

A Comparative Study on Three Sampling Methods of *Oncomelania hupensis*

Shang Yidi¹, Zhao An^{1,2,*}

¹School of Geography and Environmental Sciences, Jiangxi Normal University, Nanchang City, China

²Key Laboratory of Poyang Lake Wetland and Watershed Research, Ministry of Education, Jiangxi Normal University, Nanchang City, China

Email address:

348273082@qq.com (Shang Yidi), zhaoanjxsd@126.com (Zhao An)

*Corresponding author

To cite this article:

Shang Yidi, Zhao An. A Comparative Study on Three Sampling Methods of *Oncomelania hupensis*. *Science Discovery*.

Vol. 5, No. 4, 2017, pp. 270-275. doi: 10.11648/j.sd.20170504.15

Received: April 3, 2017; Accepted: May 12, 2017; Published: May 20, 2017

Abstract: The *oncomelania hupensis* snail is the unique host of schistosomiasis. Schistosomiasis is closely related to the spatial distribution of the snail. It is important to control schistosomiasis susceptible areas and eliminate *oncomelania hupensis* by optimizing, simplifying the snail sampling method, and obtaining the snail's statistics. A 50m × 50m experimental field was selected from the Chayegang marshland of Henghu farm in the Poyang Lake region, and the sampling frame (0.33m × 0.33m in size) used by the present schistosomiasis control departments served as the basic sampling unit to conduct continuously push-broom survey of the snail. The count number of the snail, vegetation species, plant height and plant coverage were investigated. The average number of the snail were estimated under three assumed sampling scenarios: simple random sampling, systematic sampling and spatial stratified sampling. The results show that the relative errors of the average number in three sampling schemes are very close, 10.82%, 12.85% and 10.11% respectively, and the absolute errors are 0.310, 0.319 and 0.06 respectively, which demonstrate that the spatial stratified sampling has obvious advantages, its estimation accuracy of the snail can be improved remarkably.

Keywords: *Oncomelania hupensis*, Vegetation, Spatial Stratified Sampling, Comparative Study

三种钉螺抽样方法的对比研究

商伊迪¹, 赵安^{1, 2*}

¹江西师范大学地理与环境学院, 南昌, 中国

²江西师范大学鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室, 南昌, 中国

邮箱

348373082@qq.com (商伊迪), zhaoanjxsd@126.com (赵安)

摘要: 钉螺是血吸虫生存的唯一中间寄主, 血吸虫病与钉螺空间分布有密切关系, 优化、简化钉螺抽样方法, 尽快获得钉螺的统计信息对控制血吸虫病易感地带、消灭钉螺等具有重要意义。在鄱阳湖区恒湖农场茶叶港草洲选取一个50m×50m的试验样地, 以现有血防部门的抽样框(0.33m×0.33m)为基本抽样单元, 进行连续全覆盖推扫, 调查每个抽样单元的钉螺数目、植物种类、植物高度和盖度。按照假想的简单随机抽样、系统抽样和空间分层抽样三种方法进行钉螺数目均值的估计, 结果显示: 三种抽样方案的钉螺平均数的相对误差接近, 分别为10.82%、12.85%和10.11%, 绝对误差分别为0.310、0.319和0.06, 说明空间分层抽样具有明显优势, 可以显著提高钉螺调查的精度。

关键词: 钉螺, 植被, 空间分层抽样, 对比研究

1. 引言

钉螺是血吸虫生存的唯一中间寄主, 为快速、准确地掌握湖沼型血吸虫病疫区的钉螺分布情况, 科学合理的钉螺抽样调查设计至关重要。2000年中国卫生部地方病防治司规定的钉螺系统抽样调查法(即棋盘式)布点[1], 先在洲滩上设置若干平行的抽样线, 再在各抽样线等距离设置抽样点, 线距和点距根据洲滩面积一般为5-20 m; 对面积特别大的环境, 则先划分成若干块, 在每块内作纵横系统布点。这种钉螺空间抽样方案一直受到国内外一些学者的质疑[2, 3], 因此, 为了改进钉螺调查规程, 提高钉螺调查结果的科学性与其有效性, 有必要从经典统计学抽样设计的理论与方法角度, 深入分析并重新反省中国血防部门几十年来一直沿用的钉螺调查抽样方案。本研究选取鄱阳湖区域典型有螺草洲作为试验区, 分别采用简单随机抽样、系统抽样和空间分层抽样对钉螺抽样调查方案进行对比研究, 为日后湖沼型血吸虫病流行区的钉螺调查提供科学依据。

2. 研究区概况与数据采集

2.1. 研究区概况

鄱阳湖位于中国赣江北支下流平原, 气候温和湿润, 降水集中4-6月, 年内年际水位变化大, 植被, 土壤, 水分等复杂的地理环境, 成为江西省血吸虫病防治的重难点[4]。试验地恒湖农场茶叶港草洲(28°50'-29°03'N, 116°04'-116°10'E), 受人为影响较小, 未进行大规模的灭螺, 是历史上钉螺密集区。

2.2. “推扫式”钉螺数据采集方案设计

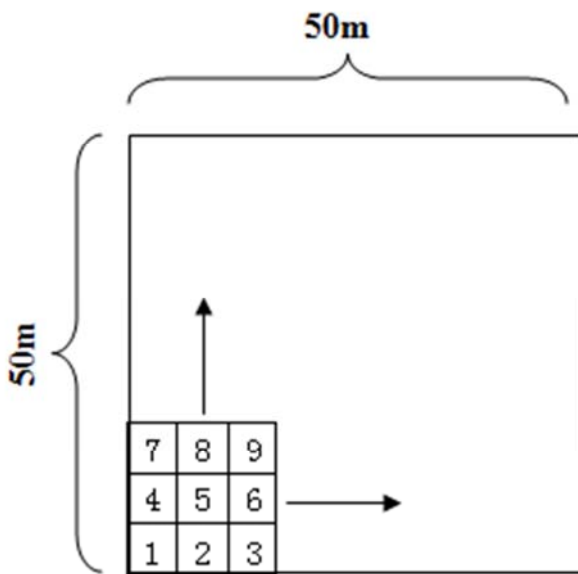


图1 钉螺调查方案示意图。

于2013年9月底, 在鄱阳湖恒湖茶叶港草洲进行试验, 试验样地是一个50m×50m的正方形, 按高程梯度从湖岸向湖滩连续(不留间隔)、平行设置50条采样线, 每条采样线上用1m×1m不锈钢方框(框内纵横各均匀放置两根铁丝, 形成“井”字形网格, 每框含3×3=9网格, 每格大小0.33m×0.33m与现行血防部门钉螺调查框的尺寸相同)。采用“推扫式”查螺方法, 连续推扫查螺50个不锈钢方框(共50m), 重复推扫50条采样线(共50m), 得到50×50×9=22500个网格的调查数据(图1), 共获得钉螺111150只, 每个网格钉螺平均密度为4.94个/0.11 m²。每个网格除了记录钉螺数目之外, 同时记录每种植物的高度、盖度, 详见文献[5]。

3. 研究方法

3.1. 简单随机抽样

简单随机抽样每次抽取的样本是等概率的, 分为有放回与不放回抽样两种, 在抽样理论中占有重要地位, 是其他抽样方法的理论基础, 发展最为成熟。在相同样本量下, 简单随机抽样的精度比许多实际抽样要高, 但简单随机抽样也有很大的局限性, 要求总体中每个单元(抽样框)都有一个号码, 意味着需要一个包含所有单元的完整抽样框架。当总体N很大时, 这样的抽样框架往往没有现成的, 需要编制抽样框, 非常费时, 而且简单随机抽样的抽样单元较分散, 实际操作中受到一定限制。

在有放回的简单随机抽样下, 总体均值估计量 $\hat{\theta}$ 的抽样方差[6], $V = V(\bar{y}) = S^2 / n_0$, 式中, \bar{y} 为样本均值, S^2 为总体方差, n_0 为有放回的简单随机抽样的总样本量。

得到初始样本量 $n_0 = S^2 / V = \frac{t_{\alpha/2}^2}{d^2} S^2$ 或

$$n_0 = S^2 / V = \frac{t_{\alpha/2}^2}{r^2} \frac{S^2}{\bar{Y}^2} \quad (1)$$

修正样本量(无放回的简单随机抽样)

$$n = \frac{S^2}{V} = \frac{n_0}{1 + \frac{S^2}{VN}} = \frac{n_0}{1 + \frac{n_0}{N}} \quad (2)$$

对于样本量与总体单元数相比较小时, 一般当 $n_0/N < 0.05$ 时, 所需样本量近似与总体单元数无关, 或者无放回与有放回几乎没有区别, 这时 $n \approx n_0$ 。现实中具有空间位置的空间抽样问题, 样本量一般总是远小于总体的可能抽样单元总数。

简单随机抽样的相关统计量:

$$\text{样本均值: } \bar{y} = \frac{\sum_{i=1}^n y_i}{n} \quad (3)$$

$$\text{样本方差: } S^2 = \frac{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}{n-1} \quad (4)$$

$$\text{样本均值方差: } S_{\bar{y}}^2 = \frac{S^2}{n} \quad (5)$$

$$\text{抽样相对误差: } E_{\alpha} = \frac{t \times S_{\bar{y}}}{\bar{y}} \times 100\% \quad (6)$$

$$\text{抽样绝对误差: } Ed_{\alpha} = |\bar{Y}_{st} - \bar{Y}| \quad (7)$$

$$\bar{Y} = \bar{y}_{st} = \sum_{h=1}^L W_h \bar{y}_h \quad (8)$$

总体均值的估计方差为:

$$V(\bar{y}_{st}) = \sum_{h=1}^L W_h^2 \cdot V(\bar{y}_h) = \sum_{h=1}^L W_h^2 \cdot \frac{1-f_h}{n_h} S_h^2 = \sum_{h=1}^L \frac{W_h^2 S_h^2}{n_h} \cdot \frac{1}{N} \quad (9)$$

其中, 下标 s_t 代表估计, W_h 为层权, L 为总层数, h 为层号, 为第 h 层的方差, n_k 为第 k 层抽取的样本数。

与简单随机抽样一样, 分层随机抽样的总样本量一方面受总费用的影响, 另一方面又受到估计量精度要求的限制。总样本量计算的一般公式是:

$$n_0 = S^2 / V = \frac{1}{V} \sum_h \frac{W_h^2 S_h^2}{w_h} \quad (10)$$

$$n = \frac{\sum_h W_h^2 S_h^2 / w_h}{V + \frac{1}{N} \sum_h W_h S_h^2} \quad (11)$$

3.2. 系统抽样方法

系统抽样也称机械抽样, 是一种实施简便的抽取样本方法, 依据抽样框从最前面的 a 个总体单位中等概率的随机抽出第一个样本(a 也是样本抽取间隔), 当第一个样本确定后, 将不再进行随机抽取样本, 只需要机械地依次每隔 a 个单位抽取一个作为样本单元, 直到抽取完毕为止, 这样的抽取只可能有 a 个不同的抽样方式, 每个样本都被等概率抽中, 简单易行, 对抽样框的要求不高, 这是系统抽样最大的优点。系统抽样的样本量计算与抽样误差与简单随机抽样相同。

3.3. 空间分层抽样

分层抽样适用于总体情况复杂、各单位之间差异较大、单位较多的情况, 将总体单位按其属性特征分成若干类型或层, 然后在类型或层中随机抽取样本单位。由于通过划类分层, 增大了各类型中单位间的共同性, 容易抽出具有代表性的样本。在空间分层抽样方案设计时, 分层标志的选择、分层方案的设计、总样本量的计算和各层样本分配方案等至关重要[7]。

3.3.1. 分层标志与界限

抽样前首先需要选择分层标志和分层界线, 这是分层抽样的基本问题, 但目前相关研究较少讨论这个问题, 大多基于单个辅助变量进行协助分层, 而实际研究中目标变量往往与多个变量有关[8]。本研究就是基于与钉螺孳生有关的植物数据, 采用STATA14.0软件的聚类分析进行的多辅助变量的空间分层研究。

3.3.2. 样本容量的确定

在分层随机抽样中, 总样本量与各层样本量(分配方式)主要受各层总体(或层权)大小和各层方差的影响, 主要有比例分配、最优分配与奈曼分配方式。

分层抽样的总样本容量受到总体方差、估计精度、经费等因素制约, 一般是事先对总体进行分层, 然后对各层采用简单随机抽样方法抽取样本。

总体均值采用如下估计量:

现实中一般先计算 n_0 , 然后进行修正, 计算 n 。不过, 对于具有空间位置的空间采样问题一般都属于不放回的抽样。假定估计参数 θ 的调查精度用绝对误差限

$d = |\hat{\theta} - \theta|$ 或相对误差限 $r = \frac{|\hat{\theta} - \theta|}{\theta}$ 表示, 估计量 $\hat{\theta}$ 与参数 θ 的差值在误差限之内的概率为 $1-\alpha$ (置信度), 如果估计量是总体均值 \bar{Y} , 则在指定方差 $V = \left(\frac{d}{t_{\alpha/2}}\right)^2 = \left(\frac{r\bar{Y}}{t_{\alpha/2}}\right)^2$ (式

中 $t_{\alpha/2}$ 为标准正态分布的双侧 α 分位数)限制情况下, 各种分配方案的总样本量计算公式如下:

(1) 比例分配的总样本量

$$n = \frac{\sum_h W_h S_h^2}{\left(\frac{d}{t_{\alpha/2}}\right)^2 + \frac{1}{N} \sum_h W_h S_h^2} = \frac{\sum_h W_h S_h^2}{\left(\frac{r\bar{Y}}{t_{\alpha/2}}\right)^2 + \frac{1}{N} \sum_h W_h S_h^2} \quad (12)$$

(2) 最优分配的总样本量

$$n = \frac{\left(\sum_h W_h S_h \sqrt{C_h}\right) \left(\sum_h W_h S_h / \sqrt{C_h}\right)}{\left(\frac{r\bar{Y}}{t_{\alpha/2}}\right)^2 + \frac{1}{N} \sum_h W_h S_h^2} \quad (13)$$

(3) 奈曼分配的总样本量

$$n = \frac{\left(\sum_h W_h S_h\right)^2}{\left(\frac{r\bar{Y}}{t_{\alpha/2}}\right)^2 + \frac{1}{N} \sum_h W_h S_h^2} \quad (14)$$

3.3.3. 分层抽样各层样本的分配

(1) 比例分配

指各层样本量按各层层权(各层单元数占总体单元数的比例)进行分配, 各层所有样本都以相同概率入样, 这时,

$$\frac{n_h}{n} = \frac{N_h}{N} = W_h \quad (15)$$

(2) 最优分配

考虑在总费用给定条件下使总体均值估计的方差最小, 或者在总体均值估计方差给定条件下总费用最小, 这种样本量分配方案就是最优分配。它是按各层总体单元数(或层权 W_h)、各层总体标准差(S_h)和各层单位样本平均抽样费用(c_h)来分配样本量, 即:

$$\frac{n_h}{n} = \frac{W_h S_h / \sqrt{C_h}}{\sum_{h=1}^L W_h S_h / \sqrt{C_h}} \quad (16)$$

式中 $h=1,2, \dots, L$

(3) 奈曼分配

指每层单位样本的平均抽样费用相等, 即 $c_h=c$, 该方法按各层总体单元数(或层权 W_h)、各层总体标准差(S_h)来分配样本量, 即:

$$\frac{n_h}{n} = \frac{W_h S_h}{\sum_{h=1}^L W_h S_h} = \frac{N_h S_h}{\sum_{h=1}^L N_h S_h} \quad (17)$$

不过, 奈曼分配可以看作是最优分配的一种特例, 各层样本量分配的计算公式与总体均值估计方差的计算公式都可以通过已知条件 $c_h=c$ 从最优分配的相应计算公式中推导出来。

4. 结果分析

4.1. 基于植物辅助变量的空间分层

植被是决定钉螺空间分布的重要因素之一, 为钉螺的发育提供了适宜的温度和湿度。现有许多相关研究证明植被对钉螺的生存繁衍起着关键性作用[9,10,11], 本研究以植被作为钉螺空间分层抽样的辅助变量。在试验样地共调查到17种植物, 选取了其中与钉螺孳生具有明显空间关系的四个植被因子(灰化苔草的高度与盖度, 南荻的高度与盖度)作为钉螺空间分层抽样的辅助变量。采用STATA14.0软件的K均值聚类方法进行空间聚类, 其中K值按照3-9组分类分别进行分析, 初始值的设定方法为最小最大值之间的均匀分布中随机生成K个数作为初始中心点开始聚类, 类与类间的距离采用欧氏距离来表示[12]。

聚类前首先对不同组间的比较采用单因素方差分析, 不同组间的两两比较采用bonferroni检验法[13]。单因素方差分析用于较多组样本的均数是否相同, 且假定每层数据

服从正态分布, 具有相同方差, 相互独立。通过多次bonferroni检验之后发现7类时效果最佳(表1), 各层样本均数的差都较高, 除了第一层与第四层、第二层与第三层之间的 p 值 >0.05 , 其余层间差异均具有统计学意义, 因此该方案较为合适, 并用arcgis生成空间分层图(图2)。

表1 空间分7层时的方差分析。

	1	2	3	4	5	6
1	1.177553					
2	0.000					
3	1.66576	0.490232				
4	0.000	0.091				
5	0.504354	-0.671177	-1.16141			
6	0.105	0.000	0.000			
7	-1.11712	-2.29265	-2.78288	-1.62147		
	0.000	0.000	0.000	0.000		
	2.55022	1.37469	0.884458	2.04587	3.66734	
	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	
	-2.82812	-4.00365	-4.49388	-3.33247	-1.711	-5.37834
	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

表1中每格显示每两层之间的关系, 用两个数据表示, 上一行数据表示各层间样本均数的差, 下一行数据为显著性检验的 p 值。在原假设为真时, 得到与样本相同或者更极端结果的概率, 通常, $p \leq 0.05$ 被认为是统计学上有意义的边界线。

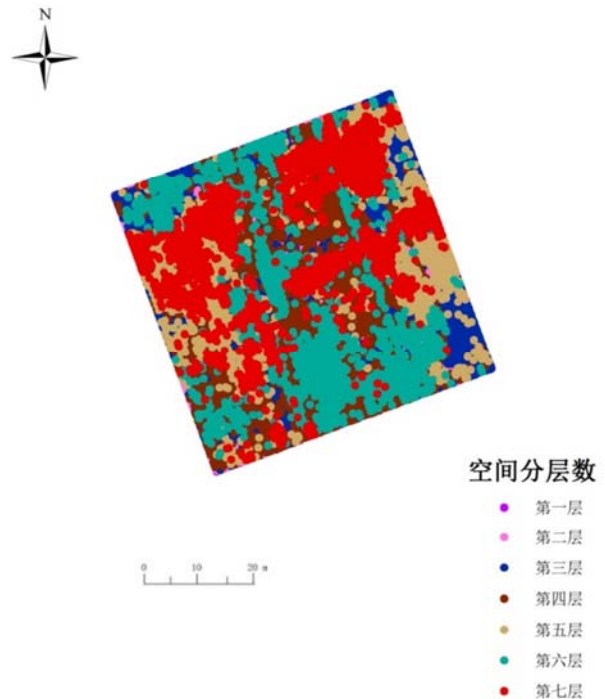


图2 空间分层图。

4.2. 简单随机抽样与系统抽样

影响样本容量 n 的因素有总体规模 N 、抽样误差和总体方差。这里采用奈曼分配, 计算得到分层抽样的总样本量为524, 为了便于比较, 简单随机抽样也抽取524个样本, 系统抽样的样本点数目必须为整数, 可以有不同的空间组合方式, 不同的组合所需的样本数也略有不同, 这里将样本量的数目差异控制在理想样本数524的10%内, 分别有:

- a) 组合(1): 线距1m、点距5m, 抽取样本数为500;
- b) 组合(2): 线距5m、点距1m, 抽取样本数为500;
- c) 组合(3): 线距2m, 点距2.333m, 抽取样本数为550;
- d) 组合(4): 线距3m, 点距1.333m, 抽取样本数为510。

4. 3. 空间分层抽样

按照置信度95%、相对误差不超过10%的奈曼分配方案, 各层样本量分别为60, 146, 72, 117, 26, 70, 33个。打开excel-数据-数据分析-抽样, 输入要抽样的区域范围, 每层重复抽取50次。从excel中的分层随机抽样可得到空间抽样的相关数据, 如表2。

表2 空间分层抽样结果。

分层h	层权 W_h	层均值 \bar{y}_h	层方差 S_h^2	样本量 n_h	样本均值 \bar{y}_h	样本方差 s_h^2	样本均值方差 $S_{\bar{y}_h}^2$
1	0.10777	4.495	38.24	60	4.523	36.93	0.616
2	0.2585	5.67	39.63	146	5.726	41.9	0.287
3	0.1153	6.161	47.64	72	5.873	44.81	0.622
4	0.221	4.999	34.96	117	4.736	29.44	0.252
5	0.07617	3.378	14.92	26	3.237	17.76	0.683
6	0.1056	7.045	54.98	70	6.89	50.83	0.726
7	0.1157	1.667	9.92	33	1.85	6.63	0.201

计算得到空间分层抽样的总体均值估计是4.88, 总体均值估计方差为0.06342, 抽样相对误差为10.11%, 绝对误差为0.06。

4. 4. 抽样结果对比

将简单随机抽样方案、系统抽样方案与分层抽样的计算结果进行对比(表3)。

表3 抽样统计量以及误差对比。

		样本均值	样本方差	抽样相对误差	抽样绝对误差
简单随机抽样	第一次	5.391	45.685	10.736%	0.451
	第二次	4.520	36.736	11.48%	0.420
	第三次	4.657	34.026	10.72%	0.283
	第四次	5.027	36.810	10.33%	0.087
	均值	4.899	38.314	10.82%	0.310
系统抽样	组合1	4.876	121.25	19.79%	0.064
	组合2	4.500	33.68	11.3%	0.440
	组合3	5.038	30.534	9.1%	0.098
	组合4	4.265	30.384	11.2%	0.675
	均值	4.670	53.962	12.85%	0.319
分层抽样				10.11%	0.060

对比三种抽样方案, 结果显示: 简单随机抽样均值的相对误差平均为10.82%, 绝对误差平均为0.310; 系统抽样均值的相对误差平均为12.85%, 绝对误差平均为0.319; 空间分层抽样均值的相对误差平均为10.11%, 绝对误差平均为0.060。表明空间抽样明显优于其它两种抽样方案。

5. 讨论

抽样方法的选择总的来说, 就是从估计目标出发, 在充分考虑研究总体特征的基础上, 权衡各种抽样方法的利弊, 选取一种合适的方法, 使其与研究总体的特征相适应, 具有可操作性, 并能满足研究要求。钉螺分布有聚集的特点, 且分布受环境因子影响较大。从上述计算结果可以看出: 简单随机抽样的绝对误差较大, 说明该方法在钉螺抽样中稳定性差, 不建议用于钉螺调查; 系统抽样方法的相对误差、绝对误差相比其他两种抽样方法的不确定性更大, 组合间的误差起伏也很大, 主要是因为草洲钉螺一般具有带状分布特征, 不适合于采用系统抽样方法。因此, 利用与目标变量钉螺高度相关的植被因子作为辅助变量进行空间分层抽样相对其他两种抽样方案可以明显提高估计精度。

与同一区域基于高程因子的空间分层抽样结果比较[14], 该研究所需的样本量比前者多, 抽样绝对误差接近, 置信水平取值相同(95%), 但相对误差从15%提高到10%,

优劣不好判断, 因此, 钉螺分布究竟与海拔高程关系密切, 还是与植被分布更为密切, 这里无法判断。对于多个辅助变量的空间分层, 除了这里采用的K均值聚类法, 也许还有其它更好的研究方法。在将来钉螺抽样或者其他类似问题研究中, 如果各层内还有与目标变量相关的具体信息时, 如何再进行层内再分层, 增加抽样的精度, 值得进一步研究。

6. 结论

中国钉螺调查方法可以追溯到上世纪50年代[15], 当时的框点尺寸与现在相同(1平方米), 点距类似。1990年卫生部地方病防治司对钉螺调查方法规定了点距、线距与框点尺寸等参数, 直到21世纪初, 查螺框点的空间抽样方法基本没变, 但把框点尺寸由0.33m×0.33m=0.11m²修改为0.317m×0.317m=0.1m², 二者相差很小, 现实中还是大多采用过去的0.33m×0.33m=0.11m²尺寸置框。这种在中国一直沿用了几十年的查螺方法受到有关学者的质疑。本文基于鄱阳湖区典型有螺草洲, 基于推扫式、全覆盖的钉

螺调查数据, 采用简单随机抽样、系统抽样与空间分层抽样三种方法进行了抽样结果的精度评价。结果显示: 空间分层抽样具有明显的优势, 而现行一惯采用的系统调查法的抽样精度甚至不及简单随机抽样的结果, 主要原因是湖区草洲钉螺一般具有周期性带状分布规律, 从经典统计学的角度来看是不适应采用系统抽样方法进行调查的, 建议中国血防部门尽快修改现行钉螺调查方法。

致谢

本文得到中国国家自然科学基金项目《湖沼型血吸虫病疫区钉螺分布空间抽样优化研究》(81260449)与中国江西省教育厅科技项目《湖沼型血吸虫病疫区钉螺调查方法的优化研究》(CJJ12185)的支持。

参考文献

- [1] 中华人民共和国卫生部地方病防治司. 血吸虫病防治手册(第三版)[M], 上海: 上海科学技术出版社, 2000: 36-39。
- [2] 中国医学科学院. 钉螺调查方法上存在的问题和改进意见[J]. 医药卫生快报, 1960, 1: 18-19。
- [3] Davis GM, Wu WP, Chen HG, et al. A baseline study of importance of bovines for human schistosomajaponicum infections around Poyang Lake, China: Villages studied and snail sampling strategy[J]. American Journal of Tropical Medicine Hygiene, 2002, 66(4):359-371.
- [4] 汪鑫, 范文燕, 牛力. 鄱阳湖生态经济区血吸虫病疫区居民血防认知和行为干预效果评价[J]. 现代预防医学, 2014, 41(4): 658-660。
- [5] 张文馨, 赵安, 柳庆, 李翠. 湖沼型血吸虫病流行区钉螺空间分布格局的样点尺寸效应[J]. 中国血吸虫病防治杂志. 2016,28(2): 115-119。
- [6] 金勇进. 抽样: 理论与应用[M]. 北京: 高等教育出版社, 2015: 25-26。
- [7] 王劲峰. 空间抽样与统计推断[M]. 北京: 科学出版社, 2009: 21-23。
- [8] 刘建平, 陈光慧. 分层抽样中分层界限的优化设计[J]. 统计与决策, 2008, (11)3:4-6。
- [9] 李召军. 鄱阳湖区植被与钉螺分布关系的研究[D]. 南昌: 南昌大学, 2007: 1-56。
- [10] 李召军, 陈红根, 宫鹏, 曾小军, 刘跃民, 谢曙英. 鄱阳湖区洲滩植被与钉螺空间分布关系的研究[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2010, 22(2): 132-135。
- [11] 曾小军, 李召军, 姜唯声. 赣江流域洲滩和鄱阳湖草洲植被调查及其比较[J]. 中国血吸虫病防治杂志, 2008, 20(1):32-36。
- [12] 胡伟. 改进的层次K均值聚类算法[J]. 计算机工程与应用, 2013, 49(2):157-159。
- [13] 伍小英, 鲁婧婧. 两两比较的Bonferroni法[J]. 循证医学, 2006, 6(6):362-374。
- [14] 赵安, 张文馨, 姚忠, 马玉宽, 柳庆, 段后浪, 商伊迪. 湖沼型血吸虫病流行区钉螺抽样方法的对比研究[J]. 中国血吸虫病防治杂志. 2016,28(5): 507-512。
- [15] 陈林. 某部队行军途中和演习地区钉螺调查及预防血吸虫病感染的措施, 人民军医, 1959, 11: 83-89。