

组又可分为 Ia、Ib 和 Ic3 簇<sup>(7)</sup>。本研究对变异较大的 VP1/VP2 基因进行序列及种系发生树分析,结果显示,天津地区 HBoV 均为 Ib 簇,未检测到 Ia、Ic 和 II 组。天津地区流行的 HBoV 变异较小,互相之间氨基酸同源性高达 99.5% ~ 99.9%,I 组内不同地区毒株同源性也很高,为 99.0% ~ 99.9%,与 II 组相比,同源性稍低,但也高于 98%,再次证实 HBoV 基因组相对保守的结论。有研究发现新簇别的 HBoV<sup>(7)</sup>,故还应加强对该病毒基因特性的监测,及时掌握其变异情况,这对该病毒引起疾病的预防和控制有重要作用。

#### 参考文献

- (1) Allander T, Tammi MT, Eriksson M, et al. Cloning of a human parvovirus by molecular screening of respiratory tract samples[J]. Proc Natl Acad Sci USA 2005, 102: 12891 - 12896.
- (2) Kahn J. Human bocavirus: clinical significance and implications[J]. Curr Opin Pediatr 2008, 20(1): 62 - 66.
- (3) Allander T, Tammi MT, Eriksson M, et al. Cloning of a human parvovirus by molecular screening of respiratory tract samples[J]. Proc Natl Acad Sci USA 2005, 102: 12891 - 12896.
- (4) Qu XW, Duan ZJ, Qi ZY, et al. Human bocavirus infection, People's Republic of China[J]. Emerg Infect Dis 2007, 13: 165 - 168.
- (5) Gaynor AM, Nissen MD, Whiley DM, et al. Identification of a novel polyomavirus from patients with acute respiratory tract infections [J]. PLoS Pathog 2007, 3: e64.
- (6) 曾玫, 王晓红, 俞蕙, 等. 人博卡病毒与儿童呼吸道感染和腹泻病临床相关性的前瞻性病例对照研究[J]. 中华儿科杂志, 2010, 48: 580 - 584.
- (7) Lin JH, Chiu SC, Lin YC, et al. Clinical and genetic analysis of human bocavirus in children with lower respiratory tract infection in Taiwan[J]. J Clin Virol 2009, 44: 219 - 224.
- (8) Chieochansin T, Samransamruajkit R, Chutinimitkul S, et al. Human bocavirus (HBoV) in Thailand: clinical manifestations in a hospitalized pediatric patient and molecular virus characterization[J]. J Infect 2008, 56: 137 - 142.
- (9) Endo R, Ishiguro N, Kikuta H, et al. Seroepidemiology of human bocavirus in Hokkaido prefecture, Japan[J]. J Clin Microbiol 2007, 45: 3218 - 3223.
- (10) Lau SK, Yip CC, Que TL, et al. Clinical and molecular epidemiology of human bocavirus in respiratory and fecal samples from children in Hong Kong[J]. J Infect Dis 2007, 196: 986 - 993.
- (11) 刘敏, 姚文清, 孙海波, 等. 辽宁省 2009 年呼吸道标本病原体检测分析[J]. 中国公共卫生 2011, 27(4): 516 - 517.
- (12) Lindner J, Modrow S. Human bocavirus—a novel parvovirus to infect humans[J]. Intervirology 2008, 51: 116 - 122.
- (13) Kawase M, Momoeda M, Young NS, et al. Modest truncation of the major capsid protein abrogates B19 parvovirus capsid formation[J]. J Virol 1995, 69: 6567 - 6571.

收稿日期: 2011-06-16

(韩仰欢编辑 王奕校对)

## 【论 著】

# 天津市社区流感监测时空聚集性分析\*

徐文体, 李琳, 董晓春, 高璐, 张颖, 张之伦

**摘要:**目的 对天津市社区(村)进行流感监测及时空聚集性分析,为及时预警、有效处置流感聚集性区域提供理论依据。方法 2009 年 10 月-2011 年 2 月,在汉沽区汉沽街及 4 个社区卫生服务站、大田镇卫生院及 6 个村卫生所进行社区流感样病例每日监测,对所有病例标本进行流感快速检测,阳性者采集咽拭子通过 Real-time PCR 检测流感病毒核酸,采用 SaTScan 软件时空重排模型分析流感聚集性。结果 流感社区监测显示 2009 年 10 月因甲型 H1N1 流感大流行出现一个大高峰,证明甲型 H1N1 流感大流行期间,农村也出现了甲型 H1N1 流感暴发流行的情况,2010/2011 年度流感流行季疫情均较 2009 年同期明显下降;时空重排扫描分析发现 10 个有统计学意义的集群,2009 年流感样病例 (ILI) 聚集性区域主要集中在汉沽街、大田镇及周边村(新立村、芦家坞)、大王庄、大田镇及周边村(新立村、大王庄),最有可能的集群为汉沽街 ( $RR = 27.44$ ,  $P = 0.0001$ )。其他区域主要为次要集群;2010 年流感疫情较平稳,只有大田镇小马杓村出现 ILI 聚集,并且为最优可能集群 ( $RR = 12.53$ ,  $P = 0.0001$ );经核实确认 2 起甲型 H1N1 流感暴发。结论 在社区进行流感时空聚集性分析,更准确地发现聚集性区域,早期预警,在公共卫生实践中有一定应用价值。

**关键词:** 流感; 时空分析; 社区监测

中图分类号: R 181.8<sup>+1</sup>

文献标志码: A

文章编号: 1001-0580(2011)11-1399-03

**Spatial and temporal cluster analysis of influenza epidemic in community surveillance of Tianjin city** XU Wen-ti, LI Lin, DONG Xiao-chun, et al. *Tianjin Municipal Center for Disease Control and Prevention (Tianjin 300011, China)*

**Abstract: Objective** To analyze the spatial and temporal cluster of influenza epidemic in community based surveillance and to provide theological base for timely alert and field investigation. **Methods** Community-based influenza surveillance was carried out in primary hospital of Hangu street and four clinics, primary hospital of Datian county, and six village clinics from Oct 2009 to Feb 2011. Influenza B rapid test kit was used to test all influenza-like illness (ILI). The positive specimens were tested for influenza virus nucleic acid with real-time PCR. Space-time permutation scan statistic was used in the analyses and SaTScan software was used to identify clusters of ILI. **Results** A rural village outbreak in Oct 2009 was detected by community influenza surveillance. Influenza epidemic decreased in 2010. In the space-time permutation scan analyses, we found ten significant clusters in 2009. Four cluster districts were detected. The most likely clusters were located in

\* 基金项目: 天津市卫生局科技基金(09KZ43)

作者单位: 天津市疾病预防控制中心 300011

作者简介: 徐文体(1976-),女,山东人,主管医师,硕士,研究方向: 现场流行病学。

通讯作者: 张颖, E-mail: cdzhangying@sina.com

Hangu street( rate ratio(  $RR$  ) =27.44  $P=0.0001$  ). In 2010 ,only one most likely cluster was found in Xiaomashao village and Datian township(  $RR$  =12.53  $P=0.0001$  ). Two new H1N1 influenza outbreaks were confirmed. **Conclusion** Spatial and temporal analysis of influenza can timely ascertain the cluster of ILI and give the early alert ,which can be used in public health practice.

**Key words:** influenza; spatial and temporal analysis; community surveillance

现有的流感监测是基于哨点医院进行的,难以获得社区(村)流感发病的情况,也不能探测到社区(村)流感的聚集性发病。为弥补哨点监测不足,在社区(村)实施流感监测,本研究于 2009 年 10 月-2011 年 2 月,对天津市汉沽区社区(村)进行前瞻性的流感每日实时监测和病原学检测,采用 SaTScan 时空重排模型<sup>(1-4)</sup>,对社区(村)流感聚集性进行前瞻性时空分析。为及时发现流感聚集性病例的时间和空间分布及进行现场处置和政府决策提供实时的理论依据。

## 1 对象与方法

1.1 病例定义 流感样病例(influenza-like illness, ILI): 发烧  $\geq 38^{\circ}\text{C}$ , 伴咳嗽或咽痛之一者。流感样病例百分比(ILI%): ILI 占就诊病例总数的百分比。

1.2 流行病学监测 天津市汉沽区汉沽街卫生服务中心及其 4 个社区卫生服务站、大田镇卫生院及 6 个村卫生所进行门诊 ILI 流行病学监测。2009 年 10 月-2011 年 2 月,每日收集汇总社区(村)监测点医院就诊的流感样病例数及门诊病例总数。

### 1.3 病原学检测

1.3.1 快速检测 采集在社区监测点医院、卫生服务站、村卫生所就诊的流感样病例鼻拭子,由监测点医生采用快检试剂盒进行检测。甲乙型流感病毒胶体金快检试剂盒由北京市阿斯可来生物工程有限公司提供,依据试剂检定部门介绍其灵敏度达 92% 特异度为 86%。

1.3.2 病毒分离 经快速检测呈阳性的流感样病例的患者。采集患者咽拭子标本,标本采集后在  $4^{\circ}\text{C}$  条件下保存,并于 48 h 内送至天津市疾病预防控制中心流感实验室检测,采用 real-time PCR 方法进行流感病毒核酸检测。

1.4 地图制作及聚集区域分析 以天津市汉沽行政图为背景,在 MapInfo 软件中矢量化以村为单位的边界,建立汉沽街和大田镇行政边界图层。采用 Google Earth 收集汉沽街和大田镇经纬度,并查找当地邮编,采用 SaTScan 软件应用时空重排模型分析聚集性区域。

1.5 SaTScan 时空重排扫描统计 时空重排扫描统计需要流感样病例数,诊断日期,病例所在的邮编、经度和纬度。时空重排扫描统计应用多重重叠圆柱体定义扫描视窗,每一个扫描视窗可能为一个暴发。圆基代表可能暴发的地理区域,首

先定义一个地理栅格点,然后圆半径从零逐渐增加到自行定义的最大值,一般按邮编进行迭代以便所有地理区域皆进入圆。大小圆之间相互重叠。圆柱体代表天数。圆基的高度一般定义为 1、2、3、4、5、6、7 d。对每一个圆基的圆心和半径,随着所有可能的圆柱体的时间长度来迭代。地理范围广时间短的圆柱体形成一个扁盘,而地理范围小而时间长的圆柱体形成一个柱体<sup>(5)</sup>。对每一个扫描窗口,根据窗口内外的病例实际值和期望值,计算似然比(likelihood ratio),以评价扫描窗口内发病数的聚集程度。采用蒙特卡罗假设检验计算  $P$  值。蒙特卡罗检验计算  $P$  值的随机复制数的个数设为 999,  $P$  值精确到小数点后 3 位<sup>(2)</sup>。时空重排扫描统计结果,除了给出最有可能聚集性集群,也给出次要可能聚集性集群,次要可能聚集性集群按照似然比大小排序,次要可能聚集性集群也能提示聚集性区域的存在。

## 2 结果

2.1 监测点基本情况 汉沽区坐落于滨海新区,汉沽街、大田镇及所属 8 个村共约覆盖 4 万人口。

2.2 流感样病例监测情况 2009 年 10 月-2011 年 2 月共报告 ILI 700 例,ILI 占就诊病例总数的 1.19% (700/58 908)。其中 2009 年 10 月-2010 年 3 月(流感流行季)报告 ILI 396 例,ILI% 为 3.54% (396/11 198),2010 年 4 月-2010 年 9 月(流感非流行季)报告 ILI 129 例,ILI% 为 0.48% (129/26 700),2010 年 10 月-2011 年 2 月(流感流行季)报告 ILI 175 例,ILI% 为 0.83% (175/21 010)。流感社区(村)监测显示 2009 年 10 月份因甲型 H1N1 流感大流行出现 1 个大高峰,证明甲型 H1N1 流感大流行期间,农村也出现甲型 H1N1 流感暴发流行的情况。2010/2011 年度流感流行季疫情均较 2009 年同期明显下降。

2.3 病原学检测 用甲乙型快检试剂盒检测 ILI 共 700 例,检出阳性者 27 例,其中甲型流感阳性 17 例,乙型流感阳性 10 例。经实验室进一步进行流感病毒分离,检出流感病毒者 18 例,其中 9 例检测为甲型 H1N1 流感病毒,3 例检测为甲 3 亚型流感病毒,1 例检测为未分型甲型流感病毒,5 例检测为乙型流感病毒。

2.4 时空重排扫描分析(表 1,图 1) 对 2009 年 10 月-2011 年 2 月流感社区(村)监测流感样病例数进行时空重排

表 1 天津市汉沽区社区(村)2009 年 10 月-2011 年 2 月流感样病例时空聚集性分析

聚集性	区域	期间	实际发病数(例)	理论发病数(例)	RR 值	P 值
很可能	汉沽街	2009.10.13-22	70	26.59	27.44	0.001
可能	大田镇大田小区	2009.11.3-12	77	42.58	13.23	0.001
可能	大田镇新立村	2009.11.3-12	77	42.58	13.23	0.001
可能	大田镇芦家坞	2009.11.3-12	77	42.58	13.23	0.001
可能	大田镇大王庄	2009.10.25-11.5	21	6.52	10.40	0.001
可能	汉沽街	2009.11.25-2010.1.26	53	28.43	9.99	0.001
可能	大田镇大田小区	2009.11.25-2010.1.2	53	28.43	9.99	0.001
可能	大田镇新立村	2009.11.25-2010.1.2	53	28.43	9.99	0.001
可能	大田镇大王庄	2009.11.25-2010.1.2	53	28.43	9.99	0.001
很可能	大田镇小马杓沽村	2010.9.4-9	5	0.16	12.53	0.001

