

DOI:10.13350/j.cjpb.230521

• “一带一路”专题研究 •

孟加拉国疟疾流行特征研究进展*

周肖华¹, 周友华¹, 卢娜^{1,2}, 周红宁^{1,2**}

(1. 昆明医科大学公共卫生学院, 云南昆明 650000; 2. 云南省热带传染病国际联合实验室, 云南省虫媒传染病防控研究重点实验室, 云南省虫媒传染病防控关键技术创新团队, 云南省寄生虫病防治所)

【摘要】 疟疾是通过带有疟原虫子孢子按蚊叮咬人类传播, 主要流行于热带和亚热带地区。孟加拉国疟疾流行严重。本文就近年来孟加拉国疟疾流行特征研究进展进行综述, 为该国消除疟疾提供理论参考。

【关键词】 疟疾; 流行特征; 孟加拉国; 综述

【中图分类号】 R531.3

【文献标识码】 A

【文章编号】 1673-5234(2023)05-0598-05

[*Journal of Pathogen Biology*. 2023 May;18(5):598-602.]

Reviews in progress of the epidemiological characteristics of malaria in Bangladesh

ZHOU Xiaohua¹, ZHOU Youhua¹, LU Na^{1,2}, ZHOU Hongning^{1,2} (1. College of Public Health, Kunming Medical University, Kunming 650000, China; 2. Yunan international joint laboratory of tropical infectious diseases, Key Laboratory of Insect-borne Infectious Diseases Control in Yunnan Province, Key Technology Innovation Team for Prevention and Control of Insect Vectors in Yunnan Province of Yunnan Institute of Parasitic Diseases)

【Abstract】 Malaria is transmitted by the bite of Anopheles mosquitoes with the parasite, mainly prevalent in tropical and subtropical regions. Malaria is prevalent in Bangladesh. This review reviews the recent progress on malaria epidemic characteristics in Bangladesh to provide theoretical.

【Key words】 Malaria; epidemiological characteristics; Bangladesh; review.

*** 疟疾(Malaria)是由携带疟原虫子孢子按蚊叮咬人类感染的一种重要蚊虫传播传染病, 严重危害人类生命健康和社会经济发展^[1]。其临床症状主要为高热、寒战、出汗、贫血及肝脾肿大等症, 2021年据世界卫生组织估计全球约2.47亿人感染疟原虫, 死亡人数超过61.9万, 主要集中在热带和亚热带地区^[2-4]。孟加拉国位于南亚次大陆东北部的恒河(Gange)、布拉马普特拉河(Brahmaputra)和梅格纳河(Meghna)形成的三角洲, 被称为“水泽之乡”和“河塘之国”, 地理位置东经88°10′~92°41′、北纬20°34′~26°38′, 东、西、北三面与印度毗邻, 东南与缅甸接壤, 南濒临孟加拉湾, 常年高温多雨, 属于热带季风气候, 年平均降雨量在1800-3000mm之间, 其自然环境和气候条件适合疟疾媒介孳生繁衍, 疟疾流行较为严重^[5-7]。本文对近年来孟加拉国疟疾流行特征研究进行综述, 为该国制定有效的消除疟疾策略及措施提供参考。

1 疫情主要特征

据WHO报道^[8], 2006-2020年孟加拉国疟疾病例为611460例, 死亡1179例, 年病例数和死亡数总体呈下降趋势。2008-2013年, 疟疾病例数和死亡数下降幅度较明显(图1), 可能与该国2007年以来大量提高蚊帐覆盖率、使用快速诊断检测、采取规范的抗疟疾治疗、提高社区卫生工作者疟疾诊疗知识与技能及其改善卫生设施条件等措施密切相关^[9-11]。

此外, 从图1中发现, 2013-2014年疟疾病例数急剧上升, 可能与该国期间发生了持续的暴雨天气等因素有关^[12]。

从季节性分布特征来看, 1989-2008年Haque等^[13]对孟加拉国疟疾疫情分析发现, 6~8月为病例高峰, 与该国该时段为雨季且温度较高有关; 1999-2011年Maude等^[14]对吉大港研究

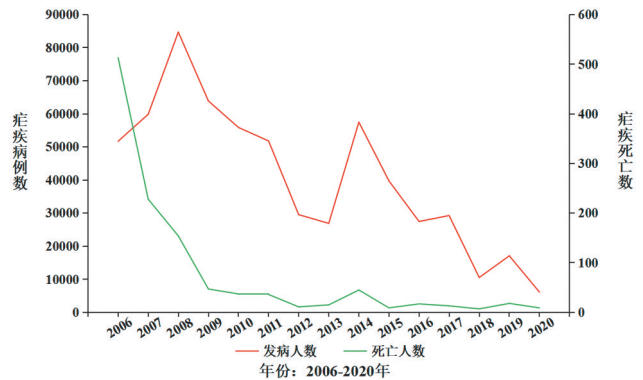


图1 孟加拉国2006-2020年疟疾病例数及死亡数情况 (数据来源于WHO 2020年疟疾报告)

Fig. 1 Number of malaria cases and deaths in Bangladesh from 2006-2020 (data are obtained from the WHO 2020 malaria report)

发现, 当地疟疾发病高峰也是6~8月; 2009-2010年Khan等^[15]对孟加拉国东南部研究发现, 全年均有病例报告, 但6~8月为病例高峰期; Laskar等^[16]对孟加拉国2008-2016年的疟疾病例分析也发现, 全年均有疟疾发病, 其中6~8月属于疟疾病

* **【基金项目】** 云南省重点研发计划项目(No. 202103AQ100001); 澜湄合作专项基金项目(No. 2020399)。

** **【通讯作者】** 周红宁, E-mail: zhouhn66@163.com

【作者简介】 周肖华(1996-), 男, 云南文山山人, 在读硕士, 主要从事虫媒传染病防治研究。

E-mail: zhouxiaohua0805@163.com

例高峰;2010-2012年,Ahmed等^[17]在孟加拉国与缅甸接壤吉大港山区对恶性疟病例分析发现,全年均有恶性疟病例分布,但6~8月发病最高;此外,2013-2016年,Noe等^[18]对孟加拉国疟疾病例分析发现,6~8月疟疾病例最高。上述调查结果提示,孟加拉国全年均有疟疾病例发生,但发病高峰期主要出现在6~8月,与当地降雨量、温度、湿度等密切相关。

从地区分布来看,有研究发现,该国13个县(东南的Bandarban, Chittagong, Cox's Bazar, Khagrachhari, Rangamati等5个县和东北的Habiganj, Kurigram, Maulvibazar, Mymensingh, Netrakona, Sherpur, Sunamganj, Sylhet等8个县)疟疾流行较严重,其中位于东南部的Khagrachhari, Bandarban和Rangamati县疟疾负担最重,约占孟加拉国疟疾总发病率和死亡率的90%^[4,9,14-19]。此外,1999-2011年,Maude等^[14]研究发现,疟疾发病率最高地区为吉大港(ChT)的Bandarban, Khagrachhari和Rangamati县,该3县疟疾病例数约为该时期孟加拉国疟疾病例总数的80%。2007年,Haque等^[20]对上述13个疟疾流行县9750名发热患者调查发现,东南5个县疟疾阳性率为2.94%(287/9750),而东北8个县为0.07%(7/9750),其中Khagrachhari, Bandarban和Rangamati疟疾感染率分别为15.25%、10.97%和7.42%。2013-2016年,Noe等^[18]也对该13个县疟疾病例数分析发现,东南5个县占疟疾病例总数的97.74%(100265/102582),东北8个县占2.26%(2317/102582)。调查还发现,2018-2020年孟加拉国共报告疟疾病例33732例,死亡34例;其中90%(30360/33732)以上病例来自吉大港的Bandarban, Khagrachhari和Rangamati^[21-22]。2021年,WHO报告数据显示,2019年和2020年Khagrachhari, Bandarban和Rangamati县疟疾病例分别占该国病例总数的95%(16225/17079)和93%(5701/6130)^[23]。表明孟加拉国疟疾主要流行区为东南部的Khagrachhari, Bandarban和Rangamati县,可能与该地区多为丘陵地区,海拔较高、森林覆盖率较高和有利媒介繁殖等孳生环境有关。

从人群分布上来看,1998年,Faiz等^[24]对孟加拉国5个疟疾流行县的944名病例分析发现,≤9岁、10-19岁、20-29岁、30-39岁和≥40岁人群疟疾患病率分别为29.1%(275/944)、30%(283/944)、19.5%(184/944)、11.9%(112/944)和9.6%(90/944);2000-2009年,Emeto等^[25]对Rangamati县的2995例疟疾病例分析发现,0-15岁、15-49岁和≥50岁人群疟疾患病率分别为45.1%(1381/2995)、47.6%(1424/2995)和6.3%(190/2995);2009-2012年,Shannon等^[26]对吉大港疟疾调查发现,≤5岁、5-14岁、14-39岁和≥40岁人群疟疾患病率分别为14.29%(5/35)、51.43%(18/35)、25.71%(9/35)和8.57%(3/35);2013年,Alam等^[11]对13个疟疾流行县不同年龄组疟疾感染调查发现,≤15岁、15-49岁和≥50岁人群疟疾感染率分别为3.69‰(3.69/1000)、1.76‰(1.76/1000)和0.34‰(0.34/1000)。上述结果提示,孟加拉国各年龄段人群均有病例发生,其中14岁以下人群感染疟疾比例较高,这可能与该类人群使用蚊帐率较低,人蚊接触几率较高有关。

从职业分布来看,该国大量人群从事农业刀耕火种职业(jhum)且暴露在高风险的疟疾媒介叮咬环境^[27]。2009-2012年,Shannon等^[25]对吉大港疟疾病例分析发现,农民、临时工、jhum种植者疟疾感染率分别为0.86%(4/465)、1.73%(3/

173)和4.21%(4/95);2009-2012年,Ahmed等^[17]在孟加拉国与缅甸接壤吉大港山区调查发现,农民、临时工、jhum种植者疟疾感染率分别为0.93%(48/4609)、1.91%(42/1996)和2.42%(71/2544);Galagan等^[27]2010-2012年对jhum种植者、jhum家属和非jhum种植者疟疾感染率分析发现,疟疾感染率分别为2.22%(2/90)、2.41%(2/94)和0.95%(18/280)。表明孟加拉jhum种植者及其家属感染疟疾比率较高,可能与该类人群在边远森林或工地疟疾媒介叮咬风险较高,同时缺乏防蚊知识及其蚊帐使用率较低等有关。

2 疟疾传播媒介

以往调查发现,孟加拉国疟疾媒介种类较多,其中,微小按蚊(*Anopheles minimus*)、大劣按蚊(*An. dirus*)、菲律宾按蚊(*An. philippinensis*)和圣代克按蚊(*An. sundaicus*)属主要疟疾媒介,乌头按蚊(*An. aconitus*)、环纹按蚊(*An. annularis*)、迷走按蚊(*An. vagus*)可能为次要媒介,黑色按蚊(*An. nigerrimus*)、浅色按蚊(*An. subpictus*)、须喙按蚊(*An. barbirostris*)、多斑按蚊(*An. maculatus*)属潜在疟疾媒介^[28-30]。2009年,Alam等^[29]对边境地区Netrokona, Habiganj和Khagrachhari按蚊调查,共发现17种按蚊,其中迷走按蚊、黑色按蚊、菲律宾按蚊和微小按蚊分别占捕获总数的18.6%(118/634)、14.5%(92/634)、11.0%(70/634)、0.2%(1/634)。2009-2010年,Alam等^[30]在Bandarban采用诱蚊灯调查,共捕获20种按蚊,其中吉甫按蚊、迷走按蚊、可赫按蚊、大劣按蚊和微小按蚊分别占捕获按蚊总数的18.9%(487/2576)、16.8%(433/2576)、14.4%(371/2576)、2.1%(54/2576)和0.9%(23/2576)。2010年,Bashar等^[31]在东南部库马里采用诱蚊灯法、除虫菊喷雾捕蚊法和人工诱捕法调查按蚊种类,共捕获21种按蚊,其中迷走按蚊、菲律宾按蚊和微小按蚊分别占捕获按蚊总数的35.79%(879/2456)、26.67%(655/2456)和5.78%(142/2456)。2010-2011年,Al-Amin等^[32]在孟加拉国东南部Khagrachhari采用诱蚊灯法调查按蚊种类,共采集按蚊种类20种,其中吉甫按蚊、雪足按蚊、可赫按蚊、迷走按蚊、卡瓦按蚊和微小按蚊分别占24.91%(505/2027)、16.18%(330/2027)、12.78%(259/2027)、10.80%(219/2027)、10.71%(217/2027)和0.84%(17/2027)。2011-2012年,Bashar等^[33]在Bandarban采用诱蚊灯法和除虫菊喷雾法调查按蚊种类,共捕获22种按蚊,其中迷走按蚊、菲律宾按蚊、微小按蚊和大劣按蚊分别占捕获按蚊总数的52.26%(1262/2415)、23.15%(559/2415)、1.88%(46/2415)和0.12%(3/2415)。2011-2012年,Alam等^[34]在Bandarban采集按蚊幼虫,共发现按蚊种类16种,其中迷走按蚊、雪足按蚊、带足按蚊、须喙按蚊和微小按蚊占按蚊总数26.4%(598/2263)、20.81%(471/2263)、20.06%(454/2263)、10.34%(234/2263)、0.13%(3/2263)。上述调查结果显示,孟加拉国按蚊种类较为丰富。

3 媒介带虫率

2009年,Alam等^[29]采用环孢子体蛋白酶联免疫吸附试验(CSP-ELISA)检测边境地区Netrokona, Habiganj和Khagrachhari按蚊携带环孢子体蛋白发现,该3个边境县按蚊环孢子体蛋白感染率为2.6%(16/622),其中卡瓦按蚊、多斑按蚊、须喙按蚊、黑色按蚊、迷走按蚊、浅色按蚊和菲律宾按蚊感染率分别为22%(2/9)、14.3%(1/7)、9.5%(2/21)、4.4%(4/

91)、4.3%(5/116)、1.5%(1/65)和1.4%(1/69)。2009-2010年,Alam等^[30]采用CSP-ELISA检测Bandarban县按蚊环孢子阳性率发现,多斑按蚊、荫影按蚊、须喙按蚊、黑色按蚊、雪足按蚊、吉甫按蚊、可赫按蚊、迷走按蚊等8种按蚊出现环孢子蛋白(CSP)阳性,CSP总阳性率为0.6%(15/2467),其中按蚊恶性疟原虫CSP呈阳性率0.4%(11/2467),CSP Pv-210阳性率0.2%(4/2467);上述8种按蚊CSP阳性率分别为2.1%(2/97)、1.7%(2/115)、1.1%(2/186)、1.0%(1/104)、0.8%(2/264)、0.6%(3/479)、0.5%(2/369)和0.2%(1/429)。2011-2012年,Bashar等^[33]采用ELISA和聚合酶链反应(PCR)检测Bandarban和Maulvibazar 2县按蚊CSP发现,CSP阳性率为1.57%(38/2415),其中大劣按蚊、威氏按蚊、须喙按蚊、环纹按蚊、荫影按蚊、卡瓦按蚊、迷走按蚊、微小按蚊、吉甫按蚊、菲律宾按蚊感染率分别为,66.66%(2/3)、25%(2/8)、10%(1/10)、7.69%(1/13)、6.25%(1/16)、2.27%(3/132)、1.68%(21/1251)、1.56%(1/64)、1.02%(1/98)、0.90%(5/554)。表明在孟加拉国多斑按蚊、大劣按蚊、迷走按蚊、须喙按蚊CSP感染率相对较高。

4 疟原虫种情况

该国4种疟原虫均有发现,其中恶性疟和间日疟较为常见^[23,35]。1999-2006年,Maude等^[36]对Bandarban和Cox's Bazar 50 786例疟原虫分析发现恶性疟和间日疟2种疟原虫,其中恶性疟原虫占70.30%(35705/50786),间日疟占29.70%(15082/50786)和少许间日疟/恶性疟混合感染病例。2000-2002年,Van den Broek等^[37]在与印度接壤的Khagrachari县对57 000名发热患者采用显微镜镜检发现,当地疟疾感染率44%(25080/57000),其中恶性疟、间日疟和三日疟感染率分别为84%(21067/25080)、15%(3762/25080)和1%(251/25080)。2007年,Haque等^[20]在13个疟疾流行县采用快速诊断测试(RDT)检测发热患者,共发现疟疾病例300例,其中90.18%(270/300)病例由恶性疟原虫引起,间日疟原虫和混合感染分别为5.29%(16/300)和4.53%(14/300)。2009年,Haque等^[38]采用RDT对Rajasthali 1 400例疑似疟疾病例检测发现,161人感染疟疾,其中恶性疟、间日疟和间日疟/恶性疟混合感染率分别为93.2%(150/161)、1.9%(3/161)和5.0%(8/161)。1999-2011年,Sagna等^[10]在吉大港对2 394病例检测发现,恶性疟、间日疟、三日疟和恶性疟/间日疟混合感染率分别为95.86%(2295/2394)、3.88%(93/2394)和0.04%(1/2384)。2008-2012年,Haque等^[9]采用疟疾快速诊断试剂(RDT)检测285 722例疑似疟疾病例发现,恶性疟、间日疟、间日疟/恶性疟混合感染率分别为89.34%(255266/285722)、10.28%(29367/285722)和0.38%(1089/285722)。2015-2016年,Chang等^[39]对吉大港研究发现,恶性疟、间日疟和混合感染分别占73.79%(1540/2087)、15.91%(332/2087)和10.30%(215/2087)。2018-2019年,Sagna等^[40]在Bandarban和Moulvibaza通过RDT和实时荧光定量PCR(qPCR)调查,发现恶性疟原虫、间日疟原虫及其混合感染率分别为91.04%(61/67)和4.78%(3/67)、4.78%(3/67)。结果表明孟加拉国恶性疟和间日疟感染比例较高。

5 杀虫剂蚊帐使用情况

长效杀虫剂处理蚊帐(LLIN)是孟加拉国疟疾预防的干预

策略之一^[41]。2007年Haque等^[20]对13个疟疾流行县9 748名居民问卷调查分析发现,蚊帐使用率为93%(9066/9748),使用率较高。2010-2012年,Ahmed等^[17]对东南部Bandarban 23372名居民调查发现,长效蚊帐使用率也较高(89.3%)。2008年和2011年Ahmed等^[41]分别对3760户和7895户家庭调查发现,前者2008年东南地区和东北地区长效蚊帐使用率分别为75.8%(1289/1701)和58.6%(1207/2059),后者2011年分别为77.2%(2875/3724)和71.8%(2995/4171),提示长效蚊帐使用率呈逐步提高趋势。2017年Khanam等^[42]对13个疟疾流行县2 640户家庭调查显示,77.4%(2044/2640)户至少有2顶LLIN,56.8%(1499/2640)户没有或只有一顶LLIN和43.2%(1140/2640)的家庭的每个成员具有1顶LLIN,说明当地蚊帐使用率较高。但2018-2019年Sagna等^[40]在疟疾高流行区Bandarban的Alikadam和低流行区Moulvibaza的Kamalganj蚊帐使用率调查发现,两地区蚊帐使用率分别为98.1%(469/478)和26.4%(132/500),说明疟疾高流行地区蚊帐使用率高,但低度流行区相对较低,建议孟加拉国相关部门加强疟疾低度流行区蚊帐率宣传,同时开展长效蚊帐在疟疾高流行区实际保护效果调查。

6 杀虫剂对媒介的抗性

据Mittal等^[43]报告孟加拉国疟疾媒介抗药性状况,1995-2001年该国东北部的Sylhet、Narayanganj、Sunamganj 3县环纹按蚊对DDT具有耐药性(死亡率分别为75%、62%~70%和80%~90%),Sylhet县菲律宾按蚊对DDT(死亡率为67%~75%)和马拉硫磷(死亡率为94.6%~100%),2010-2015年间该国Bandarban和Rangamati县迷走按蚊对溴氰菊酯表现为抗性(死亡率为87%~96%)。2010-2016年,WHO报告孟加拉国采用标准生物测定法对疟疾媒介杀虫剂耐药性监测结果显示,环纹按蚊、菲律宾按蚊对拟除虫菊酯均有抗药性^[44]。2018年,Alam等^[45]在东南部Bandarban中发现,迷走按蚊对氯菊酯和溴氰菊酯均有抗药性(死亡率分别为29%和55%)。表明孟加拉国主要疟疾媒介已对DDT杀虫剂产生了抗性,对除虫菊酯类杀虫剂也具有抗性,建议今后应进一步加强按蚊对各类杀虫剂敏感性监测。

7 疟原虫抗药性

1996-1997年,Rahman等^[46]对413名恶性疟疾病例抗疟药物治疗观察发现,氯喹3 d(CQ3)、硫酸奎宁3 d+单剂量磺胺多辛-乙胺嘧啶联合疗法(Q3+SP)、奎宁7 d(Q7)、单剂量甲氟喹治疗恶性疟的失败率分别为56%(83/149)、12%(17/145)、8%(4/49)和14%(10/70),提示上述药物对恶性疟原虫产生了抗性。1998年,Rahman等^[47]在东南部Cox's Bazar对恶性疟病例采用Q3+SP和CQ+SP疗效研究发现,两种联合疗法14 d的治愈率仅分别为84%和79%。2000-2002年,Van den Broek等^[37]在与印度接壤的Khagrachari县,对186例患者中调查发现,17.2%(32/186)疟疾患者在治疗后28 d内未能清除疟原虫。2003年,Broek等^[48]对吉大港364名恶性疟患者研究发现,氯喹和磺胺多辛-乙胺嘧啶(CQ+SP)联合疗法治疗疟疾第42 d失败率为37.6%(32/85),说明恶性疟原虫对(CQ+SP)联合疗法产生耐药性。2002-2004年,Kawai等^[49]在孟加拉国的抗疟治疗效果也显示,采用(CQ+PQ)联合治疗东南部Rangamati的45名无并发症恶性疟患者,失败率为57.8%

(26/45),并且在治疗第28 d通过PCR在22.2%(10/45)患者的血液样本检测到 *pfcr* 突变或耐药基因型。2004-2008年, Akter等^[50]对吉大港药物治疗后的33例耐药基因型分析发现, K76T *PfCRT* 氯喹抗性位基因的突变率约为82%(54/66), *Pfmdr1* N86Y 突变率为33%(25/66)。2010年, Thongdee等^[51]对吉大港分离的31株间日疟原虫二氢叶酸还原酶(*pvdhfr*)和二氢叶酸合酶(*pvdhps*)遗传多样性检测发现, 54.8%(17/31)间日疟原虫对检测发现乙胺嘧啶抗性基因型(*pvdhf* 58R/61M/117N)。2007-2008年, Marma等^[52]对与缅甸相邻的班达班139株恶性疟原虫分离株突变基因研究发现, 19%(26/139)的分离株中出现了较高的乙胺嘧啶抗性基因型四重突变体。2014-2015年 Alam等^[53]对130株恶性疟原虫分析显示, 81.5%(106/130)的病例中发现了 *pfcr* 突变 K76T, 和13.9%(18/130)的病例中发现了 *pfmdr1* 突变 N86Y。由于恶性疟原虫对氯喹的耐药性增加, 2004年孟加拉国采用蒿甲醚-苯茛醇(AL)联合疗法治疗恶性疟^[54]。2008-2009年 Samad等^[55]在吉大港将252例疟疾患者随机分为两组, 分别采用青蒿琥酯和蒿甲醚治疗发现, 它们的治愈率分别为100%和99%。2003年 van den Broek等^[48]对吉大港364名恶性疟患者研究发现, 蒿甲醚/苯甲胺联合治疗无并发症恶性疟患者, 其治愈率为92.4%。以上研究提示, 目前孟加拉国青蒿素类对恶性疟原虫仍然较为敏感, 建议相关部门应进一步加强疟原虫抗疟药物监测。

8 展望

孟加拉国疟疾流行仍然较为严重, 特别是吉大港山区。随着杀虫剂对媒介抗性及其恶性疟原虫多种抗疟药物严重将给该国消除疟疾工作带来巨大挑战, 迫切需要该国相关部门进一步开展相关研究, 制定出有效的消除疟疾策略与措施。

【参考文献】

[1] 车河龙, 林栋. 疟疾的防控现状及进展[J]. 热带医学杂志, 2010, 10(2): 218-220.

[2] Cox FE. History of the discovery of the malaria parasites and their vectors[J]. Parasit Vectors, 2010, 3(1): 5.

[3] 谷文莉. 青蒿素及其衍生物类药物对疟疾的临床治疗研究进展[J]. 抗感染药学, 2021, 18(4): 463-466.

[4] WHO. World malaria report 2021[R]. Geneva: WHO, 2021.

[5] 雷鸣. 孟加拉国的气候灾害及其治理[J]. 南亚研究季刊, 2012, 51(4): 92-97, 6.

[6] 盖永岗, 陈松伟, 马莅茗. 孟加拉国恒河和布河洪水特性初探[J]. 中国农村水利水电, 2020(11): 19-23.

[7] Shannon KL, Shields T, Ahmed S, et al. Temporal and spatial differences between symptomatic and asymptomatic malaria infections in the chittagong hill districts, bangladesh[J]. Am J Trop Med Hyg, 2022, 107(6): 1210-1217.

[8] World Health Organization, Regional Office for South-East Asia. Workshop on external competence assessment and national competence assessment for malaria microscopists (ECAMM and NCAMM): report of meeting, New Delhi, India, 24-25 June 2021 [R]. Geneva: World Health Organization, Regional Office for South-East Asia, 2021.

[9] Haque U, Overgaard HJ, Clements AC, et al. Malaria burden and control in Bangladesh and prospects for elimination: an

epidemiological and economic assessment [J]. Lancet Glob Health, 2014, 2(2): e98-105.

[10] Sagna AB, Kibria MG, Naher S, et al. Stratifying malaria receptivity in Bangladesh using archived rapid diagnostic tests [J]. Malar J, 2020, 19(1): 345.

[11] Alam MS, Kabir MM, Hossain MS, et al. Reduction in malaria prevalence and increase in malaria awareness in endemic districts of Bangladesh[J]. Malar J, 2016, 15(1): 552.

[12] WHO. World malaria report 2017[R]. Geneva: World Health Organization, 2017.

[13] Haque U, Hashizume M, Glass GE, et al. The role of climate variability in the spread of malaria in Bangladeshi highlands [J]. PLoS One, 2010, 5(12): e14341.

[14] Maude RJ, Hasan MU, Hossain MA, et al. Temporal trends in severe malaria in Chittagong, Bangladesh[J]. Malar J, 2012 (11): 323.

[15] Khan WA, Sack DA, Ahmed S, et al. Mapping hypoendemic, seasonal malaria in rural Bandarban, Bangladesh: a prospective surveillance[J]. Malar J, 2011(10): 124.

[16] Laskar M, Kabir M, Naher S, et al. Nine years of malaria cases in Bangladesh: a time series analysis[J]. Inter J Trop Dis Heal, 2018, 28(3): 1-13.

[17] Ahmed S, Galagan S, Scobie H, et al. Malaria hotspots drive hypoendemic transmission in the Chittagong Hill Districts of Bangladesh[J]. PLoS One, 2013, 8(8): e69713.

[18] Noe A, Zaman SI, Rahman M, et al. Mapping the stability of malaria hotspots in Bangladesh from 2013 to 2016[J]. Malar J, 2018, 17(1): 259.

[19] Alam MS, Elahi R, Mohon AN, et al. *Plasmodium falciparum* genetic diversity in bangladesh does not suggest a hypoendemic population structure[J]. Am J Trop Med Hyg, 2016, 94(6): 1245-1250.

[20] Haque U, Ahmed SM, Hossain S, et al. Malaria prevalence in endemic districts of Bangladesh[J]. PLoS One, 2009, 4(8): e6737.

[21] BLNC Noe A, Zaman SI, Rahman M, et al. Mapping the stability of malaria hotspots in Bangladesh from 2013 to 2016 [J]. Malar J, 2018, 17(1): 259.

[22] Aubourg MA, Al-Amin HM, Sunkara A, et al. Human behaviour directs household-level exposure to malaria vectors in Bandarban, Bangladesh[J]. Malar J, 2022, 21(1): 355.

[23] World Health Organization, Regional Office for South-East Asia. Meeting of the national malaria programme managers in the South-East Asia Region [R]. Geneva: World Health Organization, Regional Office for South-East Asia, 2021.

[24] Faiz MA, Yunus EB, Rahman MR, et al. Failure of national guidelines to diagnose uncomplicated malaria in Bangladesh [J]. Am J Trop Med Hyg, 2002, 67(4): 396-399.

[25] Emeto TI, Adegboye OA, Rumi RA, et al. Disparities in risks of malaria associated with climatic variability among women, children and elderly in the chittagong hill tracts of bangladesh [J]. Int J Environ Res Public Health, 2020, 17(24): 9469.

[26] Shannon KL, Khan WA, Sack DA, et al. Subclinical *Plasmodium falciparum* infections act as year-round reservoir for malaria in the hypoendemic Chittagong Hill districts of Bangladesh[J].

- Int J Infect Dis, 2016(49):161-169.
- [27] Galagan SR, Prue CS, Khyang J, et al. The practice of jhum cultivation and its relationship to *Plasmodium falciparum* infection in the Chittagong Hill Districts of Bangladesh[J]. Am J Trop Med Hyg, 2014, 91(2):374-383.
- [28] Obsomer V, Defourny P, Coosemans M. The Anopheles dirus complex; spatial distribution and environmental drivers[J]. Malar J, 2007(6):26.
- [29] Alam MS, Khan MG, Chaudhury N, et al. Prevalence of anopheline species and their *Plasmodium* infection status in epidemic-prone border areas of Bangladesh[J]. Malar J, 2010(9):15.
- [30] Alam MS, Chakma S, Khan WA, et al. Diversity of anopheline species and their *Plasmodium* infection status in rural Bandarban, Bangladesh[J]. Parasit Vectors, 2012(5):150.
- [31] Bashar K, Tuno N, Ahmed TU, et al. Blood-feeding patterns of *Anopheles* mosquitoes in a malaria-endemic area of Bangladesh[J]. Parasit Vectors, 2012(5):39.
- [32] Al-Amin HM, Elahi R, Mohon AN, et al. Role of underappreciated vectors in malaria transmission in an endemic region of Bangladesh-India border[J]. Parasit Vectors, 2015(8):195.
- [33] Bashar K, Tuno N. Seasonal abundance of *Anopheles* mosquitoes and their association with meteorological factors and malaria incidence in Bangladesh[J]. Parasit Vectors, 2014(7):442.
- [34] Alam MS, Al-Amin HM, Elahi R, et al. Abundance and Dynamics of anopheles (diptera: culicidae) larvae in a malaria endemic area of bangladesh[J]. J Med Entomol, 2018, 55(2):382-391.
- [35] Alam MS, Mohon AN, Mustafa S, et al. Real-time PCR assay and rapid diagnostic tests for the diagnosis of clinically suspected malaria patients in Bangladesh[J]. Malar J, 2011(10):175.
- [36] Maude RJ, Dondorp AM, Faiz MA, et al. Malaria in southeast Bangladesh; a descriptive study[J]. Bangladesh Med Res Counc Bull, 2008, 34(3):87-89.
- [37] Van den Broek IV, van der Wardt S, Talukder L, et al. Drug resistance in *Plasmodium falciparum* from the Chittagong Hill Tracts, Bangladesh[J]. Trop Med Int Health, 2004, 9(6):680-687.
- [38] Haque U, Sunahara T, Hashizume M, et al. Malaria prevalence, risk factors and spatial distribution in a hilly forest area of Bangladesh[J]. PLoS One, 2011, 6(4):e18908.
- [39] Chang HH, Wesolowski A, Sinha I, et al. Mapping imported malaria in Bangladesh using parasite genetic and human mobility data[J]. Elife, 2019(8):e43481.
- [40] Sagna AB, Kibria MG, Naher S, et al. Stratifying malaria receptivity in Bangladesh using archived rapid diagnostic tests[J]. Malar J, 2020, 19(1):345.
- [41] Ahmed SM, Hossain S, Kabir MM, et al. Free distribution of insecticidal bed nets improves possession and preferential use by households and is equitable; findings from two cross-sectional surveys in thirteen malaria endemic districts of Bangladesh[J]. Malar J, 2011(10):357.
- [42] Khanam F, Hossain MB, Chowdhury TR, et al. Exploring the gap between coverage, access, and utilization of long-lasting insecticide-treated nets (LLINs) among the households of malaria endemic districts in Bangladesh. Malar J, 2018, 17(1):455.
- [43] Mittal PK, Wijeyaratne P, Pandey S. Status of insecticide resistance of Malaria, Kala-azar and Japanese encephalitis vectors in Bangladesh, Bhutan, India and Nepal (BBIN)[R]. Arlington Virginia Camp Dresser & Mckee International Environmental Health Project Mar, 2004.
- [44] World Health Organization. Global report on insecticide resistance in malaria vectors: 2010-2016[R]. Geneva; WHO, 2018.
- [45] Alam MS, Al-Amin HM, Khan WA, et al. Preliminary report of pyrethroid resistance in anopheles vagus, an important malaria vector in Bangladesh[J]. Am J Trop Med Hyg, 2020, 103(2):810-811.
- [46] Rahman MR, Paul DC, Rashid M, et al. A randomized controlled trial on the efficacy of alternative treatment regimens for uncomplicated falciparum malaria in a multidrug-resistant falciparum area of Bangladesh-narrowing the options for the National Malaria Control Programme[J]. Trans R Soc Trop Med Hyg, 2001, 95(6):661-667.
- [47] Rahman MR, Hassan MR, Faiz MA, et al. Monitoring efficacy of commonly used antimalarials by a 14-day *in vivo* test in a new settler's camp in endemic zone at Cox's Bazar[J]. Bangladesh Med Res Counc Bull, 1998, 24(3):67-74.
- [48] van den Broek IV, Maung UA, Peters A, et al. Efficacy of chloroquine + sulfadoxine-pyrimethamine, mefloquine + artesunate and artemether + lumefantrine combination therapies to treat Plasmodium falciparum malaria in the Chittagong Hill Tracts, Bangladesh[J]. Trans R Soc Trop Med Hyg, 2005, 99(10):727-735.
- [49] Kawai A, Arita N, Matsumoto Y, et al. Efficacy of chloroquine plus primaquine treatment and pfcrt mutation in uncomplicated falciparum malaria patients in Rangamati, Bangladesh[J]. Parasitol Int, 2011, 60(4):341-346.
- [50] Akter J, Thriemer K, Khan WA, et al. Genotyping of *Plasmodium falciparum* using antigenic polymorphic markers and to study anti-malarial drug resistance markers in malaria endemic areas of Bangladesh[J]. Malar J, 2012(11):386.
- [51] Thongdee P, Kuesap J, Rungsahirunrat K, et al. Genetic polymorphisms in *Plasmodium vivax* dihydrofolate reductase and dihydropteroate synthase in isolates from the Philippines, Bangladesh, and Nepal[J]. Korean J Parasitol, 2015, 53(2):227-232.
- [52] Marma AS, Mita T, Eto H, et al. High prevalence of sulfadoxine/pyrimethamine resistance alleles in *Plasmodium falciparum* parasites from Bangladesh[J]. Parasitol Int, 2010, 59(2):178-182.
- [53] Alam MS, Ley B, Nima MK, et al. Molecular analysis demonstrates high prevalence of chloroquine resistance but no evidence of artemisinin resistance in *Plasmodium falciparum* in the Chittagong Hill Tracts of Bangladesh[J]. Malar J, 2017, 16(1):335.
- [54] Johora FT, Elahi R, Nima MK, et al. Persistence of markers of chloroquine resistance in *Plasmodium falciparum* in Bangladesh[J]. Am J Trop Med Hyg, 2021, 104(1):276-282.
- [55] Samad R, Rahman MR, Yunus EB, et al. An open randomized controlled trial to compare the efficacy of two fixed dose combinations of artemisinin based combinations for uncomplicated falciparum malaria in Bangladesh [J]. Bangladesh Med Res Counc Bull, 2013, 39(3):109-115.