•疾病控制•

广州市气象因素对手足口病发病的短期效应研究

康敏 马文军 林锦炎 孙立梅 邓爱萍 张永慧

【关键词】 气象因素; 手足口病; 短期效应

Short-term effects of weather on the incidence of hand, foot and mouth disease in Guangzhou city KANG Min¹, MA Wen-jun², LIN Jin-yan¹, SUN Li-mei¹, DENG Ai-ping¹, ZHANG Yong-hui¹. 1 Guangdong Provincial Center for Disease Control and Prevention, Guangzhou 510300, China; 2 Guangdong Institute of Public Health

Corresponding author: ZHANG Yong-hui, Email: zyh@cdcp. org.cn

This work was supported by grants from the Adapting to Climate Change in China Project (No. ACCC/20100528) and Guangdong Provincial Mandatory Subject of Medical Research (No. C2010016).

(Key words) Weather; Hand, foot and mouth disease; Short term effects

有研究表明,手足口病在潮湿季节有病例增加的趋势[1]。 广州市近年来手足口病流行,并有夏秋季高发的特点[2]。本 研究使用分布滞后非线性模型(DLNM)探索气象对手足口 病发病的影响^[3]。

1. 资料与方法:从气象部门获得广州市 2009年1月1日至 2010年12月31日间的日最低气温、日照时长、相对湿度、平均风速、平均降雨量和平均气压资料;从广东省疾病预防控制中心收集同时期广州市手足口病临床诊断病例和确诊病例的每日发病人数,所有病例数据来自"中国疾病预防控制信息系统"。采用DLNM估计气象因素对手足口病发病影响的滞后效应。利用负二项分布的半参数广义相加模型(GAM)控制时间的长期趋势、星期效应影响后对气象因素与居民每日手足口病发病人数关系进行拟合,基本模型: $\log E(Y_i) = \alpha + \sum \beta_i X_i + \sum \beta_i (Z_i) + DOW$;在模型中,设定各气象指标的中位数为参照水平,设定最大滞后期为 20 d; 计算不同极端天气下[最大、最小值和第 $1(P_i)$ 、第 99 百分位数(P_{99})]在不同滞后期手足口病发病的风险(RR值95%CI)。经模型筛选,将每日最低气温和日照时间纳入模型。使用 R(Version 2.11.0)软件进行统计分析。

2. 结果:

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.02.027

基金项目:中国适应气候变化项目(ACCC/20100528);广东省医学科研指令性课题(C2010016)

作者单位:510300 广州,广东省疾病预防控制中心(康敏、林锦炎、 孙立梅、邓爱萍、张永慧);广东省公共卫生研究院(马文军)

通信作者:张永慧, Email:zyh@cdcp.org.cn

(1)基本情况:2009-2010年广州市每日手足口病发病数最高达到331例;日气温在1.8~29.3℃,中位数为21.7℃;每日日照时间中位数在3.9 h,最长日照时间可达到11.6 h(表1)。

表1 2009-2010年广州市每日手足口病发病数 及有关气象数据

及有人 【家奴児					
项目	均数	中位数	\mathbf{P}_{1}	P ₉₉	
发病例数	67.96	28.0(0 ~ 331)	0	266.2	
日照时长(h)	4.30	3.9(0 ~ 11.6)	0	10.6	
最低气温(℃)	19.80	21.7(1.8 ~ 29.3)	5.4	28.4	

(2)气温、日照与手足口病发病的关系:①每日最低气温:低温在当日的效应最大,手足口病发病风险低,其滞后效应在1~2 d即迅速衰减;高温在5 d后的滞后效应最大,手足口病发病风险相对增加。在无滞后期时,低温条件下(1.8 $^{\circ}$ C)手足口病发病风险最低(RR=0.68,95%CI=0.55~0.85)。当长达5 d的累计滞后效应时,随着气温上升,手足口病发病风险逐渐增加。高温条件下(28.4 $^{\circ}$ C)手足口病发病风险逐渐增加。高温条件下(28.4 $^{\circ}$ C)手足口病发病风险增加62.0%(RR=1.62,95%CI=1.40~1.88)。②日照时长:相对于每日日照时长的平均水平(3.9 h),在不滞后的情况下,日照时间对手足口病发病无明显影响,在滞后第8天的效应最大。以日照时长3.9 h为参照,长日照(10.6 h)可使手足口病发病风险下降24.0%(RR=0.76,95%CI:0.62~0.95),见表2。

表2 气象因素对手足口病发病影响 在不同滞后期的单独效应

气象因素	极端天气	最大效应的 滞后天数(i)	RR.值(95%CI)
最低气温(℃)	1.8	0	0.68(0.55 ~ 0.85)
	5.4	0	$0.79(0.70 \sim 0.89)$
	28.4	5	1.62(1.40 ~ 1.88)
	29.3	5	1.79(1.46 ~ 2.11)
日照时长(h)	0	0	0.96(0.92 ~ 1.01)
	10.6	8	$0.76(0.62 \sim 0.95)$
	11.6	8	0.68(0.39 ~ 1.17)

注:参照温度 21.7 ℃,参照日照时长 3.9 h

3. 讨论:气象与传染病关系的研究在不断发展,本研究利用DLNM分析气象因素对手足口病非线性滞后的效应,发现高温对手足口病发病存在明显的滞后效应和阈值效应,手足口病发病风险总体上呈逐渐上升趋势,但在15~20℃无明显变化。本研究还发现手足口病发病风险随日照延长出现短暂的升高。由于5岁以下儿童是主要发病人群,适宜的日照时长可使儿童活动增加,接触传播更易实现。而在长日照的气象条件下,手足口病发病风险保持在较低水平,滞后

效应持续一周以上。这与日本的相关研究一致[4]。可能的原因是长日照使环境干燥,不适宜肠道病毒繁殖和活动。气象因素对不同传染病的作用机制尚不完全清楚。有研究表明 EV71 和 CA16 等肠道病毒在 22 ℃的污水环境中存活 36 d,在干燥环境中的活力迅速下降[5]。此外,气象变化还会影响人们日常生活和社会活动,这也可能导致人群对传染病暴露风险的波动。所以,高温有可能是广州地区手足口病的危险因素,而长日照条件下手足口病发病风险下降。

[本研究得到中国适应气候变化项目(ACCC)的部分支持,该项目由英国国际发展部、瑞士发展合作署及英国能源与气候变化部联合资助,一并志谢]

参考文献

[1] WHO/WPRO. Communicable disease surveillance and response.

More information on HFMD: WHO, 2010.

- [2] Sun LM, Zheng HY, Zheng HZ, et al. An enterovirus 71 epidemic in Guangdong province of China, 2008: epidemiological, clinical, and virogenic manifestations. Jpn J Infect Dis, 2011, 64(1):13-18.
- [3] Gasparrini A, Armstrong B, Kenward MG. Distributed lag non-linear models. Stat Med, 2010, 29(21); 2224–2234.
- [4] Urashima M, Shindo N, Okabe N. Seasonal models of herpangina and hand-foot-mouth disease to simulate annual fluctuations in urban warming in Tokyo. Jpn J Infect Dis, 2003, 56(2):48-53.
- [5] Yeager JG, O'Brien RT. Enterovirus inactivation in soil. Appl Environ Microbiol, 1979, 38(4):694-701.

(收稿日期:2011-09-06)

(本文编辑:尹廉)

腹泻患者粪便中非脱羧莱克勒菌的分离和鉴定

姜玉芳 刘宗东 陈晓君 王多春 刁保卫 阚飙

【关键词】 非脱羧莱克勒菌; 腹泻

Isolation and characterization of Leclercia adecarboxylata strains from feces of diarrhea patients JIANG Yu-fang¹, LIU Zong-dong¹, CHEN Xiao-jun¹, WANG Duo-chun², DIAO Bao-wei², KAN Biao². 1 Microorganism Examination Labratory, Laizhou Center for Disease Control and Prevention of Shandong Province, Laizhou 261400, China; 2 Institute for Infectious Disease Control and Prevention, Chinese Center for Disease Control and Prevention

Corresponding author: JIANG Yu-fang, Email: jiangyufang2011@126.com

[Key words] Leclercia adecarboxylata; Diarrhea

非脱羧莱克勒菌(Leclercia adecarboxylata)可见于由多病原引起的伤口感染^[1];而该菌单独感染则见于血液感染标本以及免疫低下患者^[2]。目前,粪便标本中有关非脱羧莱克勒菌的研究报道较少。本研究于2010年10月自2例腹泻患者粪便中分离到非脱羧莱克勒菌,现就其特性进行分析鉴定。

- 1. 对象与方法:
- (1)病例和标本:2例腹泻病例均为女性,82岁,分别于2010年10月16和18日就诊,就诊前均腹痛、腹泻(水样便),粪便标本在服药前采集。
- (2)病原分离培养和生化检测:粪便标本直接划沙门志 贺属琼脂(SS)、麦康凯(MAC)、硫代硫酸盐柠檬酸盐胆盐蔗

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2012.02.028

作者单位:261400 莱州,山东省莱州市疾病预防控制中心检验室 (姜玉芳、刘宗东、陈晓君);中国疾病预防控制中心传染病预防控制 所(王多春、刁保卫、阚飙)

通信作者:姜玉芳, Email:jiangyufang2011@126.com

糖琼脂(TCBS)和伊红美蓝琼脂(EMB)平板进行分离培养,挑可疑菌落(霍乱弧菌、志贺菌、沙门菌、致病性大肠杆菌、副溶血性弧菌、金黄色葡萄球菌等)转种克氏双糖铁琼脂(KIA)斜面和动力、靛基质、尿素(MRU)培养基,37℃培养24h,菌株经革兰染色和氧化酶试验后,使用API 20E生化鉴定系统(法国生物梅里埃公司)进行生化鉴定。

- (3)16S rDNA基因鉴定: DNA的制备使用天根生化科技(北京)有限公司细菌基因组提取试剂盒,按说明书操作。16S rDNA的扩增采用肠杆菌科16S rDNA通用引物,FP:5′-AGA GTT TGA TCC TGG CTC AG-3′,RP:5′-ACG GCT ACC TTG TTA CGA CTT-3′,扩增长度约1515 bp;序列扩增在美国MJ公司PCT-100型扩增仪上进行。PCR 和电泳使用的组分购自大连宝生物工程有限公司,PCR产物送公司测序。将分离株与 GenBank 中非脱羧莱克勒菌种代表性16S rDNA序列进行比对,用 Mega 4.0 软件构建进化树。
- (4)PFGE:方法参照文献[3]。脉冲场电泳仪为CHEF DRIII(美国 Bio-Rad 公司),电泳图谱分析软件为BioNumerics,分子量参考菌株为沙门菌Breanderup H9812。
- (5)抗菌药物耐药实验:按临床实验室标准化协会(CLSI)标准,采用琼脂稀释法。抗菌药物包括氨苄西林、头孢噻吩、链霉素、庆大霉素、卡那霉素、四环素、诺氟沙星、氯霉素、红霉素和多粘菌素B。结果判断以抑制细菌生长的最低药物浓度为MIC。药敏质控菌株为 E. coli(ATCC 25922)和金黄色葡萄球菌(ATCC 29213)。

2. 结果:

(1)菌株形态和培养特征:从2例患者粪便标本中分离到2株形态和培养特征一样的菌,分别命名为LZ11-3和LZ16-7。2株菌均为革兰染色阴性、无芽孢、两端钝圆、细小短状杆菌。在SS平板上菌落粉红色、圆形、凸起;在MAC平