



基于环境危险要素的中国霍乱分区预测

徐敏^①, 曹春香^{①*}, 王多春^②, 阚飙^②, 贾慧聪^①, 许允飞^①, 李小文^①

① 中国科学院遥感与数字地球研究所, 遥感科学国家重点实验室, 北京 100101;

② 中国疾病预防控制中心传染病预防控制所, 北京 102206

* 联系人, E-mail: cao413@irsa.ac.cn

2012-12-03 收稿, 2013-01-14 接受, 2013-07-10 网络版发表

国家高技术研究发展计划(2013AA12A302)、遥感科学国家重点实验室重大科学计划(ZD12-5)、国家自然科学基金(41171330)和遥感科学国家重点实验室青年人才项目(13RC-08)资助

摘要 霍乱的发生与流行受降水量、气温、高程等多种气候地理环境要素的影响. 本文利用最大熵生态位模型, 基于地理、气候环境要素对中国霍乱弧菌的适生度进行分析, 并根据适生度分布图选取合适的阈值对中国发病风险进行分区预测. 结果表明, 中国东南部沿海地区、中部地区及西部四川盆地的霍乱弧菌适生度相对较高, 而东北和西北部地区的霍乱弧菌适生度较低, 在西北部地区, 新疆盆地的霍乱弧菌适生度要比周边地区略高. 降水量、气温、高程是影响我国霍乱分布的 3 个主要环境危险要素; 相对湿度、与海洋的距离和气压对霍乱分布也有一定的影响, 但日照时数及河网密度对其影响不大. 利用 ROC 曲线对预测模型进行评价, 训练样本和测试数据的曲线下面积值在 0.9 以上, 表明模型预测结果具有较高的精度.

关键词

最大熵生态位模型
霍乱弧菌
环境要素
分区预测

霍乱早在 1820 年就传入我国, 并在随后的历次全球大流行中都给我国造成了巨大的损失. 近年来, 我国霍乱发病水平稳定在一个较低的水平, 但是由于受极端气候条件、自然灾害等的影响, 每隔 3~4 年可能会有一次暴发的小高峰^[1]. 1998 年, 由于我国发生了百年一遇的特大洪水, 导致长江、黄河等主要河流出现多处决堤, 洪水携带着霍乱弧菌冲刷入乡镇、村庄等居民区, 水源和食物受到污染, 1998 年和 1999 年我国霍乱病例数显著上升^[2]. 在随后的 10 年中, 霍乱发病总体水平比较低, 但 2001 年和 2005 年分别出现了一次小高峰, 2001 年霍乱病例主要分布在广东、四川、浙江等地, 2005 年主要是在福建、浙江、广东等沿海省份, 优势菌型也由 O139 型转变成曾在历史上造成大流行的稻叶型. 2008 年 10 月, 海南省由于遭受了 30 年一遇的强降雨, 部分地区发生洪涝灾害, 海水倒灌, 积水难以排出, 自然界中存在的霍乱弧菌污

染了外环境, 导致在海口、儋州等地区暴发了霍乱疫情. 2010 年 8 月和 9 月在安徽省蒙城和江苏淮安各暴发了 1 次霍乱疫情^[1].

霍乱的发生与流行受气候、地理、海洋等自然环境, 以及居民的生活习惯、基础卫生条件、人口素质等社会经济环境的共同影响^[3]. 由于社会环境要素与霍乱传播流行的关系比较复杂, 并且社会环境要素难以用定量的方法来描述, 相关数据的获取也比较困难; 而自然环境要素则大都可以通过空间信息技术的方法来获取和处理, 且易于定量地表达^[4,5]. 因此, 本文着重于分析地理及气候等自然环境要素对中国霍乱发生和流行的影响, 并基于地理、气候环境要素对中国霍乱的潜在空间分布进行预测研究.

1 霍乱的环境影响因素分析

在众多的气候环境要素中, 气温是影响霍乱弧

引用格式: 徐敏, 曹春香, 王多春, 等. 基于环境危险要素的中国霍乱分区预测. 科学通报, 2013, 58: 2721–2727

英文版见: Xu M, Cao C X, Wang D C, et al. District prediction of cholera risk in China based on environmental factors. Chin Sci Bull, 2013, 58: 2798–2804, doi: 10.1007/s11434-013-5776-4

菌在自然环境中存活与繁殖的最重要的气候要素之一^[6]。霍乱弧菌的最适宜生长温度是 37℃, 较适宜生长的温度区间为 16~42℃。高于或者低于这个区间的温度将会抑制其繁殖^[7]。由于全球工业化进程的发展, 温室气体大量排放, 全球气候变暖的趋势日益明显, 因此热带地区的平均气温更加接近霍乱弧菌最适宜繁殖的温度, 霍乱疫情的暴发在这些地区, 尤其是卫生条件较贫乏的非洲地区将会更加频繁。Fernández 等人^[8]以周为时间单元分析了 2003~2006 年赞比亚卢萨卡地区霍乱病例数与降水量、气温等因素的关系, 结果表明霍乱发病相对气温的变化滞后 6 周的时间, 气温每增加 1℃霍乱病例数增加 5.2%。Gil 等人^[9]通过连续采集 1997 年 10 月~2000 年 5 月秘鲁海岸带 4 个位置的海水样本数据, 发现海水表面温度与当地霍乱发病率有着显著的正相关性。降水量也是影响霍乱疫情的一个重要气候环境要素^[10,11]。霍乱疫情的高发期一般都在雨季过后, 这是由于大量降雨使江河湖泊的水面上涨, 甚至引发洪水, 淹没大片居民地, 因此当地居民接触到带菌水体的概率大大增加, 从而导致霍乱发生率的升高。Emch 等人^[10]在孟加拉国的 Hue 地区、Mendelsohn 和 Dawson^[12]在南非的 KwaZulu-Natal 地区的研究均表明, 当地霍乱发生率与两月前的降水量显著相关。Pascual 等人^[13]研究发现印度 9 个省区的霍乱死亡率与当地的降水量密切相关。

高程作为一个重要的地理环境要素, 对多种疾病的分布都有显著影响。一般而言, 低海拔的区域往往更易于霍乱病例的发生, 这是因为霍乱弧菌主要是通过水体进行传播, 而处于较低高程的区域容易受到洪水的侵袭, 所以当地居民接触到带菌的水体或者食物的概率要高于其他地区。河网密度是流域结构特征的一个重要指标, 它从一定程度上反映了一个地区的降水量与下垫面条件, 对霍乱暴发的危险性有着较大的影响。降水量高、渗透性弱, 与霍乱相关的洪水暴发危险性就相对较高, 因此河网密度可以作为间接反映霍乱暴发风险的一个指标。海洋是霍乱弧菌生存与繁殖的重要水生环境, 包括中国在内的许多国家的霍乱病例主要分布在沿海及近海地区, 全球气候变暖导致的海平面上涨使得处于低高程的沿海地区更易受到海水的侵袭, 导致大量海洋盐水注入淡水中, 包括地下水, 这将使得沿海地区的水体盐度升高到霍乱弧菌的适宜盐度, 从而导致

霍乱发病率升高^[14]。Borrito 和 Martinez-Piedra^[15]利用空间自相关的方法对 1991~1996 年墨西哥各州的霍乱发病率空间模式的研究表明, 沿海地区的霍乱发病率是内陆地区的 2.47 倍。

2 数据处理

2.1 霍乱及人口数据

霍乱数据来自中国疾病预防控制中心传染病预防控制所, 是通过对各县、市、省(自治区)级疾控中心逐级上报的霍乱病例数据进行统计、整理后的霍乱汇编数据, 该数据集包括 2001~2008 年中国(不含港澳台地区)各县、市每月霍乱发病数及死亡数的记录, 每条记录包括县市名、行政区代码、2001~2008 年各月的霍乱发病人数及死亡人数。人口数据来自国家统计局网站(<http://www.stats.gov.cn/>)提供下载的第五次全国人口普查数据, 本文收集了第 5 次人口普查统计的全国各县市自然人口数, 每条记录包括县市名、行政区编码及自然人口数。

2.2 地理环境数据

基础地理信息数据来自国家基础地理信息中心提供的 1:100 万基本比例尺国家电子地图矢量数据集, 矢量数据集中包括中国各省(自治区)边界矢量图、各县市边界矢量图及全国河流分布矢量图等。通过“行政区代码”字段建立各县市行政边界矢量图层与人口数据和霍乱数据连接, 并生成包含各县市霍乱发病数及人口数的新矢量图层, 实现人口数据和霍乱数据的空间化, 通过对各图层进行投影转换使其在统一的坐标系统下, 在此基础上建立中国霍乱时空数据库。

高程数据为 90 m 空间分辨率的 SRTM (shuttle radar topography mission)数据, SRTM 的数字高程模型(DEM)数据按经纬度将全球数据划分为以 1°为长宽的栅格文件, 本文收集了覆盖中国行政区域范围的所有 SRTM 的 DEM 栅格数据, 在 ENVI 4.5 软件中对这些数据进行拼接, 并利用中国行政边界矢量图层对拼接好的图层进行裁剪处理, 得到了中国的高程栅格图层。

本文以 1:100 万基础地理信息数据集中的河流分布矢量图层为数据源来计算中国的河网密度分布。河网密度可用平均河长(l)与平均相邻面积(a)之比来

表示,若面积为 A 的区域有 n 条河流或河段,总长度为 L ,则 $l=L/n$, $a=A/n$,河网密度方程可表示为

$$D = \frac{L}{A} = \frac{l}{a}, \quad (1)$$

即认为河网密度为单位面积内所有河流或河道的总长度。

各区域与海洋的距离的计算是以中国海岸线矢量图作为输入图层,通过空间分析的方法计算空间中各点与海洋的距离,并生成相应的栅格图层。

2.3 气候环境数据

气候数据来自中国气象科学数据共享服务网(<http://cdc.cma.gov.cn/>),本文收集的 2001~2008 年中国地面气候标准值年值数据集中气温、降水量、相对湿度、气压、日照时数 5 个气候要素,该数据集主要来源于各省、市、自治区气候资料处理部门逐月上报的《地面气象记录月报表》的信息化资料。气候数据的原始文件类型为 ASC II 码文件,包括中国 722 个基本、基准地面气象观测站的汇总数据。

(1) 对各气候要素数据进行了缺失数据处理,删除了原始文件中含有表示空白或现象未出现的值(32744 和-32744)及表示缺测值(32766 和-32766)的站点记录;(2) 将 ASC II 文件数据转换为各要素标准单位的浮点型数据;(3) 计算 2001~2008 年各站点的年均气温、降水量、相对湿度、气压、日照时数;(4) 对气候数据进行空间化处理。

空间化处理主要是以各站点的编号为标识码建立各站点的气候要素数据与其所在位置的经纬度文件的连接,并生成各气候要素的点矢量图层。为了得到气候要素数据的连续面状图层,本文利用反距离权重内插法(inverse distance weighted, IDW)对各气候要素点图层进行了空间插值处理。经过以上处理,本文得到了 2001~2008 年中国(不含港澳台地区)年均气温、降水量、相对湿度、气压、日照时数的栅格图层。

3 MaxEnt 生态位模型

生态位模型(ecological niche models, ENM)是基于生态位理论进行的建模方法,生态位是一个物种所处的环境及其自身生活习性的总称^[16,17]。生态位模型最早用于研究物种的潜在地理分布,其预测的基本原理是根据生物或微生物的特殊生存环境,从其已知分布区出发,利用适合的数学模型来归纳或

者模拟其生态位需求,即其生存环境,根据目标区的各种环境要素来预测该物种在目标区的适生区分布范围。

MaxEnt 是一种基于最大熵原理的生态位预测模型,它从不完整的已知信息中做出推断或预测,根据已知的物种分布数据和环境图层,探索已知物种分布区的环境特征与研究区的非随机关系,在满足已知信息的约束条件下,找到熵最大的概率分布作为最优解,用于物种适生区的预测^[18]。其数学原理如下^[19]:假定 X 是整个研究区所有栅格单元所转化得到的点, $x_1, x_2, \dots, x_n$ 是有限个已知生物分布的位置点, n 为已知分布点的数目,即 $x_1, x_2, \dots, x_n$ 是研究区所有点的集合 X 的一个抽样,这些抽样点是受一个位置的概率分布所支配的,设它为 π 。因此,估算 π 首先需要构建一个近似于 π 的值 $\hat{\pi}$ 。假设 f_j 是所有目标存在点环境变量的函数,则每个 f_j 的数学期望 $\pi[f_j]$ 等于 $\sum_{x \in X} \pi(x) f_j(x)$ 。 $\pi[f_j]$ 可以通过已知样本点的实值来进行估计,已知样本点关于 f_j 的实值的平均 $\bar{\pi}[f_j]$ 等于 $\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n f_j(x_j)$,因此,“约束条件”可表示为 $\hat{\pi}[f_j] = \bar{\pi}[f_j]$,而实际上 f_j 的经验均值往往与其真实值存在偏差,需要有一个邻域限制条件使得经验均值逼近真实值:

$$|\hat{\pi}[f_j] - \bar{\pi}[f_j]| \leq \beta_j. \quad (2)$$

根据凸对偶理论, $\hat{\pi}$ 可以用一个特定的 Gibbs 分布来描述:

$$q_\lambda(x) = \frac{e^{\lambda f(x)}}{Z_\lambda} = \frac{e^{\sum_{j=1}^N \lambda_j f_j(x)}}{Z_\lambda}, \quad (3)$$

式中, λ_j 为指标 j 的权重系数; Z_λ 为常数,以保证 $\sum q_\lambda = 1$ 。

这种分布即为 Gibbs 分布,最大信息熵的概率分布等价于特定的 Gibbs 分布,该特定 Gibbs 分布需保证函数 $\pi[-\ln(q_\lambda)]$ 的值最小。

利用 MaxEnt 生态位模型进行预测主要分为以下 4 个步骤: (1) 采集物种分布的调查记录或者参考相关历史文献资料记录,获取已知分布区数据;(2) 从物种环境数据集中选择合适的环境变量用于预测,环境变量的选择直接关系着预测结果的准确性;(3) 把物种已知分布数据及所选取的环境变量集数据代

入模型得到目标区域的预测结果,即物种的潜在地理分布图;(4) 对预测模型进行分析评价。

4 结果与讨论

4.1 中国霍乱弧菌适生度分布

基于环境要素的流行病风险分区预测主要是根据已知样本点的地理分布及其风险因子来估测未知区域的暴发或流行该疾病的概率。Zo 等人^[20]的研究表明,霍乱疫情的暴发与环境中霍乱弧菌菌量的增加是一致的,有霍乱病例的区域必定存在一定数量的霍乱弧菌。因此,利用生态位模型的方法基于地理、环境等要素可以对不同区域霍乱弧菌的适生度进行分析预测,根据适生度分布图可以实现对中国霍乱发病危险的分区。

利用最大熵生态位模型以 2001~2008 年全国各县市霍乱病例分布图层为已知分布数据,利用随机抽样的方法从已知霍乱分布数据中抽取 25% 的样本点作为测试数据,其余的 75% 作为训练数据,以 2001~2008 年全国年平均降水量、气温、日照时数、气压、相对湿度及 DEM、河网密度和与海洋的距离作为环境变量数据,得到取值范围为 0~1 的中国霍乱弧菌的适生度分区预测结果(图 1)。从预测结果可以看出,中国东南部沿海地区、中部地区及西部四川盆地的霍乱弧菌适生度相对较高,而东北和西北部地区的霍乱弧菌适生度较低,在西北部地区,新疆盆地的霍乱弧菌发病适生度要比周边地区略高。

由于 MaxEnt 模型得到的是各点的霍乱弧菌适生

度概率,是取值范围为 0~1 的连续变量。为了得到各区域霍乱发病的危险等级,需要选择合适的阈值来对中国霍乱发病危险等级进行划分。本文通过咨询流行病学领域的专家,利用经验法根据霍乱弧菌的适生度将中国霍乱发病危险程度分为无发病区、低危区、中危区及高危区 4 个等级。取适生度小于 0.01 的区域作为无发病区,适生度为 0.01~0.1 的区域为低危区,适生度为 0.1~0.3 的区域为中危区,大于 0.3 的区域为高危区,得到的中国霍乱危险分区预测结果见图 2。中国东南沿海的广东、福建、浙江、江苏、海南等省份,以及华中地区的安徽、江西、湖南、湖北等省份的大部分面积都为霍乱高危区,位于西部的四川由于地理、气候环境比较复杂,因此,全境覆盖所有的 4 个等级。西北部除新疆以外,大部分地区为无发病区,东北部除辽宁的沿海地区以外,其他区域也基本上是无发病区或者低危区。

4.2 模型预测结果评价

模型预测的准确程度及误差来源等都是通过模型评价过程来进行分析,目前模型评价一般采用受试者工作特征曲线(receiver operating characteristic curve, ROC 曲线)评价方法^[21,22],它是反映敏感性和特异性连续变量的综合指标。其基本原理是假设一个阈值为预测正确的判定标准,低于这个标准的为错误预测值,高于这个标准的就是正确预测值,通过对预测结果进行判别得到一个正确和错误的单列数据,并对比真值,计算真阳性率和假阳性率等。

ROC 曲线下的面积就是 AUC 值, AUC 因不受参

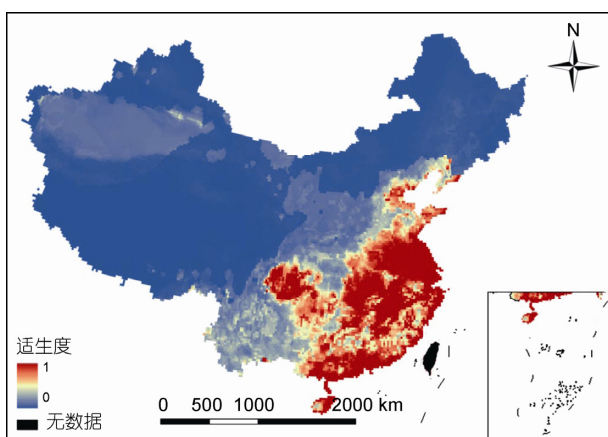


图 1 中国霍乱弧菌适生区预测
1, 适生度大的区域; 0, 适生度小的区域

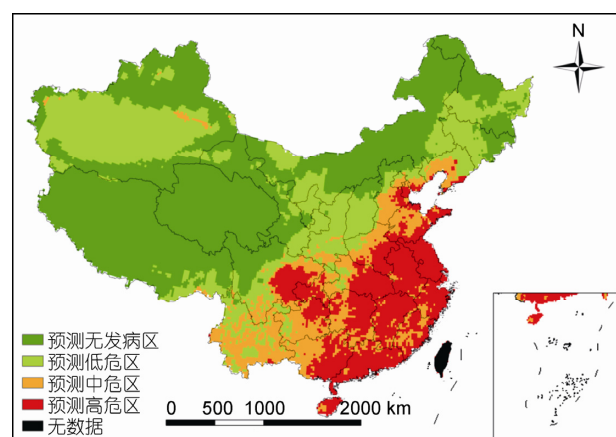


图 2 中国霍乱危险分区预测图

考阈值的影响,是目前最常用的模型评价指标之一。AUC 值越接近 1 表示模型预测的结果越好。一般认为,当AUC 值为 0.5~0.7 时,模型预测的准确性较低;为 0.7~0.9 时,模型预测的准确性中等;当 AUC 值大于 0.9 时,模型预测的准确性较高^[23]。利用 ROC 曲线对预测结果进行评价,并计算出 AUC 值,结果见图 3。训练样本和测试样本的 AUC 值分别为 0.937 和 0.944,均大于 0.9。因此,可以认为本模型的预测结果具有较高的精度。

4.3 环境危险要素贡献度分析

MaxEnt 用相对贡献度这一指标来评价各环境危险要素对预测模型的贡献,即环境要素对预测结果的重要性程度。在每次训练迭代过程中,当环境变量的权重系数值的绝对值增加时,该变量的相对贡献度也相应地增加,当权重系数值的绝对值减小时,环境变量的相对贡献度也随之减小。本文计算了各环境危险要素对霍乱预测模型的贡献度,结果表明,降水量(24.3%)是影响霍乱发病的最大的环境变量,气温(23.8%)和 DEM(17.9%)对中国霍乱发病的影响仅次于降水量,这3个环境危险要素对预测模型的相对贡献度之和占了65%以上;相对湿度(12.2%)、与海洋的距离(9.4%)和气压(7.8%)、日照时数(2.8%)也是较为重要的环境危险因素;河网密度对模型的相对贡献度最小,只有1.8%,即河网密度对中国霍乱的发生几乎没有影响。

降水量在以上因素中对中国霍乱发生影响最大,这是因为中国霍乱的暴发往往是由于持续大量的降

水所引发的洪水将河流中携带霍乱弧菌的河水冲刷入居民区,进而污染食物及居民用水等,使得居民更易于感染霍乱。气温也是影响霍乱发生的主要环境影响要素,主要是由于霍乱弧菌的生存与繁殖对环境的温度敏感性较大,只有在适宜的温度条件下,霍乱弧菌才能够得以存活及繁殖。高程对霍乱的发生也具有很大的影响,其原因是处于低海拔的地区往往更容易受到洪水及近海海水的侵袭,从而使得居民接触到霍乱弧菌的概率大大提高。

4.4 霍乱发病危险统计分析

利用地理统计的方法对中国(不含港澳台地区)各省(自治区)市不同霍乱危险等级的面积比进行分析,得到的统计结果见表 1。霍乱发病高危区的面积

表 1 各省(自治区、直辖市)不同霍乱危险等级所占的面积比

省(自治区、直辖市)	无发病区 (%)	低危险区 (%)	中危险区 (%)	高危险区 (%)
江苏	0.00	0.00	0.00	100.00
上海	0.00	0.00	0.00	100.00
安徽	0.00	0.00	6.44	93.56
广东	0.00	0.00	12.72	87.28
江西	0.00	0.00	13.69	86.31
浙江	0.00	0.00	15.20	84.40
海南	0.00	0.00	16.18	83.82
天津	0.00	0.00	25.81	74.19
福建	0.00	0.00	37.46	62.54
湖南	0.00	0.39	39.61	60.00
湖北	0.00	10.78	30.87	58.35
重庆	0.00	9.13	35.10	55.77
山东	0.00	0.00	46.44	53.56
广西	0.00	1.28	47.35	51.37
河南	0.00	16.47	42.82	40.71
贵州	0.00	10.00	60.23	29.77
四川	34.13	24.92	21.30	19.65
河北	26.40	22.54	39.31	11.75
辽宁	0.98	50.74	38.73	9.56
北京	0.00	42.86	55.10	2.04
云南	1.46	38.50	59.37	0.67
陕西	3.65	83.21	13.14	0.00
新疆	48.62	50.29	1.10	0.00
西藏	92.24	7.36	0.40	0.00
山西	26.87	72.90	0.23	0.00
宁夏	23.36	76.64	0.00	0.00
吉林	34.35	65.65	0.00	0.00
黑龙江	61.74	38.26	0.00	0.00
甘肃	66.94	33.06	0.00	0.00
内蒙古	79.89	20.11	0.00	0.00
青海	100.00	0.00	0.00	0.00

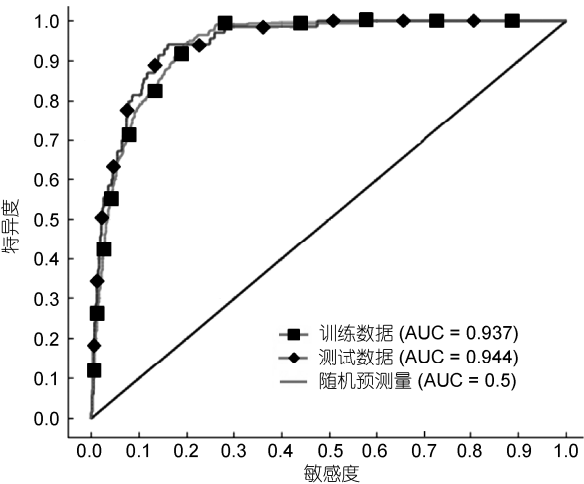


图 3 预测结果的 ROC 曲线及 AUC 值

比相对较高的地区均处于东部沿海或近海地区,包括江苏、上海、安徽、广东、江西、浙江、海南、天津、福建等.在本文预测的霍乱高危区面积比最高的3个地区中,安徽蒙城和江苏淮安分别于2010年8月和9月各有一次霍乱疫情暴发,江苏淮安的霍乱疫情发生在一所中学共有19人感染,安徽蒙城的霍乱疫情的感染病例数达33例,上海由于具有良好的基础卫生设施,在一定程度上可能会降低霍乱疫情暴发的可能.在紧随其后的5个地区中,江西的地理位置、气候条件与安徽比较相似,其基础卫生设施相对落后,未来霍乱疫情暴发的可能性非常大,而广东、浙江、海南、天津和福建近些年来霍乱的发病水平一直都位于全国的前列,在相当长的一段时间内仍有较大的霍乱发病危险.西藏、青海是中国霍乱发病危险最低的地区,西藏也是中国目前为止唯一的一个在第7次霍乱全球大流行中没有霍乱病例报告的地区.

5 结论

本文利用最大熵生态位模型的方法根据地理、气

候环境要素对中国霍乱弧菌的适生度进行分析预测,并根据适生度分布图选取合适的阈值对中国发病风险进行分区.结果表明,中国东南部沿海地区、中部地区及西部四川盆地的霍乱弧菌适生度相对较高,而东北和西北部地区的霍乱弧菌适生度较低,在西北部地区,新疆盆地的霍乱弧菌适生度要比周边地区略高.利用ROC曲线对预测模型进行评价,训练样本和测试数据的AUC值在0.9以上,表明模型预测结果具有较高的精度.分析各环境变量对预测模型的贡献度的结果表明,降水量是对霍乱发病影响最大的环境变量,气温和DEM对中国霍乱发病的影响仅次于降水量,这3个环境危险要素对预测模型的相对贡献度占了65%以上;相对湿度、与海洋的距离和气压、日照时数也是较为重要的环境危险因素;河网密度对模型的相对贡献度最小,只有1.8%.利用霍乱弧菌的适生度预测结果对中国霍乱发病危险进行分区后,对各地区霍乱发病危险等级进行地理统计的结果表明,江苏、上海、安徽、广东、江西、浙江、海南、天津、福建是中国霍乱发病风险最高的9个地区.

参考文献

- 徐敏. 基于空间信息技术的中国霍乱时空分布及预测研究. 博士学位论文. 北京: 中国科学院研究生院, 2011
- 阚飏, 王多春. 霍乱. 西安: 陕西科学技术出版社, 2005
- Emch M, Feldacker C, Yunus M, et al. Local environmental predictors of cholera in Bangladesh and Vietnam. *Am J Trop Med Hyg*, 2008, 78: 823–832
- 常超一, 曹春香, 王桥, 等. H1N1甲型流感全球航空传播与早期预警研究. *科学通报*, 2010, 55: 1128–1133
- 曹春香, 徐敏, 常超一, 等. 基于元模型的高致病性禽流感传播风险研究. *科学通报*, 2010, 55: 3205–3213
- West P A. The human pathogenic vibrios: A public health update with environmental perspectives. *Epidemiol Infect*, 1989, 103: 1–34
- Boroto R J. Global warming, rising sea level, and growing risk of cholera incidence: A review of the literature and evidence. *GeoJournal*, 1998, 44: 111–120
- Fernández L, Angel M, Bauernfeind A, et al. Influence of temperature and rainfall on the evolution of cholera epidemics in Lusaka, Zambia, 2003–2006: Analysis of a time series. *T Roy Soc Trop Med H*, 2009, 103: 137–143
- Gil A I, Louis V R, Rivera I N G, et al. Occurrence and distribution of *Vibrio cholerae* in the coastal environment of Peru. *Environ Microbiol*, 2004, 6: 699–706
- Emch M, Feldacker C, Islam M, et al. Seasonality of cholera from 1974 to 2005: A review of global patterns. *Int J Health Geogr*, 2008, 7: 31
- Koelle K, Rod X, Pascual M, et al. Refractory periods and climate forcing in cholera dynamics. *Nature*, 2005, 436: 696–700
- Mendelsohn J, Dawson T. Climate and cholera in KwaZulu-Natal, South Africa: The role of environmental factors and implications for epidemic preparedness. *Int J Hyg Environ Health*, 2008, 211: 156–162
- Pascual M, Bouma M, Dobson A. Cholera and climate: Revisiting the quantitative evidence. *Microbes Infect*, 2002, 4: 237–245
- de Magny G C, Murtugudde R, Sapiiano M R, et al. Environmental signatures associated with cholera epidemics. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2008, 105: 17676–17681
- Boroto R J, Martinez-Piedra R. Geographical patterns of cholera in Mexico, 1991–1996. *Int J Epidemiol*, 2000, 29: 764–772
- Hutchinson G E. Concluding remarks. *Cold Spring Harb Sym*, 1957, 22: 425–427
- 王运生. 生态位模型在外来入侵物种风险评估中的应用研究. 博士学位论文. 长沙: 湖南农业大学, 2007
- Philips S J, Anderson R P, Schapire R E. Maxent entropy modeling of species geographic distribution. *Ecol Model*, 2006, 190: 231–259

- 19 戚鹏程. 基于 GIS 的陇西黄土高原落叶阔叶林潜在分布及潜在净初级生产力的模拟研究. 博士学位论文. 兰州: 兰州大学, 2009
- 20 Zo Y G, Rivera I N, Russek-Cohen E, et al. Genomic profiles of clinical and environmental isolates of *Vibrio cholerae* O1 in cholera-endemic areas of Bangladesh. *Proc Natl Acad Sci USA*, 2002, 99: 12409–12414
- 21 Goodenough D J, Rossmann K, Lusted L B. Radiographic applications of receiver operating characteristic (ROC) curves. *Radiology*, 1974, 110: 89–95
- 22 Metz C E. Basic principles of ROC analysis. *Semin Nucl Med*, 1978, 8: 283–298
- 23 李明阳, 居云为, Sunil K, 等. 美国大陆外来入侵物种斑马纹贻贝 (*Dreissena polymorpha*) 潜在生境预测模型. *生态学报*, 2008, 28: 4253–4258

· 动 态 ·

第二届认知科学北京国际研讨会成功举办

2013 年 7 月 15~16 日, 由中国认知科学学会、中国科学院心理研究所和清华大学心理学系联合主办、中国科学院心理研究所行为科学重点实验室承办的第二届认知科学北京国际研讨会, 在中国科学院心理研究所举行。

会议特别邀请了认知神经科学奠基人之一、美国科学院和医学院院士、美国俄勒冈大学 Michael I. Posner 教授和中国认知神经科学研究的奠基人之一、北京大学心理学系朱滢教授。此次朱滢教授与 Posner 教授的会面被认为是认知科学界的一次具有历史意义的对话。此外, 会议还吸引了来自美国十余个著名研究机构(如美国加州大学伯克利分校、明尼苏达大学、国家卫生研究院等)享有盛名的认知科学专家, 与来自中国科学院心理研究所、清华大学、北京大学、北京师范大学等科研院校的中国认知科学家一起分享及交流最新研究成果。因此, 本次研讨会被誉为“认知科学的国际巅峰聚会”。

会议主要围绕认知科学、认知神经科学、社会神经科学及交叉科学研究方法的最新进展等 4 个领域展开研讨。

在认知科学专题, 与会专家一起围绕大脑内的结构与人们感知活动的关系展开了科学讨论; 在认知神经科学专题, 专家们共同探讨了大脑及神经系统与感知活动的关系; 在社会神经科学专题, 与会人员就情感、文化与社会行为关系的最新研究进行了交流; 在交叉科学研究方法应用专题, 与会者分享了他们近期利用认知科学、认知神经科学领域的交叉科学研究方法所取得的最新的科研成果。

认知科学是一门新兴的交叉学科, 它基于现代信息加工理论, 对人脑、行为和心理的关系做深入的探索。虽然这门学科仅仅经过半个世纪的发展, 但已经成为人类心理和行为研究的主流科学领域之一, 其研究成果被广泛应用于社会各个领域。本次研讨会是继 2011 年首届认知科学北京国际研讨会成功举办之后的第二次盛会, 旨在进一步推动中国和世界认知科学的发展, 为中国的认知科学研究提供一个国际性的高端交流平台, 为今后能将认知科学的研究成果带到其他的领域, 为中国的科学发展作出应有的贡献, 更好地为国家建设服务。

(本刊讯)