·综 述·

中国布鲁氏菌病时空分布特征及预测模型研究进展

胡晓艳[1]，冯陈琼潞[2]，于晨静[1]，贾慧群[3]，王辉[3]，李笑樱[3]，王立贵[3]

1. 郑州大学公共卫生学院，郑州 450001；
2. 中国医科大学公共卫生学院，沈阳 110122；
3. 中国人民解放军疾病预防控制中心传染病防控科，北京 100071
通信作者：王立贵，E-mail：wangligui1983@126.com

【摘 要】 近年来布鲁氏菌病（简称“布病”）在中国的发病率有所上升，涉及的地理范围不断扩张，已经成为我国公共卫生安全亟须解决的问题，因此了解布病的流行特征并建立可靠的预测模型对有效开展布病早期预测预警尤为重要。本文通过检索近年研究成果概述我国布病的时空分布特征以及常用的预测模型，旨在为提高布病科学防控水平提供数据和技术支撑。

【关键词】 布鲁氏菌病；时空分布；特征；预测模型；中国

Progress in research on the spatiotemporal distribution characteristics and prediction models of brucellosis in China: a review

HU Xiaoyan[1], FENG Chenqionglu[2], YU Chenjing[1], JIA Huiqun[3], WANG Hui[3], LI Xiaoying[3], WANG Ligui[3] (*1. School of Public Health*, *Zhengzhou University*, *Zhengzhou* 450001, *China*; *2. School of Public Health*, *China Medical University*, *Shenyang* 110122, *China*; *3. Infectious Disease Control and Prevention*, *The Chinese PLA Center for Disease Control and Prevention*, *Beijing* 100071, *China*)
Corresponding author: WANG Ligui, E-mail: wangligui1983@126.com

【Abstract】 Brucellosis incidence has been rising in China in recent years, and its geographical distribution has been expanding, making it a pressing public health issue. Understanding the epidemiological characteristics of brucellosis and establishing reliable prediction models are crucial for effective early warning and forecasting. This review summarizes recent research findings on the spatiotemporal distribution of brucellosis in China and commonly used prediction models, aiming to provide data and technical support for improving the scientific prevention and control of brucellosis.

【Keywords】 brucellosis; spatiotemporal distribution; characteristics; prediction model; China

布鲁氏菌病（简称“布病”）是由布鲁氏菌属引起的一种常见的人兽共患病，人感染布病后会出现一系列的症状，如发热、厌食、头痛、肌肉疼痛、神经系统受累、严重残疾、流产等，可严重影响人们的生存质量[1–5]。我国布病的发展经历了高发期（1950—1960 年）、下降期（1970—1980 年）、复发期（1990 年至今）3 个阶段[6]，在复发期阶段，布病所涉及的地理区域亦发生了变化，开始从我国西北地区向东南地区发生地理扩张[7]，其中南方地区布病发病率呈持续上升趋势，其对南方地区的危害应引起重视[8]。目前，我国各省份均存在布病的发生和流行，且流行区域逐渐扩大，布病疫情防控面临着巨大挑战[6–8]。布病监测系统是我国布病防控工作的主要信息来源，也是有效疫情防控的重要途径[9]，然而布病监测技术尚存在一些不足之处，如，信息难以及时利用、存在疫情漏报情况等。研究表明，数学模型在分析传染病传播机制和流行病学特征的复杂性方面具有一定优势[10]，应用数学模型对布病发病进行预测可以及时有效地掌握布病的发病趋势并进行早期预警，为提升布病防控能力提供技术支撑，本文对近年我国布病的时空分布特征和常用的预测模型进行如下。

1 布病的流行病学特征

1.1 时间分布特征 布病发病具有明显的季节性和聚集性特征，且呈周期性上升趋势[11–15]。布病发病高峰期在每年 3—8 月，研究显示，2014—2015 年为布病发病增长最明显的年份，且 2014 年和 2015 年为布病的时间聚集区[11–12]。2007—2017 年布病的发病周期分别为 2008 年 4 月—2010 年 4 月、2010 年 4 月—2012 年 7 月和 2012 年 7 月—2015 年 4 月，最后一个周期从 2015 年 4 月开始，发病呈现出周期性上升趋势[12]。研究表明，

开放获取：CC BY-NC-ND 4.0 DOI：10.11847/zgggws1145509
基金项目：国家重点研发计划（2022YFC2602304）
第一作者：胡晓艳（1998—），硕士在读，研究方向：传染病流行病学。
收稿日期：2024-07-22 修回日期：2024-10-16 录用日期：2024-11-11
利益冲突：不存在 伦理审查：不需要 出版授权：全体作者已与编辑部签署作者贡献声明及版权转让协议

中国布病发病率从 2005 年的 1.41/10 万上升到 2021 年的 4.95/10 万，总体呈上升趋势；布病在我国处于复发期阶段时经历了增长期、下降期和快速增长期，总体亦呈上升趋势；北方地区的流行趋势与全国一致，但南方地区的流行趋势与全国存在差异，处于持续增长状态[16]。将中国划分为东北部、北部、东部、南部、中部、西北部和西南部 7 个地理分区进行分地区分析布病发病的时间趋势，结果显示，各地区平均年度变化百分比（average annual percent change，AAPC）均>0，即各地区布病发病率总体呈上升趋势；2015 年和 2018 年为我国布病流行的 2 个转折点，其将布病在我国的发展分为 3 个阶段：2005—2014 年处于稳定增长期，2015—2018 年处于下降期，2019—2021 年处于快速增长期，2021 年达到高峰[16]。北方地区和南方地区 2004—2017 年布病发病率总体呈上升趋势，但北方地区和南方地区的 AAPC 值差异较大，南方地区布病发病率的平均增长速度远超过北方地区；南、北方地区布病发病趋势均出现 2 个转折点，即南方和北方地区布病发病均经历了 3 个阶段：南方地区 2004—2012 年为缓慢上升期，2012—2015 年为快速上升期，2015—2017 年有升高趋势；北方地区 2004—2009 年为快速上升期，2009—2015 年为缓慢上升期，2015—2017 年有下降趋势[17]。

1.2　*空间分布特征*　中国布病的地理分布范围呈现出由牧区向半牧区和农区扩张、由北方地区向南方地区扩张的趋势[5,11,18–20]。受布病影响的地区从西北牧区向邻近的草原、农区扩张，并进一步蔓延至我国沿海省份和东南地区[7,19]。目前有研究发现我国南部、中部和西南部地区布病发病率增长速度较快[16]，2014—2020 年中国南方地区布病发病率总体呈上升趋势，平均发病率上升了近 100%[21]，南方地区布病发病增长速度不容忽视。与此同时，中国南方地区受布病影响的省份亦逐年增加，受影响的区县比例从 2004 年的 1.1% 增加到 2014 年的 20.5%，南方地区受布病影响的地理范围不断扩张；与北方地区相比，尽管南方地区布病发病例数较少，但其发病率仍处于持续上升状态[19]。随着布病在全国范围内的蔓延，布病对南方地区的危害亦应引起人们的重视[8]。此外，布病的发病重心也呈现出由北方地区向西南方地区迁移的趋势[16,22]。Zhang M 等[16] 建立重心迁移模型研究中国布病发病重心的变化情况结果显示，布病的发病重心由北方地区向西南方地区迁移，累积移动距离为 752.35 km；郭珂宇等[22] 研究我国布病发病重心移动轨迹亦得出相似结论，发现布病发病重心向西南方向迁移。

近年来多项研究[8,11,14–15,18,23–24] 采用空间自相关分析、冷热点分析、时空扫描分析等方法分析中国布病空间分布的聚集性特征，发现布病在我国的空间分布存在一定的聚集性，其主要聚集区集中在北方大部分地区，且该聚集区位置相对稳定[11]。其中，北方地区的内蒙古自治区始终为高–高聚集区，内蒙古自治区及其邻近地区为布病高发地区；南方地区的浙江省、江西省、湖南省、广东省、贵州省始终为低–低聚集区[18]。此外，布病高发区呈现出扩张趋势，我国布病高发病率聚集区由 2004 年的 2 个省/自治区（内蒙古和山西）扩张到 2017 年的 6 个省/自治区（新疆、西藏、青海、宁夏、内蒙古和甘肃）[8]。

2　布病预测模型的研究及应用

2.1　*传播动力学模型*　易感–感染–易感（susceptible-infected-susceptible，SIS）模型和易感–感染–恢复（susceptible-infected-removed，SIR）模型是经典的传播动力学模型，其中 S 代表易感者类，I 代表感染者类，R 代表康复者类[25–26]。在 SIS 模型中，易感个体靠近感染个体会以一定的感染率系数被感染，感染个体会以一定的概率康复后变得易感；在 SIR 模型中，被感染的个体因为康复获得终身免疫力或者死亡进而被移出人群，该个体将变得不再易感[26]。疾病传播机理复杂，如，易感染人群一般具有潜伏期（E），因康复而获得免疫力的群体也有可能丧失免疫力等，进而衍生出易感–暴露–感染–恢复（susceptible-exposed-infected-removed，SEIR）、易感–感染–恢复–易感（susceptible-infected-removed-susceptible，SIRS）、易感–暴露–感染–无症状–恢复（susceptible-exposed-infected-asymptomatic-removed，SEIAR）等诸多模型[27–28]。在实际应用中，依据实际情况增添相应参数建立合适的动力学模型也可达到不同的研究目的。Zhang J 等[29] 建立易感–暴露–感染–环境中布鲁氏菌数量（susceptible-exposed-infected-the quantity of brucella in environment，SEIV）动力学模型对浙江省奶牛布病的发病进行了预测，其中，S 代表易感奶牛，E 代表暴露奶牛，I 代表感染奶牛，V 代表环境中布鲁氏菌的数量；该研究建立了确定性动力学模型和随机性动力学模型，应用确定性模型可以预测布病发病的一般趋势，由于感染奶牛和易感奶牛从外部的输入是随机的，因此会导致预测结果出现较大差异，但当系统达到稳定时，感染布病的奶牛数量将稳定在 1 500～2 000 头；此外，应用随机性模型亦可预测布病发病的病例范围，即未来 17 年感染布病的奶牛数量呈增长趋势且达到一个高峰值（约 2 700 头），随后降至 1 500 头，最终稳定在 1 700 头左右[29]。

2.2 差分自回归移动平均（autoregressive integrated moving average，ARIMA）模型 ARIMA 模型是时间序列分析中常用的模型，既可以预测疾病的发生，也可以分析疾病与可能影响因素之间的关系[30]。ARIMA 模型是在自回归移动平均（autoregressive moving average，ARMA）模型的基础上，通过对非平稳时间序列进行差分来消除非平稳性从而使模型能够更好地描述时间序列的动态变化。ARMA 模型是自回归（autoregressive，AR）模型和移动平均（moving average，MA）模型的综合，AR 模型表示观测值与过去值有关，即过去值会影响现在的观测值；MA 模型表示误差之间的相关性和随机项的加权平均值；ARIMA 模型可以捕捉时间序列的长期趋势和周期变化[31]。季节性差分自回归移动平均（seasonal autoregressive integrated moving average，SARIMA）模型是 ARIMA 的拓展，其包含了时间序列的季节特征，可以充分解释季节自相关性和趋势性[30]。多变量差分自回归移动平均（multivariable version ARIMA，ARIMAX）模型可以将其他时间序列信息作为外部变量，是多变量的模型，X 既可以是某些可能的影响变量，也可以是通过某种模型或算法筛选出的变量，从而实现该模型与 ARIMA 模型的组合，提高模型的预测性能[32]。Wang L L 等[33] 利用 2004—2013 年辽宁省锦州市布病的发病率数据构建 ARIMA 模型预测了 2005—2014 年布病的发病情况，该地区 2014 年布病发病率的实际值在预测值 95%*CI* 内，平均绝对误差百分比（mean absolute percentage error，MAPE）值为 19.83%，模型预测效果较好。Zhao C H 等[32] 利用 2011—2018 年布病发病率构建 ARIMA 模型，纳入与布病相关的百度搜索索引数据为协变量构建 ARIMAX 模型，预测 2019 年 1—5 月布病的发病率，通过比较均方根误差（root mean square error，RMSE）值比较 2 个模型的预测效果，结果显示 ARIMAX 模型的预测效果优于 ARIMA 模型。Cao L T 等[30] 利用河北省 2004—2014 年布病发病数据构建了 SARIMA 模型，然后将气象数据纳入 SARIMA 模型进一步构建多变量季节性差分自回归移动平均模型（multivariable version SARIMA，SARIMAX）进而预测 2015 年河北省布病的发病率，结果显示实际值在预测值 95%*CI* 内，MAPE 值为 22.28%，模型预测效果较好。

2.3 随机森林（random forest，RF）模型 RF 模型是非参数统计方法，可以处理分类和回归问题[34–35]，其基本单元是决策树，通过构建若干个决策树的集合对样本进行训练并预测，RF 模型通过对每棵树的预测结果进行平均（回归问题）或投票（分类问题）从而得到最终预测结果[36–37]。此外，RF 模型还可以捕捉非线性关系以提升预测模型的准确性。张睿等[37] 构 RF 和 SARIMA 模型预测中国布病的发病情况，其中 RF 模型拟合结果的 R^2 值高于 SARIMA 模型的 R^2 值，RMSE 值低于 SARIMA 模型，即随机森林的预测效果优于 SARIMA 模型。Shirmohammadi-Khorram N 等[35] 构建支持向量机（support vector machine，SCV）模型、RF 模型和多元自适应样条回归（multivariate adaptive regression splines，MARS）模型预测布病的发病数，通过对比 3 种模型的 RMSE、均方误差（mean absolute error，MAE）和 R^2 值发现，RF 模型对布病的预测效果最优。

2.4 极端梯度提升（eXtreme gradient boosting，XGBoost）模型 XGBoost 模型在分析非线性数据方面具有一定优势，且具有较高的预测性能[38]。其预测性能的提高主要体现在以下三方面：XGBoost 模型是分阶段进行构建的，可通过生成树进而减小目标函数的值；在目标函数中加入正则项降低模型过拟合程度；XGBoost 模型可提取数据集中的特征变量并纳入模型以提升模型的预测准确性[38–40]。XGBoost 模型的优点体现在不需要对数据进行预处理、运算速度快、特征提取完整、较好的拟合效果和预测精度高等优点[38]。Alim M 等[38] 构建 XGBoost 模型和 ARIMA 模型对布病发病情况进行短期预测，通过比较 MAE 值、RMSE 值和 MAPE 值可知，XGBoost 模型的预测效果优于 ARIMA 模型。Wen X H 等[41] 构建 XGBoost 模型预测布病的空间分布格局结果显示，最终模型的灵敏度为 0.94、特异度为 0.55、受试者工作特征曲线下面积（area under curve，AUC）值为 0.85，模型的预测效能较好。

2.5 广义加性混合模型（generalized additive mixed model，GAMM） 广义线性模型（generalized linear model，GLM）在拟合非线性关系和非单调关系方面存在一定的局限性，广义相加模型（generalized additive model，GAM）可通过平滑函数分析变量之间的非线性关系[42]，但这 2 种模型应用的前提条件均为因变量是独立的[43]，然而具有时间序列特征的传染病数据之间存在一定的自相关性，因此 GLM 和 GAM 不满足模型应用的前提条件，不适用于传染病的时间序列研究。GAMM 在 GAM 的基础上增添了随机效应，在广义线性混合模型（generalized linear mixed model，GLMM）的基础上增添了平滑函数项，且 GAMM 能够较好地控制残差自相关性，因此，GAMM 既可以分析非线性关系也可以分析随机效应，且对于因变量的分布不作严格要求[42–43]。Yang Z R 等[44] 利用陕西省 2005—2018 年布病发病数据和气象数据构建 GAMM 预

测陕北高原和关中盆地布病的发病情况，其预测效果较好。

3 预测模型的优化策略

3.1 构建组合模型　单一的预测模型在疾病预测方面会存在一些无法避免的缺陷，从而导致无法达到研究目的。此时，可以综合考虑数据类型和研究目的，选择≥2 种模型构建组合模型，进而提高模型的预测精度。

3.2 融合多元数据　在构建布病的预测模型时可以考虑增加数据的纬度，数据可不局限于发病信息如病例数、发病率，还可以纳入气候因素、畜牧业因素和社会经济因素等[45]。此外，还可以考虑纳入互联网搜索引擎数据和社交媒体数据等[46]，融合多方面数据构建预测模型以提升预测模型的早期预警能力。

3.3 充分利用数据的时空信息　研究表明，仅使用时间数据构建预测模型无法确定疾病发病的高风险地区，仅使用空间数据构建预测模型不能提供疾病的时间动力学分析[45]。时空预测模型同时包含时间信息和空间信息，可以对中国各地区疾病的时间动态变化做出早期预警，今后可考虑构建贝叶斯时空预测模型等对我国各地区布病发病的动态变化做出早期预警，以加强我国对布病的综合防控能力。

4 小结和展望

布病影响范围广泛，处置不及时会严重危害人体健康且造成巨大的社会经济损失，因此应了解布病的时空流行特征并在发病高峰期对布病重点地区加强防控以减轻布病可能造成的危害。此外，中国南方地区布病发病率持续上升，主要原因为：一是外地布病病例的输入以及从北方牧区输入的受污染农畜产品和受布病感染的牲畜，从而导致南方地区布病发病率的增加；二是随着经济的发展，人们对于农畜产品的需求量增加，这在一定程度上促进了农畜产品从外部输入，进而增加了布病感染的风险；三是随着南方地区近年来畜牧业的发展，南方本地散养户养殖畜牧业的数量增加、缺乏检疫免疫相关的知识和技术和传染源未及时处理等均会导致南方地区布病发病风险的增加[47]。因此，南方地区应当采取相应的措施以加强对布病的防控。

应用数学模型预测布病的流行情况可以有效掌握布病的发病趋势，有助于作出早期预警，将布病造成的危害降到最低，因此布病预测模型可作为传统布病监测的重要补充以提升我国对布病的防控能力。随着人工智能的快速发展，使得疾病预测的智能化成为可能。大数据具有实时性高和数据量丰富等特点，未来可考虑在布病的预测中纳入搜索引擎中的搜索数据如社交媒体数据、气候数据和人口流动等多源数据，同时纳入医疗系统中的电子病例等相关信息，结合互联网数据和传统数据采用多种人工智能算法的组合对布病流行情况进行实时预测，进一步提升预测模型的准确性[48]。

参考文献

[1] 余小娟, 李亚飞, 杜琰. 河南省 121 例布鲁氏菌病未成年患者感染方式及临床特征分析 [J]. 中国初级卫生保健, 2024, 38(7): 56-59.

[2] 谢文静, 李洁, 黄文军, 等. 人畜共患布鲁氏菌病的综合防治措施 [J]. 江西畜牧兽医杂志, 2023(3): 41-43.

[3] Shakir R. Brucellosis[J]. Journal of the Neurological Sciences, 2021, 420: 117280.

[4] Tao Z F, Chen Q L, Chen Y S, et al. Epidemiological characteristics of human brucellosis–China, 2016–2019[J]. China CDC Weekly, 2021, 3(6): 114-119.

[5] Jiang W H, Chen J W, Li Q, et al. Epidemiological characteristics, clinical manifestations and laboratory findings in 850 patients with brucellosis in Heilongjiang Province, China[J]. BMC Infectious Diseases, 2019, 19(1): 439.

[6] Jiang H, O'Callaghan D, Ding J B. Brucellosis in China: history, progress and challenge[J]. Infectious Diseases of Poverty, 2020, 9(1): 55.

[7] Lai S J, Chen Q L, Li Z J. Human brucellosis: an ongoing global health challenge[J]. China CDC Weekly, 2021, 3(6): 120-123.

[8] Peng C, Li Y J, Huang D S, et al. Spatial-temporal distribution of human brucellosis in China′s mainland from 2004 to 2017 and an analysis of social and environmental factors[J]. Environmental Health and Preventive Medicine, 2020, 25(1): 1.

[9] 董帅兵, 姜海, 王丽萍. 我国布鲁氏菌病监测研究与实践进展 [J]. 中华流行病学杂志, 2019, 40(7): 870-874.

[10] Sun G Q, Li M T, Zhang J, et al. Transmission dynamics of brucellosis: mathematical modelling and applications in China[J]. Computational Structuralogy Biotechnology Journal, 2020, 18: 3843-3860.

[11] Liang P F, Zhao Y, Zhao J H, et al. Human distribution and spatial-temporal clustering analysis of human brucellosis in China from 2012 to 2016[J]. Infectious Diseases of Poverty, 2020, 9(1): 142.

[12] Guan P, Wu W, Huang D. Trends of reported human brucellosis cases in China′s mainland from 2007 to 2017: an exponential smoothing time series analysis[J]. Environmental Health and Preventive Medicine, 2018, 23(1): 23.

[13] Liang D Y, Liu D, Yang M, et al. Spatiotemporal distribution of human brucellosis in Inner Mongolia, China, in 2010–2015, and influencing factors[J]. Scientific Reports, 2021, 11(1): 24213.

[14] Yang H M, Chen Q L, Li Y, et al. Epidemic characteristics, high-risk areas and space-time clusters of human brucellosis–China, 2020–2021[J]. China CDC Weekly, 2023, 5(1): 17-22.

[15] Wang T, Wang X, Tie P, et al. Spatio-temporal cluster and distribution of human brucellosis in Shanxi Province of China between 2011 and 2016[J]. Scientific Reports, 2018, 8(1): 16977.

[16] Zhang M, Chen X R, Bu Q Q, et al. Spatiotemporal dynamics and influencing factors of human brucellosis in Mainland China from 2005-2021[J]. BMC Infectious Diseases, 2024, 24(1): 76.

[17] 张夏男, 张洪伟, 叶萌, 等. 我国南北方 2004—2017 年布鲁氏菌病

发病趋势的 Joinpoint 回归分析 [J]. 中国人兽共患病学报, 2020, 36(9): 758-762.

[18] Sun Z X, Wang Y, Li Y J, et al. Socioeconomic, meteorological factors and spatiotemporal distribution of human brucellosis in China between 2004 and 2019-A study based on spatial panel model[J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2023, 17(11): e0011765.

[19] Lai S J, Zhou H, Xiong W Y, et al. Changing epidemiology of human brucellosis, China, 1955–2014[J]. Emerging Infectious Diseases, 2017, 23(2): 184-194.

[20] Li Y J, Li X L, Liang S, et al. Epidemiological features and risk factors associated with the spatial and temporal distribution of human brucellosis in China[J]. BMC Infectious Diseases, 2013, 13: 547.

[21] Chen H, Lin M X, Wang L P, et al. Driving role of climatic and socioenvironmental factors on human brucellosis in China: machine-learning-based predictive analyses[J]. Infectious Diseases of Poverty, 2023, 12(1): 36.

[22] 郭珂宇, 关鹏, 单连峰, 等. 2013 至 2021 年我国人布鲁氏菌病发病重心轨迹特征分析 [J]. 中国医科大学学报, 2023, 52(8): 680-683.

[23] Chen Q L, Lai S J, Yin W W, et al. Epidemic characteristics, high-risk townships and space-time clusters of human brucellosis in Shanxi Province of China, 2005–2014[J]. BMC Infectious Diseases, 2016, 16(1): 760.

[24] Zhang N, Fang X Y, Zhou W Z, et al. Epidemiological characteristics and temporal-spatial clustering analysis on human brucellosis in Jiangsu Province, 2006–2021[J]. Scientific Reports, 2023, 13(1): 20024.

[25] 白朵, 贺静敏, 王爱丽. 病毒携带人群影响手足口病传播的数学模型及动力学分析 [J]. 武汉大学学报: 理学版, 2024, 70(4): 526-538.

[26] 余艳妮, 聂绍发, 廖青, 等. 传染病预测及模型选择研究进展 [J]. 公共卫生与预防医学, 2018, 29(5): 89-92.

[27] 卢文奎, 苏成豪, 陈田木, 等. 厦门市流行性腮腺炎的季节性传播动力学特征分析 [J]. 中国卫生统计, 2023, 40(3): 389-392.

[28] 董庆来, 周楚钰, 刘聘. 一类具有时滞的 COVID-19 动力学模型及传播预测 [J]. 甘肃科学学报, 2023, 35(4): 1-8.

[29] Zhang J, Sun G Q, Sun X D, et al. Prediction and control of brucellosis transmission of dairy cattle in Zhejiang Province, China [J]. PLoS One, 2014, 9(11): e108592.

[30] Cao L T, Liu H H, Li J, et al. Relationship of meteorological factors and human brucellosis in Hebei province, China[J]. Science of the Total Environment, 2020, 703: 135491.

[31] Wu W, An S Y, Guan P, et al. Time series analysis of human brucellosis in China′s mainland by using Elman and Jordan recurrent neural networks[J]. BMC Infectious Diseases, 2019, 19(1): 414.

[32] Zhao C H, Yang Y H, Wu S Y, et al. Search trends and prediction of human brucellosis using Baidu index data from 2011 to 2018 in China[J]. Scientific Reports, 2020, 10(1): 5896.

[33] Wang L L, Liang C, Wu W, et al. Epidemic situation of brucellosis in Jinzhou City of China and prediction using the ARIMA model[J]. Canadian Journal of Infectious Diseases and Medical Microbiology, 2019, 2019: 1429462.

[34] Bagheri H, Tapak L, Karami M, et al. Epidemiological features of human brucellosis in Iran (2011–2018) and prediction of brucellosis with data-mining models[J]. Journal of Research in Health Sciences, 2019, 19(4): e00462.

[35] Shirmohammadi-Khorram N, Tapak L, Hamidi O, et al. A comparison of three data mining time series models in prediction of monthly brucellosis surveillance data[J]. Zoonoses and Public Health, 2019, 66(7): 759-772.

[36] 操龙挺. 基于机器学习方法的布鲁氏菌病预测研究 [D]. 合肥: 安徽医科大学, 2020.

[37] 张睿, 王晓风, 张业武, 等. 随机森林和 SARIMA 模型预测我国布鲁氏菌病发病率效果研究 [J]. 公共卫生与预防医学, 2022, 33(1): 1-5.

[38] Alim M, Ye G H, Guan P, et al. Comparison of ARIMA model and XGBoost model for prediction of human brucellosis in China′s mainland : a time-series study[J]. BMJ Open, 2020, 10(12): e039676.

[39] Meng D L, Xu J, Zhao J J. Analysis and prediction of hand, foot and mouth disease incidence in China using Random Forest and XGBoost [J]. PLoS One, 2021, 16(12): e0261629.

[40] 米尔夏提江·阿力木. 使用 XGBoost 机器学习方法预测辽宁省人间布鲁氏菌病发病的研究 [D]. 沈阳: 中国医科大学, 2021.

[41] Wen X H, Wang Y, Shao Z J. The spatiotemporal trend of human brucellosis in China and driving factors using interpretability analysis [J]. Scientific Reports, 2024, 14(1): 4880.

[42] Oviedo M, Domínguez Á, Pilar Muñoz M. Estimate of influenza cases using generalized linear, additive and mixed models[J]. Human Vaccines and Immunotherapeutics, 2015, 11(1): 298-301.

[43] Abdul Wahid N A, Suhaila J, Rahman H A. Effect of climate factors on the incidence of hand, foot, and mouth disease in Malaysia: a generalized additive mixed model[J]. Infectious Disease Modelling, 2021, 6: 997-1008.

[44] Yang Z R, Pang M M, Zhou Q Y, et al. Spatiotemporal expansion of human brucellosis in Shaanxi Province, Northwestern China and model for risk prediction[J]. PeerJ, 2020, 8: e10113.

[45] Racloz V, Ramsey R, Tong S L, et al. Surveillance of dengue fever virus: a review of epidemiological models and early warning systems [J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2012, 6(5): e1648.

[46] 林梦宣, 陈辉, 宋宏彬, 等. 基于互联网大数据的传染病预测预警研究进展 [J]. 中国公共卫生, 2021, 37(10): 1478-1482.

[47] 施玉静, 赖圣杰, 陈秋兰, 等. 我国南北方 2015—2016 年人间布鲁氏菌病流行特征分析 [J]. 中华流行病学杂志, 2017, 38(4): 435-440.

[48] 徐亮, 阮晓雯, 李弦, 等. 人工智能在疾病预测中的应用 [J]. 自然杂志, 2018, 40(5): 349-354.