

# Ocena względnego ryzyka wystąpienia grypy ptaków na obszarze Polski

Występowanie grypy ptaków, szczególnie w wysoce patogennej formie (ang. highly pathogenic avian influenza, HPAI), zazwyczaj pociąga za sobą poważne konsekwencje epidemiologiczne i ekonomiczne. Każdego roku, zwłaszcza podczas wiosennych i jesiennych migracji dzikich ptaków, odnotowywane są nowe ogniska choroby w różnych zakątkach świata. Bardzo często dochodzi też do wtórnego rozprzestrzeniania się wirusa. Podczas największej epidemii, która miała miejsce w Polsce, w miesiącach listopad–marzec 2016/17 odnotowano 68 przypadków u dzikiego ptactwa oraz 65 ognisk choroby u drobiu domowego. Prawdopodobieństwo wystąpienia pierwotnego i wtórnego ogniska choroby związane było z obecnością tzw. czynników ryzyka. Oprogramowanie ArcGIS jeszcze przed wspomnianą epidemią umożliwiło opracowanie mapy ryzyka, obrazującej względne prawdopodobieństwo wystąpienia ogniska grypy ptaków na terytorium naszego kraju.

Do wyznaczenia obszarów podwyższonego ryzyka występowania grypy ptaków użyliśmy metody wielokryterialnego modelowania decyzji. Główną zaletą tej metody jest możliwość przeprowadzenia oceny ryzyka wystąpienia choroby w przypadku posiadania ograniczonych danych, np. w krajach w których odnotowano niewiele ognisk, a nawet tam, gdzie nie odnotowano żadnego ogniska. Pierwszą tego typu analizę przeprowadziliśmy w 2015 roku. Epidemia, która miała miejsce w sezonie 2016/17, potwierdziła jej wysoką wartość predykcyjną.

Pierwszym etapem analizy była identyfikacja czynników, których obecność przyczyniała się do wzrostu ryzyka wystąpienia choroby w różnych krajach. W tym celu dokonaliśmy przeglądu artykułów z zakresu epidemiologii wysoce zjadliwej grypy

ptaków, które pojawiły się do tej pory w światowym piśmiennictwie. W oparciu o wyniki analiz statystycznych, przeprowadzonych w krajach, w których odnotowano dużo ognisk grypy ptaków, stworzyliśmy listę potencjalnych czynników ryzyka.

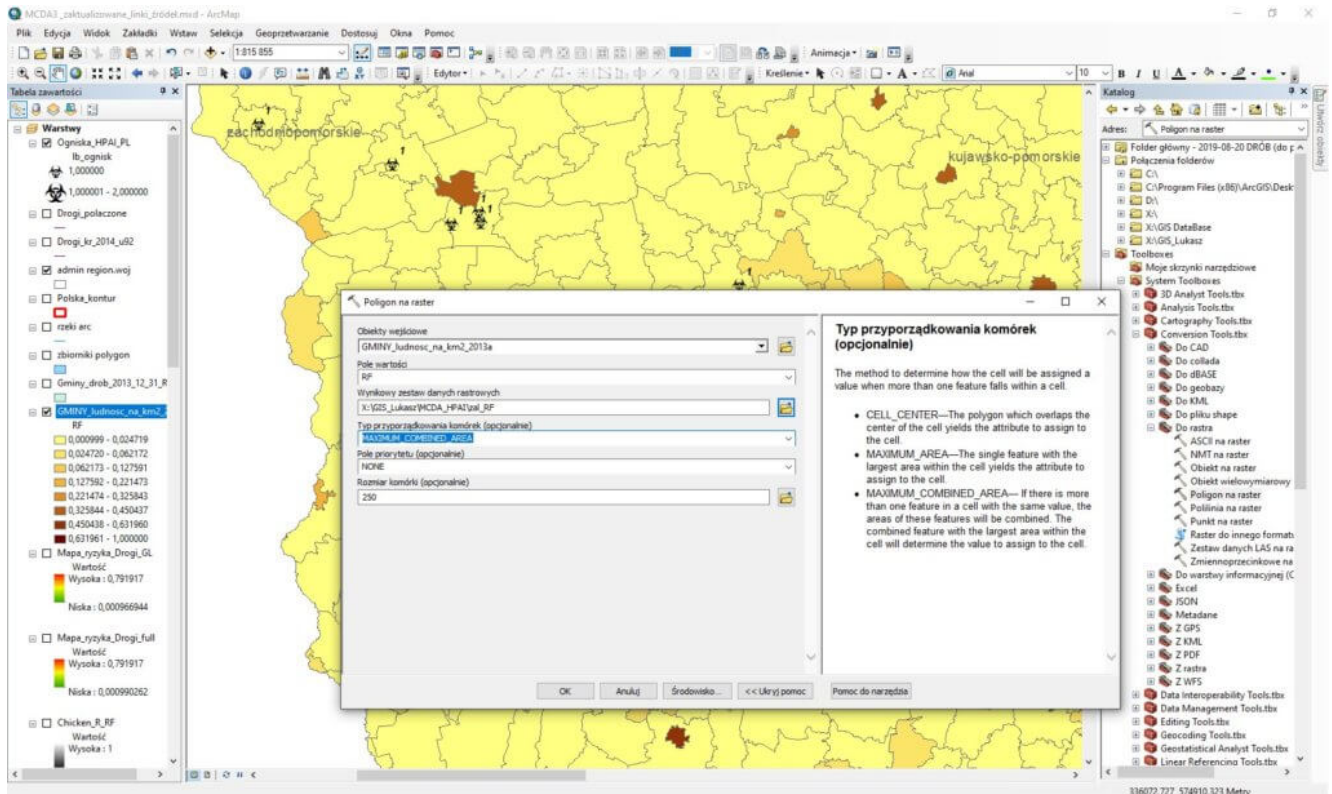
Następnie krajowi eksperci w dziedzinie epidemiologii i chorób drobiu z utworzonej listy wybrali te czynniki ryzyka, których obecność może wiązać się z podwyższonym prawdopodobieństwem występowania ognisk u drobiu fermowego w Polsce. Następnym krokiem było ilościowe określenie ich przewidywanego wpływu. W tym celu każdy z ekspertów dokonał porównania parami wszystkich wytypowanych czynników, poprzez wypełnienie tzw. macierzy porównań. Dla każdej pary czynników określono ile razy jeden czynnik jest ważniejszy od drugiego. Następnie na podstawie przyporządkowanych ocen obliczyliśmy wagi poszczególnych czynników ryzyka i przedstawiliśmy je w formie procentowego wpływu na możliwość wystąpienia ogniska grypy.

Wybranymi czynnikami ryzyka były: bliskość głównych dróg, gęstość zaludnienia, bliskość rzek i zbiorników wodnych, zagęszczenie różnych gatunków drobiu (kurcząt, indyków, kaczek i gęsi) z podziałem na drób wodny i grzebiący.

Kolejnym etapem było opracowanie pięciu wejściowych warstw wektorowych reprezentujących poszczególne czynniki ryzyka. W tym celu dane dotyczące zaludnienia oraz zagęszczenia poszczególnych gatunków drobiu we wszystkich polskich gminach dołączyliśmy do bazowych warstw wektorowych podziału administracyjnego Polski, przy użyciu funkcji Złącz (Join). Podstawą złączenia był kod TERYT gminy. Zastosowane w analizie warstwy przedstawiające rozmieszczenie głównych dróg, rzek i zbiorników wodnych nie były wstępnie modyfikowane.

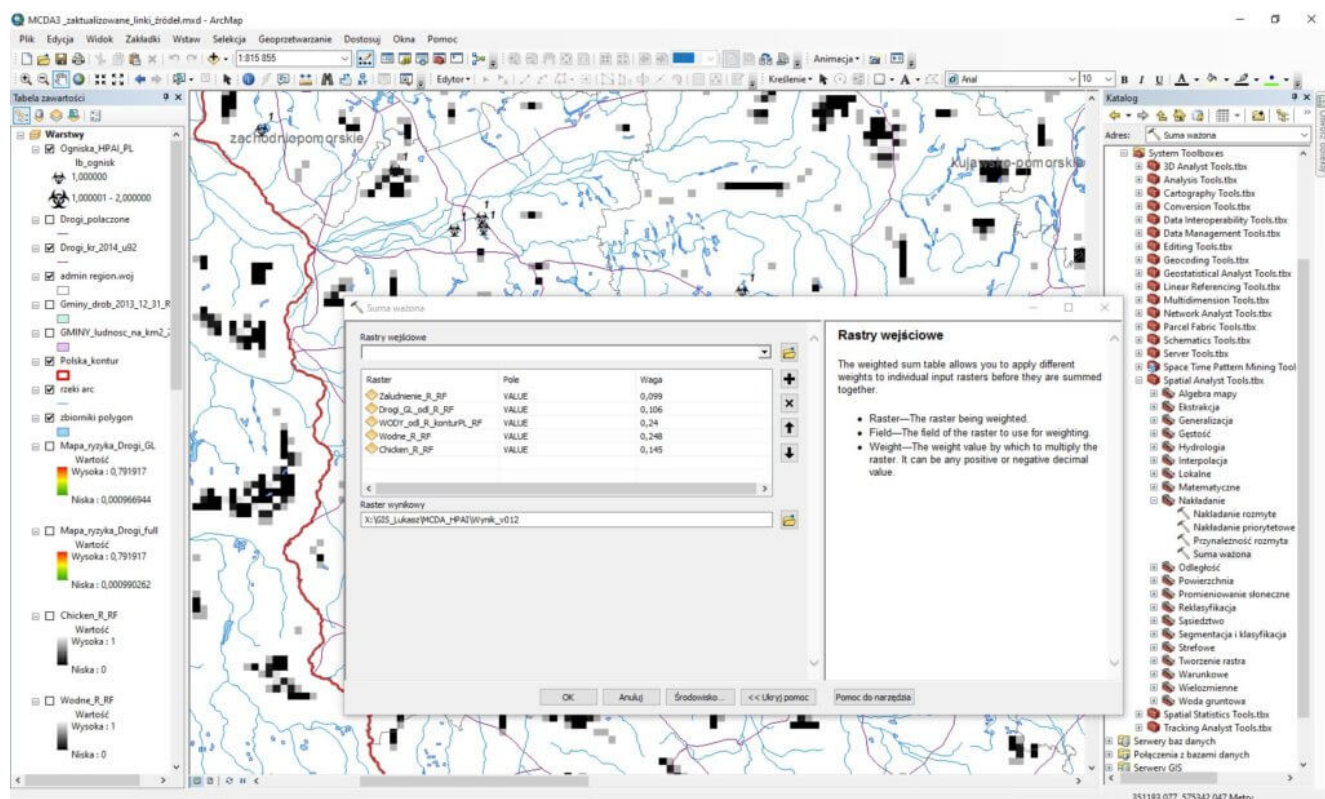
Na podstawie danych dostępnych w literaturze oraz opinii ekspertów określiliśmy w jaki sposób (zgodnie z jakimi regułami matematycznymi) zagęszczenie poszczególnych gatunków drobiu, gęstość zaludnienia oraz zmiana odległości od dróg,

rzek i zbiorników wodnych wpływają na wartość prawdopodobieństwa wystąpienia choroby.



Rys. 1. Zamiana warstw poligonowych na rastrowe przy użyciu funkcji Polygon na raster.

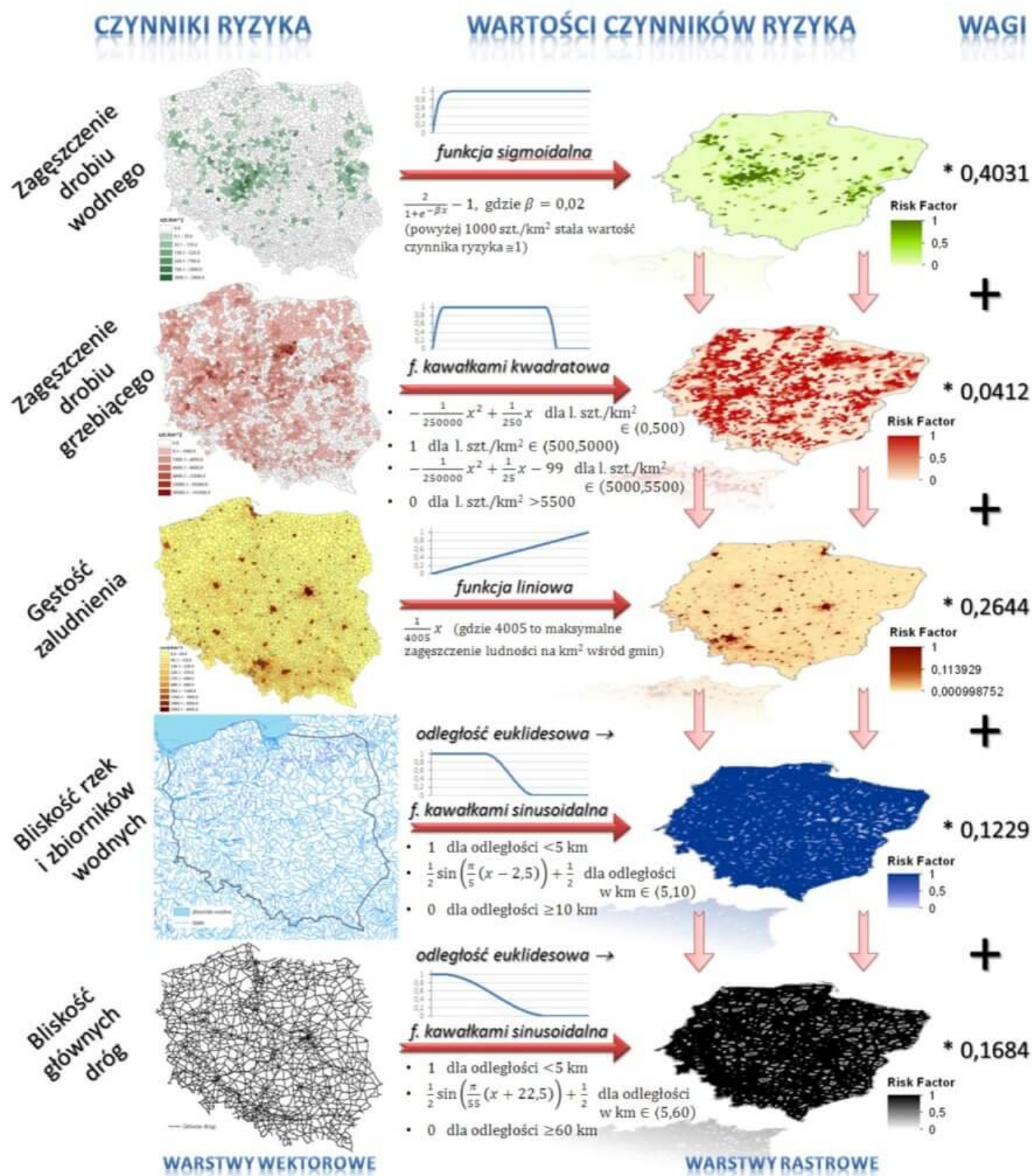
Następnym etapem była zamiana warstw poligonowych na rastrowe, o wymiarach komórki rastrowej 2 km x 2 km, przy użyciu funkcji Polygon na raster (Polygon to raster) (rys. 1) oraz wyznaczenie odległości od dróg i wód przy użyciu funkcji Odległość euklidesowa (Euclidean Distance). We wszystkich utworzonych warstwach, za pomocą narzędzia Rekasyfikuj (Reclassify), komórkom rastrowym przyporządkowaliśmy nowe wartości reprezentujące wystandaryzowane wartości ryzyka.



Rys. 2. Zsumowanie wszystkich jednostkowych, rastrowych map ryzyka za pomocą narzędzia Suma ważona.

Newralgicznym elementem postępowania było zsumowanie wartości komórek rastrowych utworzonych warstw, przy użyciu narzędzia Suma ważona (Weighted Sum) (rys. 2). Mapy wektorowe oraz ich rastrowe przekształcenia, reprezentujące wyżej wymienione czynniki, wraz z przyporządkowanymi im wagami przedstawiliśmy na uogólnionym schemacie modelu (rys. 3).

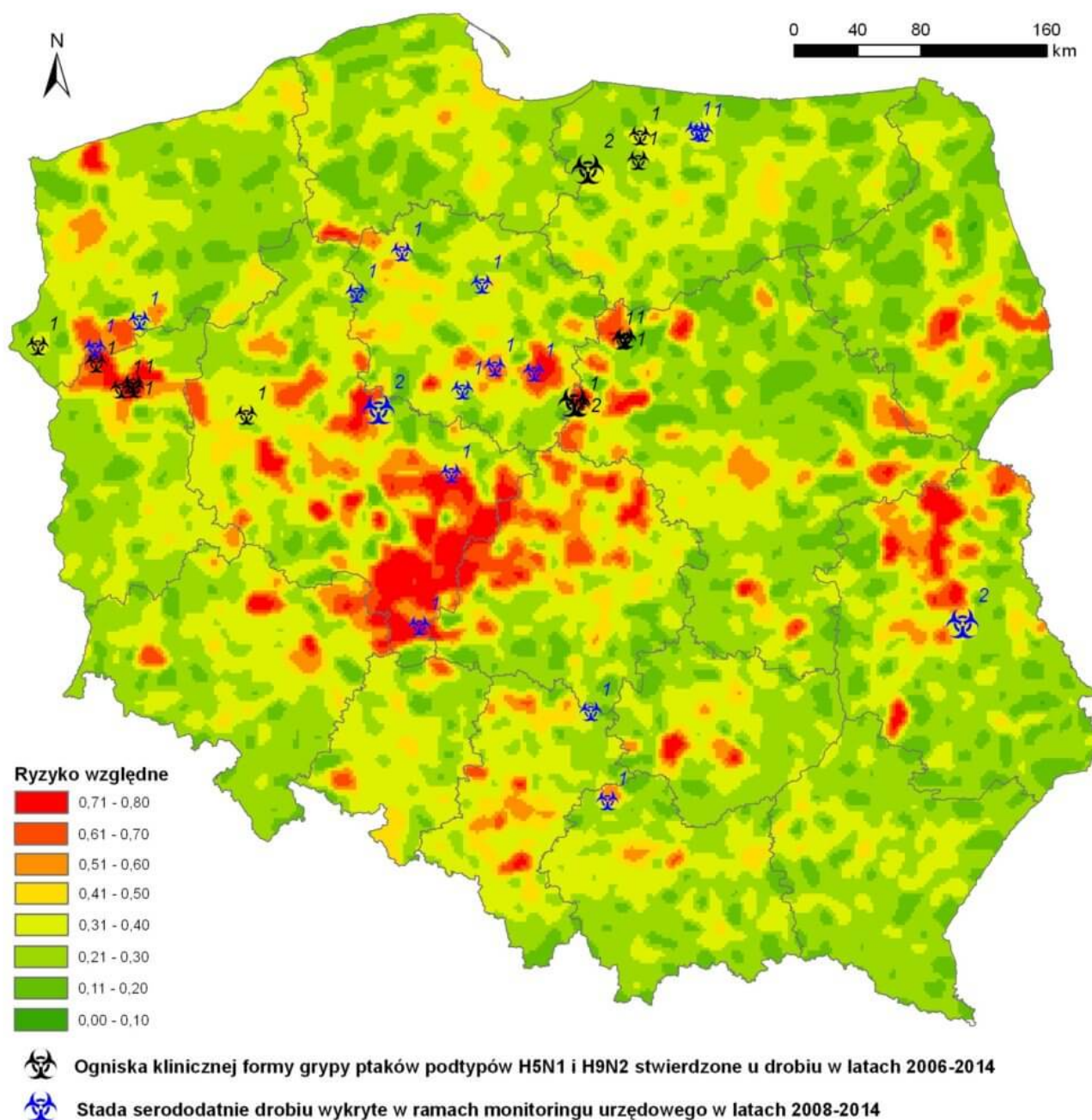




Rys. 3. Uproszczony schemat przestrzennego modelu oceny ryzyka względnego dla obszaru Polski, wystąpienia wysoce zjadliwej grypy ptaków u drobiu domowego.

Wynikową mapę ryzyka wygładziliśmy za pomocą filtra dolnoprzepustowego Filtr (Filter) w celu wyeliminowania ostrych przejść pomiędzy obszarami o znacznie różnym stopniu ryzyka. W ten sposób, po zastosowaniu odpowiedniej

symbolizacji, otrzymaliśmy wynikową mapę, na której różnymi kolorami zaprezentowane zostało względne ryzyko wystąpienia choroby (rys. 4).

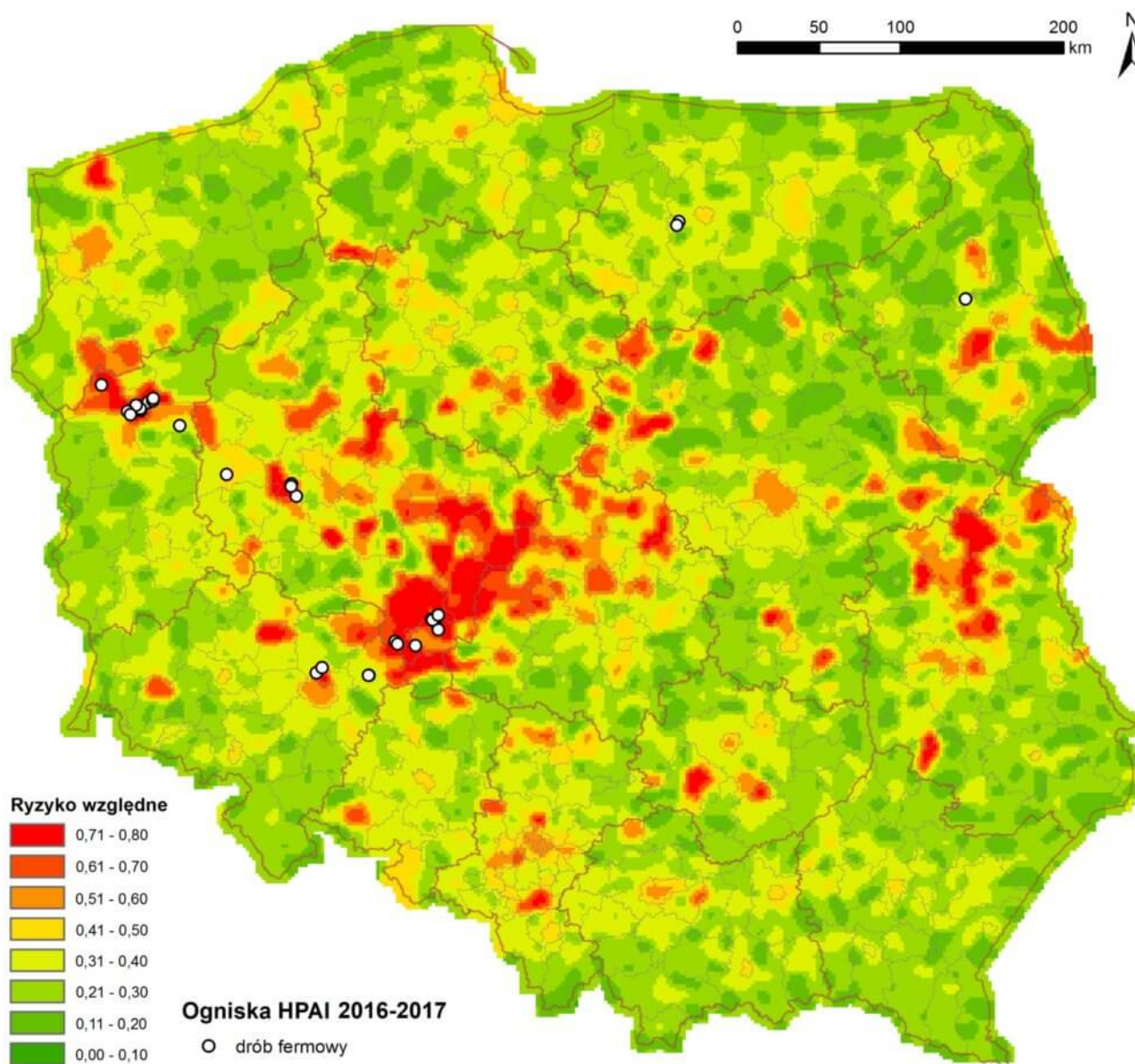


Rys. 4. Wynikowa mapa warstwowa względnego ryzyka wystąpienia HPAI na obszarach Polski wraz z zaznaczonymi ogniskami choroby i serododatnimi stadami drobiu w minionych latach.

Do oceny poprawności otrzymanej mapy ryzyka przeprowadziliśmy analizę statystyczną. W tym celu na wynikową mapę ryzyka nałożyliśmy punkty będące lokalizacjami ferm drobiu, w których



odnotowano obecność wirusa podczas ostatniej wówczas epidemii (rys. 5) oraz starsze ogniska fermowe z 2007 roku.



Rys. 5. Lokalizacja ognisk wysoce zjadliwej grypy ptaków u drobiu fermowego od listopada 2016 do marca 2017, na tle opracowanej wcześniej mapy ryzyka.

Dodatkowo nałożyliśmy punkty będące lokalizacjami ferm drobiu, w których nie odnotowano obecności wirusa. Przy użyciu funkcji Wydziel wartości do punktów (Extract Values to Points) wyodrębniliśmy wartości z wynikowej mapy ryzyka, a następnie przeanalizowaliśmy wartości prawdopodobieństwa wystąpienia ogniska choroby dla dwóch wyżej wymienionych grup punktów.

Użyliśmy w tym celu krzywej ROC, wyznaczając za jej pomocą optymalny punkt odcięcia tj. punkt graniczny umożliwiający zaklasyfikowanie każdego obszaru do jednej z dwóch grup – niskiego bądź podwyższonego ryzyka wystąpienia grypy ptaków. Na podstawie przeprowadzonej analizy stwierdziliśmy dużą zgodność obszarów podwyższonego ryzyka z lokalizacjami ognisk grypy ptaków u drobiu fermowego. Wartość pola pod wykresem krzywej ROC wyniosła 0,78. Analizę statystyczną przeprowadziliśmy korzystając z darmowej aplikacji dostępnej na stronie internetowej: ROC Analysis: Web-based Calculator for ROC Curves (jhmi.edu)

Analizując wynikową mapę można stwierdzić, że obszarami o największym ryzyku wystąpienia ogniska choroby są głównie niektóre rejony centralnej, wschodniej i zachodniej części kraju (szczególnie pogranicze województwa łódzkiego i wielkopolskiego), a w znacznie mniejszym stopniu tereny Polski północnej i południowej. Czynnikiem mającym największy udział w ryzyku pojawienia się grypy ptaków było zagęszczenie drobiu wodnego.

Oprogramowanie ArcGIS (Esri) jest nieocenionym narzędziem w prowadzeniu analiz epidemiologicznych. Do opracowania opisanej mapy ryzyka użyliśmy oprogramowania ArcGIS w wersji 10.3 z rozszerzeniem Spatial Analyst, umożliwiającym wykonywanie analiz przestrzennych. Jego zastosowanie umożliwiło nie tylko przeprowadzenie omawianej analizy, ale również właściwą, przyjazną prezentację otrzymanych wyników osobom odpowiedzialnym za zarządzanie ryzykiem. Dużą zaletą użytego oprogramowania jest również możliwość systematycznego aktualizowania modelu poprzez zmianę wag oraz danych bazowych poszczególnych czynników ryzyka.

#### Literatura:

1. Alexander DJ, Capua I, Koch G. Highly pathogenic avian influenza outbreaks in Europe, Asia, and Africa since 1959,



excluding the Asian H5N1 outbreaks. Avian influenza 2008;1st edn:21 7–237 (D.E. Swayne, ed.). Ames, IA: Blackwell Publishing.

2. Biswas PK, Christensen JP, Ahmed SSU, Barua H, Das A, Rahman MH, et al. Risk factors for infection with highly pathogenic influenza A virus (H5N1) in commercial chickens in Bangladesh. Vet Res 2009a;164:743–6.

3. Biswas PK, Christensen JP, Ahmed SSU, Das A, Rahman MH, Barua H, et al. Risk for infection with highly pathogenic avian influenza virus (H5N1) in backyard chickens, Bangladesh. Emerg Infect Dis 2009b;15 :1931–6.

4. Paul M, Tavoranpanich S, Abrial D, Gasqui P, Charras-Garrido M, Thanapongtharm W, et al. Anthropogenic factors and the risk of highly pathogenic avian influenza H5N1: prospects from a spatial-based model. Vet Res 2010;41:28.

5. Pfeiffer DU, Minh PQ, Martin V, Epprecht M, Otte MJ. An analysis of the spatial and temporal patterns of highly pathogenic avian influenza occurrence in Vietnam using national surveillance data. Vet J 2007;174:302–9.

6. Stevens KB, Gilbert M, Pfeiffer DU. Modeling habitat suitability for occurrence of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in domestic poultry in Asia: A spatial multicriteria decision analysis approach. Spat Spatiotemporal Epidemiol 2013;4:1–14.

7. Śmietanka K, Minta Z, Domańska-Blicharz K, Tomczyk G, Wijaszka T, Związek J, Batorczak Z, Bartoszewicz L. Przypadki wysoce zjadliwej grypy ptaków H5N1 w Polsce w 2007 roku. Medycyna Weter 2009;65:115 –11 8.