

文章编号: 1000-7423(2017)-02-0114-06

【论 著】

我国 2004-2013 年疟疾发病率的时间趋势分析

徐俊芳¹, 夏志贵², 周晓农^{2*}, 李石柱², 郭孝鹏¹, 覃思¹

【摘要】 目的 对我国 2004-2013 年疟疾发病率进行时间趋势分析, 阐明我国疟疾发病的趋势。方法 应用 Joinpoint 软件对我国 2004-2013 年疟疾发病率进行 Joinpoint 模型分析, 并计算年度变化百分比 (APC); 同时应用灰色建模系统软件进行灰色关联分析。结果 疟疾总发病率的趋势变化联接点是 2006 年, APC 分别为 34.8% ($P > 0.05$) 和 -37.9% ($P < 0.05$); 间日疟发病率的趋势变化联接点是 2007 年, APC 分别为 14.7% ($P < 0.05$) 和 -51.5% ($P < 0.05$); 恶性疟发病率的趋势变化联接点是 2009 年, APC 分别为 -39.6% ($P < 0.05$) 和 -25.9% ($P > 0.05$); 未分型疟疾发病率的趋势变化联接点是 2006 年, APC 分别为 31.7% ($P > 0.05$) 和 -40.7% ($P < 0.05$)。间日疟、恶性疟和未分型疟疾的发病率与疟疾总发病率的综合关联度依次为 0.887 7、0.625 4、0.844 5。本地疟疾发病率的趋势变化联接点是 2008 年, APC 分别为 2.43% ($P > 0.05$) 和 -72.89% ($P < 0.05$), 本地疟疾发病率与疟疾总发病率的综合关联度为 0.969 3。结论 我国疟疾总发病率、本地疟疾发病率、间日疟发病率和未分型疟疾发病率均呈明显下降趋势。2004-2009 年恶性疟发病率呈下降趋势, 2009-2013 年恶性疟发病率保持平稳。

【关键词】 疟疾; 时间趋势分析; Joinpoint 模型

中图分类号: R531.3

文献标识码: A

Time-series analysis of malaria incidence in China during 2004-2013

XU Jun-fang¹, XIA Zhi-gui², ZHOU Xiao-nong^{2*}, LI Shi-zhu², GUO Xiao-peng¹, QIN Si¹

(1 Medical College, Hubei University for Nationalities, Enshi 445000, China; 2 National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; WHO Collaborating Centre for Tropical Diseases; National Center for International Research on Tropical Diseases, Ministry of Science and Technology; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai 200025, China)

【Abstract】 Objective To estimate the trend of malaria incidence in China from 2004 to 2013 and clarify the pattern of malaria prevalence. **Methods** The malaria incidence trend during 2004-2013 was analyzed with the Joinpoint software to calculate the annual percent change (APC). Grey relational analysis was also performed. **Results** The joinpoint for the overall prevalence of malaria was found in 2006, with APC of 34.8% ($P > 0.05$) and -37.9% ($P < 0.05$), respectively. The joinpoint for vivax malaria was found in 2007, with APC of 14.7% ($P < 0.05$) and -51.5% ($P < 0.05$), respectively. The joinpoint for falciparum malaria was in 2009, with APC of -39.6% ($P < 0.05$) and -25.9% ($P > 0.05$), respectively. The joinpoint for unclassified malaria was in 2006, with APC of 31.7% ($P > 0.05$) and -40.7% ($P < 0.05$), respectively. The comprehensive correlation degrees of vivax malaria, falciparum malaria and unclassified malaria incidence with the overall prevalence of 0.887 7, 0.625 4, and 0.844 5, respectively. The joinpoint for indigenous malaria incidence was in 2008, with APC of 2.43% ($P > 0.05$) and -72.89% ($P < 0.05$), respectively. The comprehensive correlation degree between indigenous malaria incidence and the overall prevalence was 0.969 3. **Conclusion** There is a trend of decrease for overall prevalence, as well as for the incidences of indigenous malaria, vivax malaria, and unclassified malaria. The incidence of falciparum malaria was a trend of decrease from 2004 to 2009, but was steady from 2009 to 2013.

【Key words】 Malaria; Time-series analysis; Joinpoint model

Supported by National Natural Science Foundation of China (No. NSFC81273192)

* Corresponding author, E-mail: ipdzhouxn@sh163.net

基金项目: 国家自然科学基金 (No. NSFC81273192)

作者单位: 1 湖北民族学院医学院, 恩施 445000; 2 中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所, 世界卫生组织热带病合作中心, 科技部国家级热带病国际联合研究中心, 卫生部寄生虫病原与媒介生物学重点实验室, 上海 200025

* 通讯作者, E-mail: ipdzhouxn@sh163.net

疟疾是全球最严重的公共卫生问题之一。截止 2016 年初, 疟疾仍流行于 91 个国家和/或地区。最新数据估计显示, 2015 年全球约有 2.12 亿疟疾病例, 约有 42.9 万人死于疟疾, 其中死亡病例大部分为非洲 5 岁以下儿童^[1]。在我国, 疟疾曾是严重危害人群身体健康和影响社会发展的重要寄生虫病之一^[2], 但经过几十年的努力, 抗疟工作已取得显著成效^[3]。为了进一步响应全球消除疟疾行动, 我国 2010 年启动了消除疟疾行动计划, 提出到 2015 年全国大部分地区消除疟疾, 2020 年全国实现消除疟疾的目标^[4]。目前, 我国消除疟疾行动计划总体进展顺利, 成效明显, 但仍面临着许多困难和挑战^[5-6]。随着我国疟疾由控制走向消除进程的推进, 进一步科学总结我国疟疾发病的趋势规律, 对于验证我国疟疾防治工作效果、预测疫情动态变化和指导今后消除疟疾工作具有重要意义。本研究应用 Joinpoint 模型灰色关联分析对 2004–2013 年全国疟疾发病率进行时间趋势分析。

1 材料与方法

1.1 资料来源 本研究资料来源于公共卫生科学数据中心的公共数据平台, 即 2004–2013 年全国疟疾发病率。

1.2 Joinpoint 模型 应用 Joinpoint 软件对我国 2004–2013 年疟疾发病率进行 Joinpoint 模型 (式 1) 分析, 并计算年度变化百分比 (APC) (式 2)。

$$\ln(r) = \alpha + \beta x + \varepsilon \quad (1)$$

式中 α 为截距; β 为回归系数, 用 t 检验验证回归系数 β 是否等于 0, 即趋势变化是否有统计学意义, 检验水准为 $\alpha = 0.05$; ε 为误差。

$$APC = (e^{\beta} - 1) \times 100\% \quad (2)$$

Joinpoint 模型采用数理运算法则, 在率 r 的长期趋势中判断出其中某段时间内的趋势变化是否存在显著性差异^[7], 按照最佳拟合的结果对长期趋势进行线性分段描述, 并计算出各段的 APC 值^[8]。

1.3 灰色关联分析 应用灰色建模系统软件进行灰色关联分析。步骤为: 绘制序列曲线; 确定反映系统行为特征的数据序列, 即找系统行为的映射量, 明确影响系统行为的有效因素, 计算广义灰色关联度。广义灰色关联度包括绝对关联度、相对关联度和综合关联度^[9]。

1.3.1 绝对关联度 绝对关联度 (ε_{0i}) 主要表征两个序列的绝对增量之间的关系, 用两条序列折线间所夹的面积大小来衡量两序列的关联性大小^[10], 是目前较常用的一种灰色关联度, 其计算公式如下:

$$\varepsilon_{ij} = \frac{1 + |s_i| + |s_j|}{1 + |s_i| + |s_j| + |s_i - s_j|}$$

$$\text{式中 } s_i = \int_1^n (X_i - x_i(1))dt$$

$$s_j = \int_1^n (X_j - x_j(1))dt$$

$$s_i - s_j = \int_1^n (X_i^0 - x_j^0(1))dt$$

x_i 为系统行为序列, x_i^0 为, x_j^0 为系列的始点零化像。

1.3.2 相对关联度 主要用于分析序列间相对于起始点的变化速率间的关系^[10]。

$$\gamma_{ij} = \frac{1 + |s'_i| + |s'_j|}{1 + |s'_i| + |s'_j| + |s'_i - s'_j|}$$

1.3.3 综合关联度 灰色综合关联度既体现了系统行为特征序列与系统行为因素序列的相似程度, 又反映出相对于始点的变化速率的接近程度, 可以较全面地反映序列之间联系的紧密程度^[10]。计算如下:

$$\rho_{ij} = \theta \varepsilon_{ij} + (1 - \theta) \gamma_{ij}.$$

其中 θ 为综合关联度系数, $\theta \in [0, 1]$, 通常取 0.5。

2 结果

2.1 Joinpoint 模型

2.1.1 疟疾总发病率的趋势分析 疟疾总发病率的变化趋势中有一个有意义的趋势变化联结点, 即 2006 年, 两个独立的变化趋势。其中 2004–2006 年的变化趋势无统计学意义 ($APC = 34.8\%$, $P > 0.05$), 2006–2013 年的变化趋势有统计学意义 ($APC = -37.9\%$, $P < 0.05$) (图 1A、表 1)。

2.1.2 间日疟发病率的趋势分析 间日疟发病率的变化趋势中有一个有意义的趋势变化联结点, 即 2007 年, 两个独立的变化趋势, 2004–2007 年和 2007–2013 年两个时间段的变化趋势均有统计学意义 ($P < 0.05$), 两时间段的 APC 分别为 14.7% 和 -51.5% (图 1B、表 1)。

2.1.3 恶性疟发病率的趋势分析 恶性疟发病率的变化趋势中有一个有意义的趋势变化联结点, 即 2009 年, 两个独立的变化趋势, 其中 2004–2009 年的变化趋势有统计学意义 ($APC = -39.6\%$, $P < 0.05$), 2009–2013 年的变化趋势无统计学意义 ($APC = -25.9\%$, $P > 0.05$) (图 1C、表 1)。

2.1.4 未分型疟疾发病率的趋势分析 未分型疟疾发病率的变化趋势中有一个有意义的趋势变化联结点, 即 2006 年, 两个独立的变化趋势, 其中 2004–2006 年的变化趋势无统计学意义 ($APC = 31.7\%$, $P > 0.05$), 2006–2013 年的变化趋势有统计学意义 ($APC = -40.7\%$, $P < 0.05$) (图 1D、表 1)。

表 1 2004–2013 年疟疾不同类型发病率趋势分析 APC 值
Table 1 APC values for trend analysis of malaria incidence during 2004–2013 in China

疟疾类型 Malaria type	时间段 Period	联接点 Joinpoint		APC 值/%	APC 95% CI/%		t 值	P 值
		下接点 Upper	上接点 Lower	APC value/%	下 Down	上 Up	t value	P value
间日疟 Vivax malaria	1	2004	2007	14.7	1.5	29.6	2.9	0.0
	2	2007	2013	-51.5	-57.6	-44.5	-13.8	0.0
恶性疟 Falciparum malaria	1	2004	2009	-26.3	-39.6	-10.1	-3.9	0.0
	2	2009	2013	25.9	-5.9	68.3	2.0	0.1
未分型 Unclassified	1	2004	2006	31.7	-17.0	109.0	1.5	0.2
	2	2006	2013	-40.7	-50.0	-29.6	-7.8	0.0
合计 Total	1	2004	2006	34.8	-15.1	113.9	1.7	0.2
	2	2006	2013	-37.9	-45.2	-29.5	-9.7	0.0

2.1.5 本地疟疾发病率的趋势分析 本地疟疾发病率的变化趋势中有一个有意义的趋势变化联接点, 即 2008 年, 两个独立的变化趋势, 其中 2004–2008 年时间段的变化趋势无统计学意义 ($APC = 2.43\%$, $P > 0.05$), 2008–2013 年时间段的变化趋势有统计学意义 ($APC = -72.89\%$, $P < 0.05$) (图 1E、表 2)。

2.2 灰色关联分析

2.2.1 分类型疟疾发病率的灰色关联分析 本研究以疟疾总发病率为系统行为特征序列, 间日疟发病率、恶性疟发病率、未分型疟疾发病率为系统行为因素。各序列曲线如图 2 所示。间日疟发病率、恶性疟发病率、未分型疟疾发病率与疟疾总发病率的灰色关联度分别为 0.887 7、0.625 4、0.844 5 (表 3)。

2.2.2 本地疟疾发病率的灰色关联分析 本研究以疟疾总发病率为系统行为特征序列, 本地疟疾发病率为系统行为因素。各序列曲线如图 2 所示。本地疟疾发病率与疟疾总发病率的灰色关联度分别为: 相对关联度为 0.981 2、绝对关联度为 0.957 5、综合关联度为 0.969 3。

3 讨 论

2000–2009 年属于我国启动消除疟疾前疫情较低但不稳定阶段, 这一阶段全国疟疾发病率总体处于较低水平, 但局部疫情不稳定^[11-12]。从 2001 年开始, 中部黄淮流域包括安徽、河南、湖北和江苏等省出现了间日疟发病率回升^[13-16], 到 2006 年全国疟疾发病率达 0.49/万, 其中安徽省报告病例超过了全国病例数的一半, 云南省报告发病数和发病率

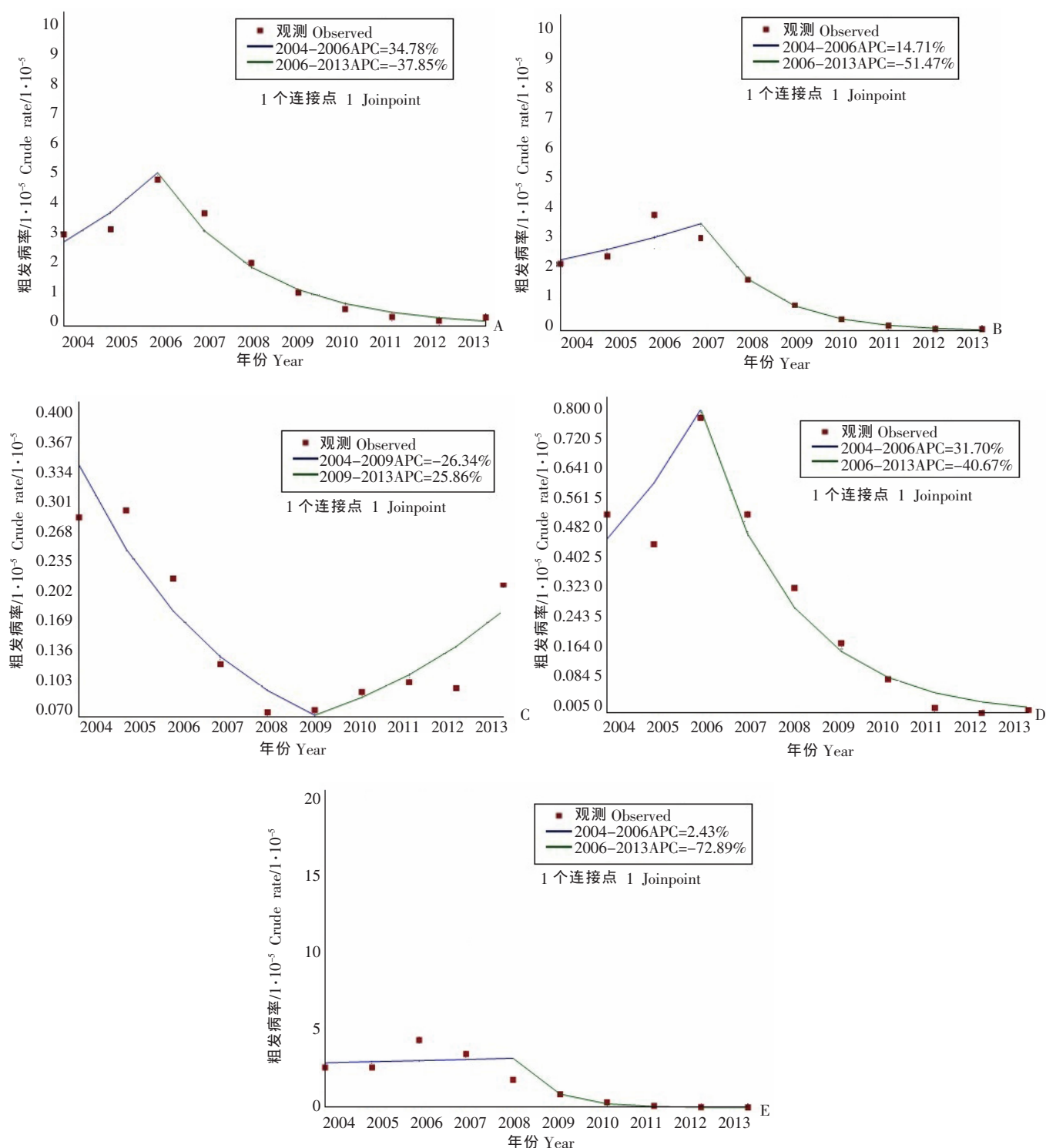
仍处于全国前 3 位^[17]。之后, 随着《全国疟疾防治规划(2006–2015 年)》和全球基金疟疾项目的实施, 全国疟疾回升得到有效遏制, 到 2009 年全国发病率降至 0.11/万, 95% 的流行县(市、区)疟疾发病率降至 1/万以下, 为 2010 年我国启动消除疟疾行动计划提供了有利条件^[18-19]。启动消除疟疾行动计划后, 随着本地传播不断减少, 全国疟疾发病率继续走低, 但由于输入性病例增多, 特别是广西壮族自治区上林县发生了输入聚集性疫情, 使得 2013 年全国疟疾发病率突然增加^[12, 20-21]。

随着社会经济发展和防控工作的不断深入, 全国疟疾发病率呈总体下降趋势。但全球气候变暖、疟原虫和媒介蚊虫耐药性的产生和扩散以及输入性疟疾病例的增多等, 都会对国内疟疾疫情变化和消除工作带来潜在影响。疾病趋势分析和序列关联分析能了解疫情的动态变化及其紧密程度, 以便及时采取措施获得理想的疾病控制效果。因此, 随着我国疟疾由控制走向消除进程的推进, 进一步科学总结我国疟疾发病的趋势规律, 对于验证我国疟疾防治工作效果、预测疫情动态变化和指导今后消除疟疾工作具有重要意义。

Joinpoint 模型是由美国国立癌症研究所开发的专门用于肿瘤时间趋势分析的统计分析方法^[22-23], 该模型是一种方便、直观的时间趋势分析方法, 不仅可以分析长期趋势, 还可分析趋势变化的阶段性特点^[24]。但是在阶段性分析时, 对于长期趋势的分析比较可靠, 分析短期趋势的结果则受单个数据的影响较大。由于公共卫生科学数据中心的公共数据平台仅能提供自 2004 年以来的数据, 本研究中国

表 2 我国 2004–2013 年本地疟疾发病率趋势分析 APC 值
Table 2 APC values for trend analysis of indigenous malaria incidence during 2004–2013 in China

疟疾类型 Malaria type	时间段 Period	联接点 Joinpoint		APC 值/%	APC 95% CI/%		检验 t 值	P 值
		下接点 Upper	上接点 Lower	APC value	下 Down	上 Up	t value	P value
本地疟疾 Local malaria	1	2004	2008	2.4	-25.8	41.5	0.2	0.9
	2	2008	2013	-72.9	-78.4	-65.9	-14.7	0.0



A: 疟疾; B: 间日疟; C: 恶性疟; D: 未分型疟疾; E: 本地疟疾。

A: Malaria; B: Vivax malaria; C: Falciparum malaria; D: Unclassified malaria; E: Indigenous malaria.

图 1 我国 2004–2013 年疟疾发病率变化趋势

Fig. 1 The trend of malaria incidence during 2004–2013

地疟疾发病率的数据来自于文献研究提供的数据。因此本研究应用 Joinpoint 模型和灰色关联分析对 2004–2013 年我国疟疾疫情趋势及间日疟、恶性疟、未分型疟疾、本地疟疾发病率与疟疾总发病率的关联程度进行了分析。Joinpoint 模型显示我国疟

疾总发病率、间日疟发病率、恶性疟发病率以及未分型疟疾发病率均呈下降趋势，而 2004–2006 年间的总发病率和未分型疟疾发病率的回升趋势并不显著。间日疟、恶性疟、未分型疟疾发病率与疟疾总发病率的 3 种关联分析的结果一致，均显示间日疟

表 3 我国疟疾发病率灰色关联分析结果
Table 3 The results of grey relational analysis of malaria incidence in China

疟疾类型 Malaria typ	相对关联度 Relative relationship degree	绝对关联度 Absolute correlation degree	综合关联度 Comprehensive correlation degree
间日疟 Vivax malaria	0.955 4	0.836 3	0.895 9
恶性疟 falciparum malaria	0.891 9	0.586 4	0.739 1
未分型 Unclassified	0.909 0	0.629 5	0.769 3

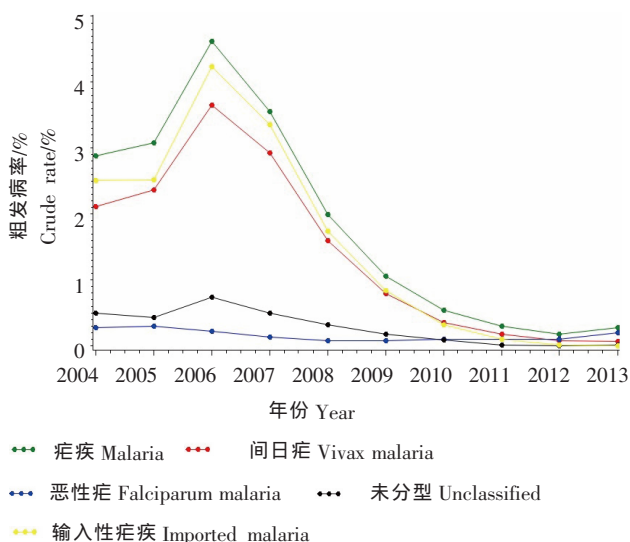


图 2 我国 2004–2013 年疟疾疫情变化趋势
Fig. 2 The trends of malaria incidence during 2004–2013 in China

与疟疾总发病率的关联度最大，两者关系密切，说明我国疟疾疫情以间日疟为主；恶性疟发病率与疟疾总发病率的关联度最小，恶性疟对我国疟疾发病总趋势影响较间日疟小。2007 年为间日疟发病率有意义的趋势变化联接点，主要与安徽省 2007 年起采取的以传染源清除行动为主的综合性防治措施有关^[25]。2004–2009 年全国恶性疟发病呈显著下降趋势，主要与海南和云南两省本地恶性疟传播得到极大遏制有关^[26–27]。2009–2013 年间，尽管 2013 年有输入性聚集性疫情发生，但总体上输入性疫情较为稳定。2006–2013 年间未分型疟疾发病呈显著下降趋势，其原因与总发病减少有关，也与我国疟疾诊断水平不断提升，特别是 2011 年全国疟疾诊断实验室网络建设启动^[28]后未分型疟疾发病已降至很低水平有关。2010 年启动消除疟疾工作后本地疟疾病例仍呈持续下降趋势。

由于数据来自公共卫生科学数据中心的公共数据平台，且 2010 年启动消除疟疾工作之前我国对报告疟疾病例中本地感染和境外输入性病例的区分不甚严格，且输入性病例的总人口数据难以获取，因此本研究未能就输入性病例变化趋势单独建模分析。随着消除疟疾阶段病例感染来源的区分更加准确，以及我国疾病报告系统和数据共享平台的不断

完善，今后应分别针对不同来源病例进行分析，从而为消除本地疟疾流行以及做好输入性疟疾防治提供更针对性的研究证据。就我国消除疟疾阶段，本研究表明当前全国疟疾总发病率、本地疟疾发病率、间日疟发病率和未分型疟疾发病率均呈明显下降趋势，恶性疟发病趋势 2009–2013 年保持平稳。随着出境务工人员逐年增多和边境人口流动日益频繁，应继续重点关注境外输入性疟疾特别是恶性疟的防控^[29–32]。

参 考 文 献

- [1] World Health Organization. World Malaria Report [R]. Geneva: WHO, 2016.
- [2] 周晓农, 张少森, 徐俊芳, 等. 我国消除疟疾风险评估分析 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2014, 32(6): 414–418.
- [3] 汤林华. 我国疟疾防治研究成就 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 1999, 17(5): 3–5.
- [4] 中华人民共和国卫生部. 中国消除疟疾行动计划 (2010–2020) [Z]. 2010.
- [5] Hu T, Liu YB, Zhang SS, et al. Shrinking the malaria map in China: measuring the progress of the national malaria elimination programme [J]. Infect Dis Poverty, 2016, 5(1): 52.
- [6] Cibulskis RE, Alonso P, Aponte J, et al. Malaria: global progress 2000–2015 and future challenges [J]. Infect Dis Poverty, 2016, 5(1): 61.
- [7] Weir HK, Johnson CJ, Ward KC, et al. The effect of multiple primary rules on cancer incidence rates and trends [J]. Cancer Causes Control, 2016, 27(3): 377–390.
- [8] Hou N, Huo D. A trend analysis of breast cancer incidence rates in the United States from 2000 to 2009 shows a recent increase [J]. Breast Cancer Res Treat, 2013, 138(2): 633–641.
- [9] 刘思峰, 谢乃明. 灰色系统理论及其应用 [M]. 北京: 科学出版社, 2008: 1–224.
- [10] 刘思峰, 蔡华, 杨英杰, 等. 灰色关联分析模型研究进展 [J]. 系统工程理论与实践, 2013, 33(8): 2041–2046.
- [11] 丰俊, 夏志贵. 2004–2013 年中国疟疾发病情况及趋势分析 [J]. 中国病原生物学杂志, 2014, 9(5): 442–446.
- [12] 张丽, 丰俊, 夏志贵. 2013 年全国疟疾疫情分析 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2014, 32(6): 407–413.
- [13] 盛慧峰, 周水森, 顾政诚, 等. 2002 年全国疟疾形势 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2003, 21(4): 3–6.
- [14] 周水森, 汤林华, 盛慧峰, 等. 2004 年全国疟疾形势 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2006, 24(1): 1–3.
- [15] 周水森, 王漪, 汤林华. 2005 年全国疟疾形势 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2006, 24(6): 401–403.
- [16] 周水森, 王漪, 汤林华. 2005 年全国疟疾形势 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2006, 24(6): 401–403.
- [17] 周水森, 王漪, 汤林华. 2006 年全国疟疾形势 [J]. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 2007, 25(6): 439–441.

- [18] Yin JH, Zhou SS, Xia ZG, *et al.* Historical patterns of malaria transmission in China[J]. *Adv Parasitol*, 2014, 86: 1-19.
- [19] 夏志贵, 徐俊芳, 张少森, 等. 我国疟疾由控制走向消除的干预措施分析 [J]. *中国血吸虫病防治杂志*, 2014, 26(6): 598-601.
- [20] Yin JH, Yang MN, Zhou SS, *et al.* Changing malaria transmission and implications in China towards national malaria elimination programme between 2010 and 2012 [J]. *PLoS One*, 2013, 8(9): e74228.
- [21] Li Z, Yang Y, Xiao N, *et al.* Malaria imported from Ghana by returning gold miners, China, 2013 [J]. *Emerg Infect Dis*, 2015, 21(5): 864-867.
- [22] National Cancer Institute Division of Cancer Control & Population Sciences. Joinpoint Trend Analysis Software [EB/OL]. (2016-04-19). <http://surveillance.cancer.gov/joinpoint/>.
- [23] Kim HJ, Fay MP, Feuer EJ, *et al.* Permutation tests for joinpoint regression with applications to cancer rates [J]. *Stat Med*, 2000, 19(3): 335-351.
- [24] Farkas K, Szűcs M, Nyíri TA. Trends in gastrointestinal cancer mortality rate in Hungary [J]. *Pathol Oncol Res*, 2016, 22(4): 681-688.
- [25] 许娴, 李卫东, 姜静静, 等. 安徽省 1999-2013 年疟疾疫情特征分析 [J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2015, 33(1): 1-6.
- [26] 刘莹, 王光泽, 胡锡敏, 等. 海南省 2006-2010 年疟疾疫情分析 [J]. *中国热带医学*, 2012, 12(2): 144-145.
- [27] 李华宪, 陈国伟, 杨沅川, 等. 云南省 2001-2010 年疟疾流行现状与趋势 [J]. *中国媒介生物学及控制杂志*, 2013, 24(2): 147-151.
- [28] Yin JH, Yan H, Huang F, *et al.* Establishing a China malaria diagnosis reference laboratory network for malaria elimination [J]. *Malaria J*, 2015, 14: 40.
- [29] Zhou S, Li Z, Cotter C, *et al.* Trends of imported malaria in China 2010-2014: analysis of surveillance data [J]. *Malaria J*, 2016, 15: 39.
- [30] Xia S, Ma JX, Wang DQ, *et al.* Economic cost analysis of malaria case management at the household level during the malaria elimination phase in The People's Republic of China [J]. *Infect Dis Poverty*, 2016, 5: 50.
- [31] Xu JW, Li Y, Yang HL, *et al.* Malaria control along China-Myanmar Border during 2007-2013: an integrated impact evaluation [J]. *Infect Dis Poverty*, 2016, 5: 75.
- [32] 李奔福, 蔺应学, 郭祥瑞, 等. 中缅边境疟疾流行情况调查 [J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2015, 33(4): 261-263.

(收稿日期: 2016-8-30 编辑: 衣凤芸)

(上接第 113 页)

- [8] Du L, Tang H, Ma Z, *et al.* The protective effect of the recombinant 53-kDa protein of *Trichinella spiralis* on experimental colitis in mice [J]. *Dig Dis Sci*, 2011, 56(10): 2810-2817.
- [9] 姚菊霞, 李文卉, 盖文燕, 等. 旋毛虫半胱氨酸蛋白酶抑制剂基因 *TsCystatin1* 的克隆及序列分析 [J]. *中国兽医科学*, 2011, 41(6): 569-574.
- [10] Hartmann S, Lucius R. Modulation of host immune responses by nematode cystatins [J]. *Int J Parasitol*, 2003, 33(11): 1291-1302.
- [11] Klotz C, Ziegler T, Danilowicz-Luebert E, *et al.* Cystatins of parasitic organisms [J]. *Adv Exp Med Biol*, 2011, 712: 208-221.
- [12] He B, Cai G, Ni Y, *et al.* Characterization and expression of a novel cystatin gene from *Schistosoma japonicum* [J]. *Mol Cell Probes*, 2011, 25(4): 186-193.
- [13] Ziegler T, Rausch S, Steinfelder S, *et al.* A novel regulatory macrophage induced by a helminth molecule instructs IL-10 in CD4⁺ T cells and protects against mucosal inflammation [J]. *J Immunol*, 2015, 194(4): 1555-1564.
- [14] Wang S, Xie Y, Yang X, *et al.* Therapeutic potential of recombinant cystatin from *Schistosoma japonicum* in TNBS-induced experimental colitis of mice [J]. *Parasit Vec*, 2016, 9(1): 6.
- [15] Khatri V, Amdare N, Tarnekar A, *et al.* *Brugia malayi* cystatin therapeutically ameliorates dextran sulfate sodium-induced colitis in mice [J]. *J Digest Dis*, 2015, 16(10): 585-594.
- [16] Ji P, Hu H, Yang X, *et al.* Accystatin, an immunoregulatory molecule from *Angiostrongylus cantonensis*, ameliorates the asthmatic response in an aluminium hydroxide/ovalbumin-induced rat model of asthma [J]. *Parasitol Res*, 2015, 114(2): 613-624.
- [17] 姚菊霞, 付宝权. 寄生性线虫半胱氨酸蛋白酶抑制剂研究进展 [J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2012, 30(2): 146-151.
- [18] Jang SW, Cho MK, Park MK, *et al.* Parasitic helminth cystatin inhibits DSS-induced intestinal inflammation via IL-10⁽⁺⁾ F4/80⁽⁺⁾ macrophage recruitment [J]. *Korean J Parasitol*, 2011, 49(3): 245-254.

(收稿日期: 2016-12-30 编辑: 衣凤芸)