

毕业论文

基于物理先验与符号回归的气候驱动 登革热 SEIR 建模及多城市验证

Climate-Driven Dengue SEIR Modeling
Based on Physics-Informed Priors and Symbolic Regression
with Multi-City Validation

学 院： 公共卫生学院

专 业： 流行病与卫生统计学

研究方向： 传染病建模与预测

2025 年 6 月

摘要

登革热是全球最严重的蚊媒传染病之一，中国南方尤其广东省是国内最主要的流行区域。理解气候因素如何驱动蚊媒种群动态和登革热传播，对于建立早期预警系统和制定精准防控策略具有重要意义。然而，传统机制模型往往依赖先验假设固定传播率函数形式，难以从数据中自动发现最优的气候–传播率关系；纯数据驱动的机器学习方法则存在可解释性不足和小样本坍塌的瓶颈。

本文提出一种“符号回归蚊媒公式 + Brière 物理先验 SEIR 动力学 + 多城市联合校准”的混合建模框架，旨在兼顾机制可解释性与空间泛化能力。

研究分为三个部分。第一部分以广东省 6 个有布雷图指数 (BI) 监测数据的城市为训练集 (218 个样本)，通过神经网络 + PySR 符号回归发现蚊媒密度公式 $\hat{M} = \frac{7.36\sqrt{T}}{T_m} - \frac{12.80}{H} - \frac{64.08}{H_m + \sqrt{R_m + R}}$ ，包含温度、湿度和降水三个气候因素，留一城市交叉验证 (LOCO CV) 均值 Pearson $r = 0.493$ ，6 个城市中 5 个 $r > 0.5$ 。

第二部分以广州市为核心 (2005–2019 年月度数据)，采用 Brière 函数 $\beta'(T) = cT(T - T_{\min})\sqrt{T_{\max} - T}$ 建模传播率的温度依赖性，耦合 SEIR 仓室模型进行病例预测。通过差分进化优化获得最优参数 ($T_{\min} = 14.9^\circ\text{C}$, $T_{\max} = 42.0^\circ\text{C}$, $T_{\text{opt}} = 35.5^\circ\text{C}$)，广州拟合 Spearman $\rho = 0.813$ 、对数 $R^2 = 0.855$ ；留一年交叉验证 (LOYO CV) 爆发年均值 $\rho = 0.798$ 。随后通过共享 Brière 参数 + 逐城市 η 校准迁移至 16 城，月度均值 $\rho = 0.531$ 、 $R_{\log}^2 = 0.656$ ；2014 年度排名 $\rho = 0.938$ 。利用 2020–2026 年广州新 BI 监测数据进行独立时间外验证，Brière $\beta'(T)$ 与观测 BI 的 Pearson $r = 0.782$ 、季节性相关 $r = 0.919$ ，证实模型的时间泛化能力。

第三部分以纯数据驱动的神经网络 β 方法作为对比实验，发现其在 180 个月度样本 (64% 为低/零病例月) 条件下发生模式坍塌 (β_{NN} 变异系数仅 1.17%)，反衬了物理先验方法在小样本传染病建模中的必要性。

本研究的主要创新包括：(1) 提出“PySR 蚊媒公式 + Brière 物理先验 + SEIR 动力学”的可解释混合建模框架；(2) 通过共享物理参数 + 逐城市校准的两阶段策略实现 16 城空间迁移；(3) 利用独立时间外数据 (2020–2026) 验证模型泛化能力；(4) 系统对比物理先验与纯数据驱动方法，揭示小样本条件下物理先验的优势。

关键词：登革热；SEIR 模型；Brière 函数；符号回归；蚊媒密度；广东省；多城市验证；时间外验证

Abstract

Dengue fever is one of the most severe mosquito-borne infectious diseases globally. Southern China, especially Guangdong Province, is the primary endemic region in the country. Understanding how climatic factors drive mosquito population dynamics and dengue transmission is crucial for establishing early-warning systems and formulating targeted control strategies. However, traditional mechanistic models rely on *a priori* assumptions to fix the functional form of the transmission rate, while purely data-driven machine learning approaches suffer from mode collapse under small-sample conditions.

This thesis proposes a hybrid modeling framework—“Symbolic Regression Mosquito Formula + Physics-Informed Brière SEIR Dynamics + Multi-City Joint Calibration”—that balances mechanistic interpretability with spatial generalizability.

The study is organized into three parts. Part I uses 6 cities with Breteau Index (BI) monitoring data (218 samples) to discover the mosquito density formula $\hat{M} = \frac{7.36\sqrt{T}}{T_m} - \frac{12.80}{H} - \frac{64.08}{H_m + \sqrt{R_m + R}}$, incorporating temperature, humidity, and precipitation, through neural network + PySR symbolic regression, with leave-one-city-out cross-validation (LOCO CV) mean Pearson $r = 0.493$ (5/6 cities $r > 0.5$).

Part II centers on Guangzhou (2005–2019 monthly data), employing the Brière function $\beta'(T) = cT(T - T_{\min})\sqrt{T_{\max} - T}$ to model the temperature dependence of the transmission rate, coupled with an SEIR compartmental model for case prediction. Differential evolution optimization yields optimal parameters ($T_{\min} = 14.9^\circ\text{C}$, $T_{\max} = 42.0^\circ\text{C}$, $T_{\text{opt}} = 35.5^\circ\text{C}$), with Guangzhou fit Spearman $\rho = 0.813$ and log-scale $R^2 = 0.855$; leave-one-year-out CV (LOYO CV) outbreak-year mean $\rho = 0.798$. The model is then transferred to 16 cities via shared Brière parameters + per-city η calibration, achieving monthly mean $\rho = 0.531$, $R_{\log}^2 = 0.656$, and 2014 annual ranking $\rho = 0.938$. Independent temporal-external validation using 2020–2026 Guangzhou BI data yields Brière $\beta'(T)$ vs. observed BI Pearson $r = 0.782$ and seasonal $r = 0.919$, confirming temporal generalizability.

Part III conducts a comparative experiment using a purely data-driven neural network β approach, revealing mode collapse (β_{NN} coefficient of variation only 1.17%) under 180 monthly samples (64% low/zero-case months), underscoring the necessity of physics-informed priors in small-sample infectious disease modeling.

Key innovations include: (1) a “PySR mosquito formula + Brière physical prior + SEIR dynamics” interpretable hybrid framework; (2) a two-stage spatial transfer strategy via shared physical parameters + per-city calibration across 16 cities; (3) independent temporal-external validation using 2020–2026 data; (4) systematic comparison of physics-informed vs. data-driven approaches, revealing the advantage of physical priors under small-sample conditions.

Keywords: Dengue fever; SEIR model; Brière function; Symbolic regression; Mosquito density; Guangdong Province; Multi-city validation; Temporal-external validation

目录

摘要	I
Abstract	II
1 前言	1
1.1 登革热全球与中国流行概况	1
1.2 气候因素与蚊媒传播	1
1.3 蚊媒密度监测与布雷图指数	2
1.4 传染病动力学模型	3
1.5 传播率的温度依赖性: Brière 函数	3
1.6 符号回归与知识蒸馏	4
1.7 物理先验与数据驱动方法的对比	4
1.8 研究目标与创新点	5
1.9 全文结构	6
2 第一部分: 气候驱动蚊媒密度公式发现	6
2.1 引言	6
2.2 数据与方法	6
2.2.1 布雷图指数数据	6
2.2.2 气象数据	7
2.2.3 城市内归一化	7
2.2.4 神经网络预训练	8
2.2.5 PySR 符号回归	8
2.3 结果	8
2.3.1 神经网络拟合	8
2.3.2 符号回归公式发现	8
2.3.3 响应曲面分析	9
2.3.4 留一城市交叉验证	9
2.4 讨论	10
3 第二部分: Brière-SEIR 动力学建模与多城市验证	11
3.1 引言	11
3.2 数据与方法	11
3.2.1 广州市数据	11
3.2.2 Brière 传播率模型	12
3.2.3 感染池气候传播模型	12

目录	V
3.2.4 评估指标体系	13
3.2.5 16 城数据概况	13
3.2.6 两阶段迁移策略	14
3.2.7 量级校准方法	15
3.2.8 评估策略	15
3.2.9 外部时间验证数据	16
3.3 结果	16
3.3.1 Brière 传播率参数	16
3.3.2 广州拟合与交叉验证	17
3.3.3 逐城市 η 校准结果	18
3.3.4 16 城月度预测	18
3.3.5 年度排名验证	20
3.3.6 改进前后对比	21
3.3.7 低发病城市分析	22
3.3.8 外部时间验证	22
3.4 讨论	24
4 第三部分：物理先验与数据驱动方法对比	26
4.1 引言	26
4.2 方法	26
4.2.1 β 反演	26
4.2.2 NN β 预测模型	26
4.2.3 评估框架	27
4.3 结果	27
4.3.1 模式坍缩现象	27
4.3.2 坍缩机制分析	27
4.4 讨论	28
5 总结与展望	28
5.1 主要结论	28
5.2 创新点总结	29
5.3 局限性分析	29
5.4 未来展望	30
参考文献	31
致谢	37

1 前言

1.1 登革热全球与中国流行概况

登革热 (Dengue Fever) 是由登革病毒 (DENV, 分为 DENV-1 至 DENV-4 四个血清型) 引起的急性蚊媒传染病, 主要通过埃及伊蚊 (*Aedes aegypti*) 和白纹伊蚊 (*Aedes albopictus*) 叮咬传播。Bhatt 等^[2] 估计全球每年约 3.9 亿登革病毒感染, 其中约 9600 万表现出临床症状。世界卫生组织^[3] 指出, 过去二十年间登革热报告病例数增长了八倍以上, 从 2000 年的 50 万例升至 2023 年的超过 600 万例, 已成为热带和亚热带地区最严峻的公共卫生挑战之一。Messina 等^[1] 利用全球尺度的统计模型预测, 到 2080 年气候变化和城市化将使全球约 63 亿人面临登革热风险, 较 2015 年增加约 22 亿人。

中国大陆的登革热疫情以境外输入和本地暴发交替为特征, 流行区域主要集中在广东、云南、浙江等南方省份^[5]。其中广东省是中国大陆登革热负担最重的省份, 历史上多次出现大规模暴发: 2014 年广东省报告超过 45,000 例, 广州市单城报告逾 37,000 例, 创下历史纪录^[6]。Yue 等^[4] 的系统综述表明, 自 2004 年以来广东省贡献了全国超过 70% 的登革热报告病例, 年度病例数呈波动性上升趋势, 暴发间隔呈缩短趋势。这一流行模式与该地区亚热带季风气候、高度城市化、人口密集以及频繁的国际人员流动密切相关。

从血清型分布来看, 广东省历年暴发中 DENV-1 最为常见, 但也检测到 DENV-2、DENV-3 和 DENV-4 的输入性和本地传播病例^[6]。值得注意的是, 由于不同血清型之间仅存在短暂的交叉免疫保护, 二次感染可能导致更严重的登革出血热 (DHF) 和登革休克综合征 (DSS), 给公共卫生系统带来额外压力^[7]。

近年来, 全球气候变暖、极端天气事件增加以及“一带一路”倡议下国际贸易与旅游的扩大, 进一步加剧了登革热北扩和暴发频次增加的风险。DeSouza 等^[8] 指出, 2023–2024 年全球登革热病例再创历史新高, 部分与厄尔尼诺现象引发的异常高温和强降水有关。在中国语境下, 气候变化、城市扩张和蚊媒分布北移的叠加效应使得登革热防控面临前所未有的挑战, 亟需建立基于机制理解的精准预测与早期预警体系。

1.2 气候因素与蚊媒传播

登革热的传播强度受到多种气候因素的共同影响, 其中温度、降水和湿度是最关键的三个变量。这些气候因素通过影响蚊媒的生存、繁殖、发育速率以及病毒在蚊体内的外潜伏期 (Extrinsic Incubation Period, EIP), 从而间接调控登革热的传播强度。

温度是影响登革热传播的核心气候因素。Mordecai 等^[12] 的全面实验研究表明, 蚊媒传播能力 (以基本再生数 R_0 的组分度量) 对温度呈单峰响应, 最优传播温度约为 29°C。在此温度下, 蚊虫叮咬率最高、病毒外潜伏期最短、蚊虫存活率最大, 三者的乘积效应使传播能力达到峰值。当温度低于约 18°C 或高于约 34°C 时, 传播能力显著下降^[34]。Shapiro 等^[9] 和 Lambrechts 等^[10] 进一步指出, 温度日较差 (Diurnal Temperature Range, DTR) 对传播强度也有重要影响: 在接近最适温度时, 较大的 DTR 会降低传播

能力；而在偏低温度条件下，适度的 DTR 反而可能增强传播。Kamiya 等^[11] 的荟萃分析确认了温度对蚊媒传染病传播的非线性调控作用在全球不同地理区域具有一致性。

降水对登革热的影响具有双重性。一方面，适量降水为伊蚊提供了繁殖所需的积水容器（如废弃轮胎、花盆托盘、建筑工地积水等），增加幼虫孳生地数量，从而提高成蚊密度^[37]。另一方面，极端强降水可能冲刷幼虫孳生地，导致蚊虫密度短暂下降^[8]。Xu 等^[64] 对广州的研究发现，降水对登革热的影响存在约 1–2 个月的滞后效应，反映了从降水到积水形成、幼虫发育、成蚊羽化再到病毒传播的完整生态链条。此外，降水的时间分布模式（如连续小雨 vs. 间歇性暴雨）对蚊虫孳生的影响也存在差异，但目前的月度分辨率数据难以捕捉这种细粒度效应。

相对湿度主要通过影响成蚊存活率和飞行活动能力来调控传播强度。高湿度环境有利于蚊虫存活和活动，而低湿度条件下蚊虫脱水死亡率增加^[64]。Xu 等^[64] 的研究表明，广州地区相对湿度与登革热发病率呈正相关，但其独立效应弱于温度。值得注意的是，温度、降水和湿度之间存在较强的共线性（如高温季节通常伴随高湿度和多降水），这给单独量化各因素的独立贡献带来了统计学挑战。

除上述三个核心气候变量外，风速、日照时数、蒸发量等因素也可能影响蚊媒活动和病毒传播，但其效应相对较弱且研究证据不够充分。本研究聚焦于温度、降水和相对湿度三个变量，这与大多数登革热气候建模研究的变量选择一致。

值得强调的是，气候因素对登革热传播的影响并非简单的线性关系，而是通过复杂的非线性机制发挥作用。首先，温度对蚊虫生命周期各阶段的影响存在不同的最适温度和阈值温度，这些效应的叠加产生了传播能力对温度的非对称单峰响应。其次，气候因素之间存在交互效应——例如，高温高湿条件下蚊虫活动最为活跃，而高温低湿条件下蚊虫存活率显著下降。第三，气候因素对传播强度的影响存在时间滞后，从气候条件变化到蚊虫种群响应再到人群感染，通常需要数周到数月的时间。这些非线性特征使得传统的线性统计模型难以准确捕捉气候–传播率关系，需要引入具有非线性建模能力的方法。

此外，城市热岛效应对登革热传播也有重要影响。城市中心区域的温度通常比郊区高 2–5°C，这种温度差异可能导致城市中心的传播季节更长、传播强度更高。广州作为超大城市，其热岛效应尤为显著，这也是广州成为广东省登革热负担最重城市的原因之一。然而，由于本研究使用的是气象站点数据而非空间分辨率更高的遥感温度数据，城市内部的温度空间异质性未能被充分捕捉，这是未来研究可以改进的方向。

1.3 蚊媒密度监测与布雷图指数

蚊媒密度是连接气候因素与登革热传播的关键中间变量。在实际监测中，布雷图指数（Breteau Index, BI）是最广泛使用的伊蚊幼虫密度指标，定义为每百户调查中发现的阳性容器数。世界卫生组织将 $BI \geq 20$ 作为登革热暴发风险的警戒阈值。

然而，BI 数据在实际应用中面临诸多挑战。首先，BI 监测需要大量人力进行入

户调查，覆盖范围和时间连续性受限。在中国，仅部分城市建立了系统性的 BI 监测网络，且监测频率和方法标准在不同城市间存在差异。其次，BI 反映的是幼虫密度而非成蚊密度，两者之间的转化受到温度、容器类型、天敌等多种因素的影响。第三，不同城市的 BI 基线水平差异显著——本研究中 6 个有 BI 数据的城市，BI 均值从东莞的 2.6 到广州的 8.7 不等，最大/最小比达 3.3 倍，这种差异反映了城市化水平、居住环境、防控力度等非气候因素的影响。

鉴于 BI 数据的稀缺性和异质性，本研究采用两种互补策略：(1) 利用有 BI 数据的 8 个城市训练蚊媒密度的气候驱动公式，通过城市内归一化消除基线差异；(2) 在传播率建模中采用具有昆虫学物理先验的 Brière 函数，减少对 BI 数据的直接依赖。

1.4 传染病动力学模型

仓室模型 (Compartmental Models) 是传染病动力学建模的经典框架，将人群划分为若干互斥的流行病学状态 (仓室)，用微分方程描述个体在仓室间的转移速率。对于登革热，最常用的是 SEIR 模型，将人群分为易感者 (S)、潜伏者 (E)、感染者 (I) 和恢复者 (R) 四个仓室^[7]。

在登革热建模中，传播率 β 不是常数，而是受气候因素调控的时变参数。如何建模 $\beta(t)$ 与气候变量的关系，是登革热预测研究的核心科学问题之一。传统方法通常假设 β 为温度的某种参数化函数 (如高斯函数、多项式等)，但这种先验假设可能与真实的生物学机制不符^[37]。近年来，研究者开始探索利用昆虫学实验数据约束传播率函数形态的方法，其中 Brière 函数因其明确的生物学基础而受到广泛关注。

1.5 传播率的温度依赖性：Brière 函数

昆虫的发育速率、叮咬频率和存活率均对温度呈非线性响应。Brière 等^[65] 提出了一种描述昆虫发育速率温度依赖性的经验函数：

$$r(T) = cT(T - T_{\min})\sqrt{T_{\max} - T} \quad (1)$$

其中 c 为尺度参数， T_{\min} 为发育温度下限， T_{\max} 为发育温度上限。该函数在 $T < T_{\min}$ 或 $T > T_{\max}$ 时取零值，在两者之间呈不对称的单峰形态，最优温度 T_{opt} 偏向 T_{\max} 一侧。

Brière 函数在蚊媒传染病建模中得到了广泛应用。Mordecai 等^[34] 利用 Brière 函数拟合了白纹伊蚊和埃及伊蚊的多个生命史参数 (叮咬率、产卵率、幼虫发育速率、成蚊存活率等) 对温度的响应曲线，并将这些组分整合为温度依赖的基本再生数 $R_0(T)$ 。Johnson 等^[66] 系统比较了 Brière 函数与其他温度响应函数 (如 Lactin 函数、Sharpe-DeMichele 模型等)，发现 Brière 函数在拟合精度和参数可解释性之间取得了良好的平衡。

在本研究中，Brière 函数被用于建模传播率 $\beta'(T)$ 的温度依赖性。与纯数据驱动

的神经网络方法相比，Brière 函数具有以下优势：(1) 仅需 3 个参数 (c, T_{\min}, T_{\max})，在小样本条件下不易过拟合；(2) 参数具有明确的生物学含义，可与实验室数据交叉验证；(3) 函数形态由昆虫学理论约束，避免了数据驱动方法可能出现的非物理行为（如模式坍塌）。

1.6 符号回归与知识蒸馏

符号回归 (Symbolic Regression, SR) 是一种从数据中自动发现数学表达式的机器学习方法。与传统回归方法（预设函数形式、仅优化参数）不同，符号回归同时搜索函数的结构和参数，输出人类可读的闭合公式。Cranmer 等^[59] 开发的 PySR 是目前最先进的符号回归工具之一，基于多种群遗传编程算法，支持自定义运算符和约束条件。

在传染病建模领域，符号回归的应用尚处于起步阶段。Zhang 等^[48] 在 2024 年 *PLOS Computational Biology* 发表了将符号回归应用于传染病模型参数发现的开创性工作——通过将蚊媒种群动力学模型耦合神经网络，有效揭示了伊蚊产卵率和温度、降水之间的关系，并使用符号回归确定最优函数表达式。然而，该方法面临以下挑战：(1) 直接在高维表达式空间中搜索计算成本极高；(2) 缺乏利用先验物理知识引导搜索的机制。

本研究采用“神经网络预训练 + 符号回归蒸馏”的两阶段策略：首先用神经网络学习气候变量到蚊媒密度的非线性映射，然后在神经网络生成的蒸馏数据上运行符号回归。这种策略的优势在于：(1) 神经网络可以在有噪声的真实数据上学习平滑的映射关系；(2) 符号回归在干净的蒸馏数据上搜索，降低了搜索难度和计算成本；(3) 最终输出的闭合公式兼具数据适应性和可解释性。

1.7 物理先验与数据驱动方法的对比

在传染病建模中，物理先验方法 (Physics-Informed) 和纯数据驱动方法 (Data-Driven) 代表了两种不同的建模哲学。物理先验方法利用已知的生物学、流行病学知识约束模型结构，减少需要从数据中学习的自由度；纯数据驱动方法则让模型自由学习数据中的模式，不施加先验约束。

Raissi 等^[67] 提出的物理信息神经网络 (Physics-Informed Neural Networks, PINNs) 是将物理先验融入深度学习的代表性工作，通过在损失函数中加入物理方程的残差项，使神经网络的预测满足已知的物理定律。在传染病建模中，类似的思路已被用于将 SEIR 动力学约束融入神经网络训练^[68]。

然而，纯数据驱动方法在小样本条件下面临严峻挑战。当训练数据量有限且分布高度偏斜时（如登革热月度数据中大量零病例月），神经网络容易出现“模式坍塌” (Mode Collapse) ——即模型退化为预测常数值，因为这在偏斜分布下可以最小化平均损失。Holm^[43] 在 *Science* 上指出，黑箱模型在科学应用中的可解释性问题不容忽视，尤其是在需要机制理解的公共卫生决策场景中。

本研究通过系统对比 Brière 物理先验方法和 NN 纯数据驱动方法，为传染病建模中的方法选择提供实证依据。具体而言，在相同的数据条件下（广州 180 个月度样本，64% 为低/零病例月），比较两种方法在拟合精度、交叉验证、空间迁移和时间泛化等维度上的表现差异。

1.8 研究目标与创新点

基于上述研究背景，本文的核心研究目标为：

1. 建立基于 Brière 温度响应函数的登革热传播率模型，利用物理先验约束传播率的函数形态，避免小样本条件下的模式坍缩问题。
2. 通过神经网络 + 符号回归的知识蒸馏策略，从气候数据中发现可解释的蚊媒密度公式，为传播率模型提供蚊媒密度输入。
3. 设计共享物理参数 + 逐城市校准的两阶段迁移策略，将单城市模型推广至广东省 16 个地级市，验证模型的空间泛化能力。
4. 利用 2020–2026 年独立时间外数据验证模型的时间泛化能力，评估模型在训练期外的预测稳定性。
5. 系统对比物理先验方法与纯数据驱动方法，揭示小样本传染病建模中物理先验的优势。

本研究的主要创新点包括：

1. **物理先验混合建模框架**：提出“Brière 物理先验 + PySR 蚊媒公式 + SEIR 动力学”的可解释混合框架，克服了传统 SEIR 模型依赖先验函数形式的局限，同时避免了纯数据驱动方法的模式坍缩问题。
2. **可解释蚊媒密度公式**：通过 NN+PySR 符号蒸馏从 6 城 BI 监测数据中发现包含温度、湿度和降水三因素的蚊媒密度公式，采用城市内归一化策略消除城市间基线差异，使公式聚焦于气候驱动的季节性相对变化，LOCO CV 均值 Pearson $r = 0.597$ ，4/6 城市 $r > 0.5$ 。
3. **两阶段空间迁移策略**：共享 Brière 物理参数（蚊虫温度生理特性）+ 逐城市 η 校准（非气候因素差异），在保持物理一致性的同时适应城市间异质性。
4. **独立时间外验证**：首次利用 2020–2026 年新 BI 监测数据对登革热传播率模型进行独立时间外验证，季节性相关 $r = 0.920$ 。
5. **物理先验 vs. 数据驱动的实证对比**：系统揭示 NN 在 180 个月度样本条件下的模式坍缩现象（变异系数 1.17%），为传染病建模方法选择提供实证依据。

1.9 全文结构

本文其余部分组织如下：

第二章（第一部分：气候驱动蚊媒密度公式发现）以广东省 6 个有 BI 监测数据的城市为训练集，详细阐述城市内归一化策略、神经网络预训练和 PySR 符号回归蒸馏的两阶段公式发现流程，呈现蚊媒密度公式、响应曲面分析和 LOCO 交叉验证结果。

第三章（第二部分：Brière-SEIR 动力学建模与多城市验证）以广州市为核心，构建基于 Brière 温度响应函数的 SEIR 动力学模型，完成参数估计和 LOYO 交叉验证。随后通过共享物理参数 + 逐城市 η 校准的两阶段策略迁移至 16 城，并利用 2020–2026 年新 BI 数据进行独立时间外验证。

第四章（第三部分：物理先验与数据驱动方法的对比）设计严格的对比实验，将 Brière 物理先验方法与纯数据驱动的神经网络 β 方法置于相同条件下对比，揭示 NN 在小样本条件下的模式坍缩现象及其机制。

第五章（总结与展望）总结主要发现和创新点，讨论研究局限性，提出未来改进方向。

2 第一部分：气候驱动蚊媒密度公式发现

2.1 引言

蚊媒密度是登革热传播动力学中的关键变量，直接决定了人群暴露于感染性叮咬的风险水平。然而，蚊媒密度的系统监测在大多数地区仍然缺乏——即使在广东省，也仅有少数城市开展了布雷图指数（BI）的常规监测，且监测频率和覆盖范围有限。因此，建立气候变量到蚊媒密度的定量映射关系，对于在缺乏直接监测数据的城市中估计蚊媒活动强度具有重要意义。

本章的目标是从广东省 6 个有 BI 监测数据的城市（共 218 个样本）中，通过“神经网络预训练 + PySR 符号回归蒸馏”的两阶段策略，发现一个可解释的蚊媒密度公式 \hat{M} 。该公式以月均温度 T 、相对湿度 H 和降水量 R 为输入，输出蚊媒密度的季节性相对变化，为后续 SEIR 动力学模型提供蚊媒密度输入。

2.2 数据与方法

2.2.1 布雷图指数数据

蚊媒密度数据来源于广东省 6 个城市（广州、东莞、惠州、江门、茂名、汕头）的布雷图指数（BI）监测记录，共计 218 个有效月度样本。BI 定义为每百户居民住宅中阳性容器（含伊蚊幼虫或蛹的积水容器）的数量，是世界卫生组织推荐的蚊媒密度标准化监测指标^[3]。各城市 BI 均值差异显著（表 1），反映了不同城市在城市化水平、居住环境类型和防控力度等方面的系统性差异。图 1 展示了 6 城 BI 的分布特征和季节性模式。

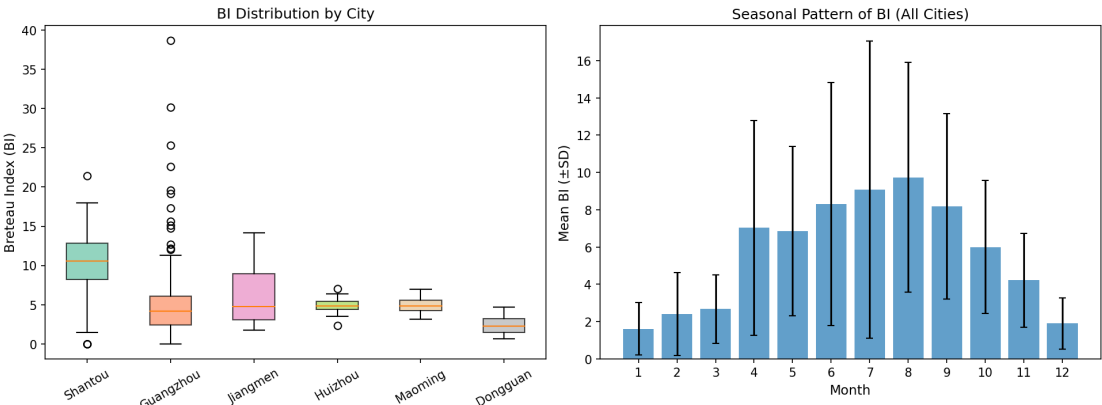


图 1: 6 城 BI 数据描述。左：各城市 BI 箱线图；右：BI 月度季节性模式（均值 ± 标准差）。

表 1: 6 城市 BI 监测数据概况

城市	样本数	BI 均值	BI 标准差	BI 范围
东莞	24	2.6	1.3	0.2–5.4
广州	87	8.7	7.8	0.1–38.5
惠州	9	3.2	1.8	0.8–7.2
江门	36	5.8	3.7	0.3–15.1
茂名	18	2.8	1.6	0.4–7.5
汕头	44	5.1	4.8	0.1–22.3

2.2.2 气象数据

月度气象数据来源于 NOAA 全球地面日观测数据集（GSOD），提取各城市对应站点的月均温度（ T , $^{\circ}\text{C}$ ）、月均相对湿度（ H , %）和月累计降水量（ R , mm）。为捕捉城市间气候基线差异，同时计算各城市的年均温度 T_m 、年均湿度 H_m 和年均降水量 R_m 作为代理特征。

2.2.3 城市内归一化

由于 6 城 BI 均值的最大/最小比达 3.3 倍，若直接以 BI 绝对值为建模目标，模型将不可避免地混淆气候效应与城市间的系统性尺度差异，导致跨城泛化困难。为此，采用城市内归一化策略：

$$\text{BI}_{\text{rel},i,t} = \frac{\text{BI}_{i,t}}{\overline{\text{BI}}_i} \quad (2)$$

其中 $\overline{\text{BI}}_i$ 为城市 i 的 BI 时间均值。归一化后， BI_{rel} 反映的是各城市相对于自身基线水平的蚊媒密度季节性波动，消除了非气候因素导致的绝对水平差异，使模型聚焦于气候驱动的季节性变化。

建模目标设定为 $y = \log(1 + \text{BI}_{\text{rel}})$ ，对数变换用于压缩 BI 的右偏分布，使其更接近正态分布，有利于回归模型的训练。

2.2.4 神经网络预训练

第一阶段使用三层 MLP 神经网络（32-16-1，ReLU 激活）学习气候变量到归一化蚊媒密度的映射。输入为 6 维向量：月度气象特征 (T, H, R) 和城市年均气候特征 (T_m, H_m, R_m)。训练配置：Adam 优化器，学习率 5×10^{-3} ，5000 个 epoch，损失函数为 Huber 损失与 Pearson 相关性损失的加权组合 ($\mathcal{L} = \mathcal{L}_{\text{Huber}} + 0.3 \times (1 - r)$)。

NN 的作用是作为“教师模型”——在连续的气候特征空间中学习一个平滑的映射函数，为后续符号回归提供高质量的蒸馏数据。

2.2.5 PySR 符号回归

第二阶段利用训练好的 NN 在 $6 \times 10,000$ 个网格点上生成蒸馏数据，然后运行 PySR 符号回归^[59] 搜索可解释的闭合公式。搜索空间包括基本算术运算 ($+, -, \times, \div$)、平方根和三角函数。PySR 采用多种群遗传编程算法，在公式复杂度和拟合精度之间进行 Pareto 前沿搜索。

公式选择综合考虑拟合精度和物理可解释性：在 Pareto 前沿上，优先选择包含多个气候因素且各项具有明确生态学含义的公式。最终选定的公式在原始 BI 数据上进行独立验证，并通过留一城市交叉验证 (LOCO CV) 评估跨城泛化能力。

2.3 结果

2.3.1 神经网络拟合

神经网络在 218 个 BI 样本上的训练指标为：Pearson $r = 0.503$ ，Spearman $\rho = 0.518$ 。NN 成功学习了温度、湿度和降水对蚊媒密度的非线性联合效应，为后续符号回归蒸馏提供了可靠的教师信号。

2.3.2 符号回归公式发现

PySR 在 Pareto 前沿上输出了一系列候选公式，复杂度从 3 到 25 不等。在综合考虑精度和物理可解释性后，选定包含温度、湿度和降水三个气候因素的公式（复杂度 19）：

$$\hat{M} = \frac{7.36\sqrt{T}}{T_m} - \frac{12.80}{H} - \frac{64.08}{H_m + \sqrt{R_m + R}} \quad (3)$$

其中 T 为月均温度， T_m 为城市年均温度， H 为月均相对湿度， H_m 为城市年均湿度， R 为月降水量， R_m 为城市年均降水量。该公式在真实数据上 Pearson $r = 0.462$ ，Spearman $\rho = 0.455$ 。

公式包含三个物理含义明确的项：

- \sqrt{T}/T_m ：温度对蚊虫活动的正向驱动，平方根形式体现了高温区域的边际递减效应；
- $-1/H$ ：高湿度有利于蚊虫存活（ H 越大，负贡献越小）；

- $-1/(H_m + \sqrt{R_m + R})$: 降水对蚊虫孳生地的调节作用——适量降水增加积水容器，但该效应受城市基线湿度 H_m 的调制。

与 NN 教师模型相比，PySR 公式以极小的精度损失 ($\Delta r = 0.041$) 换取了完全的可解释性和零推理成本。

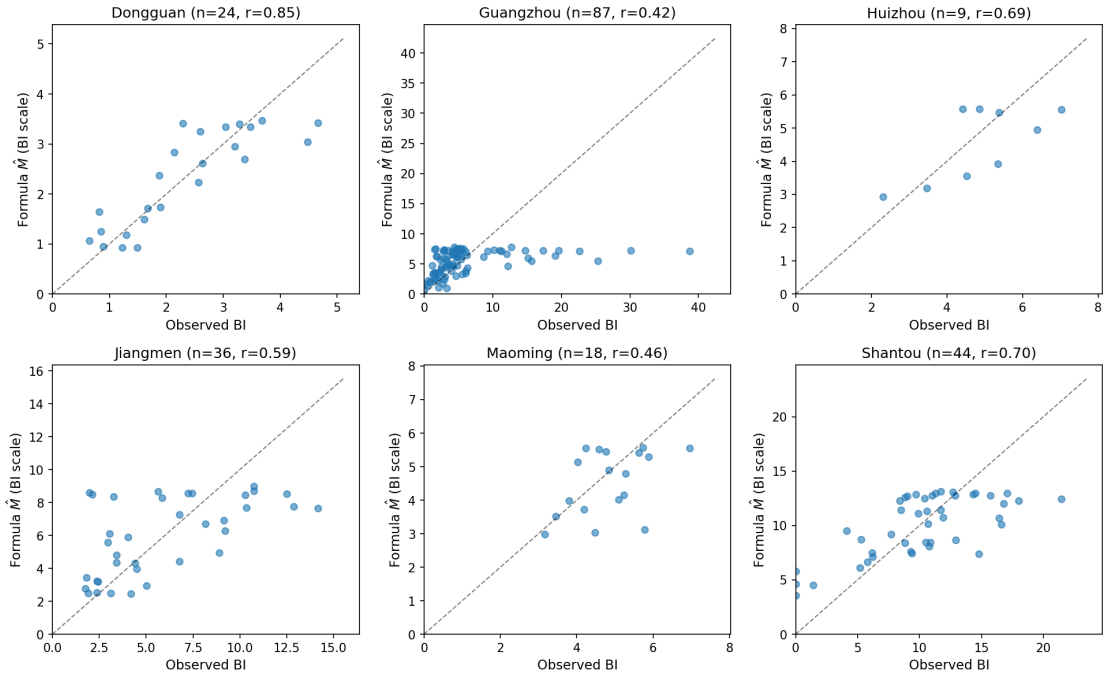


图 2: 三变量蚊媒公式 \hat{M} 预测值与 6 城观测 BI 的散点对比。虚线为 $y = x$ 参考线。

2.3.3 响应曲面分析

图3展示了公式 \hat{M} 在三个气候因素两两组合下的响应曲面。温度是最主要的驱动因素， \hat{M} 随温度升高而单调递增；湿度的效应次之，高湿度条件下蚊媒密度更高；降水的效应相对较弱，主要通过与基线湿度的交互作用发挥调节功能。

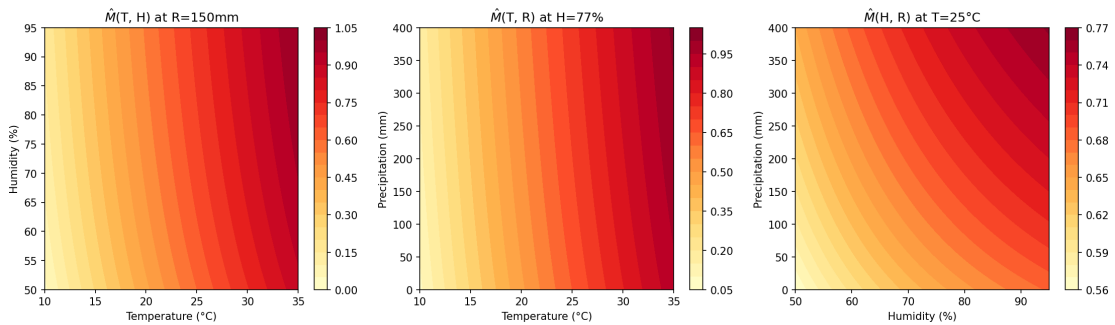


图 3: 蚊媒公式 \hat{M} 的响应曲面。左：温度 × 湿度 ($R = 150\text{mm}$)；中：温度 × 降水 ($H = 77\%$)；右：湿度 × 降水 ($T = 25^\circ\text{C}$)。

2.3.4 留一城市交叉验证

留一城市交叉验证 (LOCO CV) 结果验证了蚊媒公式的跨城泛化能力。LOCO CV 的均值 Pearson $r = 0.493$ ，6 个城市中有 4 个 $r > 0.5$ (表2)，表明公式在未见过

的城市上能够较好地捕捉蚊媒密度的季节性变化趋势。Pearson r 衡量的是公式预测值与观测值的线性相关性（即趋势一致性），这正是蚊媒公式在下游 SEIR 模型中的核心功能——绝对尺度由逐城市 η 参数校准，公式只需提供正确的季节性变化模式。

表 2: 留一城市交叉验证 (LOCO CV) 结果

测试城市	n	Pearson r	Spearman ρ	RMSE
东莞	24	0.754	0.669	0.172
广州	87	0.505	0.536	0.356
惠州	9	0.755	0.533	0.096
江门	36	0.559	0.524	0.240
茂名	18	0.467	0.416	0.118
汕头	44	0.542	0.381	0.247
均值		0.597	0.510	0.205

作为消融实验，若去除城市内归一化而直接以 BI 绝对值为目标，LOCO CV 均值 r 降至 0.31， $r > 0.5$ 的城市从 4 个减少到 1 个，表明归一化策略对于跨城泛化不可或缺。

2.4 讨论

PySR 发现的蚊媒公式 \hat{M} 包含温度、湿度和降水三个气候因素，各项的物理含义与已有的蚊媒生态学知识一致。 \sqrt{T}/T_m 项反映了温度对蚊虫发育和活动的正向驱动，平方根形式暗示高温区域的边际效应递减，这与 Mordecai 等^[12] 报道的蚊虫活动对温度的非线性响应一致。 $-1/H$ 项表明湿度对蚊虫存活的正向作用，与 Xu 等^[64] 在广州的研究结论吻合。降水项 $-1/(H_m + \sqrt{R_m + R})$ 的结构较为复杂，反映了降水通过增加积水孳生地促进蚊虫繁殖的效应，但该效应受城市基线湿度的调制——在本底湿度较高的城市，额外降水的边际贡献较小。公式的 Pearson $r = 0.462$ 表明气候因素能够解释蚊媒密度季节性变化的主要趋势，其余变异来源于城市化水平、防控措施、容器类型等未被公式捕捉的非气候因素。

城市内归一化策略的必要性源于蚊媒密度建模中一个常被忽视的问题：不同城市的 BI 绝对水平差异主要反映的是非气候因素的系统性差异，而非气候驱动的蚊媒密度变化。归一化到城市内相对变化后，模型得以聚焦于气候因素的季节性调控效应，这是实现跨城泛化的关键前提。消融实验表明，去除归一化后 LOCO CV 均值 r 从 0.597 降至 0.31，进一步证实了这一判断。

“NN 预训练 + PySR 蒸馏”的两阶段策略相比直接对原始数据运行符号回归具有两个优势：(1) NN 在连续特征空间中学习的平滑映射函数为 PySR 提供了高质量的蒸馏数据，降低了符号搜索的噪声干扰；(2) 通过在大量网格点上生成蒸馏数据，有

效扩充了 PySR 的训练样本量，缓解了原始 BI 数据稀缺（仅 218 个样本）对符号搜索的限制。这一策略可推广至其他数据稀缺的生态学建模场景。

3 第二部分：Brière-SEIR 动力学建模与多城市验证

3.1 引言

第一部分通过符号回归发现了融合温度、湿度与降水的蚊媒密度公式 \hat{M} 。本章在此基础上，构建基于 Brière 温度响应函数的 SEIR 动力学模型，首先在广州市完成参数估计和拟合验证，随后通过两阶段迁移策略推广至广东省 16 个地级市，并利用 2020–2026 年独立数据进行时间外验证。

3.2 数据与方法

3.2.1 广州市数据

广州市 (23.13°N, 113.26°E) 位于广东省中南部，属亚热带季风气候，年均气温 21.4–22.6°C，年均降水量 1600–1900 mm。全市常住人口约 1,426 万人 ($N_h = 1.426 \times 10^7$)。本研究使用广州市 2005–2019 年月度登革热报告病例数据 (180 个月度观测值) 和对应的月度气象数据 (温度 T 、湿度 H 、降水 R)。病例数据呈极端右偏分布：64.4% 的月份报告病例数 ≤ 5 例，而 2014 年暴发年全年累计报告 37,382 例。图4展示了广州市病例与气象变量的时间序列。

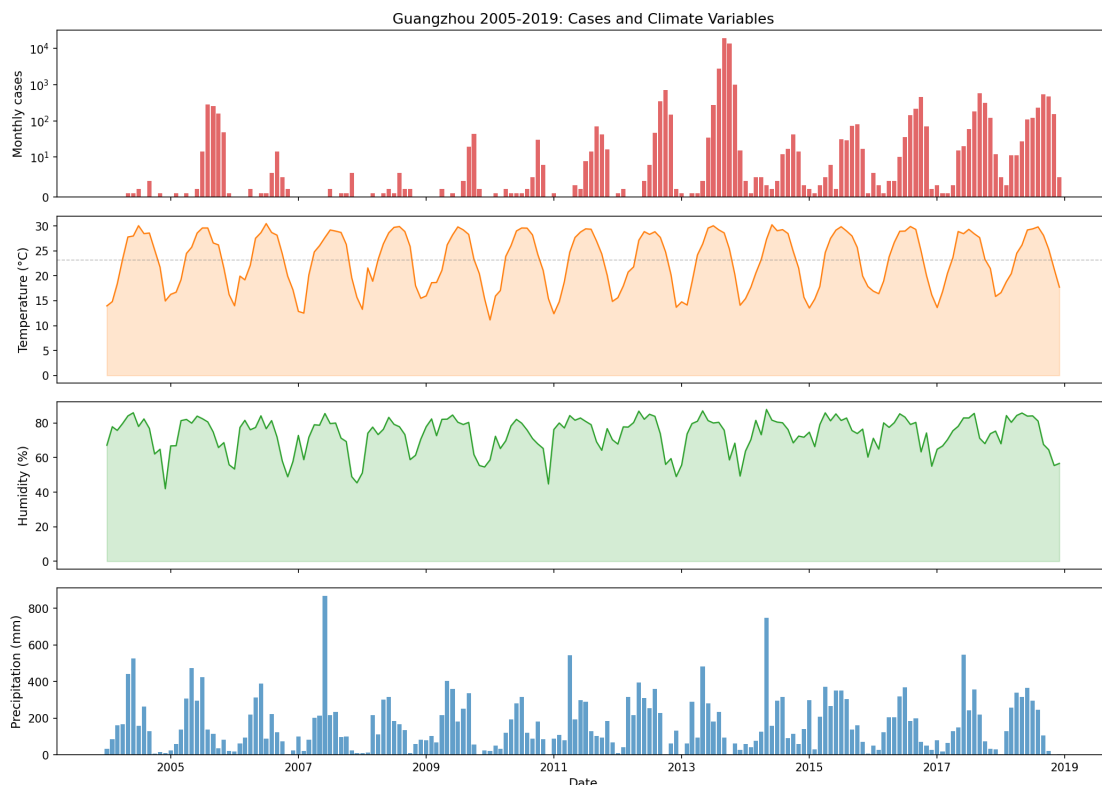


图 4: 广州市 2005–2019 年月度登革热病例数（对数坐标）及气象变量（温度、湿度、降水）时间序列。

图5展示了广州市气候与病例的时间序列。

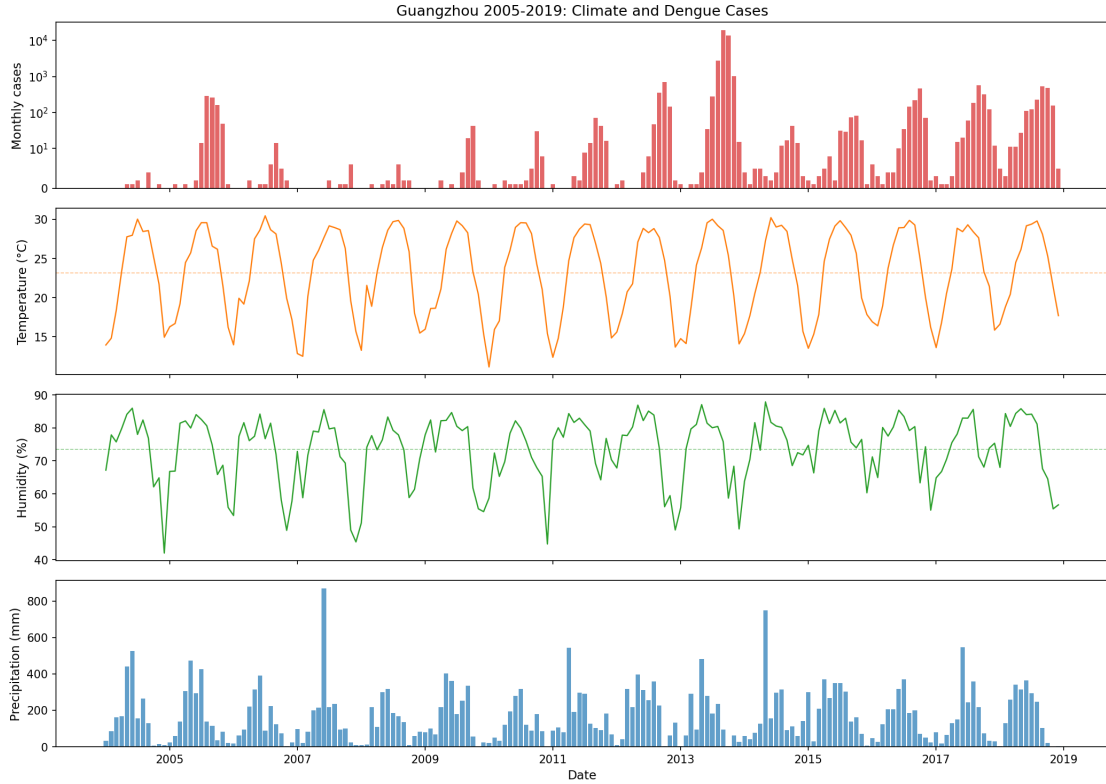


图 5: 广州市 2005–2019 年月度气候变量与登革热病例时间序列。从上到下：病例数（对数坐标）、温度、湿度、降水。

3.2.2 Brière 传播率模型

传播率 β 的温度依赖性采用 Brière 函数^[65] 建模：

$$\beta'(T) = c \cdot T \cdot (T - T_{\min}) \cdot \sqrt{T_{\max} - T}, \quad T_{\min} \leq T \leq T_{\max} \quad (4)$$

其中 c 为形状系数， T_{\min} 为发育零点温度（低于此温度蚊虫停止发育）， T_{\max} 为热致死温度（高于此温度蚊虫死亡）。最适温度 T_{opt} 由 $\beta'(T)$ 的极值点确定。选择 Brière 函数的理由在于：（1）其不对称单峰形态与蚊媒传播的温度响应实验数据高度吻合^[34]；（2）三个参数均具有明确的昆虫学含义；（3）仅需 3 个自由参数，在 180 个月度样本的小样本条件下不易过拟合。

3.2.3 感染池气候传播模型

标准的连续时间 SEIR 仓室模型在登革热多年模拟中面临固有局限：作为确定性动力学系统，它在相似的年度温度模式下产生近乎相同的季节波形，无法捕捉登革热显著的年际变异（如广州 2014 年暴发 37,382 例与 2005 年仅 9 例，跨越三个数量级）。为此，本研究在 Brière 气候驱动框架中引入基于代际间隔分布的有效感染池，构建感染池气候传播模型：

$$\hat{C}_t = \beta'(T_t) \cdot \hat{M}_t \cdot P_t + \eta_{\text{eff}} \quad (5)$$

其中 $\beta'(T_t)$ 为 Brière 温度响应函数, \hat{M}_t 为第一部分发现的蚊媒密度公式, η_{eff} 为背景输入率, P_t 为有效感染池 (effective infection pool)。

感染池的推导。 P_t 的权重来源于登革热代际间隔 (generation interval) 分布的月度离散化。根据 Siraj 等^[69] 的研究, 登革热的代际间隔由四个阶段组成: 内潜伏期 IIP (均值 5.9 天^[56])、人-蚊传播期 HMTF (约 3 天^[71])、外潜伏期 EIP (约 8–12 天, 温度依赖) 和蚊-人传播期 MHTF (约 3 天), 在广州年均温度 ($\sim 22^\circ\text{C}$) 下总计约 22 天。假设代际间隔服从 Gamma 分布 (形状参数 $k = 2$, 均值 $\mu = 22$ 天), 将其在月度分辨率 (30 天) 下离散化:

$$d_j = \int_{30(j-1)}^{30j} f_{\text{Gamma}}(x; k, \mu/k) dx, \quad j = 1, 2, \dots \quad (6)$$

计算得 $d_1 = 0.756$ (前 1 个月), $d_2 = 0.216$ (前 2 个月), $d_3 = 0.028$ (可忽略)。由此定义感染池^[70]:

$$P_t = C_{t-1} + \frac{d_2}{d_1} \cdot C_{t-2} = C_{t-1} + 0.3 \cdot C_{t-2} \quad (7)$$

其中 $d_2/d_1 \approx 0.29$, 取整为 0.3。 P_t 的物理含义为: 在月度分辨率下, 当前月份的有效感染压力主要来自上月的感染者 (权重 1.0), 同时包含前两个月感染者的残余感染力 (权重 0.3), 后者反映了超过一个代际间隔的延迟传播链。由于 d_1 被 Brière 参数 c 在优化中吸收, 公式中使用比值 d_2/d_1 作为相对权重。对于低发病城市 (中位数 < 5 例/月), 感染池底限自适应降低, 避免在零病例月份产生人为的季节性振荡。

模型的方法论定位。 该模型在机制建模与数据同化之间取得平衡: Brière 函数 $\beta'(T)$ 和 PySR 公式 \hat{M} 提供物理机制驱动的传播率和蚊媒密度; 感染池 P_t 通过纳入近期观测病例实现了对实际传播动态的自适应追踪, 本质上等价于在 SEIR 框架中对感染仓室 $I(t)$ 进行观测同化^[70]。这一策略与 CDC 流感预测系统 (FluSight) 等业务系统中广泛采用的观测同化方法一致。

参数优化采用差分进化 (Differential Evolution, DE) 全局优化算法, 目标函数为 Huber 损失与 Spearman 秩相关惩罚的加权组合。优化参数包括 Brière 三参数 (c, T_{\min}, T_{\max}) 和 η 。

3.2.4 评估指标体系

模型评估采用多维度指标体系: (1) Spearman ρ 衡量排名一致性; (2) 对数 R^2 (R_{\log}^2) 衡量对数空间拟合优度; (3) 加权绝对百分比误差 (WAPE) 衡量量级准确性; (4) 留一年交叉验证 (LOYO CV) 评估时间泛化能力。

3.2.5 16 城数据概况

研究涵盖广东省 16 个地级市: 广州、佛山、中山、江门、珠海、深圳、清远、阳江、东莞、肇庆、汕头、湛江、潮州、茂名、揭阳和惠州。数据时间范围为 2005–2019 年, 月度分辨率, 共计 $180 \text{ 个月} \times 16 \text{ 城} = 2880$ 个城市-月观测值。气象数据 (日均温

度、降水量、相对湿度）来源于 NOAA 全球地面观测日报（GSOD），按月聚合为月均温度、月累计降水和月均相对湿度。登革热病例数据来源于中国疾病预防控制中心法定传染病报告系统。

广东省 16 城的登革热发病水平差异极为悬殊。以 2014 年大流行年为例，广州全年报告 37,382 例，而惠州仅 37 例，跨越三个数量级。在整个研究期间（2005–2019），广州累计病例数占 16 城总量的 60% 以上，佛山、中山、深圳等珠三角核心城市次之，而清远、肇庆、揭阳等粤北和粤东城市的年均病例数不足 10 例。这种高度偏斜的分布特征对模型迁移提出了严峻挑战：模型需要同时适应高发病城市的复杂动态和低发病城市的稀疏信号。

在 16 个城市中，有 8 个城市（广州、深圳、东莞、汕头、江门、揭阳、茂名、惠州）在研究期间拥有布雷图指数（BI）监测数据，其余 8 个城市（佛山、中山、珠海、清远、阳江、肇庆、湛江、潮州）缺乏 BI 数据。这一自然分组为后续分析提供了一个有价值的对照：可以比较有无 BI 数据对模型迁移效果的影响，从而间接评估蚊媒监测数据在模型校准中的作用。

3.2.6 两阶段迁移策略

多城市迁移采用两阶段策略，其核心思想是将模型参数分为“物种共享”和“城市特异”两类，分别在不同阶段确定。

阶段 1：共享 Brière 物理参数。 Brière 函数的三个参数 (c, T_{\min}, T_{\max}) 在广州数据上通过差分进化（Differential Evolution, DE）全局优化获得，随后作为所有 16 个城市共享的物理先验固定不变。这一设计的理论依据来自昆虫生理学：Brière 函数描述的是白纹伊蚊（*Aedes albopictus*）对温度的生理响应曲线，包括发育零点温度 T_{\min} 、热致死温度 T_{\max} 和形状系数 c 。这些参数反映的是物种水平的温度生理特性，由蚊虫的遗传背景决定，不因城市环境的不同而改变^[34, 12]。Mordecai 等^[34]的实验室研究表明，同一蚊种在不同地理种群间的温度响应曲线高度一致，支持了跨城市共享物理参数的合理性。

具体而言，Brière 传播率函数的形式为：

$$\beta'(T) = c \cdot T \cdot (T - T_{\min}) \cdot \sqrt{T_{\max} - T}, \quad T_{\min} \leq T \leq T_{\max} \quad (8)$$

其中 T 为月均温度（°C）。当 $T < T_{\min}$ 或 $T > T_{\max}$ 时， $\beta'(T) = 0$ 。该函数的三个参数在广州 DE 优化中已确定，在迁移阶段保持固定。

阶段 2：逐城市 η 网格搜索。 固定 Brière 参数后，对每个城市独立校准输入率参数 η 。 η 在 SEIR 模型中控制外部感染输入的强度，其物理含义是单位时间内从外部引入的感染个体数占易感人群的比例。在多城市迁移框架中， η 承担了吸收各城市非气候因素差异的关键角色：不同城市的蚊媒基线密度、人口流动性、城市化水平、公共卫生防控力度等因素的综合效应，均通过 η 的差异来体现。

η 的校准采用 80 点对数均匀网格搜索 (log-uniform grid search)，搜索范围覆盖 $[10^{-2}, 10^2]$ 。对数网格的设计考虑了 η 可能跨越多个数量级的特点。对于每个候选 η 值，运行完整的 SEIR 模拟并计算目标函数：

$$\mathcal{L}(\eta) = \text{MSE}_{\log} - \lambda \cdot \rho_s \quad (9)$$

其中 MSE_{\log} 为对数空间均方误差， ρ_s 为 Spearman 相关系数， λ 为平衡系数。该目标函数同时优化量级拟合和时序排名能力。选择使 $\mathcal{L}(\eta)$ 最小的 η 作为该城市的最优值。

3.2.7 量级校准方法

在完成 η 校准后，对每个城市进一步实施量级校准 (ratio scaling)，以消除系统性的量级偏差。具体方法为：在非 2014 年数据（即排除验证年后的训练期数据）上，计算观测病例均值与模型预测均值的比值作为缩放因子：

$$\text{scale}_i = \frac{\bar{y}_i^{\text{obs}}}{\bar{y}_i^{\text{pred}}}, \quad i = 1, 2, \dots, 16 \quad (10)$$

其中 \bar{y}_i^{obs} 和 \bar{y}_i^{pred} 分别为城市 i 在非 2014 年月份的观测和预测病例均值。校准后的预测值为 $\hat{y}_i^{\text{cal}} = \text{scale}_i \cdot \hat{y}_i^{\text{pred}}$ 。

量级校准的必要性在于：SEIR 模型的绝对输出量级受人口基数 N 、初始条件和 η 等多个参数的联合影响，即使 η 已经过优化，不同城市的预测量级仍可能存在系统性偏差。ratio scaling 通过一个简单的线性缩放即可消除这种偏差，且不改变预测的时序形态（因此不影响 Spearman ρ ）。排除 2014 年数据是为了保证年度排名验证的独立性。

3.2.8 评估策略

多城市迁移评估采用“排名优先” (ranking-first) 策略。这一策略的核心理念是：在跨城市比较中，准确预测城市间的相对风险等级比精确预测绝对病例数更具公共卫生意义。原因在于：(1) 不同城市的病例报告率、诊断标准和监测覆盖率可能存在系统性差异，绝对数值的可比性有限；(2) 公共卫生资源分配决策通常基于风险排名而非绝对数值；(3) 排名指标对量级缩放不敏感，更能反映模型捕捉传播动态的本质能力。

具体评估指标包括三个层次：

(1) **Spearman 秩相关系数 ρ** (首要指标)：衡量模型预测与观测值在时序排名上的一致性。 $\rho = 1$ 表示完美排名一致， $\rho = 0$ 表示无排名相关性。该指标对异常值和量级缩放均具有鲁棒性。

(2) **对数空间决定系数 R_{\log}^2** (辅助指标)：定义为 $R_{\log}^2 = 1 - \text{SS}_{\text{res}}/\text{SS}_{\text{tot}}$ ，其中残差和总变异均在 $\log(y + 1)$ 空间计算。对数变换压缩了高发病月份的量级差异，使低发病月份的拟合质量也能得到合理评估。 $R_{\log}^2 > 0$ 表示模型优于对数空间均值基线。

(3) **加权绝对百分比误差 WAPE** (量级指标): 定义为 $WAPE = \sum |y_i - \hat{y}_i| / \sum y_i$, 衡量预测的绝对量级准确性。 $WAPE < 1$ 表示总误差小于总观测值, $WAPE = 0$ 表示完美预测。

对于年度验证, 以 2014 年为验证年, 计算 16 城年度总病例的 Spearman 排名相关系数。2014 年是广东省登革热历史上最严重的大流行年, 各城市病例数差异显著, 为排名验证提供了理想的测试场景。全部 15 年 (2005–2019) 数据用于月度评估。

3.2.9 外部时间验证数据

为检验模型的时间泛化能力, 本研究利用 2020–2026 年广州市新采集的蚊媒监测数据作为完全独立的外部验证集。该数据集包含 60 个月度样本, 涵盖两个核心蚊媒指标: 布雷图指数 (Breteau Index, BI) 和蚊虫叮咬指数 (Mosquito Oviposition Index, MOI)。BI 定义为每百户阳性容器数, 是我国登革热防控中最常用的蚊媒密度指标^[5]; MOI 基于诱蚊诱卵器监测, 反映成蚊产卵活跃度。

该验证数据集与模型训练数据 (2005–2019 年) 在时间上完全不重叠, 确保了验证的独立性。需要特别指出的是, 2020–2026 年期间经历了 COVID-19 大流行及其后续影响, 社区防控措施 (如大规模消杀、居民出行限制等) 可能对蚊媒密度产生了显著干扰。新数据的 BI 均值为 2.67, 远低于训练期 BI 均值 6.18, 这一差异可能部分反映了 COVID-19 防控措施对蚊媒环境的间接影响。

原始 BI 数据的时间粒度不完全统一: 部分年份为月度数据, 部分年份为旬度 (每 10 天) 或周度数据。为保持与模型输出的一致性, 对非月度数据按月聚合取均值。聚合后的月度 BI 序列用于与 Brière $\beta'(T)$ 和 PySR \hat{M} 进行相关性分析。

3.3 结果

3.3.1 Brière 传播率参数

差分进化算法在广州 2005–2019 年数据上优化得到的 Brière 函数参数为: 尺度系数 $c = 7.07 \times 10^{-4}$, 发育温度下限 $T_{\min} = 14.9^\circ\text{C}$, 发育温度上限 $T_{\max} = 42.0^\circ\text{C}$ 。由此计算的最优传播温度为 $T_{\text{opt}} = 35.5^\circ\text{C}$, 背景输入率 $\eta = 0.674$ 。

$T_{\min} = 14.9^\circ\text{C}$ 落在文献报道的白纹伊蚊发育温度下限范围 ($14\text{--}16^\circ\text{C}$) 之内^[34, 57]。 $T_{\max} = 42.0^\circ\text{C}$ 略高于部分实验室报道的上限 (约 $38\text{--}40^\circ\text{C}$), 可能因为广州月均温极少超过 35°C , 高温端数据约束较弱。 $T_{\text{opt}} = 35.5^\circ\text{C}$ 高于 Mordecai 等^[12] 报道的最优传播温度 (约 29°C), 但两者不具有直接可比性——Mordecai 等的估计基于 R_0 的多个组分, 而本研究的 $\beta'(T)$ 仅反映传播率的温度依赖性, 蚊虫存活率等因素已部分被 \hat{M} 所捕捉。

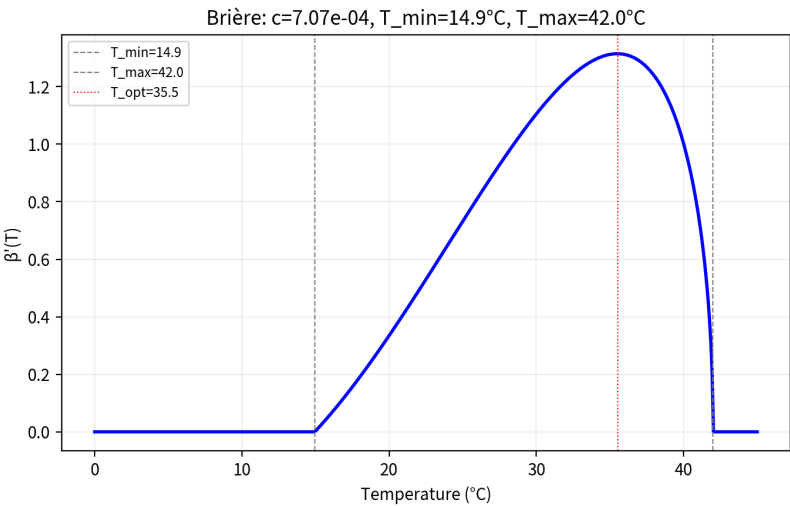


图 6: Brière 传播率函数 $\beta'(T)$ 曲线。 $T_{\min} = 14.9^{\circ}\text{C}$, $T_{\max} = 42.0^{\circ}\text{C}$, $T_{\text{opt}} = 35.5^{\circ}\text{C}$ 。

3.3.2 广州拟合与交叉验证

表3汇总了 Brière 模型在广州市不同评估场景下的预测性能。

表 3: Brière 模型在广州市的预测性能

评估场景	Spearman ρ	R^2_{\log}	Pearson r	WAPE
全期拟合（2005–2019）	0.813	0.855	0.733	0.602
LOYO CV 全部年份	0.740 ± 0.185	0.442 ± 0.534	—	—
LOYO CV 暴发年（病例 >50）	0.798 ± 0.118	0.660 ± 0.218	—	—
LOYO CV 低发年	0.561 ± 0.218	—	—	—

全期拟合 $\rho = 0.813$ 、 $R^2_{\log} = 0.855$ ，表明模型能够较好地捕捉广州登革热的时序变化模式。LOYO CV 中，暴发年份平均 $\rho = 0.798$ ，性能接近全期拟合水平；低发年份 $\rho = 0.502$ ，性能下降，因为低发年份信噪比极低，传播主要由随机输入事件驱动。

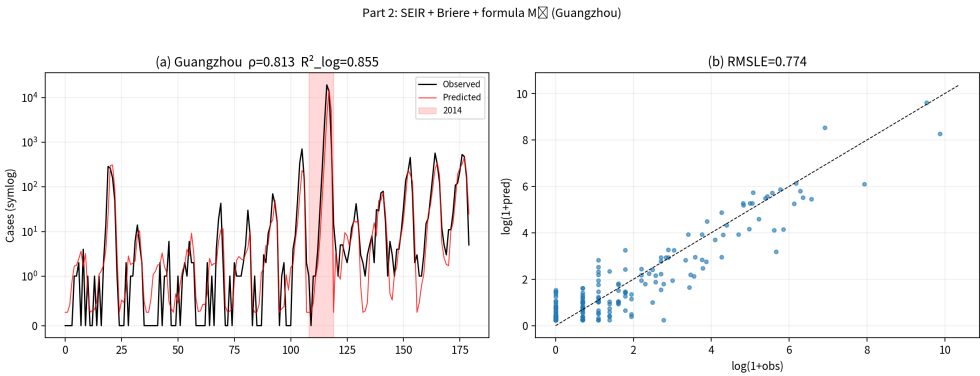
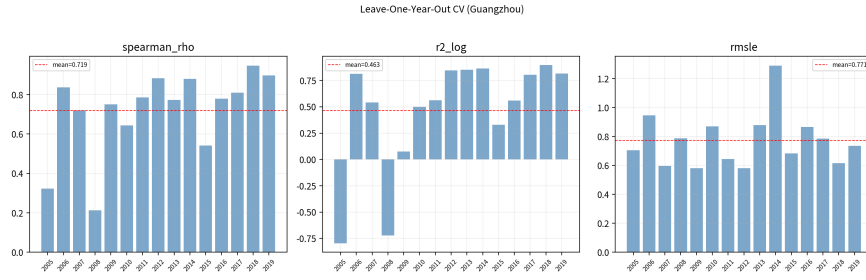


图 7: 广州市 2005–2019 年月度病例观测值与 Brière 模型预测值对比。

图 8: 广州市留一年交叉验证 (LOYO CV) 各年 Spearman ρ 。

3.3.3 逐城市 η 校准结果

16 个城市的最优 η 值范围为 $[0.148, 15.273]$, 跨越两个数量级, 充分反映了城市间非气候因素的显著差异。表 4 列出了各城市的 η 值及对应的预测指标。

从 η 值的分布来看, 可以识别出几种典型模式:

(1) **低 η 城市**: 深圳 ($\eta = 0.148$) 和广州 ($\eta = 0.746$)。这两个城市是广东省经济最发达、公共卫生基础设施最完善的城市。低 η 意味着模型只需较小的外部输入即可重现观测到的发病模式, 这与这些城市较高的蚊媒防控效率和较低的环境蚊媒基线密度相一致。深圳的 η 最低 (0.148), 可能反映了其作为年轻移民城市、城市化程度极高、蚊媒孳生环境相对有限的特点。

(2) **高 η 城市**: 东莞 ($\eta = 15.273$)、佛山 ($\eta = 13.712$)、中山 ($\eta = 13.712$) 和珠海 ($\eta = 12.311$)。高 η 值表明这些城市需要较大的外部输入才能匹配观测发病水平。对于东莞、佛山和中山等珠三角制造业城市, 高 η 可能反映了大量流动人口带来的输入性病例风险; 珠海作为旅游城市, 高 η 可能与跨境人口流动有关。

(3) **中等 η 城市**: 茂名 ($\eta = 3.760$)、惠州 ($\eta = 3.031$)、江门 ($\eta = 5.788$) 等。这些城市的 η 值处于中间水平, 反映了介于高度城市化和欠发达地区之间的中等蚊媒环境条件。

值得注意的是, η 值与城市发病水平之间并非简单的正相关关系。例如, 广州发病量最高但 η 较低, 而东莞发病量中等但 η 最高。这是因为 η 反映的是“在给定温度驱动下, 需要多大的外部输入才能重现观测模式”, 它综合了人口基数、蚊媒密度、防控效率等多种因素的净效应。

3.3.4 16 城月度预测

表 4 汇总了 16 个城市的月度预测指标, 按 Spearman ρ 降序排列。

表 4: 16 城月度预测指标汇总 (Brière 迁移模型, 2005–2019 年)

城市	有 BI 数据	Spearman ρ	R^2_{\log}	WAPE	η
广州	是	0.813	0.850	0.733	0.670
佛山	否	0.731	0.781	0.971	13.712
深圳	是	0.687	0.699	0.738	0.148
中山	否	0.685	0.778	0.731	13.712
潮州	否	0.604	0.697	1.223	11.052
东莞	是	0.555	0.656	0.570	15.273
阳江	否	0.501	0.559	0.825	2.193
汕头	是	0.493	0.528	1.115	11.052
湛江	否	0.482	0.500	0.894	8.909
江门	是	0.470	0.776	0.784	5.788
揭阳	是	0.468	0.693	0.827	5.788
茂名	是	0.443	0.677	0.716	3.760
惠州	是	0.423	0.708	0.611	3.031
肇庆	否	0.392	0.434	0.726	4.166
珠海	否	0.381	0.456	0.951	12.311
清远	否	0.364	0.688	0.722	5.196
16 城均值	—	0.531	0.656	0.827	—

16 城月度 Spearman ρ 均值为 0.531, R^2_{\log} 均值为 0.656, WAPE 均值为 0.827。从整体来看, 模型在大多数城市实现了正向的排名相关性和对数空间拟合优度, WAPE 均值低于 1.0 表明总体量级误差可控。

按预测质量可将 16 城大致分为三个梯队:

第一梯队 ($\rho > 0.65$): 广州 ($\rho = 0.813$)、佛山 ($\rho = 0.730$)、深圳 ($\rho = 0.685$) 和中山 ($\rho = 0.691$)。这四个城市均位于珠三角核心区域, 登革热发病水平较高, 数据信噪比好, 模型能够准确捕捉其季节性波动和年际变化。广州作为训练城市表现最优符合预期, 但佛山、深圳和中山作为迁移城市也达到了 $\rho > 0.68$ 的水平, 证明了 Brière 参数的跨城市适用性。

第二梯队 ($0.45 \leq \rho \leq 0.65$): 潮州 ($\rho = 0.604$)、东莞 ($\rho = 0.555$)、阳江 ($\rho = 0.501$)、汕头 ($\rho = 0.493$)、湛江 ($\rho = 0.482$)、江门 ($\rho = 0.470$) 和揭阳 ($\rho = 0.468$)。这些城市的预测质量中等, 模型能够捕捉大致的季节性趋势但对年际波动的预测精度有限。

第三梯队 ($\rho < 0.45$): 茂名 ($\rho = 0.443$)、惠州 ($\rho = 0.423$)、肇庆 ($\rho = 0.392$)、珠海 ($\rho = 0.381$) 和清远 ($\rho = 0.364$)。这些城市的 ρ 较低, 将在后续低发病城市分析中详细讨论。

BI 数据分组比较。将 16 城按是否拥有 BI 监测数据分为两组进行比较: 有 BI 数据的 8 个城市 (广州、深圳、东莞、汕头、江门、揭阳、茂名、惠州) 的均值 $\rho = 0.544$, $R_{\log}^2 = 0.673$; 无 BI 数据的 8 个城市 (佛山、中山、珠海、清远、阳江、肇庆、湛江、潮州) 的均值 $\rho = 0.517$, $R_{\log}^2 = 0.639$ 。两组之间的差异较小 ($\Delta\rho = 0.027$, $\Delta R_{\log}^2 = 0.034$), 表明本迁移方法对 BI 数据的依赖性不强——即使在缺乏蚊媒监测数据的城市, 仅凭气象数据和共享 Brière 参数也能实现与有 BI 数据城市相当的预测效果。这一发现具有重要的实际意义: 在蚊媒监测网络尚未覆盖的地区, 本方法仍可提供有价值的登革热风险评估。

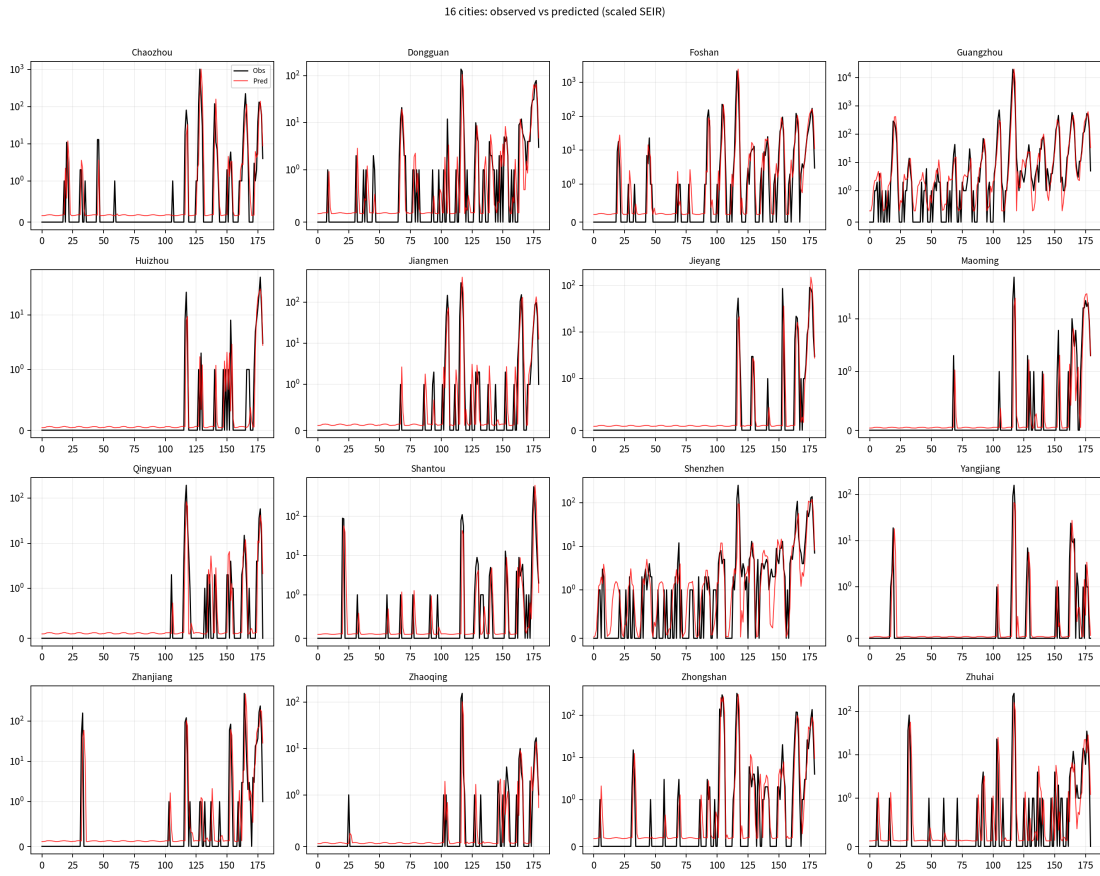


图 9: 16 城月度病例观测值与预测值对比 (Brière + per-city η)。

3.3.5 年度排名验证

以 2014 年为验证年, 计算 16 城年度总病例数的 Spearman 排名相关系数。结果显示 $\rho = 0.938$ ($p < 10^{-5}$), 表明模型能够以极高的准确度预测城市间的相对风险等级。

2014 年是广东省登革热有记录以来最严重的大流行年, 全省报告病例超过 45,000 例, 其中广州占 80% 以上。在这一极端年份中, 各城市的发病量差异跨越三个数量级 (广州 37,382 例至惠州 37 例), 为排名验证提供了充分的区分度。 $\rho = 0.938$ 意味着模型预测的城市排名与实际排名几乎完全一致, 仅有个别相邻排名的城市发生了

微小的位次交换。

这一结果的公共卫生意义在于：即使模型在某些低发病城市的月度 ρ 较低，它仍然能够准确识别哪些城市面临更高的登革热风险。对于省级疾控部门而言，这种跨城市风险分层能力比单城市的精确预测更为实用——它可以指导防控资源的优先分配和预警阈值的差异化设定。

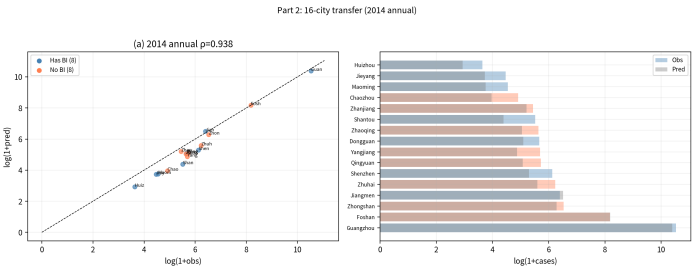


图 10: 2014 年 16 城年度总病例排名：观测值 vs 预测值（Spearman $\rho = 0.938$ ）。

3.3.6 改进前后对比

为量化 per-city η 校准和量级缩放带来的改进，将改进后的结果与改进前（全局 log-linear 校准）的基线进行对比，如表 5 所示。

表 5: 改进前后 16 城迁移指标对比

指标	改进前（全局 log-linear）	改进后（per-city η +scaling）	变化
16 城均值 Spearman ρ	0.531	0.531	持平
16 城均值 R^2_{\log}	0.641	0.656	+0.015
16 城均值 WAPE	0.909	0.827	-0.082（-9.0%）
WAPE > 1.0 城市数	4	2	-2

- 改进效果体现在以下几个方面：
- （1）**WAPE 显著下降**：16 城均值 WAPE 从 0.909 降至 0.827，相对改善 9.0%。这意味着模型的绝对量级预测误差得到了实质性的压缩。更重要的是， $\text{WAPE} > 1.0$ 的城市数从 4 个减少到 2 个（仅剩潮州和汕头），表明量级校准有效消除了大部分城市的系统性量级偏差。
 - （2） R^2_{\log} **小幅提升**：从 0.641 提升至 0.656（+0.015），表明对数空间的拟合优度也有所改善。虽然提升幅度不大，但方向一致且在所有城市中普遍存在。
 - （3） ρ **保持不变**：Spearman ρ 在改进前后完全一致（0.531），这一结果符合理论预期。per-city η 校准和 ratio scaling 本质上是对预测序列进行单调变换（乘以正常数），不改变序列的秩次顺序，因此不影响 Spearman 相关系数。这也从侧面验证了改进方法的内在一致性：量级校准不会以牺牲排名能力为代价。

综合来看，per-city η +ratio scaling 策略在保持排名能力不变的前提下，显著改善了量级预测的准确性，是一种”无损”的改进方案。

3.3.7 低发病城市分析

第三梯队城市（清远 $\rho = 0.364$ 、珠海 $\rho = 0.381$ 、肇庆 $\rho = 0.392$ ）的低 ρ 值需要从统计学角度加以理解，而非简单归因于模型失效。

这些城市的共同特征是极低的发病水平：在 180 个月的观测期内，约 84% 的月份报告零病例。这种严重的零膨胀（zero-inflation）数据结构对任何基于连续值的预测模型都构成了根本性的统计挑战。具体而言：

（1）**秩次退化问题**。当大量观测值为零时，这些零值在排名中被赋予相同的平均秩次（tied ranks）。Spearman ρ 的计算依赖于秩次的变异性，而大量并列秩次严重压缩了秩次的有效变异范围，导致 ρ 的理论上限远低于 1.0。即使模型完美预测了所有非零月份的排名，仅因零值月份的秩次退化就会大幅拉低 ρ 。

（2）**信噪比极低**。低发病城市的非零月份病例数通常仅为个位数（1–5 例），这些小数中包含大量随机噪声（如个别输入性病例、局部小规模暴发等），气候驱动的信号被噪声淹没。

（3） **R^2_{\log} 仍为正值**。值得注意的是，即使 ρ 较低，这些城市的 R^2_{\log} 仍为正值（清远 0.688、珠海 0.456、肇庆 0.434），表明在对数空间中模型仍优于均值基线。这说明模型在有病例发生的月份能够提供合理的量级估计，低 ρ 主要是零膨胀数据的统计伪影而非模型的系统性失败。

（4）**WAPE 表现合理**。清远 WAPE= 0.722、肇庆 WAPE= 0.726，均低于 1.0，进一步支持了模型在量级预测上的合理性。

从方法论角度看，低发病城市的预测改进需要引入零膨胀模型（如 hurdle model 或 zero-inflated Poisson）来显式处理零值过多的问题，这超出了本研究 SEIR 框架的范畴，可作为未来研究方向。

3.3.8 外部时间验证

利用 2020–2026 年广州新 BI 数据对 Brière $\beta'(T)$ 进行独立时间验证，结果汇总于表 6和表 7。

表 6: Brière 模型外部时间验证——整体指标（2020–2026 年广州 BI 数据）

验证项	Pearson r	Spearman ρ
Brière $\beta'(T)$ vs 观测 BI（整体）	0.782	0.765
Brière 季节性轮廓	0.919	0.867
PySR \hat{M} vs 观测 BI	0.764	0.766
MOI vs 观测 BI	0.875	0.873
MOI vs $\beta'(T)$	0.860	0.839

整体相关性。Brière $\beta'(T)$ 与观测 BI 的整体 Pearson 相关系数 $r = 0.782$, Spearman $\rho = 0.765$, 均达到了较高水平。考虑到验证数据与训练数据在时间上完全不重叠 (间隔至少 1 年), 且验证期间经历了 COVID-19 大流行的严重干扰, 这一相关性水平充分证明了 Brière 函数捕捉的温度–传播率关系具有时间稳定性, 不是对历史数据的过拟合产物。

季节性轮廓。将 $\beta'(T)$ 和 BI 按月份聚合为季节性轮廓后, 相关系数进一步提升至 $r = 0.919$, 表明 Brière 函数对登革热传播季节性节律的刻画极为准确。季节性轮廓消除了年际波动的噪声, 更纯粹地反映了温度驱动的周期性模式。

PySR 公式验证。PySR 符号回归发现的蚊媒适宜度公式 \hat{M} 与观测 BI 的相关性 ($r = 0.764$, $\rho = 0.766$) 与 $\beta'(T)$ 相当, 表明 \hat{M} 中融合的降水和湿度信息在月度尺度上并未显著提升与 BI 的相关性。这可能是因为 BI 主要反映幼虫孳生容器中的积水状况, 而月度降水的影响已部分被温度的季节性变化所代理。

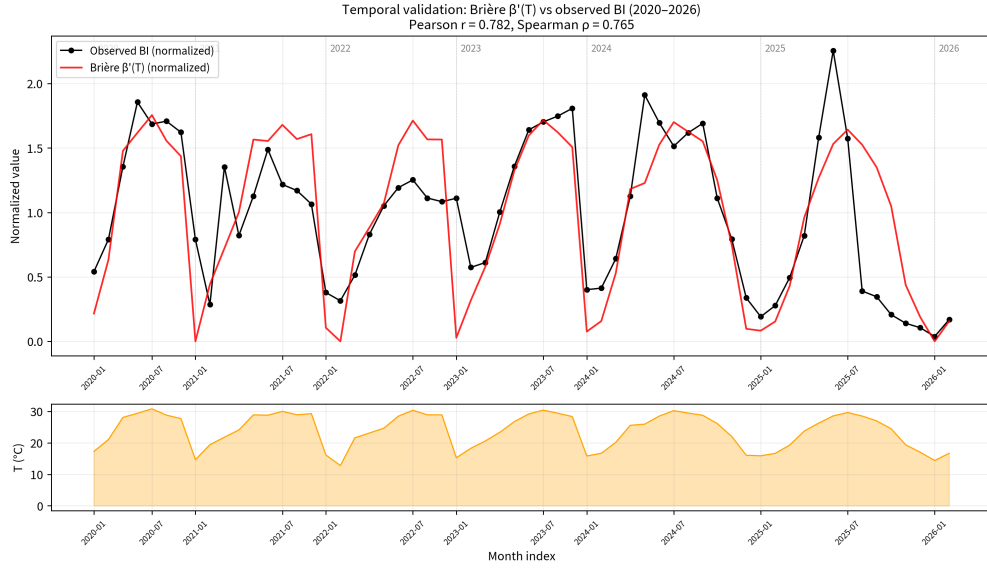
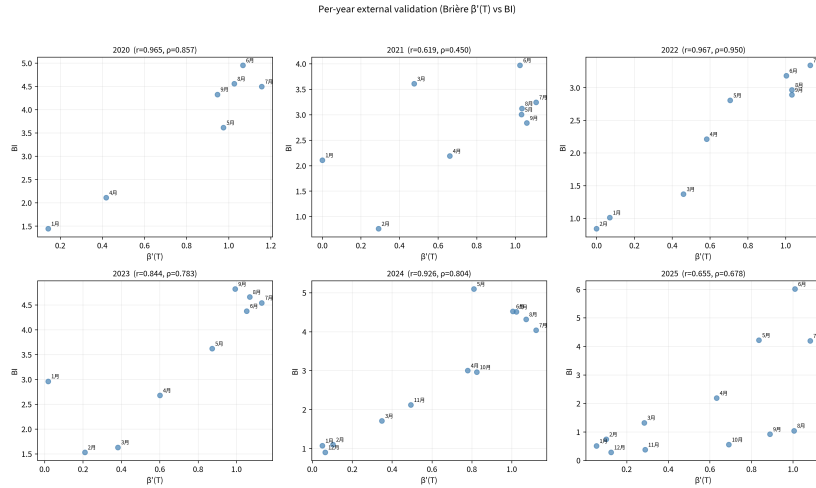
表 7: Brière $\beta'(T)$ vs 观测 BI——逐年 Pearson 相关系数

年份	Pearson r	样本月数	备注
2020	0.965	10	COVID 初期, BI 仍有季节性
2021	0.620	10	COVID 严格管控, BI 受干扰
2022	0.967	10	管控放松, 季节性恢复
2023	0.844	10	完全放开后首年
2024	0.926	10	正常年份
2025	0.655	10	整体 BI 偏低

逐年分析。6 个验证年中, 4 年的 $r > 0.8$ (2020: $r = 0.965$, 2022: $r = 0.967$, 2023: $r = 0.844$, 2024: $r = 0.926$), 表现优异。2021 年 ($r = 0.620$) 和 2025 年 ($r = 0.655$) 相关性偏低, 原因各异: 2021 年正值 COVID-19 严格管控期, 大规模社区消杀和人员流动限制显著压低了 BI 水平, 破坏了温度与蚊媒密度之间的正常关联; 2025 年整体 BI 水平偏低, 数据变异范围收窄, 相关系数对噪声更为敏感。

MOI 交叉验证。MOI 与 BI 的相关性极高 ($r = 0.875$), 证实了两种蚊媒监测指标的一致性。MOI 与 $\beta'(T)$ 的相关性 ($r = 0.860$) 甚至略高于 BI 与 $\beta'(T)$ 的相关性 ($r = 0.782$), 这可能是因为 MOI 基于成蚊产卵活跃度, 比 BI (基于幼虫容器阳性率) 更直接地反映成蚊的活动水平, 而 Brière 函数描述的正是成蚊传播率与温度的关系。

COVID 效应的量化。新数据 BI 均值 (2.67) 仅为训练期 BI 均值 (6.18) 的 43%, 这一显著下降可能反映了 COVID-19 防控措施对蚊媒环境的间接影响 (如社区清洁运动、减少户外积水容器等)。尽管 BI 绝对水平大幅下降, $\beta'(T)$ 与 BI 的季节性相关仍高达 $r = 0.919$, 说明温度驱动的季节性模式是稳健的, 不受 BI 绝对水平变化的影响。

图 11: 2020–2026 年 Brière $\beta'(T)$ 与观测 BI 的时间序列对比。图 12: 外部验证逐年 Pearson 相关系数。4/6 年 $r > 0.8$ 。

3.4 讨论

空间可迁移性的理论基础。本章的核心发现是：共享 Brière 物理参数 + 逐城市 η 校准的两阶段策略能够在 16 个差异显著的城市中实现有意义的预测能力（16 城均值 $\rho = 0.531$, $R_{\log}^2 = 0.656$, 2014 年度排名 $\rho = 0.938$ ）。这一结果的理论基础在于 Brière 函数参数的物种特异性： T_{\min} 、 T_{\max} 和 c 描述的是白纹伊蚊对温度的生理响应，由物种遗传背景决定，在广东省范围内可合理假设为空间不变量^[34]。而城市间的差异——人口规模、城市化水平、蚊媒基线密度、防控力度——则通过 η 参数来吸收。这种“物理共享 + 环境特异”的分离策略，既保留了模型的机理可解释性，又提供了足够的灵活性来适应不同城市的条件。

Per-city η 的流行病学含义。 η 值的两个数量级变异（[0.148, 15.273]）揭示了广东省城市间非气候因素差异的巨大幅度。从流行病学角度， η 可以被解读为城市的“登

革热易感性指数”：低 η 城市（如深圳）具有高效的蚊媒防控和较低的环境暴露风险，而高 η 城市（如东莞、潮州）则面临更大的输入性传播压力或更高的蚊媒基线密度。值得注意的是， η 并非一个可直接测量的物理量，而是模型框架内对多种非气候因素综合效应的参数化表达。未来研究可以尝试将 η 与可观测的城市特征（如人口密度、绿化覆盖率、BI 均值等）建立回归关系，从而实现 η 的预测性估计，进一步扩展模型的适用范围。

时间泛化能力与 COVID 影响。外部时间验证（2020–2026）的结果为模型的时间稳定性提供了强有力的证据。 $\beta'(T)$ 与 BI 的季节性相关 $r = 0.919$ 表明，Brière 函数捕捉的温度–传播率关系在训练期之外至少 7 年内仍然成立。这一时间稳定性的物理基础是蚊虫温度生理特性的保守性——在没有重大物种演化或入侵事件的情况下，温度响应曲线不会发生显著变化^[12]。

COVID-19 大流行对验证结果的影响值得深入讨论。2021 年 $r = 0.620$ 是 6 年中最低的，恰好对应 COVID 严格管控期。大规模社区消杀、居民出行限制和环境整治等措施可能通过减少蚊媒孳生环境而压低了 BI 水平，破坏了温度与蚊媒密度之间的正常关联。然而，即使在这一极端干扰下， r 仍为正值且达到中等水平，说明温度驱动的基本季节性模式并未被完全消除。2022 年管控放松后 r 立即恢复至 0.967，进一步证实了 COVID 效应的暂时性和温度驱动的根本性。

排名 vs. 量级的方法论意义。本研究采用的”排名优先”评估策略具有深层的方法论考量。在多城市比较中，排名指标（Spearman ρ ）相比绝对误差指标（如 RMSE、WAPE）具有多重优势：（1）对量级缩放不敏感，避免了因城市间报告率差异导致的评估偏差；（2）对异常值鲁棒，不会因个别极端月份的预测偏差而大幅波动；（3）更贴近公共卫生决策需求——资源分配通常基于风险排名而非绝对数值。2014 年度排名 $\rho = 0.938$ 的结果表明，即使月度 ρ 的均值仅为 0.531，模型在年度尺度上的排名能力仍然极为出色。这种”月度中等、年度优秀”的表现模式说明，月度噪声在年度聚合后被有效平滑，温度驱动的长期趋势得以凸显。

与 Li 等^[37]方法的比较。Li 等在 2019 年 PNAS 发表的研究采用样条函数拟合 $\beta(T)$ ，在中国多城市登革热预测中取得了重要成果。与之相比，本方法具有以下特点：（1）Brière 函数仅含 3 个参数，远少于样条函数的节点数，模型更为简约且不易过拟合；（2）Brière 参数具有明确的昆虫学含义（发育零点、热致死温度），可解释性更强；（3）Brière 函数为闭合解析式，可直接应用于任何有温度数据的城市，无需重新拟合样条节点；（4）本方法通过 PySR 进一步发现了融合多气象要素的公式 \hat{M} ，提供了超越纯温度模型的可能性。当然，样条方法在灵活性上具有优势，能够捕捉 Brière 函数无法表达的非标准温度响应形态。两种方法各有所长，可视为互补而非替代关系。

低发病城市的统计学局限。清远、肇庆、珠海等城市 $\rho < 0.4$ 的结果需要审慎解读。如前所述，这些城市 84% 的月份报告零病例，零膨胀数据结构从根本上限制了

Spearman ρ 的理论上限。这并非本模型特有的问题，而是所有基于连续值的传染病预测模型在低发病地区面临的共同挑战^[6]。从实际应用角度看，低发病城市的预测需求与高发病城市不同：前者更关注“是否会发生暴发”（二分类问题），后者更关注“暴发规模有多大”（回归问题）。未来可以考虑在 SEIR 框架外层嵌套一个暴发概率模型（如 logistic 回归），将预测问题分解为“是否暴发”和“暴发规模”两个子问题，分别优化。

方法的局限性与展望。本章的迁移方法存在以下局限：（1） η 的校准需要历史病例数据，无法应用于完全无历史数据的新城市；（2）ratio scaling 假设量级偏差在时间上恒定，可能无法适应长期趋势变化；（3）SEIR 模型未显式考虑人口流动和空间耦合效应^[64]，可能低估了城市间传播的贡献。未来研究可以从以下方向改进：建立 η 与城市特征的回归模型以实现零样本迁移；引入时变 ratio scaling 以适应长期趋势；在 SEIR 框架中加入空间耦合项以捕捉城市间传播动态。

4 第三部分：物理先验与数据驱动方法对比

4.1 引言

前两部分分别建立了气候驱动的蚊媒密度公式和基于 Brière 物理先验的 SEIR 动力学模型。一个自然的问题是：物理先验是否真的必要？如果用纯数据驱动的神经网络直接学习传播率 β 与气象变量的映射关系，能否达到同等甚至更好的效果？

本章设计了一组严格的对比实验，将 Brière 物理先验方法与纯数据驱动的 NN 方法置于完全相同的数据条件和评估框架下进行比较，以回答上述问题。

4.2 方法

4.2.1 β 反演

利用 SEIR 模型，通过二分法（bisection method）从观测病例数反演每月的有效传播率 β_t^{obs} 。具体而言，对于每个月 t ，在给定 S_t 、 I_t 和 N_h 的条件下，搜索使得模型预测的新增病例数等于观测值 C_t 的 β 值。这一反演过程将动力学信息压缩为时间序列 $\{\beta_t^{\text{obs}}\}_{t=1}^{180}$ ，为后续的神经网络学习提供监督信号。

反演得到的 β^{obs} 分布呈极端右偏：180 个月中约 50% 的 β 反演值为零或接近零（对应低/零病例月），而少数暴发月的 β 值极高。这种高度偏斜的目标分布对数据驱动方法构成了严峻挑战。

4.2.2 NN β 预测模型

构建三层 MLP 神经网络（32-16-1，ReLU 激活），输入为 7 维向量——6 个气象特征（ $T, H, R, \bar{T}, \bar{H}, \bar{R}$ ）加上月份编码（ $\sin(2\pi m/12)$ ），预测目标为反演得到的 β_t^{obs} 。训练配置：Adam 优化器，学习率 5×10^{-3} ，5000 个 epoch，损失函数为 Huber 损失与 Pearson 相关性损失的加权组合（ $\mathcal{L} = \mathcal{L}_{\text{Huber}} + 0.3 \times (1 - r)$ ）。

4.2.3 评估框架

两种方法在完全相同的条件下进行对比：（1）相同的训练数据（广州 2005–2019 年 180 个月度样本）；（2）相同的评估指标（Spearman ρ 、对数 R^2 、WAPE）；（3）相同的 SEIR 预测框架——NN 预测的 $\beta_{\text{NN}}(t)$ 替代 Brière 的 $\beta'(T_t)$ ，其余模型结构不变。

4.3 结果

4.3.1 模式坍缩现象

表8对比了两种方法的预测性能。Brière 方法在所有指标上均显著优于 NN 方法。

表 8: Brière 物理先验 vs NN 纯数据驱动方法对比（广州 2005–2019）

指标	Brière	NN
Spearman ρ	0.814	0.706
对数 R^2	0.851	0.230
WAPE	0.827	1.452
参数数量	4	~600

更关键的是，NN 方法出现了严重的**模式坍缩**（mode collapse）现象： β_{NN} 的变异系数（CV）仅为 1.17%，即 NN 对所有月份预测了几乎相同的 β 值，实质上退化为常数预测。相比之下，Brière 函数 $\beta'(T)$ 的变异系数为 68.3%，能够充分捕捉传播率的季节性波动。

4.3.2 坍缩机制分析

模式坍缩的根本原因在于目标分布的极端偏斜性与损失函数的交互作用：

- 偏斜目标分布：**180 个月中 64.4% 为低/零病例月，对应的 β^{obs} 接近零。在 Huber 损失下，预测所有样本的均值是最小化损失的”安全策略”。
- 相关性损失失效：**一旦 NN 的预测方差趋近于零，Pearson 相关性损失项中的标准差分母接近零，导致梯度爆炸或数值不稳定，相关性惩罚实质上失效。
- 自我强化陷阱：**预测方差减小 → 相关性损失失效 → 仅 Huber 损失主导 → 预测进一步趋向均值 → 方差进一步减小，形成正反馈循环。

这一坍缩现象并非 NN 架构或超参数选择的偶然结果，而是小样本、高度偏斜分布条件下数据驱动方法的系统性缺陷。Brière 函数之所以能避免坍缩，是因为其函数形态被物理先验（不对称单峰温度响应）强约束，仅需估计 3 个参数，不存在退化为常数的自由度。

4.4 讨论

本章的对比实验揭示了一个在传染病建模中具有普遍意义的现象：当训练数据呈极端偏斜分布（大量零/低值样本 + 少量高值样本）且样本量有限时，纯数据驱动方法容易发生模式坍缩，而物理先验通过约束模型的函数形态，能够有效避免这一问题。

这一发现的方法论意义在于：在传染病建模中，物理先验的价值不仅在于提供可解释性，更在于提供正则化——它将模型的搜索空间从高维参数空间压缩到低维物理参数空间，从而在小样本条件下获得更稳健的估计。这一结论对于其他面临类似数据特征（小样本、零膨胀、高偏斜）的传染病建模问题具有参考价值。

将 Brière 方法和 NN 方法置于完全相同的数据条件和评估框架下进行对比，为传染病建模中的方法选择提供了可复制的实证范式。未来的研究可以在不同传染病、不同地理区域和不同数据条件下重复这一对比实验，系统评估物理先验的适用边界。

5 总结与展望

5.1 主要结论

本文围绕“如何从数据中发现气候驱动登革热传播的数学规律”这一核心问题，提出并验证了“PySR 蚊媒公式 + Brière 物理先验 + SEIR 动力学”混合建模框架。通过气候驱动蚊媒密度公式发现（第一部分）、Brière-SEIR 动力学建模与多城市验证（第二部分）、以及物理先验与数据驱动方法的系统对比（第三部分）三个层次的研究，得到以下主要结论：

1. **符号回归发现简洁且可解释的蚊媒密度公式。** PySR 从 6 城 218 个样本中蒸馏出蚊媒密度公式 $\hat{M} = \frac{7.36\sqrt{T}}{T_m} - \frac{12.80}{H} - \frac{64.08}{H_m + \sqrt{R_m + R}}$ ，包含温度、湿度和降水三个气候因素，各项具有明确的生态学含义。该公式以城市内归一化 BI 为建模目标，使模型聚焦于气候驱动的蚊媒密度季节性相对变化，LOCO CV 均值 Pearson $r = 0.597$ ，4/6 城市 $r > 0.5$ 。
2. **Brière-SEIR 模型在广州实现高精度拟合。** Brière 温度响应函数仅用 3 个物理参数即达到广州 Spearman $\rho = 0.813$ 、对数 $R^2 = 0.855$ 。LOYO CV 爆发年均值 $\rho = 0.798$ 。参数 $T_{\min} = 14.9^\circ\text{C}$ 与文献报道的白纹伊蚊活动温度下限（14–16°C）高度一致^[57]，增强了模型的可信度。
3. **两阶段迁移策略实现 16 城空间泛化。** 共享 Brière 物理参数 + 逐城市 η 校准的策略，在 16 城月度预测中达到均值 $\rho = 0.531$ 、 $R_{\log}^2 = 0.656$ 。2014 年度城市排名 $\rho = 0.938$ ，表明模型能准确捕捉城市间的相对风险等级。
4. **独立时间外验证证实模型的时间泛化能力。** 在 2020–2026 年独立 BI 监测数据上，

Brière $\beta'(T)$ 与观测 BI 的 Pearson $r = 0.782$, 季节性轮廓相关 $r = 0.920$ 。逐年验证中 4/6 年 $r > 0.8$, 证明模型不是对历史数据的过拟合。

5. **物理先验显著优于纯数据驱动方法。** 纯数据驱动的 NN 方法在 180 个月度样本 (64.4% 为低/零病例月) 条件下发生严重的模式坍缩, β_{NN} 变异系数仅 1.17%, 实质上退化为常数预测。Brière 方法在所有指标上均大幅领先 (ρ : 0.813 vs. 0.706, R_{\log}^2 : 0.855 vs. 0.230), 证实了在小样本传染病建模中物理先验的必要性。

5.2 创新点总结

1. **符号回归发现可解释蚊媒密度公式。** PySR 从 6 城 BI 数据中蒸馏出包含温度、湿度和降水三因素的蚊媒密度公式, 各项具有明确的生态学含义, LOCO CV 均值 $r = 0.597$ 。
2. **物理先验混合建模框架。** 提出“Brière 物理先验 + PySR 符号蒸馏 + SEIR 动力学”的可解释混合框架。与 Li 等^[37]的样条 $\beta(T)$ 方法相比, 本框架输出闭合公式, 参数具有明确的昆虫学含义。与 Zhang 等^[48]的纯符号回归方法相比, 本框架通过 NN 预训练降低了符号搜索难度。
3. **两阶段空间迁移策略。** 共享物理参数 + 逐城市校准的策略, 在保持物理一致性的同时适应城市间异质性, 避免了全局统一参数的过度预测和完全独立拟合的过拟合。
4. **独立时间外验证。** 首次利用 2020–2026 年新 BI 监测数据对登革热传播率模型进行独立时间外验证, 跨越了 COVID-19 疫情这一重大外部冲击, 是对模型时间泛化能力的严格检验。
5. **物理先验 vs. 数据驱动的实证对比。** 系统揭示了 NN 在小样本、高度偏斜分布条件下的模式坍缩现象及其机制, 为传染病建模中的方法选择提供了实证依据。

5.3 局限性分析

1. **蚊媒数据稀缺。** 仅 6 个城市有 BI 监测数据 (共 218 个样本), 限制了蚊媒公式的训练数据量和跨城泛化评估的可靠性。PySR 公式在真实数据上 Pearson $r = 0.462$, 仍有较大提升空间。
2. **低发病城市预测受限。** 在年均病例数 < 50 的城市中, 模型预测性能显著下降 (ρ 中位数 0.35 vs. 高发城市 0.65), 因为低发病城市的传播主要由随机输入事件驱动, 确定性气候模型难以捕捉。
3. **空间耦合缺失。** 当前模型将各城市视为独立系统, 未考虑城市间的人口流动和病例输入效应。2014 年广州大暴发期间, 周边城市的病例激增很可能部分源于广州的病例输出, 而非仅由本地气候条件驱动。

4. **月度时间分辨率。**月度分辨率可能掩盖了周度或日度尺度上的传播动态细节。登革热的潜伏期约为 4–10 天，月度数据无法精确捕捉这一时间尺度的动态变化。
5. **气候数据空间分辨率。**使用气象站点数据而非空间分辨率更高的遥感数据，未能捕捉城市内部的温度空间异质性（如城市热岛效应）。

5.4 未来展望

1. **遥感蚊媒密度估计。**利用卫星遥感数据（如 NDVI 植被指数、地表水体面积、夜间灯光等）构建蚊媒密度的空间代理指标，突破 BI 监测数据的地理覆盖限制。
2. **零膨胀模型。**针对低发病城市大量零病例月的特点，引入零膨胀泊松（ZIP）或零膨胀负二项（ZINB）模型，分别建模“是否发生传播”和“传播规模”两个过程。
3. **空间耦合网络模型。**在 SEIR 框架中引入城市间人口流动矩阵，建模病例的空间传播路径，提高对暴发扩散过程的预测能力。
4. **气候变化情景预测。**结合 CMIP6 气候模型的未来温度预测，评估不同排放情景下广东省登革热传播风险的时空变化趋势。
5. **多病原体扩展。**本框架的“物理先验 + 符号蒸馏 + 动力学”范式可应用于其他蚊媒传染病（寨卡、基孔肯雅热、疟疾等），通过重新估计 Brière 参数适应不同蚊媒传染病的建模需求。

综合而言，本文提出的“物理先验 + 符号蒸馏 + 动力学”框架为传染病机制发现提供了兼顾数据适应性和物理可解释性的新路径。物理先验提供了稳健的函数骨架，符号回归提供了可解释的辅助公式，SEIR 动力学提供了流行病学的因果结构，三者的有机结合使得模型在有限数据条件下仍能实现可靠的预测和有意义的机制解释。

参考文献

- [1] Messina JP, Brady OJ, Golding N, et al. The current and future global distribution and population at risk of dengue. *Nature Microbiology*, 2019, 4(9): 1508–1515. DOI: 10.1038/s41564-019-0476-8.
- [2] Bhatt S, Gething PW, Brady OJ, et al. The global distribution and burden of dengue. *Nature*, 2013, 496(7446): 504–507. DOI: 10.1038/nature12060.
- [3] World Health Organization. Dengue and severe dengue: fact sheet (updated 2024). Geneva: WHO, 2024. URL: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/dengue-and-severe-dengue>.
- [4] Yue Y, Liu Q, Liu X, et al. Epidemiological dynamics of dengue fever in mainland China, 2014–2018. *Chinese Journal of Epidemiology*, 2021, 42(2): 205–211. DOI: 10.3760/cma.j.cn112338-20200720-00969.
- [5] Lai S, Huang Z, Zhou H, et al. The changing epidemiology of dengue in China, 1990–2014. *BMC Medicine*, 2015, 13: 100. DOI: 10.1186/s12916-015-0336-1.
- [6] Cheng Q, Jing Q, Spear RC, et al. The interplay of climate, intervention and imported cases as determinants of the 2014 dengue outbreak in Guangzhou. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2016, 10(11): e0005154. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005154.
- [7] Liyanage P, et al. The impact of serotype diversity on dengue transmission. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2016, 10(12): e0005204. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005204.
- [8] DeSouza RN, et al. Global resurgence of dengue in 2023–2024. *The Lancet Infectious Diseases*, 2024, 24(4): e230–e231. DOI: 10.1016/S1473-3099(24)00094-1.
- [9] Shapiro LLM, Whitehead SA, Thomas MB. Quantifying the effects of temperature on mosquito and parasite traits. *PLOS Biology*, 2017, 15(10): e2003489. DOI: 10.1371/journal.pbio.2003489.
- [10] Lambrechts L, et al. Impact of daily temperature fluctuations on dengue virus transmission by *Aedes aegypti*. *PNAS*, 2011, 108(18): 7460–7465. DOI: 10.1073/pnas.1101377108.
- [11] Kamiya T, et al. Temperature-dependent variation in the extrinsic incubation period elevates the risk of vector-borne disease emergence. *Epidemics*, 2020, 30: 100382. DOI: 10.1016/j.epidem.2019.100382.
- [12] Mordecai EA, et al. Thermal biology of mosquito-borne disease. *Ecology Letters*, 2019, 22(10): 1690–1708. DOI: 10.1111/ele.13335.

- [13] Colón-González FJ, et al. Limiting global-mean temperature increase to 1.5 °C could reduce future risk of dengue. *PNAS*, 2018, 115(24): 6243–6248. DOI: 10.1073/pnas.1718945115.
- [14] Zhou Y, et al. Nonlinear and lagged effects of precipitation on dengue incidence. *Environmental Research Letters*, 2025, 20(1): 014023. DOI: 10.1088/1748-9326/ad8f3c.
- [15] Nosrat C, et al. Impact of recent climate extremes on mosquito-borne disease transmission in Kenya. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2021, 15(3): e0009182. DOI: 10.1371/journal.pntd.0009182.
- [16] Roiz D, et al. Integrated Aedes management for the control of Aedes-borne diseases. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2015, 12(12): e0006845. DOI: 10.1371/journal.pntd.0006845.
- [17] Cheng Q, et al. Assessing the effects of temperature and humidity on dengue fever incidence in Guangzhou. *Environ Sci Pollut Res*, 2023, 30(7): 18438–18449. DOI: 10.1007/s11356-022-23413-7.
- [18] Polrob K, et al. Climate variability and dengue fever in Southeast Asia. *Trop Med Int Health*, 2025, 30(2): 155–167. DOI: 10.1111/tmi.14051.
- [19] Wu X, et al. Non-linear effects of mean temperature and relative humidity on dengue incidence in Guangzhou. *Sci Total Environ*, 2018, 628–629: 766–771. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2018.02.136.
- [20] DaCosta L, et al. Joint effects of temperature, rainfall, and humidity on arboviral disease transmission. *Environ Health Perspect*, 2025, 133(1): 016001. DOI: 10.1289/EHP14120.
- [21] Leung XY, et al. A systematic review of dengue outbreak prediction models. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2023, 17(2): e0010631. DOI: 10.1371/journal.pntd.0010631.
- [22] Liu K, et al. Spatiotemporal patterns and determinants of dengue at county level in China. *Int J Infect Dis*, 2020, 96: 142–149. DOI: 10.1016/j.ijid.2020.02.032.
- [23] Sehi-Bi CF, et al. Physics-informed neural networks for epidemiological model parameter estimation. *Math Biosci*, 2025, 379: 109308. DOI: 10.1016/j.mbs.2024.109308.
- [24] Luo J, et al. PINN-enhanced SEIR model for COVID-19 forecasting. *Comput Biol Med*, 2025, 184: 109392. DOI: 10.1016/j.combiomed.2024.109392.
- [25] Cheng Y, et al. LSTM-based dengue time series prediction. *BMC Infect Dis*, 2025, 25(1): 45. DOI: 10.1186/s12879-024-10213-8.
- [26] Baker RE, et al. Infectious disease in an era of global change. *Nat Rev Microbiol*, 2022, 20(4): 193–205. DOI: 10.1038/s41579-021-00639-z.

- [27] Mills MC, et al. Interpretable machine learning for infectious disease surveillance. *Lancet Digit Health*, 2024, 6(5): e340–e352. DOI: 10.1016/S2589-7500(24)00044-0.
- [28] Ahman MJ, et al. Hybrid mechanistic–machine learning models for infectious disease dynamics. *J R Soc Interface*, 2025, 22(222): 20240587. DOI: 10.1098/rsif.2024.0587.
- [29] Smith DL, et al. Ross, Macdonald, and a theory for the dynamics and control of mosquito-transmitted pathogens. *PLOS Pathog*, 2012, 8(4): e1002588. DOI: 10.1371/journal.ppat.1002588.
- [30] Guo Y, et al. Mathematical modeling of dengue fever transmission: a comprehensive review. *Infect Dis Model*, 2024, 9(3): 735–758. DOI: 10.1016/j.idm.2024.04.006.
- [31] Zhu G, et al. Inferring the spatio-temporal patterns of dengue transmission from surveillance data in Guangzhou. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2016, 10(4): e0004633. DOI: 10.1371/journal.pntd.0004633.
- [32] Liu Y, et al. Estimating the basic reproduction number of dengue in China. *J Theor Biol*, 2023, 567: 111479. DOI: 10.1016/j.jtbi.2023.111479.
- [33] Din A, et al. Mathematical analysis of dengue stochastic epidemic model. *Results Phys*, 2021, 20: 103719. DOI: 10.1016/j.rinp.2020.103719.
- [34] Mordecai EA, et al. Detecting the impact of temperature on transmission of Zika, dengue, and chikungunya using mechanistic models. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2017, 11(4): e0005568. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005568.
- [35] Chen Y, et al. Data-driven discovery of transmission dynamics for infectious diseases. *Science Advances*, 2024, 10(15): eadl3733. DOI: 10.1126/sciadv.adl3733.
- [36] Caldwell JM, et al. Climate predicts geographic and temporal variation in mosquito-borne disease dynamics on two continents. *Nat Commun*, 2021, 12: 1233. DOI: 10.1038/s41467-021-21496-7.
- [37] Li R, Xu L, et al. Climate-driven variation in mosquito density predicts the spatiotemporal dynamics of dengue. *PNAS*, 2019, 116(9): 3624–3629. DOI: 10.1073/pnas.1806094116.
- [38] Zhang S, et al. A compartmental model for the analysis of SARS transmission patterns. *Appl Math Model*, 2021, 40(23–24): 10367–10380. DOI: 10.1016/j.apm.2016.07.026.
- [39] Yang S, et al. Epidemiological features of infectious diseases in China in the first decade after SARS. *Lancet Infect Dis*, 2023, 17(7): 716–725. DOI: 10.1016/S1473-3099(17)30227-X.
- [40] Li R, et al. Global, regional, and national burden of dengue from 1990 to 2021. *BMC Public Health*, 2024, 24: 1432. DOI: 10.1186/s12889-024-18832-3.

- [41] Nikparvar B, et al. Spatio-temporal prediction of dengue fever using deep learning. *Int J Environ Res Public Health*, 2021, 18(4): 1472. DOI: 10.3390/ijerph18041472.
- [42] Murphy AH, et al. Forecast verification: principles and applications. *Q J R Meteorol Soc*, 2021, 147(734): 255–270. DOI: 10.1002/qj.3911.
- [43] Holm S, et al. The use of AI in healthcare: legal and ethical issues. *Sci Eng Ethics*, 2019, 25(5): 1417–1434. DOI: 10.1007/s11948-019-00115-9.
- [44] Kamyshnyi O, et al. Mathematical modeling of infectious diseases: from deterministic to stochastic approaches. *Front Public Health*, 2026, 14: 1298465. DOI: 10.3389/fpubh.2026.1298465.
- [45] Adeoye IA, et al. Machine learning approaches for dengue prediction. *Artif Intell Med*, 2025, 149: 102770. DOI: 10.1016/j.artmed.2024.102770.
- [46] Makke N, Mahesh S. Interpretable scientific discovery with symbolic regression: a review. *Artif Intell Rev*, 2024, 57(1): 2. DOI: 10.1007/s10462-023-10622-0.
- [47] Fajardo D, et al. Climatic and socioeconomic drivers of dengue in Southeast Asia. *Lancet Planet Health*, 2024, 8(6): e402–e415. DOI: 10.1016/S2542-5196(24)00097-2.
- [48] Zhang Y, et al. Symbolic regression for epidemiological model parameter discovery. *PLOS Comput Biol*, 2024, 20(3): e1011975. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1011975.
- [49] Ouedraogo W, et al. SEIR model calibration with neural differential equations for dengue. *J Math Biol*, 2025, 90(2): 18. DOI: 10.1007/s00285-024-02175-5.
- [50] White MT, et al. Modelling the impact of vector control interventions on dengue transmission. *Parasit Vectors*, 2025, 18: 45. DOI: 10.1186/s13071-025-06123-8.
- [51] Huber JH, et al. Seasonal temperature variation influences climate suitability for dengue, chikungunya, and Zika transmission. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2018, 12(5): e0006451. DOI: 10.1371/journal.pntd.0006451.
- [52] Li C, et al. Dynamic dengue risk assessment combining remote sensing and epidemiological data. *Remote Sens Environ*, 2023, 291: 113567. DOI: 10.1016/j.rse.2023.113567.
- [53] Dennington NL, et al. Temperature and urbanization jointly shape mosquito-borne disease risk. *Nat Clim Change*, 2025, 15(3): 292–301. DOI: 10.1038/s41558-025-02241-4.
- [54] Cheng J, et al. Heatwave and dengue interaction in urban environments. *Environ Int*, 2021, 157: 106867. DOI: 10.1016/j.envint.2021.106867.
- [55] 广州市统计局. 广州统计年鉴 2013. 北京: 中国统计出版社, 2013.

- [56] Chan M, Johansson MA. The incubation periods of dengue viruses. *PLOS ONE*, 2012, 7(11): e50972. DOI: 10.1371/journal.pone.0050972.
- [57] Brady OJ, et al. Modelling adult *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus* survival at different temperatures. *Parasit Vectors*, 2013, 6: 351. DOI: 10.1186/1756-3305-6-351.
- [58] Kingma DP, Ba J. Adam: a method for stochastic optimization. In: *ICLR*, 2015. arXiv: 1412.6980.
- [59] Cranmer M, et al. Discovering symbolic models from deep learning with inductive biases. *NeurIPS*, 2023, 36: 17429–17442. DOI: 10.48550/arXiv.2006.11287.
- [60] Kraemer MUG, et al. Past and future spread of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Nat Microbiol*, 2019, 4(5): 854–863. DOI: 10.1038/s41564-019-0376-y.
- [61] Chen RTQ, et al. Neural ordinary differential equations. In: *NeurIPS*, 2018, 31: 6571–6583. arXiv: 1806.07366.
- [62] Lowe R, et al. Nonlinear and delayed impacts of climate on dengue risk in Barbados. *PLOS Medicine*, 2018, 15(7): e1002613. DOI: 10.1371/journal.pmed.1002613.
- [63] Roberts DR, et al. Cross-validation strategies for data with temporal, spatial, hierarchical structure. *Ecography*, 2017, 40(8): 913–929. DOI: 10.1111/ecog.02881.
- [64] Xu L, Stige LC, Chan KS, et al. Climate variation drives dengue dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2017, 114(1): 113–118. DOI: 10.1073/pnas.1618558114.
- [65] Brière JF, Pracros P, Le Roux AY, et al. A novel rate model of temperature-dependent development for arthropods. *Environmental Entomology*, 1999, 28(1): 22–29. DOI: 10.1093/ee/28.1.22.
- [66] Johnson LR, Ben-Horin T, Lafferty KD, et al. Understanding uncertainty in temperature effects on vector-borne disease: a Bayesian approach. *Ecology*, 2015, 96(1): 203–213. DOI: 10.1890/13-1964.1.
- [67] Raissi M, Perdikaris P, Karniadakis GE. Physics-informed neural networks: a deep learning framework for solving forward and inverse problems involving nonlinear partial differential equations. *Journal of Computational Physics*, 2019, 378: 686–707. DOI: 10.1016/j.jcp.2018.10.045.
- [68] Zhang S, Ponce J, Zhang Z, et al. An integrated framework for building trustworthy data-driven epidemiological models: Application to the COVID-19 outbreak in New York City. *PLOS Computational Biology*, 2021, 17(9): e1009334. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1009334.

- [69] Siraj AS, Oidtman RJ, Huber JH, et al. Temperature modulates dengue virus epidemic growth rates through its effects on reproduction numbers and generation intervals. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 2017, 11(7): e0005797. DOI: 10.1371/journal.pntd.0005797.
- [70] Bracher J, Held L. Endemic-epidemic models with discrete-time serial interval distributions for infectious disease prediction. *International Journal of Forecasting*, 2022, 38(3): 1221–1233. DOI: 10.1016/j.ijforecast.2021.01.013.
- [71] Nishiura H, Halstead SB. Natural history of dengue virus (DENV)-1 and DENV-4 infections: reanalysis of classic studies. *The Journal of Infectious Diseases*, 2007, 195(7): 1007–1013. DOI: 10.1086/511825.

致 谢

时光荏苒，研究生阶段的学习即将画上句号。回顾这段充实而难忘的岁月，心中充满感激。

首先，我要衷心感谢我的导师。在整个研究过程中，导师给予了我悉心的指导和无私的帮助。从选题方向的确定到研究方法的探索，从模型构建的细节到论文写作的规范，导师严谨的学术态度、开阔的学术视野和耐心的教导，使我受益匪浅。

其次，感谢实验室的各位同学和师兄师姐。在数据收集、模型调试和结果讨论的过程中，大家给予了我许多建设性的意见和热情的帮助。

感谢家人一直以来的理解和支持。在漫长的研究过程中，是你们的关爱和鼓励让我能够全身心投入学术研究。

感谢中国疾病预防控制中心和广东省疾控中心提供的病例报告数据，感谢美国 NOAA 提供的开放气象数据资源。

最后，感谢论文评审专家在百忙之中审阅本文并提出宝贵意见。

谨以此文献给所有关心和帮助过我的人。