

# 人口流动强度与甲型 H1N1 流感和人感染 H7N9 禽流感流行的相关性研究

任书华

成都市疾病预防控制中心高新分中心 四川 成都 610041

**摘要:** 目的 探讨人口流动强度与甲型 H1N1 流感(简称 H1N1)和人感染 H7N9 禽流感(简称 H7N9)的流行关系的模式。方法 利用 2009 年 H1N1 监测数据和 2013 年至 2017 年 2 月的 H7N9 监测数据,采用秩相关、主成分分析、Getis - Ord Gi\* 热点分析和对应分析探讨人口流动强度与上述两种传染病流行的相关关系。结果 人口流动强度与 H1N1 和 H7N9 的发病数均呈正相关。家禽出栏量与 H7N9 的发病数和人口流动强度也呈正相关。人口流动强度分别与 H1N1 ( $\chi^2 = 43.40$   $P < 0.0001$ ) 和 H7N9 ( $\chi^2 = 51.82$   $P = 0.0010$ ) 的热区位于对应分析图的相同区域,且均存在相同级别的热区聚集在一起,提示人口流动强度与这两种疾病均存在一定的对应关系;家禽出栏量和 H7N9 的热区位于对应分析图的相同区域,且热区级别大致一一对应,即存在相对严格的对应关系( $\chi^2 = 36.47$   $P = 0.0140$ )。人口流动强度与家禽出栏量也存在一定的对应关系,两者的热区位于对应分析图的同一区域( $\chi^2 = 32.26$   $P = 0.0410$ )。结论 人口流动强度与 H1N1 的暴发流行有相关关系,而人口流动强度与 H7N9 的流行关系是一种典型的“人-物流”的动物源性的传染病模式。

**关键词:** 甲型 H1N1 流感;人感染 H7N9 禽流感;人口流动;相关关系

中图分类号: R181.2<sup>+</sup>3 文献标志码: A 文章编号: 1003-8507(2018)03-0537-07

## Relationship between intensity of population movements and epidemic of influenza A( H1N1) and avian influenza A( H7N9)

REN Shu - hua

Chengdu Centre for Disease Control and Prevention, Chengdu, Sichuan 610041, China

**Abstract: Objective** To explore the correlation between intensity of population mobility and epidemic of influenza A( H1N1) and human cases of avian influenza A( H7N9). **Methods** Spearman rank correlation analysis, principal component analysis, hotspot analysis( Getis - Ord Gi\* ) and correspondence analysis were conducted to analyze the H1N1 surveillance data in 2009 and H7N9 surveillance data collected from 2003 to February 2017. **Results** The intensity of population mobility was positively correlated with the incidence of H1N1 and H7N9, and a positive correlation was also shown between the poultry slaughter and the incidence of H7N9 and population flow intensity. Hot spots of the intensity of population movements and H1N1 ( $\chi^2 = 43.40$ ,  $P < 0.0001$ ) and H7N9 ( $\chi^2 = 51.82$ ,  $P = 0.0010$ ) were located in the same area of the correspondence analysis charts, and the hot spots at the same level got together, indicating that there was a corresponding relationship between the intensity of population movements and the two diseases. Hot spots of the poultry slaughter quantity and the incidence of H7N9 were located in the same area of the correspondence analysis charts, and the hotspot levels of them were roughly one - to - one correspondence, suggesting a relatively strict corresponding relationship between them ( $\chi^2 = 36.47$ ,  $P = 0.0140$ ). Hot spots of the intensity of population mobility and poultry slaughter located in the same area in the correspondence analysis charts ( $\chi^2 = 32.26$ ,  $P = 0.0410$ ) also showed some relationship between the population flow intensity and the poultry slaughter quantity. **Conclusions** Intensity of population mobility is related to the outbreak of H1N1, while the relationship between the intensity of population flow and incidence of H7N9 is a typically zoonotic pattern of contagion.

**Keywords:** Influenza A( H1N1); Avian influenza A( H7N9); Population movements; Correlation

随着经济和交通运输业的发展,我国人口流动强

度日益加大,加剧了传染病的发生、传播和蔓延。人口流动与传染病的流行关系密切<sup>[1-3]</sup>。而人口流动对传染病的影响往往被低估,这是因为人口流动的概念结构复杂,具有多维性,如出现的快慢、原因、方向性、动机以及持续的时间等,国外的研究虽然给出了

基金项目:国家质检公益性科研项目(201210046);成都市卫生计生委科研项目(140206)

作者简介:任书华(1985-),男,硕士,主治医师,研究方向:传染病信息监测

其理论结构,但并未给出具体的测量方法<sup>[4]</sup>。国内的研究往往以流动人口数来代替人口的流动<sup>[5-6]</sup>,与其概念结构相比,这种测量方法难以充分反映人口的流动强度,因为其缺少短期内的人口流动(如旅游、探亲)、国际间的人口流动等,上述这些人口流动对疾病的传播有重要作用。本研究探索性地从 6 个方面来测量人口流动强度。以甲型 H1N1 流感(简称 H1N1)和人感染 H7N9 禽流感(简称 H7N9)为例,探讨分析人口流动强度与疾病的流行分布关系。

## 1 资料与方法

**1.1 资料来源** H1N1 和 H7N9 数据来自中国疾病预防控制中心反应人口流动强度的 6 个指标和家禽出栏量数据来自国家统计局。其中 H1N1 为 2009 年的流行数据,H7N9 为 2013 年至 2017 年 2 月的流行数据,人口流动强度分别选取 2009 年的数据和 2013 年至 2016 年度 4 年的平均数据。家禽出栏量为 2013 年至 2016 年度 4 年的平均值。

**1.2 主要指标定义** 本研究的人口流动强度从以下 6 个维度进行测量:流动人口比重:某省流动人口数与该省总人口数之比;客运量:报告期内运输车辆实际运送的旅客人数;接待国际游客数:指报告期内接受国外游客数量;国际旅游外汇:指发展国际旅游事业而取得的外汇收入;交运输增加值:指交通运输业在一定时期内为社会提供的最终成果的货币表现;住

宿餐饮业增加值:指住宿餐饮业在一定时期内为社会提供的最终成果的货币表现。

**1.3 统计分析方法** 用 SAS9.4 对数据进行秩相关分析、主成分分析和对应分析,采用 ArcGIS10.2 对数据进行热点分析。

(1) Getis - Ord  $G_i^*$  热点分析:本研究采用 Getis - Ord  $G_i^*$  测量 H1N1、H7N9 和人口流动强度的空间分布,计算相应  $z$  得分值( $z$ -score)和  $P$  值,并识别热点和冷点。对于热点,值越大疾病聚集、暴发的风险也越高。对于冷点,值越小,疾病聚集、暴发的风险越低<sup>[7-8]</sup>。

(2) 对应分析:其理论基础是因子分析,它将人口流动强度的高低与疾病分布的冷点和热点统一起来,将它们同时反应在有相同坐标轴的二维对应图上,使相应指标的冷、热点相互对应<sup>[9]</sup>。以原点(0,0)为中心将对应图划分成不同区域,对于两者的热点或冷点,若位于相同区域则存在关联,且位置越接近提示关联性越强。

## 2 结果

**2.1 人口流动强度与 H1N1 和 H7N9 的秩相关分析** 人口流动强度不同维度值、H1N1 和 H7N9 发病数见表 1 和表 2。人口流动强度不同维度与 H1N1 和 H7N9 的发病数呈正相关。家禽出栏量与 H7N9 的发病数和人口流动强度也呈正相关。见表 3。

表 1 2009 年全国各省级行政区 H1N1 发病数及人口流动强度值

行政区	H1N1 发病数	交运输增加值	住宿餐饮业增加值	国际旅游外汇 (百万美元)	接待国际游客 (百万人次)	客运量 (万人)	流动人口 比重(%)
安徽	2 996	467.92	157.14	565.84	1.56	141 229	1.07
北京	10 595	556.64	262.51	4 356.68	4.13	129 534	8.33
福建	4 525	751.42	235.98	2 599.23	3.12	75 009	4.95
甘肃	3 679	213.64	88.52	12.54	0.06	49 968	0.60
广东	9 161	1 595.34	945.76	10 028.13	27.48	418 938	21.37
广西	6 583	378.75	208.00	643.34	2.10	68 593	1.17
贵州	2 663	399.77	153.41	110.44	0.40	64 918	1.13
海南	841	88.68	60.22	276.66	0.55	40 735	0.82
河北	3 230	1 491.92	247.14	307.81	0.84	77 773	2.04
河南	4 036	823.57	526.51	433.03	1.26	144 203	0.82
黑龙江	1 914	433.55	211.00	638.68	1.43	43 365	0.81
湖北	3 930	642.72	337.81	510.20	1.33	94 334	1.36
湖南	7 930	704.83	304.93	672.70	1.31	140 572	1.02
吉林	993	341.76	157.73	242.94	0.68	58 580	0.69
江苏	6 030	1 423.25	678.36	4 016.01	5.57	200 713	8.23
江西	2 208	394.90	167.59	289.75	0.96	70 496	0.74

(续表)

行政区	H1N1 发病数	交通运输增加值	住宿餐饮业增加值	国际旅游外汇 (百万美元)	接待国际游客 (百万人次)	客运量 (万人)	流动人口 比重(%)
辽宁	2 033	790.56	318.80	1 856.21	2.93	95 505	2.59
内蒙古	1 874	773.29	294.73	558.31	1.29	22 077	2.03
宁夏	1 352	114.77	25.59	4.43	0.01	12 629	0.58
青海	2 237	49.32	14.54	15.42	0.04	10 071	0.43
山东	3 313	1 742.33	594.50	1 765.30	3.10	234 564	2.89
山西	2 027	523.38	203.58	377.94	1.07	36 474	1.36
陕西	6 107	423.24	175.01	771.07	1.45	84 303	1.12
上海	2 790	635.01	238.36	4 744.02	5.33	9 571	10.56
四川	5 795	520.71	405.45	288.56	0.85	220 020	1.49
天津	846	471.01	131.84	1 182.64	1.41	23 337	2.98
西藏	3 354	21.19	14.70	78.73	0.17	7 844	0.16
新疆	3 514	209.10	62.25	136.63	0.35	29 886	2.71
云南	2 684	179.45	162.10	1 172.21	2.84	35 556	1.64
浙江	11 094	888.02	416.84	3 223.58	5.71	199 068	13.14
重庆	3 583	347.98	132.88	537.21	1.05	113 981	1.27

表 2 2013-2017 年全国各省级行政区 H7N9 发病数及人口流动强度年平均值

行政区	H7N9 发病数	平均出栏量	住宿餐饮业增加值	交通运输增加值	接待国际游客 (百万人次)	国际旅游外汇 (百万美元)	客运量(万人)
安徽	93	72 017	382.74	788.08	2.86	2 051.57	113 181.50
北京	7	8 040	380.68	965.99	4.24	4 606.50	63 956.00
福建	100	36 504	386.48	1 433.83	3.26	5 236.60	55 182.50
甘肃	0	3 544	187.30	277.69	0.05	12.18	39 719.50
广东	250	99 603	1 390.65	2 834.83	34.03	17 495.51	152 357.50
广西	3	80 253	368.59	768.37	3.73	1 744.47	50 502.50
贵州	7	9 422	341.55	874.53	0.67	210.07	87 056.00
海南	0	14 501	164.40	186.48	0.64	258.58	13 969.00
河北	7	59 100	402.15	2 377.75	0.77	518.05	56 999.50
河南	13	92 210	1 014.58	1 742.93	1.30	580.99	132 597.50
黑龙江	0	20 232	459.38	695.08	1.13	479.45	44 855.00
湖北	41	51 923	663.77	1 211.96	2.95	1 455.21	101 382.50
湖南	65	40 644	574.73	1 274.34	2.23	828.86	146 574.00
吉林	2	38 857	306.20	523.92	1.40	654.02	35 681.50
江苏	240	77 919	1 141.93	2 648.30	3.01	3 280.00	146 757.50
江西	46	45 193	372.28	723.12	1.52	561.94	65 106.50
辽宁	6	76 133	594.52	1 595.87	2.63	1 627.25	83 932.00
内蒙古	0	11 450	599.06	1 200.50	1.64	982.73	17 204.00
宁夏	0	1 208	49.53	199.79	0.04	19.66	9 243.00
青海	0	408	40.29	86.13	0.06	31.75	5 523.00
山东	15	176 561	1 206.78	2 414.95	3.06	2 613.29	67 367.00
山西	0	7 453	324.94	844.97	0.58	288.92	31 890.00
陕西	0	5 033	398.94	694.34	2.80	1 884.48	71 934.00

(续表)

行政区	H7N9 发病数	平均出栏量	住宿餐饮业增加值	交通运输增加值	接待国际游客 (百万人次)	国际旅游外汇 (百万美元)	客运量(万人)
上海	56	2 404	366.96	1 088.82	6.47	5 731.15	13 580.50
四川	12	64 221	805.39	1 143.88	2.57	1 019.28	137 121.50
天津	1	8 077	239.15	724.91	0.78	3 145.11	18 322.50
西藏	0	164	30.53	31.28	0.27	160.68	1 331.50
新疆	10	6 839	149.24	508.25	0.54	526.47	36 562.00
云南	0	19 842	425.60	296.48	4.29	2 648.08	48 937.00
浙江	299	19 176	939.97	1 578.91	4.15	6 270.98	120 757.00
重庆	0	23 381	338.70	733.57	1.37	1 411.51	65 340.50

注: 在本表中略去了流动人口比重 因为流动人口比重使用的是第六次人口普查数据, 见表 1

表 3 H1N1、H7N9、人口流动强度和家禽出栏量指标的秩相关系数

项目	流动人口比重	客运量	接待国际游客数	国际旅游外汇	交通运输增加值	住宿餐饮业增加值	家禽出栏量
H1N1	0.38 <sup>a</sup>	0.64 <sup>b</sup>	0.46 <sup>b</sup>	0.42 <sup>a</sup>	0.39 <sup>a</sup>	0.52 <sup>b</sup>	—
H7N9	0.55 <sup>b</sup>	0.67 <sup>b</sup>	0.59 <sup>b</sup>	0.60 <sup>b</sup>	0.71 <sup>b</sup>	0.57 <sup>b</sup>	0.56 <sup>b</sup>
家禽出栏量	0.28	0.72 <sup>b</sup>	0.49 <sup>b</sup>	0.40 <sup>a</sup>	0.70 <sup>b</sup>	0.74 <sup>b</sup>	—

注: <sup>a</sup> $P < 0.05$  <sup>b</sup> $P < 0.01$ 

2.2 H1N1、H7N9 和人口流动强度主成分空间分布的 Getis - Ord  $G_i^*$  热点分析 H1N1 和 H7N9 的热点分析结果见图 1a 和图 1c。H1N1 和 H7N9 所对应的

人口流动强度 6 维度间共线性较大, 对其进行了主成分分析。按照累计贡献率 70% ~ 85% 的准则, 均提取第 1 主成分, 进行热点分析, 结果见图 1b 和图 1d。

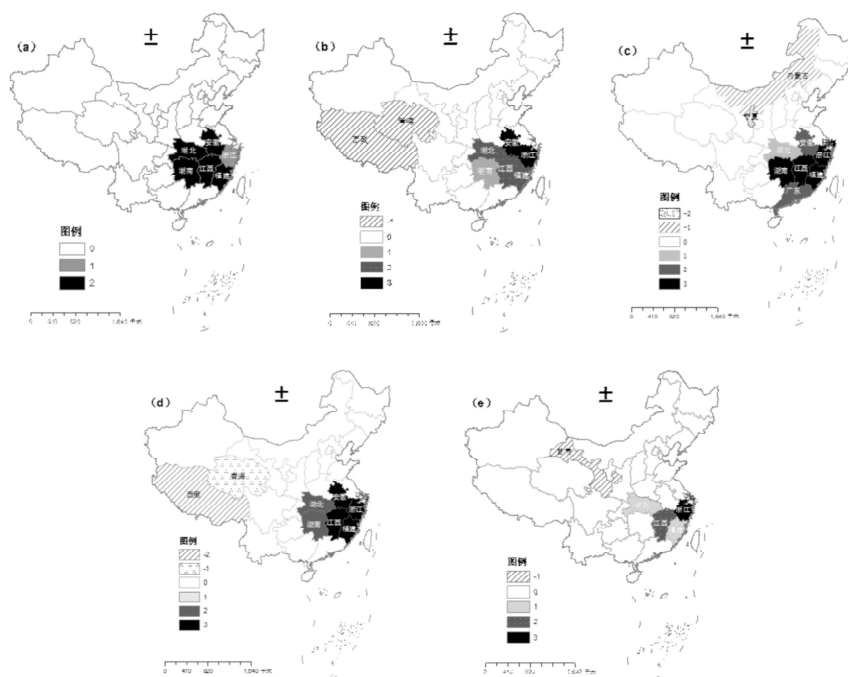


图 1 H1N1、H7N9、人口流动强度主成分和家禽出栏量空间分布的热点分析

注: (a): H1N1; (b): H1N1 对应的人口流动强度的主成分; (c): H7N9; (d): H7N9 对应的人口流动强度的主成分; (e): 家禽出栏量。图例中负值是冷区, 正值是热区, 值越大, 热点级别越高; 0 表示普通区, 无统计学差异性, 负值或正值有统计学差异性 ( $G_i^* - Score > 1.96$ ,  $P < 0.05$ )

### 2.3 人口流动强度与 H1N1 和 H7N9 的对应分析

将 Getis - Ord  $G_i^*$  热点分析结果进行对应分析,结果显示,人口流动强度和 H1N1 的热区均在参考线左侧的相同区域,且有同级别热区聚集,提示两热区存在对应关系( $\chi^2 = 43.40, P < 0.0001$ )。两者在热区的级别上非严格对应,如人口流动强度的一和三级热区分别与 H1N1 的二级和一级热区相聚集。见图 2。

人口流动强度和 H7N9 的三级热区相聚集,二级热区和一级热区非严格对应,但在同一个象限中,提示存在一定的对应关系( $\chi^2 = 51.82, P = 0.0010$ )。见图 3。

家禽出栏量和 H7N9 的热区存在严格对应关系( $\chi^2 = 36.47, P = 0.0140$ ),两热区均在参考线的右侧,级别大致一一对应。见图 4。人口流动强度与家禽出栏量也存在一定的对应关系( $\chi^2 = 32.26, P = 0.0410$ ),两热区均在相同区域。见图 5。

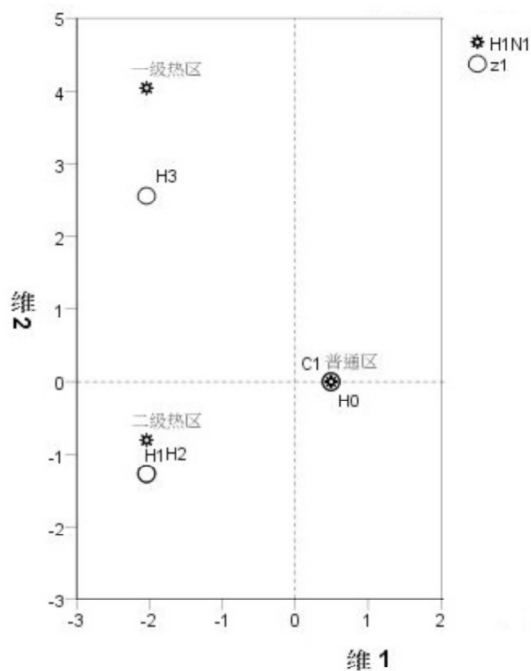


图 2 H1N1 与人口流动强度(z1)的冷、热区对应分析

注: C1: 一级冷区, H0: 普通区, H1: 一级热区, H2: 二级热区。H3: 三级热区, 下面图中字母所代表的意义与此相同

### 3 讨论

#### 3.1 人口流动强度与 H1N1 的流行存在一定的关系

人口流动强度高分布区对应 H1N1 的高发区,人口流动强度低分布区对应 H1N1 的低发区,即人口流动强度大的地方,也是 H1N1 疫情严重区。在人口流动强度 6 维度中,客运量、住宿餐饮业增加值和接待国际游客数与 H1N1 的相关系数比流动人口比重的大,

可能是因为客运量、餐饮住宿增加值和接待国际游客数由于具有实时性和不受户籍制度限制的特点,能实时反映人口的流动性,如旅游、出差或探亲等短期型的人口流动。

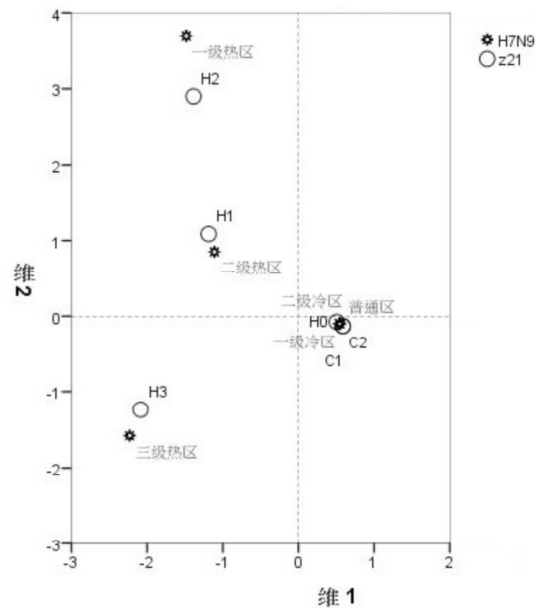


图 3 H7N9 与人口流动强度(z21)的冷、热点对应分析图

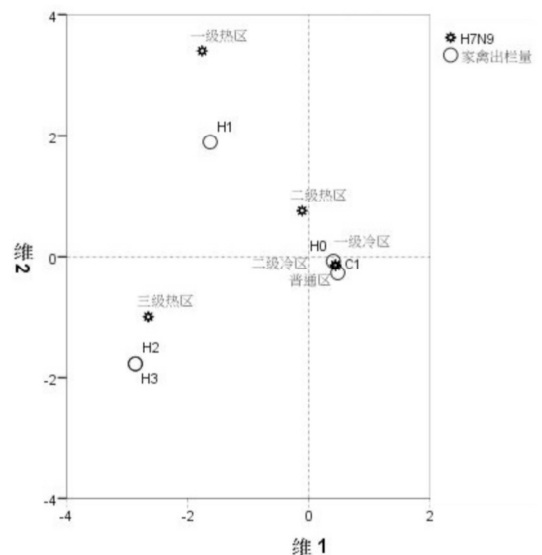


图 4 H7N9 与家禽出栏量的冷、热点对应分析图

人口流动强度与 H1N1 的暴发流行关系揭示了短期内的人口流动(旅游或探亲)对传染病的跨界传播具有重要作用<sup>[4]</sup>,其对我国 2009 年 H1N1 暴发流行作用机制主要是:国际交往将新发传染病病原体带到我国,使从未接触过该病原体的居民感染<sup>[10]</sup>,国内人口的短期快速流动促进了 H1N1 的进一步扩散,引起暴发流行。然而在热区的级别上,人口流动强度与 H1N1 并非严格对应,提示人口流动强度虽然与

H1N1 的流行有关,但不能完全决定 H1N1 的流行强度,还存在其它因素。

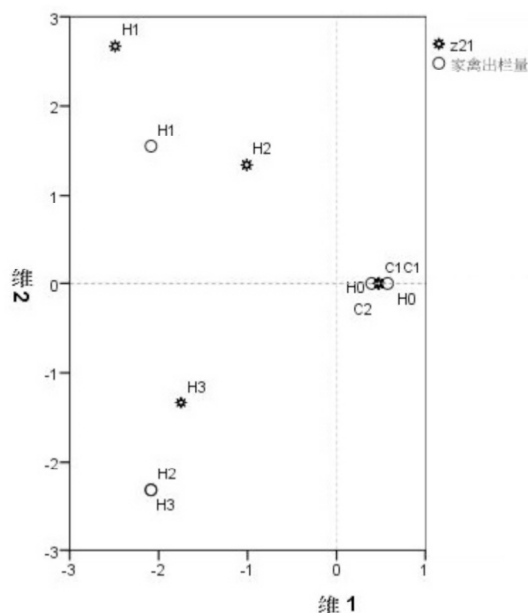


图5 人口流动强度与家禽出栏量的冷、热点对应分析图

**3.2 H7N9 的流行与由人口流动所引起“人-物流”有关** 人口流动强度与 H7N9 的流行存在一定的对应关系,人口流动强度大的地方,往往是 H7N9 的高发区;人口流动强度低的地方,是 H7N9 的低发区或零报告区。人口流动强度可能是通过家禽出栏量这一中间变量与 H7N9 的流行相关的,因为家禽出栏量既与人口流动强度存在一定的相关性,又与 H7N9 的发病密切相关。

在人口流动强度的 6 个维度中,客运量和交通运输增加值与 H7N9 的流行和家禽出栏量均有较高的相关性,此外,餐饮业增加与家禽出栏量关系密切,说明人口流动和物质流动对 H7N9 疫情的扩散有重要作用。疫情可沿着家禽运输和交易的路线跨区蔓延,与食用(餐饮)有关的行为(如购买或宰杀活禽)促进了疫情在区域内的扩散。即“人流”、“物流”及由此带来的家禽的流动可能是 H7N9 流行的“人-物”交界面,是病原体有家禽传到人的重要节点<sup>[4]</sup>。H7N9 的流行与活禽有关<sup>[11-14]</sup>。人口流动强度与 H7N9 的流行关系是一种典型的“人-物流”的动物源性的病毒性传染病模式。其作用机制:在人与动物接触时,病原体跨越种群界限从动物传到人身上;而由人类之间贸易、交往带来的物质流通(如活禽)则使病原体在不同区域间快速传播,借助“人-物”交接感染不同区域的高危人群<sup>[14,15]</sup>,进而引起 H7N9 的流行。由于人口流动强度大的地方,其物流强度也往往较大,携带病毒的活禽的流转速度也较大,感染的人数也往往

较大,导致 H7N9 的快速蔓延和流行。但在热区的级别上,人口流动强度与 H7N9 也不是严格对应,提示在 H7N9 的流行强度上,可能存在其它决定性的因素。

总之,人口流动可直接促进 H1N1 的暴发、流行;而人口流动与 H7N9 的流行可能间接相关,反映人与动物的接触,使病原体从动物“搬家”到人身上以及由于人口流动带来的“物质”(如家禽)流动而引起的传染病流行的情况。

#### 参考文献

- [1] Schlagenhauf P, Weld L, Goorhuis A. Corrections. Travel - associated infection presenting in Europe (2008 - 12): an analysis of EuroTravNet longitudinal surveillance data and evaluation of the effect of the pre - travel consultation [J]. *Lancet Infect Dis* 2015, 15(3): 263.
- [2] Ma T, Heywood A, Macintyre C R. Chinese travellers visiting friends and relatives - A review of infectious risks [J]. *Travel Med Infect Dis* 2015, 13(4): 285 - 294.
- [3] Zhang L, Liu S, Zhang G, et al. Internal migration and the health of the returned population: a nationally representative study of China [J]. *BMC Public Health* 2015, 15: 719.
- [4] Aagaard - Hansen J, Nombela N, Alvar J. Population movement: a key factor in the epidemiology of neglected tropical diseases [J]. *Trop Med Int Health* 2010, 15(11): 1281 - 1288.
- [5] 龚胜生,丁明磊,龚冲亚,等. 中国区域人口流动能力测度及其应用研究 [J]. *华中师范大学学报(自然科学版)* 2015, 49(5): 767 - 777.
- [6] 马红旗,陈仲常. 我国省际流动人口的特征——基于全国第六次人口普查数据 [J]. *人口研究* 2012(06): 87 - 99.
- [7] Schwartz G G, Rundquist B C, Simon I J, et al. Geographic distributions of motor neuron disease mortality and well water use in U. S. counties [J]. *Amyotroph Lateral Scler Frontotemporal Degener* 2016: 1 - 5.
- [8] Pakhare A, Sabde Y, Joshi A, et al. A study of spatial and meteorological determinants of dengue outbreak in Bhopal City in 2014 [J]. *J Vector Borne Dis* 2016, 53(3): 225 - 233.
- [9] Tekai F. Genome Data Exploration Using Correspondence Analysis [J]. *Bioinform Biol Insights* 2016, 10: 59 - 72.
- [10] Dou H Y, Chen Y Y, Kou S C, et al. Prevalence of Mycobacterium tuberculosis strain genotypes in Taiwan reveals a close link to ethnic and population migration [J]. *J Formos Med Assoc* 2015, 114(6): 484 - 488.
- [11] Zhou X, Li Y, Wang Y, et al. The role of live poultry movement and live bird market biosecurity in the epidemiology of influenza A (H7N9): A cross - sectional observational study in four eastern China provinces [J]. *J Infect* 2015, 71(4): 470 - 479.
- [12] Artois J, Lai S, Feng L, et al. H7N9 and H5N1 avian influenza suitability models for China: accounting for new poultry and live - poultry markets distribution data [J]. *Stoch Environ Res Risk Assess* 2017, 31(2): 393 - 402.

(下转第 552 页)

- [6] 金伟,郭见多,刘道华,等.安徽省人体重点寄生虫病现状调查报告[J].热带病与寄生虫学,2017,15(1):14-18.
- [7] 马云祥,尚乐园,许汴利.河南省寄生虫病防治与研究[M].郑州:河南人民出版社,2014:244-246.
- [8] Nematian J, Nematian E, Gholamrezanezhad A, et al. Prevalence of intestinal parasitic infections and their relation with socio-economic factors and hygienic habits in Tehran primary school students[J]. Acta Tropica, 2004, 92(3):179-186.
- [9] 王哲玲,李艳辉,刘红珍,等.邯郸地区中小学生对 5 种肠道寄生虫感染现状调查[J].邯郸医学高等专科学校学报,2004,17(2):100-101.
- [10] Quihui L, Valencia ME, Crompton DW, et al. Role of the employment status and education of mothers in the prevalence of intestinal parasitic infections in Mexican rural schoolchildren[J]. Public Health, 2006, 110(2):225.
- [11] 邓艳,陈伟奇,张雅兰,等.2011-2015 年河南省淮阳县土源性线虫病监测结果分析[J].中国寄生虫学与寄生虫病杂志,2016,34(6):533-536.
- [12] 周琦,刘承芳,张林秀,等.国内外儿童土源性线虫感染防治研究进展[J].中国血吸虫病防治杂志,2015,27(4):431-435.
- [13] World Health Organization. Deworming for health and development. Report of the third global meeting of the partners for parasite control [R]. Geneva: World Health Organization, 2005: 149.
- [14] Ekpo UF, Odoemene SN, Mafiana CF, et al. Helminthiasis and hygiene conditions of schools in Ikenne, Ogun State, Nigeria[J]. PLOS Neglected Tropical Diseases, 2008, 2(1):e146.
- [15] Rinne S, Rodas EJ, Galer-Unti R, et al. Prevalence and risk factors for protozoan and nematode infections among children in an Ecuadorian highland community[J]. Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene, 2005, 99(8):585-592.
- [16] Olsen A, Samuelsen H, Onyango-Ouma W. A study of risk factors for intestinal helminth infections using epidemiological and anthropological approaches[J]. Journal of biosocial science, 2001, 33(4):569-584.
- [17] 王兰珍. 肠道寄生虫病全民干预措施与近期效果评价[J]. 中国病原生物学杂志, 2007, 2(2):165-167.

收稿日期:2017-06-09

## (上接第 542 页)

- [13] Kang M, He J, Song T, et al. Environmental Sampling for Avian Influenza A (H7N9) in Live-Poultry Markets in Guangdong, China[J]. PLoS One, 2015, 10(5):e126335.
- [14] Lu J, Liu W, Xia R, et al. Effects of closing and reopening live poultry markets on the epidemic of human infection with avian influenza A virus[J]. J Biomed Res, 2016, 30(2):112-119.
- [15] Ramaiah K D. Population migration: implications for lymphatic filariasis elimination programmes[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2013, 7(3):e2079.

收稿日期:2017-05-01

## (上接第 547 页)

- [9] Poyry T, Hyypia T, Horsnell C, et al. Molecular analysis of coxsackievirus A16 reveals a new genetic group of enteroviruses[J]. Virology, 1994, 202(2):982-987.
- [10] 欧新华,张如胜,叶文,等.长沙市 2010 年手足口病 EV71 型 VP1 区基因序列分析[J].实用预防医学,2011,18(3):420-424.
- [11] 龚黎明,葛琼,严菊英,等.浙江省肠道病毒 71 型的分离与 VP1 区域序列分析[J].中华流行病学杂志,2005,26(12):971-974.
- [12] 董晓楠,应剑,陈应华.1970-2004 年全球肠道病毒 71 型分离株的分子流行病学分析[J].科学通报,2007,52(9):1021-1027.
- [13] Brown BA, Oberste MS, Alexander JP, et al. Molecular epidemiology and evolution of enterovirus 71 strains isolated from 1970 to 1998[J]. Journal of Virology, 1999, 73(12):9969-9975.
- [14] 黄克勇,李凌,赵卫,等.1966-2011 年全球肠道病毒 71 型部分分离株的基因特征及流行病学分析[J].现代预防医学,2014,41(7):1153-1157.
- [15] 江丽凤,叶鹏凌,高风华,等.中国大陆 EV71 病毒分离株的分子流行病学研究[J].热带医学杂志,2011,11(12):1341-1345.
- [16] Perera D, Yusof MA, Podin Y, et al. Molecular phylogeny of modern coxsackievirus A16[J]. Archives of Virology, 2007, 152(6):1201-1208.
- [17] Zong WP, He YQ, Yu SY, et al. Molecular phylogeny of coxsackievirus a16 in shenzhen, China, from 2005 to 2009[J]. Journal of Clinical Microbiology, 2011, 49(4):1659-1661.
- [18] Tao Z, Wang H, Li Y, et al. Molecular epidemiology of human enterovirus associated with aseptic meningitis in Shandong Province, China, 2006-2012[J]. PLoS One, 2014, 9(2):e89766.
- [19] 李秀娟,田会方,高伟利,等.石家庄市手足口病病原学监测及柯萨奇病毒 A16 型 VP1 区基因特征[J].中国卫生检验杂志,2014(6):858-861+864.
- [20] 黄瑶,周乐,巢国祥,等.2010-2012 年扬州市手足口病病原构成及柯萨奇 A 组 16 型病毒分离株 VP1 基因特征分析[J].现代预防医学,2014,41(13):2318-2322,2329.
- [21] 张建华,江炳福,程险峰,等.肠道病毒 71 型和柯萨奇病毒 A16 型分离株的 VP1 基因特征分析[J].东南大学学报:医学版,2013,32(2):173-179.
- [22] Zhu F, Xu W, Xia J, et al. Efficacy, safety, and immunogenicity of an enterovirus 71 vaccine in China[J]. The New England Journal of Medicine, 2014, 370(9):818-828.

收稿日期:2017-08-01