

이단계표본추출을 이용한 소결핵병 유병률 추정

박선일¹

강원대학교 수의과대학 및 동물의학종합연구소

(게재승인: 2011년 4월 4일)

Two-stage Sampling for Estimation of Prevalence of Bovine Tuberculosis

Son-II Pak¹

College of Veterinary Medicine and Institute of Veterinary Science, Kangwon National University, Chuncheon 200-701, Korea

Abstract : For a national survey in which wide geographic region or an entire country is targeted, multi-stage sampling approach is widely used to overcome the problem of simple random sampling, to consider both herd- and animal-level factors associated with disease occurrence, and to adjust clustering effect of disease in the population in the calculation of sample size. The aim of this study was to establish sample size for estimating bovine tuberculosis (TB) in Korea using stratified two-stage sampling design. The sample size was determined by taking into account the possible clustering of TB-infected animals on individual herds to increase the reliability of survey results. In this study, the country was stratified into nine provinces (administrative unit) and herd, the primary sampling unit, was considered as a cluster. For all analyses, design effect of 2, between-cluster prevalence of 50% to yield maximum sample size, and mean herd size of 65 were assumed due to lack of information available. Using a two-stage sampling scheme, the number of cattle sampled per herd was 65 cattle, regardless of confidence level, prevalence, and mean herd size examined. Number of clusters to be sampled at a 95% level of confidence was estimated to be 296, 74, 33, 19, 12, and 9 for desired precision of 0.01, 0.02, 0.03, 0.04, 0.05, and 0.06, respectively. Therefore, the total sample size with a 95% confidence level was 172,872, 43,218, 19,224, 10,818, 6,930, and 4,806 for desired precision ranging from 0.01 to 0.06. The sample size was increased with desired precision and design effect. In a situation where the number of cattle sampled per herd is fixed ranging from 5 to 40 with a 5-head interval, total sample size with a 95% confidence level was estimated to be 6,480, 10,080, 13,770, 17,280, 20,925, 24,570, 28,350, and 31,680, respectively. The percent increase in total sample size resulting from the use of intra-cluster correlation coefficient of 0.3 was 22.2, 32.1, 36.3, 39.6, 41.9, 42.9, 42.2, and 44.3%, respectively in comparison to the use of coefficient of 0.2.

Key words : sample size, bovine tuberculosis, two-stage sampling, clustering.

서 론

*Mycobacterium bovis*에 의한 소결핵병은 야생동물을 포함한 다양한 포유동물 숙주를 대상으로 하는 만성소모성질병으로 가축에서 경제적 손실뿐만 아니라 인수공통질병으로 중요하다(5,12,13). 감염된 동물은 유즙, 타액, 분변과 뇨를 통하여 병원체를 배출하며, 사람은 감염된 동물이 배출하는 병원체를 함유한 비말먼지나 에어로졸을 흡입하거나 병원체에 오염된 유즙을 섭취함으로써 감염이 성립된다(8,16). 또한 실험실적으로 감염된 소에서 감수성 소로 전파가 증명되어 감염이 우군에서 지속적으로 유지되는데 중요한 전파기전으로 알려져 있다(11). 우리나라에서는 결핵병을 제2종 법정가축전

염병으로 지정하여 결핵병 및 브루셀라병 방역실시요령에 따라 튜버큘린 피내검사용 purified protein derivatives (PPD) 진단액을 사용한 정기검진을 통하여 양성우에 대한 살처분 정책을 엄격하게 시행하고 있으나 토착성 질병으로 여전히 발생하고 있다. 농림수산식품부에서는 2009년도 소결핵 방역 사업 목표를 감염우 색출과 도태로 설정하여 1세 이상의 젖소 전두수와 1세 이상의 한우 및 육우를 대상으로 연간 젖소 400,000두(한우 및 육우 300,000두 별도)에 대하여 검진사업을 계획하고 있다(1). 소결핵병의 개체 수준 (animal-level)의 유병률을 5년 단위로 구분하여 볼 때 1991-1995년 0.06% (n = 1,426,339), 1996-2000년 0.13% (n = 1,909,569), 2001-2005년 0.21% (n = 2,140,000), 2006년 0.16% (n = 420,000)로 2000년 이후 국내 젖소의 결핵 감염율은 0.2% 이하로 추정되며(2), 경기, 충남, 전남, 전북 등 일부지역에서 발생빈도가 상대적으로 높은 수준으로 발생하고 있다.

¹Corresponding author.
E-mail : paksi@kangwon.ac.kr

질병관리 대책을 수립하는 첫 단계는 대상 모집단에서 질병의 역학적 특성과 유병률을 정확히 파악하는 것이다. 이를 위하여 우리나라에서는 혈청학적 검진사업을 통하여 국내 소결핵병의 유병률을 보고하고 있지만 검진두수(표본크기)가 통계학적으로 유효한 방법으로 계획된 것이 아니다. 검진두수를 산정할 때 표본추출방법, 신뢰수준, 조사의 정밀도, 기대 유병률 등을 고려하지 않을 경우 조사결과에 대한 신뢰도를 부여할 수 없을 뿐만 아니라 추정치의 신뢰구간을 계산할 수 없는 문제가 있다. 따라서 조사의 목적을 달성할 수 있는 통계학적으로 유효한 표본크기를 계산하는 것이 매우 중요하며 전술한 기초적인 정보이외에 표본추출방법과 조사비용을 고려하여 최소의 비용으로 사업의 목적을 달성하도록 계획하는 것이 가장 이상적이다. 또한 표본크기 계산에서 중요하게 고려해야할 사항은 모집단에서 질병발생의 집락효과(clustering effect)이다(3,9,10). 집락효과는 동일한 집락에 속한 개체는 다른 집락의 개체에 비하여 질병발생 위험과 관련이 있는 많은 생물학적, 경제적, 환경적 및 사육관리 등 역학적 특성을 공유하기 때문에 질병에 대한 감염확률이 집락 내에서는 유사하지만 집락 간에는 상당한 차이가 있다는 것을 의미한다. 이는 특정 집락이 감염군이라면 해당 집락 내에서 혈청학적 검사결과로 양성 혹은 음성을 공유할 가능성이 상대적으로 높다는 것을 반영하는 것으로 집락 간 유병률의 차이는 집락 내 개체 간 유병률의 차이 보다 크다. 많은 전염성 질병은 농장 수준에서 집락효과를 보이기 때문에 유병률 추정을 위한 조사에서 우연히 감염된 농장이 표본으로 선발된다면 유병률이 과대추정되고, 반대로 비감염 농장이 많이 선발되면 유병률은 과소추정되어 0에 근사할 수 있다(6,19,20). 특히 표본추출단위가 우군(herd)인 집락추출에서는 일반적으로 표본크기 계산에서 가정하는 관찰치 간 독립성(independence)을 위반하게 된다. 이 경우 분석에서 집락효과를 고려하지 않으면 정밀도가 과대추정되어 유병률 추정치에 영향을 미친다(17). 즉 표본추출 단위가 우군인 조사에서 측정결과가 우군 수준과 개별동물 수준에서 독립이 아니라면 분산추정치가 지나치게 과소평가되기 때문에 표본크기를 계산할 때 분산을 조정해야 한다. 조정의 크기는 우군크기와 우군 내 상관성의 정도에 따라 다르며 흔히 집락 내 상관계수(intracluster correlation coefficient)를 이용하여 분산을 증가시키는 방법을 사용한다(10). 단순무작위추출법과 비교할 때 동일한 정밀도를 달성하기 위해서는 집락추출을 이용한 조사에서 더 많은 표본크기를 필요로 하며 집락추출에서 이러한 정밀도의 손실을 design effect라고 한다(3). Otte와 Gumm (14)은 다양한 가축질병에 대하여 design effect를 분석한 결과를 보고하였다. 역학적 특성으로 볼 때(2) 국내 소결핵병은 일부 지역에서 특정 시기에 집중적으로 발생하고 특히 우군 내에서 감염 속도가 느리기 때문에 우군 내 감염율은 비교적 낮은 수준을 보이는데 이러한 양상은 기존의 결과(4,15,21)와 유사하다. 따라서 본 연구는 집락효과를 고려한 이단계표본추출법(two-stage sampling)으로 소결핵병의 유병률 추정에 필요한 표본크기를 제시함으로써 2009년도 검진 계획두수의 적절성을 평

가하고자 수행되었다.

재료 및 방법

분석의 가정

소결핵병의 유병률 추정을 위한 이단계집락추출에서 우리나라의 행정구역을 경기, 강원, 충북, 충남, 전북, 전남, 경북, 경남 및 제주 등 9개의 층(stratum)으로 구분하며, 층 내에서는 소결핵병에 대한 감염의 위험요인이 균질하게 분포한다고 가정한다. 총 표본크기 n , design effect D , 각 층에서 우군(집락) 당 선발두수 k , 집락수 c 라고 할 때 집락추출에서 유병률($p=1-q$) 추정치에 대한 표준오차는 다음과 같다 (3).

$$SE = \sqrt{\frac{pqD}{n}}, [n = kc] \tag{1}$$

$$D = 1 + (k-1)\rho \tag{2}$$

여기에서 ρ 는 집락 내 상관계수로 소결핵의 ρ 와 D 에 대한 정보가 국내의 문헌에 보고된바 없기 때문에 본 연구에서는 국내 소결핵의 유병률이 일부 지역에서 상대적으로 높다는 점을 감안하여 $\rho=0.2$, $D=2$, $D=3$ 을 가정하여 표본크기를 비교하였다.

표본크기

표본크기는 집락수와 집락 당 선발두수를 각각 계산하는 상황(상황 1)과 우군크기에 무관하게 집락 당 선발두수를 고정하는 상황(상황 2)에 대하여 별도로 계산하였다.

상황 1: 개별 층 내에서의 총 표본크기(n)는 단순무작위추출법으로 계산된 표본크기에 design effect (D)를 곱하여 계산하였다. 즉 n 은 단순무작위추출에서 기대 유병률(p)과 정밀도(d), 신뢰수준에 근거하여 다음과 같이 계산하였다. 분석의 목적으로 국내 소결핵의 우군 간 유병률 자료가 없기 때문에 최대의 표본크기를 계산하기 위하여 50%를 적용하였다.

$$n = \frac{1.96^2 pq}{d} \times D [q = 1-p] \tag{3}$$

집락 내 선발두수는 소결핵병의 유병률이 매우 낮다는 점을 고려하여 적어도 1두의 양성개체를 검출하는 두수를 Cannon과 Roe (7)의 공식으로 계산하였다. 계산을 위하여 표본에서 적어도 1두의 양성 개체를 검출 확률 α (95%), 평균 우군크기 N (2009년 3월 기준 국내 젃소 사육자료 65두, 상황 2 참고), 우군에서 감염된 개체의 기대두수 d (pN), 국내 소결핵 유병률은 개체 수준의 유병률로 0.1-0.4%의 범위를 적용하여 k 를 추정한 후 우군수는 n/k 으로 계산하였다.

$$k = [1 - (1 - \alpha)^{(1/d)}]N - (d - 1)/2 \tag{4}$$

마지막으로 유병률 조사에 필요한 총 표본크기는 단순무작위추출법으로 계산된 층당 총 표본크기 n 과 층의 개수를 곱하여 계산하였다.

상황 2: 집락 당 선발두수를 고정하는 것은 국내 젖소 사육농가의 평균 우군크기를 고려한 것으로 2009년 3월 기준으로 통계청 자료에 의하면 젖소는 6,763 가구에서 총 437,858 두가 사육되고 있다. 이 자료에서 평균 우군크기는 65두(최소 6두, 최대 93두)로 조사비용을 고려하여 집락 당 선발두수와 집락수를 조정할 목적으로 사용할 수 있는 방법이다. 본 연구에서는 집락 당 선발두수(k)를 5-40두까지 5두 간격으로 고정하여 결과를 비교하였다. 전술한 공식(2)에서 $\rho = 0.2$ 와 k 를 대입하여 design effect를 추정한 후 공식(1)을 이용하여 집락수 (c)를 계산하였다. 유병률 조사에 필요한 총 표본크기는 상황 1과 동일하게 계산하였다.

결 과

상황 1: 집락효과를 고려한 층별 총 표본크기는 Fig 1(a, b)과 같다. $D=2$ 에서 기대정밀도를 0.01-0.06으로 변화시킬 때 95% 신뢰수준에서 요구되는 표본크기는 19,208, 4,802, 2,136, 1,202, 770, 534두로 기대정밀도가 증가하면 표본크기도 증가하는 것으로 나타났다. 우군 내 선발두수는 공식(4)에 의해 평균우군크기 65두, 유병률 0.1-0.4%, 신뢰수준 90-99%에 무관하게 모두 전 두수($n = 65$)로 계산되어, 층별로 선발해야 할 우군수는 기대정밀도 0.01-0.06 범위에서 각각 296, 74, 33, 19, 12, 9개로 계산되었다(Fig 2a~b). 따라서 총 표본크기는 95% 신뢰수준에서 기대정밀도 0.01-0.06 범위에 대하여 172,872, 43,218, 19,224, 10,818, 6,930, 4,806두로

추정되었다(Fig 3a~b). 이러한 결과는 예를 들어 $D=2$, 정밀도 0.01, 집락 간 유병률 50%, 층 내 개체 간 유병률 0.15%를 가정할 때 95% 신뢰수준에서 층별로 296개 우군과 우군 당 65두로 총 172,872두를 선발해야 함을 의미한다. 동

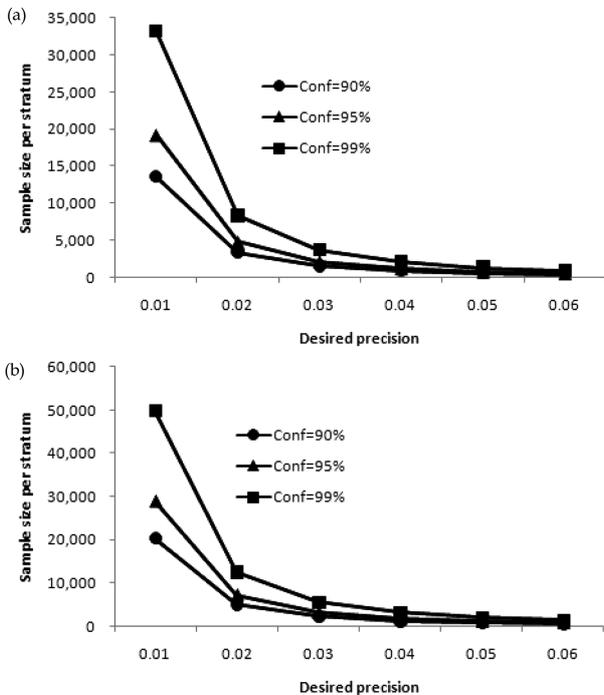


Fig 1. Sample size in each stratum (province) as a function of desired precision in a survey for estimating bovine tuberculosis by confidence level (90, 95, 99%), assuming a design effect of 2 (a) and 3 (b).

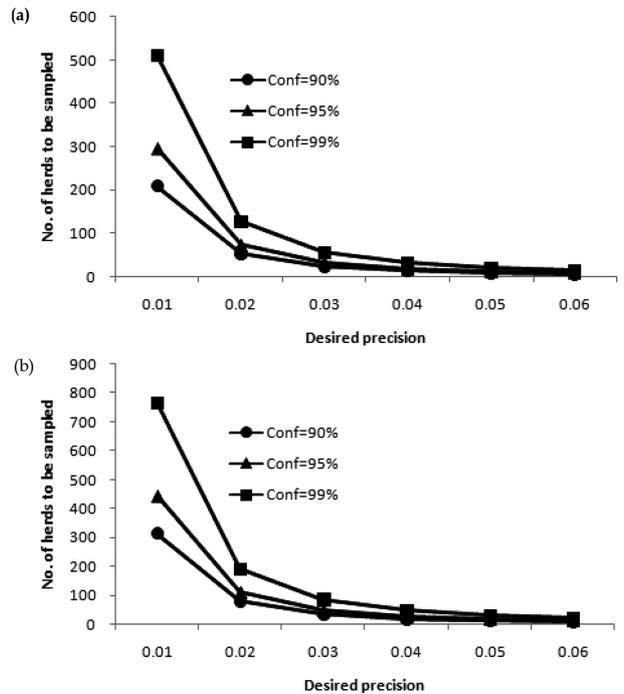


Fig 2. Number of herds to be sampled by desired precision and confidence level for a design effect of 2 (a) and 3 (b).

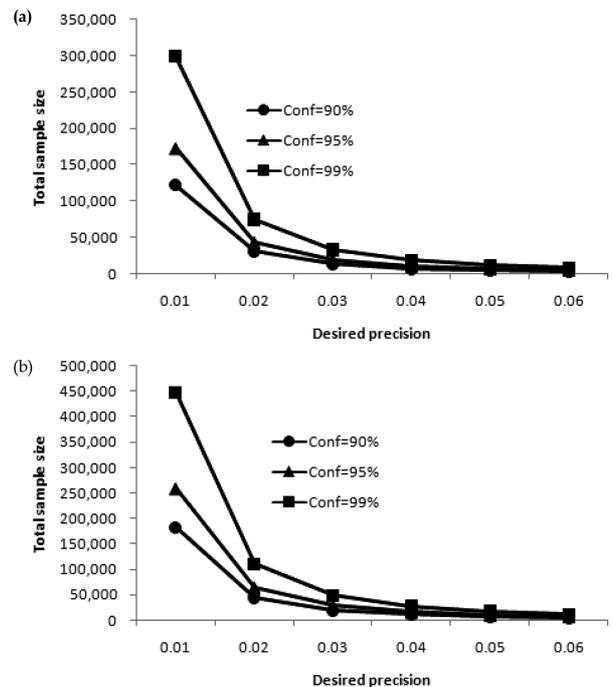


Fig 3. Total sample size by desired precision and confidence level at within-herd prevalence of 0.15% for a design effect of 2 (a) and 3 (b).

고찰

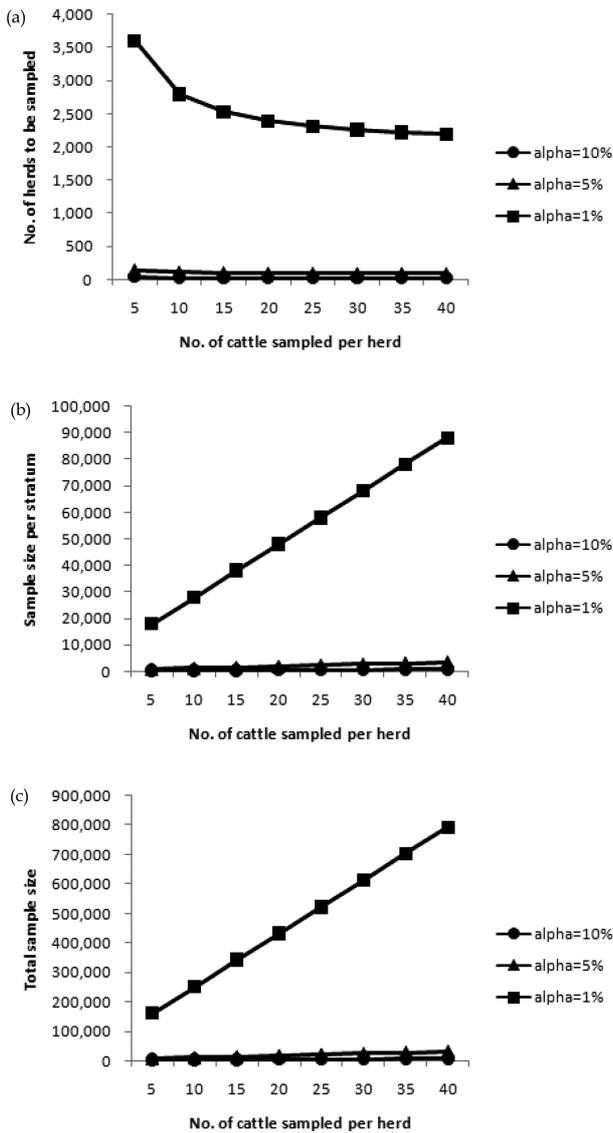


Fig 4. The number of herds sampled (a), sample size per stratum (b), and total sample size (c) by the predefined number of cattle to be sampled per herd and significance level of 1, 5, and 10%.

일한 가정에서 신뢰수준을 99%로 증가시키면 총 표본크기는 298,584두, D=3을 적용하면 신뢰수준 95%에서 259,308두, 99%에서 447,876두로 계산된다(Fig 3b).

상황 2: 집락 당 선발두수를 최소 5두에서 5두 간격으로 최대 40두로 고정할 때 D는 각각 1.8, 2.8, 3.8, 4.8, 5.8, 6.8, 7.8, 8.8로 계산되어 유의수준 5%에서 우군수는 144, 112, 102, 96, 93, 91, 90, 88개로 계산된다(Fig 4a). 층당 표본크기는 집락 당 선발 두수 5-40두 범위에 대하여 각각 720, 1,120, 1,530, 1,920, 2,325, 2,730, 3,150, 3,520두로 계산되었다(Fig 4(b)). 따라서 총 표본크기는 95% 신뢰수준에서 집락 당 선발 두수 5-40두 범위에 대하여 6,480, 10,080, 13,770, 17,280, 20,925, 24,570, 28,350, 31,680두로 추정되었다(Fig 4c).

조사계획을 수립할 때 결과로 얻는 추정치의 정확도, 이용 가능한 자료, 조사에 소요되는 비용 간에 적절한 균형을 유지하면서 목적을 달성할 수 있는 표본크기를 계산하는 것이 중요하다. 표본추출방법과 관련하여 단순무작위추출법에서는 표본추출 구조를 작성해야할 뿐만 아니라 조사비용이 증가하기 때문에 적용 측면에서 현실적으로 한계가 있다. 따라서 그 대안으로 우군 (집락)을 먼저 선발한 후 우군 내에서 개별 동물을 선발하는 다단계추출법을 사용한다(6,19,22). 다단계표본추출을 사용할 경우 가축의 사양관리 특성상 다양한 수준에서 발생할 수 있는 집락효과를 고려해야 한다. 즉 조사에서 최종적으로 관심을 갖는 개별 소는 이틀테면 도-시군-농장-축사와 같이 다양한 수준의 계층적(hierarchy) 구조를 갖기 때문에 집락 간 질병발생 위험이 다르므로 이단계추출법을 사용하는 경우 1단계에서 감염된 우군의 비율을 보정하고, 2 단계로 우군 내 감염된 동물의 비율을 보정하는 것이다(6). 또한 집락효과를 고려하지 않은 조사결과는 신뢰하기 어려운데 그 이유는 대부분의 표본조사에서 사용하는 표본크기 계산공식은 모집단 내의 개체들이 감염되어 있을 확률이 동일하다고 가정하여 단순무작위표본추출을 사용하기 때문이다. 집락추출에서 추정치의 정밀도는 모집단에서의 질병발생 분포와 관련이 있다. 예를 들어 모집단에서 유병률 추정치의 변동이 좁은 경우 집락수를 적게 선발하여도 비교적 정확한 추정치를 얻을 수 있지만 매우 넓다면 동일한 정확도를 얻기 위해서는 더 많은 집락을 선발해야 한다. 이는 집락효과가 있을 때 집락수를 더 많이 선발하고 집락 내 개체수를 줄이는 것이 중요함을 의미하며 이러한 전략은 이단계집락추출에서 조사비용을 최소화한다(6).

본 연구에서 D=2, 정밀도 0.01, 표본크기를 최대화하기 위하여 집락 간 유병률 50%, 층 내 개체 간 유병률 0.15%를 가정할 때 95% 신뢰수준에서 총 172,872두를 검사하면 소결핵병의 유병률을 추정하는 목적을 달성하는 것으로 나타났다. 만일 D=3을 가정하고 기대 정밀도 0.01, 집락 간 유병률 50%, 집락 내 개체수준의 유병률 0.1-0.4% 범위, 신뢰수준 99%를 가정할 때 총 표본크기는 447,876, 111,969, 49,788, 27,999, 17,928, 12,477두로 계산된다. 이러한 결과에 근거할 때 2009년도 우리나라의 소결핵 검진사업 물량 400,000두는 정밀도는 높은 수준으로 보장하지만 한편으로 과대검진의 가능성이 매우 높아 방역예산이 낭비되는 우려가 있다. 본 연구에서는 ρ 에 대한 국내 연구보고가 없어 임의적인 값을 사용하여 표본크기를 계산하였다. $\rho=0$ 은 소결핵이 층간에 랜덤하게 분포하며, $\rho=1$ 은 소결핵 유병률이 층간에 매우 다르다는 것을 의미한다. 분석에서 가정한 $\rho=0.2$ 를 $\rho=0.3$ 으로 증가시키면 총 표본크기는 집락 당 선발 두수 5-40두 범위에 대하여 유의수준 5%에서 각각 22.2, 32.1, 36.3, 39.6, 41.9, 42.9, 42.2, 44.3% 증가하는 것으로 나타났다. 본 연구에서 적용한 상황 2는 이단계추출법에서 총 표본크기나 집락수가 결정되어 있지 않을 경우 표본크기는 우군 선발에

소요되는 비용과 우군 내 개체를 선별하는데 소요되는 상대적 비용을 고려해야 하기 때문에 국내 사육현황에 근거하여 집락 당 선별두수를 고정하는 대안을 가정한 것이다. 만일 비용을 감소하는 방안으로 집락수를 고정한다면 표본크기 계산에서 집락 간 분산추정치에 대한 정보를 필요로 하는데 (18) 이에 대한 국내자료는 보고된바 없다. 따라서 향후 소결핵병 검진사업에서 ρ 에 대한 정보와 집락 간 유병률을 얻을 수 있는 사업을 시행하여 보다 정확한 표본크기를 계산하는 연구가 필요할 것으로 판단된다.

결 론

동물모집단에 대한 조사 결과를 분석할 때 측정결과가 우군 수준과 우군 내 개별 동물 수준에서 독립으로 가정하는 것이 일반적이지만 표본추출 단위가 우군인 이단계집락추출에서는 이러한 독립성 가정을 충족하지 못한다. 본 연구에서는 이단계집락추출법을 사용하여 소결핵병의 유병률을 추정하는 조사에서 집락성을 고려한 표본크기를 계산함으로써 농림수산식품부의 2009년도 사업계획에 제시된 젖소 400,000두에 대한 검진두수의 적절성을 평가하였다. 분석을 위하여 $D=2$, 정밀도 0.01, 집락 간 유병률 50%, 층 내 개체 간 유병률 0.15%를 가정할 때 95% 신뢰수준에서 층별로 296개 우군과 우군 당 65두를 선별하며 9개의 층을 고려하면 총 172,872두를 검사하면 유병률을 추정하는 사업목적을 충분히 달성하는 것으로 나타났다. 소결핵병 검진사업은 국가 방역사업계획으로 매년 시행하기 때문에 집락효과를 비롯한 이용 가능한 자료의 양과 정확도 및 조사비용을 고려하여 사업의 목적을 달성할 수 있는 최적의 표본크기를 설정하는 것이 바람직할 것으로 판단된다.

감사의 글

본 연구는 2009년도 국립수의과학검역원 용역연구사업(과제번호: Z-AD17-2009-09-01)과 강원대학교 동물의학종합연구소의 지원에 의해 이루어졌으며 이에 감사드립니다.

참 고 문 헌

1. 농림수산식품부. 2009년 방역사업계획 및 실시요령. 2009.
2. 조운상. 국내 소결핵의 발생 및 연구동향. 한국수의공중보건학회지 2007; 31: 61-67.
3. Bennett S, Woods T. A simplified general method for cluster-sample surveys of health in developing countries. World Health Stat Q 1991; 44: 98-106.
4. Bernard F, Vincent C, Matthieu L, David R, James D. Tuberculosis and brucellosis prevalence survey on dairy cattle in Mbarara milk basin (Uganda). Prev Vet Med 2005; 67: 267-281.
5. Biet F, Boschiroli M, Thorel M, Guilloteau L. Zoonotic aspects of *Mycobacterium bovis* and *Mycobacterium avium*-intracellular complex (MAC). Vet Res 2005; 36: 411-436.
6. Cameron AR, Baldock FC. Two-stage sampling in surveys to substantiate freedom from disease. Prev Vet Med 1998; 6: 19-30.
7. Cannon RM, Roe RT. Livestock disease surveys: A field manual for veterinarians. pp. 14-17, Australian Government Publishing Service, Canberra, 1982.
8. Cosivi O, Grange JM, Daborn CJ, Raviglione MC, Fujikura T, Cousins D, Robinson RA, Huchzermeyer HF, de Kantor I, Meslin FX. Zoonotic tuberculosis due to *Mycobacterium bovis* in developing countries. Emerg Infect Dis 1998; 4: 59-70.
9. Elbers ARW, Stegman JA, de Jong MF, Lambers JH, de Koning R, Hunneman WA. Estimating sample sizes for a two-stage sampling survey of seroprevalence of pseudorabies virus (PRV)-infected swine at a national level in the Netherlands. Vet Q 1995; 17: 92-95.
10. McDermott JJ, Schukken YH, Shoukri MM. Study design and analytic methods for data collected from clusters of animals. Prev Vet Med 1994; 18: 175-191.
11. Menzies FD, Neill SD. Cattle-to-cattle transmission of bovine tuberculosis. Vet J 2000; 160: 92-106.
12. Morris RS, Pfeiffer DU, Jackson R. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections. Vet Microbiol 1994; 40: 153-177.
13. O'Reilly L, Daborn C. The epidemiology of *Mycobacterium bovis* infections in animals and man: a review. Tuber Lung Dis 1995; 76: 1-46.
14. Ote MJ, Gumm ID. Intra-cluster correlation coefficients of 20 infections calculated from the results of cluster-sample. Prev Vet Med 1997; 31: 147-150.
15. Perez AM, Ward MP, Charmandarián A, Ritacco V. Simulation model of within-herd transmission of bovine tuberculosis in Argentine dairy herds. Prev Vet Med 2002; 54: 361-372.
16. Phillips CJC, Foster CRW, Morris PA, Teverson R. Review: the transmission of *Mycobacterium bovis* infection to cattle. Res Vet Sci 2003; 74: 1-15.
17. Solis-Calderon JJ, Segura-Correa VM, Segura-Correa JC. Bovine viral diarrhea virus in beef cattle herds of Yucatan, Mexico: seroprevalence and risk factors. Prev Vet Med 2005; 72: 253-262.
18. Thrusfield M. Veterinary epidemiology. 3rd ed. pp. 228-246, Blackwell, 2005.
19. Wagner B, Gardner I, Cameron A, Doherr MG. Statistical analysis of data from surveys, monitoring, and surveillance systems. In: Salman MD (ed.). Animal disease surveillance and survey systems: methods and applications. pp 67-86, Ames, Iowa State Press, 2003.
20. Wagner B, Salman MD. Strategies for two-stage sampling design for estimating herd-level prevalence. Prev Vet Med 2004; 66: 1-17.
21. Wahlstrom H, Englund L, Carpenter T, Emanuelson U, Engvall A, Vågsholm I. A Reed-Frost model of the spread of tuberculosis within seven Swedish extensive farmed fallow deer herds. Prev Vet Med 1998; 35: 181-193.
22. Ziller M, Selhorst T, Teuffert J, Kramer M, Schlüter H. Analysis of sampling strategies to substantiate freedom from disease in large areas. Prev Vet Med 2002; 52: 333-343.