感染导致 195 人住院、177 人死亡的爆发疫情^[13], 其传染源也是来自农户散养的经济动物羊、猪、牛、鸡。

2. 与个人饮食习惯的改变有关。随着经济社会的发展, 一些人的饮食习惯发生了变化。如海鲜的消费增加, 更多的人喜食色拉 (生蔬菜)、生猛海鲜、半熟或七成熟的肉类。这种饮食习惯的改变, 也带来了腹泻病种类的变化, 使我国绝大多数城市腹泻病病原体的分离率发生改变, 如深圳、上海、杭州等地分离的副溶血弧菌已经超过志贺菌, 成为感染性腹泻中分离率最高的病原体。

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.05.001

作者单位: 102206 北京, 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所
传染病预防控制国家重点实验室

通信作者: 徐建国, Email: xujianguo@icdc.cn

3. 与动物贸易活动有关。20 世纪 50、60 年代我国布鲁氏菌病疫情非常严峻。经过数十年的努力, 1992 年报告新发病例降至 219 例, 发病率降至 0.02/10 万。近年来, 由于牛、羊饲养规模不断扩大, 病羊、病牛的数目增加, 发病人数和发病率亦快速增加, 2012 年新报告病例 40 994 例, 发病率达 3.04/10 万, 分别是 1992 年的 194 倍和 159 倍。由于养殖规模和区域的扩大, 通过贸易使带菌动物扩散, 疫区也扩大到包括海南省在内几乎每一个养殖羊牛的省份。由于餐桌对果子狸的消费需求, 全国一度出现十余个省市发展人工饲养果子狸, 如在广州市就形成了一个全国最大最集中的果子狸市场, 因此广东省成为 SARS 的发生地^[1,2,12]。

4. 与食品规模化生产、运输和销售有关。现代餐饮企业生产加工的食品、蔬菜或其他半成品食品, 可供应一个城市、国家或数个国家的消费者, 而一旦发生污染, 也可使一个城市、国家或多个国家的消费人群同时暴露于某种病原体, 发生大规模感染。如 2011 年欧洲发生的大肠埃希菌 O104:H4 感染, 就是通过污染的芽菜, 涉及 16 个国家, 其中 4075 人发病, 50 例死亡^[14,15]。又如在我国某地养殖的甲鱼通过餐桌已成为数省 O139 霍乱的传染源。

5. 与现代药品生产方式有关。非致病性微生物污染静脉或肌肉注射药品或生物制剂, 可造成重大公共卫生事件。2012 年美国新英格兰一家医药公司生产的类固醇等药物, 污染了在环境中广泛存在的嗜突脐孢菌 (*Exserohilum rostratum*), 1.3 万人注射, 700 余人发生真菌性脑膜炎, 近 50 人死亡^[16]。1997 年在我国四川省德阳市某医院, 星状奴卡氏菌 (*Nocardia asteroides*) 通过污染溶解青霉素的注射用蒸馏水, 致使 100 余人发生臀部感染。

6. 遗传变异产生新的病原体。2011 年在德国发现的产志贺毒素黏附性大肠埃希菌 O104:H4, 其致病力较低, 但获得一个编码志贺毒素 (Shiga toxin) 基因的噬菌体, 毒力增强, 引发大规模疫情^[15]。目前新发现的 H7N9 禽流感病毒也是基因重排所致^[3]。

7. 与个人行为有关。性病曾在我国蔓延。建国后历经十余年的努力, 1964 年宣布中国大陆已基本消灭性传播疾病。但进入 20 世纪 80 年代, 性病死灰复燃, 近年来性传播疾病上升幅度很快, 均与人的性行为相关。

8. 与居住地生态环境有关。农村居住环境近年来发生了很大变化, 树木增多, 蜚等媒介生物的密度增高, 出现一些新的传染病。如 2006 年在安徽省发

现的嗜吞噬细胞无形体病, 和 2009 年在河南、湖北省发现的新型布尼亚病毒感染^[3,7,9,10]。

9. 与野生动物有关。如 SARS 病毒、出血热病毒与蝙蝠有关; H5N1 禽流感和候鸟有关^[3,17,18]。

由此可见, 在今后很长一段时期内, 我国每 1~2 年就可能发生 1~2 种新的传染病, 因此将面临新发和再发传染病的双重威胁。基于上述特点也使行为生态型传染病的病原体数目更多, 传播速度更快, 疫情规模更大, 表现方式更多样, 不确定因素更多, 对社会经济的影响更大, 应对难度也更高。为此应特别关注, 并需要卫生和农业等部门共同努力, 才能有效应对。

参 考 文 献

- [1] Wang M, Yan M, Xu H, et al. SARS-CoV infection in a restaurant from palm civet. *Emerg Infect Dis*, 2005, 11(12): 1860-1865.
- [2] Guan Y, Zheng BJ, He YQ, et al. Isolation and characterization of viruses related to the SARS coronavirus from animals in southern China. *Science*, 2003, 302(5643): 276-278.
- [3] Gao R, Cao B, Hu Y, et al. Human infection with a novel avian-origin influenza A (H7N9) virus. *N Engl J Med*, 2013. [Epub ahead of print]
- [4] Ye C, Zhu X, Jing H, et al. *Streptococcus suis* sequence type 7 outbreak, Sichuan, China. *Emerg Infect Dis*, 2006, 12(8): 1203-1208.
- [5] Shao Z, Li W, Ren J, et al. Identification of a new *Neisseria meningitidis* serogroup C clone from Anhui province, China. *Lancet*, 2006, 367(9508): 419-423.
- [6] Yu H, Shu Y, Hu S, et al. The first confirmed human case of avian influenza A (H5N1) in mainland China. *Lancet*, 2006, 367(9504): 84.
- [7] Zhang L, Liu Y, Ni D, et al. Nosocomial transmission of human granulocytic anaplasmosis in China. *JAMA*, 2008, 300(19): 2263-2270.
- [8] Cao B, Li XW, Mao Y, et al. Clinical features of the initial cases of 2009 pandemic influenza A (H1N1) virus infection in China. *N Engl J Med*, 2009, 361(26): 2507-2517.
- [9] Zhang YZ, He YW, Dai YA, et al. Hemorrhagic fever caused by a novel Bunyavirus in China: pathogenesis and correlates of fatal outcome. *Clin Infect Dis*, 2012, 54(4): 527-533.
- [10] Zhang YZ, Zhou DJ, Xiong YW, et al. Hemorrhagic fever caused by a novel tick-borne Bunyavirus in Huaiyangshan, China. *Chin J Epidemiol*, 2011, 32(3): 209-220.
- [11] Yu Z, Song Y, Zhou H, et al. Avian influenza (H5N1) virus in waterfowl and chickens, central China. *Emerg Infect Dis*, 2007, 13(5): 772-775.
- [12] Kan B, Wang M, Jing H, et al. Molecular evolution analysis and geographic investigation of severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in palm civets at an animal market and on farms. *J Virol*, 2005, 79(18): 11892-11900.
- [13] Xiong Y, Wang P, Lan R, et al. A novel *Escherichia coli* O157:H7 clone causing a major hemolytic uremic syndrome outbreak in China. *PLoS One*, 2012, 7(4): e36144.
- [14] Frank C, Werber D, Cramer JP, et al. Epidemic profile of Shiga-toxin-producing *Escherichia coli* O104:H4 outbreak in Germany. *N Engl J Med*, 2011, 365(19): 1771-1780.
- [15] Rohde H, Qin J, Cui Y, et al. Open-source genomic analysis of Shiga-toxin-producing *E. coli* O104:H4. *N Engl J Med*, 2011, 365(8): 718-724.
- [16] Pettit AC, Kropski JA, Castilho JL, et al. The index case for the fungal meningitis outbreak in the United States. *N Engl J Med*, 2012, 367(22): 2119-2125.
- [17] Lau SK, Woo PC, Li KS, et al. Severe acute respiratory syndrome coronavirus-like virus in Chinese horseshoe bats. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2005, 102(39): 14040-14045.
- [18] Guo WP, Lin XD, Wang W, et al. Phylogeny and origins of hantaviruses harbored by bats, insectivores, and rodents. *PLoS Pathog*, 2013, 9(2): e1003159.

(收稿日期: 2013-04-15)

(本文编辑: 张林东)