

机理知识和贝叶斯推理融合驱动的登革热传播推断与预测

蔡晓琰¹ 周佳仪¹ 倪豪波¹ 代婷婷¹ 王聆溪¹ 姚云冲¹ 徐婷¹ 肖丽娜¹ 陈煜亮² 郭 貌^{1△}

【摘要】目的 经典动力学机理模型基于传染病传播机理知识构建非线性微分方程组对其传播进行系统建模,其参数初始状态的估计误差会随着系统的迭代和演化而扩大,具有参数初值敏感依赖的局限,从而削弱模型预测能力。**方法** 本研究采用贝叶斯推理方法与疾病传播动力学机理模型进行融合设计,通过数据同化技术实现模型参数的不断迭代更新和优化,克服经典动力学模型的参数初值敏感依赖的局限。基于此,本研究构建机理知识和贝叶斯推理融合驱动的登革热传播推断与预测框架 SIR-EAKF,并将该融合驱动模型应用于广州市登革热传播的推断与预测。**结果** 本研究构建的 SIR-EAKF 框架优化了集合模拟的状态参数,实现了对疾病传播参数的准确估计,从而使得动力学机理模型的集合预报更精确,能够提前准确地预测登革热在人群中传播和演化的趋势。**结论** 基于以上融合模型可以实现对登革热流行和暴发的近似实时预测和追踪,提高人们对传染病疫情的早期应对和感知能力,为公共卫生防控争取更多宝贵的时间。

【关键词】 动力学机理模型 贝叶斯推理 卡尔曼滤波 登革热

【中图分类号】 R195.1 **【文献标识码】** A **DOI** 10.11783/j.issn.1002-3674.2024.06.007

Inference and Prediction of Dengue Transmission Driven by Coupling Knowledge of Disease Transmission Mechanism and Bayesian Inference

Cai Xiaoyan, Zhou Jiayi, Ni Haobo, et al (Department of Preventive Medicine, School of Medicine, Shantou University, Shantou 515000)

【Abstract】Objective The classical dynamical mechanism model constructs a system of nonlinear differential equations based on the knowledge of the transmission mechanism of infectious diseases to systematically model their propagation, and the estimation error of the initial state of its parameters will expand along with the iteration and evolution of the system, which has the limitation of sensitive dependence on the initial value of the parameters, and thus weakening the predictive ability of the model. **Methods** In this study, a Bayesian inference method is used to integrate with the disease transmission dynamics model, and the data assimilation technique is used to achieve the continuous iterative updating and optimization of the model parameters, which overcomes the limitation of sensitive dependence on the initial value of parameters in the classical dynamics model. In this study, we constructed a fusion-driven dengue fever transmission inference and prediction framework, SIR-EAKF, which is driven by the fusion of mechanistic knowledge and Bayesian inference. This study introduces the basic principles, construction steps, analysis methods, and related considerations of the method, and applies the fusion-driven model to the inference and prediction of the spread of dengue fever in Guangzhou. **Results** The results show that the SIR-EAKF framework constructed in this study optimizes the state parameters of the ensemble simulation, and it is able to achieve an accurate estimation of the disease spread parameters, which makes the ensemble forecast of the dynamical mechanism model more accurate and predicts accurately in advance the trend of dengue fever spreading and evolving in populations. **Conclusions** Based on the above fusion model can achieve approximate real-time prediction and tracking of dengue fever epidemics and outbreaks, which improves people's ability to respond to and sense infectious disease outbreaks at an early stage, buying more valuable time for public health prevention and control.

【Key words】 Dynamical mechanism model; Bayesian inference; Kalman filter; Dengue fever

登革热作为常见的被忽略的热带病 (neglected tropical diseases) 之一^[1],近年来的暴发风险显著增加,其潜在原因是地球系统的气候灾害(如全球变暖和热浪)导致的蚊子活跃时间延长^[2-4]。在传染病流行病学研究中,构建登革热动力学机理模型可以对登革热传播的动力学性态进行定性、定量分析和数值模拟。

经典动力学模型综合考虑了传染病的病原体特性、传播途径和传播速率等机理知识对疾病传播动态的影响,进而分析疾病传播动力学特性以及估计关键

的传播参数。然而,已有部分研究探讨了经典动力学机理模型的局限性^[5-6]。具体来说,经典模型中参数的设定是基于对疾病传播机理的预先假设^[5],模型预测效果受限于模型参数初始值,具有参数初始值敏感依赖问题^[6],其初始状态的估计误差会随着系统的迭代和演化而扩大,从而削弱预测能力^[7]。如何有效解决上述问题是近年来学界研究的热点。

贝叶斯推理滤波技术可以实现非线性动力系统的状态变量和参数的最大似然估计^[8-9]。而进一步融合贝叶斯推理理论的统计滤波技术和动力学机理模型,能够有效地克服经典动力学模型对于初始状态过度依赖而导致的预测误差非线性增长等问题。因此,本研究拟将集合校正卡尔曼滤波 (ensemble adjustment kalman filter, EAKF) 与“易感-

1. 汕头大学医学院预防医学系 (515000)

2. 南方医科大学南方医院

△通信作者:郭貌, E-mail: pguo@stu.edu.cn

感染-恢复”(susceptible-infectious-recovered, SIR)仓室结构的动力学机理模型融合得到 SIR-EAKF 框架,结合登革热新发病例数观测数据,构建适应中国南方城市的登革热预测模型,实现对登革热流行和暴发的近似实时预测和追踪,为传染病监测与预警方法研究提供崭新的思路。

方法与原理

1. 登革热传播机理模型

蚊媒传播疾病在人与人之间的传播必须借助蚊子作为媒介,且蚊媒传播疾病是双向的^[10-11]。登革热传播动力学模型假定在一个封闭的人群中,将该人群划分为三类亚群,分别为易感者(S_H)、感染者(I_H)和恢复者(R_H)。同时,将蚊媒种群划分为两类亚群,分别为易感蚊子(S_M)和感染蚊子(I_M)。假设 t 时刻的人口总数为 $N_H(t)$,则有下面等式成立:

$$N_H(t) = S_H(t) + I_H(t) + R_H(t) \quad (1)$$

本研究假定伊蚊的死亡率为常量不变,出生率为具有季节性特征的时变参数。又因登革病毒可由雌蚊传播至子代形成垂直传播,所以在本模型中引入参数 U 表示感染的伊蚊中发生垂直传播的概率^[12]。此外,由于登革热病毒在蚊群中有一定概率会自发传播,因此需要引入一个参数 α 表示登革热病毒在自然状态下的播种率。基于上述假定和参数构建而成的登革热动力学传播模型的微分方程如下:

$$\frac{dS_M}{dt} = -\frac{\tau(t)\beta_0 S_M I_H}{N_H} - \alpha S_M + \mu_b(t)(S_M + (1-U)I_M) - \mu_d S_M \quad (2)$$

$$\frac{dI_M}{dt} = \frac{\tau(t)\beta_0 S_M I_H}{N_H} + \alpha S_M + \mu_b(t) U I_M - \mu_d I_M \quad (3)$$

$$\frac{dS_H}{dt} = -\frac{\tau(t)\beta_0 S_H I_M}{N_H} \quad (4)$$

$$\frac{dI_H}{dt} = \frac{\tau(t)\beta_0 S_H I_M}{N_H} - \frac{I_H}{D} \quad (5)$$

$$\beta(t) = \tau(t)\beta_0 \quad (6)$$

其中 S_M 、 I_M 、 S_H 和 I_H 分别表示易感蚊子数量、感染蚊子数量、易感人数和感染人数。 N_M 和 N_H 分别为蚊子种群总数和人口总数。 α 表示在自然状态下登革热在 S_M 中的播种率。 $\mu_b(t)$ 和 μ_d 分别表示蚊子的 t 时刻的出生率和固定的死亡率。 $\tau(t)$ 表示在 t 时刻的登革热病毒经蚊子叮咬传播至人的概率。 β_0 表示人与蚊媒之间的基础有效接触率。 D 表示个体感染登革热病毒的持续时间。 $\beta(t)$ 表示在 t 时刻人与蚊媒之间的有效接触率,可由 $\beta(t) = \tau(t)\beta_0$ 估计得到。本研究采用传统的(四阶)龙格库塔微分法迭代计算 SIR 模型的状态变量^[13]。

上述机理模型中的时变参数 $\mu_b(t)$ 的粗估计基于

以下假设和步骤:

①假设蚊子种群在季度初和季度末的数量一致,在一个登革热流行季度中,我们通过标准化的诱蚊诱卵指数(mosquito and oviposition positive index, MOI)计算自然出生比例序列,自然出生比例 = MOI/MOI^* ,其中 MOI^* 为一阶导数最小的 MOI 值;

②假定蚊子产卵周期为 16 天^[14],则蚊子的自然出生率 = $\sqrt[16]{\text{自然出生比例}} - 1$;

③最终计算蚊子时变的出生率 $\mu_b(t)$ = 自然出生率 - 固定的蚊子死亡率 μ_d 。

此外,基于 Liu 等人的研究成果^[15],构建如下分段函数,用于近似在不同环境温度下登革热病毒经蚊叮咬传播至人的概率 $\tau(t)$:

$$\tau(t) = \begin{cases} 0 & T \leq 18 \\ (T-18) \times 8/3 & 18 < T \leq 23 \\ 40/3 + (T-23) \times 16/3 & 23 < T \leq 28 \\ 40 + (T-28) \times 20/3 & 28 < T \leq 32 \\ 200/3 & T > 32 \end{cases} \quad (7)$$

上述纯确定性系统的演化对其初始条件高度敏感,使得当前系统状态中非常小的差异可以随着时间的推移迅速放大,形成迥然不同的参数推断和预测结果^[16-19]。当考虑更复杂的机制时,模型相应地需要引入更多仓室和参数,而些参数的值很难从有限的数据中推断出来^[20],因此,需要结合一些新的参数推理方法加以融合。

2. 贝叶斯推理

为了克服传统的传染病动力学模型具有的参数初始状态敏感和误差非线性增长等局限,本研究使用贝叶斯推理改进传染病传播动力学机理模型,并构建基于疾病传播机理知识和贝叶斯推理融合驱动的传染病时空传播推断与预测方法。

集合校正的卡尔曼滤波^[21]是贝叶斯推理算法中的一种,它实际上也是一种可以处理滤波发散问题的集合卡尔曼滤波改进方法。该算法不需要对观测进行扰动,而是引入了一个线性算子,用于替代传统的增益矩阵。

EAKF 算法在对观测样本进行处理的过程中,更有利于保留经验分布中的非线性高阶信息。此外,当集合数量较少时,EAKF 算法依然能获得较为稳定可靠的计算结果。因此,本研究利用 EAKF 算法结合新发感染人数的实际观测值对登革热 SIR 集合模型中的信息进行更新,获得经当前观测校正后的向真实流行情况修正的集合模型信息。再通过登革热动力学方程的迭代运算,获得更加准确的登革热流行预测。

3. SIR-EAKF 融合驱动算法

在获得 EAKF 更新观测的状态变量以后,对于

观测不到的状态变量的更新,我们首先假定各状态参数变量间的关系是线性的。因此,基于集合间各变量与观测变量的协方差,观测不到的状态变量和模型参数可以通过 EAKF 中观测状态变量的校正集合协方差的乘积进行校正。由此, SIR-EAKF 框架则可以当前时点运转到下一时点并持续运转下去,重复进行数据同化和更新优化集合的状态变量和参数。

在 SIR-EAKF 框架中,将登革热的动力学模型 $SIR\{x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_p\}$ 引入 EAKF 的状态空间理论 (x_i 为该动力学模型第 i 个初始系统状态或控制参数),设定方差膨胀因子为 $\lambda(p)$,集合数量为 m 。初始化各集合的动力学模型的初始参数,则 $x_{1,j} \in (a_1, b_1), x_1 \sim N_1; \dots x_{i,j} \in (a_i, b_i), x_i \sim N_i; \dots x_{p,j} \in (a_p, b_p), x_p \sim N_p$ (其中 $x_{i,j}$ 为第 j 个集合元素第 i 个初始参数, a_i 为 x_i 初始参数的下限, b_i 为 x_i 初始参数的上限, N_i 为 x_i 的分布函数),因此第 j 个集合元素登革热的 SIR 模型中的系统状态表示为 $S_M^j, S_H^j, I_M^j, I_H^j, N_M^j, N_H^j, NewI_H^j$ 和 $NewI_M^j$ 。其中 $NewI_H^j$ 和 $NewI_M^j$ 分别为单位时间内新增感染病例数和新增感染蚊子数,其微分方程可以表达为:

$$\frac{dNewI_M}{dt} = \frac{\tau(t)\beta_0 S_M I_H}{N_H} + \alpha S_M + \mu_b(t) UI_M \quad (8)$$

$$\frac{dNewI_H}{dt} = \frac{\tau(t)\beta_0 S_H I_M}{N_H} \quad (9)$$

此外,第 j 个集合元素的系统参数表示为 $\tau^j(t), \beta_0^j, D^j, U, \alpha, \mu_b^j(t)$ 和 μ_d , 其中 U, α 和 μ_d 为常数, $\tau^j(t)$ 和 $\mu_b^j(t)$ 为时间序列指示动力学模型的季节性变化。为了降低模型计算量, $\tau^j(t), U, \alpha, \mu_b^j(t)$ 和 μ_d 不参与 EAKF 的更新过程。假设①物理系统的状态转换可以描述为一个离散时间的随机过程;②系统状态和参数受输入控制;③系统状态及观测过程均受噪声影响;④对系统状态是非直接可观测的。

在此假设的基础上,根据 $t-1$ 时刻的 m 个集合的系统状态和控制参数 $\{x_{1,j,t-1}, x_{2,j,t-1}, \dots, x_{p,m,t-1}\}_{p \times m}$ 来计算 t 时刻的系统状态预测值 $\{x_{1,j,t}, x_{2,j,t}, \dots, x_{p,m,t}\}_{p \times m}$, 记为先验集合 $PA\{X_t\}$ 。接着计算先验集合下的各个参数分布的均值 $\mu_{i,t}$ 为 $\sum_{j=1}^m x_{i,j,t}/m$, 并对先验集合系统状态进行方差膨胀:

$$PA\{\hat{X}_t\} = \lambda\{p\} \times (PA\{X_t\} - \mu_t^T(1)_{1 \times m}) + \mu_t^T(1)_{1 \times m} \quad (10)$$

设 H 为观测算子,则观测的系统状态均值 $\mu_{o,t}$ 为 $H \times \mu_t$, 其中 o 为观测状态的状态参数顺序,进一步计算方差膨胀后的先验集合方差 $\sigma_{o,t}^2$ 为 $\sum_{j=1}^m (\hat{X}_{o,j,t} - \mu_{o,t})^2$ 。

由于在实际登革热监控过程中只能观测到新增感

染病例数,因此本研究的 SIR-EAKF 框架使用登革热新增感染病例数作为观测流 $obs\{n\}$, 由经验法则给出观测误差流 $obs_var\{n\}$ 。在 t 时刻,新增感染病例数的观测值为 $obs[t]$, 观测误差为 $obs_var[t]$ 。根据先验集合方差 $\sigma_{o,t}^2$ 与观测误差 $obs_var[t]$ 计算后验方差:

$$\tilde{\sigma}_{o,t}^2 = \sigma_{o,t}^2 \times obs_var[t] / (\sigma_{o,t}^2 + obs_var[t]) \quad (11)$$

同时,计算后验均值 $\tilde{\mu}_{o,t}$ 为 $\tilde{\sigma}_{o,t}^2 (\mu_{o,t} / \sigma_{o,t}^2 + obs[t] / obs_var[t])$ 。设 $A\{n\}$ 为集合的线性校正项:

$$A[t] = \sqrt{obs_var[t] / (obs_var[t] + \sigma_{o,t}^2)} \quad (12)$$

则观测状态校正的卡尔曼增益为:

$$\Delta y_t = (1)_{m \times 1} \tilde{\mu}_{o,t} + A[t] ((H \cdot PA\{\hat{X}_t\})^T - (1)_{m \times 1} \mu_{o,t}) - (H \cdot PA\{\hat{X}_t\})^T \quad (13)$$

在未观测的状态和参数符合线性假设的前提下,由集合计算得到的观测状态为观测状态和参数的协方差和观测状态校正的卡尔曼增益,更新 t 时刻集合中其他状态参数的增益

$$\Delta x_{i,t} = cov(PA\{\hat{X}_{i,t}\}, PA\{\hat{X}_{o,t}\}) \Delta y_t / \sigma_{o,t}^2 \quad (14)$$

更新后的集合,即后验集合为:

$$PB\{X\}_t = PA\{\hat{X}_t\} + \Delta x_{i,t} \quad (15)$$

最后输出系统过程预测的先验集合 $PA\{X\}$ 和后验集合 $PB\{X\}$ 。

由 $t-1$ 时刻的动力学模型后验集合 $PB\{X_{t-1}\}$ 预测出的 t 时刻的先验集合 $PA\{X_t\}$, 计算得到平均新增感染病例数为 $\mu_{o,t}$, 新增感染病例数方差为 $\sigma_{o,t}^2$ 。通过 EAKF 来计算后验方差 $\tilde{\sigma}_{o,t}^2$ 和后验均值 $\tilde{\mu}_{o,t}$ 以及线性校正项 $A[t]$, 则集合 $NewI_H(t)$ 的增益为 Δy_t , 其他系统状态和参数的增益在线性最优的假设下计算为 $\Delta x_{i,t}$ 。最终实现 t 时刻整个系统状态参数的同化更新 $PB\{X_t\}$ 。由集合登革热传播动力学模型向前预测剩余时间段的系统状态,再由 EAKF 结合下一时刻的观测值与先验均值进行同化,并更新其他需要更新的系统状态参数,实现 SIR-EAKF 融合算法,见图 1。随着时间的推移,观测的登革热数据的信息不断被用于状态参数的校正和模型优化中,从而使得模型更贴近真实暴发的模拟预测,实现了数据实时的同化和更新。

4. 季节性 ARIMA

本研究同时构建了传染病预测建模领域常用的季节性自回归积分移动平均 (seasonal autoregressive integrated moving average, SARIMA) 模型,并比较 SIR-EAKF 模型与 SARIMA 模型的推断和预测效果。为了使得新发登革热病例序列在一个登革热流行季度上的位置均衡,我们把一个登革热流行季度记为每年的第 20 周起至明年的第 19 周结束,有助于减少后续滤波方法进行同化的时候受到零膨胀特征数据的影响,避免滤波发散。

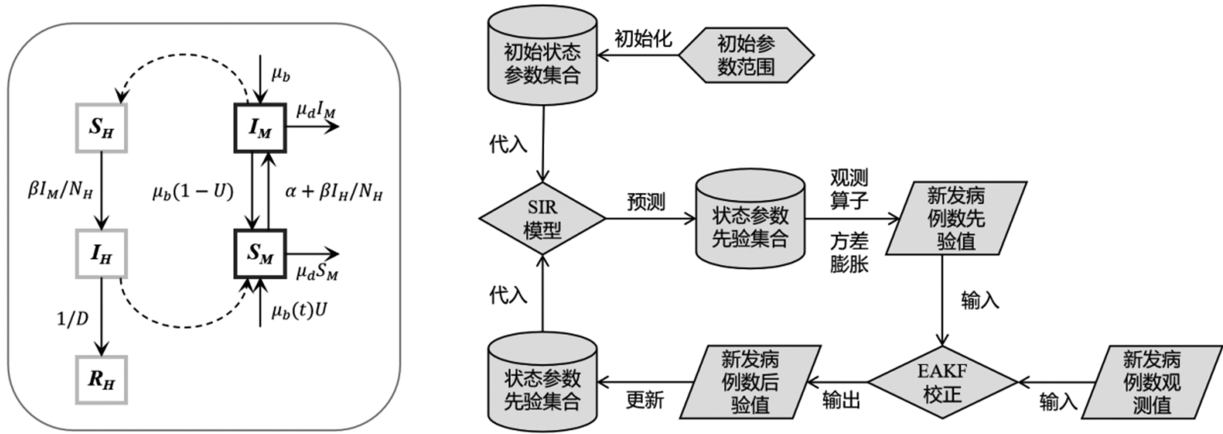


图1 登革热病毒在人类和蚊子中动态传播和演化的过程(SIR模型,左)以及 SIR-EAKF 算法的流程示意图(右)

所有统计分析均在 R 软件 4.2.3 (<https://www.r-project.org>) 中完成。

实例分析

1. 研究区域及数据来源

本研究以 2005—2015 年广州市的登革热病例监测数据和蚊媒密度监测指标 MOI^[22] 为基础构建贝叶斯推理和动力学机理模型的融合框架 SIR-EAKF 模型,并使用该方法对登革热的传播进行推断和预测。此外,我们从全国综合气象信息共享平台 (<https://www.cma.gov.cn>) 获取了地面监测站点 2005—2015 年的每日平均温度。

2. 状态变量和模型参数初始化

本研究构建 300 个登革热 SIR 集合模型融合 EAKF 滤波算法,通过 300 个成员的集合模型进行预测,并使用 EAKF 同化数据,迭代优化集合模型。基于前期工作中的仿真实验和敏感性分析结果,本研究中每个集合元素的状态变量和模型参数通过以下各自给定的分布采用蒙特卡洛算法进行初始化: $S_M(0) = N_M(0) - I_M(0)$, $I_M(0) = U(0, N_M/1000)$, $S_H(0) = N_H \times U(0.7, 0.9) - I_H(0)$, $I_H(0) = U(0, 1)$, $D = U(5, 7)$, $\beta_0 = U(0.045, 0.055)$, $N = N_H = N_M(0) = N_p/U(0.6, 0.8)$ 。此外,其他参数设置如报道率为 0.35^[23-24],登革热病毒在蚊子中的自然播种率 $\alpha = 1/500000$,登革热在蚊子种群中的垂直传播率 $U = 0.25$,死亡率为 $\mu_d = 1/15$ 。此外,本研究考虑到广州市历年登革热疫情情况,给予了一个差异较大的人口规模上下限,下限为 300 人,上限为 1500000 人。

3. 模型回顾性预测

本研究以峰值时间(观测峰值时间的 ± 1 周内)、峰值强度(观测峰值强度的 $\pm 25\%$ 内)和总感染病例数(观测总感染病例数的 $\pm 25\%$ 内)这 3 个预测目标,衡量预测模型预测的准确性,其中 3 个目标的实际观测

值如表 1 所示。所构建的登革 SIR-EAKF 模型对广州市 2005—2015 年内的 10 个登革热流行季度进行回顾性预测,3 个预测目标的量化结果显示:对于峰值时间的预测在峰值后 4 周准确预测,预测准确率达 77.8%;峰值强度可在峰值后 2 周准确预测,预测准确率达 55.6%;总感染病例数的预测准确率在峰值后 5 周达 77.8%。此外,图 2 展示了 2013—2014 年度和 2014—2015 年度 SIR-EAKF 模型和 SARIMA 模型分别预测 3 个评估指标的结果。总体而言, SIR-EAKF 模型的预测效果比 SARIMA 预测模型要好,尤其是对于峰值时间的预测,前者基本上能全程预测准确而后者在峰值后的预测波动幅度大,在峰值后不能准确预测。此外,对于峰值强度和总感染例数, SIR-EAKF 模型基本上比 SARIMA 更早并更准确的预测。

表 1 登革热流行季度三个预测目标的实际观测值

登革热流行季度	峰值时间(周次)	峰值病例数(例)	总感染病例数(例)
2005 年至 2006 年	-	-	0
2006 年至 2007 年	16	154	768
2007 年至 2008 年	19	5	22
2008 年至 2009 年	26	3	4
2009 年至 2010 年	13	3	4
2010 年至 2011 年	22	12	64
2011 年至 2012 年	23	9	35
2012 年至 2013 年	21	22	151
2013 年至 2014 年	23	205	1279
2014 年至 2015 年	21	7986	37447

图 3 给出了融合算法模型对 2013 年至 2014 年登革热大暴发的预测。第 19 周至 22 周逐周预测结果可见预测模型在峰值前(第 21 周)即可捕捉到暴发轨迹,并且随着所同化的观测数据的增加,集合模拟区间逐渐缩小并靠近真实未来暴发轨迹。在完整的预测过程中, SIR-EAKF 模型能提前 8 周以上准确预测到大暴发的发生风险以及登革热在人群中传播和演化的趋势。

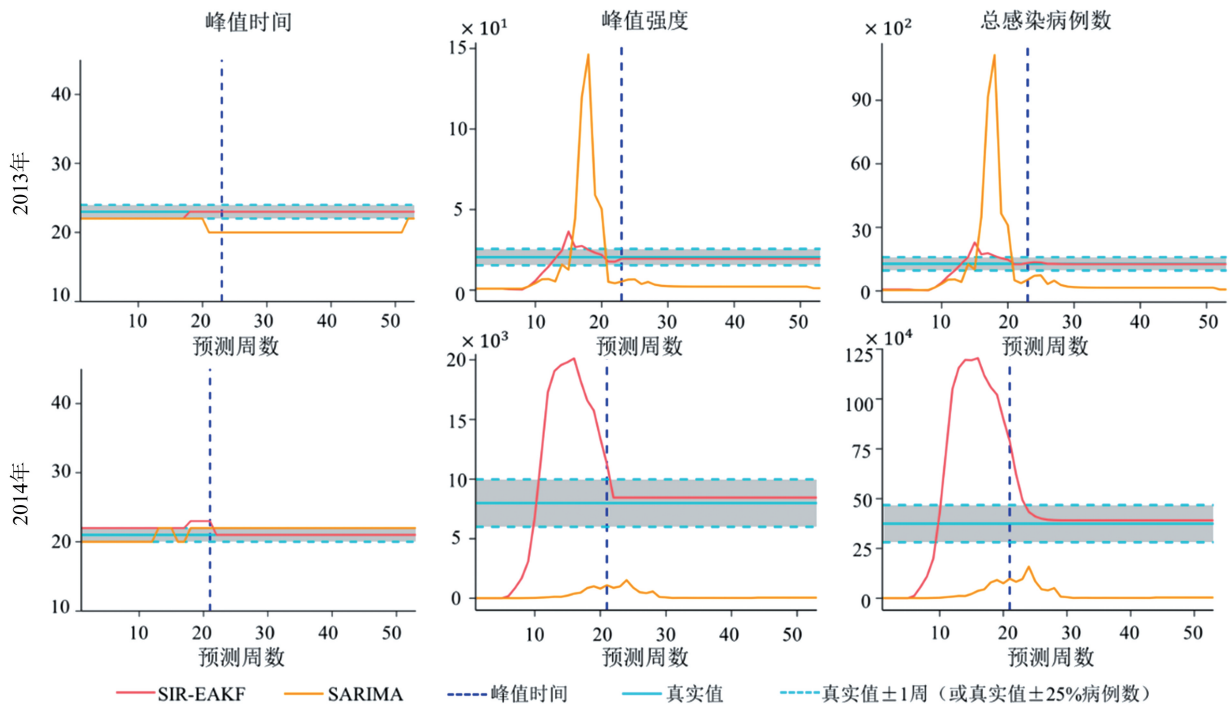


图 2 SIR-EAKF 模型与 SARIMA 预测模型的比较

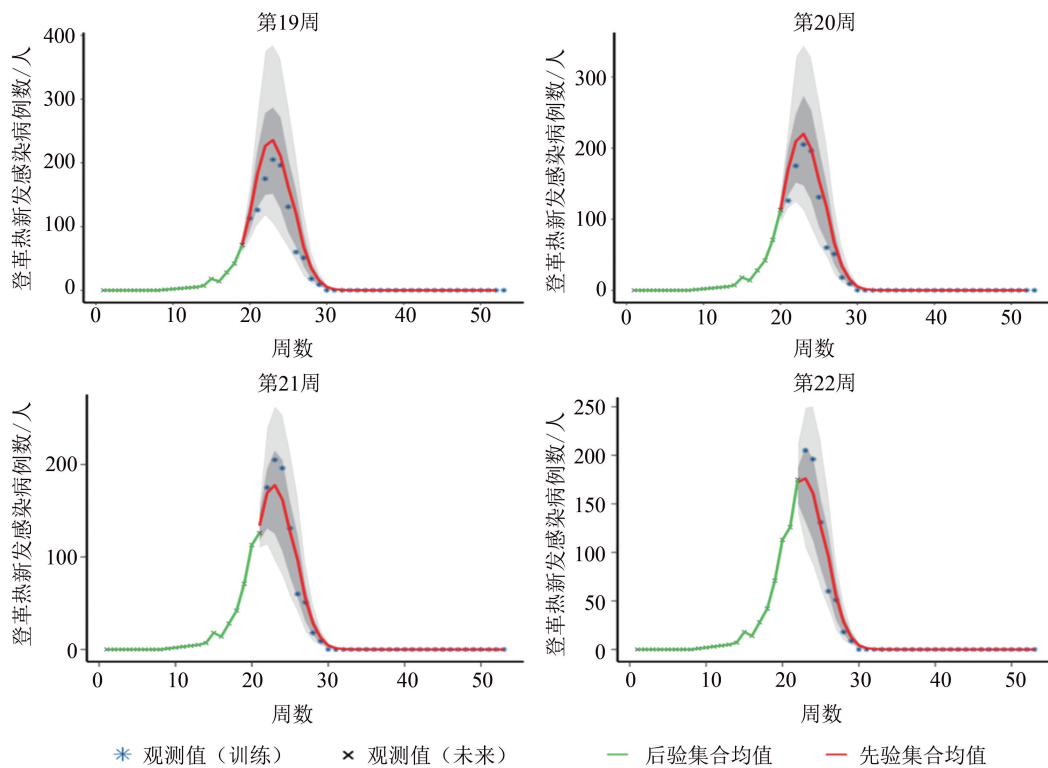


图 3 300 个集合推断的登革热 SIR-EAKF 模型对广州市 2013—2014 年登革热流行季度的预测结果

讨论

登革热大暴发的准确预测对于公共卫生防疫具有重要的参考价值。本文所构建的 SIR-EAKF 模型可以根据登革热新发病例数对状态变量和模型参数进行迭代优化,实时的返回每周的登革热新发病例数的集合预测值,实际操作中还可监测未观测状态变量的预

测及其模型参数的调整。该预测系统返回的信息,可以为政府卫生部门提供有价值的参考。例如,当估计到未来有快速上升的登革热新发感染病例数或者感染蚊子数时,它传递出一个警惕的信号,建议卫生部门采取或加强的灭蚊措施,控制蚊子密度,从传播媒介入手抑制病毒进一步扩散。

本研究的技术方案采用登革热动力学机理模型和

贝叶斯推理进行融合设计,构建 SIR-EAKF 融合算法作为登革热预测框架,能够实现整个预测模型中参数和状态变量的实时更新,校正了模型动态迭代计算过程中产生的误差,提升对登革热流行和传播风险预测的准确性。这为登革热疫情大暴发的早期预测提供一种可靠有效的方法,同时也为 SIR-EAKF 融合算法应用于其他传染病暴发的预测提供一个有益的思路。

此外本文研究也存在一些不足之处。首先,为了更加全面综合的模拟登革热的实际传播,登革热 SIR 模型中同时考虑了人蚊传播途径和蚊子的垂直传播。然而一些可能影响登革热传动动态的因素尚未充分考虑齐全,譬如:不同血清型的登革热病毒和输入病例等。其次,登革热是存在空间扩散的,仅探讨一个城市内部的疫情发展不足以帮助各城市之间的联防联控措施。在更深入的研究中,我们将模拟登革热病例在城市间的流动,提高各城市的预测准确性。

综上所述,利用融合 SIR-EAKF 算法的登革热实时预报模型,可以很好地捕捉广州市不同规模的登革热暴发轨迹。使用者在熟悉模型的预测能力和局限性后,可以为官方预防登革热疫情带来许多有价值的参考:一方面,峰值时间的准确预测有助于提前做好防控措施的规划;另一方面,防控的力度可以根据高峰强度来衡量。此外,该模型可以像天气预报一样的每周报道未来可能发生的疫情轨迹,让公众及时了解该地区登革热的潜在风险,从而更好的支持全社会共同防疫。

参 考 文 献

- [1] Hotez P, Ottesen E, Fenwick A, et al. The neglected tropical diseases; the ancient afflictions of stigma and poverty and the prospects for their control and elimination[J]. *Adv Exp Med Biol*, 2006,582: 23-33.
- [2] Ayhan N, Charrel RN. Of phlebotomines (sandflies) and viruses; a comprehensive perspective on a complex situation[J]. *Curr Opin Insect Sci*, 2017,22:117-124.
- [3] Tirados I, Esterhuizen J, Kovacic V, et al. Tsetse Control and Gambian Sleeping Sickness; Implications for Control Strategy[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2015,9(8):e0003822.
- [4] 魏仁惠子,沈双全,欧春泉. SARIMA 模型与 SARIMA-GRNN 组合模型在预测广东省登革热疫情中的应用[J]. *中国卫生统计*, 2016,33(5):746-748,751.
- [5] Pinsent A, Liu F, Deiner M, et al. Probabilistic forecasts of trachoma transmission at the district level: A statistical model comparison [J]. *Epidemics*, 2017,18:48-55.
- [6] Rypdal M, Sugihara G. Inter-outbreak stability reflects the size of the susceptible pool and forecasts magnitudes of seasonal epidemics[J]. *Nat Commun*, 2019,10(1):2374.
- [7] Lighthill, MJ. The recently recognized failure of predictability in Newtonian dynamics[J]. *Proceedings of the Royal Society of London. A*, 1986,407:35-50.
- [8] Ionides EL, Bretó C, King AA. Inference for nonlinear dynamical systems[J]. *Proc Natl Acad Sci U S A*, 2006,103(49):18438-18443.
- [9] He D, Ionides EL, King AA. Plug-and-play inference for disease dynamics: measles in large and small populations as a case study[J]. *J R Soc Interface*, 2010,7(43):271-283.
- [10] Derouich M, Boutayeb A, Twizell EH. A model of dengue fever [J]. *Biomed Eng Online*, 2003,2:4.
- [11] Kizer KW. Dengue and Dengue Hemorrhagic Fever. 2nd edition[J]. *Wilderness & Environmental Medicine*, 2016,27(4):538.
- [12] Bosio CF, Thomas RE, Grimstad PR, et al. Variation in the efficiency of vertical transmission of dengue-1 virus by strains of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae)[J]. *J Med Entomol*, 1992,29(6): 985-989.
- [13] 毋玉芝. 四阶龙格-库塔算法的 C 语言实现[J]. *焦作大学学报*, 2001,15(1):55-56,69.
- [14] Yang D, He Y, Ni W, et al. Semi-field life-table studies of *Aedes albopictus* (Diptera: Culicidae) in Guangzhou, China[J]. *PLoS One*, 2020,15(3):e0229829.
- [15] Liu Z, Zhang Z, Lai Z, et al. Temperature Increase Enhances *Aedes albopictus* Competence to Transmit Dengue Virus[J]. *Front Microbiol*, 2017,8:2337.
- [16] Bjørnstad ON, Shea K, Krzywinski M, et al. The SEIRS model for infectious disease dynamics[J]. *Nat Methods*, 2021,18(3):321.
- [17] Kong JD, Davis W, Wang H. Dynamics of a cholera transmission model with immunological threshold and natural phage control in reservoir[J]. *Bull Math Biol*, 2014,76(8):2025-2051.
- [18] Lathrop DP. Nonlinear Dynamics and Chaos: With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering[J]. *Physics Today*, 2015,68:54-55.
- [19] Lorenz EN. Deterministic nonperiodic flow[J]. *Journal of the Atmospheric Sciences*, 1963,20:130-141.
- [20] Murphy C, Laurence E, Allard A. Deep learning of contagion dynamics on complex networks[J]. *Nat Commun*, 2021,12(1):4720.
- [21] Anderson JL. An Ensemble Adjustment Kalman Filter for Data Assimilation[J]. *Monthly Weather Review*, 2001,129: 2884-2903.
- [22] Oidtman RJ, Lai S, Huang Z, et al. Inter-annual variation in seasonal dengue epidemics driven by multiple interacting factors in Guangzhou, China[J]. *Nat Commun*, 2019,10(1):1148.
- [23] Carabali M, Lim JK, Palencia DC, et al. Burden of dengue among febrile patients at the time of chikungunya introduction in Piedecuesta, Colombia[J]. *Tropical Medicine & International Health*, 2018, 23:1231-1241.
- [24] Shankar MB, Rodríguez-Acosta RL, Sharp TM, et al. Estimating dengue under-reporting in Puerto Rico using a multiplier model[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2018,12(8):e0006650.

(责任编辑:林美艺)