

# 江汉平原血吸虫病耕牛感染率时空异质性分析<sup>1</sup>

邱娟<sup>1</sup>, 李仁东<sup>1</sup>, 黄端<sup>1, 2</sup>, 施媛媛<sup>1, 2</sup>, 徐兴建<sup>3</sup>, 魏凤华<sup>3</sup>, 王海芳<sup>4</sup>

(1. 中国科学院测量与地球物理研究所环境与灾害监测评估湖北省重点实验室, 湖北 武汉 430077; 2. 中国科学院大学, 北京 100049; 3. 湖北省疾病预防控制中心, 湖北 武汉 430079; 4. 湖北省林业调查规划院, 湖北 武汉 430079)

**【摘要】**: 终宿主耕牛是血吸虫病最重要的传染源之一。将 2008~2012 年江汉平原 10 个主要血吸虫病流行县(市)的村级家畜疫情资料空间可视化, 运用时空扫描统计、Local Moran's I 及多水平模型, 系统地分析村级血吸虫病耕牛感染率的时空分布格局及其在各类流行区间的分布差异及变化规律。结果显示: 历年血吸虫病耕牛疫情高风险集聚区主要位于四湖地区, 尤以位于湖沼洲垸(垸内)流行区的沙市区、江陵县、公安县和潜江市及位于湖沼洲滩(垸外)流行区的石首市为重; 高值聚类村分布范围随时间总体逐渐缩小且疫情高风险显著聚集时间为 2008~2009 年; 行政村耕牛感染率总体平均随时间呈显著线性降低趋势(年份=-0.58,  $P < 0.0001$ ); 山丘丘陵亚型、湖沼洲垸亚型以及湖沼洲滩亚型 3 种类型流行区行政村的平均耕牛感染率后者显著高于前者(流行区类型=-0.3,  $P < 0.001$ )。同样, 随着时间的推移, 湖沼洲滩亚型地区行政村的耕牛感染率平均减小幅度最大, 其次是湖沼洲垸亚型地区, 再次是山丘丘陵亚型地区(年份\*流行区类型=-0.07,  $P < 0.01$ )。江汉平原血吸虫病重点流行县(市)耕牛感染率具有显著的时空异质性, 其特征可为采取分类指导、因地制宜的防治策略与措施提供依据。

**【关键词】**: 江汉平原; 血吸虫病; 耕牛感染率; 时空格局; 流行区类型; 多水平模型

**【中图分类号】**: P936      **【文献标识码】**: A      **【文章编号】**: 1004-8227 (2018) 02-0405-07

**【DOI】**: 10.11870/cjlyzyyhj201802020

日本血吸虫病是我国最严重的寄生虫病之一, 最新数据(截止 2015 年底)显示, 全国流行村 29980 个, 流行村总人口 6861.30 万, 推算血吸虫病人 77194 人<sup>[1]</sup>。家畜病情是与居民病情、螺情并列的 3 个一级血吸虫病疫情评价指标, 二级疫情指标中家畜血吸虫感染率的组合权重系数最高<sup>[2]</sup>。目前, 血吸虫病家畜调查中主要以牛为主, 且已有研究证实耕牛在血吸虫病传播中发挥的作用可达 70%<sup>[3]</sup>。随着国家及地方血吸虫病监测系统的建立, 小尺度、长时间序列、全覆盖流行区的血吸虫病疫情数据逐渐丰富, 为揭示疫情时空异质性提供了数据基础。运用空间分析方法, 如 Global Moran's I 和 Local Moran's I<sup>[4~7]</sup>、空间或时空扫描统计(Spatial or Space-time Scan Statistics)<sup>[4~6, 8, 9]</sup>及标准差椭圆(Standard Deviational Ellipse, SDE)<sup>[9]</sup>等方法成为探讨血吸虫病各疫情指标时空格局的主要手段, 但当前研究因受限于乡镇级及村级行政区界数据的获取<sup>[4]</sup>主要集中于县市尺度, 且重点关注居民病情及螺情, 甚少有小尺度或关注家畜病情的研究, 本文利用 2008~2012 年江汉平原 10 个血吸虫病主要流行县(市)的村级血吸虫病疫情资料, 系统地分析村级血吸虫病耕牛感染率的时空分布格局及其在各类流行区间的分布差异及变化规律, 为分类指导血吸虫病综合防治措施提供参考。

<sup>1</sup>[收稿日期]: 2017-04-13; [修回日期]: 2017-05-07

[基金项目]: 国家自然科学基金项目“江汉平原钉螺扩散时空分布及其预警研究”(41571487)

[作者简介]: 邱娟(1986~), 女, 博士, 助理研究员, 研究方向为环境健康. E-mail: qiujuan@asch.whigg.ac.cn

# 1、研究区域、数据来源与方法

## 1.1 研究区域

江汉平原是湖北省乃至全国血吸虫病的重要疫区，截止 2014 年底仍未达到传播阻断标准<sup>[1]</sup>。选取江汉平原 2007~2012 年血吸虫病疫情数据较为完整的 10 个县市作为研究区域，亦是血吸虫病重度流行区，包括潜江市、仙桃市、洪湖市、监利县、石首市、江陵县、沙市区、荆州区、公安县及松滋市等 10 县市（区）。研究区内血吸虫病流行类型主要为湖沼型，又可进一步分为湖沼洲滩亚型和湖沼洲垵亚型，湖沼洲滩亚型主要分布在石首市、监利县、仙桃市的部分村镇，另有少量流行区为山丘型，主要分布于松滋市的部分地区，其与大部分地区皆为湖沼洲垵亚型（图 1）。

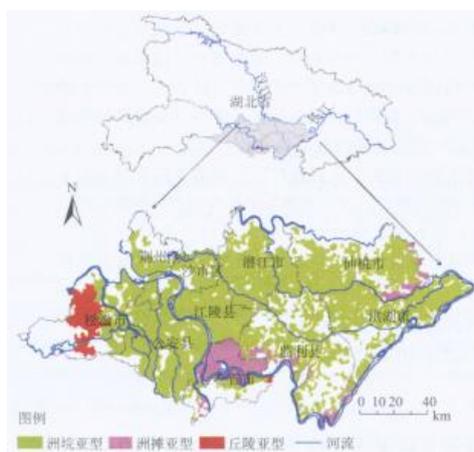


图 1 研究区及血吸虫病流行区类型分布

## 1.2 数据来源及整理

家畜病情数据来自湖北省血吸虫病防治研究所提供的血吸虫病流行情况年报，包括 2008~2012 年研究区 10 个血吸虫病流行县（市）的流行村名称、流行村类型、耕牛感染率等。

收集村级矢量地理数据，经配准、拼接等步骤整理出 10 个县（市）完整的矢量图层，并将各村编码，利用 ArcGIS 10.1 软件中“Join”功能将村级家畜病情数据与村级矢量地理数据关联，生成村级家畜病情空间数据库。数据表中没有确定地理区域的，以及非村级单位，如某良种场、某渔场等，均归并入地理位置相对应的行政村。

## 1.3 研究方法

1.3.1 聚类及异常值分析 (Anselin Local Moran' s I) 聚类及异常值分析通过蒙特卡罗方法 (Monte Carlo permutation approach)<sup>[10]</sup> 计算 local Moran' s I 值、z 得分、P 值和表示每个要素的聚类类型的编码来识别具有统计学上的显著性 (0.05 水平) 的高值 (HH) 聚类、低值 (LL) 聚类、高值主要由低值围绕的异常值 (HL)、低值主要由高值围绕的异常值 (LH) 以及没有统计学意义的类别。该分析利用 ArcGIS10.1 软件中空间统计工具-聚类分布制图工具实现。

### 1.3.2 时空扫描统计 (Space-time Scan Statistic)

空间扫描统计使用一定范围半径的圆形移动窗口来识别具有统计学上的显著性 (0.05 水平) 的高值空间聚类；时空扫描统

计则是利用一定范围半径及时间长度的圆柱形移动窗口来识别具有统计学上的显著性（0.05 水平）的高值时空聚类。该分析利用 SaTScan™9.4 分析工具实现，最大聚类空间大小设置为 50%，最大蒙特卡罗模拟重复次数设置为 999，耕牛感染率数据为连续数据，因而概率模型选用正态分布模型，又因耕牛感染率原始数据为偏正态分布，为避免扫描结果收到极端值的影响，将原始数据经过对数转换（Log<sub>10</sub>）后加上转换后的均值（避免 0 值）使其符合标准正态分布。

### 1.3.3 多水平模型

多水平模型（multilevel model）主要用于分析多层数据（multilevel data）或分级数据（hierarchical data），被广泛应用于公共卫生研究领域<sup>[11~13]</sup>。这类数据的主要特征是反应变量的分布在个体间不独立，存在地理区域内、某个行政区划或特定空间范围内的聚集性<sup>[14]</sup>，不适用于传统分析模型。纵向数据也是一种分级结构数据，研究对象被视为高层（水平 2）的单位，其不同时间的重复测量被视为低层（水平 1）观测单位，且模型假设水平 1 残差符合正态分布，水平 2 残差符合多元正态分布，二者之间相互独立。

#### (1) 变量设置

以村耕牛感染率（gn\_infer）为结果变量，以年份（year）为水平 1 解释变量，时间间隔相等，以 2008 年为基线调查年份，到 2012 年时间分值依次编码为 0、1、2、3、4；以流行村类型（type）为水平 2 场景变量，分别编码为 0（洲滩亚型），1（洲垸亚型）和 2（丘陵亚型）。

#### (2) 模型公式

(2.1) 空模型建立空模型以检验各年间各村耕牛感染率是否存在相关性：

$$gn\_infer_{ij} = \gamma_{00} + (\mu_{0j} + e_{ij})$$

式中：area\_onco<sub>ij</sub> 代表第 i 年第 j 个村的有螺面积， $\gamma_{00}$  表示总截距， $\mu_{0j}$  和  $e_{ij}$  分别代表第 j 村的有螺面积测量均值与总均值之间的差异和组内个体间差异。

(2.2) 检验跨水平交互作用用组水平解释变量对各组时间变量的随机斜率间的变异进行解释，探讨流行村类型（组水平变量 type）如何调节水平 2 解释变量（时间变量 year）对家畜疫情的效应，公式如下：

$$gn\_infer_{ij} = \gamma_{00} + \gamma_{10} year_{ij} + \gamma_{01} type_j + \gamma_{11} year_{ij} * type_j + (\mu_{0j} + \mu_{1j} year_{ij} + e_{ij})$$

式中： $\gamma_{10}$  为时间变量 year<sub>ij</sub> 的固定系数； $\gamma_{10}$  表示各类型之间耕牛感染率初始水平的平均差异； $\gamma_{11}$  为时间变量与流行类型的交互作用； $\mu_{1j}$  表示第 j 个村的结果测量变化率偏离估计的总体平均结果变化率程度，假设  $\mu_{0j}$  和  $\mu_{1j}$  服从二元正态分布。

## 2、家畜疫情时空分布格局

聚类及异常值分析结果（图 2，图 3）可知，耕牛感染率高值（HH）聚类村数最多，主要集中于公安县、江陵县、潜江市、石首市和沙市区，其消长分为两个阶段，2007~2010 年略有上升，因每年分别有 318 个、325 个村的耕牛感染率值增高，2009 年增高村主要位于松滋市、公安县，2010 年增高村主要位于石首市，与同时期高值聚类区的扩散分布区域相一致（图 3）；2010

~2012 年高值聚类村数持续下降，分布范围逐年缩小。高值异常值 (HL) 及低值异常值 (LH) 数量村数较少且逐年平稳减少，前者零星地分布于仙桃市、洪湖市和监利县，后者散布于高值聚类村之间。低值 (LL) 聚类村数逐年快速下降至 2010 年为 0，2008~2009 年主要分布与研究区的北部及监利县的东南部部分村镇。

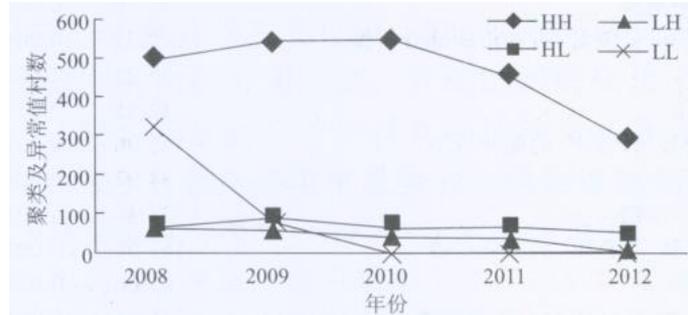


图 2 2008~2012 年耕牛感染率聚类及异常值类型村数变化

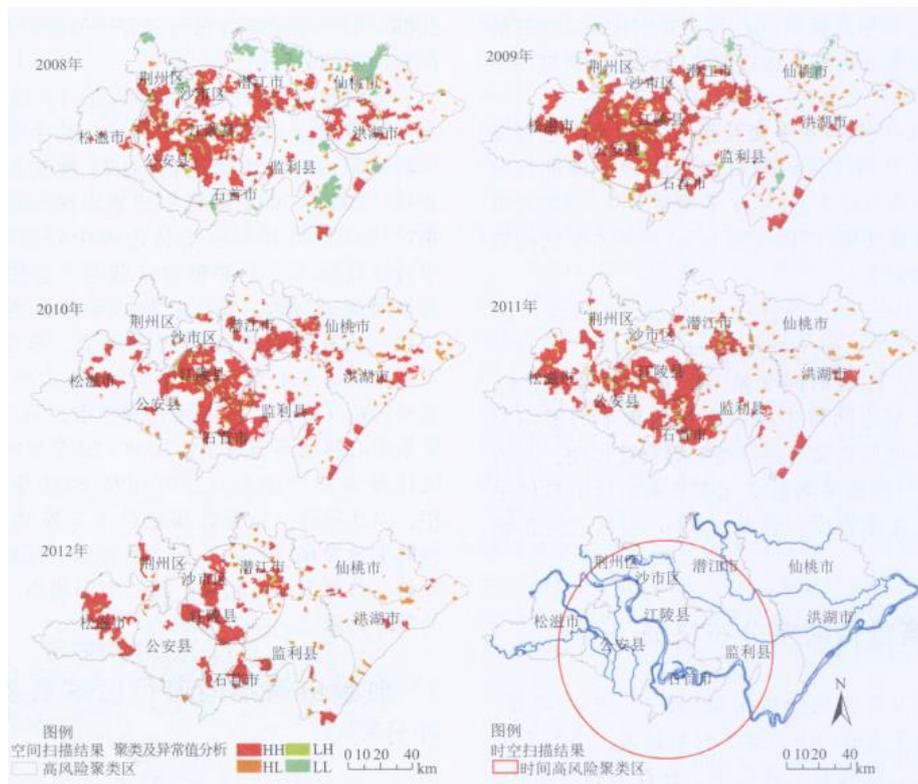


图 3 耕牛感染率时空格局空间分析结果制图

空间和时空扫描统计结果 (表 1, 图 3) 与聚类及异常值分析结果大体一致, 耕牛感染率高风险聚集区基本覆盖高值 (HH) 聚类村集中分布区。2008~2011 年耕牛感染率高风险第一聚集区均以江陵县与公安县边界中心段为中心, 半径逐年减小, 主要包含江陵县、公安县和石首市及周边村镇, 第二、第三聚集区各年虽有位移, 均有覆盖潜江的部分村镇。至 2012 年, 第一聚集区中心向江陵县与潜江市边界处移动, 主要包括江陵县、沙市区和潜江市, 第二、第三聚集中心移动至石首市。2008~2012 年时空扫描统计发现一个聚集区, 时间从 2008 年至 2009 年, 以江陵县、公安县和石首市交界处为中心, 辐射半径为 67.08km, 包含沙市区、江陵县、公安县、石首市及监利县、潜江市荆州市、松滋市的部分村镇。

表1 2008~2012年江汉平原10县市(区)血吸虫病耕牛感染率空间和时空聚集区

年份	聚集区 <sup>a</sup>	聚集区中心位置	聚集区半径(km)	村数	聚集区分布	LLRb	p值
2008	1	30.067° N, 112.395° E	42.81	1107	沙市区、江陵县及公安县、石首市、潜江市的部分村镇	141.59	<0.001
2008	2	30.051° N, 113.364° E	17.5	291	洪湖市西北部	20.55	<0.001
2008	3	30.225° N, 112.933° E	7.86	35	潜江市东南部	14.56	0.004
2008	4	30.307° N, 113.105° E	3.7	10	仙桃剅河镇中南部	13.78	0.006
2009	1	30.020° N, 112.270° E	32.97	628	沙市区、江陵县、公安县、石首市的部分村镇	240.25	<0.001
2009	2	30.269° N, 112.759° E	15.62	162	潜江市中部	35.25	<0.001
2009	3	30.186° N, 113.007° E	7.16	36	潜江市东南角	12.85	0.03
2010	1	30.003° N, 112.413° E	27.83	484	江陵县、公安县、石首市、的部分村镇	165.96	<0.001
2010	2	30.249° N, 112.864° E	12.91	103	潜江市东南部	34.97	<0.001
2010	3	30.307° N, 113.105° E	5.42	21	仙桃剅河镇中南部	21.46	<0.001
2011	1	30.014° N, 112.372° E	26.9	443	江陵县、公安县、石首市、的部分村镇	167.52	<0.001
2011	2	30.224° N, 112.818° E	7.41	40	潜江市中南部	43.6	<0.001
2012	1	30.201° N, 112.575° E	30.66	624	沙市区、江陵县、潜江市的大部分村镇	121.84	<0.001
2012	2	29.746° N, 112.553° E	6.75	20	石首市东升镇、芦苇局	33.15	0.011
2012	3	29.794° N, 112.727° E	2.57	4	石首市小河口镇东部	32.96	0.012
2008~2009	1	29.900° N, 112.419° E	67.08	4076	沙市区、江陵县、公安县、石首市及监利县、潜江市荆州市、松滋市的部分村镇	341.95	0.001

注：<sup>a</sup>第一聚集区(1)、第二聚集区(2)、第三聚集区(3)及第4聚集区(4)通过对数似然比检验，显著水平为0.05。第一聚集区对数似然比值最高，以此类推。<sup>b</sup>LLR，对数似然比检验。

### 3、血吸虫病不同流行区家畜疫情差异分析

多水平模型分析中共计2559个观测对象，即洲垸亚型、洲滩亚型及丘陵亚型流行区村数分别为2299、182及78个，各对象观测5次，共12795个观测数。各流行区耕牛感染率均有逐年降低的趋势(图4)。

空模型水平1随机截距方差 $\sigma_{\mu 0}^2=0.213$ ( $P<0.0001$ )，水平1残差方差估计 $\sigma^2=1.539$ ( $P<0.0001$ )，说明各行政村即

组间的耕牛感染率有显著差异，但较组内差异小得多。组内相关系数 $ICC = \frac{\sigma_{\mu 0}^2}{\sigma_{\mu 0}^2 + \sigma^2} = \frac{0.213}{0.213 + 1.539} = 0.121$ ，表明约有12.1%的总变异是由

行政村间差异引起的，组内差异即某行政村各年间的差异较各行政村间的差异为大；代表组间异质性 $\sigma_{\mu 0}^2$ 有统计学意义，说明

不满足传统回归模型对数据独立性的假设，须用多层模型进行分析。

跨水平交互作用模型结果（表 3、图 4）中场景变量（type）与时间变量（year）的交互作用以及随机截距的方差有统计学意义，说明在校正场景变量（type）、时间变量（year）及其交互作用后，各行政村耕牛感染率的初始值不相同；时间变量 year 的随机斜率方差（ $\sigma_{\mu 0}^2$ ）有统计学意义，说明在校正场景变量（type）、时间变量（year）及其交互作用后，耕牛感染率随时间的变化率在不同行政村之间也是显著不同的；二者协方差（ $\sigma_{\mu 1}^2$ ）有统计学意义且为负值，说明行政村耕牛感染率的初始分值越高，其随时间的变化率越小。时间变量的主效应具有统计学意义且为负值，表示村耕牛感染率呈显著的线性递减趋势。场景变量流行类型（type）的主效应为负值，说明在初始调查年份，耕牛感染率在湖沼洲滩亚型地区、湖沼洲垸亚型地区和山丘丘陵亚型地区依次降低。时间变量与流行类型间的交互作用为正值，表示随时间的增长，湖沼洲垸亚型地区行政村相对湖沼洲滩亚型地区行政村，或山丘丘陵亚型地区相对于湖沼洲垸亚型地区，耕牛感染率平均结果分值有更多的增加。因耕牛感染率总趋势是在减少，因此也可以说，随一个时间单位（年）的增长，湖沼洲垸亚型地区行政村相对湖沼洲滩亚型地区行政村，或山丘丘陵亚型地区相对于湖沼洲垸亚型地区，耕牛感染率平均结果总值减少的幅度较小。

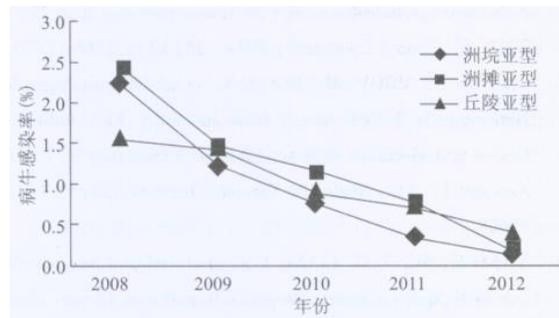


图 4 2008~2012 年江汉平原血吸虫病不同流行区耕牛感染率变化

表 2 跨水平交互作用模型协方差参数估计

协方差参数	估计值	标准误	z 值	P 值
$\sigma_{\mu 0}^2$	1.64	0.057	28.54	<0.0001
$\sigma_{\mu 01}^2$	-0.4	0.016	-25.89	<0.0001
$\sigma_{\mu 1}^2$	0.09	0.005	19.99	<0.0001
$\sigma^2$	0.67	0.011	61.96	<0.0001

表 3 跨水平交互作用模型固定效应的解

效应	估计值	标准误	自由度	值	p 值
Intercept	2.28	0.09	2 559	25.3	<0.0001
year	-0.58	0.025	2 559	-23.07	<0.0001
type	-0.3	0.089	2 559	-3.41	0.0007
year*type	0.07	0.025	2 559	3	0.0028

#### 4、讨论

本研究将 2008~2012 年江汉平原 10 个主要血吸虫病流行县(市)的村级家畜疫情资料空间可视化,运用空间分析方法及多水平模型,系统分析村级血吸虫病耕牛感染率的时空分布格局及其在各类流行区间的分布差异及变化规律。

四湖地区尤其是沙市区、江陵县、公安县和潜江市等湖沼洲垸(垸内)流行区及位于湖沼洲滩(垸外)流行区的石首市是历年血吸虫病耕牛疫情高风险集聚区,这与四湖地区适于血吸虫病流行的地形地貌及居民生产生活方式有关<sup>[15]</sup>。高值聚类村分布范围随时间推移总体缩小,且时空扫描疫情高风险显著聚集时间为 2008~2009 年,这与疫情总体平均逐年降低相一致;2010 年及其后几年各流行区平均耕牛感染率降低至趋于相对一致可部分解释该时期没有低值聚类村;松滋市高值聚类村分布有逐年扩大的趋势,与丘陵亚型流行区初始年份耕牛感染率值最低但总体减小幅度最小以致随后几年总体平均值较湖沼流行区高的结论相一致。可见,运用空间分析及多水平模型相结合的方法既可以充分解释其变化规律亦能直观地呈现其异质性特征。

行政村耕牛感染率总体平均随时间推移呈显著线性降低趋势,其原因可能是 2004 年以来开始全面实施“以控制传染源为主的综合防治策略”<sup>[16]</sup>,在以终宿主牛为主包括其他哺乳动物传染源方面,主要采取洲滩禁止放牧、以农机替代耕牛、家畜圈养、查治病等措施,取得了显著成效<sup>[17~19]</sup>。同时,不同流行区间乃至同一流行区不同村之间血吸虫病耕牛疫情地理分布及其变化的显著异质性提示我们在探讨其原因时须因地因环境而异,在制定相应防治措施时须因地制宜,分类指导<sup>[20, 21]</sup>。湖沼洲垸亚型地区初始年份耕牛疫情最严重,随后降低幅度最大,这可能与垸内血防投入较垸外大有关<sup>[22]</sup>,但终止年份丘陵亚型流行区疫情总体平均高于垸内地区提示原疫情较轻的地区同样须加强防控力度,如加强以机代牛、家畜圈养的力度等。此外,随着各流行区疫情均有趋于低水平流行的态势,其检测和监测工作的敏感性和有效性显得尤为重要。

本研究运用空间分析及多水平模型相结合的方法能够系统地揭示血吸虫病耕牛感染率的时空分布格局,其时空异质性特征可为采取分类指导、因地制宜的防治策略与措施提供依据。但耕牛疫情低水平流行的趋势需最新数据的支持,因此,在今后的研究中需加强数据的时效型,以期能为血吸虫病防控工作提供准确的参考。

#### [参考文献]:

- [1]张利娟,徐志敏,钱颖骏,等.2015 年全国血吸虫病疫情通报[J].中国血吸虫病防治杂志,2016,28(06):611-617.
- [2]许静,徐俊芳,朱蓉,等.血吸虫病疫情评价指标体系的研究[J].中国血吸虫病防治杂志,2013,25(01):5-10.
- [3]郭家钢,宁安,胡广汉,等.水牛化疗控制鄱阳湖地区血吸虫病传播的现场实验研究[J].中国人兽共患病杂志,2005,21(10):860-862.
- [4]HU Y, XIONG C L, ZHANG Z J, et al. Dynamics of spatial clustering of schistosomiasis in the Yangtze River Valley at the end of and following the World Bank Loan Project[J].Parasitology International, 2014, 63(3):500-505.
- [5]MANYANGADZE T, CHIMBARI M J, GEBRESLASIE M, et al. Risk factors and micro-geographical heterogeneity of Schistosoma haematobium in Ndumo area, uMkhanyakude district, KwaZulu-Natal, South Africa[J]. Acta Tropica, 2016, 159: 176-184.
- [6]MARTINS-MELO F R, PINHEIRO M C C, RAMOS A N, et al. Spatiotemporal Patterns of Schistosomiasis-Related Deaths, Brazil, 2000-2011[J].Emerging Infectious Diseases, 2015, 21(10):1820-1823.
- [7]陈艳艳,蔡顺祥,刘建兵,等.湖北省 2008~2012 年血吸虫病空间流行分析[J].中华流行病学杂志,2014,35(12):

---

1366-1370.

[8]MEURS L, MBOW M, BOON N , et al. Micro-Geographical Heterogeneity in *Schistosoma mansoni* and *S. haematobium* Infection and Morbidity in a Co-Endemic Community in Northern Senegal[J]. Plos Neglected Tropical Diseases, 2013, 7 (12) : e2608.

[9]YANG K, SUN L P, LIANG Y S , et al .*Schistosoma japonicum* risk in Jiangsu province , Peoples Republic of China : identification of a spatio-temporal risk pattern along the Yangtze River[J].Geospatial Health, 2013, 8 (1) : 133-142.

[10]POULIOU T, ELLIOTT S J. An exploratory spatial analysis of overweight and obesity in Canada[J].Preventive Medicine, 2009, 48 (4) : 362-367.

[11]LANGFORD I H, LEYLAND A H, RASBASH J , et al. Multilevel modeling of the geographical distributions of diseases[J].Journal of the Royal Statistical Society Series C-Applied Statistics, 1999, 48: 253-268.

[12]WINKLEBY M, CUBBIN C, AHN D. Effect of cross-level interaction between individual and neighborhood socioeconomic status on adult mortality rates[J].American Journal of Public Health, 2006, 96 (12) : 2145-2153.

[13]赵 飞. 乡镇尺度钉螺分布的高风险区域分析与 Bayesian 时空建模[D]. 复旦大学, 2011.

[14]杨 珉, 李晓松. 医学和公共卫生研究常用多水平统计模型[M]. 北京: 北京大学医学出版社, 2006.

[15]彭孝武, 王加松, 荣先兵, 等. 湖北江汉平原四湖地区血吸虫病流行特点与流行因素[J]. 公共卫生与预防医学, 2007, 18 (04) : 66-68, 70.

[16]WANG L D, CHEN H G, GUO J G , et al. A Strategy to Control Transmission of *Schistosoma japonicum* in China[J].New England Journal of Medicine, 2009, 360 (2) : 121-U44.

[17]乐 梅, 刘星媛. 湖北省四湖地区控制血吸虫病传染源的做法与效果[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2014, 26 (01) : 78-80.

[18]钱熠礼, 汪 伟, 洪青标, 等. 以传染源控制为主的血吸虫病综合防治策略文献计量学研究[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2014, 26 (06) : 626-631.

[19]朱 红, 陈冬娥, 黄希宝, 等. 湖沼型流行区以传染源控制为主的血吸虫病综合防治策略试点费用-效果评价[J]. 热带医学杂志, 2010, 10 (08) : 982-985, 1019.

[20]王加松, 何亮才, 荣先兵, 等. 湖沼型疫区不同血吸虫病传染源控制模式比较[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2011, 23(03): 262-267.

[21]刘宗传, 任光辉, 贺宏斌, 等. 家畜传染源控制为主的血吸虫病防治策略实施效果[J]. 中国热带医学, 2014, 14 (02) : 151-155.

---

[22]朱 红, 黄希宝, 蔡顺祥, 等. 血吸虫病不同流行区以传染源控制为主的综合治理策略经济效益分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2012, 7 (09) : 679-681, 704.