

2013–2014 年日本腦炎病媒蚊及病毒分子流行病學

蘇千玲*、楊正芬、張淑芬、舒佩芸

摘要

日本腦炎是由日本腦炎病毒(Japanese encephalitis virus, JEV)感染所引起，由蚊子為媒介的人畜共通傳染病，廣泛流行於亞洲地區，也是臺灣的地方性傳染病。在1990年以前，日本腦炎第三基因型病毒株(genotype III, GIII)是亞洲地區最主要的病毒流行株，但其後第一基因型(genotype I, GI)病毒株傳播至中國、日本、越南、韓國、泰國等國後，GI與GIII病毒便在這些國家共同存在，進而由GI取代GIII，成為主要的日本腦炎病毒流行株。從我們過去的研究顯示，臺灣地區在2005–2007年分離出之日本腦炎病毒株均屬於GIII，而2008–2012年間，日本腦炎病毒最主要的基因型別已變成GI病毒。本篇研究的主要目標在持續監測2013–2014年臺灣日本腦炎病毒之引進及本土流行的情形，藉由蚊蟲的採集，分析臺灣參與日本腦炎病毒傳播的蚊蟲種類，並由蚊蟲中分離出日本腦炎病毒，進一步分析病毒的基因型別分佈和遺傳變異。本研究共收集37,637隻，包含11屬29種的蚊蟲。以RT-PCR(reverse transcription-PCR)篩選，得到96池JEV陽性病媒蚊，其中包括三斑家蚊(94池)及環紋家蚊(2池)。由蚊蟲所分離出之日本腦炎病毒株，分析其外套膜基因序列親緣演化關係顯示，2013–2014年間臺灣的日本腦炎病毒株發現只剩極少數的GIII病毒株在臺灣東部，其他地區則以GI為主要的基因型。本研究所建立之日本腦炎病毒基因資料庫將有助於了解病毒在臺灣各地區之演化及引進情形，可提供防疫政策、疫苗及檢驗試劑開發之重要資訊。

關鍵字：病媒病毒傳染病、監測、日本腦炎病毒

衛生福利部疾病管制署研究檢驗及疫苗研製中心

通訊作者：蘇千玲*

E-mail: sue@cdc.gov.tw

投稿日期：2015年4月8日

接受日期：2015年7月22日

DOI: 10.6524/EB.20160412.32(7).001

前言

日本腦炎(Japanese encephalitis)是臺灣重要的病媒病毒傳染病[1–5]，感染日本腦炎病毒(Japanese encephalitis virus, JEV)後，大部分的人是沒有症狀的，但少數的病患會有嚴重症狀包括頭痛、高燒、痙攣、抽搐或昏迷等，致死率可達 30%。日本腦炎的恢復期較長，有 30%–50%的患者會有神經性及精神性的後遺症。日本腦炎病毒屬於黃病毒科(Flaviviridae)，黃病毒屬(Flavivirus)的病毒。黃病毒為單股正向 RNA 病毒，全長約 11 kb，基因體結構除了 5'與 3'端的非轉譯區外，轉譯區依序可分為 3 個結構基因[Capsid (C), Premembrane/Membrane (prM), Envelope (E)]與 7 個非結構基因[Non-structural protein 1 (NS1), NS2a, NS2b, NS3, NS4a, NS4b, NS5]共 10 個基因[6]。

日本腦炎的流行區包含了亞洲大部份的地區、西太平洋島嶼及澳洲北部，也是亞洲地區最重要的病毒性腦炎傳染病。每年約有 35,000 至 50,000 人感染日本腦炎，造成約 10,000–15,000 人死亡。由於日本腦炎是經由病媒蚊的傳播，所以疫情的流行與氣候及季節兩大因素有關[7]。在熱帶地區，日本腦炎為散發性流行，全年皆有，印度南部、印尼、馬來西亞、新加坡及泰國南部的流行皆屬於此類；在溫帶及亞熱帶地區，日本腦炎的流行則有明顯的季節性，主要發生在夏季，尤其是雨季，發生的型態是爆發性，通常持續二到三個月，中國、日本、臺灣、印度北部、泰國北部、緬甸北部及越南的流行屬於此類。預防注射的有效實施，日本、南韓、臺灣及中國大陸的病例已減少很多，但鄰近的許多國家，包括菲律賓、印尼、馬來西亞、印度、尼泊爾等國亦有許多日本腦炎患者，也常有流行的發生。

日本腦炎的傳播，最主要的病媒蚊是以三斑家蚊(*Culex tritaeniorhynchus*)為主；而環紋家蚊(*C. annulus*)、白頭家蚊(*C. fuscocephala*)、尖音家蚊(*C. pipiens*)、東鄉斑蚊(*Aedes togoi*)、白吻家蚊(*C. vishnui*) 和環喙家蚊(*C. annulirostris*)等均能媒介此病[8]。流行初期病毒利用動物→蚊→動物的方式傳播，當流行範圍擴大後出現動物→蚊→人的途徑。臺灣仍以豬為主要的增幅動物(amplifying animal)，病毒在豬體內增幅後開始人的流行[9,10]。臺灣流行季節主要在每年 5 至 10 月，病例高峰通常出現在 6–7 月。1955 年，日本腦炎被列為通報傳染病，1968 年開始全面實施疫苗接種，民眾罹患日本腦炎的情況即大幅降低。目前臺灣每年的確定病例數在 10 至 37 例間，已成為可控制的傳染病。

日本腦炎病毒分子流行病學的研究方面，依據親緣性分析，可將日本腦炎病毒分成 5 種基因型別，即 Genotype I–V(G I–V) [11–13]，1990 年以前，G III 病毒株是亞洲主要的流行株。然而，在過去 20 年間各國的監測研究資料顯示，GI 病毒株陸續傳播至中國、日本、越南、韓國、和泰國[14–17]等地，取代 G III 病毒株。Nabeshima 等人報告日本的 GI 病毒株是來自東南亞和東亞大陸[18]，雖然其傳播機制並不十分清楚，但可能的途徑包括帶病毒的病媒蚊隨風遷移及候鳥的遷徙等。Jan 等人於 2000 年之文獻，將臺灣地區 1983 至 1994 年間由蚊子

分離出的日本腦炎病毒以 *partial C/preM* 基因進行親緣性分析，發現所有病毒株皆屬於 GIII，並可分成 3 個 clusters[19]。臺灣在 1994 年後一直缺乏有系統的監測計畫與研究資料，因此對日本腦炎病毒之基因型與地理分佈並不清楚。自 2005 年我們開始透過基因體計畫進行日本腦炎病毒監測，以 *Envelope* 基因進行親緣性分析，結果顯示 2005–2007 年間從蚊子、豬或人所分離出之病毒株，*Envelope* 皆屬於 GIII，2008 年首次發現有 2 株病毒屬於 GI（臺北市關渡自然公園及宜蘭縣五結鄉養豬場）[5]。2009–2012 年，發現大部分陽性病媒蚊感染之日本腦炎病毒皆屬於 GI，僅少數地方之日本腦炎病毒屬於 GIII。本研究持續監測 2013–2014 年日本腦炎病媒蚊的種類及病毒分子流行病學。

材料與方法

- 一、病毒株來源：日本腦炎病毒之疫苗株病毒係購自 ATCC(*Nakayama-ATCC*)。
- 二、日本腦炎病毒分離：日本腦炎病毒株係由病媒蚊研磨液經由 C6/36 蚊蟲細胞株體外細胞培養方法所分離，為避免病毒株產生變異，分離出病毒株於 T-25 培養瓶擴大培養後即分裝，冷凍於負 80°C 低溫冷凍櫃中。病毒的鑑定方法可使用病毒專一性單株抗體，如 JEV group-specific (E3.3) 做免疫螢光染色，或使用 real-time RT-PCR (real-time reverse transcription-PCR) 鑑定病毒的種類。
- 三、日本腦炎病媒蚊採集：在流行季節採集病媒蚊，是最有效的分離日本腦炎病毒的方法，步驟如下：
 - (一) 5 月至 7 月每周調查採集 1–2 次，選擇台灣北、中、南、東各地緊鄰水稻田之養豬戶及溼地，以人工掃網或乾冰掛網方式採集病媒蚊。
 - (二) 人工掃網採集時間在下午 6–9 時，乾冰掛網方式採集時間在下午 6 時至隔日清晨，採集到的蚊蟲放入一般紙杯中帶回實驗室，分類及記錄採獲蚊蟲數。
 - (三) 挑選已吸血之蚊子，在 25°C 下，以 10% 糖水餵食 5 天後，依種類、性別、地點、日期，每 50 隻集成 1 池(1 pool)。將每池蚊蟲使用組織研磨器 (tissue lyser II, Qiagen, Hilden, Germany) 研磨，將每池蚊蟲混合在 500 μ l 緩衝液中研磨使成均質化，再離心得上清液，取上清液進行 RNA 抽取及 RT-PCR 篩檢日本腦炎病毒陽性檢體。
- 四、病毒核酸之抽取及純化：主要原理為利用裝有矽土–膠膜的離心圓柱，可以選擇性的與核糖核酸結合，再經過數次清洗步驟，進而達到純化的目的。取 140 μ l 蚊蟲研磨上清液，使用 QIAamp viral RNA mini kit (Qiagen, Hilden, Germany) 及自動化核酸萃取儀(Qiagen QIAcube, Germany) 萃取 RNA，最後將 RNA 溶於 70 μ l 純水(Water, containing 0.02% sodium azide)。
- 五、引子(primer)的設計與合成：引子的設計可依不同的需要而定，其功能是在有效地擴增模版 DNA 序列。我們共用 2 套特異性的引子組來篩選日本腦炎病毒，分別為(1) **flavivirus-specific**: 60 nM (final concentration) FL-F1:

5'-GCCATATGGT ACATGTGGCT GGGAGC-3' ; 60 nM FL-R3:
5'-GTKATTCTTG TGTCCCAWCC GGCTGTGTCA TC-3' ; 60 nM FL-R4:
5'-GTGATGCGRG TGTCCCAGCC RGCKGTGTCA TC-3'。(2) **JEV-specific:**
200 nM JE3F1: 5'-CCCTCAGAAC CGTCTCGGAA -3' ; 200 nM JE3R1:
5'-CTATTCCCAGGTGTCAATATGCTGT-3'。

- 六、利用 RT-PCR 篩檢日本腦炎病毒陽性病媒蚊檢體：利用 one-step SYBR Green I-based real-time RT-PCR 篩檢日本腦炎病毒陽性病媒蚊，使用 Mx3000 quantitative PCR system (Stratagene, La Jolla, California, USA) 做 RT-PCR 增殖反應。詳細的檢驗方法如以前的研究敘述[20]：使用 QuantiTect SYBR Green RT-PCR Kit, QIAGEN 為反應試劑。依序加入以下試劑：25 μ l 的 2x QuantiTect SYBR Green RT-PCR Master Mix、RNase-free Water、核酸引子、0.5 μ l QuantiTect RT Mix，最後加入 10 μ l 檢體 RNA，反應最終體積為 50 μ l。再進行 one-step SYBR Green RT-PCR 反應：50°C RT 作用 30 分鐘，PCR 作用 95°C 15 分鐘，45 次循環之 94°C 15 秒、55°C 30 秒、72°C 20 秒、77°C 30 秒。
- 七、核酸定序及分析：對於具有代表性的分離病毒株，以病毒培養液為材料，進行整個結構基因的定序工作，RT-PCR 產物經瓊膠電泳分離及純化後，以 ABI Prism 3700 DNA sequencer (Applied Biosystems) 核酸定序儀定序。日本腦炎病毒結構基因定序所使用之引子（表一），以 DNA Star、Clustal W software、MEGA version 6 (<http://www.megasoftware.net/>) 進行核酸序列比對及演化親緣性分析。
- 八、感染日本腦炎病毒蚊蟲之最大概似估計 (The maximum likelihood estimates, MLEs)：以 Biggerstaff 所著作之 PooledInf-Rate software (www.cdc.gov/ncidod/dvbid/westnile/sofeware.htm) 計算蚊蟲之日本腦炎病毒感染率。

表一、日本腦炎病毒結構基因定序所使用之引子

Primer	Sequence (5' to 3')	Genomic region*
JE5UTRF	AGA AGT TTA TCT GTG TGA ACT TCT TGG	5'UTR (1-27)
JE616R	CCT CAC ACA TGT AGC CGA CGT CT	PrM (593-615)
JE747R	TTC GCT TGG AAT GCC TGG TCC G	PrM (723-744)
JE747F	CGG ACC AGG CAT TCC AAG CGA A	PrM (723-744)
JE1309F	GGA AGC ATT GAC ACA TGT GCA AAA TT	E (1308-1333)
JE1360F	AGA ACA ATC CAG CCA GAA AAC ATC	E (1359-1382)
JE1448R	CGC TGA ATA ATT CCC ATG GTT TTC	E (1425-1448)
JE1839F	AGG CTG AAA ATG GAC AAA CTG GC	E (1839-1861)
JE1878R	GGT TGT GCC TTT CAG AGC CAG TTT	E (1854-1877)
JE2602R	AGG GAT CTG GGC GTT TCT GG	NS1 (2583-2602)
JE2636R	GCC TTC CTT GTG CGC TTT GT	NS1 (2617-2636)

* Numbering from GenBank accession number AY303795. RT-PCR = reverse transcription-polymerase chain reaction; JEV = Japanese encephalitis virus; C = capsid; prM = premembrane; E = envelope; UTR = untranslated region

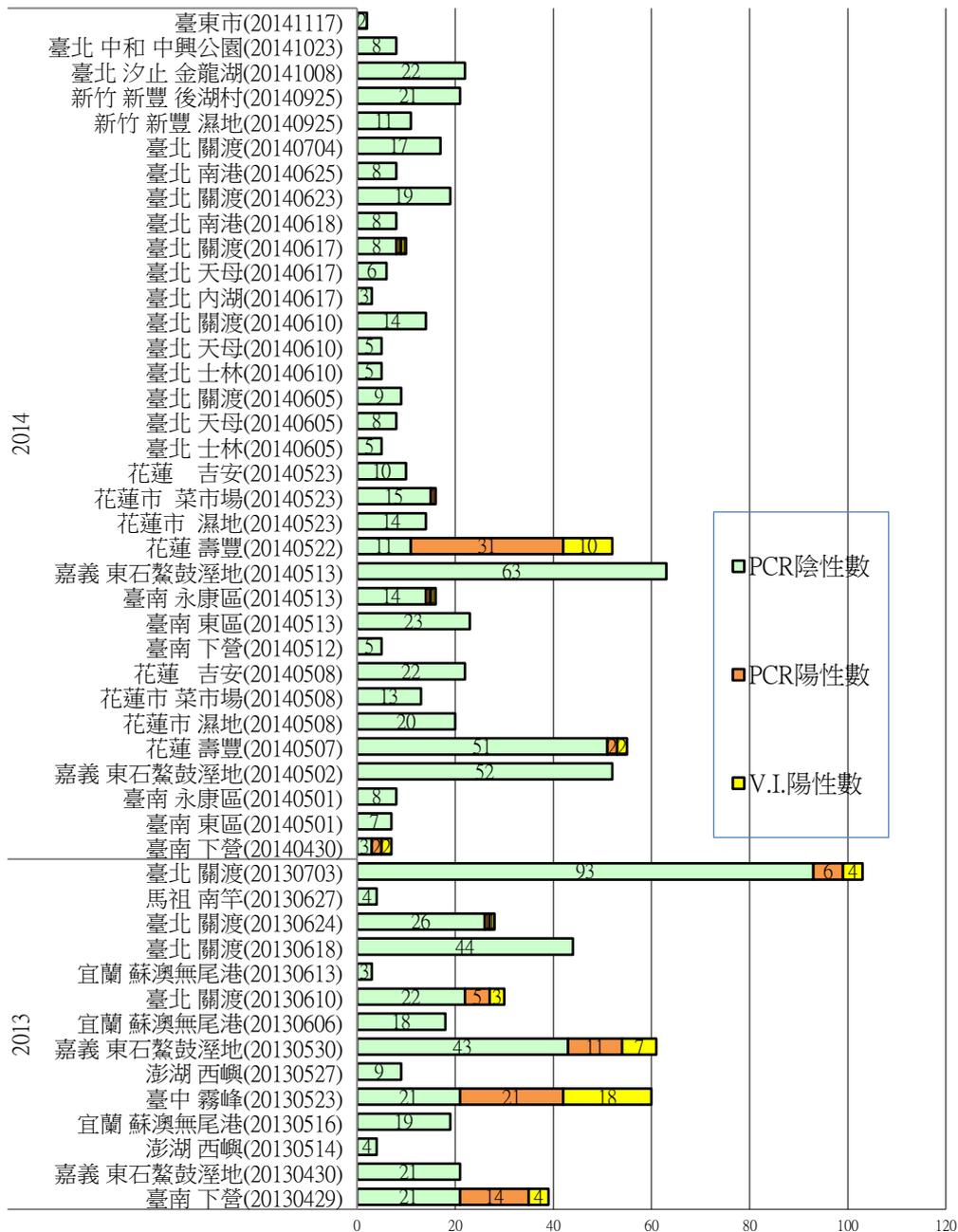
結果

一、2013–2014 年日本腦炎病媒蚊採集：

為了瞭解臺灣日本腦炎病毒之病媒蚊種類及病毒感染率，我們在 2013 年 4–7 月及 2014 年 4–11 月，分別在北、中、南、東各地區採集病媒蚊，共得到 37,637 隻蚊蟲，包括 11 屬 29 種，其中以三斑家蚊最多(63.29%, 23,822/37,637)，其次為環蚊家蚊(14.00%, 5,271/37,637)及熱帶家蚊(10.08%, 3,792/37,637)。所採集之蚊蟲分為 954 池(pool)，以 RT-PCR 篩選 JEV 陽性檢體，並進行日本腦炎病毒分離（表二、圖一）。共有 96 池為 JEV 陽性，分離出 53 株日本腦炎病毒，仍以三斑家蚊為日本腦炎的最主要病媒蚊，其 JEV 的感染率為千分之 4.37(95% CI: 3.55–5.32)，其次為環蚊家蚊，感染率為千分之 0.38(95% CI: 0.07–1.25)。日本腦炎病毒陽性病媒蚊主要出現在 4–6 月為高峰，地點的分布仍是北、中、南、東四大區塊均有，且以豬舍的陽性率較高。

表二、 感染日本腦炎病毒蚊子之最大概似估計（2013–2014 年）

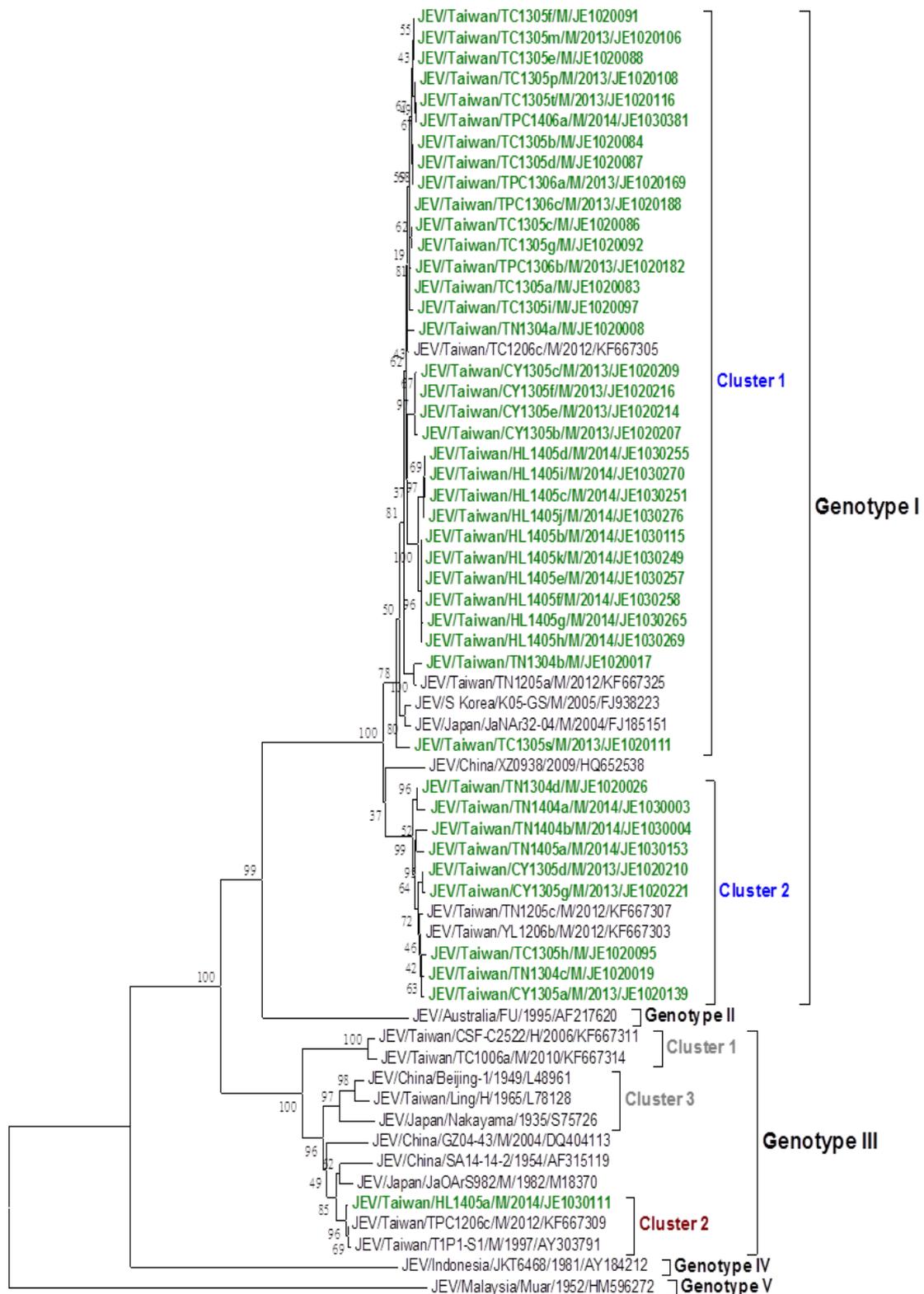
蚊蟲種類	感染率 (%)	最大概似估計值 (95% 信賴區間)	捕獲總池數	陽性總池數	蚊蟲隻數	
<i>Aedes aegypti</i> 埃及斑蚊	0.00	0.00	499.14	2	0	3
<i>Aedes albopictus</i> 白線斑蚊	0.00	0.00	5.60	34	0	626
<i>Aedes lineatopennis</i> 窄翅斑蚊	0.00	0.00	793.45	1	0	1
<i>Aedes penghuensis</i> 澎湖斑蚊	0.00	0.00	231.16	1	0	6
<i>Aedes vexans</i> 白肋斑蚊	0.00	0.00	11.05	7	0	262
<i>Anopheles sinensis</i> 中華瘧蚊	0.00	0.00	29.73	5	0	73
<i>Anopheles tessellatus</i> 多斑瘧蚊	0.00	0.00	17.48	11	0	158
<i>Armigeres subalbatus</i> 白腹叢蚊	0.00	0.00	13.53	21	0	244
<i>Coquillettidia crassipes</i> 袋蓮荷蚊	0.00	0.00	231.31	2	0	8
<i>Culex annulus</i> 環蚊家蚊	0.38	0.07	1.25	134	2	5271
<i>Culex bitaeniorhynchus</i> 二斑家蚊	0.00	0.00	40.80	5	0	57
<i>Culex brevipalpis</i> 灰胸家蚊	0.00	0.00	107.15	8	0	26
<i>Culex fuscanus</i> 黃尾家蚊	0.00	0.00	657.62	2	0	2
<i>Culex fuscocephala</i> 白頭家蚊	0.00	0.00	391.79	2	0	4
<i>Culex malayi</i> 馬來家蚊	0.00	0.00	408.88	1	0	3
<i>Culex mimeticus</i> 斑翅家蚊	0.00	0.00	793.45	1	0	1
<i>Culex murrelli</i> 莫氏家蚊	0.00	0.00	13.08	9	0	226
<i>Culex nigropunctatus</i> 黑點家蚊	0.00	0.00	793.45	1	0	1
<i>Culex pipiens</i> 地下家蚊	0.00	0.00	2.52	46	0	1443
<i>Culex quinquefasciatus</i> 熱帶家蚊	0.00	0.00	0.99	101	0	3792
<i>Culex rubithoracis</i> 紅胸家蚊	0.00	0.00	59.29	2	0	28
<i>Culex sitiens</i> 鹹水家蚊	0.00	0.00	2.60	30	0	1383
<i>Culex tritaeniorhynchus</i> 三斑家蚊	4.37	3.55	5.32	511	94	23822
<i>Culicoides oxystoma</i> 嗜牛庫蠅	0.00	0.00	16.35	3	0	150
<i>Heizmannia taiwanensis</i> 新黑小蚊	0.00	0.00	408.88	1	0	3
<i>Mansonia uniformis</i> 斑腳沼蚊	0.00	0.00	70.74	9	0	40
<i>Ochlerotatus togoi</i> 東鄉黃蚊	0.00	0.00	793.45	1	0	1
<i>Tripteroides bambusa</i> 竹生翠蚊	0.00	0.00	657.62	2	0	2
<i>Uranotaenia novobscura</i> 台灣黑蚊	0.00	0.00	793.45	1	0	1
總計				954	96	37637



圖一、2013-2014 年日本腦炎病媒蚊 RT-PCR 及病毒分離結果

二、日本腦炎病毒 E 基因的親緣性分析：

分離出之日本腦炎病毒進行 E 基因定序及演化親緣性分析結果(圖二)。2013 年間所分離到的日本腦炎病毒株全部屬於 GI, 未分離出 GIII 病毒株。2014 年間所分離到的日本腦炎病毒株除了在花蓮有一株屬於 GIII 外, 其餘在臺灣南部、東部及北部的日本腦炎病毒株皆屬於 GI。GI 日本腦炎病毒株可分為二個族群(cluster)。cluster 1 與 2 之病毒株自 2009 年後, 已廣泛分佈於全臺灣, 病毒與中國大陸、越南、日本的病毒相似。2014 年的 GIII 病毒株屬於 cluster 2, 與 2012 年臺北關渡之病毒株極為相似, 且與中國大陸及日本的病毒相似。



圖二、日本腦炎病毒株 E 基因親緣演化樹分析
 (本研究 2013–2014 年採集的病媒蚊體內日本腦炎病毒之基因以綠色字體表示)

三、綜合 2005–2014 年日本腦炎病毒基因型在臺灣的分布，目前臺灣日本腦炎病毒的基因型別主要為 GI，但亦存在少量的 GIII（表三）。

表三、臺灣日本腦炎病毒株基因型別之地區分布（2005 – 2014 年）

地區	2005	2006	2007	2008	2009	2010	2011	2012	2013	2014
臺北市	nd	nd	GIII	GI GIII	GI	GI	GI	GI GIII	GI	GI
臺中市	GIII	GIII	nd	GIII	GI	GI GIII	GI	GI	GI	nd
臺南市	nd	nd	GIII	nd	nd	GI	nd	GI	nd	GI
高雄市	GIII	nd	nd	nd	nd	GI GIII	nd	nd	GI	nd
宜蘭縣	GIII	GIII	nd	GI GIII	GIII	GI	GI	GI	GI	nd
花蓮縣	GIII	GIII	GIII	GIII	GIII	GI	nd	GI	nd	GI GIII

*nd = not determined

討論

臺灣於 1968 年起開始實施日本腦炎預防接種後，病例數就急速下降，目前已成為可以控制的傳染病。由病媒蚊監測結果顯示，從春季至秋季，在臺灣北、中、南、東各地區仍活躍著日本腦炎病毒陽性的病媒蚊，尤其是在豬舍與水稻田附近，最容易發現日本腦炎病媒蚊的蹤跡。故預防接種及避免被病媒蚊叮咬，對於日本腦炎傳染病的控制非常重要。

由文獻中日本腦炎病毒基因序列及演化分析結果，目前亞洲地區的病毒是以 GI 病毒株為主。我們的監測結果顯示，臺灣地區 2007 年以前分離之病毒株均屬於 GIII，但 2008 年後開始在北部分離出少數 GI 病毒株，在 2009–2012 年間 GI 病毒株快速取代 GIII 病毒株。2013 年時發現臺灣大部分地區之日本腦炎病毒株皆屬於 GI（臺北市、臺中市、臺南市、嘉義縣），2014 年在南部、東部及北部的日本腦炎病毒株也均屬於 GI，只有在花蓮發現一株 GIII，顯示臺灣地區日本腦炎病毒隨著年代而改變，GIII 病毒幾乎消失，被 GI 病毒所取代。由病毒基因序列及演化分析結果也顯示臺灣的日本腦炎病毒仍在持續變化中，可能原因除了本土病毒株持續進行演化以更加適應環境外，每年也有新的病毒不斷引進，一旦新引進的病毒可以適應新的生態環境時，則有可能進而取代原有的本土病毒，使臺灣日本腦炎病毒主要的流行株隨著時間再度發生改變。故未來仍有必要持續監測病毒在臺灣的演化及流行病學的研究，以保障民眾的健康。

我們於 2005–2014 年間由病媒蚊監測的結果，不但發現日本腦炎病毒的基因型由 GIII 轉移至 GI，也在 2012 年的人類日本腦炎的確定病例中分離出 GI 病毒，顯示不僅傳播日本腦炎的病媒蚊所攜帶的病毒基因型發生轉變，GI 病毒也造成

臺灣民眾的感染。臺灣在 2010–2014 年，GI 為主要日本腦炎病毒流行的期間，人類感染日本腦炎確定病例數仍維持在 16–32 例之間，未有明顯變化，可能是因為 GI 與 GIII 病毒同屬於一種血清型，故疫苗株雖屬於 GIII 病毒，但對於 GI 病毒的感染仍具有足夠的保護力。但由於目前的觀測時間仍有限，未來仍應持續監測病毒的變化與病例數的相關性。

監測結果發現臺灣地區最常見傳播日本腦炎疾病的病媒蚊以在豬舍及濕地的三斑家蚊為主，且陽性病媒蚊在每年 4 月下旬即開始出現於全臺灣，6 月到達高峰。因此建議防疫單位可在流行季節來臨前，加強宣導個人保護措施，避免至高危險區域。高風險的族群應施打疫苗，以免於遭受日本腦炎的威脅。

由於交通便捷及氣候變遷等因素，各種新興及再浮現病媒性傳染病在世界各地散佈情形正急速增加，對人類健康所造成的威脅日益嚴重，建立一套完整的病媒性傳染病監測系統是十分重要的。藉由實驗室為基礎的病毒學即時監測系統，建立日本腦炎病毒基因資料庫，應用於病毒親緣關係分析，以瞭解本土流行病毒株之來源、擴散及分布情形及新病毒之引進情形，可以對流行疫情的現況與防治工作提供重要的資訊。建立完整的病原體基因資料庫是一種重要的資產，對於疫苗與治療藥物開發。以及致病機轉研究提供極有用的資訊。

參考文獻

1. Chang SF, Huang JH, Shu PY. Characteristics of dengue epidemics in Taiwan. *J Formos Med Assoc.* 2012; 111: 297–9.
2. Huang JH, Su CL, Yang CF, et al. Molecular characterization and phylogenetic analysis of dengue viruses imported into Taiwan during 2008–2010. *Am J Trop Med Hyg.* 2012; 87: 349–58.
3. Huang JH, Liao TL, Chang SF, et al. Laboratory-based dengue surveillance in Taiwan, 2005: a molecular epidemiologic study. *Am J Trop Med Hyg.* 2007; 77: 903–9.
4. Shu PY, Su CL, Liao TL, et al. Molecular characterization of dengue viruses imported into Taiwan during 2003–2007: geographic distribution and genotype shift. *Am J Trop Med Hyg.* 2009; 80: 1039–46.
5. Huang JH, Lin TH, Teng HJ et al. Molecular epidemiology of Japanese encephalitis virus, Taiwan. *Emerg Infect Dis.* 2010; 16: 876–8.
6. Chambers, T. J., C. S. Hahn, R. Galler, et al. Flavivirus genome organization, expression, and replication. *Annu Rev Microbiol.* 1990; 44: 649–88.
7. Vaughn DW, Hoke CH Jr. The epidemiology of Japanese encephalitis: prospects for prevention. *Epidemiol Rev.* 1992; 14: 197–221.
8. Hu SMK, Grayston JT. Encephalitis on Taiwan II. Mosquito Collection and Bionomic Studies. *Am J Trop Med Hyg.* 1962; 11: 131–40.

9. Wu YC, Huang YS, Chien LJ, et al. The epidemiology of Japanese encephalitis on Taiwan during 1966-1997. *Am J Trop Med Hyg.* 1999; 61: 78–84.
10. Su CL, Yang CF, Teng HJ, et al. Molecular Epidemiology of Japanese Encephalitis Virus in Mosquitoes in Taiwan during 2005-2012. *PLoS Negl Trop Dis.* 2014; 8(10): e3122.
11. Williams DT, Wang LF, Daniels PW, et al. Molecular characterization of the first Australian isolate of Japanese encephalitis virus, the FU strain. *J Gen Virol.* 2000; 81: 2471–80.
12. Uchil PD, Satchidanandam V. Phylogenetic analysis of Japanese encephalitis virus: envelope gene based analysis reveals a fifth genotype, geographic clustering, and multiple introductions of the virus into the Indian subcontinent *Am J Trop Med Hyg.* 2001; 65: 242–51.
13. Solomon T, Ni H, Beasley DW, et al. Origin and evolution of Japanese encephalitis virus in Southeast Asia. *J Virol.* 2003; 77: 3091–8.
14. Nga PT, del Carmen Parquet M, Cuong VD, et al. Shift in Japanese encephalitis virus (JEV) genotype circulating in northern Vietnam: implications for frequent introductions of JEV from Southeast Asia to East Asia. *J Gen Virol.* 2004; 85: 1625–31.
15. Mackenzie JS, Gubler DJ, Petersen LR. Emerging flaviviruses: the spread and resurgence of Japanese encephalitis, West Nile and dengue viruses. *Nat Med.* 2004; 10 (suppl 12): 98–109.
16. Nitatpattana N, Dubot-Pérès A, Gouilh MA, et al. Change in Japanese encephalitis virus distribution, Thailand. *Emerg Infect Dis.* 2008; 14: 1762–5.
17. Wang HY, Takasaki T, Fu SH, et al. Molecular epidemiological analysis of Japanese encephalitis virus in China. *J Gen Virol.* 2007; 88: 885–94.
18. Nabeshima T, Loan HT, Inoue S, et al. Evidence of frequent introductions of Japanese encephalitis virus from south-east Asia and continental east Asia to Japan. *J Gen Virol.* 2009; 90: 827–32.
19. Jan LR, Yueh YY, Wu YC, et al. Genetic variation of Japanese encephalitis virus in Taiwan. *Am J Trop Med Hyg.* 2000; 62: 446–52.
20. Shu PY, Chang SF, Kuo YC, et al. Development of Group- and Serotype-Specific One-Step SYBR Green I Real-Time Reverse Transcription-PCR for Dengue Virus. *J Clin Microbiol.* 2003; 41: 2408–16.

臺灣東部首起本土登革熱群聚事件

劉明經*、黃文雯、黃國豪、李美珠、王任鑫

摘要

2014 年底至 2015 年初，臺東縣太麻里鄉金崙村內確診 13 例本土登革熱個案，本案係 1998 年臺灣登革熱開始進行通報後，東部首起區域性本土登革熱群聚疫情。本文回顧並探討疫情期間各項防疫作為，以提供地方防治參考。經彙整疫調資料及實地社區訪查後顯示，大多數病例於通報時已過病毒血症期，致無法即時掌握疫情防治關鍵時期；疫情調查未詳細紀錄首波感染者平日活動地點，使相關防治措施未能有效介入；社區民眾未能重視病媒蚊孳生源清除；醫療端對於疑似病例未能提高警覺及時通報。綜上，小型社區平時應加強登革熱衛教宣導，當傳播風險提高或疫情發生時，除落實病媒蚊密度調查及地毯式孳生源清除外，另需加強基層醫療院所之衛教、風險溝通並落實通報；高風險地點疫情調查之詳實，有助於聚焦成蟲化學防治之量能，使疫情及早獲得控制。

關鍵字：登革熱、群聚事件、小型社區

前言

登革熱係由登革病毒經埃及斑蚊或白線斑蚊所傳播的急性傳染病，臺灣主要流行分布區域為臺南、高雄、屏東等南部地區，臺東縣較少有個案發生，僅在 1998、2001、2009 及 2012 年各有 1 例自其他縣市移入個案，且無任何群聚事件發生，太麻里鄉金崙村更自 1998 年來均無登革熱確定個案[1]。然在 2014 年 11 月，該村出現歷年首起本土登革熱群聚事件，對於東部地區的蟲媒防治敲響了警鐘。本文透過此次疫情的調查分析與後續檢討，提供未來小型社區登革熱防疫之參考。

疫情描述

2014 年 12 月 1 日，某南部醫院通報 1 例登革熱疑似病例（案 1，指標個案，33 歲男，營造業，彰化縣人），因參與臺九線拓寬工程，近期在金崙村工作，且居住於當地宿舍，11 月 20 日曾與未婚妻至高雄市鹽埕區挑選婚紗照，11 月 23 日出現頭痛、肌肉痛、全身紅疹就醫，12 月 1 日通報，隔日經 NS1 抗原檢測確診。地方防疫人員隨後展開擴大疫情調查，採檢 2 名同事，其中 1 人（案 2）有高雄

衛生福利部疾病管制署東區管制中心

通訊作者：劉明經*

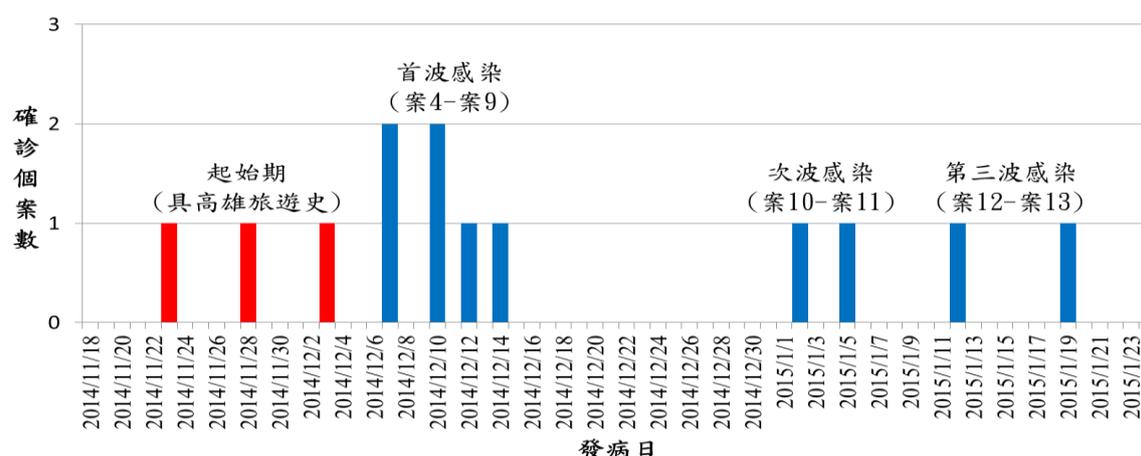
E-mail : liugem@cdc.gov.tw

投稿日期：2015 年 7 月 17 日

接受日期：2015 年 10 月 7 日

DOI : 10.6524/EB.20160412.32(7).002

旅遊史，並於 12 月 4 日確診。12 月 10 日金崙鄉衛生所再通報 1 名疑似個案（案 3），曾與女兒至高雄參加校外教學，12 月 12 日研判確診。上述案 1 至案 3 為本疫情起始期個案，隨後並造成案 4 至案 9 等當地首波社區感染個案，以及案 10 與案 11 的第二波感染，和案 12 與案 13 的第三波感染。總計自 2014 年 11 月 23 日指標個案（案 1）發病至 2015 年 1 月 19 日共累計 13 名登革熱陽性個案，持續監測至 2 月 16 日無新增通報及確診個案，為期 85 天方解除疫情，詳細資料如圖一和表一所示。



圖一、金崙村登革熱群聚事件疫情流行曲線

表一、金崙村登革熱群聚事件確診個案資料表

編號	性別	年齡	發病日期	通報日期	發病至通報日距	通報方式	關係	就醫次數	可能感染地點	村內公共活動地點
1	男	33	11/23	12/1	8	醫院通報		2	高雄鹽埕區	自助餐店、便利商店
2	男	42	11/28	12/3	5	案 1 擴採	案 1 同事		高雄三民區	自助餐店、便利商店
3	女	39	12/3	12/10	7	醫院通報		2	高雄、金崙村	
4	女	37	12/7	12/11	4	醫院通報		2	金崙村	真耶穌教會
5	女	64	12/7	12/11	4	案 4 擴採	案 4 鄰居	1	金崙村	長老教會、菜攤
6	女	56	12/10	12/17	7	案 3 擴採		2	金崙村	長老教會、活動中心
7	女	35	12/12	12/17	5	案 3 擴採	案 6 家人		金崙村	
8	男	41	12/10	12/20	10	案 5 擴採			金崙村	案 3 檳榔攤
9	男	3	12/14	12/20	6	案 6 擴採	案 6 家人	1	金崙村	長老教會、活動中心
10	女	44	1/2 ^a	1/9 ^a	7	醫院通報		4	金崙村	真耶穌教會、菜攤
11	男	7	1/5 ^a	1/12 ^a	7	案 10 擴採	案 10 家人	3	金崙村	真耶穌教會、菜攤
12	男	38	1/12 ^a	1/14 ^a	2	醫院通報		1	金崙村	菜攤
13	女	32	1/19 ^a	1/27 ^a	8	醫院通報		4	金崙村	郵局、菜攤

^a 2015 年

感染源調查

本次疫情推測，可能感染源為指標個案（案 1）、案 2 及案 3 至高雄旅遊時被登革熱病媒蚊叮咬後遭受感染，而當其正值病毒血症期期間，在金崙村當地被病媒蚊叮咬，之後藉由此病媒蚊將登革病毒逐步散播至社區，造成本次群聚事件。

地方防治作為

第一階段（2014 年 12 月 1 日至 2014 年 12 月 10 日）：起始期（包含案 1 至案 3）

因案 1 至案 3 均具高雄旅遊史，地方防疫人員於個案確診後，針對病例居住社區，進行擴大疫情調查、衛生教育、接觸者疑似個案採檢，以及居住地環境周圍 50 公尺病媒蚊密度調查及孳生源清除等工作。當地村長亦請該村清潔隊進行環境清潔與消毒，並動員民眾進行環境清掃，且每天透過村辦公室廣播，提醒村民做好居家環境整理，清除室內外積水容器，防止孳生病媒蚊。

第二階段（2014 年 12 月 11 日至 2015 年 1 月 7 日）：首波感染（包含案 4 至案 9）

本階段陸續出現無任何國內外旅遊史之居民被確診為登革熱，臺東縣衛生局結合村長及清潔隊進行髒亂點查察，並於村內及垃圾車車身懸掛紅布條，開始進行化學防治範圍評估；太麻里鄉公所成立鄉級應變小組，並召開應變小組會議，邀請臺東縣環保局、臺東縣衛生局、鄉公所成員、清潔隊、派出所及村長等相關人員參與討論，研商防疫對策。

第三階段（2015 年 1 月 8 日至 1 月 13 日）：次波感染（包含案 10 及案 11）

此階段區管中心評估疫情並未緩解，邀請臺東縣衛生局針對本群聚事件進行溝通討論，共同研擬後續防治作為，會中決議請衛生局針對防治措施不夠落實之處加強督導，詳細調查與記錄所有確診個案在發病前 2 週（可能被感染期）與發病前 1 天至後 5 天（病毒血症期）之活動史，確立村內高風險區域，以利各項防治措施之介入。此外，也建請衛生局與當地鄰近醫療院所再次溝通，如病患符合通報定義者應立即通報，尤其是金崙村村民或有當地旅遊史者；在成蟲化學防治方面，評估將病患活動聚集地納入防治範圍，且於室外防治時妥善使用熱煙霧機進行空間噴灑。

第四階段（2015 年 1 月 14 日至 2 月 16 日）：第三波感染（包含案 12 及案 13）

衛生局積極督導執行第三階段之建議措施，再次函文轄內醫療院所針對有金崙村活動史民眾加強診斷及通報，並針對個案住家與住家周圍 50 公尺範圍及個案活動的高風險地點，如教會、社區活動中心、市場等，施行第 5 次成蟲化學防治。

區管中心督導作為

區管中心機動防疫隊自疫情發生後，共進行 8 次病媒蚊密度複查、孳生源清除及村民衛教溝通、社區環境髒亂點查察、督導輔助性成蟲化學防治作業與防治後成效評估等，並於 2014 年 12 月 24 日派員參加「太麻里鄉登革熱疫情應變小組聯繫會議」討論後續防治作為。此外，為落實疫情防治，於 2015 年 1 月 14 日主動

召開「臺東縣太麻里鄉金崙村登革熱群聚事件討論會議」，並依據防治工作指引之「緊急防治策略及流行疫情處理」[2]，與地方共同檢討防治作為，包括：

- 一、就金崙村特性，設計「登革熱疫調單」，轉衛生所進行個案活動史調查，並具體匡列村內高風險地點，如社區教會、天主堂、活動中心與菜攤等地。
- 二、請地方加強社區診所之衛教溝通，並請醫師看診時如察覺病患症狀符合登革熱通報定義者應立即通報。
- 三、登革熱通報或確定病例之處置，除進行強制孳生源清除、擴大疫情調查外，應依評估進行化學防治，以降低帶病毒成蚊傳播登革熱之風險。

綜上，區管中心設計緊急防治工作檢核表（表二），以檢視各項防疫措施落實度，並提供日後防治之參考與應用。

表二、金崙村登革熱群聚事件緊急防治工作檢核表

	案 1	案 2	案 3	案 4	案 5	案 6	案 7	案 8	案 9	案 10	案 11	案 12	案 13
1.疑似病例通報後，應於 24 小時內調查其發病前 2 週與病毒血症期之活動地點	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	●	●	●	●
2.疑似病例通報後 48 小時內，於病例可能感染地點及病毒血症期間停留地點之周圍家戶內外，進行孳生源清除與查核工作	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
3.疑似病例通報後，盡速至可能感染地點或病毒血症期停留地點附近之住家或場所，加強實施衛生教育	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
4.疑似病例通報後，對該區醫院診所加強訪視、衛教與告知疫情，並提醒醫師提高通報警覺，尤其對確定病例曾就診而未被通報之醫院診所	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
5.疑似病例通報後，於強制孳生源清除後，依相關資料綜合研判及評估實施成蟲化學防治措施	◎	◎	◎	◎	◎	●	●	●	●	●	●	●	●
6.確定病例報告後 24 小時內應進行擴大疫調。應以病例住家/活動地為中心，盡速對病例周圍民眾進行健康監視，疑似症狀者應採血送驗	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●	●
7.擴大疫調時，訪查病例住家附近醫院診所，抄錄病例發病日前 1 個月內曾就醫且與病例有地緣關係之患者名單，逐一訪視並完成送驗	○	○	○	●	○	●	○	○	○	○	○	○	○
8.應落實宣導社區民眾正確病媒蚊防治認知，凝聚社區意識並動員清除孳生源	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎	◎

註：●表示該項措施已落實完成；◎表示該項措施有執行但尚有改善空間；○表示該項措施未執行

討論與建議

本次疫情雖最終控制在金崙村內，未擴散至其他村里，但仍耗費近 3 個月才宣告結束，為降低此類小型社區登革熱群聚事件發生的風險，本文針對此次疫情防治處理與策略做一綜合檢討，並提出相關建議如下：

- 一、疫情起始期及首波感染期未能詳細調查高風險地點，錯失及時防治時機及方向，建議於疫情調查時，即應依循工作指引，儘可能詢問出個案活動地點，以確立村內高風險區域，擬定防治策略，才能有效防堵疫情蔓延。
- 二、當地衛生局所雖動員 34 次孳生源清除，但效果不甚理想，疫情並未隨多次孳生源清除而受控制，也曾出現地方防疫人員病媒蚊密度調查 1 級，而複查密度卻高達 3 級的情況，追究其原因在於當地未曾出現疫情，查核時大多只進行戶外查核，建議後續應加強地方防疫人員孳生源清除的教育訓練，以增強防疫量能。
- 三、本群聚件有 3 例(23.1%)個案就醫次數達 3 次以上，8 例(61.5%)個案發病超過 5 日才被通報。建議在登革熱流行期間，醫師如認為符合登革熱通報條件者即應通報，以及早防治，如能在病毒血症期立即介入並採取有效防治措施，則可有很大的機會避免疫情擴大。就本次疫情來說，13 例確定病例從發病到被通報的平均日距和就醫次數分別為 6.2 日和 2.2 次，雖與過去臺北市士林區登革熱群聚案件的 6.1 日和 2.4 次相近[3]，但也同樣顯示民眾與醫事人員的警覺性與衛教訊息不足。故建議除加強醫事人員登革熱診斷治療教育訓練外，應親訪醫療院所傳達疫情現況，以提升其警覺性，必要時抄錄病例發病日一個月內，曾至醫院診所就醫，且與病例（感染地、工作或活動地點）有地緣關係之疑似個案進行訪視，並採檢送驗。
- 四、強制孳生源清除工作應視評估結果配合進行輔助性成蟲化學防治，因確診個案周遭可能已有具傳染力病媒蚊存在，此時若能針對調查發病前 2 週以及發病後 1 週的活動地點，於必要時施行成蟲化學防治措施，配合孳生源清除，兩者相輔相成，將有很大的機會阻斷疫情之擴散。
- 五、村長雖每日進行廣播，提醒村民防疫知識與凝聚社區防疫共識，鼓勵村民參與防疫並落實自主環境管理，但仍未能提升社區民眾對於登革熱防治的警覺與重視。以致防疫人員多次進行病媒蚊調查時，仍在盆栽底盤發現積水、資源回收大小瓶罐也未見覆蓋帆布，導致下雨時容器積水。建議後續應強化溝通技能，引導居民主動進行住家戶內外積水容器的自我檢查，與清除孳生源等工作。

結語

本次疫情大抵是因具有高雄旅遊史個案被感染後回到金崙村，而引發當地登革熱群聚事件。回顧本次疫情初期，未能即時進行社區訪查與落實疫情調查、病媒蚊孳生源清除與查核經驗不足、對村民及醫療院所未達有效溝通、施行輔助性的成蟲化學防治措施的時間與地點未能妥善規劃、社區動員未充分發揮功能等，錯失及早阻絕疫情的時機。後續經衛生局與區管中心的通力合作，補強相關環節，始有效遏止登革熱疫情持續蔓延。未來關於類似金崙村的小型社區，如能根據緊急防治工作檢核表及早落實各項防治作業，相信有很大的機會於疫情初期阻斷登革熱的傳播。

致謝

感謝臺東縣太麻里鄉衛生所、金峰鄉衛生所、臺東縣衛生局等相關防治工作人員之努力與協助，疫情得以獲得控制。

參考文獻

1. 衛生福利部疾病管制署：衛生福利部疾病管制署傳染病統計資料查詢系統。
取自：<http://nidss.cdc.gov.tw/ch/Default.aspx>。
2. 衛生福利部疾病管制署：登革熱／屈公病防治工作指引。第八版。臺北：衛生福利部疾病管制署，2015。
3. 潘韋靈、蔡璧妃、陳紫君等：2011年臺北市士林區本土登革熱群聚事件。
疫情報導 2013; 29(11): 149–55。

日期：2016 年第 11—13 週 (2016/3/13—4/2)

DOI: 10.6524/EB.20160412.32(7).003

疫情概要：

流感疫情逐漸趨緩；類流感門急診就診人次及流感併發重症通報數持續下降；近一週社區流行病毒 B 型約占八成。腸病毒尚未進入流行期，惟國內持續檢出腸病毒 71 型病毒，呼籲民眾加強個人衛生，留意嬰幼兒重症前兆病徵。登革熱境外移入病例持續發生，近期南台灣平均氣溫約達 25 度，適合病媒蚊生長，需嚴防本土疫情出現。

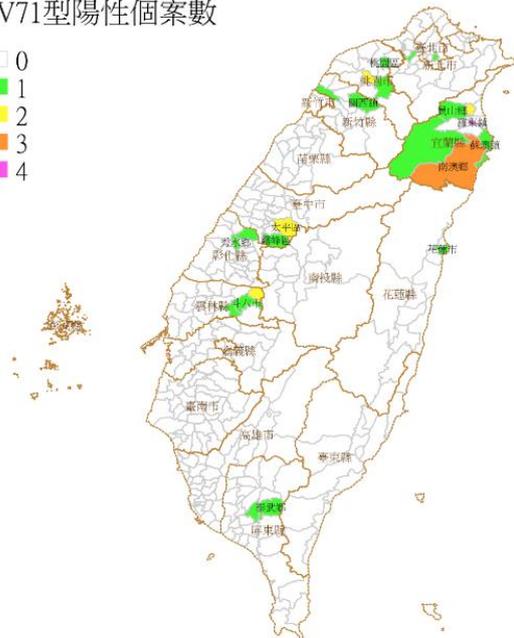
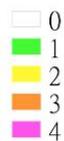
中國大陸流感疫情呈上升，主要流行型別為 B 型；全球茲卡病毒疫情持續，其中以中南美洲及加勒比海地區疫情最為嚴峻，亞洲地區之泰國、馬爾地夫、菲律賓及越南亦有本土疫情，孕婦及計劃懷孕婦女請暫緩前往流行地區，一般民眾前往應做好防蚊措施，離開流行地區後 28 天內性行為應使用保險套。

一、腸病毒

- (一)第 13 週門急診腸病毒就診達 4,392 人次，尚未達預警值(6,000 人次)。
- (二)第 13 週新增檢出 2 件腸病毒 71 型陽性，今年累計 7 件，其中 1 例重症(彰化縣彰化市)。2015 年下半年檢出 25 件。
- (三)第 11 週社區腸病毒主要流行型別為 Coxsackie A。

縣市	鄉鎮市區
台北市	信義區
新北市	新莊區
宜蘭縣	大同鄉、宜蘭市、南澳鄉、羅東鎮、蘇澳鎮、員山鄉
桃園市	平鎮區、大溪區、桃園區
新竹縣	竹北市、關西鎮
台中市	太平區、霧峰區
彰化縣	秀水鄉、彰化市
雲林縣	斗六市、斗南鎮、林內鄉
屏東縣	萬巒鄉、泰武鄉
花蓮縣	花蓮市

EV71 型陽性個案數



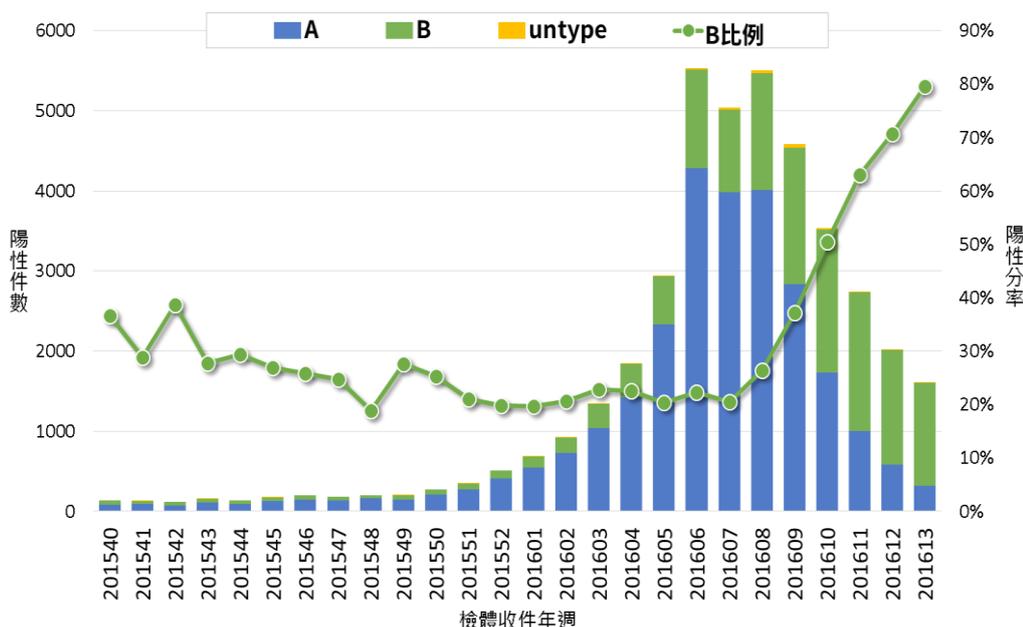
紅字粗體：新增檢出 黑字粗體：2016 年檢出

圖一、2015 年下半年起檢出腸病毒 71 陽性個案分布

二、流感

(一)國內疫情

- 1.今年第 13 週門急診類流感就診人次及病例百分比前一週下降。
- 2.近一週社區流行病毒 B 型流感占八成；近四週流行株與疫苗株吻合度 H1N1 及 H3N2 均為 100%，B 型為 41%；未發現抗藥性。
- 3.本流感季累計 1,907 例流感併發重症病例(78% H1N1、8% H3N2、4% A 未分型、10% B 型)，推估本流感季約 314 例與流感相關死亡。



圖二、實驗室傳染病自動通報系統(LARS)流感陽性率

(二)國際疫情

趨勢 國家	2015-2016年流感季			
	活動度	週別	監測值	主要流行型別
中國大陸	上升	第12週	陽性率：全國36.4% (南方33.8%，北方39.4%)	B型(Victoria為主)
韓國	持平	第13週	門診就診千分比：30.5	B型
歐洲	下降	第12週	定點陽性率：46%	B型(Victoria為主)
加拿大	下降	第12週	陽性率：30%	B型
美國	下降	第12週	陽性率：18.3%	H1N1型
香港	下降	第13週	陽性率：20.95%	B型
日本	下降	第12週	定醫平均報告數：13.81	B型

三、茲卡病毒感染症

(一)國際疫情

1. **新增越南**：越南 4/5 公布確診首 2 名病例，分別居住於中南部慶和省及胡志明市，其中一名為孕婦，初步調查判定係遭當地蚊媒叮咬而感染；周遭親友經檢驗均陰性；提升越南旅遊疫情建議至警示(Alert)。

2. **全球**：世界衛生組織(WHO)公布全球自 2007-2016/3/30 累計至少 61 國家/屬地具本土疫情紀錄

(1) 46 個國家/屬地現正具流行疫情，主要仍集中於中南美洲及加勒比海地區(33 國)，亞洲地區則為泰國、馬爾地夫、菲律賓及越南，旅遊疫情建議列為警示(Alert)。

(2) 亞洲柬埔寨、印尼、馬來西亞、寮國、孟加拉、大洋洲巴布亞紐幾內亞及非洲加彭共 7 個過去具散發疫情，旅遊疫情建議列為注意(Watch)。

(3) 美、義、法、紐、阿根廷、智利累計 6 國，出現非蟲媒傳播(疑似性傳播)本土病例，另庫克群島等 4 國疫情結束，經評估到當地感染風險極低，故未列入旅遊警示。

(二)WHO 3/31 週報表示，基於現有研究，對於茲卡病毒為 GBS、小頭畸形及其他神經系統異常之致病原因已具強烈科學共識。

四、伊波拉病毒感染

(一) **幾內亞**：WHO 3/30 公布疫情再現，迄今累計 3 例疑似及 5 例確診，均於東南部恩澤雷科雷省發病，所有確診個案均與 3 名死亡疑似病例有關；1 名確診病例之病毒定序結果顯示與該國 2014 年 11 月東南部流行型別具高度相似。

(二) **賴比瑞亞**：WHO 4/4 公布新增 2 名確診，為母子，初步調查 30 歲個案原居住於幾內亞，因案夫不明原因死亡，與三名孩子赴賴國首都蒙羅維亞(Monrovia)，之後發病、住院死亡，其中 5 歲兒子治療中。

(三)WHO 於 3/29 第 9 次緊急會議表示，鑑於西非幾內亞、獅子山、賴比瑞亞均已達阻斷伊波拉病毒原始傳播鏈之標準，雖仍出現零星疫情，但該等國家已具可即時因應能力，評估現造成國際間傳播風險低，故宣布西非伊波拉疫情解除國際間關注公共衛生緊急事件狀態。本署評估國人造訪當地感染風險極低，故解除西非幾內亞、獅子山及賴比瑞亞三國之伊波拉病毒感染旅遊疫情建議。3/30 公布西非三國累計 28,610 例，11,308 例死亡。

五、中東呼吸症候群冠狀病毒

(一) **沙烏地阿拉伯**：近期新增病例數略緩，3/28-4/5 新增 5 例(2 例死亡)，個案年齡介於 55-75 歲，其中 1 例與近期中部醫院群聚有關、2 例原發病例具駱駝暴露史；該國迄今累計 1,367 例，584 例死亡。

(二) **全球**：WHO 3/23 更新累計 1,698 例確診，609 例死亡；另依據各國官網公布數，截至 4/5 共計 1,720 例確診。

六、拉薩熱

- (一)奈及利亞、貝南：自去年底發生疫情，奈及利亞部分州別致死率較高與延遲診斷有關，該兩國邊境疫情似有擴散趨勢；鄰國多哥北部曼戈(Mango)市近期亦傳出疫情，累計 84 例疑似病例。
- (二)德國、美國：近期各新增 1 例自多哥移入病例，美國籍 47 歲醫師及 33 歲護士，均於多哥北部某醫院工作，33 歲個案於當地曾照護該名醫師，之後兩人分別後送至德國科隆、美國亞特蘭大後確診；47 歲個案已死亡，另曾接觸其屍體之一名科隆殯儀館員工亦確診感染，現隔離。
- (三)奈及利亞、貝南及多哥拉薩熱旅遊疫情建議至注意(Watch)。

七、黃熱病

- (一)安哥拉：自 2015 年 12 月底起自首都魯安達(Luanda)發生疫情，迄至今年 3/21 累計約 9 成行政區通報逾 1,100 例疑似病例，375 例確診(33%)，168 人死亡，近 7 成病例數及死亡數集中魯安達，該地自 2 月中起加強疫苗接種，惟現疫苗涵蓋率僅達 83%；近期中國大陸、肯亞及剛果民主共和國均出現自安哥拉移入病例。
- (二)WHO 將此疫情列為緊急應變框架(Emergency Response Framework)第二級，將加強疫苗接種、蟲媒及邊境防控等措施以避免發生國際間擴散風險，但目前不建議對安哥拉進行任何經貿旅遊限制。
- (三)提升安哥拉黃熱病旅遊疫情建議至注意(Watch)。

- 八、麻疹：**蒙古**今年截至 2 月中累計約 2,700 例疑似病例，其中 420 例經實驗室確診，較去年同期大幅增加；2015 年全年約 1,600 例確診。提升蒙古麻疹旅遊疫情建議至注意(Watch)。

九、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、 蒙古			2016/3/29

黑字粗體：疫情更新

(續上頁表格) 國際間旅遊疫情建議等級表

疫情	國家/地區	等級	旅行建議	發布日期
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
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 33 國/屬地、 大洋洲 8 國/屬地、 亞洲 4 國、非洲 1 國	第二級 警示(Alert)	對當地採取 加強防護	2016/4/6
	柬埔寨、印尼、馬來西亞、 寮國、加彭、 孟加拉、 巴布亞紐幾內亞	第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的 一般預防措施	2016/3/18
拉薩熱	奈及利亞、貝南、多哥	第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的 一般預防措施	2016/3/22
黃熱病	安哥拉	第一級 注意(Watch)	提醒遵守當地的 一般預防措施	2016/3/22

黑字粗體：疫情更新

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

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/>

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