

出國報告（出國類別：國際會議）

參加 2013 年新興傳染病與監測國際會議 報告

服務機關：衛生署疾病管制局
姓名職稱：余燦華 薦任技士
派赴國家：奧地利
出國期間：2013/2/14~2013/2/20
報告日期：2013/4/9

目 次

摘要.....	1
目的.....	2
過程.....	3
心得及建議.....	20
參考文獻.....	21

摘要

2013 年新興傳染病與監測國際會議(International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance, IMED)是由 ISID 及 ProMED-mail、EcoHealth Alliance、ECDC、ESCMID、FAO、HealthMap、OIE 等相關單位針對新興傳染病共同辦理之國際性研討會議，該會議每二年會舉辦一次，此次是第四屆會議並選擇在維也納舉行，該會議針對全球新興傳染病依不同議題進行研討，是獲知各國對新興傳染病防治現況/發展/實務經驗/研究發展/新知等訊息的重要管道。

該會議計有來自 98 個國家超過 700 位與會者參與研討，並有超過 360 篇海報論文發表，其主題從疾病監測/通報/流行模式到抗生素抗藥性乃至於新興傳染病疫苗和診斷等 12 個主題。IMED 國際研討會議很實際性地提供一個一體化健康的交流平台，在這會議裏聚集了全球相關領域的專家學者互相討論切磋和分享新知。

此次會議強調了一體化健康和區域、全球合作的觀念，並從「科學論證」、「生態/生物多樣性」、「氣候變遷」、「野生動物買賣」、「宗教活動」、「經濟效益」等多重觀點探討對新興傳染病的影響，也強調包括「實驗室檢驗網絡」、「疾病監視技術」、「風險評估」、「防治策略」、「疾病無國界」等的應用，並藉由各國各項實施計畫、防治實例介紹以及經驗分享，有效增進與會人員對新興傳染病防治的交流討論，其包括有疾病監測/偵檢、實驗方法、疾病防治/治療、資料開發/應用、風險溝通和疫情因應現況/發展及新知等方面探討。

目　　的

- 一、增加對於新興傳染病防治相關訊息之瞭解，以期未來應用相關知能在新興傳染病防治工作。
- 二、藉由參與國際傳染病監測學術交流的機會，吸取國際間對新興傳染病相關訊息/新知及防治經驗，作為擬訂或修訂政策之參考。

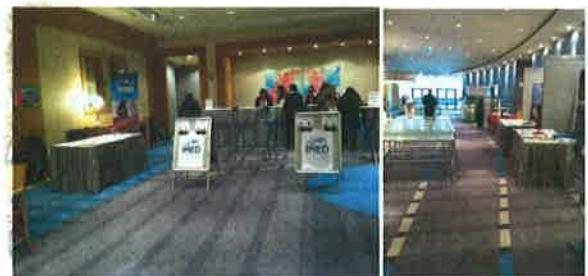
過 程

一、2月14日

搭乘14日00:20荷蘭航空KL808班機飛往阿姆斯特丹機場，並於14:10轉乘荷蘭航空KL1847班機於下午16:05飛抵奧地利維也納機場。

二、2月15日

(一) 上午完成報到手續後，了解及熟悉會議場所設置，同時參觀會場上歐盟疾病管制局(European Centre for Disease Prevention and Control; ECDC)、聯合國農糧組織(Food and Agriculture Organization of the United Nations)、國際旅遊醫學會(International Society of Travel Medicine)、世界動物衛生組織(World Organisation for Animal Health)及ProMED-mail設置之展覽櫃檯，並向ECDC洽取相關主題之技術文件及報告，做為日後之參考。



(二) 開幕典禮：首先由主辦單位國際感染症醫學會(International Society for Infectious Diseases)主席Keith



Klugman、主辦城市代表Norbert Nowotny、主辦單位代表等人致詞，包括感謝主辦單位及各協辦單位共同辦理這次大會和各國的貴賓到維也納參加此次大會並且分享新興傳染病新知及經驗，也提到新興傳染病對人類的持續威脅及需保持警戒，IMED會議是一可對病原在廣泛生態扮演角色討論整合的高峰會議，在這會議中各位與會者可以就新病原引致新興傳染病的偵測、防治、預防及治療新知和發展進行廣泛討論和探討。

(三) 參加「科學和嘩眾取寵；新興傳染病和突發事件」、「生態、生物多樣性、氣候變遷和新興傳染性疾病」、「新興傳染疾病和朝聖」等主題演講；摘錄各講題之摘要資料(Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013)如下：

1. 科學和嘩眾取寵；新興傳染病和突發事件¹

科學在時程上是較慢且具有方法學、謹慎及陳述保守、具技術性和複雜性且具有隱沒特性；而嘩眾取寵在時程上較快速且會引人注意、具絕對性、充斥誇張語句、簡單和顯著性的(會場介紹)。如果一種新興傳染疾病所造成的影響是重大的，且能有效地被早期偵測和因應，進而採取有效的控制措施和防止更進一步的影響發生，才會真正引起人們的注目和興趣，



而最好的策略就是把問題變小。10 年前 SARS 在多個國家除了直接造成人們生病和死亡之外，也對經濟和社會造成史無前例的影響，後續修訂的國際衛生條例 (International Health Regulations) 對減輕和延緩可能的國際健康事件提供助益。如果公共衛生和科學能夠更進步，就能增進偵測、控制和預防新興傳染病的能力。在適當因應和有限資源應用下，才能確保新興傳染病持續獲得關注。處在現今溝通洪流挑戰的處境，一個具有信賴性、科學性和能適當因應新興傳染病的公共衛生機關是不可或缺的。^{1(p.38)}

2. 以各種不同的觀點看待生物多樣性和公共衛生²

野生動物和環境因子在新興人畜共通傳染病所扮演的角色不但明確而且已廣泛地被證實，但許多專家和當局在 One health 領域裏的努力是較為落後的。因此我們要加強在獸醫和公共衛生之外領域的參與並提升更有效益且實用的計畫，但問題是應該是那些人、那些機關、那些組織和什麼又是有趣和值得努力嘗試的方向。而我們應該如何發現那些才是真正有效的方法？在這個講題裏介紹了現存結構性限制，並在 One health 的前提下，介紹在野生動物和環境相關領域裏共同研究、擴大影響、改善方法和強化系統性的指引和方法。^{2(p.38)}



3. 生物多樣性對整體健康的重要性³

「生物多樣性和人類健康是密不可分的，生物多樣性提供公共衛生的重要支持生態系統，而且也因為近來不斷的爭論而提供了生物多樣性保育和永續利用的良好機會。新興傳染病呈現了一個生物多樣性和生態系統與人類健康直接關聯的例子。而改變土地使用、擴展農業、野生動物和家畜買賣交易等人類行為提供了人畜共同傳染病蔓延的機會和生物多樣性的直接傷害和影響，因此人類健康不應該只是注重我們的周遭環境



而已，而目前的生態系統或一體健康的觀點允許我們更廣泛了解健康與生物多樣性的連結和公共衛生支持與生物多樣性的利用，其包括物種保育、永續族群和其它生態系統的提供。在新興傳染病的研究和防治上結合多樣性的生態族群，可提供重要的連合作用。^{3(p.38)}

4. 氣候變遷、失去生物多樣性和感染性疾病的浮現⁴

氣候變遷引致包括環境壓力增加、生物多樣性失去及沙漠化等環境因子，對社區健康影響和扮演角色是逐漸的在提升。現今人類的開發行為正快速加重環境的惡化，同時也增高人們對非傳染性和新興傳染疾病的風險，例如人類的貿易行為、氣候相關的物種移轉和其棲息領域



的改變，會造成一些先前不受疾病影響的族群更容易地蔓延疾病。極端氣候和改變中的氣候型態正威脅著人類賴以生存的食物和水安全健康支持資源。而現正面對沈重生計和傳染病健康負荷的低收入族群，是一群特別會受到氣候和環境變遷所引致健康負面效益影響的族群。氣候變遷和失去生物多樣性不但沒有幫助且會對傳染病造成影響，如果這些因素不穩定且會對我們造成危害，儘管仍然存有許多不明決定因素和互動關係，我們仍可以做出一些具科學且周延性的建議。我們應該提升疾病監測和因應的整合，善用對我們有幫助的環境訊息，朝不破壞生態系統且對人類有益方向努力。^{4(p.38)}

5. 野生動物買賣和新興傳染疾病—對生物多樣性和健康的影響⁵

近年來一些主要的新興傳染性疾病大部分源自於野生動物貯留宿主，經由動物與人接觸面的擴展和其病源的污染，提供了新興傳染疾病發生的機會，就如同過去 SARS 發生和在國際間活躍的猴痘一般，全球的野生動物買賣成為引致新興傳染疾病發生的主要來源之一。雖然



現在到處充斥著合法與非法的野生動物買賣，但也有少部分的預警性風險評估已經被發展出來做為衛生政策和疾病控制因應的參考。因為全球野生動物買賣的地理分布廣大和不明，導致生物多樣性對健康控制影響的熱烈反應。許多發展國家促使了野生動物及其產製品和需求的逐漸增加，而健康和生物多樣性的結合，則提供了更好的共同疾病監測/預測工作和減緩因野生動物買賣所導致的負面影響。^{5(p.39)}

6. 新興傳染疾病和朝聖⁶

一年一度的穆斯林朝聖是全球最大規模的宗教集會活動，在這麼多群眾聚集的期間裏，對可能引起和導致全球蔓延的傳染性疾病是一件令人擔憂的事情。為了麥加朝聖期間的疾病監測，必須強化地區性的應變準備及努力即時地整合全球傳染性疾病監視系統旅遊疫情和麥加朝聖當地疫情訊息。儘管採用了 2005 年世界衛生組織修訂的國際衛生條例，但在通報的過程和多邊協調上仍面臨到一些困難和挑戰。沙烏地阿拉伯衛生部持續和國際衛生機關合作去檢視全球傳染性疾病狀況和更新來自全球超過 185 個國家朝聖者所需的健康要求。而 2012 年在烏干達和剛果民主共和國發生的伊波熱病毒出血熱、斯里蘭卡的霍亂疫情和中東地區發生的新型冠狀病毒在考驗著國際衛生條例的堅實性。要更新麥加朝聖者的建議，必須持續謹慎地檢視全球傳染性疾病疫情。為了預防和控制在朝聖者可能發生的傳染性疾病，所有的朝聖者被要求接受如黃熱病、腦膜炎雙球菌和小兒麻痺疫苗，而流行感冒疫苗則是強烈建議接種的。要提升和促進當地和國際間的共同合作，以確保時間和資源能被有效的計畫和應用。透過應用/整合科學新知、方法和多機關合作，加強風險評估和減害的量能是預防控制疾病的基礎，而不是一味的一直由當地衛生機關努力，而且一個可信賴的新穎知識庫對未來遍布全球的麥加朝聖者是有所助益的。^{6(p.39)}



三、2月16日

(一) 參加「新興傳染病預防」、「蝙蝠和人類：立百和其它疾病感染」、「神秘的新興傳染病」等主題演講；摘錄各講題之摘要資料(Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013)如下：

1. 強化實驗室網絡和策略以面對新興和跨界傳染性疾病⁷

聯合國農糧組織的任務包括有促進經濟成長、食品認證/安全和動物健康，要達成這樣的任務必須經由早期警覺及一個可靠、穩定、透明且可分享之疾病訊息，而擔任疾病偵測和監視的國家動物健康實驗室是這任務的關鍵核心。建構一個可勝任、關鍵性和領導地位的區域性流行病學網絡、疾病監視和實驗室專家是有效處理動物跨界疾病和人畜共通傳染病所必要的策略措施，聯合國農糧組織支持獸醫實驗室和其網絡建置，



目前已達成牛瘟根除和包括一些人畜共通傳染和動物新興傳染病防治所需的早期診斷技術。而這些建置的實驗室網絡很戲劇性地受到當地中央政府和區域性經濟組織/團體的認同和支持，目前正持續維運和發展。在這些區域架構裏，每一個網絡皆同意透過加強診斷、研究量能、繪製區域缺口和資源來增進人類和動物的健康。在國際上，聯合國農糧組織和世界動物衛生組織已經建置了一個稱為 OFFLU 的動物流行性感冒專家技術網絡，藉由動物和人類健康專家的共同合作，以達成降低動物流行感冒病毒所帶來的負面影響。除此之外，聯合國農糧組織在國家層面上，也著手進行促進人類和動物健康部門的實驗室和流行病學家聯結，跨領域的在人-動物界面進行全國性禽流感風險評估。但單獨只有建置網絡並不足以克服新興動物傳染病的挑戰，應用基因性和流行病學資料發展控制動物跨界面傳染病的策略是重要且有幫助的，因此聯合國農糧組織發展連結基因學和流行病學資料的工具(EMPRES-I Genetic Module)並且提倡和提供病原基因資料的免費使用。^{7(p.40)}

2. 填補疾病監視缺口的創新：監視技術的應用⁸

現時收集疾病資訊的監視系統對動物疾病發展趨勢和傳播蔓延分析有很大的助益，儘管如此，仍然也會面臨到許多諸如低報、新興傳染疾病和新、舊病原疾病監視敏感度的挑戰和困難。缺乏及時和重複通報，意謂著動物疫情被收集了，但地區和國家及國際層級對疫情缺乏適時性分析。越來越多的資料收集、通報技術和設備的發展應用能夠改善疾病監視、早期警訊和有效因應疾病的威脅。聯合國農糧組織支持採用和設計新穎流行疫情監視和偵測新興威脅的技術，例如在孟加拉，使用症狀監視系統應用在家禽類疾病和偵測高病原性禽流感監視，是美國贊助農糧組織以簡訊進行疾病監測計畫的一部分。另外的例子，包括有在印尼和埃及推行主動參與疾病監視計畫來偵測 H5N1 高病原性禽流感，在南非推廣使用電子筆進行偏遠地區動物疾病監視的資料收集和傳送到中央流行病學單位進行分析和決策，以及以智慧型手機做為快速通報系統的技術。應用可加快疾病偵測、報告和有效因應的新技術，必須以疾病的優先順序和控制計畫的目標為基礎，這樣才能確保畜主、區域到中央的畜獸師、畜獸服務體系和區域與全球的資訊系統能即時傳達交流，而且應用新技術在疾病監視系統的成本效益和社會接受度，需要持續進行比較和證明確能有效快速即時通報疾病。^{8(p.40)}



3. 立百病毒在孟加拉果蝠的生態⁹

自 2001 年後，立百病毒是一種在孟加拉幾近每年都會造成腦炎流行的新興傳

染病，其死亡率高於 75%。人類感染有季節性，而且幾乎都在靠近西邊被稱為立百帶區域被偵測出來。我們研究蝙蝠的立百病毒以測定它們和人類感染的相關性。在這裏我們提供



一些孟加拉蝙蝠的前導性流行病學研究資料，我們從 2006 到 2012 年收集了 *Rousettus leschenaulti* (n=140)、*Cynopterus* spp (n=75) 和 *Pteropus giganteus* (n=2600) 三種蝙蝠的血液、尿液和唾液，從分屬立百帶區域內、外各 4 個地方抽樣了 800 隻的 *P. giganteus* 和對 16 隻裝置了衛星追蹤器的蝙蝠進行蹤跡追蹤。採取的樣本是以 Indirect ELISA 和 Luminex assays 進行血清抗體檢測並且以 RT-PCR 偵測立百病毒 RNA，並將從蝙蝠偵檢出的立百病毒基因序列和已發表的人類立百病毒基因序列進行比較。除了 *P. giganteus* 之外，其它的蝙蝠並沒有偵測到立百病毒和其抗體存在。在 *P. giganteus*，立百病毒血清抗體盛行率依區域不同而有所變化(20%-56%)。另外我們也有發現在單一族群的蝙蝠也有少部分的立百病毒基因序列差異存在，同時也和人類的立百病毒基因序列有所差異。而蝙蝠蹤跡追蹤顯示了一整年小範圍的蝙蝠活動型態。我們的研究顯示 *P. giganteus* 在孟加拉是立百病毒的自然宿主。而人類的立百病毒株差異，可能是因為區域性蝙蝠的病毒株差異所造成的。人類在立百帶區域的活動增加了和蝙蝠排泄物的接觸，這可能是人類感染立百病毒模式一個較重要的解釋。^{9(p.45)}

4. 立百病毒從蝙蝠到人傳人傳播-孟加拉¹⁰

從 2001 至 2012 年在孟加拉 14 次的流行疫情，有 215 例人類立百病毒感染病例被偵測出來，其中 160 例死亡，死亡率高達 75%。目前已有一包括流行病學家、人類學家、獸醫師等多重領



域的研究團隊在探討立百病毒從果蝠貯留宿主傳播給人類的途徑，其中有一半以上感染立百病毒的病例，在 12 月至 4 月間的冬天季節間，有收集食用生棗榔樹汁的危險因子。從紅外線照像機照片顯示，果蝠在夜晚經常有飛至棗榔樹舔食汁液的現象。在 2011 至 2012 年的兩次流行疫情，病例顯示有飲用由椰棗榔樹發酵而成的飲料。立百病毒也曾經由人類呼吸道分泌物、唾液和尿液分離出來。在孟加拉，次發性病例大都是和病例有親密接觸的家庭成員、親戚和朋友。在 2010 年，1 個病例只有進行屍體處理時以裸手和衣物擦去口腔分泌物和排泄物的暴露。2011 年在 Dinajpur，1 個病例只知有擁抱感染立百病毒死亡的屍體而感染病毒案例。2010 年，也有醫護人員在未著任何個人防護裝備的情況

下，對未明原因腦膜腦炎病例進行檢測的親密接觸而感染。2011 年，另一個立百病毒感染病例，是在立百病毒流行和散發病例區域收治醫院的清潔員工，因沒有穿著個人防護裝備就清理感染立百病毒病例醫療廢棄物而感染。因此，避免生食棗榔樹汁液、健康照護者加強洗手和使用防護裝備、避免接觸發燒病患分泌物，能夠預防進一步流行疫情和防止立百病毒傳播。^{10(p.45)}

5. 一體化健康-泰國立百病毒的監測¹¹

「與泰國相鄰的馬來西亞在 1998 年被證實爆發立百病毒疫情，在泰國估計有 138 種達 2 千萬隻的蝙蝠，其中包括有已被證實帶有立百病毒的外來遷入種。在泰國有超過 970 萬隻的豬隻並且和果蝠有接觸關連，但是截至目前為止，在泰國尚未有人或豬感染立百病毒報告病例。在泰國的一項研究證實了利用一體化健康方法進行疾病監視，能夠幫助調查者洞悉影響疾病傳播的流病因子，因此能幫助衛生機關更有效率的控制源自於野生動物的人畜共通傳染病。這研究是在果蝠立百病毒流行區 Wat Luang sub-district 藉著追蹤村民和果蝠來評估立百病毒暴露的風險，利用村民立百病毒血清學調查和對最近有發生腦膜炎村民進行高風險行為評估，研究同時也進行當地原生種果蝠立百病毒的傳播情形。研究期間，每個月在兩個養豬場採集豬隻血液和捕集果蝠血液、唾液和尿液進行立百病毒和抗體檢測。在一年的研究期間，並沒有發現立百病毒血清陽性個案和腦炎病例，但確認了農場捕獲的果蝠在 5 月時，立百病毒傳播有季節性上揚的波動，但並沒有豬隻感染立百病毒的證據。這研究成功的建立了以社區為基礎的疾病監視網絡並利用一體化健康方法，證實疾病跨界面傳播的可能性，而利用一體化健康方法進行研究，建立預警系統和提升警覺度亦是這研究的重要貢獻和所要倡導的。^{11(p.45)}



6. 人-動物界面的伊波拉病毒和馬堡病毒新興傳染病¹²

在中非，伊波拉和馬堡病毒是經常性的爆發流行，其疾病的死亡率一般是介於 20~90% 間。在非洲，人類徒手接觸雨林中感染病毒而生病或死亡的大猩猩、黑猩猩、果蝠、猴子、羚羊和豪豬，



已經證實會造成感染。人類感染馬堡病毒是因為常期暴露於礦坑或暴露於棲息

有 Rousettus 蝙蝠的洞穴。最近的研究顯示，Rousettus 蝙蝠可能是馬堡病毒的自然貯留宿主。2008 年菲律賓豬隻發生感染 Reston 型伊波拉病毒株，促成了人類健康機關和動物健康機關加強合作，評估 Reston 型伊波拉病毒在人類和動物的風險。豬傳播伊波拉和馬堡病毒給人類的可能途徑，包括有農場觸摸、屠宰過程、肉品準備、食物鏈、異種移植、疫苗和化粧品等等，後來的實驗性感染試驗，證實了豬隻主要是在呼吸道複製高效價的薩伊型伊波拉病毒，因此證實了一個未被預期的病毒複製和排放位置，而這和病毒的傳播是有所關連。其它的實驗顯示了薩伊型伊波拉病毒從豬傳播到恆猴並不需要直接接觸，而最近的研究報告也顯示了印度猩猩、許多中國蝙蝠、孟加拉 Rousettus 蝙蝠感染伊波拉病毒的血清學證據。另外一種新命名為 Lloviu 的線狀病毒，也被證實存在於西班牙洞穴中的食蟲蝙蝠，而且越來越多的證據顯示，從非洲到亞洲的野生動物感染有線狀病毒。而伊波拉和馬堡病毒被認為可能是併存在於翼足類的果蝠家族中。最近在豬隻接種病毒試驗結果顯示，豬隻在伊波拉和馬堡病毒流行期間，可能扮演著增幅動物的角色。在人類和動物界面間可能的線狀病毒傳播和感染途徑/模式，在未來爆發流行疫情時需要進一步探討研究。^{12(p.49)}

四、2月17日

(一) 參加「感染、偵測、防治：激勵的流行病學經驗」、「口蹄疫的全球防治」、「ProMED 最新訊息的討論」、「疾病監視」等口頭發表及主題演講；摘錄口頭發表各講題之摘要資料(Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013)如下：

1. 尼日霍亂和其它腹瀉疾病監視系統評估¹³

霍亂在奈及利亞經常發生流行，在 2010 和 2011 年分別有 41,936 例(致死率約 4.1%)和 23,366 例(致死率約 3.2%)報告病例。尼日在 2011 年有 2,472 例霍亂病例和 45,111 例其它腹瀉病例，為了測定和評估尼日霍亂和其它腹瀉疾病監視系統的效能和影響因子，2012 年 7 月研究團隊採用疾病管制局的疾病監視系統評估指引、利用深度訪談收取重要資訊、檢視霍亂整備和應變行動計畫、進行實驗室評估和分析 2007~2012 年監測資料。結果顯示該監視系統是屬早期偵測並且偏向證據決策設置，其病例定義對 5 歲或以上有急性腹瀉而不論有無嘔吐者具有高敏感度。這系統平時屬於被動監視，為政府資金設置系統，在疾病流行時，則為主動監視，訊息來源包括有正式和非正式管道，而且能簡易地整合入疾病監視因應系統，其疾病定義簡明但因需實驗室的確認，使得它變成疾病監視複合體，這監視系統從發生、確認到因應需 24~48 小時，系統的可接受度高，即時通報率為 68.7%，而實驗室具有分離霍亂弧菌能力但

沒有檢體運送培養液和霍亂弧菌檢測套裝試劑。整個評估結果顯示，這疾病監測系統符合霍亂疾病早期偵測和因應的設置目的，系統簡易、穩定度高、具彈度且敏感，但資料品質不佳且陽性預測值低，實驗室檢驗能力弱和中等時效性，建議該系統能以網際網路架構解決通報即時性和資料品質，並且應能提供實驗室檢驗耗材。^{13(p.52)}

2. 朝聖期間的疾病監測：印尼朝聖者死亡的型態和致因¹⁴

每年有超過 20 萬的印尼人進行朝聖，其中有 10% 的人為國際朝聖者，朝聖是極需體力且在這大型集會也提供傳染病傳播機會並且會加重慢性疾病的病況。每年印尼朝聖者的死亡率為每 10 萬人口 200 至 380 間，而造成如此高死亡率的原因尚未被全面性探討。2008 年，研究團隊為評估印尼朝聖者在朝聖期間死亡的型態和致因，在朝聖者離境前先進行醫學檢查以確認是否適合旅行和接受腦膜炎疫苗，而在朝聖期間，一位醫師和兩名護士隨每群搭機朝聖者前往並且進行健康監測，對於死亡者，在沙烏地阿拉伯的印尼公共衛生團隊會建立包括地理和死因資料。2008 年計有 206,831 名印尼人前往朝聖，在這些人當中如果是身體狀況不佳或年齡超過 60 歲者會被歸類為高危險者。朝聖期間總共有 446 名朝聖者死亡，其每 10 萬人死亡率為 216，死亡率和年齡具有顯著性相關。大部死亡者都發生在麥加(305 人)，接著依序為麥地那市(106 人)和吉達。當大部分朝聖者在麥加時，週死亡率高峰落在第 6 週，後持續到朝聖結束後 4 週。而先到麥加城的死亡高峰比那些先到麥地那市後再到麥加城較早出現。大部分死亡者死因是因為心血管疾病(n=292, 66%)和呼吸道疾病(n=126, 28%)致死。這麥加朝聖期間的疾病監測研究結果，可以作為健康新政策發展的重要參考，先到麥地那市後再到麥加城可能提供更多時間供朝聖者適應沙烏地阿拉伯當地和朝聖狀況，因此如果安排這樣的行程並且結合其它的預防措施，可能更適合那些高危險群朝聖者，這樣的經驗可提供其它國家參考。^{14(p.52)}



3. 歐盟疾病管制局/北歐共同合作傳染性疾病控制計畫-2012 年在波蘭和烏克蘭的流行病學監視作為¹⁵

在 2012 年 6 月 8 日到 7 月 1 日歐洲足球冠軍杯賽期間，將近有 2 百萬人前往波蘭和烏克蘭，為了偵測和評估在這大型集會的潛在健康威脅，在當地的城市設計和實施了一個包括事件監視的流行病學資料監視行動。這監視作為可自動和半自動的選擇收集官方和非官方公共衛生訊息，另外北歐共同合作傳染性疾病控制計畫的參與城市和鄰近城市，亦會每天



提供人工收集/篩檢訊息結果。所有的這些訊息都會依照先前訂定的相關公共衛生標準進行篩檢，所有的相關事件經確認後都會分享給地主城市。世界衛生組織和北歐共同合作傳染性疾病控制計畫網絡會再進一步確認和評估後，在歐盟疾病管制局的每日公報分享給伙伴們。在這期間確認了 114 個潛在公共衛生事件，其中 76 件是屬於地主城市，30 件屬於參與城市，8 件屬於鄰近城市。在地主城市的 76 件事件當中，我們評估和確認了 39 件可能會對地主城市發生公共衛生威脅事件，11 件可能會對前往這些城市的人產生健康威脅，但這些事件直到結束後都沒有發生。歐洲足球冠軍杯賽期間，行動團隊持續監視/評估媒體訊息及其它健康管道，並沒有發現任何公共衛生威脅和事件發生，這顯示了這流行病學資料監視行動可即時提供潛在可能發生的公共衛生威脅訊息和採取適當措施。根據這次和先前的經驗，建議使用多重事件監視基礎的網路系統當做監測和評估感染性疾病的公共衛生風險是很實際的作法。^{15(p.53)}

4. 東非和中非對新興傳染病爆發流行調查和因應量能提升¹⁶

在人-野生動物-家畜界面間影響人類健康的感染性疾病正在快速改變，這些事件是經常性發生在疾病預防和控制資源匱乏的熱帶地區。美國國際發展局對抗新興人畜共通傳染病大流行計畫是一運用強化田野訓練、教育訓練、支持政府部門和大學以促進新興傳染病調查和因應量能提升的計畫。對抗新興人畜共通傳染病大流行計畫是和非洲田野流行病網絡、



Makerere 大學獸醫學院共同合作計畫，現在已經是第二年在烏干達成功地運用一體化健康方法，聚焦在獸醫公共衛生碩士學程的流行學訓練課程上。這計畫目的是為能在烏干達、盧安達、肯亞、坦尚尼亞、衣索比亞和剛果共和國多領域碩士學程裏，培養運用一體化健康方法進行疾病爆發流行調查和因應量能提升。這些訓練團隊支持他們政府對現有和未來可能面對的新興傳染病威脅進行調查和因應，在為期 24 個月的訓練計畫，有以一體化健康方法和以田野為基礎的多面向和親自動手處理的新興及再浮現傳染病疾病監視、流行調查、因應和評估訓練，現這計畫當中有 5 個研究學員，應用大約 75% 的時間在進行田野調查。在 2011 年，他們參與了伊波拉毒、布魯氏桿菌和傷寒的疫情調查，發展狂犬病和手足口症的疾病監視策略，並且分析動物健康監視資料。現在他們分別到了 5 個省份進行一個感染性監測系統前導計畫，而下一期在 2013 年 1 月開始，將會有來自 6 個非洲國家學員。非洲田野流行病學網絡的伙伴，主要來自於烏干達農業、健康和環境部門，他們現正運用一體化健康方法進行新興及再浮現傳染病的監視、調查和因應，持續的支持和完成類似這樣的訓練計畫，將能有效促進這區域對疾病爆發流行的因應量能。

^{16(p.53)}

5. 美國人畜共通傳染病流行疫情的特性分析¹⁷

人畜共通傳染病在疾病監視和通報分離的情形是不爭的事實，加強獸醫部門和人類醫學部門間的合作也是很清楚的方向。人畜共通傳染病對公共衛生的威脅是越來越增加，因此更了解人畜共通傳病的偵測作為，在美國是很重要的。為了了解 1998~2008 年間在美國人畜共通傳染病是由那些部門進行偵測和其對流行疫情的偵測速度，研究團隊利用 ProMed-Mail 有關人畜共通傳染病資料和 MMR 資料建立了資料庫，收集包括由誰偵測爆發、影響物種和發生物種源頭等資料，並利用單變項和雙變項統計方法進行特性分析。結果總共有 101 次流行疫情被鑑別出來，其中 61%是由可能做為生物戰劑病原所引起，80%的流行疫情是發生在人類和 1 種或以上的其他物種。而流行疫情大部分是由實驗室所偵測出來(49%)，其通報時間中位數是 13 天(0~492 天)，實驗室和臨床醫師偵測流行疫情比州政府機關更為快速，而偵測時間在動物和人類部門間並沒有差異，各疾病別的傳播模式、物種源頭和主要症狀並不會影響偵測時間。因為動物健康部門和人類健康部門間的分離，使得人畜共通傳染的偵測通常是複雜的，而物種對流行疫情偵測時間的影響仍是不清楚的，因為州政府機關對流行疫情的偵測比臨床醫師和實驗室來得慢，所以一個敏銳臨床醫師和實驗室電子通報系統對快速偵測疾病、資料收集分析和辨別是動物或人類間的人畜共通傳染病流行疫情是很重要且被建議的。^{17(p.53)}



6. 2009 年 H1N1 流行性感冒全球大流行死亡率估計-世界衛生組織全球大流行死亡率評估計畫¹⁸

2009 年 H1N1 流行性感冒大流行所造成的全球疾病死亡負擔有許多不確定的事物被討論著，當時世界衛生組織在 2010 年 8 月公開宣布大流行結束時，已經收到 18,500 例實驗室確認的死亡病例，這樣的現象顯然是低估了真正的疾病負擔，而且並沒有提供地理因素對這大流行影響的正確評估。因此，世界衛生組織全球大流行死亡率評估計畫針對 2009 年 H1N1 流行性感冒大流行做出健全且保守的疾病死亡負擔，包括有區域性、全球性以及經年齡分層的疾病負擔和死因別。該計畫利用兩階段模式估計出全球性疾病死亡負擔，在第 1 階段，研究團隊收集了足夠的死亡率資料(包括死因別和年齡別)和全世界 21 個國家每週病毒學資料，其中 4 個在美洲，9 個在歐洲，7 個在西太平洋(包括中國大陸)，1 個在非洲(南美洲)，然後運用複迴歸模式估計年齡別和死因別的大流行疾病死亡負擔。第 2 階段研究團隊使用 4 個不同統計方式推論其它國家的估計值。研究團隊歸因了全球 H1N1 流行性感冒大流行中有 144,000 到 189,000 例因呼吸道因素死亡，其中有 61% 是小於 65 歲。



死亡率在不同地區有不同的變化，其中美洲較其它地區，特別是歐洲有較高的死亡率。在嘗試以所有死因別和心臟-呼吸道死亡率進行疾病死亡負擔估計，但除了少數幾個國家之外，並沒有分析估計出具有顯著性意義的疾病死亡負擔。2009 年整個 H1N1 流行性感冒大流行對全球死亡率的影響和季節性流感不同，無論如何，因為傷亡年輕族群的平均年齡和地理分布的嚴重程度具有異質性，因此 2009 年的大流行是一具顯著性意義的全球健康事件。^{18(p.54)}

7. 以馴養鳥類做為西尼羅熱病毒第 2 型病毒在地方動物循環的監測系統-希臘三年經驗¹⁹

2012 年西尼羅熱在希臘造成 382 例侵犯人類神經系統病例，而馬匹也遭受波及。在美國和歐洲有針對西尼羅熱病毒第 1 型病毒的研究，但對於第 2 型病毒的循環所知不多。希臘從 2010 年即持續對家鴿、雞隻、鳥隻的西尼羅熱病毒監視系統進行效益評估。在 2010 年末和 2011 年的流行疫情期間，研究團隊利用 ELISA 方法對不同區域 2~8 個月大的鴿隻進行西尼羅熱病毒血清陽性率測定。在 2011 和 2012 年流行疫情之後對年齡較輕的雞隻也同時進行血清學檢測。由於血清陽性率和西尼羅熱病例分布城市有關，因此在 2011 和 2012 年流行疫情期間，為了早期監測目的，針對馬其頓地區年幼鴿隻、放養雞隻進行血液檢測。同期間，也每週針對 Thessaloniki 地區馴養在籠子雞隻進行血液檢測並且利用 RT-PCR 進行病毒偵測。研究結果顯示在人類病例發生之前，三個監視系統都能有效呈現西尼羅病毒在地方循環流行，成功預測當地居民的傳播風險，健康部門因而能即時獲知和完成應變計畫。家鴿和自由放養雞隻監測系統是屬較傳統，但具有早期警報和鑑別經節肢動物傳播病毒貯留區域的成本效益，諸如此類低成本的監視系統夠輕易在大範圍區域完成且做為西尼羅熱病毒經血液傳播的一項危險指標，而重覆地在馴養在籠子雞隻進行抽樣檢測對流行疫情發展和循環流行病毒分離及分子確認則更具有情報性。^{19(p.54)}



8. 人類西尼羅熱每週病例監測-一個有效評估這疾病在歐洲演化的方法²⁰

自 2010 年起，歐洲的流行病學家和病毒學家已指出包括第 1、2 型西尼羅熱病毒在地理分布循環有擴展的趨勢。因此歐盟疾病管制局發展出一個以一週為時程的人類病例空間分布監測工具。其範圍包括有 65 個歐洲國家，收集事件監視網路系統和各國官方網路系統的西尼羅病例通報資料，並以歐盟的病例定義進行分類。使用地理資訊系統繪製出病例在每個國家的空間分布，在流行期間每週更新並且發布在歐盟的網頁(6~11 月)。在



2011 和 2012 年流行季節期間，總共分別繪製出 26 和 24 週的病例分布地圖。其中在 2011 年計有 327 個通報病例，2012 年計有 907 個通報病例，通報病例數增加和通報病例國家數增加是和區域受影響國家數有關。這個人類西尼羅病例定位工具已經被設計運用在包括捐血在內的決策支持工具，並且被許多國家的公共衛生部門、旅遊醫學網站連結。另外，這個工具在歐洲也被作為因應風險的公共衛生決策使用，並且調和、加強了歐盟對這疾病的監視和促進歐盟對這疾病流行的因變和整備。^{20(p.54)}

9. 主動參與網路監視系統的決定因素²¹

「如果感染性疾病監視網路平台能夠徵募參與對象並大規模進行監視時，那麼就能具有傳統方法的優點並且更節省成本，但失去主動參與者是進行世代追蹤研究的經常性問題。以網路監視平台進行全國性大規範研究較少被使用，研究團隊在七個歐洲國家進行監視對象主動參與類流感網路平台決定因素探討，他們以網路平台要求主動參與者填報背景資料後，每週進行症狀填報。背景資料收集了包括社會人口學、感染流行性感冒的危險程度、疫苗接種史等，而症狀資料是每週以電子郵件進行提醒填報包括呼吸道症狀、尋求和利用醫療照護的方式，假如沒有症狀，只需按一個按鍵即可完成。為了達成研究目的，以 2011~2012 年流感季節期間完成首次症狀填報後 60 天內至少有完成 2 週監測調查者為研究對象。背景資料變項為解釋變項並以相對危險性進行預測因子探討，以多變項迴歸分析評估參與決定因素的分析。結果發現抽煙者、較低教育程度與較低參與追蹤呈現顯著性相關，而年輕者較有失去追蹤的傾向，並且觀察到經由網路了解這研究計畫者，比經由傳統式媒介了解者有較低的參與傾向。因此，促使對象參與為期幾個月每週主動參與疾病監視是可能的，就如同過去傳統式的流行病學週查一般，抽煙行為、較低教育程度和年齡是參與者追蹤的決定因素，而使用疾病監視網路平台進行流行病學研究，對徵募研究對象進行追蹤而言，似乎較傳統方式無效率。^{21(p.55)}



10. 氣候變遷對藍舌病和動物出血熱疾病病媒分布影響²²

氣候變遷可能會對節肢動物病媒分布造成影響，例如原本主要在西北美洲引起藍舌病和動物出血熱病毒的病媒 (*C. sonorensis*) 向北蔓延，這研究的目的是為探討各種不同氣候變



遷情形對 *C. sonorensis* 病媒蚊在蒙大拿州和南亞伯達省的分布影響，以增進在這區域可能經由病媒蚊傳播的疾病監視做更好的努力。使用 50 筆 *C. sonorensis* 病媒蚊出現資料和海拔、陸地覆蓋率、降雨量和大氣壓力等四個變項發展出最大 entropy 分布模式，然後進行推演病媒蚊在不同氣候變遷的分布狀況。在這氣候變遷推演模式下，*C. sonorensis* 病媒蚊在 2030、2050 年的兩個主要分布趨勢被推演出來。在 2030 年模式，顯示研究區域 *C. sonorensis* 病媒蚊往西和往北地域有增加的可能性，而 2050 年也有觀察到相同的趨勢，反之 *C. sonorensis* 病媒蚊在蒙大拿州中部和亞伯達省最南邊顯示可能會有減少的情形發生。這個模式所呈現的研究結果顯示 *C. sonorensis* 病媒蚊可能的變化並且可提供一個未來進一步發展病媒監視計畫的前導和參考。^{22(p.56)}

（二）參觀 Session 21 海報論文發表。

五、2月18日

（一）參加「疾病無國界」、「大量資料、工業化和疾病監視」等主題演講；摘錄各講題之摘要資料(Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013)如下：

1. 難民營的 E 型病毒性肝炎疫情²³

「E 型病毒性肝炎是一種在發展中國家經常可見由肝炎病毒所引起的疾病，雖然先前在流離失所的人群已證實會有流行疫情發生，但是在索馬利亞難民營已經有超過 10 年沒有被證實有病例發生。2012 年 8 月 15 日，疾病管制局接獲了一件在肯亞 Dadaab 難民營發生一件急性黃疸症候群疫情通報，因此美國疾病管制局著手進行疫情調查。聯合國官員和合作伙伴對這難民營加強急性黃疸症候群監視，並且訓練健康照護者對疾病的辨認，如果眼球鞏膜發生急性黃疸症狀並且排除由其它可能潛在因素所造成，則定義為急性黃疸症候群，另外急性黃疸症候群的標準監測表格是被發展訂定出來對發生急性黃疸症狀者進行資料收集。在發生急性黃疸症狀者的同意下，進行血液樣本採集，並在肯亞奈洛比醫學研究機構和疾病管制局使用 nPCR 進行 E 型肝炎病毒檢測及 RT PCR 進行黃熱病毒檢測。結果發現在 2 個臨近 2 個肯亞村莊的難民營有報告病例發生，在 134 個育齡婦女當中有 72 位是處於中位數 17.4 週的懷孕期，其中有 10 例死亡(包括 9 例產後死亡)，致死率為 2.9%。在 92 件檢測檢體中，有 47 件是 E 型病毒性肝炎陽性(51.1%)，



而且沒有黃熱病毒陽性反應。因此 E 型病毒性肝炎仍然是難民營主要的健康威脅事件，特別是懷孕婦女。因為傳統式衛生器具的介入是困難的，因此新穎的介入措施應是要被考慮的，如果疫苗接種是可行的措施時，那麼在這族群應該優先被進行。^{23(p.63)}

2. 烏干達伊波拉病毒出血熱流行疫情²⁴

線狀病毒造成的群聚感染在烏干達有上升的趨勢，2011~2012 年期間烏干達已經經歷了 4 次線狀病毒出血熱流行疫情。在這 4 次的疫情當中，其中有 3 次是由伊波拉病毒所造成、1 次由馬堡病毒所造成的。2012 年 11 月 14 日



烏干達衛生部官方公布最後一次 Luwero 的伊波拉南蘇丹流行疫情，總共有 7 個病例(1 個可能病例和 6 個確認病例)，其中 4 例死亡。(下為會場介紹片段)烏干達為這次疫情防治成立了一防治團隊，其包括了監測和實驗室、病例處置和感染防治、社會動員、協調/資源動員和生態研究等 5 個技術委員會進行防治，並對這次疫情傳播途徑和臨床症狀進行調查，採取了包括健康照護機構感染分析、建立安全健康照護設施、病例確認和分類、強化社區和宗教領袖對葬禮採取感染控制措施、強化一般和病毒性出血熱的個人防護裝備訓練等防治措施。在次疫情防治所面臨的困難包括有標準防護措施的澈底執行不佳、當地的隔離機構必須被建立和指定、錯誤的實驗室檢驗結果導致不必要的住院、造成流行的因素模糊、伊波拉病毒感染病患復原後融入社會困難、基層難以落實廣泛感染控制政策、政府部門資源不足、多重防治措施和個人防護裝備不同、防護裝備儲備/分布不定及錯誤使用等等，在這次的疫情防治因應，也突顯出不適當的防治財政資源、生態研究增加了動物死亡和沒有建立明確的隔離機構計畫等。^{24(p.63)}

3. 從監測到預防：發展新興傳染病風險評估架構²⁵

大部分新興傳染病是人畜共通傳染性疾病，主要是由物種間接觸/傳播所引起。新興感染性疾病不斷的在持續增加，儘管它們是對全球性公共衛生影響重大並且對它們的了解是越來越增加，但仍無法預測新興傳染病在傳染給人類之前的發生。因此所有的專家群長久以來的

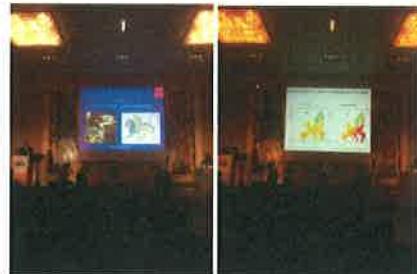


首要建議，就是建立全球性新興傳染病疾病監測和預警系統，其主要目標就是要建立評估新興人畜共通傳染病風險預測標準。近幾年來，ProMED 已經證實了實施全球性預警監視的可行性，而最近的發展則包括國際衛生條例的修

改。美國國際事務發展部於 2009 年實施的 PREDICT 計畫，主要是為了識別存在人-野生動物界面可能浮現的人畜共通傳染病病原，並且在發展中國家和全球建立實驗室和監測能力。無論如何，不管是新穎診斷技術、模式和更即時溝通能力、含蓋範圍、正確預警監視、甚至鑑定未知的微生物，有效利用這些訊息預測新興傳病在傳染給人類之前的發生，需要發展一個新興傳染病風險評估架構。例如沒有從分子資料庫建立的預測傳播能力和毒力模式，而且疾病監視能力通常僅侷限於特定疾病和物種，但儘管存在這些限制，仍然存有許多發展風險評估架構的要素，包括過去型態、已知新興病原演化比較、基因比較資料庫和識別病原的研究等。發展一個可操作的風險評估標準並且將全部人類行為整合入架構是持續且進行中的觀點。因此發展新興傳染病的預測能力，特別是源自於野生動物，需要一個能承受一體化健康和風險評估架構，儘管這是可行的，但需要進行研究和獲得政策上的支持。^{25(p.63)}

4. NDM-1 和抗生素抗藥性的國際蔓延²⁶

NDM-1 (新德里金屬 β -內醯胺酶) 的歷史不長，但却快速變成眾所注目的抗藥基因，這基因在 2009 年首先在 *Klebsiella pneumoniae* 和 *E. coli* 被描述，但在不到 4 年的時間就有超過 250 篇針對這基因的期刊文章發表。在全球有超過 50 個國家發現有這基因存在，並且指向和住院或至南亞旅行有關。NDM-1 初始可能是在過去 10~15 年間藉由兩種抗藥基因在 *Acinetobacter* 組合而成，並且很容易在細菌間移轉。NDM-1 有很大的活化位置，它能水解除了 aztreonam 以外的 β -lactam 類抗生素。另外，它通常伴隨著包括 16sRNA methylases 的許多種其他基因存在，因此泛具有氨基糖苷抗性。一般來說，典型帶有 NDM-1 的腸道菌大概攜有 6 個質體約 20~30 個抗藥基因。NDM-1 最開始是由至印度和巴基斯坦旅遊接受醫療者發現，也因此在印度造成政治性反彈並且迫使科學家進行調查研究。NDM-1 在印度的快速興起跟當地不佳的衛生環境和污染的飲水有緊密關連。在新德里一個研究調查結果顯示，發現在所有環境水檢體中的細菌帶有 NDM-1 為 30%，而最近在巴基斯坦的研究亦指出，在社區腸道菌帶有 NDM-1 的比例約在 14%~40% 之間。在孟加拉類似的研究結果亦顯示所有環境檢體中的細菌帶有 NDM-1 為 60%。綜合研究結果，建議在南亞約有 5 億人口可能存有 NDM-1。^{26(p.64)}



(二) 參觀 Session 22 海報論文發表。

六、2月 19~20 日

搭乘 19 日 17:00 荷蘭航空 KL1848 班機飛往阿姆斯特丹機場，並於 20:45 轉乘荷蘭航空 KL807 班機於 20 日下午 15:50 返抵桃園中正機場。

心得及建議

- 一、IMED 會議是國際傳染病協會(ISID)及包括 ProMED-mail、EcoHealth Alliance、ECDC、ESCMID、FAO、HealthMap、OIE 等共同合作辦理單位每二年針對新興傳染病所舉辦之國際性研討會議，會議均會針對全球新興傳染病依不同面向設計不同議題進行研討，是獲知各國對新興傳染病訊息的來源及重要管道，藉由參加此國際會議可獲知全球重要新興傳染病監測、防治及新知訊息。藉由新穎技術和科技發展的應用，強化各項疾病監測/偵檢、實驗方法、疾病防治/治療、資料開發/應用、風險溝通和疫情因應，仍是傳染病防治領域應持續努力的方向和議題。
- 二、此次會議主辦單位特別強調了一體化健康和區域、全球合作的觀念，並從「科學論證」、「生態/生物多樣性」、「氣候變遷」、「野生動物買賣」、「宗教活動」、「經濟效益」等多重觀點探討對新興傳染病的影響，也強調包括「實驗室檢驗網絡」、「疾病監視技術」、「風險評估」、「防治策略」、「疾病無國界」等面向議題，並藉由各國各項實施計畫、防治實例介紹以及經驗分享，增進與會人員對新興傳染病防治更進一步探討與交流，因此參加此國際新興傳染病與監測會議可有效增進對新興傳染病防治的知能，並可藉此會議了解國際間對新興傳染病議題現況及趨勢，建議未來仍能持續參與類此之國際研討會議，獲知及掌握各國新興傳染病監測及新知訊息，增進與各國相關新興傳染病防治及研究領域交流的機會和管道。

參考文獻

1. Schuchat A. Science and sensationalism, emerging infections and emergency! [abstract 01.001]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:38.
2. Karesh W. Different views of looking at biodiversity and health [abstract 02.001]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:38.
3. Coates D. Concerns of the biodiversity community for integrating health. [abstract 02.002]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:38.
4. Campbell-Lendrum D. Climate change, biodiversity loss, desertification and human health - the WHO Perspective [abstract 02.003]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:38.
5. Smith K. Wildlife trade and emerging diseases- Impacts on biodiversity and health. [abstract 02.004]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:39.
6. Memish Z. Emerging infectious diseases and the Hajj [abstract 03.001]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:39.
7. Claes F. Strengthening laboratory networks and strategies to meet the challenges of emerging and transboundary animal diseases (TADs) threats Rome [abstract 04.002]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:40.
8. Pinto J. Innovation to fill the gaps in disease surveillance: Participatory surveillance, applied technologies for better understanding and reporting [abstract 04.003]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:40.
9. Epstein JH. Understanding the ecology of Nipah virus in frugivorous bats in Bangladesh [abstract 07.001]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:45.
10. Sazzad HS. From bats to human-to-human transmission of Nipah virus in Bangladesh [abstract 07.002]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:45.
11. Wacharapluesadee S. "One Health" Surveillance for Nipah virus in Thailand [abstract 07.003]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:45.
12. Formenty P. Ebola and Marburg viruses emergence at the human-animal interface [abstract 09.004].

- In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:49.
13. Bashorun AT, Ahumibe A, Olugbon S, Taju A, Nguku P, Sabitu K. Evaluation of cholera and other diarrheal diseases surveillance system, Niger State, Nigeria, 2012 [abstract 12.001]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:52.
 14. Pane M, Imari S, Kandun N, Samaan G. Surveillance during Hajj: Patterns and causes of mortality amongst Indonesian pilgrims [abstract 12.002]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:52.
 15. Gherasim AM, Linina I, Rimseliene G, Paine Hallstrom L, Mantero J, Penttinen P. ECDC/EpiNorth epidemic intelligence activities during EURO 2012 in Poland and Ukraine [abstract 12.003]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:53.
 16. Amuguni HM, Odoch T, Nauma R. Improving capacity to investigate and respond to emerging infectious disease outbreaks in East and Central Africa [abstract 12.004]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:53.
 17. Allen H. Characterizing zoonotic disease outbreaks in the United States [abstract 12.005]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:53.
 18. Simonsen L, Spreeuwenberg P, Lustig R, et al. Estimating global mortality associated with the influenza A H1N1 pandemic in 2009: the WHO Global Pandemic Mortality Assessment (GLaMOR) project [abstract 12.006]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:54.
 19. Dovas CI, Chaintoutis SC, Chaskopoulou A, et al. Domestic birds as surveillance systems for monitoring West Nile virus lineage 2 enzootic circulation: three years of experience in Greece [abstract 12.007]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:54.
 20. Marrama Rakotoarivony L, Bogaardt C, Robinson E, et al. Weekly monitoring of human cases of West Nile fever: an efficient way to assess the evolution of the disease in Europe [abstract 12.008]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:54.
 21. Paolotti D, Bajardi P. Determinants of active participation in internetbased surveillance systems [abstract 12.009]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:55.
 22. Zuliani A, Massolo A, Marshall S, Lysyk TJ, Johnson G, Cork S. Effects of climate change on the distribution of bluetongue and epizootichaemorrhagic disease vector in Southern Alberta (Canada) and Montana (USA) [abstract 12.011]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on

Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:56.

23. Ahmed J. Hepatitis E outbreak at a refugee camp [abstract 19.001]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:63.
24. Duse A. Dynamics of the Uganda Ebola outbreak [abstract 19.002]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:63.
25. Morse S. From surveillance to prevention: developing a risk assessment framework for "novel" emerging infections [abstract 19.003]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:63.
26. Toleman M. NDM-1 and the international spread of antibiotic resistance [abstract 19.004]. In: Program and Abstracts of the 4th International Meeting on Emerging Diseases and Surveillance - IMED 2013. Vienna, Austria; 2013:64.