

黄建平, 连鑫博, 王睿, 等. 大气病原微生物监测预警的研究进展[J]. 地球科学进展, 2025, 40(4): 331-347. DOI: 10.11867/j.issn.1001-8166.2025.017. CSTR: 32269.14. adearth.CN62-1091/P.2025.017. [HUANG Jianping, LIAN Xinbo, WANG Rui, et al. Monitoring and early warning of atmospheric pathogenic microorganisms: a review of recent studies[J]. Advances in Earth Science, 2025, 40(4): 331-347. DOI: 10.11867/j.issn.1001-8166.2025.017. CSTR: 32269.14. adearth.CN62-1091/P.2025.017.]

大气病原微生物监测预警的研究进展^{*}

黄建平¹, 连鑫博^{1,2}, 王睿¹, 王丹凤¹, 黄忠伟¹, 张北斗¹, 胡淑娟¹

(1. 兰州大学 西部生态安全协同创新中心 大气科学学院, 甘肃 兰州 730000;

2. 兰州大学 资源环境学院, 甘肃 兰州 730000)

摘要:病原微生物和传染病监测预警是防范重大公共卫生危机和生物安全风险的重要前提。然而, 大气病原微生物传播的监测预警研究十分匮乏, 尚未形成系统研究体系。基于公共卫生安全的战略需求, 提出了该领域面临的关键科学问题, 系统阐释了气候变化背景下大气病原微生物的环境响应机制、大气病原微生物的监测技术以及传染病预测模型的研究进展。进一步提出了未来亟待突破的关键研究领域, 主要包括: 阐明大气病原微生物的溯源特征、形成机理、环境演变和传播机制; 研发大气病原微生物的高精度实时监测技术, 建立生物安全监测网络; 构建多学科、多尺度、多模型耦合的大气病原微生物与传染病预测预警系统平台。该研究框架将为防范突发公共卫生危机提供科学决策支持, 有效提升生物安全治理能力, 为构建人类健康共同体提供科学范式。

关键词:大气病原微生物; 监测; 预测; 气候危机; 传染病

中图分类号: P467; X172

文献标志码: A

文章编号: 1001-8166(2025)04-0331-17

1 引言

随着全球气候变化、城市化进程的加快以及人类活动的日益频繁, 大气中的病原微生物正在对人类健康和生态系统产生显著影响。大气中的微生物群落是指悬浮在空气中的各种微生物的集合, 包括细菌、真菌、病毒以及其他微小生物体, 通过自然过程或者人为活动, 这些微生物被释放到大气中, 并随着气流进行长距离传输。近年来, 越来越多的研究表明, 大气中的微生物群落不仅复杂多样, 还与环境因素密切相关, 这使得对大气病原微生物的监测与预警变得尤为重要。全球气候变化加剧了病原微生物传播的风险, 而城市化进程引发的环境变化同样对这些微生物的分布与传播产生了深远

影响。在城市高人口密度区域, 由于空气质量下降及频繁的人类活动, 使得此类地区成为各类病原微生物滋生的理想温床, 从而增加了经由空气传播的风险^[1-3]。对空气中病原微生物进行严密监测, 及时发现病原体的变异、致病性增强以及可能的传播途径, 是有效应对传染病疫情的关键。

气候危机指由气候变化引发的极端天气气候事件频发、水资源短缺、生态环境恶化以及社会矛盾突出等区域性复合灾害发生的紧急状态或情况。当前, 全人类正逐步进入一个气候危机时代, 这些复杂且相互交织的挑战对人类健康产生了广泛、复杂且深远的影响。这种影响往往是滞后且非直接的, 使得危害风险很容易被忽视^[4]。在引起传染病的病原微生物中, 大约 2/3 具有气候敏感性。气候

收稿日期: 2025-02-04; 修回日期: 2025-04-01.

^{*} 基金项目: 国家自然科学基金委员会—中国科学院学科发展战略研究联合项目(编号: L2224041/XK2022DXC005); 广州实验室自立项目(编号: SRPG22-007); 国家资助博士后研究人员计划(编号: GZC20231001)资助。

作者简介: 黄建平, 中国科学院院士, 主要从事半干旱气候变化研究. E-mail: hjp@lzu.edu.cn

变化驱动的地球环境改变打破了生态系统平衡,影响病原体及其中间宿主的存活、繁殖、传播及分布范围,从而加剧了新发传染病的风险。多种不利气象条件叠加所导致的复合影响,可能会加剧传染病的发病风险^[5-6]。同时,气候变化也会导致动物栖息地环境改变,迫使动物迁徙,导致动物之间病原体溢出和传播到人体的机会增加。土地利用变化等人类活动导致病原微生物及其宿主动物栖息地碎片化,迫使他们的群落结构发生改变,加速病原微生物多样性的演化进程,进而增加传染病的跨物种传播概率。良好的生态安全为维护生物多样性、保护物种栖息地、防止病原体溢出等方面提供不可替代的屏障保护,有利于缓解人类活动扩张带来的生物安全威胁。对大气中病原微生物传播进行精准监测和预警是全面筑牢疫情防控安全防线、提高中国生物安全治理能力和加强中国生态安全建设的核心科研内容。

应对突发公共卫生事件,尤其是传染性疾病的暴发与传播,已成为国家面临的一项重大挑战和迫切的战略需求,对于保障公共健康和社会稳定至关重要。传染病监测与预警是公共卫生领域不可或缺的一环,其核心目标在于通过高效收集与深入分析相关数据,实现疾病的早期预防与有效控制,从而阻断疾病的传播路径^[7-8]。大气病原微生物监测预警涉及公共卫生、环境科学、大气科学以及生物学等多个学科,不仅依赖于科学技术的发展,还需要跨学科的合作与政策支持,需要建立跨国界的病原微生物监测预警网络,以便更有效地应对全球健康威胁。单一国家的监测预警系统往往面临资源和数据分享的瓶颈,通过跨国合作共享数据,各国能够及时获得有关病原微生物传播的最新信息,从而快速反应、协作应对。当前,传染病监测预警技术的创新与发展正处于快速演变之中,从大数据和人工智能到基因组学,各种新兴技术的结合不仅提升了监测的实时性与准确性,也为流行病的预测和应对提供了全新的视角。研发并优化病原微生物监测、检测及分析技术,建立多尺度嵌套全球微生物—气候—生态系统耦合预测系统,可以显著提升传染病防控的准确性和效率。推进传染病防控技术向“自动化、智能化、信息化、精准化”的目标迈进,有助于全面促进实时、快速、精准且高效的主动防御措施的落地实施。通过政策支持和行业协作,推动技术的实际应用,为全球公共卫生安全提供更为坚实的保障。

目前,关于气候环境变化对病原微生物传播影响的研究仍较为匮乏,亟需开展针对病原微生物气溶胶大气传播机制的系统性、综合性研究,全面揭示病原微生物气溶胶的识别与监测方法,明确其在大气中的传播过程,并深入探讨其与宿主之间的相互作用机制。在监测方面,未来拟解决的关键科学问题包括:①如何研发病原微生物快速检测技术及在线传感器;②如何开发大气微生物的标准化、业务化监测仪器;③如何构建中国大气和水体(含冰川)微生物监测网络;④如何建设中国大气和水体中病原微生物的环境监测数据库。通过综合病原微生物监测网络数据库等多源数据,分析病原体生态适应机制、病原与宿主的相互作用,以及科学研究与公共卫生政策之间的联系,将为有效应对未来新发传染病的威胁提供重要保障。准确预测疫情是保障人民生命安全、政府制定防控措施、合理配置医疗资源和减少经济损失的重要科学依据。目前,传染病预警系统面临数据不足、模型精度不够及时效性低等极具挑战性的科学问题,在预测方面拟解决的关键科学问题包括:①如何揭示病原微生物与气候、健康和生态系统的相互作用;②如何科学合理地布局中国病原微生物监测系统,构建中国大气环境中病原微生物数据库;③如何建立多尺度嵌套的全球病原微生物—气候—生态系统数值模型;④如何量化全球/区域尺度病原微生物传播对人体健康风险及科学防控的影响。

本文系统分析了大气病原微生物和传染病监测预警研究的科学意义与战略价值,涵盖了其学科体系、研究范式及在国家公共卫生安全中的战略地位。在此基础上,梳理了该领域所面临的关键科学问题,总结了国内外在病原微生物及传染病监测预警方面的研究基础与进展,包括气候变化对大气中病原微生物的影响、大气中病原微生物的监测、传染病预测模型与预警系统的构建,及气候治理与生物安全领域的国家行动与应对策略。最后,结合我国实际需求,提出了推动病原微生物与传染病监测预警体系发展的总体思路与相关政策建议。

2 气候变化对大气中病原微生物的影响

2.1 气候变化对传染病的影响机制

传染病的流行与暴发受到气候变化的影响,气象要素的变化、极端天气的发生以及地表生态系统变化等多方面都会影响病原体以及宿主与传播途

径,从而加速疾病的暴发与传播,深入理解这种复杂的相互作用不仅对预测潜在的疾病暴发至关重要,而且对公共卫生政策的制定有着直接的指导意义,有助于全面评估气候变化对人类健康的长远影响。总体而言,气候和环境对病原传播的可能机制包括:促进病原体的繁殖与扩散、加速病原体的进化与变异、改变中间宿主的时空分布、导致野生动物栖息地的丧失、影响生物种群的迁移模式及冰川冻土融化释放病原体。温度、湿度和降雨等气候条件的变化,可以通过影响宿主的生理生态特性而影响病毒的生命周期、生态策略以及病毒一宿主之间的相互作用,也可以直接影响病毒颗粒的生态特性^[9-10]。气候变暖加速病原微生物的发育与繁殖速度,促使其分布范围向更高纬度与海拔扩展^[11]。相对高温环境下,病原微生物的增殖和繁殖率提高,传播季节延长,导致疾病传播范围和速度增加^[12]。同时气候变化改变了病媒生物的适应性、分布范围和生命周期。气温升高促使蚊子更容易繁殖且生命周期缩短,并改变蚊子的生活习性和迁移规律,使得登革热等疾病扩散^[13]。

在持续的大流行期间潜在传播途径对疫情传播的相对贡献仍不确定,但许多研究表明气溶胶可能对呼吸道传染病发挥着重要作用。例如,严重急性呼吸综合征冠状病毒K2型(SARS-CoV-2)核糖核酸(Ribonucleic Acid, RNA)可存在于临床环境中收集的空气动力学直径小于4 μm 的颗粒中,封闭空间内的气溶胶传播是病毒环境传播的主要途径^[14]。通过气溶胶传播的传染病可能受到许多因素的影响,包括感染人群排出的病毒颗粒的浓度和粒径分布,在不同的环境条件下通过空气传播的病毒保持传染性的时间,以及引发感染的最低病毒吸入量等。大气环境的变化可以影响病毒的赋存状态、感染能力以及易感人群的防御能力,主要影响因素包括:太阳辐射、温度、湿度、风速、细颗粒物(空气动力学直径 $\leq 2.5 \mu\text{m}$ 的颗粒物, $\text{PM}_{2.5}$)、二氧化硫(SO_2)、氮氧化物(NO_x)和臭氧(O_3)等。总体而言,气溶胶粒径降低可延长病毒在空气中的停留时间,病毒活性降低可减缓疫情传播,人群易感性增加可加重疫情的传播。不同环境下,起关键作用的机制也不同。空气中的病毒不是独立存在的,而是被飞沫黏液包裹着,当飞沫连带病毒排放至大气中,由于湿度降低和飞沫水分蒸发,粒径大幅降低,从而增加病毒在空气中的停留时间^[15]。以诱发结核病的结核分枝杆菌为例,其传播与繁殖受到气象

条件的显著影响。研究表明,肺结核的发病率存在季节性变化,受温度、湿度、风速和日照等气象因素影响较大^[16-18]。湿度越大,水汽压越大,结核杆菌飞沫在空气中停留的时间越长,人群感染的概率越大^[19]。低湿度和低温条件下有助于流感病毒的传播,因而季节性流感常在冬季暴发。2003年中国北京和香港地区严重急性呼吸综合征(Severe Acute Respiratory Syndrome, SARS)疫情暴发期间,冷空气锋面伴随的暖湿且大气层结稳定的空气条件,导致病毒在近地面层滞留与富集,进而加剧了疫情传播强度^[20]。美国加利福尼亚州正常天气年份流感的平均死亡率比厄尔尼诺发生年份高3倍,说明流感病毒的传播受到厄尔尼诺的影响^[21]。病毒感染能力受到紫外线、风、温度、湿度和大气污染物等多因素的影响。已有研究结果表明低温环境利于保持病毒活性,高温抑制病毒活性,冷干环境可能有利于病毒气溶胶的存活,强光照射加快病毒气溶胶的半衰期^[22-23]。此外,大气污染物可导致人体呼吸道上皮细胞中血管紧张素转换酶2(ACE-2)的高表达,从而加重新型冠状病毒感染患者的严重程度^[24]。

2.2 气候变化对传染病的影响现状

过去50年来,全球变暖速度加快。地表温度升高导致冰川融化,海平面上升。洪水、干旱、飓风和热浪的发生率不断上升。气候变化加速已经影响到人类健康,其改变了气候敏感病原体的流行,可能通过影响媒介和宿主免疫反应而改变传染性疾病的发病率和严重程度。以前媒介传播的病原体通常在地理上局限于其媒介存在的某些地区,然而,全球变暖导致传播媒介出现在新的地区。近年来,欧洲出现了几种与其媒介扩张有关的疾病,如登革热、西尼罗河热、基孔肯雅热、疟疾、利什曼病、莱姆病和蜱传脑炎^[25]。对于那些具有跨物种传播能力并可能造成大流行的病原体,气候变化可能会为这些病原体的出现和传播创造新的机会。弧菌感染是全球变暖和生态对病原体产生影响的一个例子。近几十年来,弧菌相关疾病的发病率在世界范围内明显增加^[26-27]。西尼罗河病毒(West Nile Virus, WNV)是一种由昆虫传播的病毒,可诱发哺乳动物、人类甚至鸟类的致命脑炎,该病毒由库蚊传播。与其他蚊媒疾病一样,由于气候变化,该病扩大了地理范围,出现在新的国家^[28]。全球变暖将导致肠道腹泻疾病的患病率显著增加,甚至可能引发致命的流行病,例如由致命的嗜热自由生活变形虫福氏耐格里变形虫引起的流行病,该流行病可引

发致命的脑膜脑炎^[29]。由间日疟原虫和恶性疟原虫引起的疟疾的发展受环境温度的影响很大。全球变暖预计将导致该病发病率增加 12%~27%,从而威胁另外 2 亿人的生命^[26]。此外,气候变化导致土拉菌病、耶尔森氏菌、利什曼病和锥虫病等传染病扩散至新的地区^[30]。全球变暖使啮齿动物分布图及其全球种群产生变化,影响大量人畜共患疾病病原体的传播,包括直接传播(钩端螺旋体病、辛诺伯病毒和汉坦病毒)和间接传播(鼠疫耶尔森氏菌)^[31-32]。

由于气候变化对传染病的影响,许多呼吸道病毒引起的疾病都有明显的季节性,特定的气象条件以及空气污染对呼吸道疾病有一定的诱发作用。在亚洲和非洲的热带和亚热带地区,雨季肺炎的患病率和死亡率显著上升^[33]。幼儿和老年人等脆弱人群更易受到环境温度快速波动的影响,例如,澳大利亚儿童肺炎发病率的增加与气温急剧下降有关。研究表明,两日间温差与儿童肺炎发生风险显著相关。其中,两日间温差是指连续两个自然日的日平均气温之差,用于衡量短期内气温波动的程度。这种气温变化可能对儿童的免疫系统和呼吸系统造成短期应激影响,进而增加患肺炎的风险。研究发现,这种健康效应具有一定的滞后性,其影响可持续长达 3 周^[34]。流感受气温变化影响很大,流感暴发与最低温度和比湿的地理差异呈正相关,温暖的冬季往往会导致下一季出现严重且早发的流感发病率^[35-36]。呼吸道合胞病毒(Respiratory Syncytial Virus, RSV)是一种具有高度传染性的季节性病原体,能够引发类似于普通感冒的症状,在全球范围内是儿童下呼吸道感染的主要原因之一。不同于流感病毒,温暖的冬季条件可能会改变 RSV 的传统季节性流行模式。Donaldson^[36]的研究显示,在 1981—2004 年,年平均气温每上升 1 °C,RSV 的季节性暴发结束时间会提前 2.5~3.1 周。Zhang 等^[37]进一步指出,每月的 RSV 检测率与月平均气温、日照总时长、降雨量、相对湿度以及平均风速之间存在负相关关系。此外,全球变暖导致部分呼吸道传染病,如禽流感 and 球孢子菌病,正在迅速向一些以前未受影响的地区扩散。

2.3 极端天气对传染病的影响现状

极端天气是诱发和影响疫情传播的关键因素,重大疫情期间极端天气的发生为公共卫生和防灾减灾带来更为严峻的考验。气候变化增加了极端

天气发生的频率与广度,如热浪、寒潮、干旱和洪涝等灾害频繁出现。世界气象组织公布,2024 年全球平均近地表温度比 1850—1900 年平均值高 1.55 °C,是 175 年观测记录中最热的一年^[38]。已有研究证实人类面临的全球传染病中有 58% 的疾病由于极端天气气候事件的影响而加剧。一方面极端天气条件可以改变大气中的物理和化学环境,从而影响病原微生物的生存和繁殖,气候条件的突变会影响微生物在大气中的活动,可能导致某些微生物群落的扩张或消失,从而改变微生物多样性。另一方面,极端天气事件还会影响大气污染物的传输与扩散,为病原体的传播提供有利条件^[39]。未来气候变化将导致极端天气事件发生的频率和强度不断上升,亟需重视极端天气带来的健康风险。

极端天气灾害期间,基础设施破坏、环境变化以及病媒的滋生、高暴露和增殖,增加了人群免疫的脆弱性和罹患传染病的暴露风险,其严重程度、频率和地理分布对传染病的暴发和流行产生重大影响^[6,40]。首先,极端天气破坏了野生动物栖息地,从而导致病原体更易于接近人类,例如极端天气导致病毒的溢出与野生动物地理范围的扩大^[41]。风暴和洪水导致人类流离失所,使人类更容易接近病原体,致使隐孢子虫病、拉沙热、贾第鞭毛虫病、霍乱、沙门氏菌病和肺炎等疾病侵袭人类^[42]。其次,极端天气通过改善病原体繁殖的气候适宜性、加速生命周期、增加暴露时间以及增加毒力等多方面提升病原体的传播能力^[43-44]。最后,极端天气削弱了人类应对病原体的能力。已有研究表明热浪天气降低了人体免疫,导致脱水、体温过高以及低钠血症等不良症状,与热有关疾病的防疫政策影响了新型冠状病毒感染疫情的预防,在热浪天气期间,持续佩戴口罩的人数比例下降了 20.6%^[45-46]。寒潮天气期间温度和湿度的变化可能引发局部和全身抗病毒防御机制受损,导致呼吸道上皮细胞的变化,增加对呼吸道病毒的易感性^[43,46]。

2020 年,全球发生了 132 起与极端天气有关的灾害,其中 92 起与疫情重叠,截至 2020 年 9 月 15 日,全球约 5 160 万人遭受了洪水、干旱和风暴等极端天气事件以及疫情的共同影响,若干风险因素的重叠对社会系统的抵御能力造成强烈挑战,超过 3 000 人在这些事件中丧生。估计有 4.317 亿弱势群体暴露在极端高温下,其中包括受欧洲热浪事件影响的 7 550 万弱势群体^[47-48]。Lian 等^[45]通过归因分析方法量化了热浪对新型冠状病毒传播的影响,结

果显示,热浪导致2022年夏季全球新型冠状病毒感染病例激增约69.3%。该团队应用归因分析方法进一步量化了寒潮天气对呼吸道传染病的影响,结果显示,实施逐步放松管控政策期间,寒潮的影响导致了北京市新型冠状病毒感染确诊病例数增加约28.1%,寒潮期间气溶胶的快速输送加速了呼吸道传染病的暴发(图1)^[43]。除了疫情以外,研究表明洪涝灾害后急性出血性结膜炎、流感、肺结核和流行性脑膜炎等传染病的发病风险显著上升^[49]。暴雨导致空气湿度升高、周围环境潮湿,滋生霉菌和螨虫等致敏物质,使得哮喘加重^[50]。在中国济南市的一项时间分层病例交叉研究证实:在寒潮期间,感染性肺炎特别是细菌性肺炎的风险显著增加^[51]。Liu等^[52]评估了中国南方邵阳地区气象因素与流感的关系,研究发现流感的高峰期在冬春季节,最低气温每下降5℃,流感病例数增加8%(95%置信区间:1%~15%)。Smith等^[53]研究发现极端降水事件与流感急诊就诊风险显著相关,滞后0~6天的比值比(Odds Ratio, OR)为1.23(95%置信区间:1.16~1.30),这种关联可能源于疾病生态学机制(如降水促进病毒传播)和行为改变(如极端降水导致室内聚集增加)。2005年8月卡特里娜飓风袭击美国新奥尔良后,出现了西尼罗河病毒感染病例的区域高峰^[54]。

3 大气病原微生物和传染病的监测

大气中的病原微生物与生物传播及公共卫生密切相关。病原微生物通过环境(空气、水体)或食物侵入到动物或人体内,从而引发多种疾病,甚至导致大规模疫情的暴发,严重威胁着动物和人类的生命安全。因此,对大气中的病原微生物进行监测具有重大意义。随着分子生物学、生物信息学和医

学检测技术的迅速发展,病原体监测在采集、感知以及分析阶段均取得显著突破。例如,自动化采样和微型采样技术、光电化学生物传感器、高通量核酸检测、单细胞抗体筛选、冷冻电镜断层成像、聚合酶链式反应技术(Polymerase Chain Reaction, PCR)和脱氧核糖核酸(Deoxyribo Nucleic Acid, DNA)测序/标记技术等被广泛应用于病原体的快速诊断和鉴定中,极大地提高了监测的效率和准确性^[55-56]。然而,由于空气中病原体浓度低、成分复杂,难以富集和快速分辨,大气中病原微生物的监测和预警仍是国内外面临的重大技术难题,有待进一步探索^[57-58]。

3.1 大气中病原微生物的种类及检测方法

大气中的病原微生物主要有细菌性、真菌性和病毒性3类。细菌是最常见的类型,占据了大气微生物总量的绝大部分,已知存在于大气中的细菌及放线菌超过1 200种^[59]。空气中的真菌种类更为丰富,多达40 000多种。病毒性病原微生物如冠状病毒和流感病毒等,由于其不稳定性、不规则运动、可再生性以及多样的感染途径,使其在大气中的传播和存活情况相当复杂^[60]。由于大气中不同类型的病原微生物具有不同的结构和特点,其检测方法也不尽相同。

基于传统的采样方法,如使用过滤器、撞击器或冷凝器进行微生物采样,虽然可以通过培养并使用电子显微镜来计数和观察微生物的形态,但这些方法在操作便捷性、检测速度、可检测微生物种类和灵敏度等方面有一定的局限性。生物化学方法测定微生物特异性酶或代谢物小分子来检测病原微生物。然而,寻找特异性的酶或代谢物往往耗时费力,且依赖复杂仪器,增加了检测成本和技术门槛^[61]。酶联免疫吸附测定(Enzyme-Linked Immunosorbent Assay, ELISA)和免疫荧光技术等免

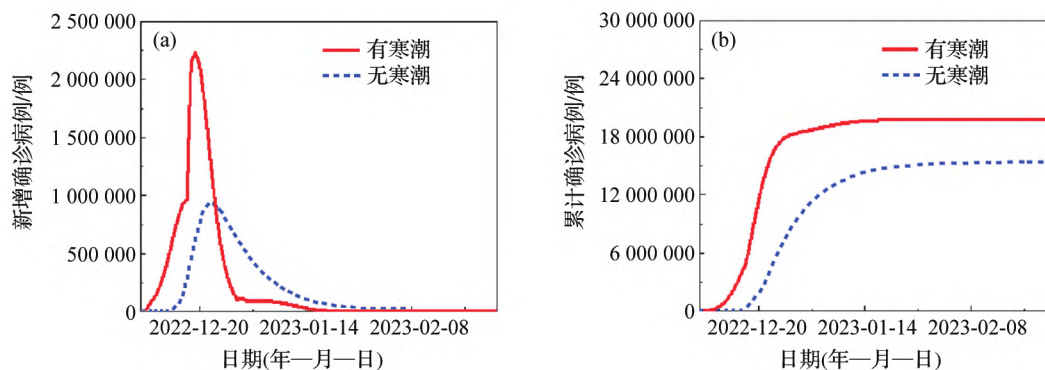


图1 寒潮对疫情影响的归因分析^[43]

Fig. 1 Attribution analysis of the impact of cold wave on epidemic^[43]

疫学方法利用特异性抗原抗体反应进行检测,通过标记物(如荧光、酶)的引入,在显微镜下进行定性、定位或定量研究。该方法特异性强、灵敏度高,广泛应用于病原微生物检测,但对于含量非常低的目标蛋白或抗体,其检测灵敏度可能不足^[62]。

常用的分子生物学检测方法包括:聚合酶链式反应(Polymerase Chain Reaction, PCR)通过提取空气样本中的微生物 DNA 或 RNA,使用特异性引物进行扩增,可快速检测特定的病原微生物,具有高灵敏度、快速和特异性高的优点^[63];实时荧光定量 PCR (RT-qPCR)、微滴式数字 PCR (ddPCR)以及高通量基因测序技术可进一步定量病原微生物含量,提高了检测的灵敏度和准确性,但在低流行环境下假阳性率较高,限制了其独立作为诊断依据的可靠性^[64-65]。相比之下,血清学检测在疫苗开发、抗体流行水平监测和社区感染确认等方面发挥着不可替代的作用,但同样存在操作复杂、耗时较长等问题。

3.2 生物气溶胶的监测

生物气溶胶是大气气溶胶的重要组成部分,占大气颗粒物的 30%~80%,是病原微生物的重要载体。传统的生物气溶胶检测手段主要依赖过滤、撞击和静电沉淀等采样技术,但这些方法在捕获微小生物气溶胶(<0.1 μm)时,速率较低、精度较差,且资源消耗大。

生物气溶胶的监测技术主要分为离线检测和在线监测。离线方法常使用采样器进行采样,然后通过培养法、显微镜分析(如荧光显微镜、扫描电子显微镜)、分子生物学检测(如聚合酶链反应、DNA 标记)以及免疫学检测等方法进行定性定量分析,但存在成本高、效率低和时效性差等突出问题^[66]。而基于光电和芯片技术的在线检测技术,因其实时、高灵敏度、高分辨率的优点,成为生物气溶胶监测的重要选择之一。其中激光诱导荧光技术的应用最为广泛,同样依据拉曼光谱的特征峰,也可以有效识别花粉和细菌等生物气溶胶。生物三磷酸腺苷(Adenosine Triphosphate, ATP)自发荧光检测与微流控芯片的组合也是活性微生物检测研究的热点^[67]。

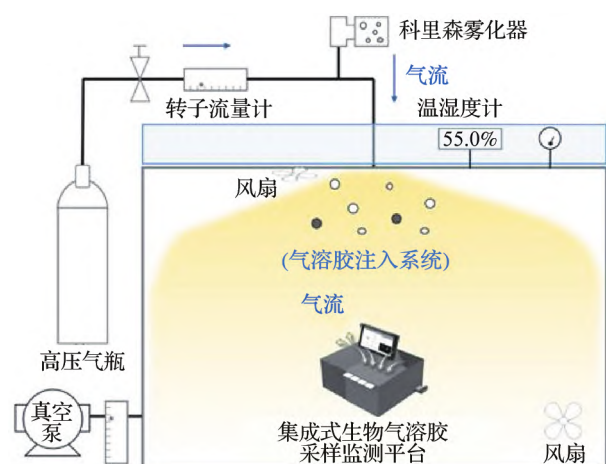
随着近些年光电技术的迅速发展,基于荧光散射效应的激光诱导荧光(Laser-Induced Fluorescence, LIF)仪器的不断升级更新,荧光激光雷达、多波段生物气溶胶传感器以及实时颗粒物检测仪等在生物气溶胶检测领域被广泛应用。同样,基于拉曼散射效应的新型检测仪器,如显微共焦拉曼光谱仪和多波长消荧光拉曼光谱仪等,为检测单个病毒颗粒

提供了新思路。微流控芯片与生物 ATP 自发荧光技术结合,通过荧光素—荧光素酶反应发出的荧光强度,可定量生物气溶胶活性细胞的含量^[68]。质谱分析和激光诱导击穿光谱等技术也为生物气溶胶检测提供了重要技术支撑。然而,在实际应用中,面对复杂多样的生物气溶胶类型,这些技术仍面临灵敏度、准确性、实时性、通量和操作复杂性的多重挑战。

新型冠状病毒感染疫情的冲击迫使出现通量更高、检测速度更快、灵敏度更高的生物气溶胶监测仪器。集成生物气溶胶到水溶胶的空气采样、微流控芯片、光散射、实时 PCR (qPCR)和场效应硅纳米线传感器等创新技术的应用,为实时监测空气中的病毒提供了可能。此外,呼出气检测对于疾病的早期诊断具有巨大潜力,如挥发性有机化合物(Volatile Organic Compounds, VOCs)和微粒等多种生物标志物均可反映人体健康状况或疾病状态。为突破标志物低浓度水平和背景噪声干扰等呼出气富集技术瓶颈,使用纳米吸附材料或冷凝技术、新型质谱设备以及人工智能技术等有望提高生物标志物捕获率和检测精度,这在呼吸道感染的诊断中展现出巨大潜力^[69]。

3.3 传染病与病原微生物的监测

目前,国内外科研院所对于大气中的微生物进行了研究性监测,为大气微生物监测奠定了一定的理论基础。Wang 等^[70]2014 年起在中国西北地区沙尘源附近开展了生物气溶胶的激光雷达观测,显著增强中国激光遥感实时检测大气中生物气溶胶的能力。该激光雷达系统不仅能够测量 343~526 nm 的 32 通道荧光光谱(光谱分辨率为 5.8 nm),而且可以同时检测 355 nm 和 532 nm 处的偏振测量值以及 387 nm 和 407 nm 处的拉曼散射信号^[70]。Lee 等^[71]建立了一个用于现场实时检测空气传播病毒的综合采样/监测平台,使用 MS2 噬菌体和禽流感病毒(Avian Influenza Virus, AIV)H1N1 来评估该平台的生物气溶胶采样和检测性能。结果表明,在 20 分钟内,可以使用近红外(Near-Infrared, NIR)到 NIR 纳米探针的信号检测到气溶胶病毒(图 2)^[71]。当前,中国医疗卫生部门对于微生物研究仅局限于病人和医院室内环境。医药食品部门也仅限于食品和药品中微生物含量的检测。对于医疗机构以外的大气环境监测目前关注相对较少,现有的标准和方法主要集中在室内环境中空气细菌总数的检测,而对于大气环境中微生物的监测则尚未涉及^[72]。大气中生物与非生物成分以及边缘微生物

图2 集成式生物气溶胶采样监测平台^[71]Fig. 2 Integrated bioaerosol sampling/monitoring platform^[71]

与非边缘微生物的区分,不同气候环境条件下细菌、真菌、病毒的致病机理研究,以及不同病毒—宿主—气候环境的影响机制研究仍面临巨大挑战。如何推动这4个层次的研究,是病原微生物与传染病监测预警的重要前进指南。但目前大气监测关注的焦点仍然是理化性质的污染,如烟尘、粉尘、细颗粒物、SO₂、NO_x和光化学烟雾等,对大气微生物问题关注较少,新发和再发传染病的大流行,使得全面深入地开展大气微生物监测显得愈加重要。

同时,在传染病监测方面已取得一定进展。例如,世界卫生组织(World Health Organization, WHO)与有关各方合作创建了登革热监测网络,用于全球登革热的流行病学和病毒学监测^[73]。已有国家建立了部分传染病的监测预警平台,例如南半球流感疫苗有效性研究与监测网络、流感住院网络、美国新疫苗监测网络等^[74-75]。但针对大气病原微生物的专项监测平台仍然显得相对匮乏与不足。此外,随着全球气候变暖加速,冰川消融和永久冻土解冻导致封存数万年甚至百万年的微生物被释放到现代环境中,例如冻土中微生物可通过河流输送或气溶胶扩散进入人类活动区,这一过程可能引发未知的病原体传播风险。宏基因组测序技术、生物信息学分析、低温保存与复活实验技术的等监测技术的发展为冰川、冻土中病原微生物监测提供了关键手段^[76]。

4 大气病原微生物和传染病的预测与预警

传染病预测模型被广泛应用于更好地了解传播

机制和对传播影响最大的因素,在疫情发展趋势预测、科学防控指导与评估中持续发挥着重要的作用,为公共卫生管理者的决策与高效干预措施的实施提供了重要的数据依据和理论支撑^[77-78]。在传染病预测领域,基于数据驱动模型日益成为研究热点。通过对大规模社会行为数据的实时分析,可以显著提高疫情预测的准确性^[79]。将人工智能(Artificial Intelligence, AI)充分应用于预警系统、热点检测、流行病学追踪和预测以及资源分配^[80],通过流行病学模型、大气化学模型、大气扩散模型、气候模型、人口模型、交通模型和计算流体动力学模型(Computational Fluid Dynamics, CFD)等协同耦合,能够模拟致病微生物气溶胶在环境中的传播和对人体健康的影响。在技术革新方面,基因组测序技术和物联网的结合为病原体的追踪与预警提供了新的手段。实时监控病原体的基因组变异,有助于迅速识别和应对突发疫情。

4.1 传染病动力学模型

传染病动力学模型通过假设参数和变量,以及它们之间的联系定量揭示传染病的主要特征,依托疫情暴发早期数据,纳入未来不确定性,有助于发现传染病传播机理,并科学预测疫情流行趋势。传染病易感者—感染者—移出者模型(Susceptible-Infected-Removed model, SIR),至今仍在不断发展并被广泛使用。在SIR模型的基础上增设潜伏期人群,形成易感者—潜伏者—感染者—移出者模型(Susceptible-Exposed-Infected-Removed model, SEIR),用来反映某些传染病在感染初期无症状但具有传染性的特征^[81]。在传染病动力学中,最基本的思想是由Kermack等^[82]于1927年创立的SIR仓室模型,这是传染病动力学中的一个里程碑,它将人群分为易感者、感染者和康复者,至今仍不断发展并被广泛使用。1932年,Kermack等^[83]又创建了经典的传染病仓室模型,引入了阈值理论,基于该理论能够判断疫情是否会进一步扩散,为后面疫情传播动力学学科的科学化发展指明了发展方向。

SEIR模型在SIR的基础上增加了一个暴露者状态,这代表了那些已经接触病原体但尚未变成感染性的个体。这一增加对于理解和模拟那些具有潜伏期的疾病至关重要。Castillo-Chavez等^[84]在研究SARS等传染病时,在SEIR模型的基础上加入了额外的状态,例如隔离期的患者和被隔离的感染者,从而创建了更复杂的模型。Stehlé等^[85]则通过模拟聚集参与者的动态接触网络上的SEIR传染病

模型,来评估接触网络动态特性在疾病传播中的作用。Okuwa等^[86]在人口状态稳定的条件下,建立了一个具有年龄结构的传染病模型,并讨论了大规模接种疫苗对基本再生数的影响。Bjornstad等^[87]详细讨论了SEIR模型的动态,如通过增加潜伏期和免疫持续期来影响流行病波动的特征,还探讨了将传统SIR模型扩展到包括症状、传播途径和特定年龄段传播的重要性。Grimm等^[88]介绍了SEIR模型的另一种扩展,用于分析新型冠状病毒感染疫情下量身定制的社交距离和追踪方法,这种模型扩展可以方便地应用于新的和更可靠的数据集,为分析流行病控制方法的有效性提供了关键参数。Berger等^[89]通过扩展基础的SEIR模型,来了解检测和条件性隔离在疫情控制中的作用,可以更早地识别感染者,并通过增加对无症状个体的随机测试来实施针对性的隔离政策。Rădulescu等^[90]探讨了SEIR模型在新型冠状病毒社区传播中的应用,特别关注不同防控措施(如封锁和社交距离)对疫情的影响,研究显示了不同年龄组在易感、暴露、感染、康复和死亡各类别中的动态变化。Carcione等^[91]基于一个确定性SEIR模型模拟了新型冠状病毒感染疫情,在模型中考虑潜伏期个体(E类)不具有传染性,但当其变为感染者(I类)时会变得具有传染性。Menda等^[92]通过融合神经网络来改进SEIR模型,特别是在隔离控制功能方面,假设了初始条件来克服部分可观测性问题,并将这种改进的模型用于新型冠状病毒的传播预测。Poonia等^[93]提出了一个增强的SEIR模型,其中包括疫苗接种率对疫情控制的影响,考虑了不同感染程度的个体、接种疫苗的个体以及社交距离措施对疫情趋势的影响。Kiselev等^[94]探讨了一种改进的SEIR模型,使用延迟微分方程来更好地模拟感染动态,该模型还考虑了保护性免疫的持续时间、疫苗接种、重症监护室(Intensive Care Unit, ICU)的使用情况,以及感染过程中的总感染系数。在最近的研究中,Lu等^[95]对传统的SEIR模型进行了改良,将感染者(I)类别细分为无症状感染者(A)和有症状感染者(I),并增加了住院(H)和死亡(D)类别,考虑了政府追踪感染者的接触者,还将这些接触者细分为隔离的易感者(S_q)和隔离的暴露者(E_q),以便更准确地模拟实际疫情传播。

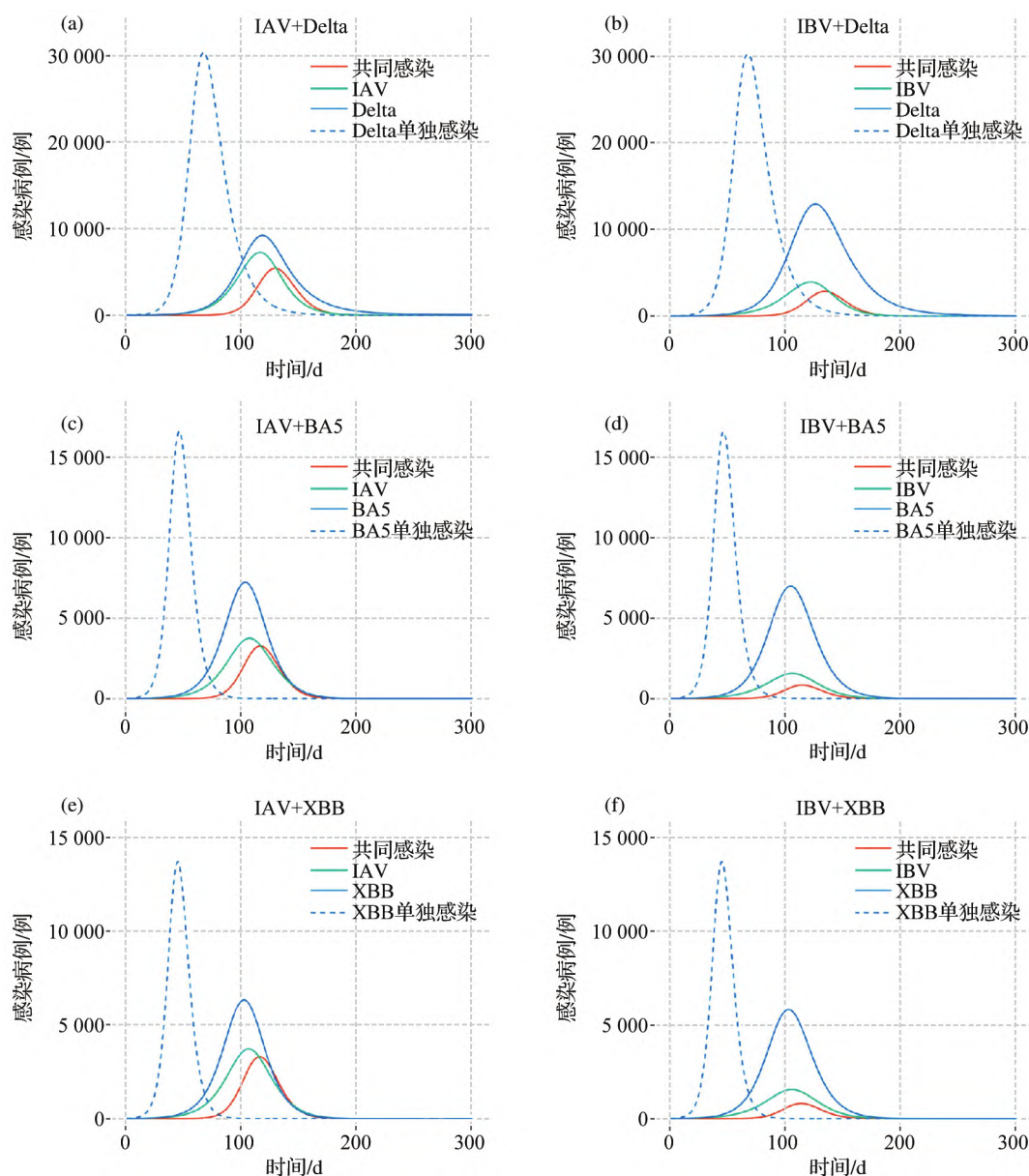
许多学者对传统模型进行了多次改进,引入了更多的复杂因素和机制,以更准确地模拟和预测传染病的传播趋势。例如环境与社会因素的融合,通过引入人类与环境之间非线性相互作用的仓室,扩

展了SEIR模型的应用范围。厦门大学陈田木团队^[96]通过建立疫苗—暴露—感染—无症状—康复传播动力学模型,考虑人口流动、疫苗衰减和接触模式等多种因素,预测感染峰值和规模,并量化传播能力;研究流行病在中小城市传播的风险,建立中国地级市的城市流行病危害指数。Liang等^[97]开发了一个年龄特定的仓室模型来模拟新型冠状病毒和流感的共同传播(图3)。研究结果显示,与单一疫情相比,SARS-CoV-2与流感病毒共流行时传播率呈现下降趋势,高峰出现时间延迟。SARS-CoV-2与甲型流感病毒共流行时合并感染的病例数高于与乙型流感病毒的共流行。随着SARS-CoV-2传播能力增强,合并感染病例数增加。当前,中国在开展传染病预测方面,仍然有很多不足,如时空特性的缺失、数据获取与处理的局限性、模型构建的复杂性等^[98]。建立完善的传染病疫情预测系统,对于政府制定有效的管控政策、合理调配医疗资源和保障人民生命安全有重要意义。

4.2 传染病统计学模型

统计模型依据疫情的历史数据进行建模。传统统计模型中的时间序列分析方法是传染病预测问题的常用方法。差分自回归移动平均模型(Autoregressive Integrated Moving Average, ARIMA)通过捕捉时间序列数据中的自相关性,能够较为准确地预测疫情的发展趋势。结合经验模态分解(Empirical Mode Decomposition, EMD)、集合经验模态分解(Ensemble Empirical Mode Decomposition, EEMD)等方法,可以进一步提取疫情数据中的不同变化分量,提高预测精度。此外,马尔科夫链和贝叶斯模型等统计方法也因其能够模拟疫情传播的不确定性而备受青睐,为决策者提供了更全面的风险评估^[99]。

随着电子健康记录和卫生报告系统等数字化医疗数据的普及,人工智能算法为传染病预测提供了新的可能。在传染病预测中,基于树的模型(如决策树、随机森林)、支持向量机(Support Vector Machine, SVM)等机器学习算法已得到广泛应用。深度学习算法的崛起,尤其是循环神经网络(Recurrent Neural Network, RNN)、长短时记忆网络(Long Short-Term Memory, LSTM)和卷积神经网络(Convolutional Neural Network, CNN),使研究者能够更好地捕捉时间序列和复杂数据之间的关系^[100-101]。将机器学习应用于疾病预测的一个关键挑战在于获取高质量、大规模的数据。这意味着不

图3 不同SARS-CoV-2变异株与流感的共同感染^[97]Fig. 3 Co-epidemic of influenza types with different SARS-CoV-2 variants^[97]

仅需要足够大量的支持复杂的模型训练,同时这些数据的质量也必须足够高,以确保预测的准确性和可靠性。传染病监测系统通常会收集各种因素的数据,包括报告病例的数量、疫情暴发的地点以及受感染者的人口统计学特征。然而,这些数据往往不完整、有偏差或有噪声,会影响机器学习模型的性能。此外,许多传染病的潜伏期很长,这意味着过去暴发的数据可能无法准确反映当前的情况。最后,复杂的机器学习模型在实现高准确率的预测时牺牲了模型的可解释性,这也是其应用于传染病预测中的一大弊端。

为了综合各种方法的优势或提高机器学习模

型的可解释性,研究人员开发了混合模型和集成模型。混合模型如自回归积分滑动平均—长短期记忆网络模型结合了时间序列分析方法和深度学习的优势,实现了对疫情趋势的精准预测。而集成模型则通过整合多个预测模型的结果,进一步提高了预测的准确性和稳定性。例如,集成模型(WOCLSA)集成了人工神经网络(Artificial Neural Network, ANN)、CNN和LSTM 3种深度学习模型,并通过鲸鱼优化算法优化参数,显著提升了新型冠状病毒感染疫情的预测效果^[102]。

4.3 传染病的耦合预测系统

面对诸如新型冠状病毒感染疫情此类的大规

模流行病,传统的传染病模型已难以满足预测和应对复杂疫情的需求。因此,模型的扩展与耦合成为了必然趋势。传染病预测系统的构建不再局限于单一学科,而是越来越多地融合了大气科学、统计学和人工智能等多个领域的知识和技术。耦合预测系统通过整合社会行为、流动性模式、环境因素、社会经济状态、医疗资源、气候环境以及公共卫生政策等多方面因素,极大地提高了对传染病动态的预测准确性和科学性。近年来,传染病模型在融合不同影响因素以更精确地模拟新型冠状病毒感染传播方面取得了显著进展。研究人员开发了多种模型,融合人员流动数据的传染病模型、社区层面的模拟以及动态的人员流动网络。这些模型结合数据同化、机器学习和地理传播模式分析,能够更精确地模拟人员流动对疫情传播的影响。

在全球化和人口流动性日益增强的背景下,传染病疫情和突发公共卫生事件的监测预警工作变得尤为重要。为了有效应对这一挑战,传染病监测预警平台应运而生,旨在全面提升重大传染病疫情和突发公共卫生事件的监测预警能力。国内外已逐步建立相关传染病的监测预警平台,例如美国疾病控制与预防中心流感预测系统、中国传染病大数据预测预警研究中心平台、北京市传染病智慧化多点触发监测预警平台等,在地区、国家、国际层面综合分析传染病疫情变化与变迁趋势,从而实现传染病疫情的早期预测和实时预警提供有力的基础支撑。兰州大学黄建平院士团队^[7]开发的“新型冠状病毒感染疫情全球预测系统”(Global Prediction of COVID-19 Pandemic, GPCP),将大气科学中的统计—动力气候预测方法与传染病模型相结合,显著提高了预测的准确性。该团队在第一版的基础上更新了全球流行病学预测系统(Global Prediction System for Epidemiological Pandemic, GPEP-2)第二版,该系统针对自然因素(天气的季节性变化和环境因素)和人类社会行为(政府管控隔离、人员聚集、室内传播、病毒变异、疫苗接种)的影响引入了多种参数化方案。GPEP-2成功预测了180多个国家的新型冠状病毒感染疫情,平均准确率为82.7%。该模型还为中国多起区域性新型冠状病毒感染疫情提供了预测和决策依据,平均准确率为89.3%(图4)^[103]。为了更精准地指导区域疫情防控,构建针对特定区域的预测系统,广州实验室钟南山院士团队开发的“全球新型冠状病毒疫情科学预测系统”,基于国内人口迁移数据和新型冠状病毒流行病学数

据,为区域疫情防控提供了有力支持^[97,104]。此外,一些研究还通过利用移动电话数据、交通流量统计等来量化人员流动,并将这些数据融入传染病模型中,以评估旅行限制、封锁措施和其他公共卫生干预的效果。随着数据科学和计算技术的不断进步,传染病模型正朝着更加复杂、多元化的方向发展。数据驱动的研究方法成为主流,通过收集和分析大量实时数据来预测疫情的发展趋势。中国在这一领域展现出了显著优势,特别是在数据收集与处理、疫情传播追踪与分析方面取得了显著成果^[105]。

5 结果与讨论

本文探讨了气候变化背景下大气中病原微生物的监测与预警技术及其战略意义,分析了当前监测预警技术的现状与面临的挑战,强调亟需建立一个多部门协同、多学科交叉、多尺度耦合的全球传染病监测预警系统,旨在全面提升中国在大气病原微生物监测预警领域的综合能力,以更有效地应对气候变化所带来的日益严峻的公共卫生挑战(图5)。在此,本文从多个维度出发,在基础问题研究、监测技术创新、数据共享机制的建立、预警平台的建设、研究成果的有效转化,以及促进多部门间的紧密合作等方面,提出了一系列具有针对性的政策建议。

(1) 加强基础问题研究

当前,国内外对大气微生物群的功能潜力研究尚不充分,对于各种影响因素的综合作用及其对病原体传播的具体影响权重缺乏深入了解。潜在的动物宿主或媒介尚未完全鉴定,且这些宿主或媒介所携带的病原微生物也未经系统筛选。因此,亟需加强对大气病原微生物的形成、来源、环境演变和传播机制的基础研究。

需要建立气象和环境因子与病原微生物气溶胶传播的统计关系,深入研究气候环境对病原微生物传播的关键影响因素。这包括揭示天气气候和大气环境对病原微生物繁殖、变异和传播的具体影响与机理,并厘清气候、环境、社会、经济及人体健康等关键因素对病原微生物传播的综合作用。同时,需要阐明全球尺度下不同气候区、发展中国家与发达国家地区气象要素和季节变化对生物气溶胶传播的机制,深入研究区域及全球尺度生物气溶胶的循环过程及传播规律。此外,还应阐明病原微生物在气候、环境中的识别、表征、传输和转化过程,以及气候驱动的病原进化和跨物种传播机制。

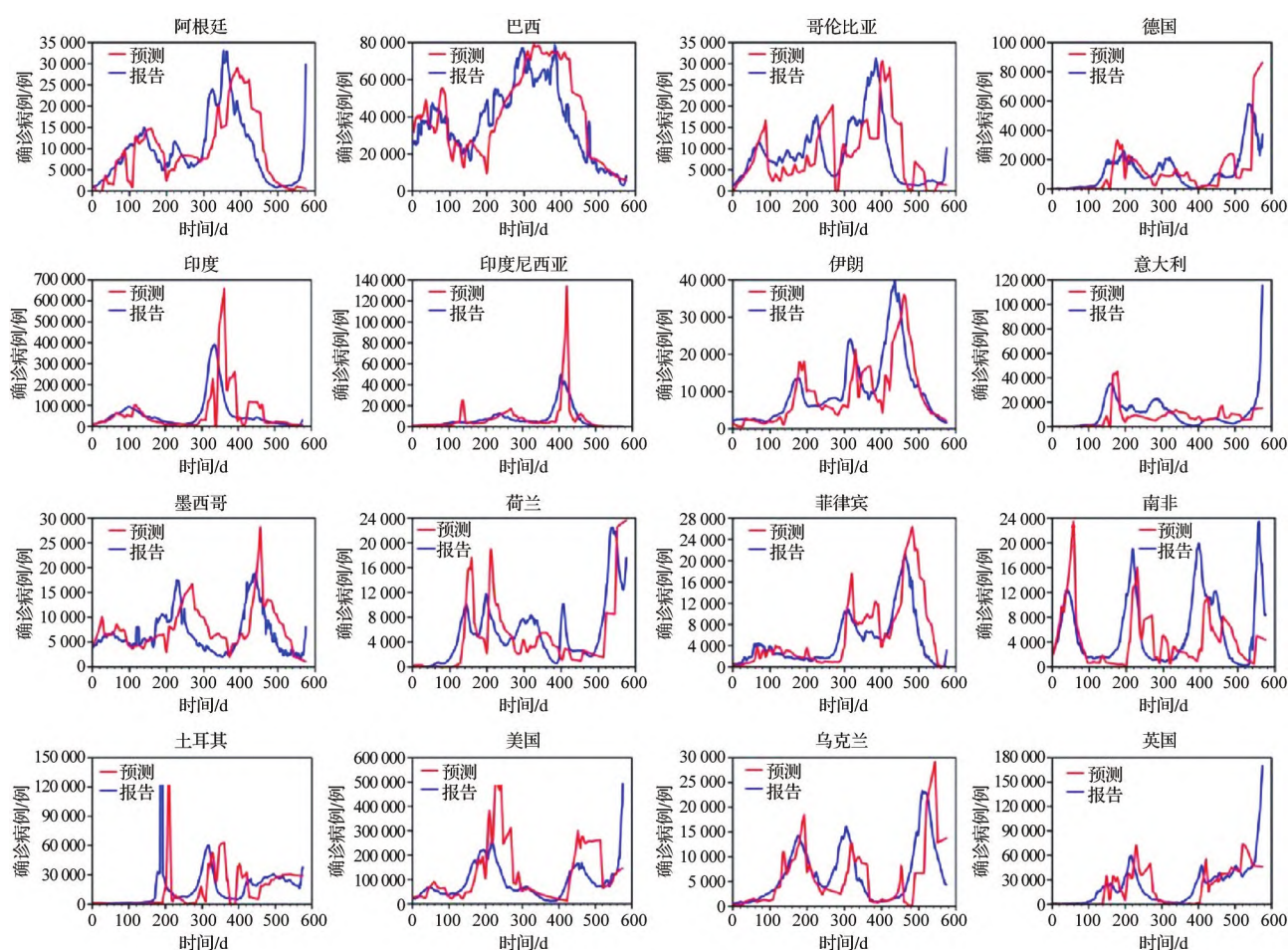


图4 2020年6月1日至2021年12月31日不同国家新型冠状病毒感染病例的预测结果^[103]

Fig. 4 Projected COVID-19 cases for different countries from 1 June 2020 to 31 December 2021^[103]

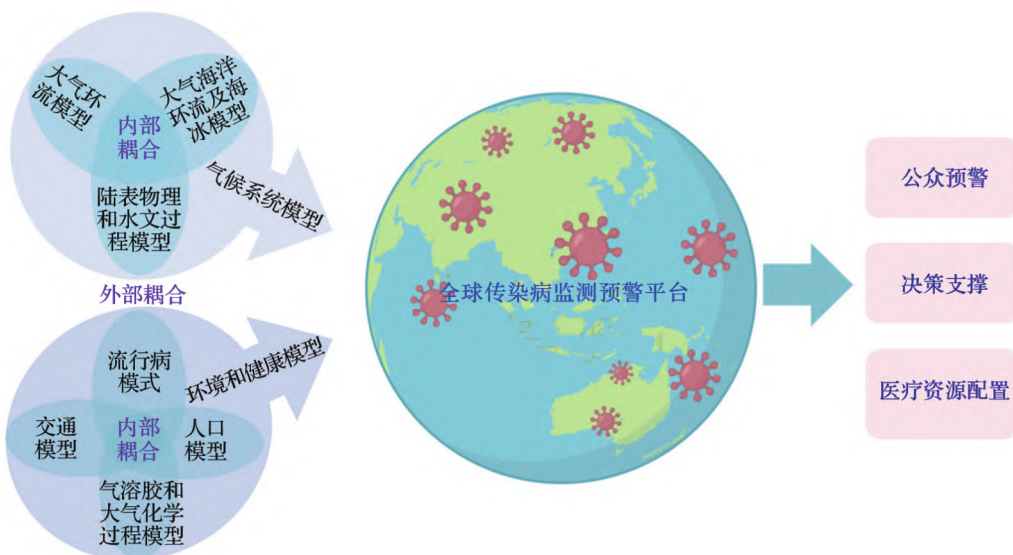


图5 全球传染病监测预警平台构建

Fig. 5 Construction of a global platform for infectious disease surveillance and early warning

为了实现这些目标,可以利用质谱、光谱等分析技术、基因测序技术和分子生物学等交叉研究方法,

对大气环境载体进行定量研究,并重建新型冠状病毒感染等重大疫情发生发展的时间序列,以揭示其

空间分布变迁特征和演化基本图景。

(2) 加强监测仪器研发及监测网建设

目前,中国大气病原微生物的高精度监测技术不成熟,监测仪器存在捕获难、检测慢和识别差等技术瓶颈问题,未建立完善的监测网络,各环节严重依赖人工操作,步骤繁琐、耗时较长、成本较高,尚未实现环境样本从检测预处理到检测分析一站式自动化运行。因此,亟需加快推进大气病原微生物的实时监测技术研发,集成多种监测技术实现微生物成分精确甄别,强化对异常健康事件的病原学诊断及重点监测,形成更敏感有效的监测预警网络。

在各省市区重点场所和口岸设置哨点,建立涵盖人、物、环境和重点场所的一体化监测体系。对大气病原体进行重点监测,建立未知病原的检测技术,提高监测的敏感性和有效性。建成多点触发、反应快速、科学高效的新发突发传染病、群体性不明原因疾病、重点传染病监测平台,提高应对突发公共卫生事件的能力。利用激光遥感的独特技术优势,研发探测范围广、时空分辨率高和可靠性强的全波段荧光激光雷达。将监测范围扩展到冰川、冻土等关键区域,加强防疫措施,提高监测的广度和深度。建成国际一流的大范围实时立体监测网,精准快速感知突发疫情源头、生化战剂扩散等潜在风险。拓展国际视野,通过南南合作机制等国际合作方式,开展全球尺度大气中病原微生物的重点区域监测。推动与周边国家开展跨境传染病及大气病原微生物联合监测,积极跟踪全球新发、突发传染病前沿发展趋势,共同应对全球公共卫生挑战。

(3) 加强数据共享系统建设

当前不同地区和部门的数据孤立现象严重,在数据收集和管理上缺乏统一标准,数据共享存在个人健康数据的隐私泄露风险,如何在保护个人隐私的同时实现有效的数据共享亟需进一步探索。

需要疾控联合卫生部门、军队,健全信息共享机制,制订信息共享清单,畅通通报渠道。建立国家级数据共享系统,推动政府—企业—学术部门合作,加快数据共享进程。建立重大突发传染病生物样本库,研发公共健康数据互联互通与共享标准体系。构建数据融合系统,为政府部门、医疗机构和科研单位提供数据服务。建立分级分类的数据管理系统,涵盖环境、媒介、自然宿主、人群和临床样本的传染病综合监测与数据库。整合病原体数据资源,建立数据采集与质量控制标准操作流程,实现数据集成平台的持续自动更新。利用物联网、大数据、云计

算和人工智能等技术开发风险评估工具,建设大型数据库。实现有效的数据共享,同时保护个人隐私,提升传染病防控能力和公共卫生水平。

(4) 加强监测预警平台建设

当前,中国疫情预测工作面临团队分散的挑战,尚未形成集中研究力量以构建权威的预警平台。自主研发的局地、区域及全球传染病传播预警模型,在纳入自然、环境和社会影响因素方面尚显不足,与疫情实际暴发情况的结合也不够紧密,因此,建立具有权威性的国家级疫情预警平台是目前亟待完成的任务。

构建“流行病、环境、气象、气候、人口、交通、经济、社会”等多尺度耦合的精准预测系统,融合多领域研究力量。通过增加人口流动的空间扩散项将已有的传染病单点模型扩展至二维空间,结合传统优化反演算法和人工智能算法,建立人口流动的空间扩散系数参数化方案,并结合已量化的疫情传播关键影响因素参数,形成空间复合参数化网格分布,建成“统计—动力”相结合的重大疫情的二维预测预警模型,实现中国二维高精准度的重大疫情业务化逐日预报与季节预测。建设国家级新发疫情协同群智决策平台,实现动态显示与集成预测。制定最优管控和解封方案,为政策制定提供科学支撑。加强人工智能在重大疾病早筛早诊、精准治疗和临床管理等方面的应用。开展临床数据智能化采集与治理、多模态数据融合关联模型等研究。挖掘重大疾病发生、发展与转归的规律和机制,提升临床干预效率和全周期管理精准性。研究开发趋势健康风险预警和决策支持工具。构建大气环境变化近实时表征和短期预测技术体系。建立多尺度嵌套病原微生物—气候—生态系统耦合预测模型,实现动态表征和预测。建立预警业务平台,定期发布因气候环境因素造成的死亡人数及超额死亡人数等相关数据。调查梳理气候敏感疾病基本信息清单,构建气候敏感疾病风险预警系统,在建立完善的监测体系的基础上,开展基于环境气象数据与地理时空分布的病原微生物的规模流行病预报预测体系关键技术研究,开展鼠疫、登革热、疟疾和乙脑等媒介生物传染病、人兽共患病以及新发传染病等疾病的发病预警。

(5) 推进重大研究计划与成果转化

大气中病原微生物的监测与预警对新发、突发重大疫情防控至关重要,涉及多学科交叉研究。这些病原微生物通过多种暴露途径影响人类和动物

健康,同时也可通过大气沉降等方式影响水生生态和冰川生态。因此,建议设立相关重大研究计划,创建全国重点实验室或国家实验室,统筹推进监测技术、监测网及预警平台的研发创新,加强联合研发和攻关,形成科学共同体,以取得更多高水平科研成果,提高早发现早预警能力。

2024年8月,国家多部委联合发布指导意见,要求建立健全智慧化多点触发传染病监测预警体系,提出具体目标和要求。为进一步提升应急能力,建议整合相关工程,联合多方力量,从国家层面推动重大研究计划,加快科研机构助力省市级疾控部门建立智慧化监测预警体系,聚焦“监测→预测→预警→防控”任务链,促进成果利用,推进快速感知和提前预警,实现疫情早发现、早控制,统筹疫情防控和经济社会发展,提升生物安全风险防范与应对能力。

(6)加强中国多部门合作和国际合作

推动大气病原微生物监测预警研究的跨部门合作和国际合作是应对气候变化和保护人类健康的关键。跨部门合作可以整合不同领域的理论基础和资源,而国际合作则可以借鉴其他国家的成功经验,共同应对全球性的挑战。

在国内合作与研究方面,联合高校、医疗机构专家开展气候敏感性疾病风险评估和监测预警平台建设。组建跨学科科研团队,攻关技术难题,完善健康气象服务产品体系。制定国家政策和行动方案,推进国家级及省市级监测预警平台建设。在国际合作与全球监测方面,加强数据共享、监测预警技术和人才培养。通过国际会议和国际标准化组织提升国际影响力,开展全球尺度重点区域监测。与周边国家合作开展跨境传染病联合监测,跟踪全球传染病前沿趋势。此外,联合多部门协作,加强流行病学、大气科学和环境科学等多学科交叉。实现多模式耦合的流行病预测预警,通过空间最优化模型和多目标决策方法合理配置资源,以应对日益严峻的公共卫生挑战。

参考文献(References):

- [1] SESSITSCH A, WAKELIN S, SCHLOTER M, *et al.* Microbiome interconnectedness throughout environments with major consequences for healthy people and a healthy planet[J]. *Microbiology and Molecular Biology Reviews*, 2023, 87(3). DOI: 10.1128/mmr.00212-22.
- [2] HUANG Jianping, ZHANG Beidou, WANG Danfeng, *et al.* The new direction of interdisciplinary science in the 21st century: climate change and monitoring and early warning of major epidemic situations[J]. *Journal of Lanzhou University (Medi-*

cal Sciences), 2022, 48(11): 1-3. [黄建平, 张北斗, 王丹凤, 等. 21世纪交叉学科的新方向: 气候变化与重大疫情监测预警[J]. *兰州大学学报(医学版)*, 2022, 48(11): 1-3.]

- [3] LIAN X B, HUANG J P, HUANG R J, *et al.* Impact of city lockdown on the air quality of COVID-19-hit of Wuhan City[J]. *Science of the Total Environment*, 2020, 742. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2020.140556.
- [4] LI Tiantian, DU Yanjun, MO Yang, *et al.* Human health risk assessment of heat wave based on vulnerability: a review of recent studies[J]. *Journal of Environment and Health*, 2014, 31(6): 547-550. [李湉湉, 杜艳君, 莫杨, 等. 基于脆弱性的高温热浪人群健康风险评估研究进展[J]. *环境与健康杂志*, 2014, 31(6): 547-550.]
- [5] KAN Haidong, CHEN Bingheng. Health effects of global climate change[J]. *North Environment*, 2001, 26(2): 35-36. [阚海东, 陈秉衡. 全球气候变化的健康效应[J]. *北方环境*, 2001, 26(2): 35-36.]
- [6] WU Xiaoxu, TIAN Huaiyu, ZHOU Sen, *et al.* Impact of global change on transmission of human infectious diseases[J]. *Science China: Earth Sciences*, 2013, 43(11): 1 743-1 759. [吴晓旭, 田怀玉, 周森, 等. 全球变化对人类传染病发生与传播的影响[J]. *中国科学: 地球科学*, 2013, 43(11): 1 743-1 759.]
- [7] HUANG J P, ZHANG L, LIU X Y, *et al.* Global prediction system for COVID-19 pandemic[J]. *Science Bulletin*, 2020, 65(22): 1 884-1 887.
- [8] LI Z Q, MENG F C, WU B, *et al.* Reviewing the progress of infectious disease early warning systems and planning for the future[J]. *BMC Public Health*, 2024, 24(1). DOI: 10.1186/s12889-024-20537-2.
- [9] DANOVARO R, CORINALDESI C, DELL'ANNO A, *et al.* Marine viruses and global climate change[J]. *FEMS Microbiology Reviews*, 2011, 35(6): 993-1 034.
- [10] HUANG J P, LIU X Y, ZHANG L, *et al.* The oscillation-outbreaks characteristic of the COVID-19 pandemic[J]. *National Science Review*, 2021, 8(8). DOI: 10.1093/nsr/nwab100.
- [11] CAVICCHIOLI R, RIPPLE W J, TIMMIS K N, *et al.* Scientists' warning to humanity: microorganisms and climate change[J]. *Nature Reviews Microbiology*, 2019, 17: 569-586.
- [12] LAFFERTY K D. The ecology of climate change and infectious diseases[J]. *Ecology*, 2009, 90(4): 888-900.
- [13] BAYOH M N, LINDSAY S W. Effect of temperature on the development of the aquatic stages of *Anopheles gambiae* sensu stricto (Diptera: Culicidae)[J]. *Bulletin of Entomological Research*, 2003, 93(5): 375-381.
- [14] LIU Y, NING Z, CHEN Y, *et al.* Aerodynamic analysis of SARS-CoV-2 in two Wuhan hospitals[J]. *Nature*, 2020, 582(7 813): 557-560.
- [15] STADNYTSKYI V, BAX C E, BAX A, *et al.* The airborne lifetime of small speech droplets and their potential importance in SARS-CoV-2 transmission[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2020, 117(22): 11 875-11 877.
- [16] XIAO Y Y, HE L M, CHEN Y, *et al.* The influence of meteo-

- rological factors on tuberculosis incidence in Southwest China from 2006 to 2015 [J]. *Scientific Reports*, 2018, 8(1). DOI: 10.1038/s41598-018-28426-6.
- [17] SMITH G S, SCHOENBACH V J, RICHARDSON D B, *et al.* Particulate air pollution and susceptibility to the development of pulmonary tuberculosis disease in North Carolina: an ecological study [J]. *International Journal of Environmental Health Research*, 2014, 24(2): 103-112.
- [18] YANG X B, DUAN Q H, WANG J J, *et al.* Seasonal variation of newly notified pulmonary tuberculosis cases from 2004 to 2013 in Wuhan, China [J]. *PLoS One*, 2014, 9(10). DOI: 10.1371/journal.pone.0108369.
- [19] DENG Bin, ZHOU Zhigang, MA Zesui, *et al.* The model of back-propagation neural network about the relationship between meteorological factors and pulmonary tuberculosis [J]. *International Medicine and Health Guidance News*, 2008, 14(1): 17-20. [邓斌, 周志刚, 马泽舜, 等. 肺结核病与气象因素关系的 BP 神经网络模型研究 [J]. 国际医药卫生导报, 2008, 14(1): 17-20.]
- [20] ZHANG Qiang, YE Dianxiu, YANG Xianwei, *et al.* Study on high-risk meteorological indexes during SARS epidemic period [J]. *China Public Health*, 2004, 20(6): 647-648. [张强, 叶殿秀, 杨贤为, 等. SARS 流行期高危气象指标的研究 [J]. 中国公共卫生, 2004, 20(6): 647-648.]
- [21] CHOI K M, CHRISTAKOS G, WILSON M L. El Niño effects on influenza mortality risks in the state of California [J]. *Public Health*, 2006, 120(6): 505-516.
- [22] PÖHLKER M L, PÖHLKER C, KRÜGER O O, *et al.* Respiratory aerosols and droplets in the transmission of infectious diseases [J]. *Reviews of Modern Physics*, 2023, 95(4). DOI: 10.1103/RevModPhys.95.045001.
- [23] DABISCH P, SCHUIT M, HERZOG A, *et al.* The influence of temperature, humidity, and simulated sunlight on the infectivity of SARS-CoV-2 in aerosols [J]. *Aerosol Science and Technology*, 2021, 55(2): 142-153.
- [24] PAITAL B, AGRAWAL P K. Air pollution by NO₂ and PM_{2.5} explains COVID-19 infection severity by overexpression of angiotensin-converting enzyme 2 in respiratory cells: a review [J]. *Environmental Chemistry Letters*, 2021, 19(1): 25-42.
- [25] BAYLIS M. Potential impact of climate change on emerging vector-borne and other infections in the UK [J]. *Environmental Health*, 2017, 16(Suppl. 1). DOI: 10.1186/s12940-017-0326-1.
- [26] REDSHAW C H, STAHL-TIMMINS W M, FLEMING L E, *et al.* Potential changes in disease patterns and pharmaceutical use in response to climate change [J]. *Journal of Toxicology and Environmental Health Part B, Critical Reviews*, 2013, 16(5): 285-320.
- [27] SEMENZA J C, HERBST S, RECHENBURG A, *et al.* Climate change impact assessment of food- and waterborne diseases [J]. *Critical Reviews in Environmental Science and Technology*, 2012, 42(8): 857-890.
- [28] PAZ S. Climate change impacts on West Nile virus transmission in a global context [J]. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*, 2015, 370(1665). DOI: 10.1098/rstb.2013.0561.
- [29] HUIZINGA H W, MCLAUGHLIN G L. Thermal ecology of *Naegleria fowleri* from a power plant cooling reservoir [J]. *Applied and Environmental Microbiology*, 1990, 56(7): 2200-2205.
- [30] EL-SAYED A, KAMEL M. Climatic changes and their role in emergence and re-emergence of diseases [J]. *Environmental Science and Pollution Research International*, 2020, 27(18): 22336-22352.
- [31] MOORE S, SHRESTHA S, TOMLINSON K W, *et al.* Predicting the effect of climate change on African trypanosomiasis: integrating epidemiology with parasite and vector biology [J]. *Journal of the Royal Society, Interface*, 2012, 9(70): 817-830.
- [32] TONG M X, HANSEN A, HANSON-EASEY S, *et al.* Infectious diseases, urbanization and climate change: challenges in future china [J]. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2015, 12(9): 11025-11036.
- [33] PAYNTER S, WARE R S, WEINSTEIN P, *et al.* Childhood pneumonia: a neglected, climate-sensitive disease? [J]. *Lancet*, 2010, 376(9755): 1804-1805.
- [34] XU Z W, HU W B, TONG S L. Temperature variability and childhood pneumonia: an ecological study [J]. *Environmental Health*, 2014, 13(1). DOI: 10.1186/1476-069X-13-51.
- [35] TOWERS S, CHOWELL G, HAMEED R, *et al.* Climate change and influenza: the likelihood of early and severe influenza seasons following warmer than average winters [J]. *PLoS Currents*, 2013, 5. DOI: 10.1371/currents.flu.3679b56a3a5313dc7c043fb944c6f138.
- [36] DONALDSON G C. Climate change and the end of the respiratory syncytial virus season [J]. *Clinical Infectious Diseases*, 2006, 42(5): 677-679.
- [37] ZHANG X L, SHAO X J, WANG J, *et al.* Temporal characteristics of respiratory syncytial virus infection in children and its correlation with climatic factors at a public pediatric hospital in Suzhou [J]. *Journal of Clinical Virology*, 2013, 58(4): 666-670.
- [38] The World Meteorological Organization [Z]. State of the global climate 2024. 2025.
- [39] NI J M, ZHAO Y, LI B, *et al.* Investigation of the impact mechanisms and patterns of meteorological factors on air quality and atmospheric pollutant concentrations during extreme weather events in Zhengzhou City, Henan Province [J]. *Atmospheric Pollution Research*, 2023, 14(12). DOI: 10.1016/j.apr.2023.101932.
- [40] HAMBLETON I R, JEYASEELAN S M, MURPHY M M. COVID-19 in the Caribbean small island developing states: lessons learnt from extreme weather events [J]. *The Lancet Global Health*, 2020, 8(9): e1114-e1115.
- [41] PATZ J A, ENGELBERG D, LAST J. The effects of changing weather on public health [J]. *Annual Review of Public Health*, 2000, 21: 271-307.
- [42] Lemonick D M. Epidemics after natural disasters [J]. *American*

- Journal of Medicine*, 2011, 8: 144-152.
- [43] LIAN X B, HUANG J P, LI H, *et al.* Cold waves accelerate the spread of infectious diseases[J]. *Geophysical Research Letters*, 2024, 51(15). DOI: 10.1029/2024GL109405.
- [44] TIAN Huaiyu. 2019-nCoV: new challenges from coronavirus [J]. *Chinese Journal of Preventive Medicine*, 2020, 54(3): 235-238. [田怀玉. 2019-nCoV: 来自冠状病毒的新挑战[J]. 中华预防医学杂志, 2020, 54: 4(3): 235-238.]
- [45] LIAN X B, HUANG J P, LI H, *et al.* Heat waves accelerate the spread of infectious diseases[J]. *Environmental Research*, 2023, 231. DOI: 10.1016/j.envres.2023.116090.
- [46] WANG C C, PRATHER K A, SZNITMAN J, *et al.* Airborne transmission of respiratory viruses [J]. *Science*, 2021, 373(6558). DOI: 10.1126/science.abd9149.
- [47] GUO Y M, WU Y, WEN B, *et al.* Floods in China, COVID-19, and climate change [J]. *The Lancet Planetary Health*, 2020, 4(10): e443-e444.
- [48] WALTON D, van AALST M. Climate-related extreme weather events and COVID-19: a first look at the number of people affected by intersecting disasters[R]. IFRC, Red Cross Red Crescent Climate Centre, 2020.
- [49] MORENS D M, FOLKERS G K, FAUCI A S. The challenge of emerging and re-emerging infectious diseases [J]. *Nature*, 2004, 430(6996): 242-249.
- [50] HARUN N S, LACHAPPELLE P, DOUGLASS J. Thunderstorm-triggered asthma: what we know so far[J]. *Journal of Asthma and Allergy*, 2019, 12: 101-108.
- [51] CHANG H Y, LI M J, WANG Y, *et al.* Acute effects of low temperatures and cold waves on elderly infectious pneumonia mortality-Jinan City, Shandong Province, China, 2014-2022 [J]. *China CDC Weekly*, 2024, 6(5): 77-82.
- [52] LIU Z D, ZHANG J, ZHANG Y, *et al.* Effects and interaction of meteorological factors on influenza: based on the surveillance data in Shaoyang, China [J]. *Environmental Research*, 2019, 172: 326-332.
- [53] SMITH G S, MESSIER K P, CROOKS J L, *et al.* Extreme precipitation and emergency room visits for influenza in Massachusetts: a case-crossover analysis[J]. *Environmental Health*, 2017, 16(1). DOI: 10.1186/s12940-017-0312-7.
- [54] MCMICHAEL A J. Extreme weather events and infectious disease outbreaks[J]. *Virulence*, 2015, 6(6): 543-547.
- [55] XING W L, LIU Y Y, WANG H L, *et al.* A high-throughput, multi-index isothermal amplification platform for rapid detection of 19 types of common respiratory viruses including SARS-CoV-2[J]. *Engineering*, 2020, 6(10): 1130-1140.
- [56] LI S L, GUO J Z, GU Y, *et al.* Assessing airborne transmission risks in COVID-19 hospitals by systematically monitoring SARS-CoV-2 in the air[J]. *Microbiology Spectrum*, 2023, 11(6). DOI: 10.1128/spectrum.01099-23.
- [57] LI H Q, XU M R, AN X L, *et al.* High-risk ARGs (HRA) chip: a high-throughput qPCR-based array for assessment of high-risk ARGs from the environment [J]. *Water Research*, 2024, 262. DOI: 10.1016/j.watres.2024.122106.
- [58] LI H, HONG Y W, GAO M K, *et al.* Distinct responses of airborne abundant and rare microbial communities to atmospheric changes associated with Chinese New Year[J]. *iMeta*, 2023, 2(4). DOI: 10.1002/imt2.140.
- [59] LI Jing, YAO Maosheng. State-of-the-art status on airborne antibiotic resistant bacteria and antibiotic resistance genes[J]. *Chinese Journal of Preventive Medicine*, 2018, 52(4): 440-445. [李菁, 姚茂盛. 空气介质中耐药细菌和耐药基因的研究进展[J]. 中华预防医学杂志, 2018, 52(4): 440-445.]
- [60] CÁCERES C J, RAJAO D S, PEREZ D R. Airborne transmission of avian origin H9N2 influenza A viruses in mammals[J]. *Viruses*, 2021, 13(10). DOI: 10.3390/v13101919.
- [61] SPIEGELMAN D, WHISSELL G, GREER C W. A survey of the methods for the characterization of microbial consortia and communities[J]. *Canadian Journal of Microbiology*, 2005, 51(5): 355-386.
- [62] ARGOTTE-RAMOS R, CIME-CASTILLO J, VARGAS V, *et al.* Development of an Enzyme-Linked Immunosorbent Assay (ELISA) as a tool to detect NS1 of dengue virus serotype 2 in female *Aedes aegypti* eggs for the surveillance of dengue fever transmission[J]. *Heliyon*, 2024, 10(8). DOI: 10.1016/j.heliyon.2024.e29329.
- [63] GREEN M R, SAMBROOK J. Screening colonies by Polymerase Chain Reaction (PCR) [J]. *Cold Spring Harbor Protocols*, 2019, 2019(6). DOI: 10.1101/pdb.prot095224.
- [64] KUBISTA M, ANDRADE J M, BENGTSSON M, *et al.* The real-time polymerase chain reaction [J]. *Molecular Aspects of Medicine*, 2006, 27(2/3): 95-125.
- [65] PAVŠIČ J, ŽEL J, MILAVEC M. Assessment of the real-time PCR and different digital PCR platforms for DNA quantification [J]. *Analytical and Bioanalytical Chemistry*, 2016, 408(1): 107-121.
- [66] HUANG Z W, YU X R, LIU Q T, *et al.* Bioaerosols in the atmosphere: a comprehensive review on detection methods, concentration and influencing factors[J]. *Science of the Total Environment*, 2024, 912. DOI: 10.1016/j.scitotenv.2023.168818.
- [67] WANG L, QI W Z, LIU Y J, *et al.* Recent advances on bioaerosol collection and detection in microfluidic chips[J]. *Analytical Chemistry*, 2021, 93(26): 9013-9022.
- [68] PARK J W, KIM H R, HWANG J. Continuous and real-time bioaerosol monitoring by combined aerosol-to-hydrosol sampling and ATP bioluminescence assay [J]. *Analytica Chimica Acta*, 2016, 941: 101-107.
- [69] CHEN H X, QI X, ZHANG L, *et al.* COVID-19 screening using breath-borne volatile organic compounds [J]. *Journal of Breath Research*, 2021, 15(4). DOI: 10.1088/1752-7163/ac2e57.
- [70] WANG Y K, HUANG Z W, ZHOU T, *et al.* Identification of fluorescent aerosol observed by a spectroscopic lidar over northwest China[J]. *Optics Express*, 2023, 31(13): 22157-22169.
- [71] LEE I, SEOK Y, JUNG H, *et al.* Integrated bioaerosol sampling/monitoring platform: field-deployable and rapid detection of airborne viruses[J]. *ACS Sensors*, 2020, 5(12): 3915-3922.

- [72] CHEN E, WAN Dong, CHU Kecheng, *et al.* The monitoring and research of airborne microbe pollution[J]. *Environmental Monitoring in China*, 2014, 30(4): 171-178. [陈镨, 万东, 褚可成, 等. 空气微生物污染的监测及研究进展[J]. 中国环境监测, 2014, 30(4): 171-178.]
- [73] GUZMÁN M, KOURI G, DÍAZ M, *et al.* Dengue, one of the great emerging health challenges of the 21st century[J]. *Expert Review of Vaccines*, 2004, 3: 511-520.
- [74] HUANG Q S, BAKER M, MCARTHUR C, *et al.* Implementing hospital-based surveillance for severe acute respiratory infections caused by influenza and other respiratory pathogens in new zealand[J]. *Western Pacific Surveillance and Response Journal: WPSAR*, 2014, 5: 23.
- [75] BRAMMER L, BUDD A, COX N. Seasonal and pandemic influenza surveillance considerations for constructing multicomponent systems[J]. *Influenza and other respiratory viruses*, 2009, 3: 51-58.
- [76] LIU Yongqin, GUO Bixi, JI Mukan, *et al.* A comprehensive dataset of microbial abundance, dissolved organic carbon, and nitrogen in tibetan plateau glaciers[J]. *Earth System Science Data*, 2022, 14: 2 303-2 314.
- [77] YANG Z F, ZENG Z Q, WANG K, *et al.* Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions[J]. *Journal of Thoracic Disease*, 2020, 12(3): 165-174.
- [78] HUANG J P, WANG D F, ZHU Y G, *et al.* An overview for monitoring and prediction of pathogenic microorganisms in the atmosphere[J]. *Fundamental Research*, 2024, 4(3): 430-441.
- [79] TIAN H Y, LIU Y H, LI Y D, *et al.* An investigation of transmission control measures during the first 50 days of the COVID-19 epidemic in China[J]. *Science*, 2020, 368(6 491): 638-642.
- [80] BROWNSTEIN J S, RADER B, ASTLEY C M, *et al.* Advances in artificial intelligence for infectious-disease surveillance[J]. *New England Journal of Medicine*, 2023, 388(17): 1 597-1 607.
- [81] ANDERSON R M, MAY R M. Infectious diseases of humans: dynamics and control[M]. Oxford: Oxford University Press, 1991.
- [82] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. A contribution to the mathematical theory of epidemics[J]. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A: Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, 1927, 115(772): 700-721.
- [83] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. II—the problem of endemicity[J]. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A: Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, 1932, 138(834): 55-83.
- [84] CASTILLO-CHAVEZ C, CASTILLO-GARSOW CW, YAKUBU A-A. Mathematical models of isolation and quarantine[J]. *JAMA*, 2003, 290(21): 2 876-2 877.
- [85] STEHLÉ J, VOIRIN N, BARRAT A, *et al.* Simulation of an SEIR infectious disease model on the dynamic contact network of conference attendees[J]. *BMC Medicine*, 2011, 9. DOI: 10.1186/1741-7015-9-87.
- [86] OKUWA K, INABA H, KUNIYA T. Mathematical analysis for an age-structured SIRS epidemic model[J]. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 2019, 16(5): 6 071-6 102.
- [87] BJØRNSTAD O N, SHEA K, KRZYWINSKI M, *et al.* The SEIRS model for infectious disease dynamics[J]. *Nature Methods*, 2020, 17(6): 557-558.
- [88] GRIMM V, MENGEL F, SCHMIDT M. Extensions of the SEIR model for the analysis of tailored social distancing and tracing approaches to cope with COVID-19[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1). DOI: 10.1038/s41598-021-83540-2.
- [89] BERGER D W, HERKENHOFF K F, MONGEY S. An seir infectious disease model with testing and conditional quarantine[J]. *National Bureau of Economic Research*, 2020. DOI: 10.2139/ssrn.3561142.
- [90] RĂDULESCU A, WILLIAMS C, CAVANAGH K. Management strategies in a SEIR-type model of COVID 19 community spread[J]. *Scientific Reports*, 2020, 10(1). DOI: 10.1038/s41598-020-77628-4.
- [91] CARCIONE J M, SANTOS J E, BAGAINI C, *et al.* A simulation of a COVID-19 epidemic based on a deterministic SEIR model[J]. *Frontiers in Public Health*, 2020, 8. DOI: 10.3389/fpubh.2020.00230.
- [92] MENDA K, LAIRD L, KOCHENDERFER M J, *et al.* Explaining COVID-19 outbreaks with reactive SEIRD models[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1). DOI: 10.1038/s41598-021-97260-0.
- [93] POONIA R C, SAUDAGAR A K J, ALTAMEEM A, *et al.* An enhanced SEIR model for prediction of COVID-19 with vaccination effect[J]. *Life*, 2022, 12(5). DOI: 10.3390/life12050647.
- [94] KISELEV I N, AKBERDIN I R, KOLPAKOV F A. Delay-differential SEIR modeling for improved modelling of infection dynamics[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13(1). DOI: 10.1038/s41598-023-40008-9.
- [95] LU M, ZHENG X Y, JIA W N, *et al.* Analysis and prediction of improved SEIR transmission dynamics model: taking the second outbreak of COVID-19 in Italy as an example[J]. *Frontiers in Public Health*, 2023, 11. DOI: 10.3389/fpubh.2023.1223039.
- [96] CHEN T M, RUI J, WANG Q P, *et al.* A mathematical model for simulating the phase-based transmissibility of a novel coronavirus[J]. *Infectious Diseases of Poverty*, 2020, 9(1). DOI: 10.1186/s40249-020-00640-3.
- [97] LIANG J Y, WANG Y, LIN Z J, *et al.* Influenza and COVID-19 co-infection and vaccine effectiveness against severe cases: a mathematical modeling study[J]. *Frontiers in Cellular and Infection Microbiology*, 2024, 14. DOI: 10.3389/fcimb.2024.1347710.
- [98] LI H, HUANG J P, LIAN X B, *et al.* Impact of human mobility on the epidemic spread during holidays[J]. *Infectious Disease Modelling*, 2023, 8(4): 1 108-1 116.
- [99] DU Zhicheng, HAO Yuancheng, WEI Yongyue, *et al.* Using

- Markov Chain Monte Carlo methods to estimate the age-specific case fatality rate of COVID-19[J]. *Chinese Journal of Epidemiology*, 2020, 41(11): 1 777-1 781. [杜志成, 郝元涛, 魏永越, 等. 基于马尔科夫链蒙特卡罗模拟方法的COVID-19年龄别病死率估计[J]. 中华流行病学杂志, 2020, 41(11): 1 777-1 781.]
- [100] KIM J, AHN I. Infectious disease outbreak prediction using media articles with machine learning models[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1). DOI: 10.1038/s41598-021-83926-2.
- [101] ZHANG Y M, CHEN K, WENG Y, *et al.* An intelligent early warning system of analyzing Twitter data using machine learning on COVID-19 surveillance in the US[J]. *Expert Systems with Applications*, 2022, 198. DOI: 10.1016/j.eswa.2022.116882.
- [102] SU X Y, SUN Y F, LIU H X, *et al.* An innovative ensemble model based on deep learning for predicting COVID-19 infection[J]. *Scientific Reports*, 2023, 13. DOI: 10.1038/s41598-023-39408-8.
- [103] HUANG J P, ZHANG L, CHEN B, *et al.* Development of the second version of global prediction system for epidemiological pandemic[J]. *Fundamental Research*, 2024, 4(3): 516-526.
- [104] XU T, CHENG J, YANG Z F, *et al.* COVID-19 focused series: diagnosis and forecast of COVID-19[J]. *Journal of Thoracic Disease*, 2023, 15(3): 1 503-1 505.
- [105] YANG L Y, WANG Z M, WANG L, *et al.* Association of vaccination, international travel, public health and social measures with lineage dynamics of SARS-CoV-2[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2023, 120(33). DOI: 10.1073/pnas.2305403120.

Monitoring and Early Warning of Atmospheric Pathogenic Microorganisms: A Review of Recent Studies*

HUANG Jianping¹, LIAN Xinbo^{1,2}, WANG Rui¹, WANG Danfeng¹,

HUANG Zhongwei¹, ZHANG Beidou¹, HU Shujuan¹

(1. Collaborative Innovation Center for Western Ecological Safety, College of Atmospheric Sciences, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China; 2. School of Earth and Environmental Sciences, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China)

Abstract: The monitoring and early warning of pathogenic microorganisms and infectious diseases serve as a critical foundation for preventing major public health crises and mitigating biosecurity risks. However, research on the monitoring and early warning of pathogenic microorganism transmission in the atmosphere remains limited, with no systematic framework established yet. This study addresses strategic needs in public health security by identifying key scientific challenges in the field, systematically elucidating the environmental response mechanisms of atmospheric pathogens under climate change, monitoring technologies for pathogenic microorganisms in the atmosphere, and advances in infectious disease prediction models. Furthermore, this study identifies critical research frontiers for future breakthroughs, including: elucidating the source characteristics, formation mechanisms, environmental evolution, and transmission mechanisms of atmospheric pathogens; developing high-precision real-time monitoring technologies for atmospheric pathogens and establishing a biosafety surveillance network; constructing a multi-disciplinary, multi-scale and multi-model coupled prediction and early warning platform for atmospheric pathogen and infectious diseases. This research framework will provide scientific decision-making support for preventing public health emergencies, effectively enhance biosecurity governance capacity, and offer a scientific paradigm for building a global community of health for all.

Key words: Atmospheric pathogenic microorganisms; Monitoring; Prediction; Climate crisis; Infectious disease.

* **Foundation item:** Project supported by the Collaborative Research Project of the National Natural Science Foundation of China and the Chinese Academy of Sciences (Grant No. L2224041/XK2022DXC005); Self-supporting Program of Guangzhou Laboratory (Grant No. SRPG22-007); National Funded Postdoctoral Researcher Program (Grant No. GZC20231001).

First author: HUANG Jianping, Member of the Chinese Academy of Sciences, research areas include climate change in semi-arid regions.
E-mail: hjp@lzu.edu.cn