

利用地理信息系统数据库分析钉螺空间区域的分布

周晓农 TK Kristensen 洪青标 孙乐平 M Fuentes JB Malone

【摘要】 目的 利用地理信息系统(GIS)数据库分析中国大陆钉螺的空间区域分布。**方法** 收集中国九省 34 个种群钉螺等位基因实验所得的种群遗传变异资料以及钉螺易感性实验资料,建立数据库。以世界数字地图为背景,在 ArcView 3.0 a 软件上与钉螺的遗传变异和易感性数据库相联。采用 ArcView 空间分析和 GIS 重叠分析功能进行区域划分。收集 1995 年 AVHRR NDVI 卫星图像组合成流行季节的卫星图像,并重叠各种群钉螺的杂合指数、多态位点百分率和血吸虫感染率分布图,进行图像分类。**结果** 空间分析结果,将钉螺遗传杂合性指数、多态位点百分率和钉螺感染率的分布图,划分成西部和东部二大区域,各区域内有各种类型。三层分布图与 AVHRR NDVI 卫星图像重叠分析后,显示出西部四川、西部云南、中部江湖洲滩和东南部沿海 4 个明显不同的区域。**结论** 首次运用 GIS 分析种群遗传学资料,佐证了中国大陆钉螺种群结构为分裂亚群结构,并可区分出多个亚种的理论。

【关键词】 螺 基因,结构 地理学 数据库,文献型

Analysis for Spatial Distribution of *Oncomelania* Snail in Mainland China by Geographic Information System (GIS) Database ZHOU Xiaonong*, TK Kristensen, HONG Qingbiao, et al. * Jiangsu Institute of Parasitic Diseases, Wuxi 214064

【Abstract】 Objective To analyze spatial distribution of *Oncomelania* snail populations in mainland China by geographic information system (GIS) database. **Methods** Genetic variation experiment data and experimental data of susceptibility of 34 snail populations were collected from nine provinces in China, to set up a database. A world digital map was linked with the database in a software ArcView Release 3.0 a to be used to divide zones with ArcView spatial analyze function and GIS overlaying function. AVHRR NDVI satellite images were collected to form a new one for prevalent season, which were overlaid with distribution maps of heterozygous indices of snail populations, polymorphic locus percentage and infection rates of snail population with schistosome for classifying the images. **Results** Spatial analysis showed that distribution maps of genetic heterozygous indices of snail, percentage of polymorphic loci and infection rate of snail can be divided into two large zones, i.e., east zone and west zone, showed with varied pictures. Analysis for overlaying three-stratum distribution map with AVHRR NDVI satellite image showed four distinctly different spatial zones, including west Sichuan zone, west Yunnan zone, middle zone of river, lake and marshland, and southeast coastal zone. **Conclusion** It is the first time using GIS to analyze data of *Oncomelania* population genetics and confirmed the population structure of *Oncomelania* snails presented discrete sub-population model, which supports the theory of sub-species of *Oncomelania* spp. Exited in mainland China.

【Key words】 Snails Enes, structural Geography Databases, bibliographic

对钉螺的地域分布与分类研究已有较多的报

本研究受联合国开发署/世界银行/世界卫生组织热带病研究和培训特别规划署资助(编号:970990),江苏省自然科学基金会资助(编号:BK97210)

作者单位:214064 无锡市 江苏省血吸虫病防治研究所(周晓农、洪青标、孙乐平) Danish Bilharziasis Laboratory, Charlottenlund, Denmark (TK Kristensen); School of Veterinary Medicine, Louisiana State University (M Fuentes, JB Malone)

道,钉螺的种群遗传学研究为地理分隔种群的研究提供了途径。周晓农等^[1]通过检测中国大陆钉螺不同种群的等位基因频率,发现全国钉螺种群结构为一分裂亚群结构,环境和行为障碍同时影响着钉螺亚群的分离,使亚群间的扩散和转移机会减少。但是,未能在地图上显示出这一地理分隔现象,将地理信息系统(GIS)应用于动物种群空间分布对生态学家还是一个新的领域,尚未被种群遗传学家应用

过^[2,3]。本研究利用钉螺种群遗传学资料和钉螺易感性资料建立 GIS 数据库,分析中国大陆钉螺的空间区域分布,为钉螺的分类和血吸虫病流行病学研究提供理论依据。

材料与方法

1. 遗传变异及易感性数据库:收集中国九省 34 个种群的钉螺等位基因实验所得的各多态基因位点遗传变异资料^[4],以及各种群钉螺易感性实验资料^[5],建立数据库。

2. 空间分布分析:以世界数字地图(1:100 万)为背景,在 ArcView 3.0 a 软件上与钉螺各种群的遗传变异和易感性数据库相联,各种群钉螺的杂合性指数、多态位点百分率和血吸虫感染率以不同颜色点表示。采用 ArcView 空间分析功能进行区域划分,以线条或颜色表示出各相应数据的强弱。

3. GIS 重叠分析:收集 1995 年各季度的高分辨率发射卫星 AVHRR NDVI 卫星图像,每个网格分辨率 1.1 km。在 ERDAS 8.03 软件上组合流行季节(3~10 月)的 NDVI 卫星图像。以该组合卫星图像为背景,重叠各种群钉螺的杂合指数、多态位点百分率和血吸虫感染率分布图,分类后划分出不同遗传特性钉螺的不同区域。

结 果

1. 各钉螺种群的相应地理位置、遗传杂合性指数、多态位点百分率和血吸虫感染率的数据见表 1。

2. 图 1 显示钉螺遗传杂合性指数分布,空间分析结果划分出西部和东部二大区域,在西部区域内,四川省与云南省为明显的不同类型。东部则可划分出湖区(湖北、湖南、江西)、东部沿海(江苏、上海、安徽)和东南沿海(福建)等 3 大类型。图 2 显示钉螺各种群多态位点百分率分布,区域性划分与图 1 很相似。图 3 显示钉螺各种群对血吸虫感染率的分布,空间分析清楚地划分出东西 2 大区域,且东部可进一步划分出沿海和江湖洲滩 2 个类型。

3. 图 1~3 三层分布图与 1995 年 3~10 月 AVHRR NDVI 卫星图像重叠分析后,显示出 4 块明显的不同区域,分别为西部四川区域、西部云南区域、中部江湖洲滩区域和东南部的沿海区域(图 4)。

表 1 中国大陆九省 34 种群钉螺的地理信息数据库资料

种群代码	东经℃	北纬℃	多态位点百分率	平均杂合性	感染率(%)
AHDLH	117.51	30.52	17.6	0.052	36.18
AHDLL	117.46	30.58	11.8	0.032	25.00
AHDLM	117.46	30.55	11.8	0.040	31.07
AHGD	119.25	30.53	23.5	0.093	0.00
AHCZ	117.26	30.35	17.6	0.047	40.95
AHJYH	117.54	30.47	23.5	0.121	14.29
AHJYM	117.54	30.47	5.9	0.024	17.00
FJFQ	119.24	25.50	23.5	0.082	3.55
HBHW	113.25	29.49	5.9	0.026	82.65
HBHZ	113.48	30.39	5.9	0.024	85.90
HBJJ	112.43	30.26	17.6	0.051	36.36
HBJZ	112.13	30.03	11.8	0.040	5.56
HBSS	112.24	29.45	5.9	0.021	44.12
HBWZ	114.08	30.21	11.8	0.029	35.12
HBXN	113.50	29.43	11.8	0.046	20.43
HNHR	112.33	29.31	17.6	0.058	26.63
HNXH	112.07	29.05	11.8	0.032	38.51
JSBGZ	118.47	32.10	5.9	0.029	93.81
JZGY	119.21	33.02	5.9	0.026	41.67
JSHX	120.36	31.23	17.6	0.077	15.15
JSHY	119.02	32.12	11.8	0.069	21.43
JSJD	119.33	31.46	11.8	0.036	54.74
JSLH	118.36	32.02	5.9	0.025	27.96
JSLHX	118.51	31.16	11.8	0.038	91.67
JSYZ	120.40	32.52	17.6	0.082	26.67
JSYZXH	120.36	32.53	11.8	0.036	—
JXBZ	116.33	29.53	11.8	0.062	78.57
SHSM	121.04	30.53	11.8	0.063	64.13
SZDL	103.34	30.03	23.5	0.101	0.00
SZDY	103.31	30.39	29.4	0.082	0.00
SZPG	102.30	27.23	17.6	0.097	6.03
SZPS	103.51	30.12	23.5	0.098	0.00
YNDL	100.15	25.32	12.5	0.064	0.00
YNWS	100.20	25.15	11.8	0.071	0.00

变异和遗传多态现象^[4,6],而平均杂合性和多态位点百分率是分别表示遗传变异和遗传多态性的常用指标。同时,实验研究发现,钉螺的易感性具有一定的遗传学基础,与某些基因位点相关联^[7]。本研究选择遗传学分析指标外,还选择了易感性这一生物学指标,既表达了钉螺的某些遗传学特征,又反映了血吸虫与螺宿主的关系。这 3 个指标能基本反映出目前中国钉螺的空间分布特征。

动物种群遗传变异的研究可显示出动物杂合子空间分布的成因,同时环境因素能通过控制动物个体的运动来影响种株的变异^[8,9]。应用 GIS 研究结果显示,中国大陆钉螺可明显地划分出东西二大区域,东西区域间存在明显地理距离,两区域中心位置

已有研究表明,中国大陆钉螺存在明显的遗传

间的距离约 800 km, 且这一分隔区的位置与长江三峡无螺区相重叠。这一结果佐证了中国大陆钉螺种群为分裂亚群结构并可区分出多个亚种的理论^[10]。

本研究首次运用地理信息系统分析种群遗传学资料, 特别是利用 GIS 空间分析功能和重叠分析功能, 综合不同指标于同一地图上, 直观地反映出不同区域间的相关关系。许多研究已表明, 钉螺的分布与植被性质有关。我们尝试应用卫星遥感片的植被指数(NDVI)分布图组合遗传学资料后, 清楚地反映出钉螺的不同区域分布。所划出的 4 大区域基本与肖荣炜将中国大陆钉螺分布区划分为长江中下游区、长江上游区、珠江流域和东部沿海区相一致。按刘月英等^[11]的分类, 长江上游的四川与云南钉螺同为日本钉螺填川亚种, 具有相同的生态环境和生物特征。但本结果发现, 该两省的钉螺分布分为明显的不同区域。这一现象支持了钉螺起源与扩散的理论^[7], 为进一步探讨中国大陆钉螺的分类和起源提供了佐证。

(本文图 1~4 见封四)

参 考 文 献

1 周晓农, 洪青标, 孙乐平, 等. 中国大陆钉螺种群遗传学研究Ⅲ:

遗传变异与地理分布的关系. 中国血吸虫病防治杂志, 1995, 7: 202-205.

2 Johnson LB. Analysis of spatial and temporal phenomena using geographical information systems. Landscape Ecology, 1990, 4: 31-43.

3 Scott JM, F Davis, B Csuti, et al. GAP analysis: a geographic approach to protection of biological diversity. Wildlife Monographs, 1993, 123.

4 周晓农, 孙乐平, 洪青标, 等. 中国大陆钉螺种群遗传学研究 I: 种群遗传变异. 中国血吸虫病防治杂志, 1995, 7: 67-71.

5 周晓农, Kristensen TK, 吴中兴, 等. 中国大陆钉螺种群遗传学研究 II: 钉螺易感性与等位基因频率间的关系. 中国血吸虫病防治杂志, 1995, 7: 1-5.

6 张仪, 冯婷, Davis GM. 中国大陆钉螺等位基因位点研究. 中国寄生虫学与寄生虫病杂志, 1994, 12: 172-177.

7 Zhou XN, TK Kristensen. Relationship between susceptibility and genotype frequency of *Oncomelania* spp. to *Schistosoma japonicum* from mainland China analysed by logistic regression. J Moll Stud, 1995, 61: 500-502.

8 Kaeva P. Population dynamics in spatially complex environments: theory and data. London: Philosophical Transactions of the Royal Society, 1990. 175-190.

9 Green K, D Kempka, L Lackey. Using remote sensing to detect and monitor land-cover and land-use change. Photogrammetric Engineering Remote Sensing, 1994, 60: 331-337.

10 周晓农, ES Upatham, R Kaewjam. 日本血吸虫中间宿主钉螺的种群遗传变异研究. 中国血吸虫病防治杂志, 1994, 6: 262-264.

11 刘月英, 楼子康, 王耀先, 等. 钉螺的亚种分化. 动物分类学报, 1981, 6: 253-267.

(收稿: 1998-11-03 修回: 1999-05-23)

(本文编辑: 邵隼一)

·健康教育·

农村社区口腔健康教育效果评价

侯祥环 侯贻敏 黄永秀

为探讨健康教育对农民口腔健康行为的影响和预防口腔疾病的效果, 从 1995 年起, 对两行政村的全体村民(不满周岁除外)开展了口腔健康教育。通过多种传媒(讲座、广播、报纸、黑板报等)对农民反复传播口腔卫生知识, 定期开展口腔卫生咨询和口腔检查。在实施过程中与镇、村干部密切配合, 共同负责。通过 3 年的动态观察, 初见成效。

1. 资料分组: 干预前受检者 987 人, 干预后受检者 972 人, 儿童按生理年龄段分为学龄前儿童组(1~6 岁, 乳牙列期)和学龄儿童组(7~14 岁, 混合牙列期), 成人(15 岁以上, 恒牙列期)按 10 年年龄段分组。

2. 效果和评价: 干预前后农民刷牙率由 39.0% 提高到 93.0%。其中每日 1 次者由 10.7% 提高到 47.4%, 每日 2 次者由 0.9% 提高到 39.2%。刷牙方法正确率由 0 提高到

24.1%。学龄儿童和 15~24 岁青少年基本上做到每日刷牙, 方法正确, 学龄前儿童刷牙率也由 2.9% 提高到 63.6%, 而刷牙效果并不令人满意。3 年中龋齿患病率有下降趋势, 由干预前的 62.5% 下降为 60.5%, 其中学龄前儿童由 64.7% 下降到 59.4%, 学龄儿童由 81.3% 下降到 78.7%, 青少年由 40.3% 下降到 34.9%, 35~44 岁组由 66.7% 下降到 63.0%, 其他各组下降不明显。患龋牙数明显减少, 学龄儿童下降最明显, 由 2.39 降至 1.74 ($P < 0.01$)。牙周病患病率下降不明显。

3. 讨论: 通过口腔健康教育, 农民建立了正确的口腔行为, 儿童和青少年形成了少吃糖、不吃零食、饭后漱口、每日刷牙和牙痛找医生的好习惯, 在短短 3 年中龋齿患病率就有下降。

作者单位: 273500 山东省邹城市人民医院(侯祥环、黄永秀); 山东省邹城市卫生防疫站(侯贻敏)

(收稿: 1999-01-12 修回: 1999-06-03)

(本文编辑: 邵隼一)

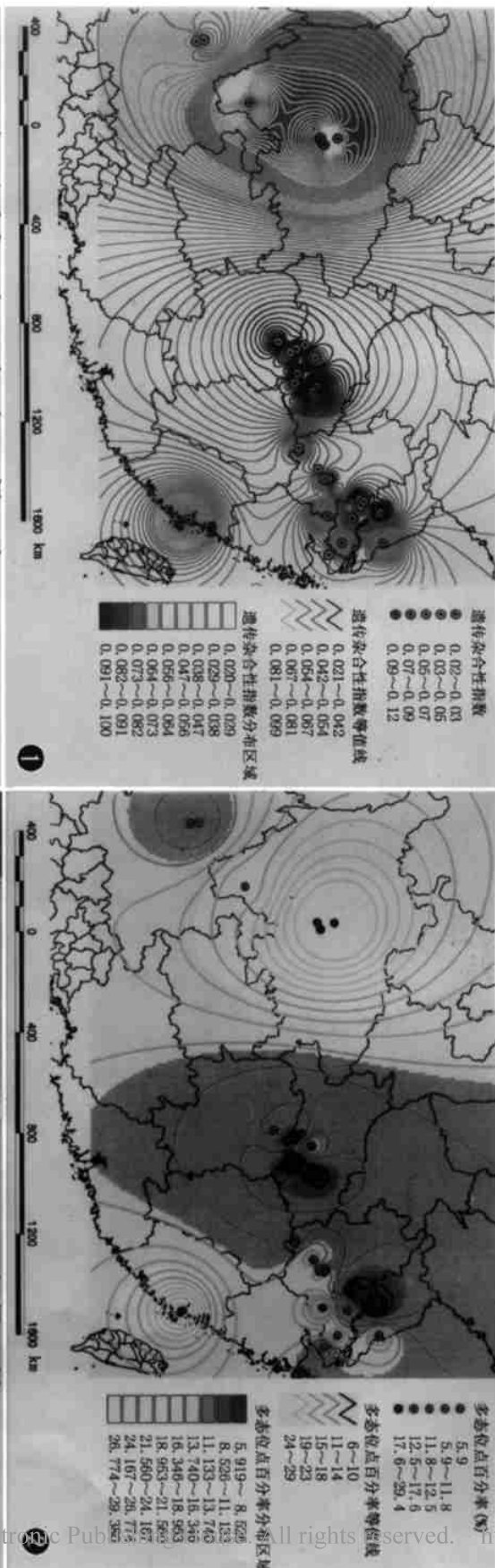


图 1 钉螺遗传杂合性指数分布

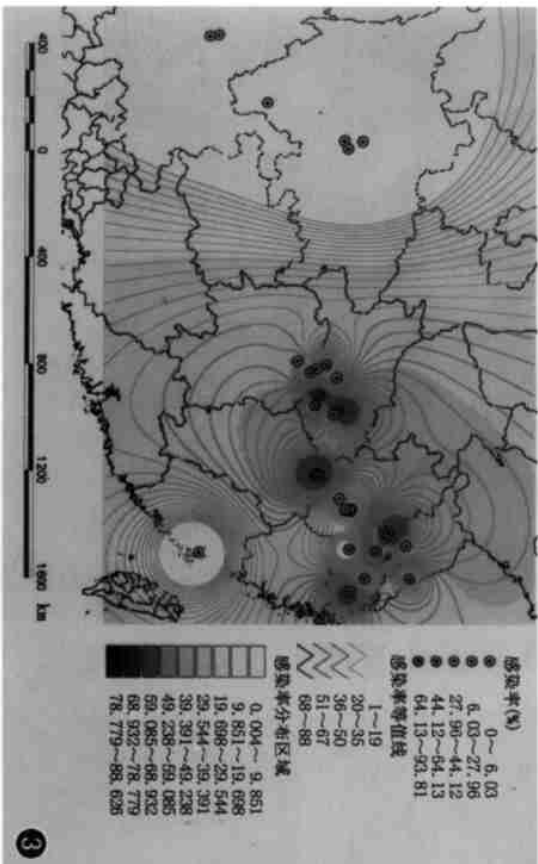


图 2 钉螺各种群多态位点百分率分布

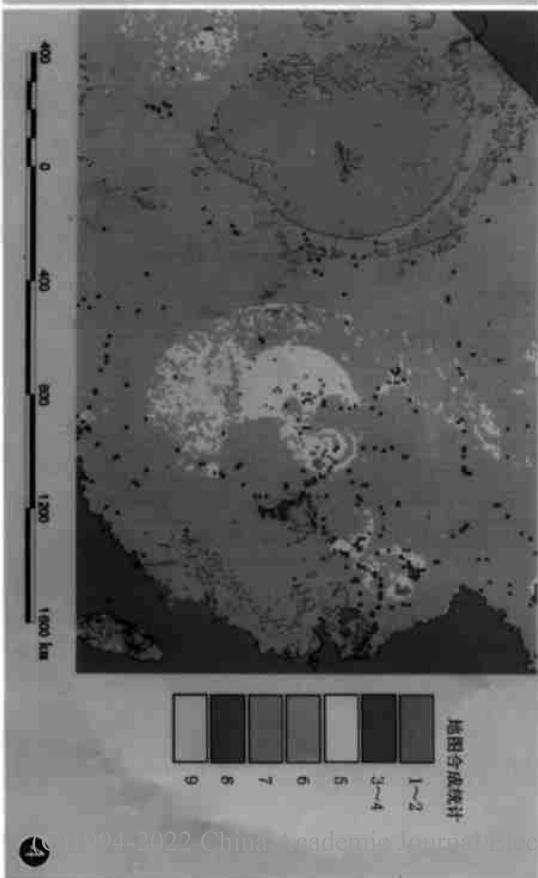


图 3 钉螺感染分布

图 4 钉螺地理区域分布