

中国大陆地区438例人感染H7N9禽流感空间聚集性分析

徐继承 黄水平 肖伟伟 胡俊 孙慧

【摘要】 目的 了解中国大陆438例人感染H7N9禽流感空间分布特征及发展趋势。方法 建立438例人感染H7N9禽流感发病数据库(2013年2月至2014年5月),利用ArcGIS 10.0软件对疫情分布进行趋势及空间自相关分析,应用SPSS 16.0软件分析人口学特征。**结果** 2013年6月至2014年5月中国大陆人感染H7N9禽流感总体呈增长趋势,但上海地区病例明显减少;建立的趋势面分析显示其发病由北向南呈明显上升趋势,自西向东直线斜率有所减小。2013年2—5月省级水平和2013年6月至2014年5月市级水平的全局Moran's I 值分别为0.144 718、0.117 468 ($P < 0.05$),差异有统计学意义。由局部Moran's I 和热点分析显示浙江省北部、广东省南部是人感染H7N9禽流感发病的主要高聚集区域($Z > 2.58$)。**结论** 2013年2月至2014年5月中国大陆地区人感染H7N9禽流感疫情表现为省级水平空间聚集性下降,但地市级水平的空间聚集性和局部热点数量有所增加,应根据空间分布相关特点,科学制定防控疫情传播的措施。

【关键词】 人感染H7N9禽流感;地理信息系统;空间分析;趋势面分析

Spatial aggregation of 438 human infections with avian influenza A (H7N9) in the mainland of China Xu Jicheng, Huang Shuiping, Xiao Weiwei, Hu Jun, Sun Hui. School of Public Health, Xuzhou Medical College, Xuzhou 221004, China

Corresponding author: Sun Hui, Email: xzmcsh2014@sina.cn

【Abstract】 Objective To investigate the spatial distribution and growing trend of 438 human infection with the H7N9 avian influenza virus in mainland China, and to provide evidence for developing scientific prevention and control strategies. **Methods** 438 human infection with the avian influenza A (H7N9) cases from February 2013 to May 2014 in mainland China were studied and data collected to establish a database for the development of geographic information system. Trend surface analysis and spatial autocorrelation analysis were used to study the spatial distribution. Descriptive epidemiological method was utilized to analyze the demographic characteristic. **Results** From June 2013 to May 2014, cases had an overall national increase, but significantly decreasing in Shanghai. A trend surface was established for human infection with avian influenza A (H7N9) in the mainland of China, showing that the incidence was increasing obviously from north to south and the line slope declined from west to east. Distribution pattern of the cases varied within different time series and regional levels. The overall Moran's I coefficient of the provincial level from February to May in 2013 and the coefficient of the city level from June 2013 to May 2014 were 0.144 718 and 0.117 468, respectively, with the differences statistically significant ($P < 0.05$). According to the analysis of the local autocorrelation and hot spot, northern Zhejiang and southern Guangdong showed high spatial clusters of human infection with avian influenza A (H7N9) ($Z > 2.58$). **Conclusion** From February 2013 to May 2014, the spatial correlation at the provincial level decreased. However, the spatial correlation and the numbers of hot spots at the city level were both increasing. Effective measures should be taken accordingly, following the distributive characteristics.

【Key words】 Human infection with the H7N9 avian influenza; Geographic information system; Spatial analysis; Trend surface analysis

2013年3月30日我国确诊了3例人感染H7N9禽流感病例,这是继H5N1、H9N2、H7N7、H7N2、H7N3禽流感病毒感染人类之后^[1],全球首次发现的

人感染H7N9禽流感病例。地理信息系统(GIS)适时提供多种空间和动态的地理信息^[2]。空间分析是基于地理对象空间布局的地理数据分析技术^[3]。2005年Jennings等^[4]使用GIS方法分析巴尔的摩市淋病的空间聚集性,确定了8个具有统计学意义的性病高流行核心区。为此本研究采用空间自相关分

析方法,探讨我国人感染H7N9禽流感疫情的发病空间分布情况,分析病例的空间聚集性,描述其地理分布特征,并预测高危区域,为制定预防措施提供参考依据。

资料与方法

1. 资料来源:源自2013年4月1日至2014年5月28日WHO和中国国家、上海市、江苏省、浙江省卫生和计划生育委员会禽流感疫情监测报告,所有官方确认的438例人感染H7N9禽流感实验室确诊病例,并以发病前一周内现住址所在省市标记为病例地理位置。电子地图为中国行政区域地图。

2. 分析方法及定义:我国自2013年2月发生人感染H7N9禽流感疫情以来,新增病例于同年5月开始呈现零星报告,但到冬季卷土重来,同时综合疫情的扩散范围,人为将研究跨度分成2个时间段进行分析。从2013年2月19日发生首例人感染H7N9病例到同年5月28日各疫区终止人感染H7N9禽流感Ⅳ级应急响应,作为第1时间段,此时疫情集中在上海、浙江、江苏地区;第2时间段为2013年6月至2014年5月14日,疫情进一步扩散,广东省开始暴发人感染H7N9禽流感。

运用ArcGIS 10.0软件将整理后的疫情资料与电子地图的行政区划匹配,建立相应的空间数据库和属性数据库,按照病例数生成疾病地图;再采用趋势面分析的三维成像方法分析疾病在经纬度上的空间变化趋势;最后利用空间自相关函数(Moran's I)分析人感染H7N9禽流感的分布模式[Moran's I 值的分布为-1~1,越接近1说明空间自相关性越强(聚类分布),越接近-1说明疾病的分布越发散,接近0表示疾病暴发呈现随机分布^[5]]。空间自相关包括全局自相关和局部自相关。本研究的局部自相关分析采用Local Moran's I 和Getis-Ord G_i^* 两种分析

法。其中局部Moran's I 可大致探测出聚集区域的中心,其计算结果可得出3种结论,即正相关(距离越近,相似程度越高,如高值与高值相邻或低值与低值相邻)、负相关(相邻区域观测值彼此不同,如低值与高值相邻)和零相关(即随机分布,不表现相关性)。Getis-Ord G_i^* 即热点分析,可以探测出聚集区域,确定聚集的类型,即为高值集聚性或低值集聚性,从而探求具有实际意义的发病“热点区域”。采用SPSS 16.0、Excel软件分析描述性资料。

结果

1. 疫情概况:438例确诊病例分布在12个省、2个直辖市,分别是浙江(139例)、广东(117例)、江苏(55例)、上海(41例)、湖南(22例)、福建(22例)、安徽(18例)、江西(8例)、河南(4例)、北京(4例)、广西(3例)、吉林(2例)、山东(2例)、河北(1例)。其中男性患者占69.1%(303/438),女性占30.9%(135/438);平均年龄(55±20)岁,中位年龄58岁,>50岁占64.9%(284/438),第1时间段发病高峰在3月底至4月中旬,浙江、上海、江苏3个省(直辖市)报告病例较多,占总病例数的80.9%(106/131);第2时间段的发病高峰在1月初至2月初,广东、浙江、江苏3个省报告病例最多,占总病例数的77.5%(238/307),见图1、2。

2. 疫情空间分布:利用ArcGIS 10.0软件将各省病例数绘制成疫情图,采用渐进色表示病例数,自然间断点自动分成5级,颜色越深说明发生的病例数越多,反之亦然,没有颜色即无病例;不同颜色柱状图代表各省份不同时间段发病例数,黄色代表第1时间段,蓝色代表第2时间段(图2)。可见各省病例数总体随时间呈增长趋势,其中浙江、安徽、湖南、福建等省的病例绝对数增长相对较多,江苏省病例数略有增长,上海市病例数较上一阶段明显减少,在第

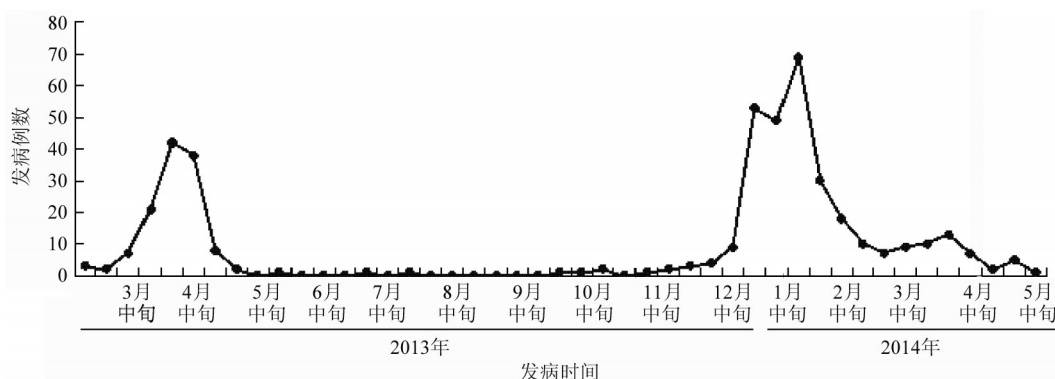


图1 2013年2月至2014年5月中国大陆人感染H7N9禽流感发病时间分布

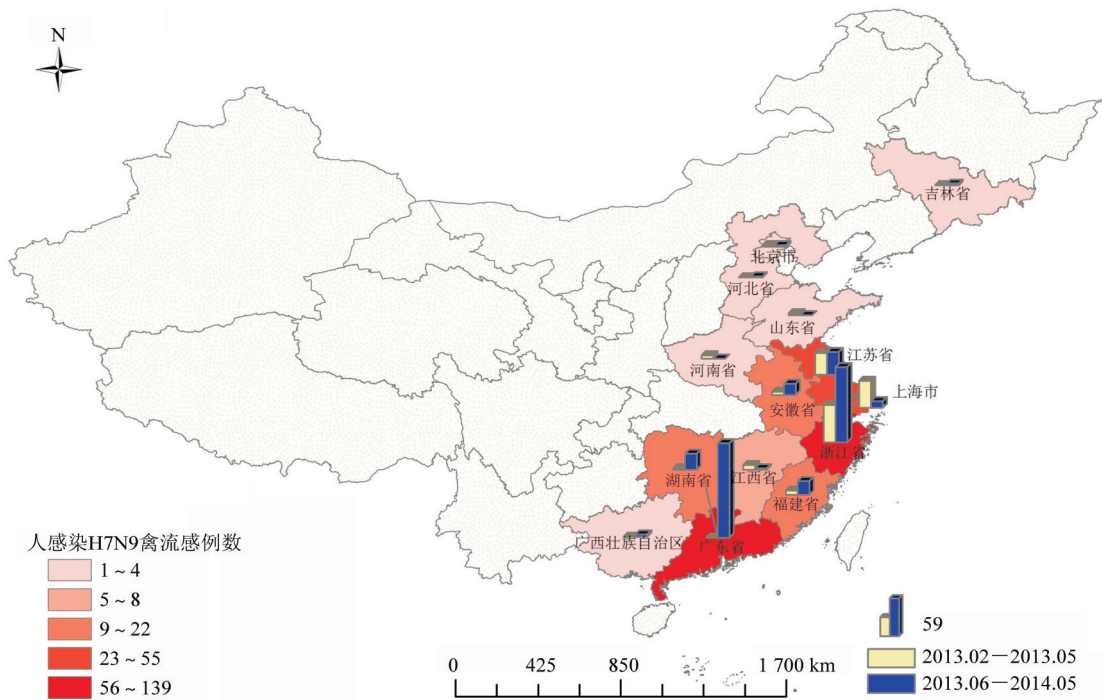


图2 2013—2014年中国大陆人感染H7N9禽流感空间疫情分布

2阶段广东省病例数最多;疫区主要在浙江、广东、江苏、上海,而广西、河北、吉林则是新扩散区域。长江三角洲及广东地区发生病例数较多,提示人感染H7N9禽流感的发病存在区域集聚性的可能。

3. 趋势面分析:图3中XZ平面上的曲线表示人感染H7N9禽流感例数在东西方向上的变化,YZ平面上的曲线表示其在南北方向上的走势。平面上各点表示各省发病人数的投影。结果显示,在南北方向上,2013年2—5月期间曲线先上升后下降的趋势明显,说明中部地区病例数多,2013年6月至2014年5月期间曲线表现为向南方向上升后趋于平缓,提示南部地区发病人数上升,并超过中部地区;在东西方向上,发病人数从西向东整体呈直线上升趋势,2013年6月至2014年5月期间直线上升斜率略微下降,可能与上海市病例数明显减少有关。根据趋势

面分析,可知疫情向南部扩散,其显示结果与空间疫情分布相一致。

4. 全局自相关分析:以省级或地市级为水平,得到2013年2月至2014年5月人感染H7N9禽流感确诊病例在不同时段的全局自相关系数,检验发病地区间疫情的空间关联性。结果显示其分布特征随时间和地级水平的变化而变化(表1)。

5. 局部自相关分析

(1)局部Moran's I分析:图4中黑色部分为“高高”(HH)聚集,示发病例数的高聚集区。图4a显示上海、浙江地区周围发病人数较多,而上海、浙江地区发病人数更多;图4b的广东省佛山、肇庆、广州、深圳地区和浙江省宁波、绍兴地区存在HH聚集;图4c的上海地区和浙江省杭州、湖州、绍兴、宁波地区病例数空间存在HH聚集。

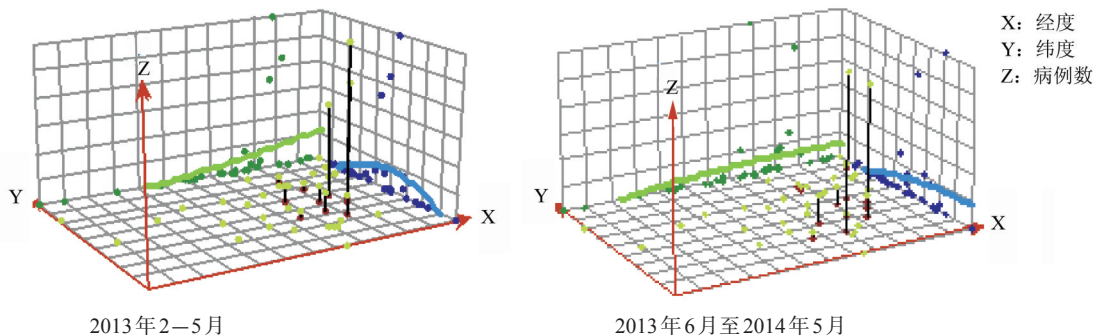


图3 2013年2月至2014年5月中国大陆人感染H7N9禽流感三维趋势面分析

表 1 中国大陆人感染 H7N9 禽流感以省和地市级为水平的全局自相关分析

水平	时段	Moran's I 值	Z 值	P 值	分布模式
省级		0.023 430	0.964 636	0.334 727	随机
	2013.02—05	0.439 997	2.249 817	0.024 461	聚类
	2013.06—2014.05	-0.052 319	0.285 252	0.775 451	随机
地市级		0.105 690	3.497 611	0.000 469	聚类
	2013.02—05	0.009 132	0.992 491	0.320 958	随机
	2013.06—2014.05	0.117 468	3.427 051	0.000 610	聚类

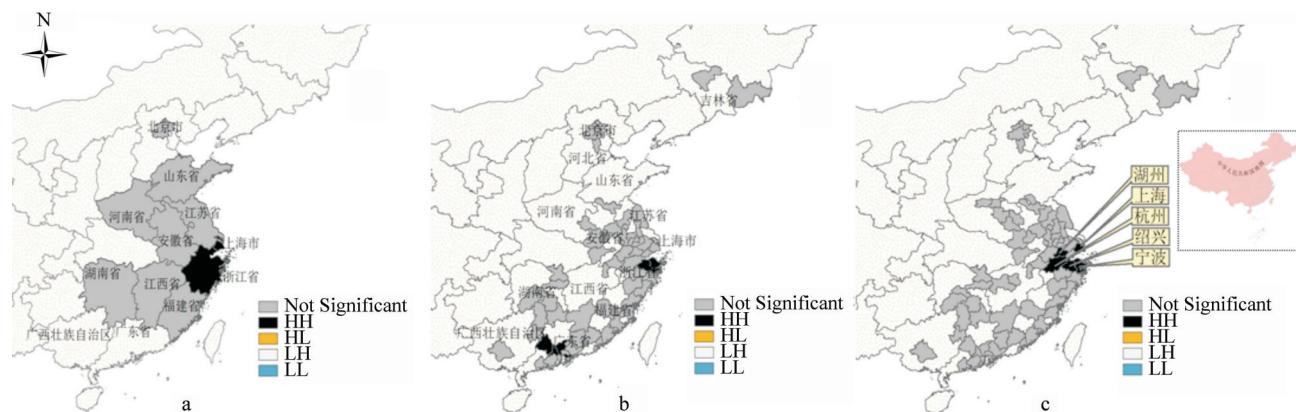
注: Moran's I > 0 为空间正相关, Moran's I < 0 为空间负相关, P < 0.05 差异有统计学意义

(2) 局部热点 Getis-Ord Gi 分析: 将疫情 Z 值分为 7 个值域 ($Z < -2.58$ 、 $-2.58 \leq Z < -1.96$ 、 $-1.96 \leq Z < -1.65$ 、 $-1.65 \leq Z < 1.65$ 、 $1.65 \leq Z < 1.96$ 、 $1.96 \leq Z < 2.58$ 和 $Z \geq 2.58$)。图 5 为疫情发生期间各省及各地级市热点分布, 其中发病的低值聚集区即“冷点区域”(蓝色), 发病的高值聚集区即“热点区域”(红色)。显示有统计学意义 ($P < 0.05$) 的聚集区域基本均为“热点区域”, 即这些区域及其周围区域在发病人数上均为高值, 安徽省六安地区为“冷点区域”, 即

该地区周围区域在发病人数上均为低值。图 5c 显示, 疫情总体趋势呈现上海、浙江、江苏南部为热点区域; 在第 2 时间段, 广东疫情暴发, 深圳及其周边城市即成为热点区域(图 5b), 提示疫情的防治工作应集中在我国东南沿海地区。

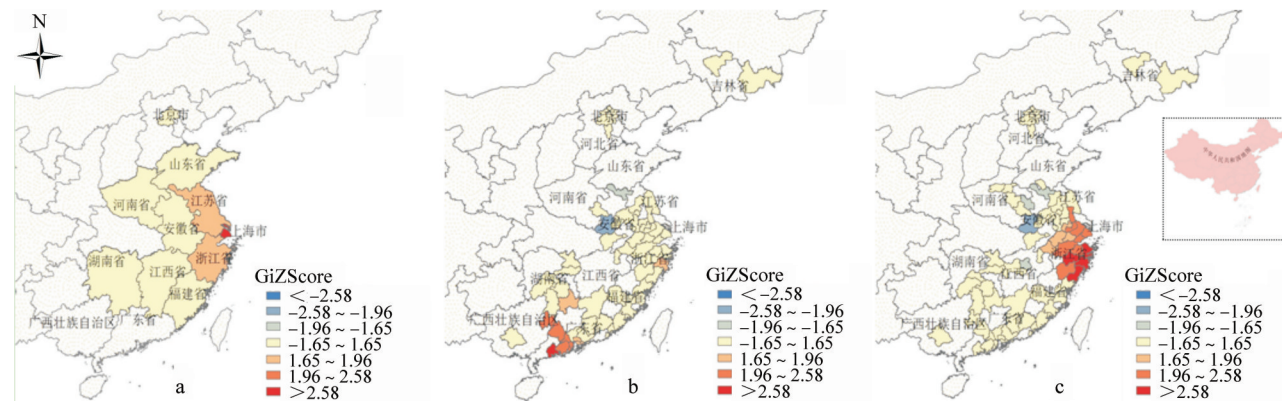
讨 论

本研究结果显示, 2013 年 2 月至 2014 年 5 月中国大陆人感染 H7N9 禽流感在不同时段按不同水平的地理定位所得到的疾病空间分布不同。在省级水平上, 第 1 时间段是聚集性分布 ($P < 0.05$), 病例集中在上海、浙江、江苏地区; 第 2 时间段发病地区间无空间聚集性, 呈现随机分布, 可能是疫情首先发生在长江三角洲一带, 未向南部扩散, 导致病例空间分布较集中。在市级水平上, 第 1 时间段病例呈随机分布, 第 2 时间段病例在浙江省北部、广东省南部地级市存在空间聚集性 ($P < 0.05$), 可能与实验室对该病毒的检测水准提高有关, 使疾病的报告更加准确及时。通过局部热点分析, 人感染 H7N9 禽流感“冷



注: a. 2013.02—05 局部聚类图 b. 2013.06—2014.05 局部聚类图 c. 2013.02—2014.05 局部聚类图

图 4 中国大陆人感染 H7N9 禽流感局部自相关聚集地图



注: a. 2013.02—05 b. 2013.06—2014.05 c. 2013.02—2014.05

图 5 中国大陆人感染 H7N9 禽流感局部热点分布图

点区域”是安徽省六安地区($Z < -1.96$),“热点地区”分布在长江三角洲和广东省南部($Z > 2.58$)。于伟文等^[6]、卢珊等^[7]研究发现接触活禽市场是发生人感染H7N9禽流感的危险因素,在2013年4月病例数明显减少,可能与当地采取关闭活禽市场等防控措施及气温升高相关,表明H7N9禽流感疫情或许具有与其他禽流感疫情相似的季节性特征。

本研究存在不足。首先数据的来源依赖疫情上报的准确,本文可能与实际存在差异;其次研究中未加入对候鸟迁徙及气象因素的分析,且图4、5显示的聚集区域有差异,可能与研究范围较广有关,或是聚集区域位于探究区域的边界使“热点区域”不准确^[8];此外本文地理信息精度不高,有可能高估其空间聚集性。人感染H7N9禽流感疫情历时较短,目前只能确定其聚集范围,难以分析其流行趋势,今后应结合与疾病相关的环境、人文、经济等因素,实现多角度分析疫情并预测其发展趋势。

参 考 文 献

- [1] Zhu WF, Gao RB, Wang DY, et al. A review of H7 subtype avian influenza virus[J]. Chin J Virol, 2013, 29(3):246-249. (in Chinese) 朱闻斐,高荣保,王大燕,等. H7亚型禽流感病毒概述[J]. 病毒学报, 2013, 29(3):246-249.
- [2] Chen SP, Lu XJ, Zhou CH. Introduction to Geographic Information Systems[M]. Beijing: Science Press, 1999. (in Chinese) 陈述彭,鲁学军,周成虎. 地理信息系统导论[M]. 北京: 科学出版社, 1999.
- [3] Haining R. Spatial data analysis: theory and practice[M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2003:2-3.
- [4] Jennings JM, Curriero FC, Celentano D, et al. Geographic identification of high gonorrhea transmission areas in Baltimore, Maryland[J]. Am J Epidemiol, 2005, 161(1):73-80.
- [5] Food and Agriculture Organization of the United Nations Global livestock production and health atlas [EB/OL]. [2012-06-21]. <http://kids.fao.org/glipha/>.
- [6] Yu WW, Du PC, Chen C, et al. Investigation of geographic relationship between farmer's market with live birds and human infections with avian influenza A (H7N9) virus based on internet data analysis[J]. Chin J Epidemiol, 2014, 35(3):266-270. (in Chinese) 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.
- [7] Lu S, Chen C, Yu WW, et al. Investigating geographical spread of the human infection with avian influenza A (H7N9) virus by online knowledge analysis of the live bird trade with a distributed focused crawler[J]. Chin J Epidemiol, 2014, 35(3):228-230. (in Chinese) 卢珊,陈晨,于伟文,等. 利用网络爬虫技术分析我国活禽贸易与H7N9禽流感病毒传播的关系[J]. 中华流行病学杂志, 2014, 35(3):228-230.
- [8] Zhang SL, Zhang K. Comparison between general Moran's index and getisord general G of spatial autocorrelation [J]. Acta Scientiarum Naturalium Universitatis Sunyatseni, 2007, 46(4):93-97. (in Chinese) 张松林,张坤. 全局空间自相关Moran指数和G系数对比研究[J]. 中山大学学报:自然科学版, 2007, 46(4):93-97.

(收稿日期:2014-06-15)

(本文编辑:张林东)

读者·作者·编者

中华医学会系列杂志已标注数字对象唯一标识符

数字对象唯一标识符(digital object identifier, DOI)是对包括互联网信息在内的数字信息进行标识的一种工具。

为了实现中华医学会系列杂志内容资源的有效数字化传播,同时保护这些数字资源在网络链接中的知识产权和网络传播权,为标识对象的版权状态提供基础,实现对数字对象版权状态的持续追踪,自2009年第1期开始,中华医学会系列杂志纸版期刊和数字化期刊的论文将全部标注DOI。即中华医学会系列杂志除科普和消息类稿件外,其他文章均需标注DOI,DOI标注于每篇文章首页脚注的第1项。由中华医学会杂志社各期刊编辑部为决定刊载的论文标注DOI。

参照IDF编码方案(美国标准ANSI/NISO Z39.84-2000)规定,中华医学会系列杂志标注规则如下:“DOI:统一前缀/学会标识.信息资源类型.杂志ISSN.****-****.年期.论文流水号”。即:“DOI:10.3760/cma.j.issn.****-****.yyyy.nn.zzz”。

中华医学会系列杂志标注DOI各字段释义:“10.3760”为中文DOI管理机构分配给中华医学会系列杂志的统一前缀;“cma”为中华医学会(Chinese Medical Association)缩写;“j”为journal缩写,代表信息资源类别为期刊;“issn.****-****”为国际标准连续出版物号(ISSN);“yyyy”为4位出版年份;“nn”为2位期号;“zzz”为3位本期论文流水号。