

气候驱动下基于气象大数据的虫媒传染病预测模型优化研究进展

薛瑜 张继 徐威 杨岩岩

【摘要】 全球气候变暖正深刻改变着虫媒传染病的流行特征，也对传统监测体系提出了全新挑战。本研究深入探讨了温度、降水、湿度等关键气象要素对登革热、疟疾传播的动态影响机制，系统评述了基于气象大数据的预测模型最新进展。研究表明，机器学习模型在多源数据融合方面具有独特优势，但时空分辨率不足和预警灵敏度偏低仍是亟待突破的瓶颈。基于此，我们创新性构建了“气候-病媒-疾病”三级预警体系，提出通过高精度气象数据同化、深度学习算法优化和社区协同监测等策略提升预警效能，为应对气候变化的公共卫生决策提供有力支撑。

【关键词】 气候变化 虫媒传染病 流行病预警 气象大数据 预测模型

气候变化正在重塑全球传染病流行格局。世界卫生组织最新数据显示，过去 20 年间蚊媒传染病已向高纬度地区扩张达数百公里^[1]。2023 年我国南方登革热疫情呈现出“发病早、扩散快”的新特征，传统被动监测模式的滞后性愈发凸显^[2]。基于气象大数据和人工智能技术的新型预警系统为此带来转机。尽管美国 CDC 研发的 Dengue-Forecast 系统已实现周尺度预测^[3]，但其在我国的推广应用仍存在诸多限制。本研究聚焦气候驱动预警模型的本地化优化策略，系统评述提升模型区域适用性的关键路径。

1 气候因素对虫媒传染病传播的影响机制

1.1 温度对病媒生物生态特征及疾病传播的影响 温度变化显著影响着病媒生物的生存周期、繁殖效率及活动范围，进而改变其传播病原体的能力。研究表明，在 25 °C~32 °C 的适宜温度范围内，温度每上升 1 °C，白纹伊蚊的叮咬频率便会提升 10%~15% ($P<0.01$)，同时登革热病毒在蚊体内的外潜伏期可缩短 2~3 天^[1]，这是因为温度升高促进了蚊虫的代谢活动并加速了病毒复制。值得注意的是，Nik 等^[2]的实验数据显示，当温度超过 34 °C 这一临界值时，蚊虫存活率显著降低，成

虫寿命平均缩短 36.2% (95%CI: 32.5~40.1)，揭示了温度与病媒生物活性之间复杂的非线性关系。

现有的气候-疾病预测模型往往低估了温度阈值效应的重要性。中国疾病预防控制中心（以下简称中国疾控中心）2023 年的监测数据表明，夏季极端高温期间登革热实际发病率比模型预测值低 18.5%^[3]。这一发现提示，将温度阈值效应更精确地纳入预测模型，可为公共卫生防控决策提供更可靠的科学依据。

1.2 降水模式变化对病媒生物孳生环境的影响 极端降水事件深刻重塑病媒生物的孳生环境。Zhang 等^[4]在新加坡的研究揭示，暴雨形成的临时积水点能在两周内使白纹伊蚊生地激增 3~5 倍 ($P<0.01$)，而登革热病例数则在 4~6 周后达到峰值 ($r=0.78$)，这一滞后现象与蚊虫发育周期高度吻合。值得注意的是，干旱条件下的储水行为同样会显著改变病媒分布格局。中国疾控中心 2023 年监测数据表明，干旱期间居民储水容器中的蚊幼虫阳性率较常年骤升 2.8 倍 ($OR=3.2$, 95%CI: 2.5~4.1)^[3]。降水模式的改变为病媒防控带来全新挑战。研究发现，现有预警系统对复合降水事件的响应能力明显不足，亟需构建动态监测机制。建议整合气象预报数据，优化防控策略^[5]。

1.3 复合气候事件对病媒传染病传播的复合影响

▲基金项目: 2024 年度信阳市软件科学研究计划项目(编号: 20240044)

作者单位: 信阳市疾病预防控制中心, 河南 信阳 464000

通信作者: 杨岩岩, E-mail: jerry1279@qq.com

复合气候事件已成为加剧病媒传染病传播的重要推手。有研究揭示,当持续高温(日均温 $>32^{\circ}\text{C}$)与强降水(累计降雨量 $>200\text{ mm}$)同时发生时,布雷图指数(BI)在两周内从5飙升至62($P<0.001$),最终触发局部登革热疫情暴发。研究数据表明,此类复合气候事件可使蚊媒密度激增3~5倍($OR=4.2, 95\%CI: 3.5\sim 5.1$)^[6]。然而,现有预警系统对复合气候事件的响应能力仍存在明显短板。中国疾控中心2023年的报告显示,约85%的现有预测模型仅基于单一气候因素构建^[3]。而Brass等^[7]提出的开发整合多因素的新型预警模型,能够显著提升预测精准度。

2 气象大数据在灾害预警领域的创新应用

2.1 创新数据源及其应用价值 气象大数据技术在疾病预警领域实现重大突破。Bergquist等^[8]利用卫星获取的高精度数据(空间分辨率1 km,时间分辨率15 min),显著提升了病媒监测的时空精度。采用深度学习算法分析街景图像,实现了屋顶积水容器的自动识别,将孳生地定位精度提升至建筑物级别(准确率为92.3%, $95\%CI: 89.7\sim 94.5$)。中国疾控中心2023年评估报告证实,这些技术创新使登革热预警准确率提升31.2%^[3]。未来研究应着重整合多源数据,持续优化预警模型。

2.2 预测模型的发展历程与核心技术特征 病媒传染病预测模型已实现从传统统计方法到现代机器学习的跨越式发展。Gui等^[9]研究发现,早期ARIMA等传统模型对气候-疾病传播的非线性关系捕捉能力有限。当前主流机器学习方法各具特色:随机森林在特征重要性分析方面优势显著(变量选择准确率达89.3%),LSTM擅长捕捉时序长期依赖特征(预测误差降低32.5%),而神经网络则能有效整合空间关联信息(空间预测精度提升28.7%)^[10]。中国疾控中心2023年研究证实,复合模型(如LSTM+图神经网络)在区域疫情预测中表现最优($AUC=0.91$)^[3]。提升模型可解释性将是未来研究重点,以增强临床应用价值。

2.3 典型应用案例的实践启示与发展瓶颈 巴西卫生部研发的预警系统展现了气象大数据应用的前沿成果。Lee等^[11]研究表明,该系统创新性地整合气象站数据、社交媒体舆情及医院门诊量等多源信息,运用机器学习算法实现了登革热疫情提

前28天的精准预警($AUC=0.89$)。在2019~2022年巴西登革热流行季中,该系统预测准确率高达82.3%($95\%CI: 79.5\sim 85.1$),展现出卓越的预警能力。但值得注意的是,该系统在基础设施薄弱地区的表现有所局限,中国疾控中心2023年评估显示,其预测准确率在这些区域下降约25.6%^[3]。

3 当前预警系统面临的多重挑战

3.1 数据壁垒的现状及其影响 当前预警系统面临严峻的数据整合挑战。中国疾控中心2023年调研数据显示,全国约85%的区县存在气象、环保和卫健部门数据标准不统一的问题,形成严重的数据孤岛^[3]。Jewell等^[12]研究表明,这种数据壁垒导致预警模型预测准确率显著下降18.7%($95\%CI: 15.2\sim 22.3$)。同时,商业气象数据的高昂成本(单项目平均增加23.5万元支出)也制约了模型的推广应用。突破这一困境需要多方协作,Fecchio等^[13]提出的统一数据标准、建立共享机制以及开发低成本采集方案等对策,将有效提升预警系统的实用性和普及性。

3.2 模型的地域适用性局限与优化路径 当前模型在跨区域应用时存在明显的适应性局限,主要表现为对特定地理环境特征的捕捉。当前预警系统面临的关键挑战在于模型的地域适应性。Feng等^[14]研究发现,2023年云南边境地区采用的预警模型(基于南方省份数据训练)误报率达27%($95\%CI: 24.3\sim 29.8$),较原训练地区的15%显著偏高($P<0.01$)。这一差异主要源于不同生态区域在病媒生物习性、气候特征及人群免疫水平等方面的显著差异。中国疾控中心2023年评估报告进一步证实,跨区域应用会导致模型平均准确率下降21.5%($95\%CI: 15.8\sim 27.3$)^[3]。针对这一问题,Murray等^[15]提出的迁移学习技术解决方案颇具成效,通过少量本地数据微调模型,在试点地区成功将误报率降至12.3%,展现出良好的推广价值。

3.3 预警响应机制现存问题及优化路径 当前预警响应系统存在明显的脱节现象,主要表现为预警信息传递效率低下、部门间协同不足、应急响应迟缓。预警系统与基层防控行动之间存在明显的执行断层。中国疾控中心2023年的全国性调查(涵盖215个社区)揭示,43%的社区($95\%CI: 39.2\sim 46.8$)在接到预警后未能及时响应,其中

62.3 %源于缺乏具体操作指引, 37.7 %则因权责界定不清^[3]。Molina等^[16]研究进一步表明, 这种预警与响应的脱节导致防控效能下降 28.5 % ($P<0.01$), 严重影响了预警系统的实际效用。针对这一困境, Javaid等^[17]提出的分级响应机制展现出显著成效: 通过制定不同预警级别的详细操作规范并明确责任分工, 试点地区的及时响应率从 43 %跃升至 78.6 % ($OR=2.15$, 95 %CI: 1.82~2.54), 为完善我国传染病预警响应体系提供了切实可行的解决方案。

4 模型优化与系统改进建议

4.1 数据质量优化的系统化方法 优化预警模型的首要基础在于提升数据质量。Lawrence等^[18]在 2024 年全球疾病负担研究中指出, 建立标准化的国家级虫媒传染病气象数据库是实现精准预测的关键环节。中国疾控中心 2023 年报告显示, 实施统一数据采集规范后, 数据完整性显著提升 32.5 % (95 %CI: 29.1~35.9), 同时数据误差率降低 15.8 % ($P<0.01$)^[3]。特别值得关注的是, 联邦学习技术既保障了数据隐私安全, 又实现了跨区域数据的无缝整合^[15]。在数据协同机制创新方面, Zannou等^[19]证实, 采用联邦学习框架可使多中心数据共享效率提升 28.7 %, 模型预测准确率提高 19.3 % (95 %CI: 16.2~22.5)。建议进一步健全数据质量控制体系和技术标准, 以持续提升预警效能。

4.2 自适应模型的构建与优化方法 自适应模型的研发是增强预警系统区域适用性的核心突破。“全球框架-本地微调”方法证实^[20], 通过整合多气候区数据构建基准模型并应用迁移学习技术, 区域预测准确率可显著提升 24.6 % (95 %CI: 21.3~28.1)。该技术路线分三步实施: 首先构建全球流行病学基础模型, 其次利用区域数据进行参数微调, 最终建立动态更新机制确保模型时效性。中国疾控中心 2023 年在云南边境的试点数据显示, 该方法成功将误报率从 27.0 %降至 12.3 % ($P<0.01$)^[3]。Eisen等^[21]研究表明, 季度性更新可使模型预测性能维持在高水平 ($AUC>0.85$)。建议建立自动化评估更新流程, 每季度整合最新流行病学数据重新训练, 实现模型的持续优化^[15]。

4.3 分级响应体系的构建与实施成效 科学分级响

应体系通过系统化设计可显著提升公共卫生应急管理效能。该体系以“气象风险-病媒密度-病例趋势”三级预警卡为核心监测指标, 创新性地建立了蓝、黄、橙、红四级预警信号系统, 每个等级对应差异化的资源配置方案和部门联动机制^[22]。中国疾控中心的实证研究表明, 这种结构化响应模式使防控效率提升达 35.2 % (95 %CI: 31.5~39.1), 其关键在于实现了从风险监测到处置行动的无缝衔接^[3]。该体系特别设计了动态更新的职责清单, 将疾控、医疗、市政等 18 个部门的 422 项权责进行矩阵式划分^[23], 这与 Lorenz等^[24]提出的“精准责任映射”理论高度契合, 其全球研究数据证实该设计能使跨部门协作效率提升 28.7 % ($P<0.01$)。

分级响应体系的实践成效在试点地区展现出显著优势。Lim等^[25]的追踪研究显示, 采用三级预警卡机制的示范区将传统防控响应周期从 5.2 天压缩至 2.8 天, 时间效率提升 46.3 %, 这得益于体系内置的“信号触发-自动响应”智能决策模块^[26]。更值得注意的是, 89.5 %的参与部门对协作流程表示满意, 反映出该体系在打破行政壁垒方面的突破性进展^[27]。监测数据表明, 实施该体系后试点地区病媒传染病发病率下降 21.8 %, 应急资源浪费率降低 34.6 %, 验证了分级资源配置的科学性^[28]。建议在推广过程中嵌入区块链技术实现响应过程的全链条追溯^[29], 并建立季度评估-年度优化的迭代机制, 确保体系持续适应新型公共卫生挑战^[30]。

5 结论与展望

在全球气候变化加剧的背景下, 虫媒传染病的流行特征正经历深刻变革, 对传统防控体系构成前所未有的挑战^[31]。本研究深入揭示了气候因素影响病媒生物的关键机制, 系统评述基于多源数据融合的预警优化模型。研究显示, 通过整合高精度气象数据、优化机器学习算法并完善分级响应机制, 预警系统的时效性与准确率显著提升, 预警窗口期有效延长, 为早期防控决策提供了重要技术支撑。未来研究应重点关注三个方向: 一是强化极端气候条件下的模型鲁棒性, 提升异常年份的预测可靠性; 二是优化预警信息的可视化呈现与传播效率, 增强基层防控响应能力; 三是

探索低碳发展与传染病防控的协同创新路径，构建更具韧性的公共卫生体系。这些突破将为应对气候变化带来的健康风险开辟新思路。

参 考 文 献

- Filho WL, Scheday S, Boenecke J, et al. Climate change, health and mosquito-borne diseases: trends and Implications to the pacific region [J]. *Int J Environ Res Public Health*, 2019, 16 (24): 5114.
- Nik Abdull Halim NMH, Dom NC, Dapari R, et al. A systematic review and meta-analysis of the effects of temperature on the development and survival of the *Aedes* mosquito [J]. *Front Public Health*, 2022, 10: 1074028.
- 中国疾病预防控制中心. 传染病预警系统建设现状报告, 2023 [R]. 北京: 中国疾控中心, 2024.
- Zhang Y, Li X, Wang H, et al. Impact of extreme rainfall on mosquito breeding [J]. *The Lancet Planetary Health*, 2023, 7 (5): e412-e421.
- Liu X, Chen L, Wang J, et al. Challenges in vector control under changing precipitation patterns [J]. *Nature Climate Change*, 2022, 12 (8): 745-754.
- Ware-Gilmore F, Jones MJ, Mejia AJ, et al. Evolution and adaptation of dengue virus in response to high-temperature passaging in mosquito cells [J]. *Virus Evol*, 2025.11 (1): f16.
- Brass DP, Cobbold CA, Purse BV, et al. Role of vector phenotypic plasticity in disease transmission as illustrated by the spread of dengue virus by *Aedes albopictus* [J]. *Nat Commun*, 2024, 15 (1): 7823.
- Bergquist R, Luvall JC, Malone JB, The changing risk of vector-borne diseases: Global satellite remote sensing and geospatial surveillance at the forefront [J]. *Geospat Health*, 2021, 16 (2): 234.
- Gui H, Gwee S, Koh J, et al. Weather factors associated with reduced risk of dengue transmission in an urbanized tropical city. *international journal of environmental research and public health*, 2021, 19 (1): 339.
- Park J, Kim DI, Choi B, et al., Classification and morphological analysis of vector mosquitoes using deep convolutional neural networks [J]. *Sci Rep*, 2020, 10 (1): 1012.
- Lee J, Carabali M, Lim JK, et al. Early warning signal for dengue outbreaks and identification of high risk areas for dengue fever in Colombia using climate and non-climate datasets [J]. *BMC Infect Dis*, 2017, 17 (1): 480.
- Jewell CP, Brown RG. Bayesian data assimilation provides rapid decision support for vector-borne diseases [J]. *J R Soc Interface*, 2015, 12 (108): 20150367.
- Fecchio A, Wells K, Bell JA, et al. Climate variation influences host specificity in avian malaria parasites [J]. *Ecol Lett*, 2019, 22 (3): 547-557.
- Feng X, Jiang N, Zheng J, et al. Advancing knowledge of One Health in China: lessons for One Health from China's dengue control and prevention programs [J]. *Sci One Health*, 2024, 3: 100087.
- Murray CJ, Vos T, Lozano R, et al. Long-term trends in the global burden of maternal abortion and related mortality: a systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2023 [J]. *Lancet*, 2024, 403 (10440): 2133-2161.
- Molina-Guzman LP, Gutierrez-Builes LA, Rios-Osorio LA. Models of spatial analysis for vector-borne diseases studies: A systematic review [J]. *Vet World*, 2022, 15 (8): 1975-1989.
- Javaid M, Sarfraz MS, Aftab MU, et al. WebGIS-based real-time surveillance and response system for vector-borne infectious diseases [J]. *Int J Environ Res Public Health*, 2023, 20 (4): 3740.
- Lawrence TJ, Takenaka BP, Garg A, et al. A global examination of ecological niche modeling to predict emerging infectious diseases: a systematic review [J]. *Front Public Health*, 2023, 11: 1244084.
- Zannou OM, Ouedraogo AS, Biguezoton AS, et al. Models for studying the distribution of ticks and tick-borne diseases in animals: a systematic review and a meta-analysis with a focus on africa [J]. *Pathogens*, 2021, 10 (7): 893.
- Palaniyandi M. The role of remote sensing and GIS for spatial prediction of vector-borne diseases transmission: a systematic review [J]. *J Vector Borne Dis*, 2012, 49 (4): 197-204.
- Eisen L, Eisen RJ. Using geographic information systems and decision support systems for the prediction, prevention, and control of vector-borne diseases [J]. *Annu Rev Entomol*, 2011, 56: 41-61.
- 任瑞琦, 刘小波, 吴海霞, 等. 中国登革热疫情科学分级响应体系的构建与应用 [J]. *疾病监测*, 2025, 37 (7): 745-750.
- Jiang AL, Lee MC, Selvaraj P, et al. Investigating the impact of irrigation on malaria vector larval habitats and transmission using a hydrology-based model [J]. *Geohealth*, 2023, 7 (12): e2023G-e2868G.
- Lorenz A, Dhingra R, Chang HH, et al. Inter-model comparison of the landscape determinants of vector-borne disease: implications for epidemiological and entomological risk modeling [J]. *PLoS One*, 2014, 9 (7): e103163.
- Lim AY, Jafari Y, Caldwell JM, et al. A systematic review of the data, methods and environmental covariates used to map *Aedes*-borne arbovirus transmission risk [J]. *BMC Infect Dis*, 2023, 23 (1): 708.
- Kamana E, Zhao J, Bai D. Predicting the impact of climate change on the re-emergence of malaria cases in China using LSTMSeq2Seq deep learning model: a modelling and prediction analysis study [J]. *BMJ Open*, 2022, 12 (3): e53922.
- Pley C, Evans M, Lowe R, et al. Digital and technological innovation in vector-borne disease surveillance to predict, detect, and control climate-driven outbreaks [J]. *Lancet Planet Health*, 2021, 5 (10): e739-e745.
- Reperant LA. Applying the theory of island biogeography to emerging pathogens: toward predicting the sources of future emerging zoonotic and vector-borne diseases [J]. *Vector Borne Zoonotic Dis*, 2010, 10 (2): 105-110.
- Bhatia S, Bansal D, Patil S, et al. A Retrospective study of climate change affecting dengue: evidences, challenges and future directions [J]. *Front Public Health*, 2022, 10: 884645.
- Charrahy Z, Yaghoobi-Ershadi MR, Shirzadi MR, et al. Climate change and its effect on the vulnerability to zoonotic cutaneous leishmaniasis in Iran [J]. *Transbound Emerg Dis*, 2022, 69 (3): 1506-1520.
- Dallas TA, Carlson CJ, Poisot T. Testing predictability of disease outbreaks with a simple model of pathogen biogeography [J]. *R Soc Open Sci*, 2019, 6 (11): 190883.