

禽流感在人類的重大流行史觀與公共衛生

曾子容¹、施浩榆²、詹大千³、李昌駿⁴、萬灼華²、
顧家綺⁵、顏慕庸⁶、金傳春^{7*}

摘要

禽流感近二十年對全球民眾健康與社會經濟影響甚鉅，在多種亞型的新興流感病毒中，禽流感病毒扮演間接或直接感染人的角色。禽流感病毒的抗原變異及病毒基因重組導致病毒不斷演化，產生各式各樣在地化的病毒變異株(virus strains or variants)，可影響禽類健康，甚而「低」致病性的禽流感病毒也能造成人類重症與死亡，若病毒在環境中無法完全根除，將易導致往後爆發疫情的惡性循環。

當新型 H7N9 及其他亞型的禽流感病毒仍肆虐於中國之際，毗鄰的臺灣更應嚴陣以待未來病毒若入臺灣後的衝擊；此外，原在我國禽類長年流行的舊 H5N2、H6N1 亞型禽流感病毒及自 2015 年年初侵襲臺灣造成全臺禽場大流行的 H5N2、H5N3 及 H5N8 亞型 H5 之 2.3.4.4 演化分支新禽流感病毒至今的演化及其可能跨越宿主傳播人的潛力，亦必須及時評估。

有鑒於此，本文先偏重禽流感病毒的特性、流行病學特徵及禽流感病毒在人類的流行史；期望讀者能徹底明瞭病毒與流行的關係，將有助於提升未來防疫的成效。

關鍵字：禽流感、全球流行、臺灣疫情、預防與控制策略

¹ 輔仁大學醫學院公共衛生學系

² 臺大獸醫專業學院獸醫學系

³ 中央研究院人文社會科學研究中心

⁴ 中央研究院基因體研究中心

⁵ 臺大醫學院免疫學研究所

⁶ 臺北市立聯合醫院傳染病防治部

⁷ 臺大公共衛生學院流行病與預防醫學研究所

通訊作者：金傳春^{7*}

E-mail: chwanchuen@gmail.com

投稿日期：2015 年 5 月 7 日

接受日期：2016 年 2 月 4 日

DOI: 10.6524/EB.20160308.32(5).001

前言

流感病毒在臺灣的流行主要分為三類：(一)人流感多在氣溫低時流行而有明顯的季節性，(二)A 型豬流感病毒常在人流感爬坡前先上升[1]，因此過去在季節性流感 H1 與 H3 互換流行時，有其預警效果，及(三)禽流感自 2003 年起在全國流行「低致病性」禽流感病毒 H5N2 至今已近 13 年，加上中國大陸自 2013 年流行「低致病性」禽流感病毒 H7N9 感染人類而導致重症與死亡個案，以及 2015 年 1 月爆發的三種新 H5 亞型高病原性禽流感演化分支 2.3.4.4 病毒(H5N2、H5N8、H5N3)及舊型 H5N2 病毒的全島流行，其所涵蓋的流行面、禽場數、禽種及病毒亞型，均是最嚴重的流行。因此，本文偏重禽流感病毒的流行史觀，期能導引臺灣醫界、公共衛生決策人員、獸醫畜牧養殖人員及農業官員對此重要而極有潛力的人畜共通傳染病能有更深認識，齊心協力避免臺灣重蹈類似 1968 年香港發生 H3N2 全球大流行的覆轍。

禽流感簡介

流感病毒屬於正黏液病毒科(Orthomyxoviridae)，包括 A、B、C 三型，其中 A 型流感病毒感染家禽、畜；B 及 C 型流感病毒主要在人群中流竄。A 型流感病毒感染的宿主最多，在流行病學上最重要，其 HxNy 亞型命名是由血球凝集素(hemagglutinin, HA)與神經胺酸酶(neuraminidase, NA)兩種具抗原性的表面醣蛋白來決定，血球凝集素可附著於不同動物的紅血球，導致紅血球凝集，也是病毒進入宿主的敲門磚，決定病毒是否感染某些宿主；神經胺酸酶可水解細胞表面的唾液酸(sialic acid)，因而將病毒自宿主細胞釋出進而感染鄰近細胞。臨床上常用的克流感(oseltamivir)是針對病毒的神經胺酸酶，以防堵其產生更多的子代病毒。至 2015 年在自然界的流感病毒總計 18 種 HA 亞型及 11 種 NA 亞型中，在禽類共有 16 種 HA 亞型及 9 種 NA 亞型，因此禽類擁有多種的流感病毒亞型。

流感病毒流行病學中最重要關鍵在於病毒的變異，簡言之，流感病毒的變異有兩類：(一)抗原漂變(antigenic drift)：核苷酸序列的點突變，包括單一核苷酸的置換、插入和刪除；(二)抗原移變(antigenic shift)：病毒內八段核醣核酸(ribonucleic acid, RNA)基因的重組(reassortment)，此八段基因可來自兩種不同宿主的流感病毒而重新組成(如 4+4、5+3 等不同組合)，或來自三種不同宿主的流感病毒而新組成(如 3+3+2、4+2+2 等)。如此流感病毒可由甲宿主跨越物種傳播至乙或丙等宿主，若某一宿主未見過此新病毒，體內尚缺抗體而致使新形成的病毒在該宿主之傳播力甚高，如 2009 年的新型流感 H1N1 亞型，自其被發現的 4 個月內於人群中已發生跨國、跨洋洲的全球流行，所以察覺新亞型流感病毒的偵測工作格外重要。

禽類在禽流感病毒的變異與傳播扮演重要的角色，因多數的血球凝集素亞型(HA)均能感染禽類，其後直接在禽體內進行 RNA 片段基因重組，而水禽又是流感病毒的重要保毒宿主(reservoir)。禽流感病毒依其對雞的致病力分為「高致病性禽流感(highly pathogenic avian influenza, HPAI)病毒」及「低致病性禽流感(low pathogenic avian influenza, LPAI)病毒」(我國農業官方習稱「高或低病原性禽流感病毒」)，在防疫偵測上，過去多針對家禽體內 H5 和 H7 兩亞型病毒，因為高致病性禽流感往往源自於此兩亞型病毒。近年分子流行病學研究已發現中國大陸的禽流感 H9N2 亞型病毒[2-3]與臺灣的 H6N1 亞型禽流感病毒均有隨著年代而增加其在雞群的分離率、抗體盛行率以及基因重組的能力[4]，再加上臺灣已有 H6N1 的人肺炎病例[5]，在在顯示非 H5 非 H7 的其他禽流感亞型病毒的偵測也十分重要，尤其須檢視其在流行病學的重要性是否與年俱增而加重其對人的可能威脅。

禽流感病毒在人類的病例與重大流行史觀

一、全球流行

在20世紀有三波全球性大流行。此三波的病毒亞型不同，但均與禽流感相關，且預防接種疫苗較慢，所以全球死亡人數仍十分可觀(表一)。

表一、十次禽流感感染人的病毒亞型、流行年代、地區、病例數、死亡人數與感染族群

年代	1918	1957	1968	1997	2003 2016	1999	2009	2013	2013/11	2014
病毒亞型	H1N1	H2N2	H3N2	H5N1	H5N1	H9N2	新型 H1N1	H7N9	H10N8	H5N6
地點	西班牙	亞洲/ 中國貴州	中國/ 香港	香港	印尼、 越南、 中國、 埃及	香港	全球	中國	中國	中國
病例數 (人)				18	846	3		693	3	10
死亡人數 (或致死率%)	約 5 千萬	150 萬	100 萬	6 (33%)	449 (53.1%)	無	約 18,500	40%	3	4
病毒來源	人、 禽、 豬	禽類 HA、 NA、PB1 其他 5 段 來自人類	禽類 HA、 PB1 其他 6 段 來自 H2N2	廣東鵝 HA、 小水鴨 NA、 其餘六 段鵝	1997 H5N1 的 病毒演化 及錯雜化		豬(HA、 NA、M、 NP、NS) 禽(PB2、 PA) 人(PB1)	野鳥 HA、NA 6 段內部 基因來自 H9N2	野鳥 HA、NA 6 段內部 基因來自 H9N2	H5 來自 H5N1 N6(鴨的 H6N6) 內部基因 來自鴨的 H5N1
感染族群	青壯 年	孩童	皆影響	活禽 接觸者	禽類接觸	散發	65 歲以下 成人及 孩童	活禽 接觸者	散發	散發

*H5N1, H7N9, H5N6 的人病例數據來自世衛組織與學術文獻至 2016年1月20日

(一) 1918年的H1N1西班牙流感的全球嚴重流行 (Spanish flu)

自1918年爆發H1N1亞型流感病毒，傳播速度極快。此病毒確切來源未知，有些學者認為是人、禽、豬三方的片段基因重組而成[6]。

(二) 1957年的H2N2亞洲流感 (Asian flu)

在1957年的亞洲流感，由於此H2N2病毒的兩外套膜蛋白(HA與NA)均自H1N1改變為H2N2，當時死亡人數約100萬人，對全球公共衛生的影響很大[7]。

(三) 1968年的H3N2香港流感 (Hong Kong flu)

1968年在香港發生H3N2亞型的香港流感，由於NA仍是N2亞型，所以此波死亡人數較1957年的H2N2流行為少。

上述三波全球流行源於動物流感病毒基因重組而產生的新病毒，對人類沒有足夠的保護抗體，而易造成全球大流行，尤其三波流行中兩波源自亞洲，而流行至美洲與歐洲時，死亡人數更多，所以在亞洲流感的偵測於全球流感防衛體系中扮演舉足輕重的角色。

(四) 1997年的H5N1禽流感感染人的病例與其後跨國流行

香港首次發現人感染A型(H5N1)禽流感，分子流行病學探究發現自病人分離得的H5N1病毒與活禽市場雞的H5N1病毒同源[8]，顯示可直接從雞傳播至人，而不需經中間宿主的豬[2-4]；尤其香港活禽市場的鵪鶉扮演非常重要的流感病毒基因重組角色，得此偵測結果後，香港活禽市場每週有休市日，且不准鵪鶉進入活禽市場。

在2003年5月青海湖突然出現史無前例的多種野鳥暴斃死亡，發現是感染禽流感H5N1病毒，此病毒經過體型大的斑頭雁野鳥跨越青藏高原，而從亞洲散佈至歐洲，也經由野鳥的傳播路線而將病毒帶至非洲[9]。所以H5N1病毒扮演重要跨國、跨洋洲流行的角色。

至2016年1月20日H5N1的人感染病例仍增，致死率居高不下[WHO]。為何H5N1病毒並沒有造成如20世紀那三波重大的全球流行，科學家認為人類的積極偵測、早期預警、即早介入，以及此型病毒的在人際間傳播較慢所致。

(五) 1999年起發生禽流感H9N2病毒感染人的病例

1999年出現H9N2亞型禽流感病毒感染人病例，同年底再次現蹤，此亞型病毒在中國大陸盛行率最高，所以此後陸續發生H7N9、H10N8病毒的內部六段基因均來自H9N2病毒。換言之，過去認為禽流感病毒僅H5與H7會造成禽類的流行，而漠視非H5與非H7禽流感病毒的流行潛力，是值得修正的觀念。

(六) 2009年的H1N1新型流感病毒的全球大流行

此次由源於豬、禽、人流感病毒三重組變異後而產生全球性流行的新型流感病毒[10]；且具人傳人的高度傳播力，自發現此新型病毒後兩個月內已蔓延至全球流行。病毒偵測發現此新型的H1N1病毒在南半球的

冬季時已取代過去的季節性流感病毒H1N1，所以至9月即可看見北半球也邁入此新型的H1N1病毒的優勢傳播。所幸這波全球流行的疫苗備製快速，許多進步國家的死亡人數均比原預期較低，臺灣在這波全球流行由國光公司首度製備新型的H1N1流感病毒疫苗，自給自足提供國內防疫，在國小全面接種兩週後，學童的H1N1新型流感病例數即大幅下降[11]，顯示疫苗防疫的重要性。

(七) 2013年的H7N9新型禽流感病毒造成中國大陸的重症病例與死亡

中國大陸在2013年2月開始爆發H7N9禽流感病毒感染人的嚴重與死亡病例後，2014年的流行涵蓋面較廣，人的群聚病例也較多[12]，至2016年1月20日全球總計693人，死亡277人。中國大陸至今年流行從未中斷，確診病例中多半具有活禽接觸史[13]，流行嚴重區包含廣東、浙江、江西等地；並造成臺灣4例境外移入病例、香港13例輸入病例、加拿大2病例及馬來西亞1病例。另臺灣最近有一名江蘇昆山經商的56歲臺商因感染H7N9，於2016年1月19日上午在陸病逝，經此臺商兒子探父返臺而主動向松山機場檢疫人員通報，是我國首宗染H7N9禽流感死亡人病例；也是自2013年起的第3名國人在陸感染H7N9病例，3名染病臺商均曾至江蘇省，前兩例確診病患返臺後發病，為H7N9境外移入病例，經國內醫院救治而痊癒。

香港大學管軼教授研究指出H7N9禽流感病毒在中國大陸已「地區化」，並在華東與華南地區形成地方化流行演化分支(clade)，與當地原有的禽流感H9N2亞型病毒衍生出至少48種的基因重組變種，病毒毒力強，且高於最初流行的H7N9病毒，因而建議關閉活禽市場、採用集中飼養、中央屠宰等方式，以嚴防動物跨區運輸傳播[14]。

(八) 中國大陸的H10N8禽流感病毒感染之人病例

在2013年11月底，中國江西南昌出現全球首例H10N8病例，12月底南京出現第2例病例，而2014年2月在江西發現第3例病例，三者均有活禽接觸史，最後皆死亡，此H10N8亞型的禽流感病毒內部六段基因是源於中國最常見的H9N2亞型禽流感病毒[15]。

(九) 中國大陸 H5N6禽流感病毒感染之人病例

2014年5月四川出現全球首例人感染H5N6亞型禽流感病毒病例；12月廣東發生第二例，2015年2月雲南出現第三例重症病例，三例具野禽接觸史，且均死亡[16]。至2016年1月8日，全球共計人感染H5N6亞型禽流感病毒6例（四川1例、雲南2例、廣東3例），其中4人死亡。此病例數仍在增加中，至2016年1月20日已達10例（9例通報至世衛組織，另1例為文獻寶島的輕症病例），值得重視。

基因序列分析結果得知目前H5N6禽流感病毒已有多元化之情形，且散布在中、越及柬埔寨的家禽中(<http://www.fao.org/3/a-i4199e.pdf>)。

二、臺灣的禽流感病毒流行史

(一) H5N2亞型禽流感病毒

臺灣於2003年底至2004年初，雞群爆發「低」致病性H5N2禽流感的全島流行，其後證明此病毒株來自1994年墨西哥的H5N2亞型禽流感病毒提供H5與N2兩基因，而其內部的六段基因來自臺灣本土雞群已流行達四十年之久的H6N1禽流感病毒，是一「墨臺基因兩重組」病毒，其真正的來源仍難明瞭[4]。然經過全面撲殺防疫後，於往後幾年依舊有不定時的雞疫情爆發，至2012年，農委會對外正式宣布此H5N2亞型的禽流感病毒已演化成為「高」致病性，且在臺灣持續演化[4]。另臺灣早期的低致病性鴨流感H5N2病毒與雞不同，且同一隻鴨也會分離到僅3個胺基酸相異而呈現不同表現型(phenotypes)的鴨流感H5N2病毒，更重要的是臺灣有些低致病性鴨流感H5N2病毒生物性狀變異株(virus variants)可感染哺乳動物的狗腎細胞(Madin-Darby canine kidney, MDCK cells) [17]。

有鑒於此，衛生福利部疾病管制署（以下簡稱疾管署）自2012年5月至7月針對本島相關禽畜業者進行血清流行病學調查，發現將近3%(10/335)的禽類接觸者對此H5N2亞型病毒產生抗體陽性(http://wwwnc.cdc.gov/eid/article/20/5/13-1393_article)。而此臺灣在地化的H5N2亞型禽流感病毒未來是否有機會演化成可感染人的流感病毒，尚仰賴持續的病毒及血清兩方面偵測。

2015年年初，禽流感H5疫情在全臺爆發，由防檢局的初步結果，發現此舊H5N2亞型的禽流感病毒之地理分布廣，顯示禽農對於禽流感的防治仍有待加強。

(二) H6N1亞型禽流感病毒

自1970年起，低致病性H6N1亞型禽流感病毒在臺灣家禽間已流行40餘年[18]。分析往昔臺灣H6N1禽流感病毒，發現其在高病毒量時，可感染實驗鼠。在2013年時，臺灣感染全球首例的H6N1人肺炎病例[5]。流行病學調查未能解釋此病例如何得病，顯示此亞型病毒在公共衛生上有著不可輕忽的重要性。又H6N1禽流感病毒提供內部基因給臺灣的雞H5N2禽流感病毒而助其不斷演化，兩者的共伴關係值得長時間追蹤，以利進行跨物種傳播之風險評估。

值得注意的是臺大獸醫系研究群發現2014年自狗分離得一H6N1狗流感病毒(A/canine/Taiwan/E01/2014)，分析發現其極近似往昔臺灣H6N1禽流感病毒，且在病毒的PB2基因之627位點胺基酸有嗜哺乳類的變異(E627K)，值得公共衛生重視[19]。

(三) 2014至2015年新型H5N2、H5N8與H5N3三亞型禽流感病毒

新型高致病性禽流感H5N8病毒於2014年1月在南韓種鴨場，因鴨蛋產量降60%而偵測得[20]，其後在附近肉鴨場與濕地小水鴨群聚死亡，分析

此新型H5N8病毒基因序列，以當時的病毒基因庫比對資料，發現其為基因重組的「新」病毒，即病毒八段基因中，有HA、NA、PB2、NP四段基因是與2010年的江蘇鴨H5N8病毒較近(>97.2%)，而另PB1、PA、M、NS四段基因與2011年的中國東部鴨H5N2病毒最近似(>98.2%)。換言之，此新型H5N8病毒是基因重組的新病毒，分子流行病學研究也顯示，甲地家鴨中的禽流感病毒可經由自然界水鳥（野飛禽）保存禽流感病毒的基因池(gene pool)，再間接影響另一乙地家鴨感染。此新H5N8病毒的複製力高及其傳播致禍的流行威力又較原H5N1病毒為強，所以在亞洲、美洲、歐洲均有跨洋洲與跨國流行，可見鴨流感病毒基因序列對明瞭病毒來龍去脈與防疫策略之重要。

2014年底至2015年初在臺灣爆發的新型H5禽流感流行有幾項重要流行病學特徵，值得啟動相關的人流感防疫措施：(1)臺灣史上最大規模的「高」致病性禽流感流行，凡任一流行的波及面愈廣，其後的防疫也更加艱鉅；(2)流行禽種中鵝的致死率過高，為往昔鵝農所未見，顯示此為一「新」型病毒；(3)流行地理分布是自臺灣南部始而往中部，再擴及至北部的由南至北方向流行；(4)臺灣雞鴨養殖密度過高又相距甚近，因鴨可保存禽流感病毒良久，而雞卻可將病毒由呼吸道傳播至人，而增其感染人的機會；(5)由病毒亞型可見有些禽場同時有新型H5N2與新型H5N8兩亞型流行或新型H5N2與新型H5N3兩亞型流行；(6)臺灣自2003年始流行至今雞的舊H5N2亞型病毒，自「低」致病性至2008年提升致病力，2012年官方宣布為「高」致病性H5N2，然2015年是自2003年全面撲殺後，首見的涵蓋面較廣的大幅度疫情，且不少縣市是有新、舊型H5N2的兩種病毒流行(<http://ai.gov.tw>);及(7)此波流行的新型高致病性禽流感H5病毒是屬於演化分支2.3.4.4，且在臺灣已趨多元化[21]。

未來上述六項流行觀察，與原在臺已流行四十餘年的禽流感H6N1病毒及在中國與時俱增流行省地的禽流感H7N9病毒的潛在威脅，加上新型H5N2、H5N8及H5N3三亞型禽流感病毒的HA基因是源自H5N1演化，而H5N1自2003年至2016年1月仍有人病例傳出，及新型H5N8等病毒已較原H5N1的病毒複製力高，易生更多的新子代病毒，在禽類傳播力已大於其祖先的H5N1病毒，又可自健康鴨鵝造成禽間傳播[22]，因此公共衛生的萬全準備，誠為必要。

新型禽流感病毒感染人的流行病學特徵

一、季節分布

過去流感的流行因每一國家氣候、緯度與人口密度的不同，流行型態也有很大的差異。大致來說，熱帶地區是終年均有流感病毒活動，亞熱帶地區的流感病毒活動月較熱帶國家為短，溫帶與寒帶國家即有明顯陡升陡降之

季節性高峰，有趣的是近年的跨國研究，發現可以先從熱帶國家流感病毒的流行改變，來協助溫帶與寒帶國家的流感預警。

二、時間與空間分布與傳播模式

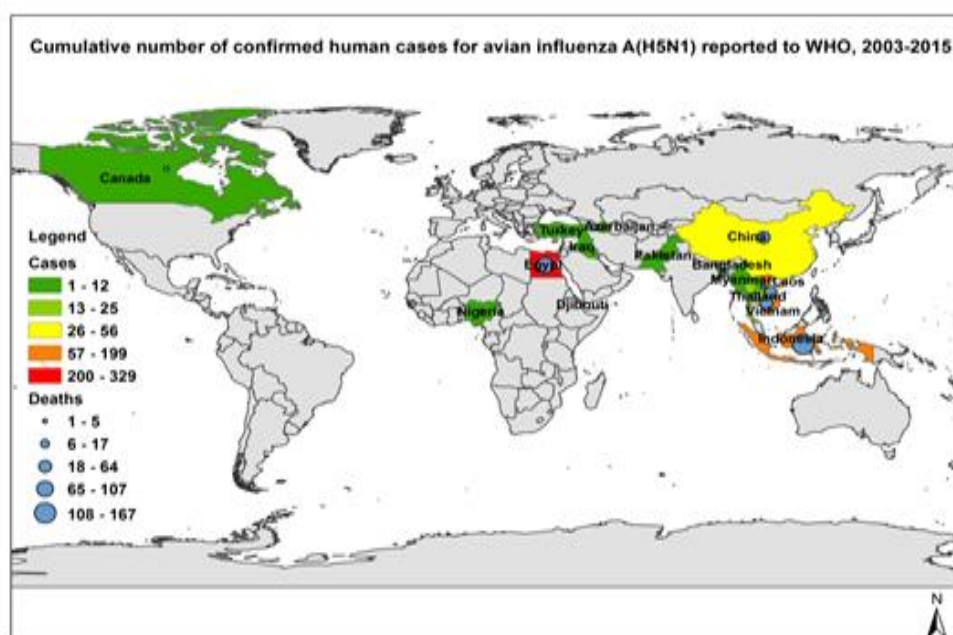
(一) H5N1禽流感病毒

1、H5N1人病例的地理分布

自2003年至2016年1月20日共有16國有H5N1禽流感病毒感染人的病例，已累計846人感染與449人死亡，致死率(case fatality rate)53.07%，流行涵蓋面廣，包含亞洲、非洲、歐洲，其中埃及與印尼兩地（圖一），累積病例數高、死亡人數也高，可能與其飼養禽類密度有關。另一特點是埃及為亞洲與非洲中繼站，禽類交易必經之地，又歷經政經社會變動，許多人失業而回鄉養禽，因而可能造成病毒在此散播；另有可能是因埃及政府施打疫苗，而產生病毒「在地化」情形，造成此一大幅度流行[23]。因此禽流感病毒在不同地方有不同的傳播方式，可能的途徑包含候鳥的移動、貿易活動、家禽的飼養與野生鳥類的接觸等，均可能造成地區局限性的流行或跨界傳染的疫情。

2016年1月13日四川公布首例H5N1確定病例，患者為成都市42歲男性，發病前有活禽接觸史。

H5N1地域擴散上是由家禽感染後引入歐洲，而美國是由鄰國的候鳥傳播。亞洲與非洲部分，候鳥與家禽均是可能的感染源[24]。因此在沒有貿易禁令的限制下，未來H5N1病毒可經由陸路或海運的家禽而傳播到歐洲、非洲以及美國等地。平時常規性的禽類病毒與血清監測為首要防疫目標之一。



圖一、人類H5N1禽流感的世界病例分布圖 [資料來源：世界衛生組織(WHO)]

2、H5N1病毒的時空演化情形

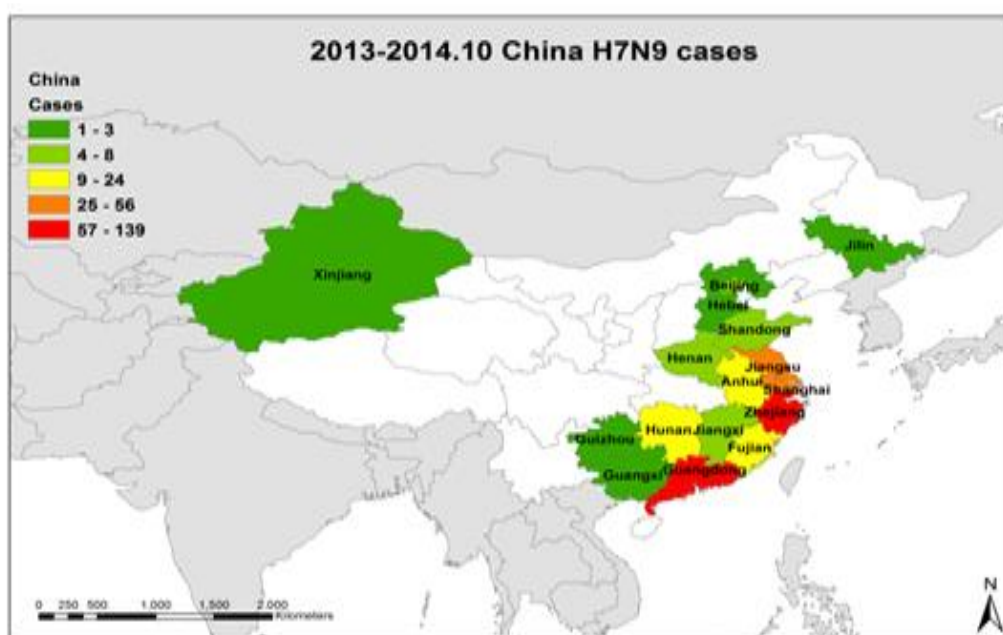
利用病毒移動網路可預測亞洲H5N1禽流感的傳播流行走向，以兩路線四種水禽進行分析，包含東亞澳（East-Asian Australasian，簡寫為EA，東北亞、中國南部、東南亞）、中亞（Central Asian，簡寫為CA，青海湖、南亞、蒙古）路徑，移動速度以東亞快於中亞，從野鳥路徑隨機網路(flyway- based random network, FRN)分析，可得知候鳥遷移活動的路徑是高致病性H5N1病毒的重要傳播因素。

H5N1禽流感病毒基因演化樹結果，主要源自1996年的廣東至1997年的香港、2003年的泰國、2005年的青海等三大區，雖其演化空間不同，但均因感染同種宿主，而經由交換病毒基因序列而重組，最後演化成各種不同的分支及亞分支(clade and subclade)。

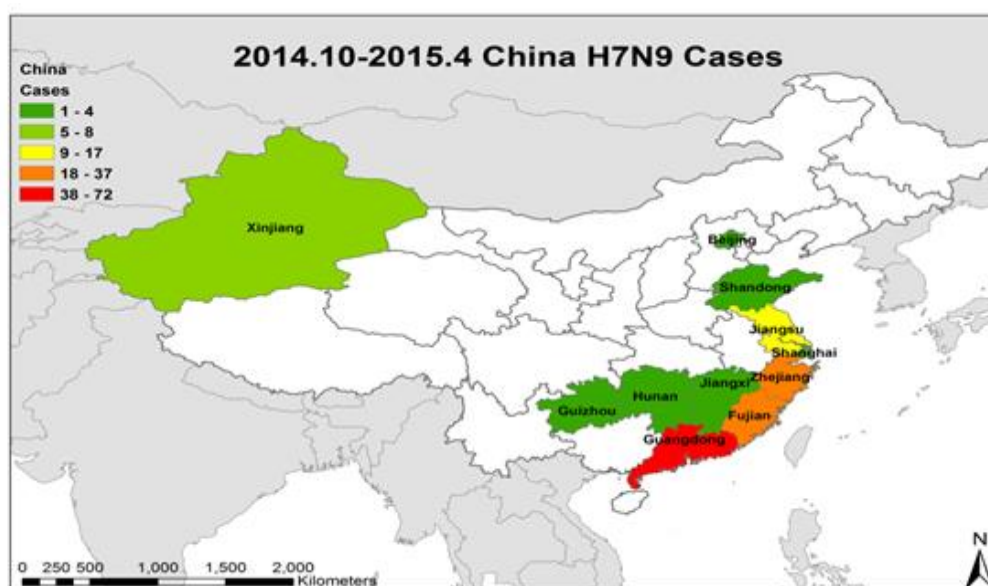
(二) H7N9病毒的時空分佈

中國大陸自2013年3月開始流行的新型禽流感病毒H7N9，至2016年1月20日全球總病例數693例，其中277例死亡，致死率達近39.97%。流行時間可分為兩波高峰，流行地區主要集中在中國東半部與南部沿海地區，尤其廣東、福建、浙江、江蘇等地格外嚴重[25]。主要群聚病例發生在2013年3月中的華東地區，次群集是自2013年2月底至2014年3月底的中部及東南沿海（圖二A、B），另家庭的群聚病例也須注意。

據我國疾管署的新近統計，中國大陸自去年入秋至2016年1月18日已累計確診23例H7N9禽流感病例，其中浙江14例最多、廣東3例、江蘇3例、上海2例、江西1例，確診者以50歲以上佔多數，且均具禽接觸史。



圖二(A)、2013年至2014年10月中國大陸H7N9禽流感病例分布圖



圖二(B)、2014年10月至2015年4月中國大陸H7N9禽流感病例分布圖

三、年齡

禽流感病毒與宿主的特性有其相關性，不同亞型的禽流感病毒對於宿主的侵襲有不同程度的影響，而有不同的好發年層差異。H7N9病患的平均年齡61歲，流行的年齡分布集中在中老年族群；而H5N1病患的平均年齡約26.4歲，以年輕族群居多（表二），顯示此兩亞型的禽流感病毒好發的高危險年層族群截然不同，可能與宿主的特性有關，另一是環境因素，由於地區的社會風俗習慣不同，因此，在防範政策推動上須考量這些差異性，如日後流行期間，可依照此流行病學特徵，擬定疫苗優先施打族群順序，以期達最大公共衛生效益。

表二、中國大陸H5N1及H7N9禽流感在不同流行區間的病例年齡之分布

禽流感病毒亞型	流行時間 (年/月)	流行地區	年齡範圍 (歲)	平均年齡 (歲)	參考資料
H7N9	2013/2-2013 /12	中國大陸	4-90	61	[25]
H7N9	2014/3	中國大陸	0-69	59	[30]
H5N1	2003-2013	中國大陸	2-62	26.4	[30]

四、性別與城鄉差異

禽流感在人的流行以男性感染居多，約佔71% [26]；另在城市地區的H7N9男女比為2.9:1，但H5N1為2.8:1；在鄉村地區的H7N9男女比為1.6:1，但H5N1為0.5:1。

五、群聚現象

中國大陸爆發感染H7N9禽流感的人病例中，家庭群聚病例感染仍佔一定比例[27]。另H7N9有限的人傳人，最有可能發生在家庭中，雖然其傳播能力有限，但未來在防疫與診治仍不容忽視。

另外，醫院中的醫護人員因工作環境暴露，也可能為禽流感的高危險族群，而國外研究指出醫療人員施打季節性流感疫苗比例偏低，此雖與新型流感不同，但第一線防範觀念須問及禽流感之疫情與接觸史而做正確判斷。2004年泰國醫院發生群聚感染高致病性H5N1案例，在2009年美國北卡州造成免疫功能低下的病患群聚感染，因而不可輕忽醫院群聚之威脅。臺灣方面，醫療人員2009年新型流感H1N1疫苗施打率高達七至九成，發揮群體免疫力的圍堵功能[28]。綜上述研究結果及臺灣過往SARS流行經驗，更應體認醫療院所為傳染病之重要防線，其個人防護的確實、勤消毒以及動線管制，均應有配套政策之推行。

六、其他危險因子

(一) H5N1禽流感病毒

檢視流行病學的危險因子，泰國與越南以2004–2005年間的三波流行疫情，高致病性H5N1禽流感病毒盛行情況與三項環境變數有正相關，包含鴨的數目、人口數、稻田密度，但與雞的數目相關性很低；而中國大陸分析H5N1禽流感病毒之危險因子，均顯示其與人的群聚密度是高度相關，其他因子如海拔高度、雞密度、國內水禽密度、水覆蓋百分比也有顯著相關性[29]。各地危險因子不同，因而防疫政策與偵測目標須因地制宜，但共通點是水禽為禽流感的天然保毒宿主，因此，野水禽及家水禽的病毒偵測非常重要。

(二) 由H7N9的空間分佈檢視危險因子

在中國大陸感染H7N9的病患中，八成病患有活禽接觸史。中國大陸的活禽市場密度高，且禽類交易頻繁、多樣化；然陸地上水的覆蓋率也是環境危險因子，上海、浙江等的水覆蓋率高，病例數也相當可觀，因而從活禽市場集中區以及水的覆蓋率，可用以預測未來禽流感之流行與感染風險的範圍。

另氣候因子在禽流感病毒傳播中有密切相關性，2013年至2014年人感染H7N9禽流感病例數與溫度兩者間有負相關，當溫度下降，病例數有增加之趨勢[30]，顯示禽流感病毒的存活、活躍度與環境溫度呈負相關性。

結論

禽流感病毒感染人的風險一直持續存在，尤其在1997年香港流行H5N1人病例後，其內部基因的H9N2病毒已換了表面蛋白，而成為不同亞型的禽流感病毒，另一方面H5N1的HA基因於2014年之後又可與不同的NA基因配對，而引發許多新型的H5Ny亞型的「高」致病性禽流感病毒，在2014至2015年造成多國禽類的大流行，值得注意的是中國大陸2016年初已有H5N1、H7N9及正增加病例數的H5N6三種亞型禽流感病毒在流行，此種種顯示值得注意新型禽流感病毒感染人的流行病學變遷；且禽流感病毒在禽類的控制不能只靠疫苗，當偵測系統失靈時，若禽流感病

毒所備製而施用於禽類的疫苗，因減毒不完全或所產生免疫力低而無法完全徹底清除病毒，此時接種後，因基於禽群提升「群體免疫力」，反徒增演化所需的選擇壓力(selective pressure)，加速病毒變異，適者生存，甚而會讓禽流感病毒在當地不但住下來，且呈地方性流行，又會驅使病毒多元化[22]、致病力提高及傳播力的增強與流行範圍之擴增。反之，若禽流感病毒所備製而施用於禽類的疫苗的免疫力佳，且僅用於爆發流行區域的「環帶免疫」(ring vaccination)，而非大量施打，再加上嚴密偵測，將有助於疫情快速成功控制。

致謝

本文特別感謝中研院生醫所何美鄉研究員、農業科技研究院楊平政副院長與中興大學獸醫學院張照勤特聘教授的三位傳染流行病學家、臺大獸醫系禽病毒學者王金和教授與醫用病毒學者高全良副教授的審閱及伊利亞斯·歐尼(Mr. Elias F. Onyoh)先生與黃稟翔(Mr. Steve Hwang)的英文校稿。2015年1月至4月禽流感流行期間，特別感謝農委會、防檢局、家畜衛生試驗所、國防部、疾管署、行政院、各縣市動物防治所的防疫人員的熱心協助，四所獸醫系所（臺大獸醫專業學院、中興大學獸醫學院、嘉義大學獸醫學系暨研究所、屏東科技大學獸醫學系）與謝快樂教授、賴秀穗教授等等大學教師的鼎力支持及最後完稿時林書宇與李亭儀的行政協調與打字。

參考文獻

1. King CC, Kao CL, Liu DP, et al. Seven integrated influenza surveillance systems in Taiwan. *Int Congr Ser.* 2001; 1219: 107–18.
2. Guan Y, Shortridge KF, Krauss S, et al. Molecular characterization of H9N2 influenza viruses: were they the donors of the "internal" genes of H5N1 viruses in Hong Kong? *Proc Natl Acad Sci USA.* 1999; 96(16): 9363–7.
3. Hoffmann E, Stech J, Leneva I, et al. Characterization of the influenza A virus gene pool in avian species in southern China: was H6N1 a derivative or a precursor of H5N1? *J Virol.* 2000; 74(14): 6309–15.
4. Lee CC, Zhu H, Huang PY, et al. Emergence and evolution of avian H5N2 influenza viruses in chickens in Taiwan. *J Virol.* 2014; 88(10): 5677–86.
5. Wei SH, Yang JR, Wu HS, et al. Human infection with avian influenza A H6N1 virus: an epidemiological analysis. *Lancet Respir Med.* 2013; 1(10): 771–8.
6. Worobey M, Han GZ, Rambaut A. Genesis and pathogenesis of the 1918 pandemic H1N1 influenza A virus. *Proc Natl Acad Sci USA.* 2014; 111(22): 8107–12.
7. Laver WG, Webster RG. Antibodies to human influenzavirus neuraminidase (the A-Asian-57 H2N2 strain) in sera from Australian pelagic birds. *Bull World Health Organ.* 1972; 47(4): 535–41.

8. Chan PK. Outbreak of avian influenza A(H5N1) virus infection in Hong Kong in 1997. *Clin Infect Dis*. 2002; 34(Suppl 2): 58–64.
9. Abolnik C, Cornelius E, Bisschop SP, et al. Phylogenetic analyses of genes from South African LPAI viruses isolated in 2004 from wild aquatic birds suggests introduction by Eurasian migrants. *Dev Biol (Basel)*. 2006; 124: 189–99.
10. Peiris JS, Poon LL, Guan Y. Emergence of a novel swine-origin influenza A virus (S-OIV) H1N1 virus in humans. *J Clin Virol*. 2009; 45(3): 169–73.
11. Kao CL, Chan TC, Tsai CH, et al. Emerged HA and NA mutants of the pandemic influenza H1N1 viruses with increasing epidemiological significance in Taipei and Kaohsiung, Taiwan, 2009–10. *PLoS One*. 2012; 7(2): e31162.
12. Yi L, Guan D, Kang M, et al. Family clusters of avian influenza A H7N9 virus infection in Guangdong Province, China. *J Clin Microbiol*. 2015; 53(1): 22–8.
13. Husain M. Avian influenza A (H7N9) virus infection in humans: epidemiology, evolution, and pathogenesis. *Infect Genet Evol*. 2014; 28: 304–12.
14. Lam TT, Zhou B, Wang J, et al. Dissemination, divergence and establishment of H7N9 influenza viruses in China. *Nature*. 2015; 522(7554): 102–5.
15. Zhang T, Bi Y, Tian H, et al. Human infection with influenza virus A(H10N8) from live poultry markets, China, 2014. *Emerg Infect Dis*. 2014; 20(12): 2076–9.
16. 衛生福利部疾病管制署：廣東男性感染 H5N6 禽流感。取自：<http://www.cdc.gov.tw/info.aspx?treeid=45da8e73a81d495d&nowtreeid=1bd193ed6dabae6&tid=4C970EE1BDCD6D49>。
17. Li YT, Ko HY, Lee CC, et al. Phenotypic and Genetic Characterization of Avian Influenza H5N2 Viruses with Intra- and Inter-Duck Variations in Taiwan. *PLoS One*. 2015; 10(8): e0133910.
18. Lee MS, Chang PC, Shien JH, et al. Genetic and pathogenic characterization of H6N1 avian influenza viruses isolated in Taiwan between 1972 and 2005. *Avian Dis*. 2006; 50(4): 561–71.
19. Lin HT, Wang CH, Chueh LL, et al. Influenza A(H6N1) Virus in Dogs, Taiwan. *Emerg Infect Dis*. 2015; 21(12): 2154–7.
20. Ku KB, Park EH, Yum J, et al. Highly pathogenic avian influenza A(H5N8) virus from waterfowl, South Korea, 2014. *Emerg Infect Dis*. 2014; 20(9): 1587–8.
21. Huang PY, Lee CD, Yip CH, et al. Genetic characterization of highly pathogenic H5 influenza viruses from poultry in Taiwan, 2015. *Infect Genet Evol*. 2015; 38: 96–100.
22. Sun H, Pu J, Hu J, et al. Characterization of clade 2.3.4.4 highly pathogenic H5 avian influenza viruses in ducks and chickens. *Vet Microbiol*. 2016; 182: 116–22.
23. Vergne T, Grosbois V, Jobre Y, et al. Avian influenza vaccination of poultry and passive case reporting, Egypt. *Emerg Infect Dis*. 2012; 18(12): 2076–8.

24. Tian H, Zhou S, Dong L, et al. Avian influenza H5N1 viral and bird migration networks in Asia. *Proc Natl Acad Sci USA*. 2015; 112(1): 172–7.
25. Zhu G, Peterson AT. Potential geographic distribution of the novel avian-origin influenza A (H7N9) virus. *PLoS One*. 2014; 9(4): e93390.
26. Li Q, Zhou L, Zhou M, et al. Epidemiology of human infections with avian influenza A(H7N9) virus in China. *N Engl J Med*. 2014; 370(6): 520–32.
27. Ding H, Chen Y, Yu Z, et al. A family cluster of three confirmed cases infected with avian influenza A (H7N9) virus in Zhejiang Province of China. *BMC Infect Dis*. 2014; 14(1): 3846.
28. Hsueh PR, Lee PI, Hsiang Chiu AW, et al. Pandemic (H1N1) 2009 vaccination and class suspensions after outbreaks, Taipei City, Taiwan. *Emerg Infect Dis*. 2010; 16(8): 1309–11.
29. Martin V, Pfeiffer DU, Zhou X, et al. Spatial distribution and risk factors of highly pathogenic avian influenza (HPAI) H5N1 in China. *PLoS Pathog*. 2011; 7(3): e1001308.
30. Li J, Rao Y, Sun Q, et al. Identification of climate factors related to human infection with avian influenza A H7N9 and H5N1 viruses in China. *Sci Rep*. 2015; 5: 18094.

2014 年桃園國際機場因應伊波拉病毒感染疫情 邊境檢疫作為

許敏萍^{*}、林淑娟、陳美蓉、鄔豪欣、吳智文、巫坤彬

摘要

世界衛生組織於 2014 年 8 月 8 日宣布西非伊波拉病毒感染疫情為國際關注的公共衛生緊急事件，全球籠罩於此波疫情之威脅，為因應此波疫情，衛生福利部疾病管制署成立「伊波拉病毒感染應變小組」，強化「出境衛教、入境檢疫、國內整備/演練、國際合作」等四大因應作為，而邊境檢疫為第一道防線是否能有效阻絕伊波拉病毒感染於境外格外受社會大眾關注，故本文主要描述桃園國際機場依循衛生福利部疾病管制署政策，制定邊境檢疫因應作為，包括：提供出入境旅客即時衛教資訊、港埠內部整備/演練、西非疫區旅客入境攔檢措施（高風險航班旅客入境申報制度、西非疫區國籍旅客註記）等多項因應措施，並針對此次作為之實務問題做進一步檢討，以供未來國際疫情邊境檢疫應戰之參考。

關鍵字：桃園國際機場、伊波拉病毒感染、檢疫

前言

2014 年全球面臨歷年最嚴重之西非（幾內亞、賴比瑞亞、獅子山共和國）伊波拉病毒感染（Ebola virus disease，以下簡稱 EVD）疫情威脅，世界各國陸續於港埠加強邊境檢疫，如英國、加拿大以及美國的紐約甘迺迪、華府杜勒斯、紐澤西州紐華克、芝加哥奧黑爾及亞特蘭大哈茨菲爾德—傑克遜亞等 5 大機場均加強入境檢疫措施[1-3]，以防堵疑似 EVD 個案移入。我國亦於 8 月 8 日針對來自西非疫區國家旅客採取加強檢疫措施。目前臺灣與西非無直飛班機，旅客需經由歐洲、杜拜等地區轉機抵達臺灣，而這些國際航線主要由桃園國際機場（以下簡稱桃園機場）入境；國內專家根據推估公式，計算出由西非啟程的受 EVD 感染之旅客經 29.8–41.7 小時的航程，入境臺灣時約有 12.8% 至 16.9% 已發病，在考量病患發燒症狀的比例與發燒篩檢的敏感度後，於桃園機場發燒篩檢站可攔截到的機率則介於 10.1% 與 13.2% 間[4]；由此可見，桃園機場因應此波疫情邊境檢疫應變作為之重要性。於此 EVD 疫情趨緩之際，本文檢視桃園機場邊境檢疫因應作為，以供未來國際疫情邊境檢疫之參考。

衛生福利部疾病管制署北區管制中心

通訊作者：許敏萍^{*}

E-mail：alisa239@cdc.gov.tw

投稿日期：2015 年 11 月 4 日

接受日期：2015 年 12 月 24 日

DOI：10.6524/EB.20160308.32(5).002

邊境檢疫因應作為

世界衛生組織(World Health Organization, WHO)於 2014 年 3 月 23 日公布西非幾內亞爆發 EVD 疫情[5]，之後疫情持續升溫並擴及賴比瑞亞、獅子山共和國、奈及利亞等國，WHO 於 8 月 8 日宣布西非 EVD 疫情為國際觀注的公共衛生緊急事件(public health emergencies of international concern, PHEIC)，建議非 EVD 流行國家不須禁止一般旅遊及貿易，但須提供前往疫區旅客及國內民眾相關疫情資訊、教導民眾如何減少被感染之風險、加強疫情監測、調查及病患處置能力等[6]。為因應此波疫情，衛生福利部疾病管制署（以下簡稱疾管署）於 4 月初提升西非幾內亞旅遊疫情建議等級至第一級並進行相關整備工作，8 月 8 日提升國內應變等級至第三級，成立「伊波拉病毒感染應變小組」，強化「出境衛教、入境檢疫、國內整備／演練、國際合作」等四大因應作為[7]，桃園機場依循疾管署政策制定邊境檢疫因應作為如下：

一、提供出入境旅客即時衛教資訊

製作電子疫情衛教宣導海報，於桃園機場第一、二航廈出、入境大廳及巴士站等液晶顯示器播放，同時在旅客入境動線和檢疫站張貼衛教宣導海報及利用跑馬燈刊登最新疫情。於內政部移民署、外交部領事事務局旅客入境服務櫃台及疾管署檢疫站主動提供入境旅客「預防 EVD 健康關懷卡」（圖一左，以下簡稱關懷卡），提醒自疫區入境旅客返國後 21 天內如有不適應儘速就醫並主動告知醫師個人旅遊史和接觸史，並提供防疫諮詢專線 1922；藉此提升出入境旅客自我健康意識與衛教資訊之即時性。

二、強化入境檢疫

提升疾管署北區管制中心第一線檢疫人員專業知能並了解疫情發展，利用每日晨會宣導最新國際疫情、辦理教育訓練課程；經由 airline route maps 網站(<http://www.airlineroutemaps.com/>)查詢，研擬出旅客自西非疫區來臺模式（圖二），經由此模式推估旅客可藉由歐洲、杜拜等 10 班高風險航班轉機抵臺（表一），當班機入境時檢疫人員將於檢疫站詢問有症狀或主動告知具疫區旅遊史旅客之旅遊史、職業別、接觸史及群聚情形等資料。自 10 月 21 日起高風險航班落地前，由航空公司機組人員對全部旅客發放中英或中法文版「防範伊波拉入境申報卡」（圖一右，以下簡稱藍卡）並請其詳實填報，後續並針對其中來自疫區之旅客健康追蹤管理。

另因應疫情，必要時需執行登機檢疫，因此整合疾管署北區管制中心各科室人員，依登機檢疫作業流程進行變時任務調整與分工，同時完成疾管署北區管制中心桃園機場緊急事件動員測試，以備緊急事件發生時可調度足夠之人力支援。

「預防伊波拉病毒感染」健康關懷卡

西非發生伊波拉病毒感染疫情，提醒您避免不必要前往該地區的旅行。如須前往，請落實個人衛生與手部清潔，切勿接觸生病的人或動物。

入境時，如出現發燒、嘔吐、腹瀉、皮膚出疹等症狀，請立即通知機場/港口檢疫人員，並配合相關檢疫措施。返國後21天內，如有前述症狀，請立即撥打免費防疫專線1922(或0800-001922)，並請戴口罩、避免接觸他人，儘速就醫且告知醫師您的旅遊史及接觸史。更多防疫資訊，請查詢www.cdc.gov.tw。

衛生福利部疾病管制署 關心您

Ebola Virus Disease Travel Health Notice

Taiwan CDC recommends that you avoid nonessential travel to Ebola affected areas in West Africa. If you decide to travel to the affected areas, please practice good personal hygiene and avoid all direct contact with patients and sick animals. Upon your arrival in Taiwan, if you have experienced symptoms such as fever, vomiting, diarrhea or rash, please notify the quarantine officer at port of entry immediately. If you develop symptoms within 21 days after arrival, please call the toll-free hotline 1922(or 0800-001922), put on a mask, seek immediate medical attention and inform the doctor of any recent travel and exposure history. For more information, please visit the Taiwan CDC website at www.cdc.gov.tw

Taiwan Centers for Disease Control

防範伊波拉 入境申報卡
Ebola Declaration Card

姓 Family Name _____ 護照號碼 Passport No. _____

名 Given Name _____ 航班 Flight No. _____

請問您近 21 天內是否曾造訪伊波拉疫情流行國家(幾內亞、賴比瑞亞、獅子山共和國)?
Have you ever traveled to any Ebola-affected country such as Guinea, Liberia and Sierra Leone within the past 21 days?

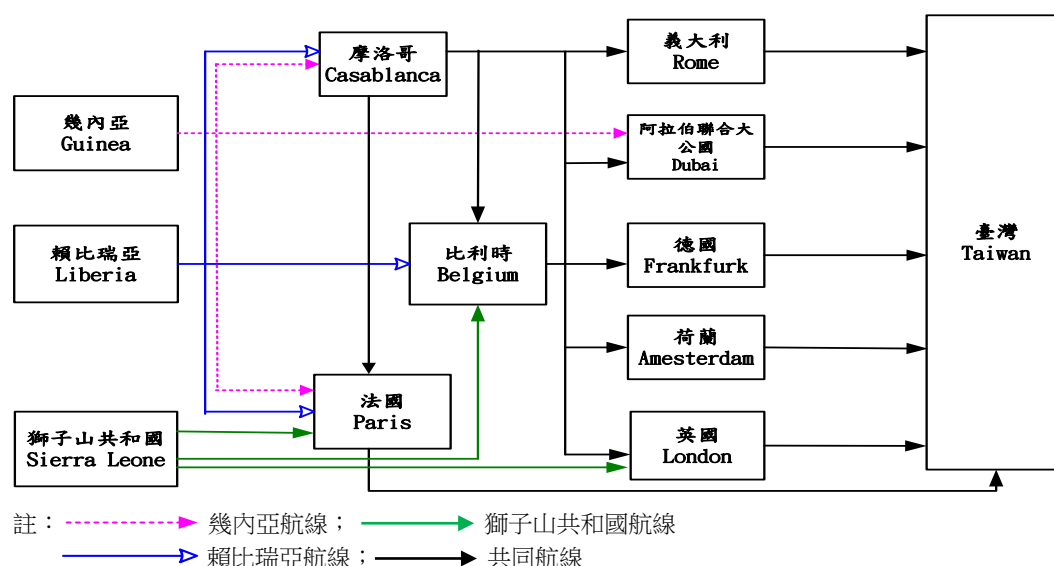
☐ 否 No
☐ 是 Yes, 國家 Country _____

如填「是」，請於下機/車/船前主動向機場/港口檢疫人員申報，並請「戴口罩」，請將此申報卡與護照同時呈驗。如有拒絕、延遲或妨礙者，依傳染病防治法第 69 條處罰，處罰金額 1-15 萬元罰鍰。
If you answered "Yes" to the above question, please contact the Taiwan CDC quarantine officer immediately. Otherwise, please submit the completed card to the immigration officer during the immigration inspection. Any person who refuses, evades or obstructs aforementioned measures will be fined NT\$10,000 up to NT\$150,000 according to Article 69 of the Communicable Disease Control Act.

簽名 Signature _____

謝謝您的配合
Thank you for your cooperation

圖一、預防伊波拉病毒感染健康關懷卡(左)及防範伊波拉入境申報卡(右)



圖二、旅客自西非疫區來臺模式

表一、高風險航班抵臺時間表

編號	出發地	航空公司	轉乘	航班號	時刻	週一	週二	週三	週四	週五	週六	週日
1	維也納	華航	直飛	CI064	0555	V		V		V		
2	法蘭克福	華航	直飛	CI062	0610	V	V		V		V	V
3	巴黎	長榮	直飛	BR088	0705		V			V	V	V
4	阿姆斯特丹	華航	曼谷	CI066	1255	V	V	V		V	V	V
5	阿姆斯特丹	荷蘭	直飛	KL0807	1550	V	V	V	V	V	V	V
6	杜拜	阿聯酋	直飛	EK366	1640	V	V	V	V	V	V	V
7	維也納	長榮	曼谷	BR062	1710	V		V	V		V	
8	羅馬	華航	德里	CI072	2010			V				V
9	阿姆斯特丹	長榮	曼谷	BR076	2025			V		V		V
10	倫敦	長榮	曼谷	BR068	2145	V	V	V	V	V	V	V

三、港埠內部整備與演練

因美國護理人員照顧首例境外移入病患發生感染事件[8]，故針對檢疫人員施以「因應伊波拉病毒感染個人防護裝備穿脫」之教育訓練並進行現場實錄，由檢疫醫師檢視穿脫過程之正確性，如未正確操作者，則一對一單獨指導並進行複評。因入境港埠突發之公共衛生事件處理均需仰賴港埠內各單位配合，疾管署於 8 月 13 日辦理航廈內檢疫站疑似 EVD 旅客後送就醫之實兵演練，召集機場公司、臺北關務署、移民署國境事務大隊、航警局及航空公司等單位參演；同時緊急召開「桃園國際機場衛生安全工作小組會議」和「研商執行疑似重大傳染病旅客機坪後送相關事宜會議」，除了向港埠各單位宣達此波疫情發展、國內因應作為及說明「因應 EVD 疫情之航空公司防範指引」外，並再次確認疑似 EVD 旅客啟動停機坪後送就醫時，各單位之任務分工與溝通聯繫窗口。

四、西非疫區旅客入境攔檢措施

(一) 高風險航班乘客入境申報制度：

此申報制度之實施階段分為四期（表二）：

表二、高風險航班乘客入境申報制度之實施階段

實施階段	日期	作為	實施成效
第一階段 入境旅客 主動申報	2014 年 10 月 21 日至 10 月 30 日	針對高風險航班乘客發放藍卡，其中疫區旅遊史勾選「是」之旅客應於入境後主動向檢疫人員申報，除評估衛教外，並將關懷卡夾於旅客護照內頁，後續將藍卡資料建置自主健康管理及居家隔離資訊系統（簡稱自主系統），而後由居住地轄屬區制管中心將進行健康監測 21 天；勾選「否」之旅客則將藍卡交至移民署入境檢查櫃檯，檢疫人員每日至移民署證照查驗櫃檯收取，並再次逐一檢視旅客疫區旅遊史；若發現其中有勾選疫區旅遊史者，則與移民署聯繫取得該旅客之連絡資訊後啟動健康追蹤管理。	藍卡回收 34%–77%（平均 57%），含 1 名來自幾內亞之主動通報旅客。
第二階段 入境機門 審（收）藍卡	2014 年 10 月 31 日至 2015 年 1 月 5 日	為利於即時掌握旅客申報狀況及提升回收成效，調派檢疫人員至入境機門審（收）藍卡。	藍卡回收率 83%–100%（平均 97%），含 4 名主動通報旅客，分別為 2 名來自幾內亞，另 2 名來自賴比瑞亞。
第三階段 檢疫站前 審（收）藍卡	2015 年 1 月 6 日至 1 月 31 日	因應 EVD 防疫長期抗戰，維持國內邊境檢疫量能，調整入境申報之作業模式，由入境機門移至檢疫站前進行藍卡審（收）作業。	藍卡回收 73%–98%（平均 88%），含 1 名來自賴比瑞亞之主動通報旅客。
第四階段 回歸檢疫 常規作業	2015 年 2 月 1 日至 9 月 30 日	隨國際 EVD 疫情逐漸趨緩，藍卡檢疫措施之階段性任務亦已完成，故取消藍卡審（收）作業，回歸由旅客主動向檢疫人員申報疫區旅遊史之常規檢疫作業。	含 1 名來自獅子山共和國之主動通報旅客。

藍卡自 2014 年 10 月 21 日實施期間至 2015 年 9 月 30 日，桃園機場共完成 107,562 張（人次）藍卡審查作業，有 7 位旅客主動申報入境前 21 天內曾造訪 EVD 疫情流行國家，分別來自幾內亞、賴比瑞亞各 3 位及獅子山共和國 1 位，在當地並沒有接觸 EVD 病患也沒到醫院探望病患等接觸史，經檢疫人員評估、衛教及發健康關懷卡後，請旅客自主健康管理 21 天，每天早晚量測體溫，疾管署將旅客資料建檔並指派專人每日追蹤，追蹤期間均無發燒及健康異常情形。

（二）西非疫區國籍旅客註記：

為利於多元掌握特定高風險旅客（21 天曾造訪西非疫區者）動態，針對少部分由其他地區轉機非經高風險航班之疫區旅客，移民署資訊系統會註記此疫區國籍旅客，若於入境查驗證照時發現，移民署立即通知疾管署檢疫人員到場，並進行必要檢疫措施，此期間共通報 11 名疫區國籍旅客，經評估後皆排除入境前 21 天曾造訪 EVD 疫情流行國家。

討論與建議

WHO 於 2005 年公布新版「國際衛生條例」(International Health Regulations，以下簡稱 IHR 2005)，規範各國指定港埠應針對公共安全事件建置溝通協調、偵測與應變等核心能力[9]；桃園國際機場於 2013 年已完成 IHR 港埠核心能力評核並完全符合其標準，故藉此次伊波拉疫情實際檢視桃園國際機場核心能力。首先，桃園國際機場於疫情初期即召開衛生安全工作小組會議作為溝通平台，傳達疫情相關因應對策及方針，顯示各單位間溝通、協調及資訊分享機制已建立完備；另也能因應疫情而適時調整且實施符合 IHR 之檢疫策略，如藍卡申報機制，顯示港埠核心能力指標均已內化為各單位業務範疇，也符合外籍複評專家對臺灣持續辦理港埠核心能力建置工作，持續發展新作為之期許。

美國每日約有 60 名自西非疫區入境旅客且該國出現境外移入案例，故 2014 年 10 月起加強邊境檢疫，包括：援助西非疫區進行出境篩檢，限制 EVD 傳播至其他國家、於境內 5 個機場針對自疫區入境旅客加強檢疫，若健康正常者入境時可獲得 EVD 照護工具組，供旅客自主健康管理使用。此套工具內容，包括：EVD 健康手冊（含健康異常症狀處理、體溫紀錄表、聯繫電話）、體溫計（供自主健康管理 21 天使用，早晚量測體溫一次並紀錄）、手機（與衛生單位溝通聯繫）、健康關懷卡（健康異常症狀處理、聯繫專線）等 4 項物品。入境後當地衛生單位主動監測入境旅客 21 天健康情形，可即時掌握有症狀旅客，並安排就醫，避免造成社區感染等[10-11]，我國每日自西非疫區返臺之旅客雖不多，但仍有輸入風險，因此除未支援出境篩檢外，其餘邊境檢疫均與美國相似，顯示我國對此次疫情之重視，以及我國邊境檢疫措施已達國際水準；另美國提供照護工具組並利用網路媒體(YouTube)播放此工具使用注意事項，可供未來邊境檢疫作為之參考，除完整提供 EVD 訊息外，更可增加旅客配合度，外籍旅客來臺時，若後續需進行自主監測

卻無立即可用或方便取得之工具，可能會影響其配合度及後續公衛防疫端之追蹤。

邊境檢疫措施為防疫作為重要防線之一，但絕非滴水不漏，此次檢疫措施仍有以下限制：因疫區抵臺航程平均約 2–3 天，而 EVD 潛伏期長達 21 天，發燒篩檢站只能偵測到入境時發病者，故桃園機場發燒篩檢站可攔截到 EVD 的機率介於 10.1%與 13.2%間[4]，另藍卡申報制度成功關鍵取決於旅客誠實申報，亦是其限制性，部分旅客未誠實申報入境後直接進入社區，但這些限制可由其他邊境檢疫作為及國內醫療公衛端無縫接軌機制補強，如：透過各種管道衛教宣導防疫專線 1922，讓旅客知道從疫區返國後如出現疑似症狀，應先撥打該專線由防疫人員協助避免逕自就醫，減少公眾不必要的暴露風險，另國內醫療院所也針對有疑似症狀之就醫民眾加強旅遊史及接觸史詢問，以期能儘早偵測出高風險個案，防止國內發生 EVD 社區感染；此期間防疫專線 1922 接獲自西非伊波拉疫區返國民眾主動通報共 33 件（其中 2 件通報內容為身體不適由防疫人員協助後送就醫），醫療院所也通報 4 起疑似 EVD 個案，檢驗後均排除感染，顯示國內公衛端已發揮顯著功能。

而高風險航班乘客入境申報制度為此波疫情特殊之邊境檢疫作為，此制度共四階段，前三階段每一階段投注人力與藍卡呈正相關，第一階段有疫區旅遊史之旅客入境主動向檢疫人員申報，僅以執勤之檢疫人力相互支援因應，但旅客未依規定將勾選「否」之藍卡，繳交至移民署檢查櫃檯，而提前在檢疫站主動繳交藍卡，造成後面旅客跟進，影響旅客入境動線及常規檢疫業務執行，部分繳交至移民署之藍卡待檢疫人員逐一審視，若發現勾選有疫區旅遊史之藍卡，需再與移民署聯繫取得連絡資訊，無法即時掌握旅客申報狀況，且藍卡回收率僅 57%；第二階段由檢疫人員至入境登門口執行機邊檢疫，每日高風險航班有 5 至 8 班，集中於 5–7 時、15–18 時及 20–22 時三個時段入境，每班次需一組檢疫人員（共 3 名）執行機邊檢疫藍卡審（收）單作業，部分時段需同時出動 2 至 3 組檢疫人員，人力調派模式也由平時調整為變時人力，適時啟動疾管署北區管制中心防檢疫人力支援，以有效因應變時人力調派，此階段投注最多檢疫人力，審（收）藍卡成效也最佳，回收率達 97%，但未來國際疫情高風險航班密集抵達，此運作模式將面臨人力調動支援的挑戰；第三階段調整至檢疫站前審（收）藍卡，動員一組檢疫人員執行，其解決了第一、二階段無法即時掌握旅客申報狀況及檢疫人力支援調度問題，而藍卡回收率雖下降至 88%，原因除轉機旅客未通過檢疫站外，旅客未誠實申報也是部分原因，但已由公衛端無縫接軌機制達補強，未來如有符合第一、五類法定傳染病且為 WHO 公布之 PHEIC 疫情，將實行相同入境申報制度作為時，建議可採用第三階段的運作模式。

另在審（收）藍卡作業中，航空公司機組人員協助機上播放宣導短片、發放藍卡及落地廣播等前置作業，使大部分旅客下機後，即時完成申報作業，惟少數未在機上完成填報者，檢疫人員於入境機門口提供藍卡予入境旅客下機後補填，因雙方合作促使運作過程順暢。檢視 7 名具疫區旅遊史旅客之主動通報情形均與

推估旅客自西非疫區來臺模式及掌握之高風險航班相符，且所收集之資訊均能有效協助國內防疫人員於旅客入境21天內完成健康追蹤管理，故申報機制雖非應用於全國之入境航班，但已可有效掌握自西非疫區返國之旅客動態。

結論

桃園國際機場經歷嚴重急性呼吸道症候群、H1N1 新型流感、H7N9 新型流感等疫情洗禮及建置 IHR 港埠核心能力之評核及整備，邊境檢疫措施已趨於完備，所以能於此次 EVD 疫情爆發初期即完成諸多相關檢疫作為。鑑於目前全球國際交流頻繁，新興傳染病疫情爆發極可能迅速擴散全球，對國人生命健康造成重大威脅，邊境檢疫除在現有機制與量能因應外，還要民眾及醫療公衛配合才能有效因應未來的挑戰。

致謝

感謝疾病管制署檢疫組提供西非疫區來臺航班相關資訊。

參考文獻

1. Paul C. Advantages of airport screening for Ebola. Available at: <http://www.bmj.com/content/349/bmj.g6585>.
2. Health Canada. Statement from the Minister of Health on Ebola - Canada News Centre. Available at: http://news.gc.ca/web/article-en.do?nid_893619&_ga=1.33095421.273164329.1441196498.
3. Centers for Disease Control and Prevention. Enhanced Ebola Screening to Start at Five U.S. Airports and New Tracking Program for all People Entering U.S. from Ebola-affected Countries. Available at: <http://www.cdc.gov/media/releases/2014/p1008-ebola-screening.html>.
4. 劉宇倫、張啟明、劉定萍等：於我國機場發燒篩檢能偵測到伊波拉病毒境外移入的機率推估。疫情報導 2014; 30(20): 383-6。
5. WHO. Ebola virus disease in Guinea. Available at: http://www.who.int/csr/don/2014_03_23_ebola/en/.
6. WHO. WHO Statement on the 1st meeting of the IHR Emergency Committee on the 2014 Ebola outbreak in West Africa. Available at: <http://www.who.int/mediacentre/news/statements/2014/ebola-20140808/en/>.
7. 衛生福利部疾病管制署。世界衛生組織宣布西非伊波拉疫情為國際公共衛生緊急事件，疾管署成立「緊急應變小組」因應。取自：<http://www.cdc.gov.tw/professional/info.aspx?treeid=cf7f90dcbcd5718d&nowtreeid=f94e6af8daa9fc01&tid=81D5055AC5427242>。

8. Centers for Disease Control and Prevention. CDC and Frontier Airlines Announce Passenger Notification Underway. Available at: <http://www.cdc.gov/media/releases/2014/s1015-airline-notification.html>.
9. WHO. International Health Regulations (2005). Available at: <http://www.who.int/ihr/9789241596664/en/>.
10. Centers for Disease Control and Prevention. Fact Sheet: Screening and Monitoring Travelers to Prevent the Spread of Ebola. Available at: <http://www.cdc.gov/vhf/ebola/travelers/ebola-screening-factsheet.html>.
11. Centers for Disease Control and Prevention. Protecting Borders. Available at: <http://www.cdc.gov/about/ebola/protecting-borders.html>.

臺灣首例境外移入茲卡病毒感染個案調查報告

李欣純^{1*}、林禎佩¹、張素徽¹、林杜凌¹、劉麗雲²、
王孜真³、徐同慶³、舒佩芸³、林明誠¹

摘要

2016 年 1 月，一位由桃園國際機場入境的 24 歲泰國籍男性，因體溫高，經檢疫站發燒篩檢抽血檢驗，初步登革熱 NS1 快篩為陰性，該血清檢體後經實驗室檢驗，為茲卡病毒核酸陽性，確認為臺灣首例境外移入茲卡病毒感染症個案。該病人原居於泰國東北邊的烏隆府，入境前 1 日開始發燒及頭痛，症狀持續 2 日後自行緩解。2 名同行入境者曾有喉嚨痛、頭痛等症狀，經檢驗為陰性，其餘在臺同住者與工作地同事，皆無症狀。衛生單位遂展開孳生源調查與防治工作。考量國內有病媒蚊分佈具傳播風險，建議著重民眾的疾病認知及保護措施之衛教宣導、強化先天性小頭畸形等神經異常疾患之監測、建置孕期茲卡病毒感染之諮商處理流程及舉辦醫事人員教育訓練以提升診治能力。

關鍵字：茲卡病毒、境外移入個案

前言

茲卡病毒(Zika virus)為 RNA 病毒，與黃熱病病毒(yellow fever virus)、登革病毒(dengue virus)、西尼羅病毒(West Nile virus)及日本腦炎病毒(Japanese encephalitis virus)同為黃病毒屬。該病毒於 1947 年首度於烏干達的 Zika 森林中用來進行黃熱病毒研究的恆河猴血液中分離出來，翌年於該地捕獲的斑蚊 *Aedes africanus* 也發現此病毒，檢驗過去研究黃熱病採集自烏干達及奈及利亞的人類血清檢體，亦有具茲卡病毒抗體陽性反應個案[1–2]。直到 1954 年，首次報告自奈及利亞一個疑似黃熱病的黃疸群突發之人類個案血中分離出茲卡病毒[3]。血清流行病學研究顯示，非、亞兩洲有此病毒活動的情形[4–5]，然人類感染案例皆屬零星報告[6–7]。2007 年太平洋上的密克羅尼西亞之雅蒲島爆發茲卡病毒流行疫情，臨床症狀以皮疹、發燒、關節痛及結膜炎最常見，未有患者因此病住院、也無出血現象或死亡個案[8]。這也是首次於非、亞以外地區發現茲卡病毒感染症案例[9]。自 2013 年起，此病陸續在大洋洲的數個島國或屬地傳播[10–13]。2015 年 5 月，巴西衛生部門確認該國東北部爆發本土茲卡病毒感染疫情[14]，

¹衛生福利部疾病管制署中區管制中心

通訊作者：李欣純^{1*}

²衛生福利部疾病管制署北區管制中心

E-mail：lhc0918@cdc.gov.tw

³衛生福利部疾病研究檢驗及疫苗研製中心

投稿日期：2016 年 2 月 24 日

DOI：10.6524/EB.20160308.32(5).003

接受日期：2016 年 3 月 2 日

同時也是美洲首次本土病例，之後中、南美洲多國陸續傳出疫情。在考慮廣泛病媒蚊分布及世界各地往來頻繁等易造成疫情擴散之風險因素，泛美衛生組織(Pan American Health Organization)於 2015 年 10 月建議會員國建置茲卡病毒感染症診斷偵測能力、強化醫療照護體系及施行群眾溝通策略來降低疾病散播[15]。另巴西及法屬玻里尼亞報告小頭症(microcephaly)／多發性神經炎病例數明顯增加，與茲卡病毒感染關聯性亟待釐清[16]。

已知數種斑蚊，包括埃及斑蚊(*Aedes aegypti*)及白線斑蚊(*Aedes albopictus*)，為傳播茲卡病毒的媒介[17–19]。臺灣全境皆為白線斑蚊分布區域，埃及斑蚊則分布於北回歸線以南，常發生登革熱疫情的南部各縣市。為減少登革熱自流行疫區之境外移入個案引致歷年規模大小不等的臺灣本土流行疫情，除原有自醫療端循法定傳染病通報系統進行疑似個案通報的被動病例監測外，疾病管制署（以下簡稱疾管署）自 2003 年 7 月 17 日起，針對國際港埠入境旅客實施體溫量測，來自登革熱流行地區且體溫異常者，進行採血檢驗登革熱，並自 2006 年 3 月起增加屈公病檢驗，2016 年起增加於檢疫站執行登革熱 NS1 快速檢驗。疾管署研究檢驗中心（以下簡稱研檢中心）自 2003 年起，除機場發燒篩檢的檢體外，對常規登革熱及日本腦炎通報個案，及登革熱確定病例擴大疫調的檢體，均進行 PCR 檢測黃病毒（包括登革及茲卡病毒）及阿爾發病毒（包括屈公病毒）。對於非登革熱之其他黃病毒屬之陽性檢體，皆以基因定序確認病毒種類。

上述實驗室主動監測系統迄今檢驗計 4 萬 9 千餘件，於 2016 年 1 月 14 日確認首例境外移入茲卡病毒感染症個案，以下為相關疫情調查結果。

事件緣起

2016 年 1 月 14 日接獲研檢中心人員通知，臺中市有一民眾因發燒送檢登革熱之血液檢體，茲卡病毒之核酸檢驗呈陽性反應，衛生單位相關人員遂展開調查及相關防治工作。

疫情描述

該民眾為 24 歲、泰國籍男性，原居於泰國東北邊的烏隆府(Udon Thani)，自述曾罹患登革熱，近三個月內均在泰國境內。2016 年 1 月 9 日開始出現發燒及頭痛症狀，為來臺工作，於 1 月 10 日由桃園國際機場入境，因體溫過高(38.6°C)為機場檢疫站人員攔檢而進行抽血，進行登革熱 NS1 快篩，結果為陰性，其餘血液檢體轉送研檢中心進一步檢查，並於症狀通報系統進行登錄。該檢體經研檢中心實驗室確定為泛黃病毒科核酸檢驗陽性且登革病毒核酸檢驗陰性；之後，經基因定序及基因資料庫序列比對，確認為茲卡病毒陽性。

該案入境後，當晚入住臺中市沙鹿區宿舍，1 月 11 日至該區某醫院進行體檢，當時身體已無症狀。體檢後被接送至臺中市大里區工作地。同行入境者 2 人（入境後於同一公司就職，皆住泰國北邊，但不同鄉），其中 1 人有喉嚨痛、頭痛，就醫後

已改善，另 1 人輕微喉痛有痰。經採檢此 2 人之血液，茲卡病毒及登革病毒核酸檢驗皆為陰性。另在臺同住者 5 人及同事 10 人，健康狀況均良好。追蹤至 2 月 9 日止，上述接觸者皆無疑似症狀。

防治作為

衛生局獲知檢驗結果，隨即聯繫該案，進行疫情調查、個案衛教、接觸者追蹤及健康監測。分別在 1 月 14 日於個案工作地及 1 月 15 日於體檢醫院／宿舍執行病媒蚊密度調查及孳生源清除工作，前一地點之布氏指數 0 級，積水容器 2 個，後者布氏指數 0 級，積水容器 14 個，皆予以清除。

疾管署於 1 月 19 日依照國際衛生條例，向世界衛生組織通報此確認案例。發佈新聞稿，公布此首例境外移入茲卡病毒感染症個案，並因應國際疫情，提升中南美地區及東南亞六國旅遊疫情建議等級。1 月 21 日發佈致醫界通函，籲請醫師提高臨床警覺，提醒懷孕婦女注意做好保護措施。考慮臺灣為斑蚊分布區域，具傳播茲卡病毒造成本土疫情之風險，為進一步監控防治該病毒感染之發生，將「茲卡病毒感染症」列為我國第二類法定傳染病，於 1 月 22 日公告相關通報定義及防治措施。

另因世界衛生組織於 2 月 2 日宣布巴西通報小頭症及神經系統異常病例增多與茲卡病毒感染的可能相關性，已達國際公共衛生緊急關注事件[20]，疾管署報請行政院同意於同日成立中央流行疫情指揮中心，並將茲卡病毒感染症改列為第五類法定傳染病。

建議與討論

此案為藉由疾管署病媒病毒實驗室主動監測系統，經邊境檢疫站發燒篩檢流程，所偵測到的臺灣首例茲卡病毒感染症個案，其症狀起始日為入境臺灣前一日，為境外移入案例。該案臨床表現僅有發燒與頭痛，症狀持續二日後自行緩解，與文獻報告人類案例多為輕症相吻合[8]。泰國原無本土茲卡病毒感染案例，但 2013–2014 年間，陸續有由泰國移入他國的案例報告。泰國衛生部門回顧 2012–2014 年間該國群聚案，針對個案出現皮疹、結膜炎及關節痛之任二項症狀，且登革熱／屈公病／麻疹／德國麻疹檢測為陰性者，重新進行茲卡病毒相關檢測，共計確診 7 名本土案例，分別居住於 4 個省份[21]。綜整本土及移入他國案例的感染地域分布，推測此病毒應已廣泛分布於該國，並建議應以泛黃病毒或茲卡病毒專一分子生物檢測方式來加強疾病監測，以助於了解疾病表現、流行分布以及與當地流行的其他黃病毒屬疾病共同感染之影響[21]。

茲卡病毒感染症之急性症狀與其他蟲媒傳染病（登革熱、屈公病等）、或可能併發皮疹的病毒感染症之症狀，常很類似，且不同黃病毒屬病毒感染後的抗體檢測，易出現交叉反應[22–23]，若無實驗室診斷工具及完備的主、被動疾病監測系統，一個疾病往往容易被誤診而低估流行狀況。截至 2016 年 2 月 19 日

止，全球至少已有 40 個國家／屬地有本土疫情，臺灣為具傳播此病的病媒蚊分佈地，在國際交流頻繁的時代，首例境外移入病例意味著具傳入並可能於當地傳播的風險，將茲卡病毒感染症列為我國法定傳染病之一，據以強化公共衛生於民眾衛教和清除孳生源的執行力及提升臨床醫護工作者的警覺性，以利及早偵測感染個案，遏止疾病於本土大規模散播，實屬合理作法。

不同於登革熱可能引致出血或休克死亡等重大健康威脅，過去人類感染茲卡病毒案例，多為無症狀或輕症表現。此波小頭症或其他神經系統異常增多與茲卡病毒感染之因果相關性尚待釐清，然目前並無已知的抗病毒藥物或疫苗可預防感染，一旦發生流行疫情，預期對孕婦及胎兒之健康衝擊可能不小。有報告指出茲卡病毒可於感染個案之精液檢出[24]，也有經性行為感染案例[24–26]，意即該病毒同時具蟲媒及性接觸傳播方式。孕期及新生兒小頭畸形監測和安全性行為衛教，是除了傳統蟲媒疾病監測及防治工作外，亟需強化的一環。

建議公共衛生部門現階段應著重民眾的疾病認知及保護措施之衛教宣導，並強化先天性小頭畸形等神經異常疾患之監測及建置孕期茲卡病毒感染之諮商處理流程。透過與醫學會、公會的合作，舉辦研討會及教育訓練，提昇醫療人員對此新興疫病的診治能力。

致謝

感謝臺中市政府衛生局協助疫情調查及相關防治工作。

參考文獻

1. Dick GW, Kitchen SF and Haddow AJ. Zika virus (I). Isolations and serological specificity. *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 1952; 46: 509–20.
2. Dick GW. Zika virus (II). Pathogenicity and physical properties. *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 1952; 46: 521–34.
3. Macnamara FN. Zika virus: a report on three cases of human infection during an epidemic of jaundice in Nigeria. *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 1954; 48: 139–45.
4. Olson JG, Ksiazek TG, Gubler DJ, et al. A survey for arboviral antibodies in sera of humans and animals in Lombok, Republic of Indonesia. *Ann Trop Med Parasitol.* 1983; 77: 131–7.
5. Monath TP, Wilson DC and Casals J. The 1970 yellow fever epidemic in Okwoga District, Benue Plateau State, Nigeria. 3. Serological responses in persons with and without pre-existing heterologous group B immunity. *Bull World Health Organ.* 1973; 49: 235–44.
6. Filipe AR, Martins CM and Rocha H. Laboratory infection with Zika virus after vaccination against yellow fever. *Arch Gesamte Virusforsch.* 1973; 43: 315–9.

7. Olson JG, Ksiazek TG, Suhandiman, et al. Zika virus, a cause of fever in Central Java, Indonesia. *Trans R Soc Trop Med Hyg.* 1981; 75: 389–93.
8. Duffy MR, Chen TH, Hancock WT, et al. Zika virus outbreak on Yap Island, Federated States of Micronesia. *N Engl J Med.* 2009; 360: 2536–43.
9. Hayes EB. Zika virus outside Africa. *Emerg Infect Dis.* 2009; 15: 1347–50.
10. Cao-Lormeau VM, Roche C, Teissier A, et al. Zika virus, French polynesia, South pacific, 2013. *Emerg Infect Dis.* 2014; 20: 1085–6.
11. Dupont-Rouzeyrol M, O'Connor O, Calvez E, et al. Co-infection with Zika and dengue viruses in 2 patients, New Caledonia, 2014. *Emerg Infect Dis.* 2015; 21: 381–2.
12. Pyke AT, Daly MT, Cameron JN, et al. Imported zika virus infection from the cook islands into australia, 2014. *PLOS Currents Outbreaks.* 2014; 6. Edition 1. doi: 10.1371/currents.outbreaks.4635a54dbffba2156fb2fd76dc49f65e.
13. Tognarelli J, Ulloa S, Villagra E, et al. A report on the outbreak of Zika virus on Easter Island, South Pacific, 2014. *Arch Virol.* 2015; 161: 665–8.
14. WHO. Zika virus outbreaks in the Americas. *Wkly Epidemiol Rec.* 2015; 90: 609–10.
15. PAHO/WHO. Epidemiological Update: Zika virus infection (16 October 2015). Available at: http://www.paho.org/hq/index.php?option=com_docman&task=doc_view&Itemid=270&gid=32024&lang=en.
16. Schuler-Faccini L, Ribeiro EM, Feitosa IM, et al. Possible Association Between Zika Virus Infection and Microcephaly-Brazil, 2015. *MMWR Morb Mortal Wkly Rep.* 2016; 65: 59–62.
17. Marchette NJ, Garcia R and Rudnick A. Isolation of Zika virus from *Aedes aegypti* mosquitoes in Malaysia. *Am J Trop Med Hyg.* 1969; 18: 411–5.
18. Wong PS, Li MZ, Chong CS, et al. *Aedes* (*Stegomyia*) *albopictus* (Skuse): a potential vector of Zika virus in Singapore. *PLoS Negl Trop Dis.* 2013; 7: e2348.
19. Diallo D, Sall AA, Diagne CT, et al. Zika virus emergence in mosquitoes in southeastern Senegal, 2011. *PLoS One.* 2014; 9: e109442.
20. Gulland A. Zika virus is a global public health emergency, declares WHO. *BMJ.* 2016; 352: i657.
21. Buathong R, Hermann L, Thaisomboonsuk B, et al. Detection of Zika Virus Infection in Thailand, 2012–2014. *Am J Trop Med Hyg.* 2015; 93: 380–3.
22. Monath TP, Schlesinger JJ, Brandriss MW, et al. Yellow fever monoclonal antibodies: type-specific and cross-reactive determinants identified by immunofluorescence. *Am J Trop Med Hyg.* 1984; 33: 695–8.

23. Makino Y, Tadano M, Saito M, et al. Studies on serological cross-reaction in sequential flavivirus infections. *Microbiol Immunol*. 1994; 38: 951–5.
24. Musso D, Roche C, Robin E, et al. Potential sexual transmission of Zika virus. *Emerg Infect Dis*. 2015; 21: 359–61.
25. Foy BD, Kobylinski KC, Chilson Foy JL, et al. Probable non-vector-borne transmission of Zika virus, Colorado, USA. *Emerg Infect Dis*. 2011; 17: 880–2.
26. McCarthy M. Zika virus was transmitted by sexual contact in Texas, health officials report. *BMJ*. 2016; 352: i720.

日期：2016 年第 7-8 週 (2016/2/14-2/27)

DOI：10.6524/EB.20160308.32(5).004

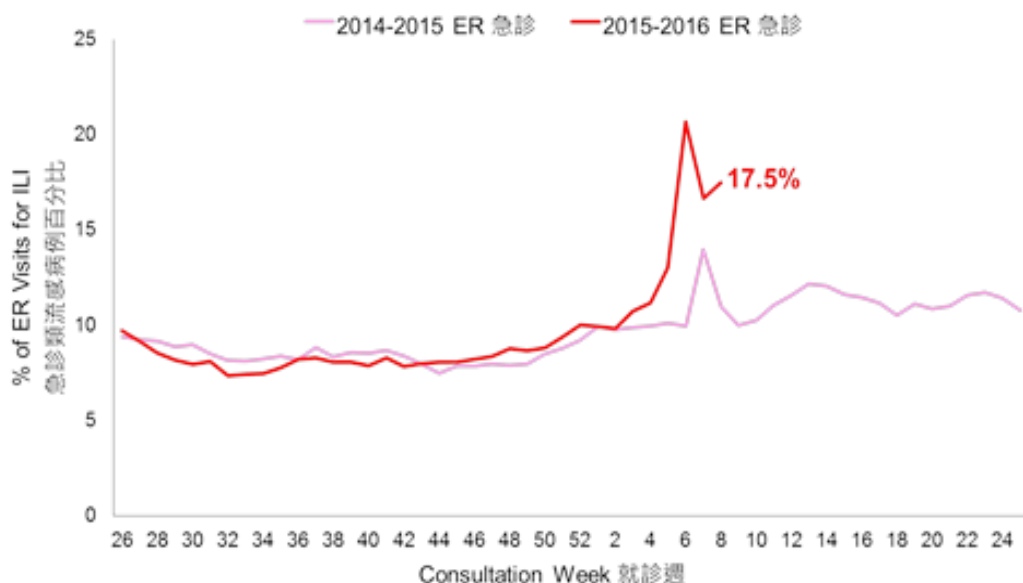
疫情概要：

流感疫情於農曆春節左右達到最高峰後下降，近兩週持平。主要流行病毒型別為 H1N1，其抗原性與疫苗株相近。目前尚未檢出抗藥性病毒株。

歐洲、韓國及日本流感疫情處高峰，美、加、中國大陸及香港疫情均呈上升；中國大陸持續出現新型 A 型流感病例，前往流行地區勿走私及接觸禽鳥，並落實洗手等個人衛生習慣；全球茲卡病毒(Zika virus)疫情持續，至少有 42 國或屬地傳出本土疫情，以中南美洲及加勒比海地區最為嚴峻，亞洲泰國及馬爾地夫亦有本土疫情，建議懷孕婦女暫緩前往，一般旅客則應避免蚊蟲叮咬，離開流行地區後 28 日內性行為應使用保險套。

一、流感**(一)國內疫情**

1. 2016 年第 7-8 週急診類流感就診人次及病例百分比春節期間下降，惟明顯較去年為高。
2. 2016 年第 6 週社區流感病毒陽性率 46.8%，檢出病毒以 H1N1 為主。H1N1 抗原性與疫苗株相近。本季無抗藥性病毒檢出。
3. 本流感季累計 1,109 例流感併發重症病例，其中 84 例死亡。每百萬人累計發生率及死亡率均以 65 歲以上最高，惟中壯年族群較往年上升較多。



圖一、近二個流感季類流感門急診監測

(二)國際疫情**1.重點國家疫情監測**

趨勢 國家	2015-2016年流感季			
	活動度	週別	監測值	主要流行型別
美國	上升	第7週	陽性率：13.8%	H1N1型
加拿大	上升	第7週	陽性率：29%	H1N1型，B型增
歐洲	處高峰	第7週	定點陽性率：46%	H1N1型，B型增
中國大陸	上升	第7週	陽性率：全國27.2% (南方20.5%，北方35.4%)	南方H1N1型 北方B型(Victoria)
香港	上升	第8週	陽性率：24.2%	H1N1型，B型增
韓國	處高峰	第8週	門診就診千分比：46.1	H1N1型，B型增
日本	處高峰	第7週	定醫平均報告數：37.16	H1N1型

2.流感住院及重症監測

- (1)北半球：整體流感疫情持續上升，近期以 H1N1 型為主。
- (2)歐洲：流感重症以 15-64 歲族群為主，多感染 H1N1 型。
- (3)香港：今年截至 2/24 累計 127 名成人及 8 名孩童重症病例，多感染 H1N1 型，成人重症個案以 50-64 歲及 65 歲以上族群為多，近期 18-49 歲有增加趨勢，其中 38 名(30%)死亡。
- (4)加拿大：成人流感住院病例中以 65 歲以上為主，多感染 H1N1 型，16-20 歲、20-44 歲、45-64 歲住院比例亦有增加趨勢。
- (5)美國：流感住院比例以 65 歲以上為主，0-4 歲、50-64 歲次之，多感染 H1N1 型。

二、新型 A 型流感**(一)H7N9 流感****1.中國大陸**

- (1)廣東省及山東省：分別新增 3 例及 1 例，其中山東省為 2015 年入秋後首次出現病例，提升該省之旅遊疫情建議至警示(Alert)。
- (2)香港：2/23 公布入冬以來首例境外移入病例，為江蘇省 60 歲男，曾至傳統市場，無接觸禽類，2/5 抵港，2/8 發病，2/11-15 第一次住院診斷肺炎、初步檢出 A 型流感陰性，2/18-22 再就診，2/23 先前檢體驗出 H7N9；掌握 166 名接觸者，其中案子及曾與個案同病房患者出現症狀，目前檢出 A 型流感、H7 型陰性。
- (3)2015 年入秋以來累計 55 例，為浙江省 24 例、廣東省 10 例、江蘇省 7 例、湖南省 5 例、福建省 3 例、上海市 3 例、江西省 1 例、山東省 1 例；香港 1 例；多為 50 歲以上且具禽類或活禽市場暴露史。

- 2.全球：自 2013 年迄 2016 年 2/29 累計 732 例，包含中國大陸 711 例、香港 14 例、台灣 4 例、加拿大 2 例、馬來西亞 1 例，世界衛生組織(WHO) 1/26 更新 277 例死亡。

(二)H9N2 流感

- 1.中國大陸：WHO 2/22 公布四川省新增 1 例，為成都市 57 歲女，具高血壓、糖尿病及腦梗塞等慢性病史，自 2015 年起反覆出現咳嗽有痰、倦怠及呼吸短促症狀，今年 2/9 住院，2/16 確診。
- 2.中國大陸：2015 年入秋以來累計 5 例，為湖南省 3 例、安徽省 1 例、四川省 1 例。

三、茲卡病毒感染症(Zika Virus Infection)

(一)本土疫情

- 1.新增中美洲聖文森及格瑞那丁、聖馬丁。
- 2.全球：迄 2/29 至少 42 個國家/屬地傳出本土疫情，主要仍集中於中南美洲及加勒比海地區，亞洲地區則以泰國及馬爾地夫，旅遊疫情建議列為警示(Alert)。亞洲柬埔寨、印尼、馬來西亞、菲律賓及非洲加彭 5 個國家雖有個案出現，但無直接證據顯示有本土疫情，旅遊疫情建議列為注意(Watch)。

(二)小頭症及神經系統異常疫情

- 1.巴西：截至 2/23，累計逾 5,600 例小頭症疑似病例，明顯高於往年平均(約 10 例)。
- 2.法屬玻里尼西亞：曾於 2013-14 年發生 Zika 疫情，2014 年 3 月-2015 年 5 月累計 18 例新生兒神經系統異常，明顯高於往年(0-2 例)，其中 9 例為小頭症。
- 3.法屬玻里尼西亞、巴西、哥倫比亞、蘇利南、薩爾瓦多、委內瑞拉、法屬馬丁尼克、美屬波多黎各等 8 國：GBS 病例數亦有增加情形，惟這些神經異常與感染茲卡病毒關聯性仍待釐清。

四、中東呼吸症候群冠狀病毒(MERS)

- (一)沙烏地阿拉伯：近期病例有增加趨勢，1/26-2/29 新增 21 例，全數為男性，多為 50 歲以上，其中 6 名原發病例曾駱駝接觸或生飲駱駝奶；4 名曾接觸確定病例，1 例無症狀；該國迄今累計 1,310 例，555 例死亡。
- (二)卡達：2/21 公布今年首例，66 歲男，曾至沙烏地阿拉伯自家綿羊及駱駝農舍，返國後出現發燒、咳嗽等，ICU 治療；該國前例個案出現於 2015 年 5/22；該國自 2012 年迄 2016 年 2/29 累計 14 例，5 例死亡。
- (三)全球：WHO 更新累計 1,644 例，590 例死亡；另依據各國官網公布數，截至 2/29 共計 1,663 例。

五、國際間旅遊疫情建議等級

疫情	國家/地區		等級	旅行建議	發布日期
人類禽流感	中國大陸	浙江省、廣東省、安徽省、湖南省、上海市、江西省、江蘇省、四川省、福建省、山東省	第二級 警示(Alert)	對當地採取加強防護	2016/2/19
		其他省市，不含港澳	第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的一般預防措施	2015/8/18
登革熱	東南亞地區 9 個國家： 印尼、泰國、新加坡、馬來西亞、菲律賓、寮國、越南、柬埔寨、緬甸		第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的一般預防措施	2013/7/15
麻疹	中國大陸、剛果民主共和國、馬來西亞、哈薩克				2015/11/10
中東呼吸症候群冠狀病毒感染症(MERS)	沙烏地阿拉伯		第二級 警示(Alert)	對當地採取加強防護	2015/6/9
	中東地區通報病例國家： 阿拉伯聯合大公國、約旦、卡達、伊朗、阿曼、科威特		第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的一般預防措施	2015/9/30
伊波拉病毒感染	獅子山		第二級 警示(Alert)	對當地採取加強防護	2015/12/29
	賴比瑞亞、幾內亞		第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的一般預防措施	2016/1/19
小兒麻痺症	巴基斯坦、阿富汗、奈及利亞		第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的一般預防措施	2015/12/1
茲卡病毒感染	中南美洲 31 國/屬地、大洋洲 8 國/屬地、亞洲 2 國、非洲 1 國		第二級 警示(Alert)	對當地採取加強防護	2016/2/26
	柬埔寨、印尼、馬來西亞、菲律賓、加彭		第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的一般預防措施	2016/2/14

創刊日期：1984 年 12 月 15 日

出版機關：衛生福利部疾病管制署

地 址：臺北市中正區林森南路 6 號

電 話：(02) 2395-9825

文獻引用：[Author].[Article title].Taiwan Epidemiol Bull 2016;32:[inclusive page numbers].[DOI]

發行人：郭旭崧

總編輯：黃婉婷

執行編輯：陳學儒、劉繡蘭

網 址：<http://www.cdc.gov.tw/>