

## 我国登革热的流行特征及监测预警研究进展

杨蕊<sup>1,2</sup> 龙佳敏<sup>1,2</sup> 王霞<sup>3</sup> 王长军<sup>1</sup> 陈勇<sup>1</sup>

<sup>1</sup>解放军疾病预防控制中心, 北京 100071; <sup>2</sup>中国医科大学公共卫生学院, 沈阳 110122;

<sup>3</sup>陕西师范大学, 西安 710119

通信作者: 陈勇, Email: chen Yong@126.com

**【摘要】** 登革热是由登革病毒引起的、在全球范围广泛传播的急性蚊媒传染病, 其传播和流行受病原体、病媒生物、气候和社会环境等多种因素影响。目前, 由输入病例引起的本土登革热疫情在我国呈现流行纬度越来越高、流行区域越来越广的趋势。然而, 传统的登革热疫情监测预警模型, 大多集中于单一因素、单一地区的研究, 因此, 迫切需要建立多因素监测预警系统, 以提高早期预警能力。本文主要对我国登革热的流行特征、流行的影响因素及监测预警模型相关研究进展进行综述, 以期为我国登革热疫情的科学防控提供参考。

**【关键词】** 登革热; 流行特征; 监测预警

**基金项目:** 国家自然科学基金(12171295); 北京市科技新星(Z181100006218107)

### Progress in epidemiological characteristics and surveillance and early warning of dengue fever in China

Yang Rui<sup>1,2</sup>, Long Jiamin<sup>1,2</sup>, Wang Xia<sup>3</sup>, Wang Changjun<sup>1</sup>, Chen Yong<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Chinese People's Liberation Army Center for Disease Control and Prevention, Beijing 100071, China;

<sup>2</sup>School of Public Health, China Medical University, Shenyang 110122, China; <sup>3</sup>Shaanxi Normal University, Xi'an 710119, China

Corresponding author: Chen Yong, Email: chen Yong@126.com

**【Abstract】** Dengue fever is an acute mosquito-borne infectious disease caused by dengue virus and widely spread worldwide. Many factors, such as pathogens, vector organisms, climate, and social environment, affect its transmission and prevalence. The local dengue fever epidemic caused by imported cases in China shows a trend of increasing epidemic latitude and more widespread epidemic areas. However, the traditional monitoring and early warning models of dengue fever mainly focus on researching a single factor and a single area. Establishing a multi-factor forecast and early warning system is urgent to strengthen the early warning capability for the dengue fever epidemic. This paper mainly discusses the epidemic characteristics, the influencing factors, and the surveillance and early warning models of dengue fever in China to provide a reference for the effective prevention and control of dengue fever in China.

**【Key words】** Dengue fever; Epidemiological characteristics; Surveillance and early warning

**Fund programs:** National Natural Science Foundation of China (12171295); Beijing Nova Program (Z181100006218107)

登革热是由登革病毒引起的急性蚊媒传染病, 是世界上分布较广、患者较多的人类虫媒病毒感疾病<sup>[1]</sup>, 主要

发生在全球热带、亚热带, 以及暖温带的城市化、半城市化地区<sup>[2]</sup>, 是我国法定的乙类传染病。

DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20230811-00062

收稿日期 2023-08-11 本文编辑 斗智

引用格式: 杨蕊, 龙佳敏, 王霞, 等. 我国登革热的流行特征及监测预警研究进展[J]. 中华流行病学杂志, 2024, 45(2): 305-312. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20230811-00062.

Yang R, Long JM, Wang X, et al. Progress in epidemiological characteristics and surveillance and early warning of dengue fever in China[J]. Chin J Epidemiol, 2024, 45(2):305-312. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20230811-00062.



登革热主要以埃及伊蚊和白纹伊蚊作为传播媒介,主要有 4 种血清型(DENV- I~IV)<sup>[3]</sup>,2015 年有研究发现了第 5 种血清型<sup>[4]</sup>。登革热的主要传染源为登革热患者及隐性感染者,主要传播途径是蚊虫叮咬。患者被伊蚊叮咬时,病毒即进入伊蚊体内,复制 8~14 d 后可获得传染能力,伊蚊再次叮咬未感染该型登革病毒的人时,即完成又一轮感染。其他传播途径包括母婴传播、输血传播、器官移植传播、职业暴露等<sup>[5]</sup>。人群普遍易感,感染后对同型登革病毒有抵抗力,但对不同血清型的登革病毒无抵抗力。

近 50 年来,随着气候变暖,全球经济、贸易和旅游业的发展,人口流动性增大,全球登革热发病率大幅上升,全球登革热病例增加了约 30 倍<sup>[6]</sup>。据统计,全球约有 3.9 亿人面临感染该病的风险,其中每年平均有 9 600 万人感染(其中隐性感染超过 80%),波及 120 多个国家<sup>[7]</sup>。根据 WHO 的资料,目前有超过 25 亿人生活在登革热流行的地区<sup>[8]</sup>。由于特效药物和有效疫苗的缺乏,登革热对人类健康造成严重威胁,2019 年 WHO 将登革热视为重大公共卫生问题<sup>[9]</sup>。

依据我国登革热历史文献数据和我国传染病网络直报系统,本文针对中国 CDC 和 31 个省(自治区、直辖市)卫生健康委员会公布的登革热病例报告数据信息进行描述性分析<sup>[10-11]</sup>,并针对我国登革热的流行特征、影响因素及监测预警模型的相关研究进展进行综述。

### 一、我国登革热的流行特征

1. 时间分布:20 世纪 20~40 年代,我国南方地区发生登革热流行,此后数十年,未发现登革热流行的迹象。1978 年以来,我国由输入病例引起的登革热暴发流行时有发生<sup>[12]</sup>,其中 1978、1980~1981、1985~1987 年,广东省和海南省等地区先后出现超过 10 000 例的暴发疫情<sup>[13]</sup>。自 1991 年后,我国登革热疫情流行态势放缓,病例主要发生在广东省,呈每隔 4~7 年暴发流行 1 次的规律<sup>[14]</sup>。1999 年福建省报告 1 起病例数为 1 549 例的重大疫情<sup>[15]</sup>。2002、2006 和 2013 年也陆续有超过 1 000 例的暴发疫情,但总体趋势较为平稳。2014 年,广东省发生大规模流行,报告了 45 189 例登革热病例,占当年全国病例总数的 96.43%。2015~2016 年登革热病例数较 2014 年大幅减少,但全国登革热疫情总体仍呈上升趋势。2017 年全国报告登革热病例 5 893 例,发病率为 0.43/10 万。2019 年全国登革热疫情更加严峻,28 个省(自治区、直辖市)报告登革热病例共 22 188 例,发病率为 1.59/10 万,报告病例数仅次于 2014 年的登革热疫情暴发,显著高于 2018 年的 5 136 例。2020 年受新型冠状病毒感染疫情影响,入境航班限制与出入境人员管理使输入性病例减少,国内防控政策使人群流动大幅降低,全年登革热病例数减少至 778 例,比 2019 年下降 96.49%<sup>[16]</sup>。2021 年,受疫情防控等政策持续影响,登革热报告病例数仅为 41 例。根据广东省、云南省、福建省、浙江省、广西壮族自治区等历年频发登革热疫情的省(自治区、直辖市)卫生健康委员会公布的数据来看,截至 2023 年 8 月,2022~2023 年登革热疫情总体趋势较为平稳,无大规模疫情暴发。其中,2023 年广东

省、浙江省等地区的登革热月报告病例数高于 2022 年本省同月登革热报告病例数,这可能与 2022 年 12 月我国调整防控措施,取消入境隔离和航班限制,全球旅游和贸易往来增加等原因有关。

登革热的发生受温度、湿度等气候因素影响,因此全球登革热疫情均具有一定的时间聚集性<sup>[17]</sup>。我国登革热全年均有输入性病例报告,但本地病例发生具有明显的季节性,往往集中在高温多雨的夏秋季,一般 1~5 月为散发病例发生期,6~12 月为流行期,6~7 月为流行的早期阶段,8~10 月为流行高峰期,高峰往往出现在 9 月或 10 月,11~12 月流行强度下降。不同省份或地区登革热流行季节略有不同,例如海南省发病高峰常在 4~6 月,广东省发病高峰多在 8~10 月,而福建省、浙江省、江苏省和云南省等地区登革热疫情则大多发生在 7~10 月<sup>[12]</sup>。

2. 地区分布:我国系非登革热地方性流行国家,疫情主要是由境外输入引起的本地暴发。20 世纪初该病就已传入我国,曾造成上海市、杭州市、广州市和武汉市等地区的广泛流行。1978~2003 年,广东省、广西壮族自治区、海南省、云南省、福建省和河南省等地区均报告过因输入引起的登革热疫情,主要集中在以广东省<sup>[18]</sup>、海南省<sup>[13]</sup>、福建省<sup>[15]</sup>为代表的长江以南地区。自 2004 年 1 月 1 日全面启用传染病病例网络直报系统以来,2004~2019 年全国共报告登革热病例 93 947 例,除西藏自治区外,各省份均有登革热病例报告,登革热病例跨地域扩散趋势明显。其中,广东省报告病例数最多(63 557 例,67.65%),云南省(13 917 例,14.81%)、福建省(3 519 例,3.75%)、浙江省(2 895 例,3.08%)和广西壮族自治区(2 703 例,2.88%)5 个省份共报告病例 86 591 例,占全国报告病例数的 92.17%。2020~2022 年由于新型冠状病毒感染疫情防控的影响,出入境人员大幅减少,登革热输入得到有效遏制,输入传播风险强度也随之降低,其中,广东省 2020~2022 年 8 月的登革热输入传播风险强度为 0.00~0.10,远低于 2016~2019 年入境管理措施实施前的输入传播风险强度(3.32~9.01)<sup>[19]</sup>。因此,我国登革热本地病例锐减,除云南省、广东省、广西壮族自治区等东南和西南地区外,多省份无登革热病例报告,这也间接证明了我国登革热没有本地化<sup>[20]</sup>。

有研究表明,2020~2022 年,我国 83.41% 的输入性病例来自东南亚国家,主要来源于柬埔寨、菲律宾、缅甸、新加坡、越南和马来西亚<sup>[20]</sup>。我国云南省紧邻老挝、缅甸和越南等登革热广泛流行的东南亚国家,是主要的登革热流行地区之一。我国广东省、福建省、浙江省等地区也多次报告了来自东南亚国家的输入性病例,且部分省份暴发了由输入性病例引起的本土聚集性疫情<sup>[21-25]</sup>。杜敏等<sup>[26]</sup>研究发现,2019 年超过 60% 的“一带一路”共建国家有登革热流行。随着“一带一路”倡议的深入推进,我国与“一带一路”共建国家在旅游、经济和外贸等方面交往日益频繁,也在一定程度上加重登革热的流行和传播<sup>[27]</sup>。

总体来看,2013 年以前,我国登革热疫情主要发生在东

南、西南地区,主要在广东省、海南省、广西壮族自治区和云南省等地区流行。但随着全球气候变暖和世界贸易的加快,登革热的传播逐渐向温带、寒带及海拔较高的地区蔓延,我国登革热也呈现出从低纬度的东南沿海向高纬度的中部地区扩散的趋势<sup>[7,28]</sup>。自 2013 年开始,我国登革热的流行范围持续扩大,逐渐向内陆地区,如华北及西北地区扩散,后来蔓延至包括河南省、山东省、福建省和浙江省等地区<sup>[29-30]</sup>。2019 年,除西藏自治区外,其余各省份均有登革热病例报告。其中,登革热散发的河南省和山东省等地区多报告为输入性病例引起的本地续发病例,患者常有国外或我国登革热疫区旅居史。从时间维度来看,由输入病例引起的本土登革热疫情在我国总体呈现传播纬度越来越高、传播区域越来越广的趋势。

3. 人群分布:登革热具有传播迅猛、发病率高、人群普遍易感,重症类型死亡率高等特点<sup>[31]</sup>。任何年龄和性别的人群均易感,在流行区,由于初次感染,儿童和青壮年发病率高。目前世界各地对于登革热人群分布的研究普遍较少。我国的登革热本地病例人群分布研究显示,登革热在不同的职业中病例分布不相同,各年龄组均有发病,但发病人群主要为 20~50 岁,无明显的性别差异,病例来源一般以家务及待业人员为主,农民、工人、商务服务者、学生次之<sup>[12,32]</sup>。

我国登革热输入病例的人群分布特征与本土病例有所差异,除发病年龄主要集中在 20~50 岁外,不同地区的输入性病例研究均显示男性病例多于女性的特点,职业分布则以商业服务者为主,农民、学生和民工次之,可能与病例来源地人群中的男性进行跨境生意,或从事务工者较多等有关,这也是我国登革热输入的主要原因之一<sup>[33-37]</sup>。

## 二、登革热流行的影响因素

现有研究表明,登革热的流行受很多因素影响。登革热的传播流行不仅受病原学因素(包括登革病毒的血清分型、进化变异、病毒滴度等),病媒生物因素(包括伊蚊的分布、种群密度、蚊虫体内共生菌和遗传因素等)的影响,还受气候因素和社会环境等因素的影响<sup>[38]</sup>。

1. 病原学因素:根据目前研究来看,登革热至少有 4 种病毒血清型,且不同血清型病毒的氨基酸序列存在较大差异,一致性约为 60%~70%。而相同的血清型病毒的氨基酸也有约 3% 的差异,核苷酸水平有 6% 的差异,这种差异导致产生不同的基因型和进化分支。血清型与进化分支之间的遗传变异决定不同病毒的适应性、毒力及流行潜能<sup>[39]</sup>。在我国,4 种血清型登革病毒均有出现<sup>[12]</sup>。早期,我国登革热流行主要表现为 4 种血清型病毒交替感染,偶尔出现混合感染情况<sup>[18]</sup>。其中,1980~1982 年,我国主要流行的登革热病毒血清型是 DENV-III 型。1985 年后,主要流行血清型转变为 DENV-II 型。1995 年后,我国开始逐渐形成以 DENV-I 型为主要流行血清型,DENV-II 型、DENV-III 型和 DENV-IV 型间或混合流行的趋势。例如,在 2014 年我国广东省发生的大规模登革热暴发疫情中,主要流行的血清型为 DENV-I 型,但同时也有 DENV-II 型、DENV-III 型和

DENV-IV 型混合流行<sup>[13]</sup>。2019 年登革热疫情中,DENV-I 型同样是优势血清型,其次是 DENV-II 型和 DENV-III 型,而 DENV-IV 型则较少检出甚至没有检出<sup>[40]</sup>。目前,我国主要流行的血清型仍为 DENV-I 型,但近年来 DENV-II 型也逐渐开始流行,DENV-I 型和 DENV-II 型相较于其他血清型,蚊虫的病毒感染率更高,且体内病毒拷贝数更多(即蚊虫对该型病毒具有更强的媒介能力)<sup>[31]</sup>。王雪菲等<sup>[25]</sup>曾采用实时荧光 RT-PCR 对 2019 年我国昆明市输入性登革热病例血清样本进行登革病毒血清型分型,共检出 29 例 DENV-I 型和 5 例 DENV-II 型。我国揭阳市 2014~2019 年登革热病例报告资料也显示 DENV-I 型较其他 3 种更易传播<sup>[41]</sup>,与老挝、越南等东南亚地区的登革病毒流行情况相符<sup>[23-24]</sup>。Khampongpane 等<sup>[42]</sup>对老挝 2007~2011 年 252 份登革热病例监测样本分析发现,DENV-I~IV 型感染比例分别为 49.2%、18.7%、14.7% 和 17.5%。

当蚊虫叮咬登革病毒血症患者时,蚊虫所吸食病毒的滴度也是决定登革病毒传播的关键因素。Pongsiri 等<sup>[43]</sup>研究发现,当用较低滴度的登革病毒感染不同蚊虫种群时,各种群表现出显著差异的感染水平,甚至可能导致登革病毒不会在某些种群中传播。登革热患者早期血浆病毒滴度越高,其作为传染源的持续时间就越长,累计感染的蚊虫就越多。被感染蚊虫体内的病毒载量和传播登革病毒的持续时间也与蚊虫所吸食的血浆病毒滴度呈正相关<sup>[38]</sup>。

2. 病媒生物因素:研究显示,登革热传播媒介白纹伊蚊分布在我国辽宁省、河北省、山西省、陕西省、甘肃省、四川省和西藏自治区等 25 个省份;埃及伊蚊分布在广东省南部和海南省西部,近年来在云南省西部和南部存在扩散<sup>[20]</sup>。随着全球变暖等极端气候变化的加剧,我国登革热媒介伊蚊分布区将进一步扩大,这将不可避免地增加登革热的传播范围。

与此同时,伊蚊种群密度的增加,也会增大人群被蚊虫叮咬的概率,进而增加登革病毒通过蚊虫在人群间传播的风险<sup>[38]</sup>。汪峰等<sup>[44]</sup>对 2014~2020 年河南省禹州市登革热媒介伊蚊的检测结果显示,2015 年和 2017 年当地全年降水量高于平均年降水量,2019 年气温较其他年份偏高,与当地 2015、2017 和 2019 年的布雷图指数(BI)值最高的结果相似,这提示了气候因素与伊蚊种群密度增加的风险相关性。

媒介的遗传特征也影响着对病原体的易感性或媒介能力。不同蚊种对登革病毒的敏感性存在差异,同一蚊种的不同地理株对登革病毒的敏感性也存在差异。Paupy 等<sup>[45]</sup>发现白纹伊蚊种群来自留尼汪岛东海岸的比西海岸更容易感染 DENV-II 型。不同白纹伊蚊地理株在感染 DENV-II 型后,蚊虫体内免疫基因(RELI 和 STAT 基因)的表达水平存在显著差异,从而影响 DENV-II 型的增殖和扩散。Vazeille 等<sup>[46]</sup>则报道了白纹伊蚊在实验室内随着世代的增加,对 DENV-II 型的感染率也会增加的现象。

沃尔巴克菌作为一种经宿主母系细胞质遗传,通过垂直传播的共生细菌也会影响登革病毒传播。某些类型的沃

尔巴克菌被导入至非自然宿主的蚊虫体内,可以限制其传播重要的蚊媒病毒。这方面的研究,国内外均有相关报道<sup>[38,47]</sup>。

3. 气候因素:气候变化是全球登革热扩散的主要原因<sup>[48]</sup>。政府间气候变化专门委员会第5次评估报告指出,登革热和气候变量在全球和区域尺度上均存在密切相关<sup>[49]</sup>。相关研究表明,温度(平均温度、最高温度和最低温度)、降水量、相对湿度等气候因素可在较短时间内影响蚊媒的繁殖和发育,进而影响蚊媒的数量<sup>[50]</sup>,是登革热流行的重要驱动力。我国广东省、广西壮族自治区、海南省等华南地区是登革热的重灾区,现有研究发现,气候因素介导下蚊虫密度增加是该地区登革热暴发流行的主要原因之一,而且这种适宜登革热发病的条件在气象变量影响下有进一步放大的趋势<sup>[51]</sup>。华南地区属于热带亚热带气候区,受全球气候变暖的影响,1997年以来该地区的年平均气温较前30年升高了0.55℃,全年适合登革热传播的平均日数为210d,通过预测分析发现,未来华南地区年平均气温还继续呈上升趋势,2020年和2050年全年适合登革热传播的日数将分别上升至220d和225d<sup>[52]</sup>。气候变暖使华南地区全年适于登革热传播的日数增加,终年流行区北界向北移动<sup>[53]</sup>。

综合文献结果表明,气候因素与登革热传播有紧密联系,多数研究表明存在滞后效应,约为1~4个月<sup>[54,55]</sup>。同时温度、湿度对登革热的影响呈非线性关系,多为倒U形关系。这与李雯雯和祝光湖<sup>[56]</sup>的研究一致,其分别应用3种统计模型研究气象与登革热发病数之间的关系,结果证实广东省气象因素与登革热发病呈非线性关系,且存在滞后效应。但目前大多数文献只分析了温度、降水量及相对湿度对登革热发病的影响,而涉及日照时间、气压和风速等其他气象因素的研究文献则较少,且由于研究方法和地域差异,结果多不相同<sup>[51]</sup>。

4. 社会环境因素:人类不断适应气候变化的过程中,周围环境也不断发生变化,而这些变化对伊蚊分布和登革热流行存在影响。已报道的与登革热传播风险相关的社会环境因素主要包括人口密度、交通、城市土地利用、公共卫生状况等。一方面,城市化进程的推进,使得大量人口转移到城市,城市人口比例明显增加。随着人口密度的增加,一只受感染的伊蚊在短期内能叮咬更多人,将病毒传播给更多的易感者<sup>[52]</sup>。另一方面,交通工具的发展、全球贸易和世界旅游极大地促进了世界各国各地区间的交往,与此同时也从地理上扩大了伊蚊和登革病毒的传播范围。城市土地类型及其构成决定了登革热媒介伊蚊栖息地、孳生地的分布和数量,决定了伊蚊媒介的生态载量、媒介能量,也影响人群分布、流动,人群暴露及蚊媒接触概率。城市土地利用主要反映登革热媒介伊蚊的孳生地、栖息地以及人口等因素的空间分布差异,间接地反映了人与蚊媒的接触概率<sup>[50]</sup>。城市化不可避免地带来土地使用方式的变化,原有的耕地、山地、住宅等均可能发生用途改变,进而对伊蚊栖息繁殖孳

生地产生影响,从而影响登革热的传播<sup>[52]</sup>。城市化进程中部分居民区配套设施跟不上,导致住房卫生条件差、水源管理不当、垃圾处理和蚊虫控制不及时等,也易造成媒介伊蚊的孳生<sup>[29]</sup>,影响登革热的传播。

宗教、经济、文化等因素对登革热流行也有重要意义,但针对其间联合作用效应的研究较少<sup>[51]</sup>。聚焦于境外登革热病例输入成功后影响登革热本地流行的驱动因素研究较多,但对我国登革热的来源、聚集及其在景观格局上的内在关联系统性研究也较少<sup>[57]</sup>。

### 三、登革热的监测预警

目前,登革热发病机制尚不明确,迄今为止无特效药,临床治疗只能以支持治疗为主,疫苗是遏制病毒感染的最有效手段。但已有的临床转化医学和相关疫苗研究揭示其可能的机制包括抗体依赖增强作用和细胞因子风暴作用,这使得登革热疫苗研究充满了挑战<sup>[47]</sup>。由于缺乏特效药和可广泛接种的疫苗<sup>[8,47,58-61]</sup>,预防成为了防控登革热疫情的关键措施,登革热疫情监测预警系统的建立成为我国登革热疫情防控的重大需求,具有重要现实意义。实现登革热疫情精准防控不仅依赖登革热流行影响因素的准确描述,也需要结合影响驱动因素构建高精度的预测模型<sup>[50]</sup>。综合现有文献可知,登革热传播的影响因素是复杂的,包括病原学因素、蚊媒生物因素、气候因素、社会环境因素等,且诸因素对登革热疫情的影响不是独立的,而是具有非常复杂的非线性关系,因此诞生了多种不同的登革热预测模型。根据Zhao等<sup>[62]</sup>的研究,可以将已发展的登革热预测模型主要分为两个方法类别:时间序列和机器学习。

1. 基于传统时间序列的登革热监测预警模型:现有的登革热监测预警模型中,大多数使用了时间序列方法,如典型的自回归移动平均模型、自回归积分滑动平均(ARIMA)模型、季节时间序列模型、线性回归模型、广义相加模型等<sup>[50]</sup>,但多数情况下仅分析某一个或某几个方面的独立影响,多使用滞后的气象因素(如温度和降水)与登革热历史数据一起作为协变量,用于提前1~12周的预测,在登革热疫情暴发的预测预警上仍有欠缺。许多研究报道ARIMA模型等传统时间序列模型不足以满足复杂的预测要求<sup>[62]</sup>。例如,常规蚊媒检测系统采用的BI法只能反映登革热传播媒介的季节变化和登革热暴发疫情的时间逻辑关系,不能对登革热暴发疫情起到预警作用<sup>[63]</sup>。ARIMA模型是时间序列模型中重要且预测性能较好的模型,其对样本量和概率分布无严格要求,所需资料简单,但不能结合地区特点和实际情况进行建模分析,无法真实地反映地区流行情况<sup>[64]</sup>。

2. 基于机器学习算法的登革热监测预警模型:近20年来,机器学习算法已经被用于许多学科,如地理、环境、流行病学等,可以从高度异质性的数据中得出有意义的结果。不同于传统算法的给定算法处理逻辑,输入给定数值得到唯一输出的模式,机器学习可以从指定的函数范围内学习,使机器在经验学习中改善具体算法性能,达到从海量信息中分析出最优解的目的。基于传统机器学习算法的登革热

预测模型也有相当多的研究<sup>[65-66]</sup>,如随机森林、支持向量机、决策树模型、贝叶斯学习与人工神经网络等。

Hoyos 等<sup>[67]</sup>的研究结果显示,登革热模型的建立是不断发展的。随着人工智能算法和大数据的发展,区别于传统机器学习算法的深度学习方法开始被应用于登革热的风险预测,且表现出优异的性能。目前已经能够深入地挖掘登革热病例数据与影响驱动因素数据之间的线性、非线性关系,为登革热传播风险的预测提供了新技术<sup>[68-69]</sup>。深度学习是机器学习领域的一个新的研究方向。深度学习的概念源于神经网络的研究,目的是通过学习样本数据的内在规律和表示层次,使机器能够像人一样具有分析学习能力,能够识别文字、图像和声音等数据,是一个复杂的机器学习算法。目前,基于卷积运算的深度神经网络系统,即卷积神经网络已经表现出对登革热疫情良好的预测性能<sup>[66]</sup>。

全球定位技术(GPS)、地理信息系统(GIS)和遥感技术(RS),即 3S 技术已经成为输入性登革热预警预测的核心驱动器,实现了从移动人群、发生时间和空间分布上跟踪、监测输入性登革热的流行范围、流行强度和染疫群体分布的功能,展示出多源性、多时相、多尺度的大数据优势,超越了传统输入性登革热预警预测以数学模型计算的单一手工、静态、固定和定性判断评估为主的疫情评估方法,升级为以人群、时间和空间相结合的、定性定量计算相结合的多因素、多时相的综合性疫情评估体系。

基于开源的地理空间大数据,例如公开地图,在计算机视觉领域的多种卷积神经网络模型训练中引入迁移学习和主动学习能够有效地降低模型对样本的依赖性,为基于目标数据的土地利用类型识别提供信息基础。选用公共云计算平台,如谷歌地球引擎(GEE)和我国航天宏图地理信息平台,其承载的海量地理空间大数据集和多种时空分析算法,并加速算法迭代,即可实现全球范围内不同时空尺度下的数据快速分析<sup>[50]</sup>。目前,国际上已经有个别研究揭示了 GEE 公共云计算平台在登革热风险预测研究中的高效性和合理性。Li 等<sup>[70]</sup>以巴西联邦区 2007-2019 年城市群的登革热疫情为研究领域,提出了一种基于 GEE 平台中地理空间大数据云分析和历史信息辅助长短期记忆模型建模的登革热风险预测新框架,在提前 5 周的登革热风险预测上显示了很好的效果。在我国,宁波市依托全民健康信息平台、医疗机构综合监管平台以及居民电子健康档案,运用大数据、自然语言处理等技术,整合多源异构数据,基于 GIS 地图构建的登革热早期预警系统也已实现了登革热病例监测、登革热病例的早期自动识别及预警,一定程度上改善了传统疫情预警的被动性和滞后性<sup>[71]</sup>。

#### 四、启示与展望

后疫情时期,随着经济、社会、文化活动的不断复苏,我国登革热病例将可预见地逐步回升,发病率也可能提升至历年正常水平。随着我国共建“一带一路”倡议的推进,输入性病例的威胁也不断加剧,对我国登革热疫情的防控提

出了新的挑战。

登革热疫情监测预警系统的建立是我国登革热疫情防控的重大需求,然而,传统的登革热疫情监测预警模型,在登革热风险预测中的应用均为从时间序列的角度挖掘驱动因子与预测目标之间的联系,实现未来时间的登革热传播风险的预测,进而对比预测值与真实值之间的差距评估模型的预测性能。大多集中于单一因素、单一地区的研究,不仅忽略了多源大数据的交叉验证,也忽略了不断变化的客观环境与人口流动的协同性影响。如何更加细致地研究包括病毒、蚊媒、气候与社会环境等因素与输入病例之间的协同作用,如何甄别影响登革热大暴发的关键驱动因素,如何融合这些因素分析登革热的区域分布特征以及区域暴发与整体之间的关系,实现登革热大暴发的预测预警,具有很重要的理论和应用研究价值。

人工智能算法和大数据的不断发展,让我们拥有了研究这些问题的技术基础。基于机器学习的登革热监测预警系统从 20 世纪 50 年代开始发展至今,已经迈向更深领域的基于深度学习的监测预警领域。建立一个多因素、多尺度的登革热疫情监测预警系统,是目前登革热流行现状的迫切需求,也是必由之路。应加强多时空尺度的登革热风险预测研究,并从预测值与真实值之间的差异、对疫情时空聚集格局的辨析能力和实际防疫需求等方面评估模型性能。通过多种城市地理空间大数据(如多源遥感图像、基于遥感图像制备的数据产品、手机信令、交通数据、网络搜索与社交数据等)实时准确地描绘城市人口流动特征,结合人工智能算法,尤其是深度学习模型的技术,整合蚊媒监测数据、气候数据等相关信息,识别不同时空尺度的登革热驱动因素,必将为登革热的驱动机制研究与风险预测模型的构建提供重要支撑。

通过学习大规模数据集生成新原创内容生成式人工智能发展,也将为疾病监测预警领域注入新鲜活力。生成式人工智能的基础和核心方法之一是机器学习,其工作原理基于深度学习技术,目标是从输入数据中汇总学习并生成新数据。利用生成式人工智能可以通过采集输入实时气象数据、地理空间大数据、社交新闻关键词等大数据,结合疾病检测机构的蚊媒密度、伊蚊分布、病毒变异、病例报告等信息,智能分析疾病的流行趋势,预测疾病的发生概率和传播趋势,以帮助医疗卫生机构更好地制定疫情防控策略。但生成式人工智能算法也易受偏见和歧视的影响,当算法学习的数据不准确或不全面时,生成式人工智能算法很可能做出错误预测。另外,生成式人工智能引发的隐私信息泄露等问题也值得关注。

**利益冲突** 所有作者声明无利益冲突

#### 参 考 文 献

- [1] 张霞意,张复春,胡凤玉,等. 2010 年广州登革热患者临床及实验室特征分析[J]. 实用医学杂志, 2011, 27(19): 3480-3482. DOI:10.3969/j.issn.1006-5725.2011.19.011. Zhang XY, Zhang FC, Hu FY, et al. Analysis clinical and

- laboratory characteristics of dengue fever patients in Guangzhou in 2010[J]. J Pract Med, 2011, 27(19): 3480-3482. DOI:10.3969/j.issn.1006-5725.2011.19.011.
- [2] Bhatt S, Gething PW, Brady OJ, et al. The global distribution and burden of dengue[J]. Nature, 2013, 496(7446):504-507. DOI:10.1038/nature12060.
- [3] Cai WJ, Zhang C, Suen HP, et al. The 2020 China report of the Lancet Countdown on health and climate change [J]. Lancet Public Health, 2021, 6(1): e64-81. DOI: 10.1016/S2468-2667(20)30256-5.
- [4] Mustafa MS, Rasotgi V, Jain S, et al. Discovery of fifth serotype of dengue virus (DENV-5): a new public health dilemma in dengue control[J]. Med J Armed Forces India, 2015, 71(1):67-70. DOI:10.1016/j.mjafi.2014.09.011.
- [5] 林健燕, 郭泽强, 邱昌文. 非蚊媒途径传播登革病毒的研究进展 [J]. 中国热带医学, 2018, 18(4): 406-409. DOI: 10.13604/j.cnki.46-1064/r.2018.04.26.
- Lin JY, Guo ZQ, Qiu CW. Research progress of non-vector dengue virus transmission[J]. China Trop Med, 2018, 18(4): 406-409. DOI: 10.13604/j.cnki.46-1064/r.2018.04.26.
- [6] Li Y, Wu SY. Dengue: what it is and why there is more[J]. Sci Bull, 2015, 60(7): 661-664. DOI: 10.1007/s11434-015-0756-5.
- [7] 戴安, 舒云, 刘平华, 等. 登革热流行现状及诊疗进展[J]. 现代临床医学, 2022, 48(1): 69-72. DOI: 10.11851/j.issn.1673-1557.2022.01.022.
- Dai A, Shu Y, Liu PH, et al. Progress in epidemic situation and diagnosis and treatment of dengue fever[J]. J Mod Clin Med, 2022, 48(1): 69-72. DOI: 10.11851/j.issn.1673-1557.2022.01.022.
- [8] Sanyaolu A, Okorie C, Badaru O, et al. Global epidemiology of dengue hemorrhagic fever: an update[J]. J Hum Virol Retrovirol, 2017, 5(6): 1-6. DOI: 10.15406/jhvr.2017.05.00179.
- [9] World Health Organization. Ten threats to global health in 2019[EB/OL]. (2019-01-16) [2023-08-01]. <https://www.who.int/news-room/spotlight/ten-threats-to-global-health-in-2019>.
- [10] 公共卫生科学数据中心. 全国分地区登革热分月统计数据 [EB/OL]. (2021-03-24) [2023-07-23]. [https://www.phsciencedata.cn/Share/ky\\_sjml.jsp?id=f49cd1ba-2715-4205-93ec-a0085af4c581](https://www.phsciencedata.cn/Share/ky_sjml.jsp?id=f49cd1ba-2715-4205-93ec-a0085af4c581).
- [11] 疾病预防控制中心. 2021 年全国法定传染病疫情概况 [EB/OL]. (2022-04-22) [2023-07-23]. [http://www.nhc.gov.cn/jkj/s3578/202204/4fd88a291\\_d914abf8f7a91f6333567e1.shtml](http://www.nhc.gov.cn/jkj/s3578/202204/4fd88a291_d914abf8f7a91f6333567e1.shtml).
- [12] 王福春. 我国登革热流行概况与预防控制措施研究进展 [J]. 职业与健康, 2018, 34(12):1717-1721. DOI:10.13329/j.cnki.zyyjk.2018.0392.
- Wang FC. Epidemic situation and prevention and control measures of dengue fever in China[J]. Occup Health, 2018, 34(12):1717-1721. DOI:10.13329/j.cnki.zyyjk.2018.0392.
- [13] 熊益权, 陈清. 1978-2014 年我国登革热的流行病学分析 [J]. 南方医科大学学报, 2014, 34(12):1822-1825. DOI: 10.3969/j.issn.1673-4254.2014.12.24.
- Xiong YQ, Chen Q. Epidemiology of dengue fever in China since 1978-2014[J]. J South Med Univ, 2014, 34(12): 1822-1825. DOI:10.3969/j.issn.1673-4254.2014.12.24.
- [14] 习佳成, 程晓敏, 胡欢, 等. 1990-2018 年广东省登革热流行的时间动态规律 [J]. 热带医学杂志, 2020, 20(4):460-464. DOI:10.3969/j.issn.1672-3619.2020.04.009.
- Xi JC, Cheng XM, Hu H, et al. Temporal dynamic of dengue fever in Guangdong province from 1990 to 2018[J]. J Trop Med, 2020, 20(4): 460-464. DOI: 10.3969/j.issn.1672-3619.2020.04.009.
- [15] 郑能雄, 王宗汉, 林云钦, 等. 1999 至 2000 年福州市登革热媒介综合防控措施与效果评价 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2002, 13(2): 123-126. DOI: 10.3969/j.issn.1003-4692.2002.02.015.
- Zheng NX, Wang ZH, Lin YQ, et al. The evaluation on the effect of controlling dengue fever vehicle synthetically from 1999 to 2000 in Fuzhou[J]. Chin J Vector Biol Control, 2002, 13(2):123-126. DOI: 10.3969/j.issn.1003-4692.2002.02.015.
- [16] 刘小波, 岳玉娟, 贾清臣, 等. 2020-2021 年我国 12 省份媒介伊蚊生态学调查 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2022, 33(1):8-15. DOI:10.11853/j.issn.1003.8280.2022.01.002.
- Liu XB, Yue YJ, Jia QC, et al. Ecological investigation of Aedes vector in 12 provinces of China in 2020-2021[J]. Chin J Vector Biol Control, 2022, 33(1): 8-15. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2022.01.002.
- [17] 张萌, 何剑峰. 登革热流行趋势研究进展 [J]. 新发传染病电子杂志, 2018, 3(2):72-74. DOI: 10.19871/j.cnki.xfcrbzz.2018.02.003.
- Zhang M, He JF. Progress in the trend of dengue fever[J]. Elect J Emerg Infect Dis, 2018, 3(2):72-74. DOI:10.19871/j.cnki.xfcrbzz.2018.02.003.
- [18] 曾泽锋, 何剑峰. 广东省 1978~1999 年登革热流行态势分析 [J]. 旅行医学科学, 2000, 6(2): 1-5. DOI: 10.3969/j.issn.1006-7159.2000.02.001.
- Zeng ZF, He JF. Analysis of dengue fever epidemic situation during 1978-1999 in Guangdong province[J]. Sci Travel Med, 2000, 6(2): 1-5. DOI: 10.3969/j.issn.1006-7159.2000.02.001.
- [19] 谭小华, 邓爱萍, 张应涛, 等. 广东省 2020-2022 年入境人员健康管理措施对境外输入性登革热疫情的影响分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(6):954-959. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20221021-00899.
- Tan XH, Deng AP, Zhang YT, et al. Analysis of the impact of health management measures for entry personnel on imported Dengue fever in Guangdong Province, 2020-2022[J]. Chin J Epidemiol, 2023, 44(6): 954-959. DOI:10.3760/cma.j.cn112338-20221021-00899.
- [20] 岳玉娟, 刘小波, 郭玉红, 等. 2020-2022 年中国登革热时空分布及相关环境因素分析 [J]. 环境卫生学杂志, 2023, 13(5): 341-345. DOI: 10.13421/j.cnki.hjwsxzz.2023.05.006.
- Yue YJ, Liu XB, Guo YH, et al. Spatio-temporal distribution and environmental factors of dengue fever in China, 2020-2022[J]. J Envir Hyg, 2023, 13(5): 341-345. DOI: 10.13421/j.cnki.hjwsxzz.2023.05.006.
- [21] 魏春, 郭小连, 杨锐, 等. 云南省 2013-2020 年登革热流行及聚集特征分析 [J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2021, 32(6): 720-724, 743. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2021.06.013.
- Wei C, Guo XL, Yang R, et al. Epidemiological and cluster characteristics of dengue fever in Yunnan province, China, 2013-2020[J]. Chin J Vector Biol Control, 2021, 32(6): 720-724, 743. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2021.06.013.
- [22] 陈曦, 吴雯西, 李雪, 等. 云南边防地区 2010-2018 年登革热流行的时间和空间分布 [J]. 热带医学杂志, 2020, 20(7): 973-976. DOI:10.3969/j.issn.1672-3619.2020.07.027.
- Chen X, Wu WX, Li X, et al. Temporal and spatial distribution characteristics of dengue fever in Yunnan border areas from 2010 to 2018[J]. J Trop Med, 2020, 20(7): 973-976. DOI: 10.3969/j.issn.1672-3619.2020.07.027.
- [23] Lassachack P, 周红宁. 老挝登革热流行特征研究进展 [J]. 中国病原生物学杂志, 2021, 16(1): 105-108. DOI: 10.13350/j.cjpb.210123.
- Lassachack P, Zhou HN. Advances in the study of the epidemiological characteristics of dengue fever in Lao PDR[J]. Chin J Pathogen Biol, 2021, 16(1): 105-108. DOI: 10.13350/j.cjpb.210123.
- [24] 马秀芝, 周红宁. 越南登革热流行特征概述 [J]. 中国病原生物学杂志, 2011, 6(11):865-867. DOI: 10.13350/j.cjpb.2011.11.026.
- Ma XZ, Zhou HN. Overview of the epidemiological features of dengue fever in Vietnam[J]. Chin J Pathog Biol, 2011, 6(11):865-867. DOI:10.13350/j.cjpb.2011.11.026.
- [25] 王雪菲, 田荣, 陈志辉, 等. 2019 年昆明市输入性登革热病例流行病学和病原学特征分析 [J]. 热带病与寄生虫学, 2022, 20(4): 215-220. DOI: 10.3969/j.issn.1672-2302.2022.04.008.
- Wang XF, Tian R, Chen ZH, et al. Analysis on the epidemiological and etiological characteristics of imported dengue fever cases in Kunming in 2019[J]. J Trop Dis Parasitol, 2022, 20(4):215-220. DOI:10.3969/j.issn.1672-2302.2022.04.008.
- [26] 杜敏, 景文展, 汪亚萍, 等. "一带一路"沿线国家登革热流行

- 情况及变化趋势研究[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(7): 1066-1072. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220125-00072.
- Du M, Jing WZ, Wang YP, et al. Epidemic situation and trend of dengue fever in Belt and Road countries[J]. Chin J Epidemiol, 2022, 43(7): 1066-1072. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20220125-00072.
- [27] 马海芳. 登革热流行病学的研究进展[J]. 职业与健康, 2020, 36(1): 137-139, 144. DOI: 10.13329/j.cnki.zyyjk.2020.0036.
- Ma HF. Research progress in epidemiology of dengue fever[J]. Occup Health, 2020, 36(1): 137-139, 144. DOI: 10.13329/j.cnki.zyyjk.2020.0036.
- [28] 牟笛, 崔金朝, 殷文武, 等. 2015-2018 年我国登革热暴发流行病学特征分析[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(5): 685-689. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20190715-00523.
- Mu D, Cui JZ, Yin WW, et al. Epidemiological characteristics of dengue fever outbreaks in China, 2015-2018[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(5): 685-689. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20190715-00523.
- [29] 刘起勇. 我国登革热流行新趋势、防控挑战及策略分析[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2020, 31(1): 1-6. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2020.01.001.
- Liu QY. Dengue fever in China: new epidemical trend, challenges and strategies for prevention and control[J]. Chin J Vector Biol Control, 2020, 31(1): 1-6. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2020.01.001.
- [30] 王永亮, 钱成, 左锋. 中国内陆口岸登革热流行态势及风险评述[J]. 口岸卫生控制, 2018, 23(5): 17-22. DOI: 10.3969/j.issn.1008-5777.2018.05.004.
- Wang YL, Qian C, Zuo F. A review on the prevalence and risk of dengue fever in China's inland ports[J]. Port Health Control, 2018, 23(5): 17-22. DOI: 10.3969/j.issn.1008-5777.2018.05.004.
- [31] 秦鹏哲, 马蒙蒙, 刘维斯. 2014 年广州登革热疫情健康传播的调查[J]. 热带医学杂志, 2018, 18(9): 1227-1230, 1245. DOI: 10.3969/j.issn.1672-3619.2018.09.026.
- Qin PZ, Ma MM, Liu WS. Investigation and analysis of the characteristics of health communication on dengue epidemic in Guangzhou, 2014[J]. J Trop Med, 2018, 18(9): 1227-1230, 1245. DOI: 10.3969/j.issn.1672-3619.2018.09.026.
- [32] 宁丹, 孙九峰, 彭志强, 等. 广东省登革热流行概况与流行特征[J]. 华南预防医学, 2017, 43(4): 368-372. DOI: 10.13217/j.scjpm.2017.0368.
- Ning D, Sun JF, Peng ZQ, et al. Prevalence and epidemiological characteristics of dengue fever in Guangdong Province[J]. South Chin J Prev Med, 2017, 43(4): 368-372. DOI: 10.13217/j.scjpm.2017.0368.
- [33] 张勤, 王海峰, 苗丽, 等. 2005-2016 年河南省登革热流行回顾性分析[J]. 河南预防医学杂志, 2017, 28(12): 885-887. DOI: 10.13515/j.cnki.hnjpm.1006-8414.2017.12.002.
- Zhang Q, Wang HF, Miao L, et al. A retrospective analysis of imported dengue fever epidemic in Henan in 2005-2016[J]. Henan J Prev Med, 2017, 28(12): 885-887. DOI: 10.13515/j.cnki.hnjpm.1006-8414.2017.12.002.
- [34] 张顺先, 王英, 闫磊, 等. 我国 2005-2012 年登革热流行特征分析[J]. 中国医药指南, 2013, 11(16): 401-402. DOI: 10.15912/j.cnki.gocm.2013.16.239.
- Zhang SX, Wang Y, Yan L, et al. The epidemiological characteristics of dengue fever in China from 2005-2012[J]. Guide China Med, 2013, 11(16): 401-402. DOI: 10.15912/j.cnki.gocm.2013.16.239.
- [35] 郑晓燕, 张世勇, 罗从新, 等. 中缅边境地区输入性登革热临床特征分析[J]. 中国病原生物学杂志, 2021, 16(11): 1350-1352. DOI: 10.13350/j.cjpb.211124.
- Zheng XY, Zhang SY, Luo CX, et al. Clinical characteristics of patients with dengue fever imported from Myanmar at the Chinese border[J]. J Pathog Biol, 2021, 16(11): 1350-1352. DOI: 10.13350/j.cjpb.211124.
- [36] 姜进勇, 郭晓芳, 唐烨榕, 等. 云南省 2004-2014 年输入性登革热病例监测与防控对策分析[J]. 中国媒介生物学及控制杂志, 2016, 27(1): 5-8. DOI: 10.11853/j.issn.1003.4692.2016.01.002.
- Jiang JY, Guo XF, Tang YR, et al. Surveillance and control of imported dengue cases in Yunnan from 2004 to 2014[J]. Chin J Vector Biol Control, 2016, 27(1): 5-8. DOI: 10.11853/j.issn.1003.4692.2016.01.002.
- [37] 赵峥, 李昱, 牟笛, 等. 2016-2018 年中国重点省份境外输入性登革热病例的时空分析[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(11): 1808-1812. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20191231-00923.
- Zhao Z, Li Y, Mou D, et al. Spatial-temporal analysis on imported dengue fever in six provinces of China, 2016-2018[J]. Chin J Epidemiol, 2020, 41(11): 1808-1812. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20191231-00923.
- [38] 魏勇, 郑学礼. 登革热传播影响因素的研究进展[J]. 中国病原生物学杂志, 2021, 16(10): 1231-1235. DOI: 10.13350/j.cjpb.211025.
- Wei Y, Zheng XL. Advances in the study of the factors influencing dengue fever transmission[J]. J Pathog Biol, 2021, 16(10): 1231-1235. DOI: 10.13350/j.cjpb.211025.
- [39] 杨永红, 宋璋瑶, 郑学礼. 登革热的研究进展[J]. 中国病原生物学杂志, 2017, 12(8): 803-807. DOI: 10.13350/j.cjpb.170825.
- Yang YH, Song ZY, Zheng XL. Advances in the study of dengue[J]. J Pathog Biol, 2017, 12(8): 803-807. DOI: 10.13350/j.cjpb.170825.
- [40] 蒋力云, 刘远, 苏文哲, 等. 广州市 2019 年输入与本地登革热流行特征及病毒 E 基因比较[J]. 中国公共卫生, 2022, 38(11): 1373-1378. DOI: 10.11847/zgggws1138549.
- Jiang LY, Liu Y, Su WZ, et al. Epidemiological features of dengue fever and envelope gene of dengue virus among imported and indigenous cases in Guangzhou city: a comparison analysis on registry data of 2019[J]. Chin J Publ Health, 2022, 38(11): 1373-1378. DOI: 10.11847/zgggws1138549.
- [41] 邹鹏飞, 林宏波, 林畅琪, 等. 揭阳市 2014-2019 年登革热流行特征分析[J]. 基层医学论坛, 2022, 26(22): 136-138. DOI: 10.19435/j.1672-1721.2022.22.043.
- Zou PF, Lin HB, Lin CQ, et al. Epidemiological characteristics analysis of dengue fever in Jieyang City in 2014-2019[J]. Med Forum, 2022, 26(22): 136-138. DOI: 10.19435/j.1672-1721.2022.22.043.
- [42] Khampapongpane B, Lewis HC, Ketmayoon P, et al. National dengue surveillance in the Lao People's Democratic Republic, 2006-2012: epidemiological and laboratory findings[J]. Western Pac Surveill Response J, 2014, 5(1): 7-13. DOI: 10.5365/WPSAR.2014.5.1.001.
- [43] Pongsiri A, Ponlawat A, Thaisomboonsuk B, et al. Differential susceptibility of two field *Aedes aegypti* populations to a low infectious dose of dengue virus[J]. PLoS One, 2014, 9(3): e92971. DOI: 10.1371/journal.pone.0092971.
- [44] 汪峰, 李洁, 赵奇, 等. 2014-2020 年河南省禹州市登革热媒介伊蚊监测结果[J]. 河南预防医学杂志, 2022, 33(7): 529-531. DOI: 10.13515/j.cnki.hnjpm.1006-8414.2022.07.013.
- Wang F, Li J, Zhao Q, et al. Surveillance results of dengue vector *Aedes* larvae density in Yuzhou of Henan in 2014-2020[J]. Henan J Prev Med, 2022, 33(7): 529-531. DOI: 10.13515/j.cnki.hnjpm.1006-8414.2022.07.013.
- [45] Paupy C, Girod R, Salvan M, et al. Population structure of *Aedes albopictus* from La Réunion Island (Indian Ocean) with respect to susceptibility to a dengue virus[J]. Heredity, 2001, 87(3): 273-283. DOI: 10.1046/j.1365-2540.2001.00866.x.
- [46] Vazeille M, Rosen L, Mousson L, et al. Low oral receptivity for dengue type 2 viruses of *Aedes albopictus* from Southeast Asia compared with that of *Aedes aegypti*[J]. Am J Trop Med Hyg, 2003, 68(2): 203-208. DOI: 10.4269/ajtmh.2003.68.203.
- [47] 李晋涛. 登革热防治研究进展[J]. 第三军医大学学报, 2019, 41(19): 1902-1907. DOI: 10.16016/j.1000-5404.201909095.
- Li JT. Advances in prevention and control for dengue fever[J]. J Third Mil Med Univ, 2019, 41(19): 1902-1907. DOI: 10.16016/j.1000-5404.201909095.
- [48] Benitez MA. Climate change could affect mosquito-borne diseases in Asia[J]. Lancet, 2009, 373(9669): 1070. DOI: 10.1016/S0140-6736(09)60634-6.
- [49] Huang F, Takala-Harrison S, Liu H, et al. Prevalence of

- clinical and subclinical *Plasmodium falciparum* and *Plasmodium vivax* malaria in two remote rural communities on the Myanmar-China Border[J]. *Am J Trop Med Hyg*, 2017, 97(5): 1524-1531. DOI: 10.4269/ajtmh.17-0167.
- [50] 李之超, 董金玮, 刘起勇. 地理空间大数据与人工智能在城市登革热驱动因素识别与风险预测中的应用[J]. *中国媒介生物学及控制杂志*, 2022, 33(3):321-325. DOI:10.11853/j.issn.1003.8280.2022.03.001.
- Li ZC, Dong JW, Liu QY. Application of geospatial big data and artificial intelligence in driving factor identification and risk prediction for urban dengue fever[J]. *Chin J Vector Biol Control*, 2022, 33(3):321-325. DOI:10.11853/j.issn.1003.8280.2022.03.001.
- [51] 葛文鑫, 靳珂珂, 孙丽娜, 等. 登革热流行与不同气象因素相关性研究进展[J]. *中国媒介生物学及控制杂志*, 2019, 30(4): 367-370, 378. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2019.04.002.
- Ge WX, Jin KK, Sun LN, et al. Research advances in the relationship between dengue epidemic and different meteorological factors[J]. *Chin J Vector Biol Control*, 2019, 30(4): 367-370, 378. DOI: 10.11853/j.issn.1003.8280.2019.04.002.
- [52] 郭泽强. 登革热传播风险的影响因素研究综述[J]. *实用预防医学*, 2018, 25(11): 1407-1409. DOI: 10.3969/j.issn.1006-3110.2018.11.035.
- Guo ZQ. Review of factors influencing transmission risk of dengue fever[J]. *Pract Prev Med*, 2018, 25(11): 1407-1409. DOI:10.3969/j.issn.1006-3110.2018.11.035.
- [53] 杜尧东, 吴晓绚, 王华. 华南地区温度变化及其对登革热传播时间的影响[J]. *生态学杂志*, 2015, 34(11):3174-3181. DOI:10.13292/j.1000-4890.20151023.017.
- Du YD, Wu XX, Wang H. Change in temperature in South China and its impact on the potential epidemic duration of dengue fever[J]. *Chin J Ecol*, 2015, 34(11):3174-3181. DOI:10.13292/j.1000-4890.20151023.017.
- [54] 李煜珊, 汪如良, 刘晓青, 等. 气温对亚热带季风气候内陆城市登革热传播的影响[J]. *中国热带医学*, 2021, 21(10): 932-938. DOI:10.13604/j.cnki.46-1064/r.2021.10.04.
- Li YS, Wang RL, Liu XQ, et al. Effects of temperature on dengue fever transmission in inland city with subtropical monsoon climate[J]. *China Trop Med*, 2021, 21(10): 932-938. DOI:10.13604/j.cnki.46-1064/r.2021.10.04.
- [55] 唐娜, 董洋洋, 马建, 等. 气象因素与登革热发病相关关系的 Meta 分析[J]. *中国媒介生物学及控制杂志*, 2021, 32(6): 725-731. DOI:10.11853/j.issn.1003.8280.2021.06.014.
- Tang N, Dong YY, Ma J, et al. Relationship between meteorological factors and incidence of dengue fever: a meta-analysis[J]. *Chin J Vector Biol Control*, 2021, 32(6): 725-731. DOI:10.11853/j.issn.1003.8280.2021.06.014.
- [56] 李雯雯, 祝光湖. 气候对登革热传播的驱动机制和预测分析[J]. *桂林电子科技大学学报*, 2018, 38(6):491-495. DOI: 10.3969/j.issn.1673-808X.2018.06.012.
- Li WW, Zhu GH. The driving mechanism and predictive analysis of climate on dengue spread[J]. *J Guilin Univ Electron Technol*, 2018, 38(6): 491-495. DOI: 10.3969/j.issn.1673-808X.2018.06.012.
- [57] Zhao Z, Yue YJ, Liu XB, et al. The patterns and driving forces of dengue invasions in China[J]. *Infect Dis Poverty*, 2023, 12(1):42. DOI:10.1186/s40249-023-01093-0.
- [58] 中华医学会感染病学分会, 中华医学会热带病与寄生虫学分会, 中华中医药学会急诊分会. 中国登革热临床诊断和治疗指南[J]. *传染病信息*, 2018, 31(5): 385-392. DOI: 10.3969/j.issn.1007-8134.2018.05.001.
- Chinese Society of Infectious Diseases, Chinese Medical Association, Chinese Society of Tropical Medicine and Parasitology, Chinese Medical Association, Society of Emergency Medicine, China Association of Chinese Medicine. Guidelines for diagnosis and treatment of dengue in China[J]. *Infect Dis Inf*, 2018, 31(5): 385-392. DOI:10.3969/j.issn.1007-8134.2018.05.001.
- [59] 刘明磊, 房恩岳, 李玉华. 登革热疫苗最新研究进展[J]. *中国医药生物技术*, 2019, 14(6): 545-548, 560. DOI: 10.3969/j.issn.1673-713X.2019.06.012.
- Liu ML, Fang EY, Li YH. Latest research progress of dengue fever vaccine[J]. *Chin Med Biotechnol*, 2019, 14(6): 545-548, 560. DOI: 10.3969/j.issn.1673-713X.2019.06.012.
- [60] 吴师师, 吴浩飞, 孟胜利. 登革热疫苗的近期研究进展[J]. *国际生物制品学杂志*, 2015, 38(4):181-184. DOI:10.3760/cma.j.issn.1673-4211.2015.04.007.
- Wu SS, Wu HF, Meng SL. Current progress of dengue vaccine development[J]. *Int J Biol*, 2015, 38(4): 181-184. DOI:10.3760/cma.j.issn.1673-4211.2015.04.007.
- [61] 林水丽, 李旭霞, 陈伯华. 美国登革热的研究现状[J]. *疾病监测*, 2012, 27(5): 418-420. DOI: 10.3784/j.issn.1003-9961.2012.5.026.
- Lin YL, Li XX, Chen BH. Progress in research of dengue fever in the United States[J]. *Dis Surveill*, 2012, 27(5): 418-420. DOI:10.3784/j.issn.1003-9961.2012.5.026.
- [62] Zhao NZ, Charland K, Carabali M, et al. Machine learning and dengue forecasting: comparing random forests and artificial neural networks for predicting dengue burden at national and sub-national scales in Colombia[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2020, 14(9): e0008056. DOI: 10.1371/journal.pntd.0008056.
- [63] 石健, 周冬梅, 屈志强, 等. 登革热疫情暴发背景下两个城区布雷图指数法监测数据比较[J]. *实用预防医学*, 2023, 30(4): 420-424. DOI: 10.3969/j.issn.1006-3110.2023.04.008.
- Shi J, Zhou DM, Qu ZQ, et al. Comparison of the surveillance data about Breteau index in two urban districts under the background of dengue fever outbreak[J]. *Pract Prev Med*, 2023, 30(4):420-424. DOI:10.3969/j.issn.1006-3110.2023.04.008.
- [64] 孙梦彩, 张晓阳, 周权, 等. ARIMA 模型在登革热高发城市发病预测中的应用[J]. *中国预防医学杂志*, 2022, 23(11): 840-844. DOI:10.16506/j.1009-6639.2022.11.007.
- Sun MC, Zhang XY, Zhou Q, et al. Application of ARIMA model in the prediction of dengue fever in cities with high incidence[J]. *China Prev Med*, 2022, 23(11):840-844. DOI: 10.16506/j.1009-6639.2022.11.007.
- [65] Guo P, Liu T, Zhang Q, et al. Developing a dengue forecast model using machine learning: a case study in China[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2017, 11(10): e0005973. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005973.
- [66] Roster K, Rodrigues FA. Neural networks for dengue prediction: a systematic review[J]/OL. arXiv: 2106.12905. [onSubmitted 22 Jun 2021]. DOI: 10.48550/arXiv.2106.12905.
- [67] Hoyos W, Aguilar J, Toro M. Dengue models based on machine learning techniques: a systematic literature review[J]. *Artif Intell Med*, 2021, 119: 102157. DOI: 10.1016/j.artmed.2021.102157.
- [68] Sylvestre E, Joachim C, Cécilia-Joseph E, et al. Data-driven methods for dengue prediction and surveillance using real-world and Big Data: A systematic review[J]. *PLoS Negl Trop Dis*, 2022, 16(1): e0010056. DOI: 10.1371/journal.pntd.0010056.
- [69] Mussumeci E, Coelho FC. Large-scale multivariate forecasting models for Dengue-LSTM versus random forest regression[J]. *Spat Spatio-Temporal Epidemiol*, 2020, 35:100372. DOI:10.1016/j.sste.2020.100372.
- [70] Li ZC, Gurgel H, Xu L, et al. Improving dengue forecasts by using geospatial big data analysis in google earth engine and the historical dengue information-aided long short term memory modeling[J]. *Biology*, 2022, 11(2):169. DOI: 10.3390/biology11020169.
- [71] 张良, 陈奕, 伏光莲, 等. 基于大数据的登革热早期预警系统设计及应用[J]. *中国数字医学*, 2022, 17(10):115-120. DOI:10.3969/j.issn.1673-7571.2022.10.024.
- Zhang L, Chen Y, Fu GL, et al. Design and application of early warning system for Dengue fever based on big data[J]. *China Digital Med*, 2022, 17(10): 115-120. DOI: 10.3969/j.issn.1673-7571.2022.10.024.