

重要热带病相关入侵生物数据信息共享服务平台的构建与应用

◎文 / 周晓农, 陈家旭, 陈木新

DOI:10.3772/j.issn.1673-6516.2020.05.028

在经济全球化和气候变化的影响下,入侵生物物种扩散到新的地理区域更为便捷,部分外来物种在入侵地对当地的生态环境、经济、社会造成严重危害。我国是遭受入侵生物危害较严重的国家之一,已发现外来入侵生物 560 种。入侵生物已成为与一个国家的经济发展、生态安全、国际贸易与政治利益紧密关联的重大科学问题。此外,入侵生物与某些疾病特别是热带病的传播与流行密切相关,严重危害人民群众的身体健康,是重要的公共卫生安全问题,甚至影响国家安全。为了在最大程度上减小入侵生物的危害,中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所周晓农研究员课题组在国家重点研发计划“生物安全关键技术研发”专项“重要热带病相关入侵媒介生物及其病原的动态分布与资源库建设”项目(项目编号:2016YFC1202000)资助下,完成了重要热带病相关入侵生物数据信息共享服务平台的构建与应用重大成果,为提升我国热带病相关入侵媒介生物及其传播疾病的防控水平提供了技术支撑。

1 创新点

(1) 完成了福寿螺-管圆线虫、双脐螺-曼氏血吸虫、诺氏疟原虫-按蚊、美洲锥虫-锥蝥和巴贝虫-蜱等 5 对入侵生物及其传播病原分布、定殖生态因素调查,并完成分布电子图集绘制。

(2) 率先完成了福寿螺-管圆线虫等 5 对入侵生物及其病原传播风险预警模型系统,并获得软件登记著作权。

(3) 获得了病原传播相关入侵生物分子标识 8 个,并建立了疟原虫和福寿螺等精准溯源技术。

(4) 建立了国家寄生虫标本库,并完成 19 508 件入侵媒介生物及寄生虫实物标本的制备。

(5) 开创性完成了热带病相关入侵媒介生物及其病原共享系统平台运行,并在 3 个试点开展了应用,该平台已建立了入侵热带病和媒介生物信息数据库,记录我国主要的寄生虫的重要基因信息,用于溯源或变异跟踪,也为该领域的科研数据提供备份服务。

2 平台主要特性

该项目阐明与重要热带病传播相关入侵生物的分布规律与危害程度、传播相应疾病的风险和规律,解决福寿螺入侵生物的溯源技术与溯源分子标识物(图 2),建立入侵生物资源库、溯源数据库及其共享平台,更好地服务于提升我国热带病相关入侵媒介生物及其传播疾病的防控水平、提升我国生物安全的科技支撑能力。整



图 1 周晓农研究员在开展寄生虫种资源调查研究工作

个项目针对 5 对入侵生物与病原，运用现代信息技术、分子流行病学技术、大数据挖掘技术，根据 5 对入侵生物及其病原的分布规律及入侵生物信息数据库，构建了热带病媒介生物资源共享平台及预警平台，获得 4 个软件著作权，发表 57 篇论文，已发布标准 4 项，正在起草标准 8 项；培养了研究生 21 名，博士后 3 名，产出了重要热带病传播相关入侵媒介生物及其病原描述标准 1 套、归类编码 1 套、保藏技术规程 11 个；获得了省部级科技奖一等奖和二等奖各 1 项。对今后研究入侵物种及其病原的“传入—定植—潜伏—扩散—暴发”提供了预警平台。

3 推广应用情况

寄生虫虫种资源对预防控制媒传与人畜共患寄生虫病起着重要的作用，项目以中国寄生虫虫种资源库和国家寄生虫种质资源共享服务平台为依托，构建了有福寿螺—管圆线虫、双脐螺—曼氏血吸虫、诺氏疟原虫—按蚊、美洲锥虫—锥蝱和巴贝虫—蜱等热带病相关入侵媒介生物及其病原的入侵生物种质资源库，新入库入侵生物资源实物达 19 508 件，为入侵生物及病原的溯源技术研究奠定了基础。同时，以国际通用媒介生物分类规范为背景，建立一套科学的分类标准体系，并以主要入侵媒介生物资源为基础，组织并整合与之相关的科研数据资源和信息资源。

“热带病相关入侵媒介生物及其病原资源库及共享平台”对阐明与重要热带病传播相关入侵生物的分布规律与危害程度、传播相应疾病的风险和规律，解决入侵生物的溯源技术与溯源分子标识物，更好地服务于提升我国热带病相关入侵媒介生物及其传播疾病的防控水平、提升我国生物安全的科技创新能力提供了技术支撑。该

平台为我国输入性非洲锥虫病、疟疾、血吸虫病、利什曼病等寄生虫病的诊断提供了形态特征图谱、风险预测模型和基因信息数据等参考信息，为这些疾病的诊断和防控提供了切实有效的技术支撑。

此外，该平台在为临床医疗、培训、科普、食品卫生、畜牧业检疫提供了全方位的服务，取得了显著的社会效益，已经成为科学研究、人才培养、疾病控制、动植物检疫必不可少的专业技术平台，为此，“我国重要寄生虫虫种资源库的构建与应用”获得了 2016 年上海市科技进步奖一等奖。

项目负责人简介

周晓农，研究员、博士、博士生导师，现任中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所（国家热带病研究中心）所长。从事寄生虫病防治研究工作 30 余年，一直围绕“寄生虫与宿主的生态学和时空分布规律”这一应用基础研究方向，多层次、多维度地对寄生虫传播参数、寄生虫病流行与分布预测指标进行了理论探索与技术研究，为血吸虫病的早期预测与预警、为我国血防策略制定提供了科学依据。

兼任健康中国行动推进委员会专家咨询委员会委员，中华预防医学会医学寄生虫分会主任委员，国家卫生标准委员会寄生虫病标准分会主任委员，中华预防医学会全球卫生分会副主任委员。还担任世界卫生组织（WHO）西太区被忽略热带病专家组主席、WHO 热带病研究与培训特别规划署科学技术委员会委员、WHO 全球疟疾根除战略委员会委员等职。是 SCI 收录期刊 *Infectious Diseases of Poverty* 的主编及 10 余本国际杂志编委成员。已在 *The New England Journal of Medicine*、*Lancet* 等国际期刊上发表论文 300 多篇，主编出版专著 12 本，近 5 年发表的 SCI 论文总影响因子达 200 分以上。热带病时空分布预测技术的建立、病原体与媒介生态监测系统和重大媒传与食源性寄生虫病检测关键技术等研究成果获得省部级一等奖 2 项、二等奖 5 项。曾承担国家重点研发计划项目、国家科技重大专项项目、国家科技攻关项目、国家自然科学基金重大项目 and 面上项目、卫生行业专项、中英国家合作项目、加拿大国际发展研究中心基金和世界卫生组织资助等研究项目 20 余项。

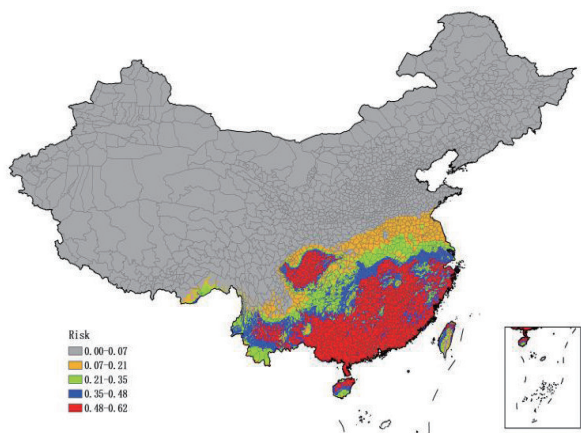


图 2 基于生态位模型预测福寿螺在我国的潜在适生区分析