

Python 赋能媒介传染病预测预警模型建立及实现

李国群, 段小峰, 王海清, 陈海平, 杨文倩, 李锐

宜春学院公共卫生与健康学院, 江西 宜春 336000

摘要:目的 基于 Python 平台,对媒介传染病数学模型全流程进行拓展,以期更好拟合模型并评估干预效果,为基层防控提供新思路,打开新视角。方法 对 SmEmIm-SpEpIpApRp 模型采用 lmfit 库拟合,采用 solve_ivp 函数求解,对模型关键参数进行敏感性分析,Rt 计算依据下一代矩阵法,所有结果借助 Matplotlib 进行可视化展示。结果 结果显示 $R^2=0.98$,RMSE=2.07,疫情初期 $R_t=5.607$,第 41 d 达到 $R_{t_{peak}}=8.439$, $R_t>1$ 的疫情持续期为 81 d, q 的敏感度最高($S=35.435$),单一干预措施下 $\beta_{mp},\beta_{pm}<0.01$ 时, $R_t<1$,疫情消失;仅控制 γ,q 疫情并不会消失;综合干预下场景 1 可使累积病例减少 98.64%, $R_{t_{peak}}=0.868$;场景 2 可使累积病例下降 87.95%, $R_{t_{peak}}=1.988$;场景 3 的 $R_{t_{peak}}=4.78$, R_t 上升幅度较小,变化速率低,但持续时间更长,可使累积病例上升 161.47%;场景 4 可使累积病例减少 99.38%, $R_{t_{peak}}=0.28$ 。结论 基于 Python 平台的模型高拟合优度验证了季节性动态建模的必要性,为媒介传染病防控提供了“数据-模型-决策”的一体化解决方案,拓展了理论模型的实践边界,也为基层精准防控打开了新视角。

关键词:Python;媒介传染病;实时再生数;干预

中图分类号:R181.3 文献标志码:A 文章编号:1003-8507(2025)19-3490-06

DOI:10.20043/j.cnki.MPM.202504517

Python-enabled development and implementation of a prediction and early warning model for vector-borne infectious diseases

LI Guo-qun, DUAN Xiao-feng, WANG Hai-qing, CHEN Hai-ping, YANG Wen-qian, LI Rui

Yichun University School of Public Health, Yichun, Jiangxi 336000, China

Abstract: Objective Based on the Python platform, the entire process of vector-borne infectious disease mathematical models is expanded to better fit models and evaluate intervention effects, to provide new ideas for grassroots prevention and control, and to open up new perspectives. **Methods** The SmEmIm-SpEpIpApRp model was fitted using the lmfit library, solved with the solve_ivp function, and sensitivity analysis of key model parameters was performed. The R_t calculation was based on the next generation matrix method, and all results were visually displayed with the help of Matplotlib. **Results** The results showed that $R^2=0.98$ and RMSE=2.07. R_t was 5.607 in the early stage of the epidemic, and $R_{t_{peak}}$ was 8.439 on day 41. The period with $R_t>1$ lasted 81 days, and q had the highest sensitivity ($S=35.435$). Under a single intervention, when β_{mp} and $\beta_{pm}<0.01$, $R_t<1$ and the epidemic disappeared. Controlling only γ and q would not eliminate the epidemic. Under comprehensive intervention, Scenario 1 could reduce the cumulative cases by 98.64%, and $R_{t_{peak}}=0.868$. Scenario 2 could reduce the cumulative cases by 87.95%, and $R_{t_{peak}}=1.988$. For Scenario 3, $R_{t_{peak}}=4.78$. Although the increase in R_t was smaller and the change rate was low, the longer duration could increase cumulative cases by 161.47%. Scenario 4 could reduce the cumulative cases by 99.38%, and $R_{t_{peak}}=0.28$. **Conclusions** The high goodness of fit of the model based on the Python platform verifies the necessity of seasonal dynamic modeling, provides an integrated solution for the prevention and control of vector-borne infectious diseases, expands the practical boundaries of theoretical models, and opens a new perspective for precise prevention and control at the grassroots level.

Keywords: Python; Vector-borne infectious diseases; Real-time reproduction number; Intervention

传染病动力学模型是研究疾病传播规律、预测疫情发展趋势及评估防控措施效果的重要工具。近年来,随着全球范围内新发和再发传染病的频繁出现,

传染病动力学模型的研究得到了广泛关注。经典动力学 SIR 模型及其变体已被广泛应用于模拟疾病的传播过程^[1-2]。此外,基于网络的传播模型、空间异质性模型以及多群体耦合模型等也逐渐成为研究热点^[3-6]。这些模型不仅能够帮助研究者理解疾病的传播机制,还能为公共卫生决策提供科学依据。

目前,常用的传染病建模软件包括 Berkeley

基金项目:江西省大学生创新创业训练计划(S202510417018);宜春市社会科学规划项目(JXYC2024KSA118)

作者简介:李国群(1994—),男,硕士,助教,研究方向:传染病建模

通信作者:李锐,E-mail:954077669@qq.com

Madonna、MATLAB、R 等。其中, Berkeley Madonna 以其直观的图形化界面和高效的微分方程求解能力受到青睐, 但其闭源性限制了算法扩展与复杂模型定制^[7]; MATLAB 虽具备强大的数值计算功能, 却因商业授权费用高昂难以普及; R 语言虽开源且生态丰富, 但在处理大规模并行计算时效率不足。相比之下, Python 作为一种开源编程语言, 凭借其丰富的科学计算库(如 NumPy、SciPy、Pandas)和强大的可视化工具(如 Matplotlib、Seaborn), 在传染病建模中展现出独特的优势。Python 不仅能够高效处理大规模数据, 还支持多种模型的灵活构建与扩展, 为研究者提供了更多的自由度^[8-10]。然而, 对于基层公共卫生人员而言, Python 的使用仍面临一定的挑战, 如编程基础薄弱、

缺乏系统的培训等。因此, 开发基于 Python 的传染病动力学模型实现方法, 不仅能够降低建模门槛, 还能为基层人员提供更加灵活和高效的建模工具, 具有重要的研究价值和现实意义。本研究以构建的 SmEmIm-SpEpIpApRp 双群体动力学模型为例进行实例演示和讲解, 旨在为基层防控人员在疫情预判能力提升、防控措施量化评估和应急响应标准化方面打开了新思路。

1 资料与方法

1.1 一般建模流程 翻阅资料了解疾病自然史, 构建疾病在自然状态下的传播动力学模型, 收集疫情数据和相应模型参数对真实疫情数据进行拟合, 并添加不同仓室和参数评估防控的效果。见图 1。

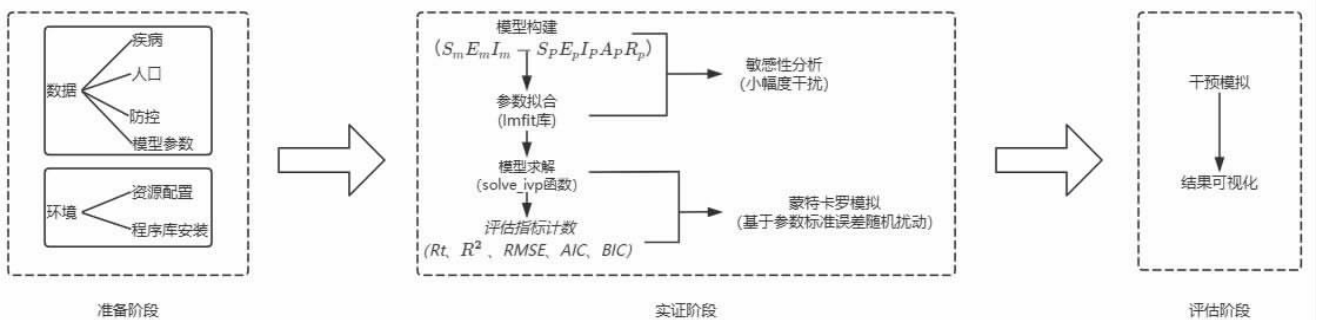


图 1 一般建模流程图

Figure 1 General modeling flowchart

1.2 数据来源及模型构建 本研究数据示例及模型参考陈田木教授^[11-12]团队前期研究基础, 对 SmEmIm-SpEpIpApRp 模型及参数进行调整, 并引入偏移量和振幅对季节性因子进行校正, 将人群和媒介分别划分为不同的状态, 其中人群状态包括易感者(susceptible)、潜伏者(exposed)、有症状感染者(infected)、无症状感染者(asymptomatic)、康复者(recovered)和累积病例(cumulative cases); 媒介状态 Mosquitos 包括易感媒介(Sm)、潜伏媒介(Em)和感染媒介(Im), 该模型的构建主要基于以下假设: 假定

各自内部均匀混合, 相互接触的概率相同; 假定人群为相对封闭的系统, 同时考虑到蚊虫繁殖快和寿命短, 纳入了其自然出生和死亡率; 考虑传染病的双向传播并假定传播过程为线性; 假定季节性因子 c 随季节呈现周期性的变化, 该函数中添加季节性振幅和偏移量, 其中偏移量和振幅因子初始值来源于文献数据, 高峰滞后时间初始值来源于真实疫情数据^[13-15]; 假定人群进入康复状态后具有永久免疫力; 假定媒介存在垂直传播率为 n。见图 2。

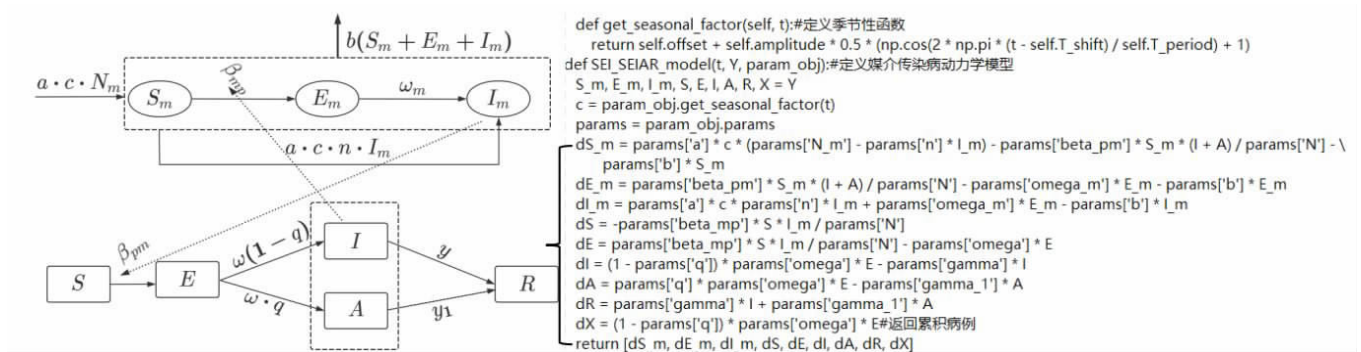


图 2 SmEmIm-SpEpIpApRp 模型及方程实现

Figure 2 Implementation of the SmEmIm-SpEpIpApRp model and equations

1.3 统计方法 采用最小残差平方和优化参数, BDF 对方程进行求解, 可变参数在估计值基础上采用 5% 小幅度扰动进行敏感性分析, 计算决定系数 R^2 等指标评估模型拟合优度和复杂度, 根据下一代矩阵法和蒙特卡罗模拟估算实时再生数 $R_t^{[6]}$ 。

1.4 环境及程序包配置 本文使用的 Python 软件

版本为 Python 3.12.4, 借助 PyCharm 平台进行操作。考虑到安装程序库下载速度慢问题, 因此完成软件安装后可在 PyCharm 中添加清华镜像源。接着在其终端输入以下代码实现疫情模拟所要用的相应程序库的安装: `pip install matplotlib numpy pandas scipy lmfit`, 具体加载代码及使用说明见表 1。

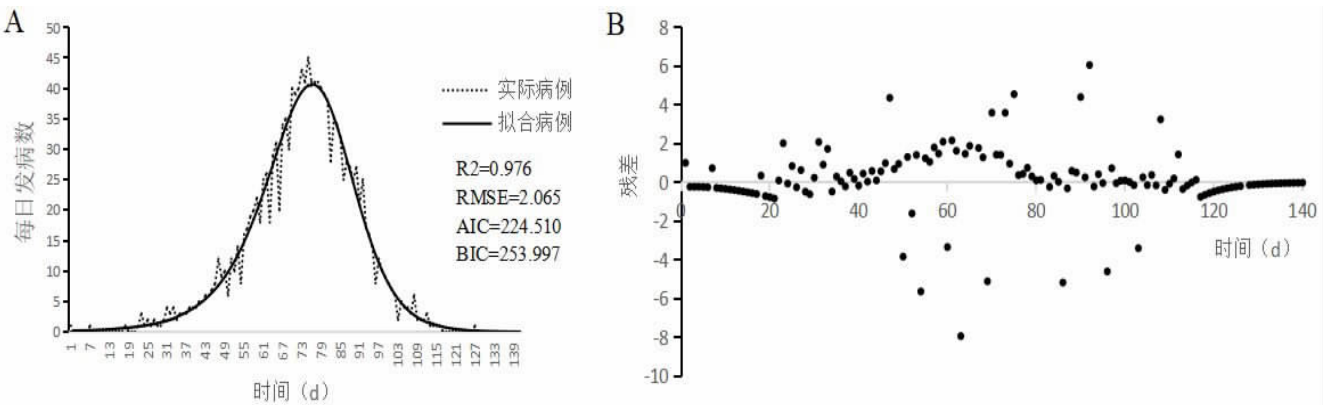
表 1 程序包代码表
Table 1 Package code table

程序包	版本	加载代码	功能
numpy	2.2.3	<code>import numpy as np</code> <code>import matplotlib</code>	对数据进行计算和数组操作
matplotlib	3.10.1	<code>matplotlib.use('TkAgg')</code> <code>import matplotlib.pyplot as plt</code>	指定使用 TkAgg 后端对数据进行可视化分析
pandas	2.2.3	<code>import pandas as pd</code>	对数据进行清洗和分析
lmfit	1.3.2	<code>from lmfit import Model, Parameters</code>	导入 Model 和 Parameters 类, 用于非线性最小二乘拟合
scipy	1.15.2	<code>from scipy.integrate import solve_ivp</code>	导入 solve_ivp 函数求解常微分方程 (ODE) 的初值问题
os	3.12.4	<code>import os</code>	将数据保存到 Excel 文件

2 结果

2.1 模型拟合 SmEmIm-SpEpIpApRp 双群体动力学模型采用非线性最小二乘法对观测数据进行了拟

合。模型拟合优度指标显示: $R^2=0.98$, $RMSE=2.07$, $AIC=224.51$, $BIC=253.99$, 见图 3A; 残差分析显示, 残差随机分布均匀, 见图 3B。



注: A 为模型拟合图, B 为模型残差图。

图 3 模型拟合评价图

Figure 3 Model fitting evaluation chart

2.2 参数拟合及全局敏感性分析 通过最小化残差平方和优化模型的 10 个参数, 其中 N_p 和 N_m 采取

固定值, 对可变参数进行微扰分析发现可知, q 的敏感度最高 ($S=35.435$), 其他参数敏感性较低, 见表 2。

表 2 模型参数一览表

Table 2 Overview of model parameters

符号	含义	初始值	校正值	敏感度 S^*/I 备注
β_{mp}	媒介到人群的传播率	0.1	0.186	0.046
β_{pm}	人群到媒介的传播率	0.1	0.179	0.038
a	媒介繁殖率	0.08	0.099	0
b	媒介自然死亡率	0.08	0.050	0.537
w_m	媒介潜伏期转为感染期的速率	0.1	0.134	0.032
w_p	人群潜伏期转为感染期的速率	0.15	0.164	0.033
q	潜伏者转为无症状感染者比例	0.7	0.706	35.435
γ	有症状感染者恢复率	0.15	0.181	0.010
γ_1	无症状感染者恢复率	0.15	0.168	0.032
n	垂直传播系数	0.12	0.199	0
N_p	人口总量	5 000	固定值	假设人蚊比: 1:2
N_m	媒介总量	10 000	固定值	
c	季节性因子		$c=0.2+0.8*0.5[\cos 2\Pi(t-76)/365+1]^*$	

2.3 实时再生数 Rt 计算及动态分析

实时再生数 Rt 的计算基于模型的双向传播机制,需综合人群(p)→媒介(m)与媒介(m)→人群(p)的传播贡献,其中单个感染人群在传染期内感染媒介的数量:

$$R_{p \rightarrow m} = (1-q) * R_{p \rightarrow m}^{(I)} + q * R_{p \rightarrow m}^{(A)} = \frac{\beta_{pm} * S_m(t) * (\frac{1-q}{\gamma} + \frac{q}{\gamma_1})}{N_h}$$

单个感染媒介在存活期内感染人群的数量:

$$R_{m \rightarrow p} = \beta_{mp} * \frac{S_p(t)}{N_p} * \frac{1}{b}$$

双向传播链的总效应为两者的乘积,并考虑媒介潜伏期转化效率 $\frac{\omega_m}{\omega_m + b}$,代入参

$$R_t = \frac{\beta_{mp} * \beta_{pm} * S_p(t) * S_m(t) * (\frac{1-q}{\gamma} + \frac{q}{\gamma_1})}{N_p * N_m * b * (\omega_m + b) * \omega}$$

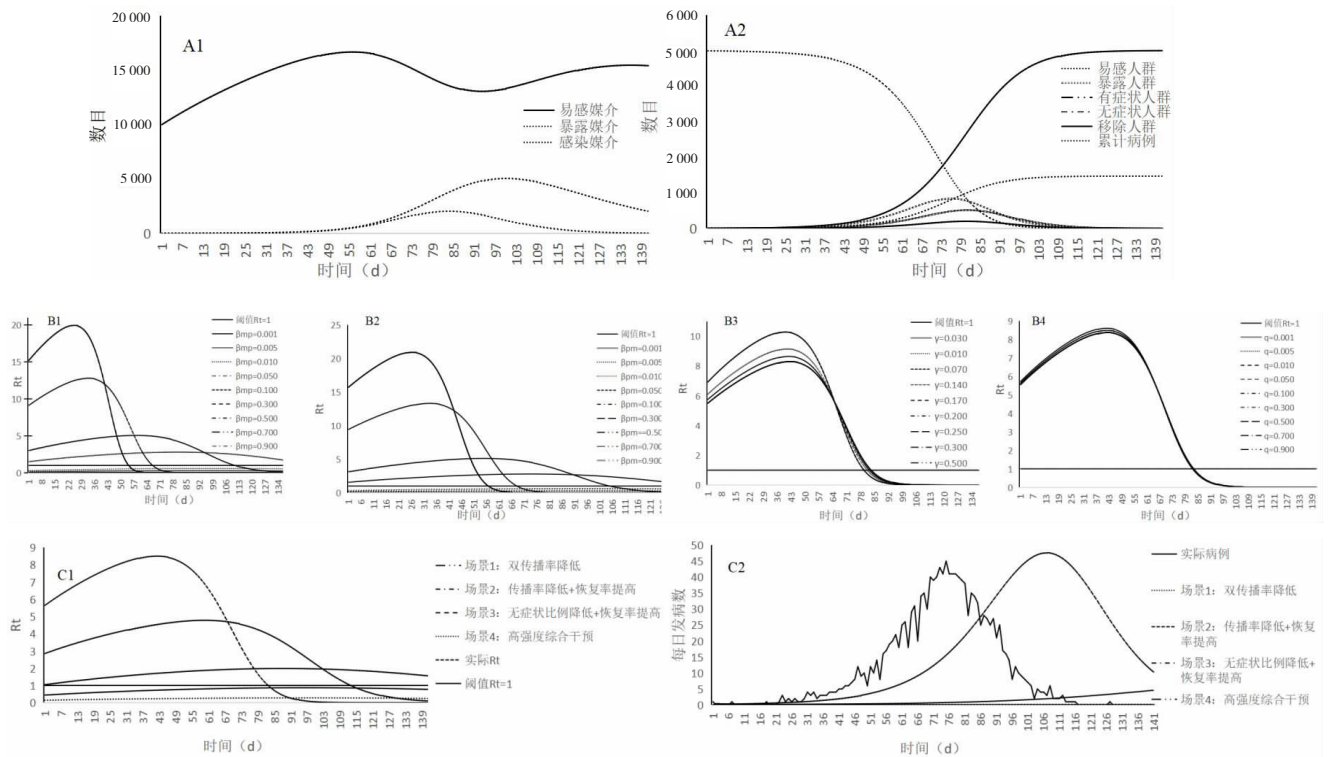
过蒙特卡罗模拟可知,疫情初期 Rt=5.607,第 41 d 达到 Rt_{peak}=8.439,Rt>1 的疫情持续期为 81 d。

2.4 干预措施效果评估 采用初始参数对各状态仓室进行模拟可知,媒介易感态呈先增后减趋势,第 55 d 达峰值 16 668 只后进入衰减期,媒介感染者第 99 d 达到峰值 5 039 只,暴露者与感染者数量趋势一致,见图 4A1; 人群易感者从 4 992 人锐减至第 119 d 1

人,暴露者数量在第 75 d 达到峰值 837 人,有症状感染者与无症状感染者在第 79 d 同时达到峰值,分别为 200 和 514 人,康复者数量持续增加,最终在第 138 d 达到稳态的 1 470 人,见图 4A2。

通过分别调节 β_{mp} 、 β_{pm} 、 γ 、 q 四个参数模拟单一从媒介防控、感染者管理、医疗干预、早期筛检和管理四个维度之一来评价干预措施的效果,结果显示,当 β_{mp} 、 β_{pm} 小于 0.01 时,Rt<1,疫情消失;仅改变 γ 、 q 疫情并不会明显被遏制,见图 4B。

通过组合调节参数变化,我们模拟了双传播率降低(两者下降 50%)、双传播率降低(两者下降 20%)+恢复率提高(γ 提高 35%)、无症状比例降低(q 下降 28.6%)+恢复率提高(γ 提高 66.7%)、高强度综合干预(传播率均下降 70%、 q 下降 57%、 γ 提高 100%)四个场景。结果显示:场景 1 可使累积病例减少 98.64%,Rt_{peak}=0.868; 场景 2 可使累积病例下降 87.95%,Rt_{peak}=1.988; 场景 3 Rt_{peak}=4.78,Rt 上升幅度较原始数据小,变化速率低,但持续时间更长,可使累积病例上升 161.47%; 场景 4 可使累积病例减少 99.38%,Rt_{peak}=0.28,见图 4C。



注:A1 为初始状态下媒介数量变化图;A2 为初始状态下人群数量变化图;B1 为 β_{mp} 在不同值下的 Rt 变化图;B2 为 β_{pm} 在不同值下的 Rt 变化图;B3 为 γ 在不同值下的 Rt 变化图;B4 为 q 在不同值下的 Rt 变化图;C1 为综合干预措施下的 Rt 值;C2 为综合干预措施下的每日发病数曲线。

图 4 干预评价图

Figure 4 Intervention evaluation chart

3 讨论

基于 Python 平台,在 SmEmIm-SpEpIpApRp 模型上引入季节性因子,实现了在媒介-人群交互传

播框架中疾病季节性暴发的动态特征,一定程度上解决了传统模型在媒介传播疾病研究中的局限性。传统模型(如经典 SEIR 或 SEIR-SI 模型)通常假设传

播率为恒定值^[17-18],难以捕捉季节性气候波动对媒介繁殖和疾病传播的影响,如 Aguiar 团队引入低、中、高季节性固定参数模拟媒介传染病传播特征,而本研究通过拟合季节函数,将气候驱动的媒介繁殖周期动态嵌入传播链,其 R^2 显著高于既往模型^[19],模型的高拟合优度验证了季节性动态建模的必要性,这一改进不仅完善了媒介传播疾病的理论框架,还为基层防控提供了两方面实践价值。一方面,基于 Python 开源工具(lmfit,scipy)开发的参数本地化模块,使基层人员仅需调整季节相位参数即可适配不同气候区(如热带雨季提前地区),显著降低了技术应用门槛,克服了模型可视化需依赖专业软件(MATLAB)和定制化编程的障碍;另一方面,可通过可视化模块将复杂的 R_t 曲线转化为防控指令,如 $R_t > 1$ 时启动全域消杀,推动基层防控从经验驱动向数据驱动转型,这一建模实践不仅完善了媒介传播疾病的理论框架,更通过技术下沉解决了基层“有数据无模型”的痛点,为数字化转型提供了范式。

参数敏感性分析揭示了无症状感染者的核心传播风险。结果显示,潜伏者转为无症状感染者的比例(q)对疫情传播的敏感度($S=35.435$)远高于媒介自然死亡率($b=0.537$),这一发现与既往研究形成重要对比。例如,Chen 等人^[20]在寨卡病毒模型中指出,媒介控制参数(如叮咬率)的敏感度最高($S=28.7$),而本研究表明,在存在显著无症状传播的疾病(如登革热或基孔肯雅热)中,隐性感染者的管控优先级可能高于媒介密度调控。这一差异提示,防控策略的设计需结合病原体特异性传播特征。值得注意的是,媒介自然死亡率 b 的敏感度 $S=0.537$ 提示,通过环境干预(如清除孳生地)提高 b 值也可实现长效防控,这种“生态防控”思路与 WHO 倡导的媒介综合治理策略高度契合^[21]。

对综合实时再生数的动态解析揭示了双向传播路径的交互作用。研究发现,疫情初期人群暴露者累积与媒介繁殖高峰的协同作用导致 R_t 在第 41 d 达到峰值 8.439,这可能是由于双向传播相互促进,形成正反馈,导致传播效率倍增。

多场景干预模拟揭示了单一措施的效能瓶颈与协同策略的潜在优势。在单一措施中,媒介控制需维持极低传播率($\beta_{mp} < 0.01, \beta_{pm} < 0.01$)方可压制 $R_t < 1$,但现实中难以持续维持极低媒介密度(如热带雨季蚊虫快速繁殖)^[22-23];采取单一医疗干预如仅提高恢复率 γ 或降低无症状比例 q 的压制效果有限,甚至可能因传播链延长导致累积病例上升(如场景 3),这揭示了单一措施的“天花板效应”,与 2016 年新加坡登革热防控教训一致。多参数联合调控模拟显示:场景

1(双传播率降低 50%)通过“环境治理 + 社区防护”组合,累积病例减少 98.64%,适用于资源匮乏地区,例如,动员社区志愿者开展爱国卫生运动以及健康宣教可显著降低双传播率^[24];场景 4(高强度综合干预)整合“传播率下降 70% + q 下降 57% + γ 提高 100%”,累积病例减少 99.38%,但需跨部门协作(如疾控 - 医院 - 社区联防);值得注意的是,场景 2 提示过度依赖医疗干预可能适得其反;场景 3 中提高 γ 虽加速病例康复,但因未阻断隐性媒介传播链,导致累积病例增加 161.47%,这警示基层需避免“重治轻防”的认知偏差^[25],提示在后期防治过程中,应关口前移、提高无症状感染者的发现率,如扩大检测范围、高灵敏度筛查、密切接触者追踪。

利益冲突声明 本研究不存在任何利益冲突

参考文献

- [1] Chen Q, Liu Q, Li K, et al. Tuberculosis prevalence trends from a predictive modelling study-10 High-Burden countries,1980-2035 [J]. China CDC Wkly, 2024, 6(12): 225-229.
- [2] Liu Q, Yang M, Chen Q, et al. Transmissibility and control of tuberculosis in school outbreaks: a modeling study based on four outbreaks in China[J]. BMC Infectious Diseases, 2024, 24(1): 1354.
- [3] Wang J, Rui J, Zhu Y, et al. Evaluation of the transmissibility of norovirus and the effectiveness of prevention and control measures for schools in Jiangsu Province [J]. Annals of Medicine, 2023, 55(2): 2246474.
- [4] Yang ST, Guo XH, Zhao ZY, et al. Possibility of mpox viral transmission and control from high-risk to the general population: a modeling study[J]. BMC Infectious Diseases, 2023, 23(1): 119.
- [5] 胡萌,张雅荣. 一类具有空间异质性 SIS 传染病模型的阈值动力学分析[J]. 数学杂志, 2024, 44(4): 331-342.
Hu M, Zhang YR. Threshold dynamics analysis of a class of sis infectious disease model with spatial heterogeneity [J]. Journal of Mathematics, 2024, 44(4): 331-342.(In Chinese)
- [6] 郝新杰,聂麟飞. 具有媒体报道和个人防护意识的多时滞媒介传染病模型 Hopf 分支分析[J]. 新疆大学学报:自然科学版:中英文, 2024, 41(4): 408-418.
Hao XJ, Nie LF. Media coverage and personal protection awareness with Hopf bifurcation analysis of Multi-Time delay Vector-Borne disease model [J]. Journal of Xinjiang University: Natural Science Edition in Chinese and English, 2024, 41(4): 408-418.(In Chinese)
- [7] 刘天,赵泽宇,姚梦雷,等. SEIAR 传染病动力学模型的建立及实现[J]. 疾病监测, 2020, 35(10): 934-938.
Liu T, Zhao ZY, Yao ML, et al. Establishment and application of SEIAR model [J]. Disease Surveillance, 2020, 35 (10): 934-938.(In Chinese)
- [8] 刘双. 基于 Python 的微分方程在多领域中的应用[J]. 黑龙江科学, 2022, 13(7): 162-164.
Liu S. Application of differential equation in various fields based on python[J]. Heilongjiang Science, 2022, 13(7): 162-164.(In Chinese)
- [9] 张佳骏,夏薇婷,原虹. Python 在公共卫生数据分析中的应用[J]. 电子技术, 2025, 54(4): 324-325.

- Zhang JJ, Xia WT, Yuan H. Application of python in public health data analysis [J]. *Electronic Technology*, 2025, 54 (4): 324–325.(In Chinese)
- [10] 沈梦碧,程祉元,肖易飞,等. Python 数据分析在公共卫生领域的应用及前景[J]. *卫生职业教育*,2022,40(14):143–145.
Shen MB, Cheng ZY, Xiao YF, et al. Application and prospects of python data analysis in the field of public health [J]. *Health Vocational Education*, 2022, 40(14): 143–145.(In Chinese)
- [11] Rui J, Li KG, Wei HJ, et al. MODELS: a six-step framework for developing an infectious disease model [J]. *Infectious Diseases of Poverty*, 2024, 13(1): 30.
- [12] Zhang M, Huang JF, Kang M, et al. Epidemiological characteristics and the dynamic transmission model of dengue fever in Zhanjiang city, Guangdong province in 2018 [J]. *Trop Med Infect Dis*, 2022, 7 (9): 209.
- [13] Reiner RCJ, Stoddard ST, Forshey BM, et al. Time-varying, serotype-specific force of infection of dengue virus [J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2014, 111(26): E2694–E2702.
- [14] Lowe R, Barcellos C, Coelho CAS, et al. Dengue outlook for the World Cup in Brazil: an early warning model framework driven by real-time seasonal climate forecasts [J]. *The Lancet Infectious Diseases*, 2014, 14(7): 619–626.
- [15] Yi B, Chen Y, Ma X, et al. Incidence dynamics and investigation of key interventions in a dengue outbreak in Ningbo City, China[J]. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2019, 13(8): e0007659.
- [16] Li KG, Wang JY, Xie JY, et al. Advancements in defining and estimating the reproduction number in infectious disease epidemiology[J]. *China CDC Wkly*, 2023, 5(37): 829–834.
- [17] 刘慧慧,王雅萍,聂麟飞. 具有时滞和类年龄结构的媒介传染病模型研究[J]. *华中师范大学学报:自然科学版*,2025,59(2): 169–178.
Liu HH, Wang YP, Nie LF. Study on a vector-borne epidemic model with time-delay and age structure [J]. *Journal of HuaZhong Normal University(Natural Sciences)*, 2025, 59(2): 169–178.(In Chinese)
- [18] 李国群,廖瑜,洪秀琴,等. 基于 SEIR-SEI 模型长沙市输入性疟疾再传播风险预测 [J]. *现代预防医学*,2021,48(11): 1921–1924, 1929.
Li GQ, Liao Y, Hong XQ, et al. Risk prediction of re-transmission of imported malaria in Changsha city based on SEIR-SEI model[J]. *Modern Preventive Medicine*, 2021, 48 (11): 1921–1924, 1929.(In Chinese)
- [19] 刘星纯. 基于数学模型的登革热传播动力学特征及传播风险因素研究[D]. 厦门:厦门大学,2022.
Liu XC. Research on transmission dynamics characteristics and risk factors of dengue fever based on mathematical models [D]. Xiamen: Xiamen University, 2022.(In Chinese)
- [20] Chen YY, Li NZ, Lourenço J, et al. Measuring the effects of COVID-19-related disruption on dengue transmission in Southeast Asia and Latin America: a statistical modelling study [J]. *The Lancet Infectious Diseases*, 2022, 22(5): 657–667.
- [21] 刘小波,任东升,梁莹,等. 登革热媒介伊蚊可持续控制现状及展望[J]. *中国媒介生物学及控制杂志*,2024,35(6):633–638.
Liu XB, Ren DS, Liang Y, et al. The current status and prospects of sustainable dengue vector *Aedes* management [J]. *Chinese Journal of Vector Biology and Control*, 2024, 35(6): 633–638.(In Chinese)
- [22] 陈军虎,闻礼永,李石柱,等. 媒传热带病监测路径与体系构建的专家共识[J]. *中国热带医学*,2024,24(3):233–238.
Chen JH, Wen LY, Li SZ, et al. Expert consensus on the construction of surveillance pathways and systems for vector-borne tropical diseases [J]. *China Tropical Medicine*, 2024, 24 (3): 233–238.(In Chinese)
- [23] 周耀武,丁春丽,杨忠平,等. 云南边境地区疟疾输入再传播风险和防控需求[J]. *中国热带医学*,2024,24(4):394–399.
Zhou YW, Ding CL, Yang ZP, et al. Malaria re-importation risk and control needs in the border region, Yunnan [J]. *China Tropical Medicine*, 2024, 24(4): 394–399.(In Chinese)
- [24] 徐文婕,白承续,陈东妮,等. 北京市学生 2016—2020 年法定和重点监测传染病发病情况[J]. *中国学校卫生*,2025,46(4): 592–596.
Xu WJ, Bai CX, Chen DN, et al. Incidence of statutory and key-monitored infectious diseases among students in Beijing from 2016 to 2020 [J]. *Chinese Journal of School Health*, 2025, 46(4): 592–596.(In Chinese)
- [25] 伊初. 基层医疗卫生机构在重大传染性疾病临床防控中的实践与策略研究[J]. *疾病监测与控制*,2025,19(1):11–15.
Yi C. Practice and strategy research of primary healthcare institutions in clinical prevention and control of major infectious diseases [J]. *Journal of Diseases Monitor & Control*, 2025, 19 (1): 11–15.(In Chinese)

收稿日期:2025-04-27

读者·作者·编者

温馨提示

为了使杂志能准确投递, 敬请作者在单位一栏写明详细科室及联系电话。通信作者必须写明 E-mail 地址。

《现代预防医学》编辑部