

# 湖区某县日本血吸虫病时空模型的构建与应用

杨坤<sup>1</sup>, 周晓农<sup>2</sup>, 王显红<sup>2</sup>, 杨国静<sup>1</sup>, 贾铁武<sup>2</sup>, 何未龙<sup>3</sup>

**[摘要]** **目的** 基于贝叶斯模型构建日本血吸虫病时空分布模型, 分析血吸虫病时空格局变化, 评估环境变化对血吸虫病疫情的影响。**方法** 利用湖南省汉寿县1996–2005年的查病数据和遥感提取的环境因子, 在考虑血吸虫病检查方法灵敏度和特异度的不确定性和血吸虫病时空格局的基础上, 构建不同的血吸虫病贝叶斯模型, 筛选最佳模型, 分析10年间血吸虫病的时空格局变化, 并评估退田还湖工程对血吸虫病疫情的影响。**结果** 血吸虫病贝叶斯时空交互模型为最佳模型。10年间, 汉寿人群血吸虫感染率无显著时间相关性, 每年人群血吸虫感染率的空间相关结构差异较大; 血吸虫感染率预测变化图显示汉寿县沅水以南地区无显著性变化, 沅水以北地区的感染率显著增加, 提示本研究区域内单退型退田还湖对血吸虫病的影响程度可能要强于双退型。**结论** 基于贝叶斯模型, 构建血吸虫病时空分析模型是切实可行的。该类模型在分析和预测血吸虫病分布中将发挥重要作用, 可作为确定防治措施、提高防治效果的重要工具。

**[关键词]** 日本血吸虫病; 时空模型; 退田还湖; 湖区

**[中图分类号]** R532.21 **[文献标识码]** A

## Establishment and application of spatio-temporal model of schistosomiasis japonica in a county in marshland region

Yang Kun<sup>1</sup>, Zhou Xiao-nong<sup>2</sup>, Wang Xian-hong<sup>2</sup>, Yang Guo-jing<sup>1</sup>, Jia Tie-wu<sup>2</sup>, He Wei-long<sup>3</sup>

1 Jiangsu Institute of Parasitic Diseases, Key Laboratory on Technology for Parasitic Disease Prevention and Control, Ministry of Health, Wuxi 214064, China; 2 National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention, China; 3 Hanshou County Center for Disease Control and Prevention, Hunan Province, China

**[Abstract]** **Objective** To develop a spatio-temporal model of schistosomiasis japonica based on Bayesian model, and to analyze the spatio-temporal pattern of schistosomiasis, as well as to evaluate the impact of environment changes on schistosomiasis endemic. **Methods** Different Bayesian models were established by employing the data of the periodical surveillance on schistosomiasis during 1996–2005 period by taking into account of the uncertainty in sensitivity and specificity of diagnostic test, then the best fitness model was selected to analyze the spatio-temporal pattern of schistosomiasis and evaluate the impact of environment changes on schistosomiasis. **Results** The model with space-time interaction was a better fitting model. No significant temporal correlation was found in human infection rate of *Schistosoma japonicum*, and the difference of spatial structure between human infection rates of each year was significant. The prediction map of *S. japonicum* infection showed the changes of infection in the south areas of the Yuan River were not significant, while the prevalence increased significantly in the north areas of the river, which indicated that the impact of the implementation of project on partial abandon areas for water storing on prevalence of *S. japonicum* was stronger than that of the project on completed abandon areas for water storing. **Conclusions** It is feasible to develop the spatio-temporal model of schistosomiasis japonica based on Bayesian model, and this integrated Bayesian model approach may become a powerful and statistically robust tool for estimating and evaluating the control strategy.

**[Key words]** Schistosomiasis japonica; Spatio-temporal model; Returning farmland to lake; Marshland region

长江中下游流域雨量充沛、洲滩众多、植被茂盛,

适宜日本血吸虫中间宿主钉螺的孳生繁殖, 为我国血吸虫病主要流行区。该区域受水文、地貌特征及人类开发利用的综合影响, 极易遭受洪水侵袭。1990年以来长江流域连续发生了特大洪涝灾害, 给社会经济和人民生活造成了难以估量的损失<sup>[1]</sup>, 国家及时采取了平垸行洪、退田还湖、移民建镇等措施<sup>[2-6]</sup>。针对“平、退、移”可能造成的血吸虫病流行趋势, 正确评价血吸虫病疫情变化, 及时调整防治策略, 优化卫生资

**[基金项目]** 国家自然科学基金(81101275); 国家科技重大专项(2008ZX10004-011); 江苏省自然科学基金(BK2010153); 江苏省医学重点人才项目(RC2011094)

**[作者单位]** 1 江苏省血吸虫病防治研究所、卫生部寄生虫病预防与控制技术重点实验室(无锡 214064); 2 中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所; 3 湖南省汉寿县疾病预防控制中心

**[作者简介]** 杨坤, 男, 博士, 副研究员。研究方向: 血吸虫病流行病学

源配置,适应自然环境变化和社会经济发展需求,具有重要的社会意义。前期有学者利用时间序列等传统方法成功预测了血吸虫病流行趋势<sup>[7-11]</sup>,然而利用历史数据进行流行病学分析时,可能存在缺失值、查病方法不一致等现象;且血吸虫病分布于特定的自然疫源地内,具备其独特的流行病学规律,传统统计方法的空间/时间效应分析方法由于局限性,可能低估这些测量值的变异。

近年来,贝叶斯模型在流行病学研究领域中的应用日益广泛,其可同时分析危险因素的作用和疾病空间或时间的分布规律,且可以纳入结果变量(应变量)和解释变量(自变量)的不确定性<sup>[12-13]</sup>。本研究利用1996-2005年湖南省汉寿县以村为单位的人群血吸虫病查病数据与高分辨率遥感数据提取的环境数据,构建血吸虫病贝叶斯模型,分析血吸虫病的时空格局变化,并评估退田还湖对人群血吸虫病疫情的影响。

## 材料和方法

### 1 人群血吸虫病查病资料

数据来自于1996-2005年汉寿县以村为单位的血吸虫病年报资料,查病方法包括血清学(IHA)<sup>[14]</sup>和病原学检查(Kato-Katz法)<sup>[15]</sup>。10年间,各村查病方法和频次处于变化过程中(如部分村仅开展IHA检查;或先进行IHA筛查,阳性者再行Kato-Katz检查;或仅采用病原学检查)。本研究选取10年间查病(血清学或病原学任一种)次数>3次的村作为研究对象。

### 2 空间数据收集

采用GPS或Google Earth获得278个血吸虫病流行村村委会所在地的地理坐标(经纬度)。从中国遥感卫星地面站购买1996-2005年间覆盖汉寿县的Landsat-5 TM和Landst-7 ETM遥感图像7幅,时间分别为:1996-07、1998-07、1999-07、2001-07、2002-07、2004-07、2005-07。

利用ArcGIS 9.1(ESRI, Redlands, CA, USA)的空间分析(Spatial Analyst)模块,计算各村每年的植被指数(NDVI)、地面湿度(Wetness)和地面温度(LST)的平均值,并在SPSS 11.0(SPSS Institute Inc., Chicago, USA)中将各年的NDVI、Wetness和LST均值分别进行标化(转换成均数为0、标准差为1的标准正态分布)。同时,计算各血吸虫病流行村至水系的最短直线距离。

### 3 血吸虫病贝叶斯复合模型构建

根据查病的3种情况,贝叶斯模型对第 $t$ 年第 $i$ 村的人群血吸虫感染率 $p_{it}$ 的计算过程中,可能有3种组合形式:单纯IHA检查、单纯Kato-Katz检查及IHA结合Kato-Katz法检查。

假设检查阳性数 $z_{it}$ 服从二项分布,即

$$z_{it} \sim \text{Binomial}(\pi_{it}, n_{it}) \quad (1)$$

其中 $z_{it}$ 、 $\pi_{it}$ 与 $n_{it}$ 分别为某种查病方法在第 $t$ ( $t=1, \dots, T$ )年第 $i$ ( $i=1, \dots, N$ )村检查的阳性数、阳性率与检查人数。

**3.1 单纯IHA检查** 假设第 $t$ 年所有查病村的IHA灵敏度和特异度相同,则有:

$$\pi_{it} = p_{it}s_{1t} + (1-p_{it})(1-c_{1t}) \quad (2)$$

其中, $p_{it}$ 为第 $t$ 年第 $i$ 村人群血吸虫估计感染率, $s_{1t}$ 和 $c_{1t}$ 分别为第 $t$ 年IHA检查方法的灵敏度和特异度。

**3.2 单纯Kato-Katz检查** 假设第 $t$ 年所有查病村的Kato-Katz法的灵敏度和特异度相同,则有:

$$\pi_{it} = p_{it}s_{2t} + (1-p_{it})(1-c_{2t}) \quad (3)$$

其中, $p_{it}$ 为第 $t$ 年第 $i$ 村人群血吸虫估计感染率, $s_{2t}$ 和 $c_{2t}$ 分别为第 $t$ 年Kato-Katz检查方法的灵敏度和特异度。

**3.2 IHA阳性者Kato-Katz检查** 数据服从多项式分布<sup>[16]</sup>,即:

$$(Y_{1it}, Y_{2it}) \sim \text{Binomial}((\pi_{1it}, \pi_{2it}), n_{it}) \quad (4)$$

其中 $Y_{1it}$ 与 $Y_{2it}$ 分别为IHA阳性者进行Kato-Katz检查方法在第 $t$ ( $t=1, \dots, T$ )年第 $i$ ( $i=1, \dots, N$ )村检查阳性数和阴性数; $\pi_{1it}$ 和 $\pi_{2it}$ 分别为Kato-Katz法的阳性率和阴性率; $n_{it}$ 为IHA法在第 $t$ ( $t=1, \dots, T$ )年第 $i$ ( $i=1, \dots, N$ )村检查阳性人数。

然而实际工作中,由于各种原因并非所有IHA阳性者均进行Kato-Katz法检查,因此上述两种组合中可能含有缺失值。目前在贝叶斯分析软件WinBUGS中多项式分布的数据尚不允许有缺失值存在,所以将上述多项式分布改写为条件二项式分布<sup>[10, 17]</sup>:

$$K_{1it} \sim \text{Binomial}(\pi_{1it}, n_{1it}) \quad (5)$$

$$K_{2it} \sim \text{Binomial}(\pi_{2it}, n_{2it}) \quad (6)$$

其中

$$\pi_{1it} = p_{it}s_{1t} + (1-p_{it})(1-c_{1t}) \quad (7)$$

$$\pi_{2it} = (p_{it}s_{1t}s_{2t} + (1-p_{it})(1-c_{1t})(1-c_{2t}))/\pi_{1it} \quad (8)$$

其中 $n_{1it}$ 、 $K_{1it}$ 、 $n_{2it}$ 和 $K_{2it}$ 分别表示第 $t$ ( $t=1, \dots, T$ )年第 $i$ ( $i=1, \dots, N$ )村IHA检查人数、IHA阳性人数以及和Kato-Katz法检查人数、Kato-Katz法阳性人数,且 $n_{2it} \leq n_{1it}$ ,  $\pi_{1it}$ 、 $\pi_{2it}$ 和 $p_{it}$ 分别表示第 $t$ 年第 $i$ 村IHA阳性率、血检阳性者中Kato-Katz法阳性

率和人群感染率,  $s_{1t}$  和  $c_{1t}$  分别为第  $t$  年 IHA 法的灵敏度和灵敏度,  $s_{2t}$  和  $c_{2t}$  分别为第  $t$  年 Kato-Katz 法的灵敏度和特异度。

3.4 模型建立 对人群感染率  $p_{it}$  进行建模, 采用标准 Logistic 回归方程分析, 对人群感染率  $p_{it}$  进行 logit 转换, 构建 3 种模型, 解释人群感染率和自变量(解释变量)之间的线性关系, 分别为:

模型 1:  $\log it(p_{it}) = \alpha + \sum_k \beta_k X_{ik}$  (非时空模型) (9);

模型 2:  $\log it(p_{it}) = \alpha + \sum_k \beta_k X_{ik} + u_i + v_t$  (时空独立模型) (10);

模型 3:  $\log it(p_{it}) = \alpha + \sum_k \beta_k X_{ik} + u_{it}$  (时空交互模型) (11);

模型 1 为单纯的 Logistic 回归模型, 模型 2 和模型 3 中引入解释时间、空间相关性的时间和空间效应, 模型 2 假设时间和空间效应相互独立, 模型 3 假设空间效应随时间变化而改变(时空交互效应)<sup>[18]</sup>。

其中  $\alpha$  为截距,  $X_{ik}$  为第  $i$  村第  $t$  年第  $k$  个自变量(环境因素或景观指数指标)的值,  $\beta_k$  为第  $k$  个自变量所对应的回归系数。模型 2 中  $u_i$  和  $v_t$  分别代表空间和时间随机效应。设空间效应  $u_i$  服从平稳(Stationary)、各向同性(Isotropic)的空间过程<sup>[19]</sup>, 即均数和方差不随地点不同而变化, 空间自相关系数只与距离间隔长短有关, 而与所处的地点和方向无关。设  $u_i$  的向量  $u = (u_1, u_2, \dots, u_N)^T$  服从方差-协方差矩阵为  $\Sigma$  的多元正态分布, 即  $u \sim MVN(0, \Sigma)$ 。设时间效应  $v_t$  服从一阶自回归过程(AR(1)过程)<sup>[20]</sup>, 即第  $t$  年的观测值(人群感染率)只与  $t-1$  年的观测值有关, 但与更前面的其他观测值均无关。

模型 3 中, 时空效应  $u_{it}$  的向量  $u_t = (u_{1t}, u_{2t}, \dots, u_{Nt})^T$  服从方差-协方差矩阵为  $\Sigma_t$  的多元正态分布, 即  $u_t \sim MVN(0, \Sigma_t)$ , 采用指数模型对  $\Sigma_t$  进行定义

$$\Sigma_{lmt} = \sigma_{ut}^2 \exp(-\phi_l h_{lmt}) \quad (12)$$

其中  $\sigma_{ut}^2$  反映第  $t$  年空间变异大小,  $\phi_l$  为第  $t$  年的平滑参数, 反映第  $t$  年空间相关性随距离的衰减情况。

对回归系数  $\beta_k$  和截距  $\alpha$  采用无信息正态先验分布, 对所有方差采用无信息倒伽玛先验分布, 假设时间相关系数  $\rho$  的先验分布为  $-1 \sim 1$  的均匀分布(即无先验信息)。对灵敏度  $s_{1t}$ 、 $s_{2t}$  和特异度  $c_{1t}$ 、 $c_{2t}$  采用有信息 beta 先验分布, 先验信息采用专家咨询法获取<sup>[10]</sup>。

3.5 模型验证和比较 将 1996-2005 年以村为单位

的数据分成两部分, 其中 80% 的数据用于构建各种不同假设下的模型并比较不同模型的拟合优度, 剩下 20% 的数据在贝叶斯克里格理论<sup>[21]</sup>基础上对模型进行验证并比较不同模型的预测能力。采用离差信息准则(DIC)比较模型的拟合优度, DIC 值最小的模型为最佳拟合模型<sup>[22]</sup>。利用每个试验村的模型预测病例数与实际病例数计算的相对误差率评价模型的预测能力。所有模型均在 WinBUGS 软件上运行, 平行模拟初始值不同的两条链, 通过目测参数拟合值的序列图和 Gelman-Rubin 统计量<sup>[23]</sup>对模型的收敛性进行评判, 在模型稳定后再迭代 15 000 次用于参数估计。

#### 4 人群血吸虫感染率时空格局分析与应用

利用最佳贝叶斯模型, 分析 10 年间血吸虫感染率的时空格局变化。利用 ArcGIS 9.1 软件将汉寿县划分成  $0.50 \text{ km} \times 0.50 \text{ km}$  的栅格, 产生 1996、2002 年与 2005 年 3 个时段的汉寿县人群血吸虫感染率预测图(即平滑图), 评估退田还湖项目实施前后全县血吸虫病疫情的变化。

## 结 果

### 1 模型筛选

表 1 和表 2 为人群血吸虫感染模型的后验参数估计结果和各贝叶斯模型的相对误差, 结果显示时空交互模型的 DIC 值(3 373.59)明显小于非时空与时空独立模型。同时, 时空交互模型的相对误差率小于非时空与时空独立模型, 提示时空交互模型的拟合优度与预测能力强于非时空与时空独立模型。因此, 贝叶斯时空交互模型为最佳模型, 可用于人群血吸虫感染率分布的时空格局分析与预测模型构建。

### 2 人群血吸虫感染率分布的时空格局

贝叶斯时空独立模型显示时间相关系数的 95% 贝叶斯置信区间(BCI)包含了 0, 表示此参数无统计学意义(表 1), 提示 10 年来全县血吸虫感染率无明显时间相关性, 即当年全县血吸虫感染率情形与邻近时间点血吸虫感染率情形的相似性不明显。各年血吸虫感染率空间变化平滑参数  $\phi$  变异性较大, 提示其血吸虫感染率的空间相关结构差异较大。1996-1999 年平滑参数变化不明显, 2000 年显著下降并保持低水平至 2002 年, 2003、2004 年明显上升, 2005 年再次下降。图 1 为空间相关系数与距离间的关系, 显示 2001-2002 年以及 2005 年感染率的空间相关性随距离而减小的速度明显比其它年份慢。由于空间相关系数  $r = \exp(-\phi h_{lm})$ , 当  $r = 0.05$  时,

表1 汉寿县人群血吸虫感染模型的后验参数估计结果

Table 1 Posterior parameters of *Schistosoma japonicum* infection model of population in Hanshou County<sup>(1)</sup>

变量 Variable	非时空模型 Non-spatial model	时空模型 Spatio-temporal model	
		时空独立 Spatial and temporal independence	时空交互 Spatial and temporal interaction
截距 Intercept	-9.442(-10.71, -8.582)	-7.018(-8.073, -5.756)	-5.157(-5.561, -4.627)
湿度 Wetness	2.869(2.522, 3.409)	-0.188(-0.334, -0.045)	-0.157(-0.489, 0.144)
植被指数 NDVI	0.428(0.089, 0.766)	-0.384(-0.598, -0.180)	-0.301(-0.528, -0.092)
地表温度 LST	-0.410(-0.619, -0.202)	-0.242(-0.411, -0.082)	0.016(-0.404, 0.300)
距水系距离 Distance	0.442(0.183, 0.731)	0.026(-0.169, 0.211)	-0.106(-0.345, 0.094)
空间平滑参数 Spatial correlation	-	0.074(0.024, 0.175)	-
1996	-	-	4.347(0.370, 8.976)
1997	-	-	2.971(0.036, 8.872)
1998	-	-	4.944(0.810, 8.995)
1999	-	-	5.005(0.895, 9.014)
2000	-	-	0.194(0.042, 7.824)
2001	-	-	0.112(0.030, 0.284)
2002	-	-	0.131(0.029, 0.845)
2003	-	-	5.026(0.925, 9.003)
2004	-	-	5.115(0.948, 8.990)
2005	-	-	0.196(0.046, 6.718)
空间变异性 Spatial variation	-	40.145(10.63, 343.407)	-
1996	-	-	4.305(2.255, 9.091)
1997	-	-	3.336(1.442, 172.801)
1998	-	-	1.831(0.84, 4.978)
1999	-	-	3.902(1.831, 9.524)
2000	-	-	2.402(1.158, 8.177)
2001	-	-	6.863(3.020, 27.435)
2002	-	-	6.046(2.349, 32.383)
2003	-	-	12.513(4.365, 75.301)
2004	-	-	8.576(3.004, 43.573)
2005	-	-	7.680(3.744, 22.676)
时间相关系数 Temporal correlation	-	0.021(-0.136, 0.163)	-
时间变异性 Temporal variation	-	0.847(0.387, 2.307)	-
DIC <sup>(2)</sup>	7 144.56	4 568.49	3 373.59

(1)用后验中位数和95%BCI表示。(1)Posterior median and 95% BCI.

(C)1994-2022 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net



表2 贝叶斯模型后验参数估计值的预测相对误差  
Table 2 Relative error of posterior parameters in Bayesian models

相对误差 Relative error rate(%)	非时空模型 Non-spatial model	时空模型 Spatio-temporal model	
		时空独立 Spatial and temporal independence	时空交互 Spatial and temporal interaction
0	3.279	4.918	9.836
≤10	4.918	14.754	13.115
≤20	11.475	14.754	9.836
≤30	9.836	8.197	4.918
≤40	4.918	8.197	4.918
≤50	11.475	3.279	3.279
≤100	18.033	22.951	24.590
>100	36.066	22.951	29.508

$h_{1m} = -\ln(0.05)/\phi$   $3/\phi$  ,因此空间相关性< 5%的最短距离为  $3/\phi$  <sup>[24]</sup> ,1996–1999年和2003–2004年的最短距离均很小,约为0.6 km,最大为2001年的28.04 km。

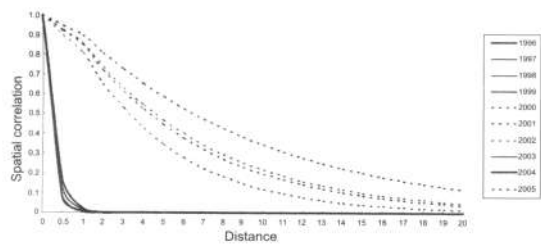


图1 1996–2005年汉寿县人群血吸虫病感染率空间相关性平滑参数变化图  
Fig. 1 Variation diagram of spatial correlation of *S. japonicum* infection between 1996 and 2005, Hanshou County

3 血吸虫感染率影响因素

表1的人群血吸虫感染率模型的后验参数估计显示,环境因子如Wetness、NDVI与LST的回归系数(后验参数估计)在不同模型中的意义不一致,如Wetness在非时空模型中的回归系数呈正相关(回归系数为2.869,95%BCI:2.522,3.409),在时空独立模型中的回归系数呈负相关(回归系数为-0.188,95%BCI:-0.334,-0.045),在时空交互模型中的回归系呈负相关,但无统计学意义(回归系数为-0.157,95%BCI:-0.489,0.144)。最优时空交互模型显示,人群血吸虫感染率与环境因子中的NDVI呈显著负相关(回归系数为-0.301,95%BCI:-0.528,-0.092),与Wetness与LST的相关性无统计学意义。

4 血吸虫感染率预测模型应用

图2为1996年人群血吸虫感染率预测分布图,作为评价退田还湖项目对人群血吸虫感染影响的基础资料,显示1996年汉寿县全县的血吸虫感染率处于低水平,个别地区的人群血吸虫感染率处于1%~2%之间,主要沿水系分布。图3为2005年全县人群血吸虫感染率的预测和误差分布图,全县平均感染率为2.22%,其范围为0.06%~35.84%,高感染率区域主要沿汉寿县主要大水系分布。与1996年相比,2005年汉寿县人群血吸虫感染率空间分布发生明显改变,出现沅水以北地区大面积区域人群血吸虫感染率>10%,沿沅水区域感染率>15%。

图4为汉寿县2002–2005年人群血吸虫感染率预测值变化与退田还湖区域分布图,感染率为0的区域表示2005年感染率预测值较2002年人群血吸虫感染率预测值低,>0的区域表示2005年人群血吸虫感染率预测值较2002年增加。图中可看出汉寿县沅水以南大部分地区血吸虫感染率预测值无明显变化,沅水以北地区人群血吸虫感染率增加明显。结合退田还湖项目实施,表明单退型退田还湖项目实施区域,人群感染率增加的强度要高于双退型区域,提示本研究区域内单退型退田还湖项目对人群血吸虫感染率影响的程度高于双退型。

讨 论

1998年长江发生全流域特大洪水后,我国开始实行“平垸行洪、退田还湖、移民建镇”的治水方针,根据是否完全废弃原居住地又分为单退和双退。单退是指退人不退田,汛期到来,人员撤离原地,汛期过

后,返回到原居住地继续生产劳作;双退是指退人又退田,为泄洪而完全废弃原居住地。退田还湖主要在洪灾严重的湖区实行,洞庭湖区由于洪灾频繁而成为重要的退田还湖地区。“平、退、移”后因居民暴露强度及移民建镇类型不同,导致居民血吸虫感染发生不同程度的变化。国内已经初步开展了退田还湖对生态环境和血吸虫病流行影响的有关研究。张世清等<sup>[25]</sup>报道了安徽省移民建镇试区人群血吸虫感染情况在单退点较为严重,居民血吸虫抗体阳性率(IHA)高达20%。魏望远等<sup>[26]</sup>报道湖南华容县集成垸平垸行洪后废弃垸返流人群血吸虫感染率逐年增长,2002年已达68%;而傍堤移民建镇后,居民垸外疫水暴露更为频繁,居民血吸虫感染率更加明显<sup>[27]</sup>。彭继东等<sup>[28]</sup>观察了湖南“高靠”移民建镇的白鹤洲村居民血吸虫病发病情况,发现2000年居民粪检阳性率比1998年增加了15.5%。然而,目前研究大多数为局部调查报告,由于退田还湖时间较短,其研究结果也多为短时效性,难以系统而全面地说明退田还湖对血吸虫病的影响,因此对其进行深入而细致的研究十分必要<sup>[27]</sup>。本研究的数据来源于近10年的血吸虫病疫情数据,可能存在各村查病方法不一致或同一村不同年份查病方法不一致的现象。因此在建模过程中,需考虑血清学与病原学检查方法灵敏度和特异度的不确定性<sup>[10]</sup>,并假设每年的查病方法在血吸虫病流行村之间的灵敏度和特异度相同。

RS、GIS技术的出现与日臻成熟为研究退田还湖对血吸虫病传播的影响提供了新手段。疾病分布与环境因素有关且可被遥感技术监测识别,用于研究疾病的空间格局,因而RS和GIS技术可用于钉螺监测和评价退田还湖的影响。利用卫星遥感图像,提取NDVI、LSD和Wetness等因素的相关指数,结合气象、水文以及流行病学现场调查等资料构建地理信息系统,描述和预测血吸虫病分布是近年来血吸虫病研究工作中广泛使用的一项技术<sup>[29]</sup>。既往研究表明,村庄至水系距离是一个重要因素<sup>[25, 30]</sup>,本研究发现距水系的距离与人群血吸虫感染率的相关性不明显,原因可能在于此区域水系分布丰富而且复杂,流行村处于水系网络内,含有尾蚴的疫水对每个村居民感染血吸虫的概率均等。最佳时空交互模型显示只有NDVI与血吸虫感染率呈负相关,这与既往某些研究一致<sup>[30-32]</sup>。究其原因,一方面,较低的NDVI提示植被覆盖低或水体分布相对丰富,为血吸虫中间宿主钉螺提供了孳生地,加大了血吸虫病的潜在流行区;另一方面,随着退田还湖项目的实施,居民的迁移(迁移居民血吸虫感

染率相对较高)可能会增加原村庄的居民区域面积,造成流行村NDVI的平均值相对减少。

人群血吸虫感染率分布的时空格局显示人群血吸虫感染并无明显的时间趋势,但存在明显的空间相关性,且每年的空间相关性均不同。感染率空间相关性<5%时,最短距离在1996-1999年处于很低水平,此空间结构可能与1992年开始实施的世界银行贷款中国血吸虫病控制(世行贷款)项目有关,1996-1999年全县血吸虫感染率普遍降低,各村均处低水平状态,造成流行村之间感染率的空间自相关性低。2000年相关距离明显增加,提示一定距离下(如5 km)其空间自相关系数明显增加,这与1998年汉寿县洞庭湖流域发生洪涝灾害有关,洪水发生后1~2年钉螺密度明显升高,血吸虫感染率也随之升高<sup>[2-3, 33]</sup>,感染率升高的地区主要分布在发生洪水渍垸的地区,呈现一定的空间聚集性。2003年和2004年的相关距离很短,其合理解释可能为2002年世行贷款项目结束后,由于资金不足,血防机构改革等原因造成血吸虫病疫情回升,全县整体血吸虫感染率普遍上升,空间聚集性也随之下降。提示人群血吸虫感染率的空间格局变化一方面与洞庭湖水系变化有关,另一方面当前的社会因素、防治措施所造成的影响也不容忽视。

从人群血吸虫感染率分布预测图上可以看出实施单退型退田还湖地区感染率上升的幅度高于双退地区。移民建镇的单退点,由于安置和管理措施不足,造成多数农民仍返回原地从事农、渔、牧业生产,接触疫水不可避免,单退点湖区牛、羊等草食动物及放养家畜增多,造成洲滩野粪、尤其是牛粪污染严重,给血吸虫病的流行带来隐患,加之放牧地点内迁等因素,最终有可能导致血吸虫病易感地带的扩增和疫区范围的扩大以及流行程度的加剧<sup>[34-36]</sup>。

本研究在纳入诊断方法误差的基础上,采用贝叶斯模型构建了湖沼型血吸虫病流行区人群感染率复合模型,分析了血吸虫感染的时空分布格局变化,并将该研究方法用于退田还湖对血吸虫病病情影响的评价。研究提示退田还湖造成了汉寿县人群血吸虫感染率的升高,应加强防治措施调整,以适应自然环境的变化和社会经济的发展需求,从而控制血吸虫病流行(本文图2~4见封三)。

## 【参考文献】

- [1] 唐冬梅, 徐国新. 长江平垸行洪 退田还湖的建设情况与效果浅析[J]. 江西水利科技, 2002, 28(4): 234-236.
- [2] 张世清. 洪涝灾害对血吸虫病流行的影响[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2002, 14(4): 315-317.

- [3] 王汝波, 汪天平, 王立英, 等. 中国血吸虫病传播控制和传播阻断地区疫情回升情况分析[J]. 中华流行病学杂志, 2004, 25(7): 564-567.
- [4] 蔡凯平, 陈焱, 云丛亚, 等. 洞庭湖傍堤移民建镇地区血吸虫病疫情变化观察[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2003, 15(5): 379-381.
- [5] 赛晓勇, 张治英, 徐德忠, 等. 退田还湖对生态环境及血吸虫病流行的影响[J]. 中国公共卫生, 2004, 20(2): 237-239.
- [6] 何加芬, 严涛, 林丹丹. “平垸行洪 退田还湖 移民建镇”对长江流域血吸虫病传播的影响[J]. 国际医学寄生虫病杂志, 2006, 33(4): 191-194.
- [7] Bernardinelli L, Pascutto C, Best NG, et al. Disease mapping with errors in covariates[J]. Stat Med, 1997, 16(7): 741-752.
- [8] Xia H, Carlin BP. Spatio-temporal models with errors in covariates: mapping Ohio lung cancer mortality [J]. Stat Med, 1998, 17(18): 2025-2043.
- [9] McInturff P, Johnson WO, Cowling D, et al. Modelling risk when binary outcomes are subject to error[J]. Stat Med, 2004, 23(7): 1095-1109.
- [10] Wang XH, Wu XH, Zhou XN, et al. Bayesian estimation of community prevalences of *Schistosoma japonicum* infection in China[J]. Int J Parasitol, 2006, 36(8): 895-902.
- [11] Basanez MG, Marshall C, Carabin H, et al. Bayesian statistics for parasitologists[J]. Trends Parasitol, 2004, 20(2): 85-91.
- [12] MacNab YC. Hierarchical Bayesian spatial modelling of small-area rates of non-rare disease[J]. Stat Med, 2003, 22(10): 1761-1773.
- [13] Ashby D. Bayesian statistics in medicine: a 25 year review[J]. Stat Med, 2006, 25(21): 3589-3631.
- [14] 吴福东, 谢治民, 袁斯娇, 等. 间接血凝试验诊断血吸虫病的研究[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 1991, 3(3): 138-140.
- [15] Katz N, Chaves A, Pellegrino J. A simple device for quantitative stool thick-smear technique in schistosomiasis mansoni[J]. Rev Inst Med Trop Sao Paulo, 1972, 14(6): 397-400.
- [16] Branscum AJ, Gardner IA, Johnson WO. Bayesian modeling of animal- and herd-level prevalences[J]. Prev Vet Med, 2004, 66(1/4): 101-112.
- [17] Spiegelhalter D, Thomas A, Best NG, et al. WinBUGS user manual version 1.4.1. 2004[OL]. <http://www.mrc-bsu.cam.ac.uk/bugs/>.
- [18] Knorr-Held, L. Bayesian modelling of inseparable space-time variation in disease risk[J]. Stat Med, 2000, 19(17/18): 2555-2567.
- [19] Ecker MD, Gelfand AE. Bayesian variogram modeling for an isotropic spatial process[J]. JABES, 1997, 2(4): 347-369.
- [20] Box GEP, Jenkins GM, Reinsel GC. Time series analysis: forecasting and control[M]. 3rd Edition. San Francisco, CA: Holden-Day, 1994: 1-200.
- [21] Diggle PJ, Tawn JA, Moyeed RA. Model-based geostatistics[J]. J Roy Statist Soc C, 1998, 47(3): 299-350.
- [22] Spiegelhalter DJ, Best NG, Carlin BP, et al. Bayesian measures of model complexity and fit (with discussion) [J]. J Roy Statist Soc B, 2002, 64(4): 583-639.
- [23] Gelman AD, Rubin B. Inference from iterative simulations using multiple sequences[J]. Stat Sci, 1992, 7(4): 457-472.
- [24] Raso G, Vounatsou P, Gosoni L, et al. Risk factors and spatial patterns of hookworm infection among schoolchildren in a rural area of western Cote d'Ivoire[J]. Int J Parasitol, 2006, 36(2): 201-210.
- [25] 张世清, 汪天平, 张功华, 等. 安徽省移民建镇试区血吸虫病流行因素调查[J]. 中国寄生虫病防治杂志, 2004, 17(5): 288-290.
- [26] 魏望远, 朱诗好, 石孟芝, 等. 长江故道废弃集成垸血吸虫病疫情调查[J]. 热带病与寄生虫学, 2003, 1(2): 98-99.
- [27] 赛晓勇, 闫永平, 徐德忠, 等. 遥感图像非监督分类在退田还湖区钉螺孳生地监测的初步应用[J]. 中华流行病学杂志, 2005, 26(2): 88-91.
- [28] 彭继东, 王一林. 移民建镇对湖区血吸虫病流行影响的试点观察[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2001, 13(6): 364-365.
- [29] 郭巍, 伍卫平. 遥感用于钉螺孳生地研究现状及展望[J]. 国外医学: 寄生虫病分册, 2005, 32(2): 80-84.
- [30] Clements AC, Lwambo NJ, Blair L, et al. Bayesian spatial analysis and disease mapping: tools to enhance planning and implementation of a schistosomiasis control programme in Tanzania[J]. Trop Med Int Health, 2006, 11(4): 490-503.
- [31] Yang GJ, Vounatsou P, Zhou XN, et al. A Bayesian -based approach for spatio-temporal modeling of county level prevalence of *Schistosoma japonicum* infection in Jiangsu province, China[J]. Int J Parasitol, 2005, 35(2): 155-162.
- [32] Wang XH, Zhou XN, Vounatsou P, et al. Bayesian spatio-temporal modeling of *Schistosoma japonicum* prevalence data in the absence of a diagnostic “gold” standard[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2008, 2(6): e250.
- [33] 王晓可, 周伟. 特大洪水溃堤地区血吸虫病流行现状[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2002, 14(5): 378-379.
- [34] 蔡凯平, 陈焱, 胡跃辉, 等. 洞庭湖傍山移民建镇地区血吸虫病疫情变化研究[J]. 实用预防医学, 2003, 10(4): 457-459.
- [35] 李书华, 韩乐城. 湖北省平垸行洪 退田还湖 移民建镇对人畜血吸虫感染的影响[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2002, 14(5): 360-364.
- [36] 刘艳阳, 蔡海英, 陈佳榜. 青潭乡移民建镇3年后血吸虫病疫情变化[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2003, 15(6): 477-450.

【收稿日期】 2011-10-11 【编辑】 邓瑶

(上接第13页)

- [8] 王艳, 周燕荣. 健康不公平性问题的测量方法[J]. 中国卫生经济, 2001, 20(5): 40-42.
- [9] Konings P, Harper S, Lynch J, et al. Analysis of socioeconomic health inequalities using the concentration index [J]. Int J Public Health, 2009, 55(1): 71-74.
- [10] 何家昶. 血吸虫病流行与社会经济的关系[J]. 中国寄生虫病防治杂志, 2005, 18(1): 71-74.
- [11] King CH, Bertino AM. Asymmetries of poverty: why global burden of disease valuations underestimate the burden of neglected tropical diseases[J]. PLoS Negl Trop Dis, 2008, 2(3): e209.
- [12] King CH. Parasites and poverty: the case of schistosomiasis[J]. Acta Trop, 2009, 113(2): 95-104.
- [13] Vinson S, Graham NA, Gold MS. Socioeconomic inequities often translate into health inequalities[J]. J Natl Med Assoc, 2006, 98(5): 816-817.
- [14] 刘兆春, 肖水源. 血吸虫病与社会经济发展的关系[J]. 医学与社会, 2002, 15(4): 13-14.
- [15] 邓瑶, 周晓农. 我国血吸虫病流行的社会因素[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2007, 19(5): 393-395.

【收稿日期】 2011-11-07 【编辑】 邓瑶



# 2010 年全国重点水域血吸虫感染哨鼠监测预警情况分析 Surveillance and forecast of *Schistosoma japonicum*-infected sentinel mice in key water regions of China in 2010

(正文见第5页)

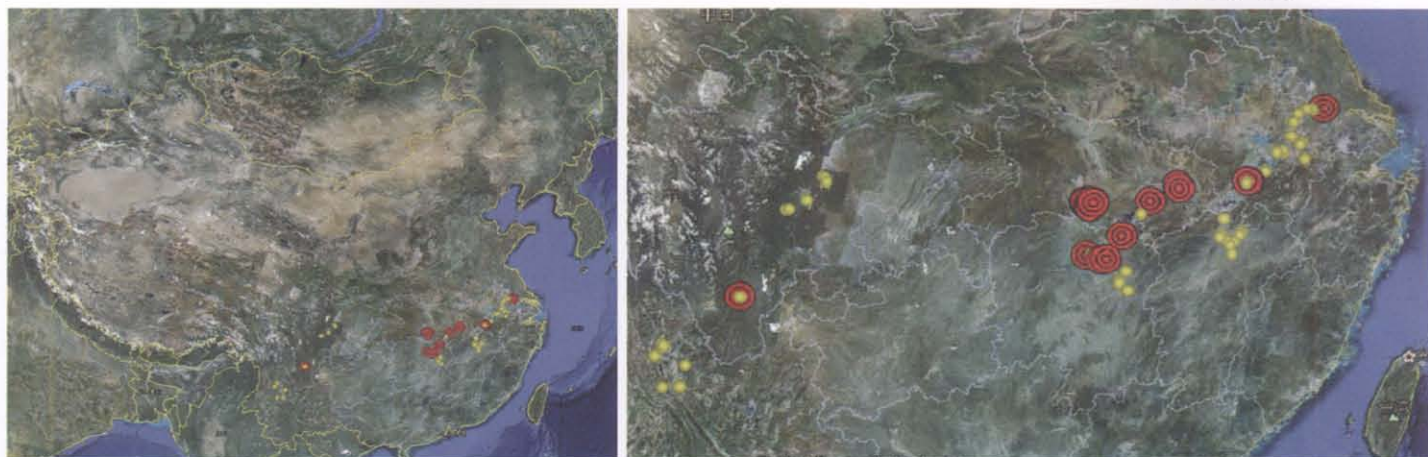


图1 2010 年全国哨鼠监测预警点分布图 (红点为阳性, 黄点为阴性)

Fig.1 Distribution of national forecast and surveillance sites of schistosomiasis in 2010 (Red dots indicate positive sentinel mice, yellow dots indicate negative sentinel mice)

## 湖区某县日本血吸虫病时空模型的构建与应用 Establishment and application of spatio-temporal model of schistosomiasis japonica in a county in marshland region

(正文见第14页)

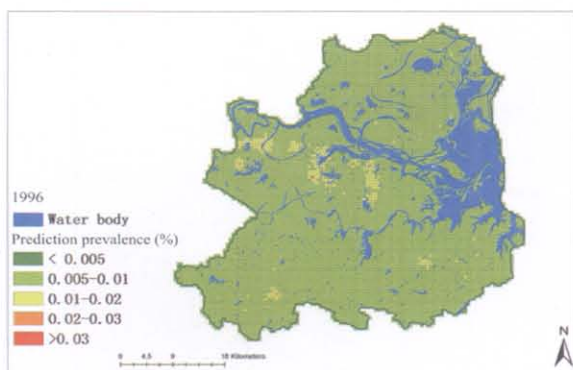


图2 1996 年湖南汉寿县人群血吸虫感染率预测图

Fig.2 Prediction map of *S. japonicum* infection of 1996 in Hanshou County

图3 2005 年湖南汉寿县人群血吸虫感染率预测图  
Fig.3 Prediction map of *S. japonicum* infection of 2005 in Hanshou County

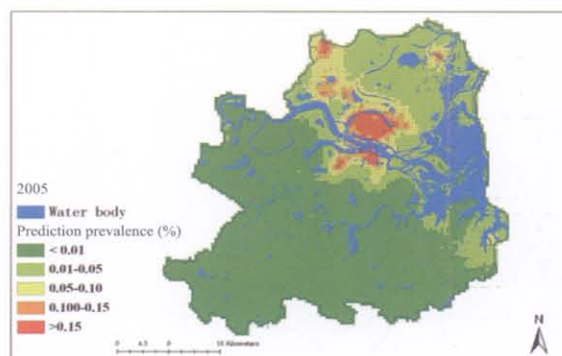


图4 2002-2005 年汉寿县人群血吸虫感染率预测变化图

Fig.4 Prediction map of changes of *S. japonicum* infection between 2002 and 2005 in Hanshou County

