DOI：10.3969/j.issn.1002－2694.2022.00.010

·监测分析·

自贡市2016－2021年布鲁氏菌病暴发疫情特征分析

张　洁[1]，闫国栋[1]，陈　岗[2]，张正东[1]，曾林子[3]，周　敏[1]，陈有才[2]，陈　曦[1]

摘　要：目的　分析自贡市2016－2021年布鲁氏菌病暴发疫情特点，为非牧区布病聚集性疫情控制提供依据。**方法**　对2016－2021年自贡市布鲁氏菌病暴发进行现场调查，筛查重点及高危人群和涉及牲畜，分析疫情发生原因及特点，采取相应控制措施。**结果**　2016－2021年共报告4起布鲁氏菌病本地暴发疫情，涉及20例患者。病例共同暴露者筛查阳性率14.67%（11/76），畜间血清学筛查阳性率16.67%（19/114）；MLVA分析显示分离到菌株与北京、宁夏分离菌株同源性为90.6%。**结论**　2016－2021年自贡布病疫情传染源均为病羊，食用未煮熟羊肉、私下引种（交易）山羊及无防护屠宰加工是引起布鲁氏菌病暴发的主要原因，应强化国内重点地区牲畜引种、畜产品交易的检疫力度，加强对职业人群的监测工作，开展重点人群的知识宣传。

关键词：布鲁氏菌病；暴发；特征分析

中图分类号：R387.5，S516.7　　**文献标识码：**A　　**文章编号：**1002－2694(2022)03－0252－04

Epidemiological characteristics of brucellosis outbreaks in Zigong，2016－2021

ZHANG Jie[1]，YAN Guo-dong[1]，CHEN Gang[2]，ZHANG Zheng-dong[1]，ZENG Lin-zi[3]，ZHOU Min[1]，CHEN You-cai[2]，CHEN Xi[1]

（1. *Zigong Center for Disease Control and Prevention*，*Zigong* 643000，*China*；
2. *Zigong Center for Animal Disease Control and Prevention*，*Zigong* 643000，*China*；
3. *Sichuan Center for Disease Control and Prevention*，*Chengdu* 610000，*China*）

Abstract：This study aimed to describe the epidemiological characteristics of brucellosis outbreaks in Zigong. We performed a field investigation of all brucellosis outbreaks from 2016 to 2021，screened the high-risk groups and related livestock，and analyzed the causes and characteristics of the epidemic，to guide control measures. A total of four brucellosis outbreaks involving 20 cases were reported from 2016 to 2021. The positivity rate of serological screening was 14.67%（11/76）among high-risk groups，and 16.67%（19/114）among livestock. MLVA analysis indicated that the five isolated Brucella strains showed 90.6% sequence identity to the strains isolated in Beijing and Ningxia. From 2016 to 2021，infected sheep/goats were the source of brucellosis outbreaks in Zigong. The main causes of infection included consumption of undercooked mutton，illegal transaction of goats and unprotected slaughtering. Therefore，quarantining of sheep and livestock is necessary in areas with high brucellosis risk in China. Surveillance and education of the population with high risk occupations must also be performed.

Keywords：brucellosis；outbreak；epidemiological characteristic

Supported by the Zigong Key Science and Technology Programs（No.2017ZC61）

Corresponding author：Chen Xi，Email：xiguacx@163.com

布鲁氏菌病（brucellosis，简称布病）是由布鲁氏菌感染引起的人兽共患传染病，传染源主要为染疫动物，主要通过直接或间接接触病畜、肉制品及排泄物等感染[1]。自贡市自2014年出现首次报告布病病例以来，疫情呈现快速增长态势，并多次出现暴发疫情，为了解自贡市布病暴发疫情特征，为制定科学有效的防治策略提供依据，现将2016－2021年自贡市布病暴发疫情分析如下。

2017年自贡市重点科技计划项目（No.2017ZC61）

通讯作者：陈　曦，Email：xiguacx@163.com；
ORCID：0000-0001-8019-413X

作者单位：1.自贡市疾病预防控制中心，自贡 643000；
2.自贡市动物疫病预防控制中心，自贡 643000；
3.四川省疾病预防控制中心，成都 610000

1　材料与方法

1.1　暴发疫情监测　对自贡市2016－2021年医疗机构报告的所有布鲁氏病例进行流行病学调查，对其中从事牲畜相关工作人员以及存在流行病学关联病例进行现场调查。暴发疫情指3周内，同一乡镇、饲养场及屠宰加工厂等场所3例及以上急性期布病病例。

1.2　现场调查　对病例家庭成员及共同暴露者进行问卷调查。联合畜牧、食药等相关部门开展联合调查，查验病例所在村（街道）周边羊只交易、检疫情况，评估病例所在街道及周边羊肉餐馆卫生学状况，了解羊肉加工流程及人员职业暴露情况。

1.3　病例定义

1.3.1　疑似病例　2016年以来自贡市医疗机构报告的布病病例以及与病例有关的职业人群（含养殖、屠宰及餐馆加工等）及家属中，出现发热伴关节肌肉疼痛、多汗乏力者。

1.3.2　确诊病例　疑似病例中，血清学阳性或者细菌培养阳性。

1.3.3　隐性感染者　与病例具有共同暴露的人员血清学检测阳性（SAT滴度≥1∶100）但无布病相关临床表现者。

1.4　实验室检测　采取虎红平板凝集试验（RBT）及试管滴度试验（SAT）对涉疫重点人群开展血清学筛查，实验方法和判定参照WS 269-2019《布鲁氏菌病诊断标准》。所有医疗机构分离培养出的布鲁氏菌菌株送上级疾病预防控制中心实验室进行鉴定和分型。

1.5　溯源分析　利用多位点可变数目串联重复序列分析（multiple locus variable-number tandem repeat analysis，MLVA）技术，对布鲁氏菌病菌株采用16个位点进行引物扩增，根据测定的各点位PCR产物长度与已知标准菌株16M的16个可变数名串联重复序列（variable-number tandem repeat，VNTR）位点PCR产物序列、重复单元序列与串联重复数目进行比较，计算待测菌株16个位点的串联重复数目[2-3]。将各位点重复序列重复数与MLVA数据库（http://mlva.upsud.fr）收录的布鲁氏菌各种型菌株数据采用Bio Numerics 5.0软件，利用非加权配伍图平均法对16个位点进行聚类分析，获得MLVA聚类图。

1.6　统计学方法　采用Epi data 3.0软件建立数据库，利用Epi info7对数据进行描述性统计学分析。

2　结　果

2.1　布病病例基本情况　2016－2021年自贡市医疗机构报告布病病例35人，病例中男性占62.86%（22/35）；病例年龄跨度最小19岁，最大76岁，中位发病年龄为49岁；发病时间主要集中在每年3－6月；人群分类以从事餐馆生肉加工、屠宰及养殖人员为主，分别占28.57%（10/35）、25.71%（9/35）及22.86%（8/35）。通过流行病学调查和重点人群筛查，共发现符合布病暴发疫情定义4起。

2.2　暴发疫情特征分析　4起暴发疫情传染源均为病羊，均与外地输入羊只存在关联。暴发疫情一共涉及患者20人（含隐性感染者），无死亡病例。20人布病患者中，其中7例为医院报告，另外13例通过主动筛查发现；主动筛查时共采集相关人群血清样本75份，经检测血清学抗体阳性13人，阳性率17.33%，2人在一个最长潜伏期内发病（以脱离传染源起算）（表1和表2）。疫情输入可能原因中，3起与养殖户引种未检疫羊相关，1起为羊肉餐馆聚集。

表1　自贡市2016－2021年布病暴发疫情基本特征及重点人群筛查情况

Tab.1　Epidemic characteristics and population screening of brucellosis outbreaks in Zigong City from 2016 to 2021

年份	事件	可能暴发原因	暴发模式	医院报告	主动筛查		
					筛查人数	阳性数（%）	潜伏期内复阳数
2016	A	外地引种	家庭散养	1	33	2（6.06）	0
2019	B	食用未煮熟羊肉	散发	4	10	1（10.00）	0
2020	C	养殖＋餐馆	中转站＋餐馆	1	6	4（66.67）	1
2021	D	养殖＋屠宰	家庭散养＋屠宰场	1	26	6（23.08）	1
合计		—	—	7	75	13（17.33）	2

表 2 自贡市 2016－2021 年布病暴发疫情 20 例病例基本情况

Tab.2 Twenty cases of brucellosis outbreaks in Zigong City from 2016 to 2021

事件	编号/性别	年龄	职业及关系	发现方式	接触史	实验室检测
A	1/男	50	农民/养羊户	医院报告	饲养	血培养:布鲁氏菌
	2/女	49	农民/男 1 妻子	主动监测	饲养	试管凝集(1∶100)
	3/男	52	农民/男 1 邻居	主动监测	饲养	试管凝集(1∶200)
B	4/男	60	工人	医院报告	食用羊肉汤	血培养:布鲁氏菌
	5/女	50	商业服务	医院报告	食用羊肉汤	血培养:布鲁氏菌
	6/男	64	退休人员	医院报告	食用羊肉汤	血培养:布鲁氏菌
	7/男	49	家务待业	医院报告	食用羊肉汤	血培养:布鲁氏菌
	8/女	48	餐馆从业人员/病例 4－7 餐馆从业人员	主动监测	生肉加工	试管凝集(1∶200)
C	9/女	52	农民	医院报告	饲养	血培养:布鲁氏菌
	10/男	52	农民/女 9 丈夫	主动监测	饲养	试管凝集(1∶800)
	11/女	29	餐馆从业人员/女 9 儿媳	主动筛查	生肉加工	试管凝集(1∶100)
	12/男	65	农民/女 9 工人	主动监测	饲养	试管凝集(1∶1 600)
	13/男	31	餐馆从业人员/女 9 儿子	医院报告	生肉加工兼老板	血培养:布鲁氏菌
D	14/男	35	工人	医院报告	饲养	血培养:布鲁氏菌
	15/女	37	农民/男 14 姐姐	主动监测	屠宰	试管凝集(1∶400)
	16/女	35	农民/男 14 妻子	主动监测	饲养	试管凝集(1∶100)
	17/女	62	农民/男 14 母亲	主动监测	饲养	试管凝集(1∶400)
	18/男	43	农民/女 15 同事	主动监测	屠宰	试管凝集(1∶100)
	19/男	49	农民/女 15 同事	主动监测	屠宰	试管凝集(1∶200)
	20/男	49	农民/女 15 同事	主动监测	屠宰	试管凝集(1∶800)

2.3 动物疫情调查 对自贡市 4 起因养殖、屠宰相关联暴发疫情开展畜间血清学筛查,共采样 114 只羊,检出阳性 19 只,阳性率 16.67%,扑杀 109 只山羊,并对其进行无害化处理,见表 3。

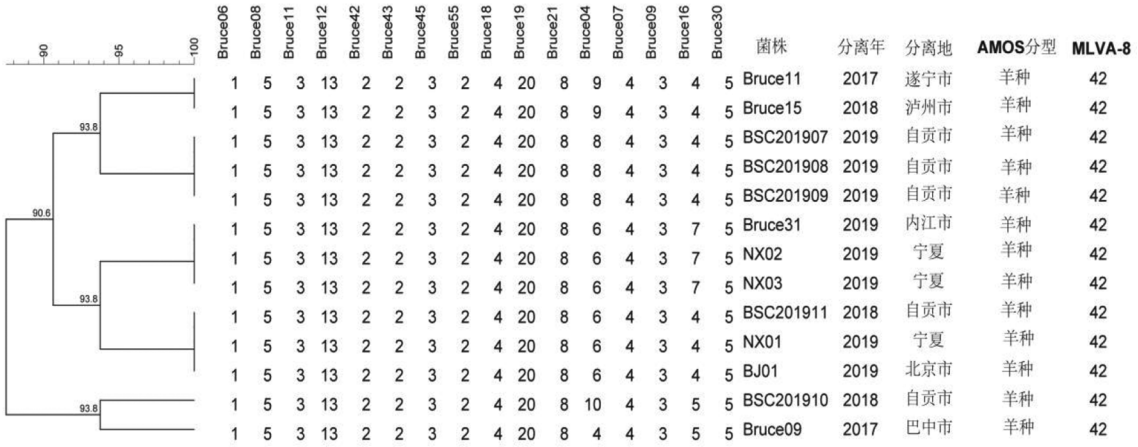
表 3 畜间疫情血清学筛查

Tab.3 Serological screening of animal epidemics

年份	事件	动物来源	筛查数/只	阳性数	阳性率/%
2016	A	山东引种	37	9	24.32
2019	B	本省外地＋本地山羊	—	—	—
2020	C	外省＋本地山羊	72	10	13.89
2021	D	外省＋本地山羊	5	0	0
合计		—	114	19	16.67

2.4 病例治疗 对所有发现布病患者告知检测结果,并督促其到自贡市定点治疗机构进行治疗,由乡镇卫生院医生定期对患者开展随访督导。同时密切关注无症状感染者,截至 2021 年 10 月,所有患者均已痊愈,无症状感染者无临床症状。

2.5 菌株鉴定及 MLVA 分析 2016－2021 年我市医疗机构共分离到 5 株布鲁氏菌,其中 3 株来源于 2019 年某羊肉汤馆关联布病暴发疫情。经由四川省疾病预防控制中心对菌株进行复核鉴定,所有菌株均为羊种布鲁氏菌病 3 型。MLVA 结果显示所有菌株均为 MLVA-8 基因型,为 42 型,属于东地中海型。其中 2019 年暴发疫情分离到 3 株布鲁氏菌 MLVA-16 型别完全一致,与 2018 年报告病例(某屠宰场工人)血液中分离到菌株(编号 BSC201911)仅存在 bruce04 位点存在重复数目差异,与北京及宁夏地区分离到菌株同源性为 90.6%。见图 1。



Bruce06	Bruce08	Bruce11	Bruce12	Bruce42	Bruce43	Bruce45	Bruce55	Bruce18	Bruce19	Bruce21	Bruce04	Bruce07	Bruce09	Bruce16	Bruce30	菌株	分离年	分离地	AMOS分型	MLVA-8
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	9	4	3	4	5	Bruce11	2017	遂宁市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	9	4	3	4	5	Bruce15	2018	泸州市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	8	4	3	4	5	BSC201907	2019	自贡市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	8	4	3	4	5	BSC201908	2019	自贡市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	8	4	3	4	5	BSC201909	2019	自贡市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	6	4	3	7	5	Bruce31	2019	内江市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	6	4	3	7	5	NX02	2019	宁夏	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	6	4	3	7	5	NX03	2019	宁夏	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	6	4	3	4	5	BSC201911	2018	自贡市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	6	4	3	4	5	NX01	2019	宁夏	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	6	4	3	4	5	BJ01	2019	北京市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	10	4	3	5	5	BSC201910	2018	自贡市	羊种	42
1	5	3	13	2	2	3	2	4	20	8	4	4	3	5	5	Bruce09	2017	巴中市	羊种	42

图1　自贡市布鲁氏菌临床分离株MLVA聚类分析

Fig.3　Cluster analysis of clinical isolates of *Brucella* MLVA in Zigong City

3　讨　论

四川属于国家划定的布病二类防控地区，畜间疫情监测为主动发现染疫动物的主要手段。2016—2020年畜牧部门布病常态化防控监测累计检测羊只血清样本25 930份，无阳性检出。近年来发现的布病疫情大部分能追溯到外地输入，本地无布病持续传播[4-7]，人群和牲畜自然感染率和疫苗免疫率均极低，疫情输入后容易引起暴发疫情。本研究4起暴发中的2起源于中转站，另外2起发生在屠宰和餐馆销售环节，以养殖场/中转站、集中屠宰点工作人员为中心，向散养户、餐馆加工人员及消费者蔓延，与我国北方布病传统牧区以牧民、兽医为主的散发模式存在较大差异[8-10]。本研究对布病病例先完成流行病学调查，联合畜牧、食药部门对其中有动物接触史的病例进行现场追踪，不但发现了大量处于潜伏期感染者并开展了早期治疗，还发现2处牲畜疫点，病例和病畜发现率远高于直接监测水平[11-13]，提示这一模式在非牧区布病防控中可能存在推广运用价值。

自贡市无成规模牧场，所消费羊肉主要来自外地活羊输入。羊肉产业链模式主要为以家庭为单位的养殖户购置外地山羊与本地羊混养，之后直接供应集中屠宰点或当地羊肉餐馆。分子分型（MLVA）聚类分析结果显示自贡菌株均为42型，与全国主要流行毒株型别一致[14-15]，2019年羊肉餐馆暴发疫情分离菌株与2018年屠宰场工人分离的菌株均与北京、宁夏分离布鲁氏菌菌株亲缘关系较近，提示布鲁氏菌病随着畜牧业发展和畜产品的交易逐渐向非牧区扩散，优质羊种引种及肉制品交易同时可能会伴随布病持续输入的风险，加之本地羊中转站内一直不断有羊购入和售出，不同批次的羊混养，可能形成局部持续传播。

对于非牧区，应将牲畜中转站和屠宰场作为检疫和管理重点，定期对场所内牲畜开展检疫手续查验和畜间布病筛查，及时发现并剔除病畜，严格牲畜分批次管理，对从业人员及其家属开展定期布病筛查，降低从业人员在工作过程中因接触染疫动物造成自身感染的风险。医疗机构发现布病病例后，应对病例可能感染环境人员和牲畜开展筛查，早期发现隐性感染病例和清除畜间疫点。

利益冲突：无

引用本文格式：张洁，闫国栋，陈岗，等. 自贡市2016—2021年布鲁氏菌病暴发疫情特征分析[J]. 中国人兽共患病学报，2022，38(3)：252-255，259. DOI：10.3969/j.issn.1002—2694.2022.00.010

参考文献：

[1] Ahmed W，Zheng K，Liu ZT. Establishment of chronic infection：*Brucella*'s stealth strategy[J]. Front Cell Infect Microbiol，2016，6：30. DOI：10.3389/fcimb.2016.00030

[2] Ma JY，Wang H，Zhang XF，et al. MLVA and MLST typing of *Brucella* from Qinghai，China[J]. Infect Dis Poverty，2016，5：26. DOI：10.1186/s40249-016-0123-z

[3] Maquart M，Le Flèche P，Foster G，et al. MLVA-16 typing of 295 marine mammal *Brucella* isolates from different animal and geographic origins identifies 7 major groups within *Brucella ceti* and *Brucella pinnipedialis*[J]. BMC Microbiol，2009，9：145. DOI：10.1186/1471-2180-9-145

[4] 闫姝利，高汝琼，郭元，等.攀枝花市首例布鲁氏菌病调查与分析[J].中华卫生杀虫药械，2020，26(06)：560-562. DOI：10.19821/j.1671-2781.2020.06.015

[5] 张洁，陈有才，李雪梅，等.自贡市1起人间布鲁菌病聚集性疫情调查分析[J].预防医学情报杂志，2018，34(03)：393-395.

（下转第259页）