

DOI: 10.5846/stxb201705050834

刘影, 吴兴元, 李鹏, 肖池伟. 基于禽流感发生风险的生态安全评价研究进展. 生态学报, 2018, 38(14): - .

Liu Y, Wu X Y, Li P, Xiao C W. Research progress of ecological security assessment based on the risk of avian influenza. Acta Ecologica Sinica, 2018, 38(14): - .

基于禽流感发生风险的生态安全评价研究进展

刘 影^{1,2}, 吴兴元^{1,2}, 李 鹏^{2,3,4,*}, 肖池伟^{3,4}

1 江西师范大学地理与环境学院, 南昌 330022

2 江西师范大学鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室, 南昌 330022

3 中国科学院地理科学与资源研究所, 北京 100101

4 中国科学院大学资源与环境学院, 北京 100190

摘要: 禽流感是危害公共健康、社会经济和政治稳定重要的传染性疾病。近年来, 禽流感引发的区域生态安全(公共卫生安全和生物安全)问题日益受到学界关注。为此, 有必要从禽流感发生风险的角度来开展区域生态安全评价。根据 1996—2017 年发表的禽流感发生风险与生态安全评价英文文献, 运用 Citespace 软件综合分析了禽流感与生态安全评价的最新研究进展。本文在阐述禽流感发生风险与生态安全评价关系基础上, 结合生态安全评价理论框架, 从数据来源、适用范围、优缺点等方面分别对禽流感发生风险评估方法以及基于禽流感发生风险的生态安全评价方法进行对比与总结。综述表明: 禽流感发生风险对生物物种安全和公共卫生安全的威胁已经严重影响到区域生态安全, 其引发的公共卫生危机和生物多样性减少是生态安全评价研究的重要内容, 从禽流感发生风险视角评价区域生态安全具有其必要性和紧迫性, 并迫切需要加强相关模型方法及其应用研究。目前, 禽流感研究主要以病毒学、流行病学为主, 与生态安全领域结合研究较为缺乏, 在生态安全评价中有关禽流感发生风险内容的研究基本被忽视。既可为深入揭示禽流感发生与传播的动力学机制与防控和监测禽流感提供科学依据, 亦可为未来开展基于禽流感发生风险的区域生态安全评价研究提供方法借鉴。

关键词: 禽流感; 生态安全评价; 评价方法; 公共卫生安全; 生物物种安全

Research progress of ecological security assessment based on the risk of avian influenza

LIU Ying^{1,2}, WU Xingyuan^{1,2}, LI Peng^{2,3,4,*}, XIAO Chiwei^{3,4}

1 School of Geography and Environment, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China

2 Key Laboratory of Poyang Lake Wetland and Watershed Research, Ministry of Education, Jiangxi Normal University, Nanchang 330022, China

3 Institute of Geographic Sciences and Natural Resources Research, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101, China

4 College of Resources and Environment, University of Chinese Academy of Sciences, Beijing 100190, China

Abstract: Avian influenza is a serious and harmful infectious disease which probably impact public health, social economy, and political stability. Recently, regional issues of ecological security caused by the risk of avian influenza have increasingly attracted much concern in the scientific community, especially in the fields of public health security and biological safety. Therefore, it's necessary to review regional ecological security assessment from the angle of the risk of avian influenza. In this respect, available peer-reviewed papers of avian influenza and ecological security assessment from the Web of Science during 1996—2017 were comprehensively analyzed to understand the related research progress using the Citespace software. After clarifying the relationship between the risk of avian influenza and ecological security assessment, by combing the

基金项目: 国家自然科学基金项目(41361104); 鄱阳湖湿地与流域研究教育部重点实验室(江西师范大学)开放基金资助项目(PK2016004); 江西省重大生态安全问题监控协同创新中心项目(JXS-EW-00)

收稿日期: 2017-05-05; **网络出版日期:** 2018-00-00

* 通讯作者 Corresponding author. E-mail: lip@igsrr.ac.cn,

theoretical framework of ecological security assessment, we compared the related merits, drawbacks, data sources and applicable scope of the approaches of avian influenza risk assessment and ecological security evaluation based on the risk of avian influenza. The result of this review paper showed that the threat of the risk of avian influenza on biological safety and public health security has greatly impacted regional ecological security. The avian influenza induced public health crisis and biodiversity loss are important research contents of ecological security. It is thus necessary and urgent to assess ecological security from the aspect of the risk of avian influenza and strength the investigation of model development and its applications. In addition, current avian influenza-related studies have largely been conducted in the fields of virology and epidemiology. However, integrated investigation and analysis between avian influenza and ecological security is generally scanty, let alone assess regional ecological security based on the risk of avian influenza. This study will contribute to providing scientific evidence to reveal the dynamic mechanisms of the occurrence and spread, prevention and monitoring, and regional ecological security assessment based on the risk of avian influenza.

Key Words: avian influenza; ecological security assessment; evaluation methods; public health security; biological safety

禽流感(Avian Influenza, AI)是由禽流感病毒引起的动物传染病,通常只感染鸟类(含禽类)。根据致病力强弱,禽流感可分为高致病性禽流感(Highly Pathogenic Avian Influenza, HPAI)、低致病性禽流感(Low Pathogenic Avian Influenza, LPAI)和无致病性禽流感(Naught Pathogenic Avian Influenza, NPAI)3种。其中,HPAI是由正黏病毒科A型流感病毒(AI Virus Type A)引起的一种严重禽类传染病,被国际兽疫局(OIE-World Organization for Animal Health)列为A类传染病。虽然LPAI致病性弱、死亡率低,其存在却非常广泛,并可能在候鸟迁徙、家禽散养、交通运输等各种因素综合影响下通过基因突变或重组转变成HPAI,其临床表现主要是感染不同亚型,因此不能忽视LPAI的发生风险^[1-2]。近年来,禽流感进入高爆发期,全球多个国家和地区家禽、野鸟感染禽流感疫情和人感禽流感疫情不断出现。图1显示了我国2011年以来32起高致病性禽流感疫情的空间分布(数据截止到2017年2月)。据不完全统计,共造成20多万只野鸟和家禽死亡^[3]。其中,仅2013年上半年,对所有养殖户造成的直接经济损失就超过600亿元人民币^[4]。相对而言,高致病性禽流感(HPAI)病毒是引发人群集中发生流感的一个潜在危险因素,并会严重威胁人类健康^[5]。近年来,人感染禽流感疫情已成为全球面临的重要公共卫生问题。其中,以高致病性H5N1型和H7N9型禽流感病毒对人群健康危害最为严重,人感染后死亡率高达60%^[6-8]。与H5N1病毒不同的是,H7N9病毒在家禽中一般不会引起严重的疾病反应,这使得防止病毒传播给人类的控制难度加大^[9]。截止到2017年3月31日,我国共有1065人感染H7N9,其中409人死亡^[10]。

禽流感作为一种鸟类输入性传染性疾病,在爆发时可能造成大量生物(如野鸟与家禽)、甚至人类死亡,对生物物种安全和公共卫生安全的威胁已经严重影响到区域生态安全^[11-12]。本文运用Citespace V软件对1182篇有关生态安全评价研究的英文文献统计分析表明,目前生态安全评价研究主要集中在可持续发展、农业资源利用和生态保护等层面,其研究领域主要包括生态风险、有机农业、环境足迹、全球粮食增产、土地退化治理、人居环境安全、基于生态链的生命周期评估、水利水电工程问题、生态系统服务、湿地生态系统评价模型等。然而,有关禽流感造成的公共卫生安全与生物物种安全等层面的影响研究尚未充分开展,而基于禽流感发生风险的区域生态安全评价研究更是凤毛麟角。相对而言,传染性非典型肺炎(Severe Acute Respiratory Syndrome, SARS)、口蹄疫(Foot-and-Mouth Disease, FMD)等其他新兴传染性疾病对全球公共卫生安全和生物物种安全的威胁与影响研究已得到广泛关注^[13-14]。据国际自然保护联盟(IUCN)统计,在已有记录的833种灭绝物种中,有31种与传染性疾病有关^[15]。其中,生物多样性安全或生物物种安全是指区别于一般资源概念上的生态安全,是指外来物种入侵引发的生物物种安全。在全球化背景下,人员流动和货物流通日益密切,这使得生物物种安全的影响范围已突破传统政治疆域边界,成为一个全球性挑战。这其中以禽流感为代表的流行病引发的公共卫生危机和生物多样性减少是生态安全评价研究的重要内容之一。然而,将禽流感发生风

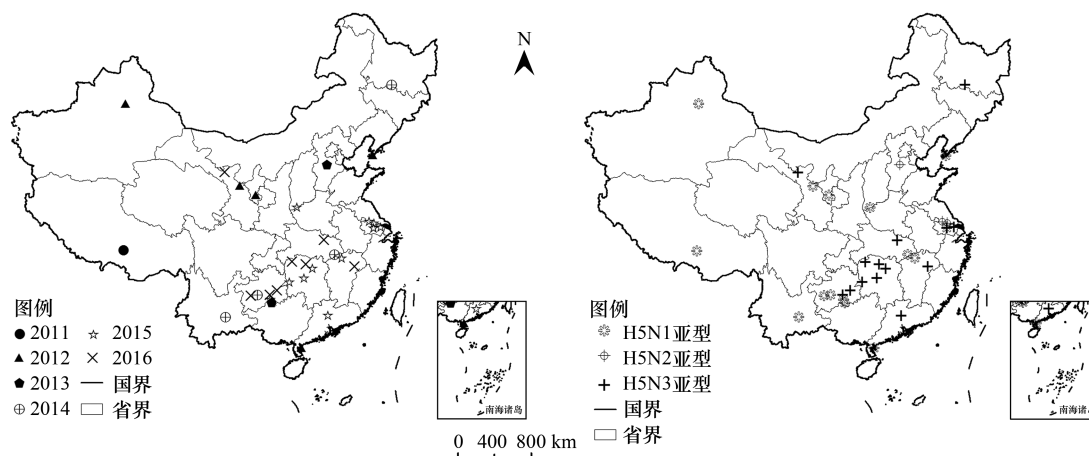


图 1 2011 年以来中国 HPAI 疫情点位和病毒类型分布(数据来源:中国农业部)

Fig.1 Spatial distribution of the occurrences of HPAI and their related virus types since 2011 in China (Data sources: Ministry of Agriculture of the People's Republic of China)

险与生态安全评价二者结合起来研究还未得到足够重视,或者重视程度与其对人类生命财产、社会安全的危害不对等。

禽流感作为一种常见于“禽-畜-人”之间的流行病,其病毒是目前被公认的威胁农业生产、生物安全、公共卫生健康等最主要的潜在病毒来源^[2]。因此,从禽流感发生风险视角评价区域生态安全具有其必要性和紧迫性,并迫切需要加强相关模型方法及其应用研究。本文拟基于科学引文索引(Web of Science)中三大数据库,分别为科学引文索引(Science Citation Index, SCI)、社会科学引文索引(Social Sciences Citation Index, SSCI)和会议论文集科学引文索引(Conference Proceedings Citation Index-Science, CPCIS),通过运用 Citespace V 科学的文献计量工具,在对禽流感与生态安全评价相关研究文献统计分析的基础上,总结了近期禽流感与生态安全评价的研究现状。接下来,梳理和比较了禽流感风险评价方法,借鉴现有生态安全评价理论框架,重点探讨了基于禽流感发生风险的生态安全评价模型与方法研究进展,以期为基于禽流感发生风险的区域生态安全评价提供参考。最后,根据已有文献的研究主题、研究内容等,对禽流感在生态安全评价方面的研究进行了总结,并展望了未来在禽流感等传染性疾病威胁下的区域生态安全评价研究的主要方向。

1 数据与方法

本文以科学引文索引(Web of Science)中三大数据库,即 SCI、SSCI 与 CPCIS 数据库为基础文献数据源,分别以“Avian Influenza”、“Ecological Safety”、“Security Assessment”与“Security Evaluation”为主题检索词进行检索,语种为英语,时间跨度为 1996—2017 年(共 22 年,文献检索截止时间为 2017 年 3 月)。结果共检索到禽流感相关英文研究文献(论文)共 11144 篇、生态安全评价相关英文研究文献(论文)1182 篇。通过 Citespace V 文献计量工具,将上述 12326 篇英文研究文献的标题、期刊出处、关键词、及其所引用文献等进行了系统分析。总体而言,这些英文文献能较好反映出 1996 年以来禽流感与生态安全评价相关领域的研究现状和最新研究进展。高致病性禽流感 H5N1 自 1997 年发现以来,人类健康和家禽养殖在公共卫生安全和经济发展方面所受到的威胁得到学者的广泛关注^[16]。另外,1996 年生态安全得到国际认可^[17],随之以生态安全评价为主题的研究逐步丰富起来。

Citespace 以其强大的文献共被引分析而知名,能够通过分析论文的关键词显示一个学科或知识域在一定时期发展的趋势与动向,已经被广泛应用于计算机科学、信息科学以及医学等 60 多个领域,同时对多元、分时、动态复杂网络分析有较好的适用性^[18]。2012 年陈红光等人利用 Citespace II 对关键词共现分析、文献共被引分析等,对新发传染性学科研究前沿热点进行有效识别,并快速确定该领域重要的文献资料,对科研人

员宏观、准确、快速掌握新兴传染性疾病领域基础及研究进展具有一定帮助^[19]。在生态安全研究层面,国内秦晓楠等人以 CSSCI 中 299 篇生态安全研究论文为研究对象,利用 Citespace II 信息可视化工具,对国内生态安全研究现状进行了分析^[20]。同时,胡秀芳等运用 Citespace II 对各国学者发表的生态安全研究成果进行系统分析与梳理,揭示了研究主题的演进轨迹和发展趋势,总结其发展变化的内在原因^[21]。这些研究结果不仅刻画并总结了被研究领域的前沿和动态,在很大程度上,也为禽流感发生风险的生态安全评价研究提供参考和方法支持。

2 禽流感发生风险评价

2.1 禽流感研究现状

基于文献计量结果表明,在 1996—2017 年的 20 余年里,国际上公开发表的以“禽流感”为主题的学术论文中,刊文量排名前三位的期刊分别为《禽病》(Avian Diseases)、《病毒学杂志》(Journal of Virology)和《公共科学图书馆》(Plos One),刊文量分别为 624 篇、570 篇和 564 篇,这些期刊出版国均在美国。进一步分析表明,“家禽疾病”、“兽医学”、“病毒学”、“生物学”、“生物医学”是这 3 个期刊的主要研究学科方向,这在一定程度上反映了现阶段禽流感的相关研究主要集中在流行病学、病原学等领域。另外,“禽流感”相关研究还较多发表于《疫苗》(Vaccine)、《病毒学文献》(Archives of Virology)等以疫苗与病毒生理研究为主题的期刊,表明禽流感研究在医学、疫苗开发上占据重要地位。表 1 列举了过去 20 余年有关禽流感研究刊文量排名前 10 位的期刊。从中不难发现,生态学特别是生态安全领域的研究还很少报道。此外,中国大陆、中国香港、土耳其、日本、墨西哥、埃及以及东南亚、南亚等主要国家及地区是这类研究的重点关注区域,在热带、亚热带以及温带国家均有分布。尽管这些国家之间经济发展水平有很大差异,但人-禽密切接触是其主要共性问题。

表 1 禽流感研究刊文量前 10 的期刊

Table 1 The top 10 journals for the publication of avian influenza related research articles

期刊名称 Journal titles	文章数 Paper quantity	2015 年影响因子 Impact factor of 2015	所在国家 Countries	主要研究方向 Research direction
《禽病》Avian Diseases	624	1.104	美国	家禽疾病、兽医学
《病毒学杂志》Journal of Virology	570	4.606	美国	病毒学
《公共科学图书馆》Plos One	564	3.057	美国	生物学、生物医学
《疫苗》Vaccine	359	3.413	英国	免疫学
《新发传染性疾病》Emerging Infectious Diseases	290	6.994	美国	传染病控制、流行病学
《病毒学文献》Archives of Virology	199	2.255	奥地利	病毒学
《病毒学期刊》Virology Journal	195	2.362	英国	流行病学、病毒学
《兽医微生物学》Veterinary Microbiology	190	2.564	荷兰	微生物学、兽医学
《病毒学》Virology	174	3.200	美国	病毒学
《流感与其他呼吸道病毒》Influenza and other Respiratory Viruses	158	2.378	英国	人类流感、呼吸道感染、流感病毒

接下来,对禽流感相关研究引文次数排名前 10 位的文章进行统计与对比分析。结果表明,这些文章重点关注了病毒生物学特性、抗病毒药物、病毒监测、野鸟禽流感、人感染禽流感等主题,涉及的病毒类型有 H5N1、H7N9、H1N1 和 H16,感染对象包括鸡、鸭、鹅、红嘴鸥、海燕、天鹅等家禽和野鸟,疫情主要发生在中国、泰国、越南、印度尼西亚、墨西哥等,然而人感禽流感是学者主要的关注对象(表 2)。从文献的发表时间来看,在 2000 年以前,人感染禽流感病情诊断与分析、病毒基因检测是禽流感相关研究的两个核心研究方向;而在 2000 年后,禽流感相关研究在进一步加强病毒基因研究的同时,也强调了抗病毒药物、病毒监测、流行性预测、鸟类流感研究的重要性,特别是疾病的空间流行性预测开始得到了学者的关注与实践研究,因此也说明了禽流感研究呈现多元化的发展趋势。另外,对与禽流感研究相关的 11144 篇论文进行文献统计发现,禽流感研究主要集中在流行病学、病原学、疫苗研究等热点领域,在病毒、病原及疫苗等微观水平上取得了显著的发

展。这些研究从分子学、基因等角度揭示了突变或重组对禽流感病毒致病力和传播力的影响,并解释了其作用机制^[6]。研究结果对于预测禽流感的大流行和毒株致病力变化,以及研发新型抗流感药物与预防疫苗均具有重要意义。

表 2 1996—2016 禽流感研究引用次数前 10 名的文章

Table 2 The top 10 cited articles of avian influenza from 1996 to 2016 in the world

作者 Authors	年份 Year	引用次数 Citations	研究层次 Research level	标题 Titles
Gao R B 等	2013	997	病毒基因	Human Infection with a Novel Avian-Origin Influenza A (H7N9) Virus ^[22]
Subbarao K 等	1998	928	病毒致病性	Characterization of an avian influenza A (H5N1) virus isolated from a child with a fatal respiratory illness ^[23]
Ferguson N M 等	2005	912	抗病毒药物	Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia ^[24]
Fouchier R A M 等	2005	908	病毒监测	Characterization of a novel influenza a virus hemagglutinin subtype (H16) obtained from black-headed gulls ^[25]
Spackman E 等	2002	854	病毒基因检测	Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes ^[26]
Claas E C J 等	1998	842	人感禽流感	Human influenza A H5N1 virus related to a highly pathogenic avian influenza virus ^[27]
Olsen B 等	2006	841	野鸟禽流感回顾	Global patterns of influenza A virus in wild birds ^[28]
Li K S 等	2004	821	禽流感大流行	Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia ^[29]
Perez P 等	2009	787	病情分析	Pneumonia and Respiratory Failure from Swine-Origin Influenza A (H1N1) in Mexico ^[30]
Yuen K Y 等	1998	658	病情诊断	Clinical features and rapid viral diagnosis of human disease associated with avian influenza A H5N1 virus ^[31]

虽然世界范围内有关禽流感的研究工作在不断推进与深化,也取得了很多重大成果,但是目前禽流感的防控形势依然很严峻。有许多重要的科学问题如病毒的传播机制、传播路径与传播参数等依然没有得到解决,对公共卫生安全和生物物种安全造成的威胁不容忽视。与此同时,有关禽流感发生风险的评估相关研究还相对薄弱。如在 11144 篇研究文献中,也仅有 1676 篇是以禽流感风险评估为主题的研究论文,约占文献出版量的 15.03%。禽流感爆发虽然以冬春季为主要高发季节,但其具体何时、何地、以及何种方式爆发等仍具有很大大不确定性。如何预防疾病的发生或减轻疫情对公共健康和社会经济的影响,已成为现阶段迫切需要解决的实际问题。禽流感有季节性爆发、交替性爆发、远距离传播等特点,如何将疫情事件信息、病毒遗传信息、野鸟迁徙信息、外环境信息等结合,通过模型还原病毒的传播量,以及模拟出病毒在生态系统中的传播路径等仍是今后禽流感风险评价研究的重点与难点。同样地,这些研究结果与结论对禽流感的防控和区域生态安全稳定有着重要的现实意义。

2.2 禽流感发生风险评价方法研究进展

类似地,根据 1676 篇以禽流感风险评价为主题的研究论文,对引文量在前 10 位的论文进行比较分析。结果表明,目前该主题具有重要影响力的公开发表论文多数(8 篇)是以实验数据、临床数据、以及病例数据等为主要数据源,只有少数论文(4 篇)是综合环境、生态、社会等多相关因素开展的风险评价。评价方法有“空间数学建模”、“动物模型”、“病例统计分析”、“敏感性和特异性分析”、“临床综合评价法”、“统计分析”、“Logistic 多元回归分析”、以及“Auto-Logistic 多元回归与空间分析”,这些方法在传染性疾病预防与监测方面已有相当广泛的应用。有关上述不同评价方法的优势、不足之处及其适用范围可详阅表 3。虽然禽流感发生风险评价在实际研究中已广泛开展,但针对禽流感传播的重要节点、传播的参数、周期性循环波动和涛动、最大似然传播路径、以及潜在传播路径的研究还很欠缺,这种欠缺使得禽流感爆发很难被预知和掌控。尽管传

染病风险制图(包括禽流感风险)在过去三十年间有一定发展,然而受数据可用性制约和建模方法影响,其结果依然存在很大的不确定性^[40]。禽流感的危害不言而喻,然而目前对可能引起重大生态安全事件的研究较少。因此,迫切需要在详细梳理禽流感发生风险评估方法的基础上,探讨危及公共卫生安全与生物安全的评价方法。

表 3 引文量排名前 10 位论文中的禽流感风险评价方法比较
Table 3 Comparison of the evaluation methods of Avian Influenza published in the top 10 cited articles

题目 Titles	评价方法 Evaluation methods	数据源 Data sources	优点 Merits	难点与不足 Drawbacks	适用范围 Applicable scope
Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia ^[22]	空间数学建模	统计数据、病例资料	高度灵活,适应多种数据	数据量大、质量要求高、建模控制条件严格;建模假设条件有限	预测传染性疾病地理分布
Airborne Transmission of Influenza A/H5N1 Virus Between Ferrets ^[32]	动物模型	实验、文献	评价指标特异性强、数据客观	实验条件与数据精度要求高;效率难以确定	病毒传播力与致病性研究
Clinical features and rapid viral diagnosis of human disease associated with avian influenza A H5N1 virus ^[31]	病例统计分析	病例资料	数据客观	样本量需求大;缺乏外环境因素分析	传染病临床观察与病毒溯源
Detection of Antibody to Avian Influenza A (H5N1) Virus in Human Serum by Using a Combination of Serologic Assays ^[33]	敏感性和特异性分析	实验分析、文献资料	评价指标敏感性、特异性强	受限实验条件,数据精度要求高;缺乏患者的潜在暴露数据输入	病毒监测与传播风险评估
Probable Person-to-Person Transmission of Avian Influenza A (H5N1) ^[34]	临床综合评价法	病例资料、实验分析	数据客观	受限实验条件,数据精度要求高;案例数据有限、效率难以确定	病毒监测与传播风险评估
Transmission of H7N7 avian influenza A virus to human beings during a large outbreak in commercial poultry farms in the Netherlands ^[35]	统计分析	现场调查、实验分析	易于操作,环境调查与实验结合	受限于新的有效数据输入;难以将调查结果转化为控制措施	传染性疾病外环境因素分析与风险评估
Clinical Findings in 111 Cases of Influenza A (H7N9) Virus Infection ^[36]	Logistic 多元回归分析	病例资料、文献资料	对疾病影响因素有较好的识别	数据精度要求高;无法描述疾病的全部范围,只能部分模拟复杂的非线性关系	传染性疾病风险因素相关性分析与监测
Free-grazing Ducks and Highly Pathogenic Avian Influenza, Thailand ^[37]	Auto-Logistic 多元回归与空间分析	现场调查、统计资料	整体空间分析能力强	数据量大、质量要求高、费时费力;不能依靠数据假设	传染病时空监测与预防
The genesis and source of the H7N9 influenza viruses causing human infections in China ^[38]	动物模型	实验数据、文献资料	评价指标特异性强、数据客观	实验条件与数据精度要求高;效率难以确定	病毒传播力与致病性研究
Avian influenza A (H5N1) in 10 patients in Vietnam ^[39]	临床综合评价法	病例资料、实验分析	数据客观	需要数据类型多样,精度要求高;案例数据有限、效率难以确定	病毒致病性与传播机制分析

另外,禽流感风险评价还有许多常用的评价方法。表 4 分别从方法的优点、不足、适用范围、指标因子等层面,分别对比与总结了“层次分析法”、“生态位模型”、“贝叶斯分析”、“空间多准则决策分析法”、“地理信息系统数字模型”、以及“增强回归树模型”等 6 种主要方法。这对开展基于禽流感发生风险的区域生态安全评价在方法上有一定借鉴作用。禽流感作为一种人-畜共患传染性疾病,它的发生与传播是对公共卫生安全和生物物种安全严重的侵害,但公共卫生安全和生物安全又关系生态安全整体,然而这两方面又受禽流感发生与传播的实际影响。在已有的研究中禽流感发生风险评估与生态安全评价研究各为主题,因此,将影响禽流感发生与传播等相关的环境、生态、社会和文化等因素综合起来进行禽流感发生风险评价,以确定疫情发生的风险程度与时空差异,将对区域禽流感防控、公共卫生安全和生物安全有重要意义。可喜的是,目前部分学

者运用了统计学和地理学的研究方法,对禽流感在人-禽中的爆发与传播进行了定量评价和初步预测,候鸟迁徙、家禽散养、活禽运输等一些与禽流感疾病传播有关的潜在因素被确定^[58]。随着 3S 空间信息技术的发展,数字模型在高致病性禽流感发生风险评估和生态安全评价研究中也越来越受到关注^[59-61]。

表 4 禽流感发生风险评估的其他方法比较
Table 4 Comparison of the approaches for assessing the risk of Avian Influenza

方法与文献 Method and Literatures	优点 Merits	不足 Drawbacks	适用范围 Applicable scope	指标因子 Index factor
层次分析法 Analytic Hierarchy Process ^[41]	定性和定量分析复杂、模糊问题,所需定量数据较少,简洁实用	指标过多时数据统计量大,权重难以确定;风险评估精确度不高	安全科学与环境科学领域	家禽与人口密度、湿地面积、交通网络、候鸟迁徙路线、活禽市场密度、疫苗接种、气温、降水量、疫情与病例等
生态位模型 Ecologic Niche Model ^[42-45]	有多种模型算法,尽可能利用有限的原始数据	简单模型准确率低;少有实际数据验证	疾病传播预测、外来种入侵预警、物种时空格局分布	外环境病毒检测、植被指数、气温与降水量、海拔高度、坡度与坡向、疫情与病例等
贝叶斯分析 Bayesian Analysis ^[46-48]	数据输入限制条件较少,严格量化不确定性转化和参数估计	样本数较少时,风险预测精确度有限;若训练样本较主观,会使疾病集群过于平滑	病毒溯源、病毒迁移模式推测	气温与降水量、家禽密度与分布、水稻种植强度、城市位置与交通运输网络、家禽散养,疫情与病例等
空间多准则决策分析法 Spatial Multi-criteria Decision Analysis ^[49-51]	预测系统灵敏度高;数据源多,限制条件少	存在主观或标准差异,隶属函数和权重是重要限制;依赖及时、高精度数据	对新发传染病且数据缺乏区域的风险预测	家禽与人口密度、开放性水域和湿地占比、水稻种植比例和强调、路网密度、野鸟数量等
地理信息系统数字模型 Geographic Information Systems Digital Model ^[44,52-53]	数据叠加、逻辑运算简单,快速空间展示,多种方法结合	不同尺度数据统一度量不足,模型基本参数可信度、准确度不够	用于多领域结合,多学科综合的模型构建和方法评估	疫情与病例、候鸟迁徙路线、交通路线、水体与湿地位置、城市位置、降水量、海拔高度,旅游时节等
增强回归树模型 Boosted Regression Tree Model ^[54-57]	整体准确性高,避免过度拟合,对参数是一个渐进的适应过程	对每个类别指标的范围值比较敏感	预测物种分布与疾病风险	活禽市场数、家禽与人口密度、交通运输路线、水体占比、水田面积、相对湿度和温度、人类病例等

3 基于禽流感发生风险的生态安全评价方法

影响禽流感发生与传播的驱动因素复杂多变,在具体的研究中不同的学者侧重点也有所不同。因此,基于禽流感发生风险的生态安全评价也不能简单的依靠一种评价方法或一种模型框架来揭示其内在的机理与时空差异。在结合禽流感风险评价方法与生态安全评价理论框架的基础上,本文对基于禽流感发生风险的生态安全评价方法进行了探讨与文献梳理,从数据来源、应用范围、优点和局限性等对已有文献所使用方法进行了总结与对比分析(表 5)。严格意义上说,这些方法还处在探索阶段,还需在实际评价与预测应用中对其进行验证、修正和扩展。生态系统作为一个开放的系统,涉及到社会、经济和自然、环境等因素,这些信息都存在着不确定性。因此不同的评价方法,可能得到不同的评价结果,而结果的可比性是重要问题之一。另外,基于禽流感发生风险的生态安全评价建模所采用数据呈现多元化和广泛性等,在具体应用上也是很大的挑战。具体而言,相关数据包括了病原体和宿主丰度、人口数量和感染率、人类病例报告记录、气候和土地利用数据、野鸟活动数据、家禽卫生防疫状况、家禽饲养方式、废弃物处理形式、病禽处理情况、禽类产品市场数据、湿地外环境数据和交通运输数据等。这些数据涉及不同的时空尺度,既有禽流感发生前端与后端数据,又有点线面不同尺度上的数据,在综合建模中具有很大挑战。当然,每种数据类型皆有助于预测疾病动力学临界潜力参数,但潜在测量误差也较大,综合运用起来可能会产生更大的偏差^[62],值得重视。

表 5 基于禽流感风险的生态安全评价方法比较

Table 5 Comparison of the approaches of ecological security assessment based on the risk of avian influenza

方法 Methods	数据源 Data sources				优点 Merits	限制 Limitations	应用 Applications			
	现场 调查	野外 监测	实验 分析	文献			探索/生 成假设	空间 预测	监测/ 预警	实施 干预
AHP-PSR 模型	√	√	?		改善指标与系统之间的互联模式,理论框架构建较容易	指标因子较混乱,评价精度不高	√	√	?	?
ENM-DPSIR 模型	?	√	√		科学表达生态安全与传染性疾病之间的信息耦合关系,框架逻辑性强	框架设计较复杂,数据质量不统一	√	√	?	?
主成分分析法与聚类分析法	√	?		?	可优化变量之间的关联,弥补大量自变量处理问题	数据质量有偏差,收集不完整;线性评分系统	√	√	√	?
数字生态安全模型	√	√	√	√	可利用多种技术(GIS、统计和数学模型),多种数据源	依赖高质量数据输入,相对费时耗力	√	√	√	√

AHP-PSR;层次分析法与“压力-状态-响应”模型,Analytic Hierarchy Process and Pressure-State-Response;ENM-DPSIR;生态位模型与“驱动力-压力-状态-影响-响应”模型,Ecologic Niche Model and Driving Force-Pressure-State-Impact-Response;“√”表示该方法的数据源/应用;“?”表示该方法的潜在数据源/应用

3.1 AHP-PSR 模型

层次分析法(Analytic Hierarchy Process, AHP)在安全和环境研究的多个领域得到广泛应用^[63]。PSR(Pressure-State-Response)模型以简明的形式和严密的逻辑性综合自然、社会多方面指标,较好地反映了环境压力、自然状态和人类社会经济活动之间的内在联系^[64],广泛应用于生态安全评价中。该框架强调对问题发生原因-结果-对策的逻辑关系分析,如可以用来揭示人类活动与环境之间的线性关系^[65-66]。然而,PSR模型还需要提高现有指标的准确性和可比性,在决策支持上不容易兼顾。为应对这样的缺点,层次分析法可以用来改善指标的准确性和系统之间的互联模式,因此与PSR模型在应用上有很好的互补性^[67-69]。

基于禽流感发生风险的生态安全评价,可根据养殖户调查和文献整理等多种途径,建立以自然环境、社会经济、农业生态等影响因素为基础的数据库,利用AHP-PSR模型构建禽流感发生风险的生态安全评价指标体系,优化指标归类,探讨能够较全面、准确反映疫源地或高危风险区生态安全水平的评价方法,并将实际应用于基于禽流感发生风险时空特征的区域生态安全状况评价。该类评价模型在区域森林生态安全评价中已有应用,如2010年陈宗铸等人采用“压力-状态-响应”模型为概念框架,结合层次分析法对海南省森林生态安全进行定量动态评价^[70]。另外,王小丹等人利用ArcGIS中的ArcObjects和Visual Basic for Applications将PSR模型和AHP合并作为ArcGIS 9的动态链接库。这种方法可以很好地与GIS平台以实现其空间分析功能与结果可视化,从而大大提高了在空间上动态评价区域生态安全^[67]。

3.2 ENM-DPSIR 模型

ENM(Ecologic Niche Model)方法在流行病学中的应用主要是建立在了解宿主动物、传播媒介、病原等生态学特征的基础上。根据气候、土地覆被变化等输入参数,进而预测传染病传播媒介和动物宿主等未来风险区域或分布区域^[71-73],并发现其他物种传播或入侵的潜在风险^[74]。该方法借用了生态学的方法论和思维方式,结合现场调查、遥感监测、实验室分析、生态网络综合分析等生态学方法开展实践研究^[65],并预测未来潜在风险。DPSIR(Driving Force-Pressure-State-Impact-Response)模型的理论框架是在PSR模型的基础上,增加了造成这种压力的驱动力和系统所处的状态对人类健康和环境安全的影响,其意义在于能表达影响生态安全各因素之间的信息耦合关系。对于禽流感而言,由于其发生与传播受多种因素综合影响,DPSIR框架模型与ENM结合有利于构建基于禽流感发生风险的区域生态安全评价指标体系,更好地揭示禽流感发生与传播的真实机理。

另外,基于生态位模型,相关学者先后研究发展了生物气候分析系统^[74]、生态位因子分析模型^[75]、基于规则集的遗传算法模型^[76]和最大熵模型^[77-79]等多个模型算法,可与 DPSIR 模型形成优势互补。根据不同来源获取的数据建立生态安全评价数据库,通过预测模型,不仅可以识别传染病病原、宿主、媒介及传播的生境,发现关键的危险因素,还可以结合 DPSIR 理论框架的特点,定量揭示疾病与环境、经济、人类活动之间相互依存与相互制约的关系,为区域生态安全提供不同尺度的安全性评价和风险评价。然而,此方法的难点在于框架设计比较复杂,在选取合适的驱动力、影响与响应指标选择上难度很大。未来还需要进一步探索、验证该方法在基于禽流感发生风险的生态安全评价中的适应性与限制性。

3.3 主成分分析与聚类分析法

主成分分析(Principal Component Analysis)与聚类分析法(Cluster Analysis)在传染性疾病风险评估、生物安全评价、脆弱性评价研究中已广泛开展^[80-82]。主成分分析本质是对高维变量系统做最佳综合和简化,同时客观确定各指标的权重,避免主观随意性。聚类分析是根据变量间的相关程度来进行类别的聚合,对同一类的数据进行统计分析后,可以揭示影响生物安全程度的变量,这两种方法在传染性疾病风险控制、生物安全评价与安全管理研究中可以配合使用,也可以根据变量的差异进行一定改进。较常见的有分类主成分分析(Categorical Principal Component Analysis)和两步聚类分析(Two-Step Cluster Analysis)。然而,禽流感疫情的不定期爆发,人类健康和家禽养殖在公共卫生安全和经济发展方面所受到的威胁,凸显出发展中国家家禽散养对生物安全的影响。在 H5N1 曾经爆发与流行的主要国家(如埃及、印度尼西亚、越南、柬埔寨、中国等),当检测到高致病性禽流感病毒时,控制病毒蔓延最有效的方法基本上依赖于家禽接种疫苗和大规模扑杀(如中国、印度尼西亚、埃及和越南)^[16,83]。然而,这些措施已经难以为继。

生物安全是生态安全的重要内容之一,从禽流感发生风险评估与防控出发,及时、有效掌控区域内禽流感预防情况对生物安全有重要作用。尽管疾病传播与生物接触对生物安全构成重要影响,但很少有家禽养殖中关于生物安全状况的文献研究^[84]。2010 年 Sarah Van Steenwinkel 等人根据比利时 37 个专业家禽农场、19 个孵化场和宠物(鸟类)网站上 286 名受访者的调查问卷数据,使用一种复合线性评分系统,采用分类主成分分析法和两步聚类分析法,对家禽养殖场和宠物(鸟类)场所禽流感潜在威胁下的生物安全进行了评价,为农户提供专业的预防建议,同时也为禽流感发生风险下的生态安全评价方法、评价内容和评价体系提供了很好的参考^[85]。另外,国内张跃华等人利用聚类分析法,根据浙江省德清县 471 个农户问卷调查,通过比较智利、比利时的相关数据,分析了生猪养殖过程中应对传染性等疾病等危害方面的生物安全程度,并针对养殖户的生物安全问题,提出了相关的政策建议^[86]。这些研究案例为未来基于禽流感发生风险的生态安全评价工作开展提供了很好的思路。

3.4 数字生态安全模型

随着 GIS(Geographic Information System)和 RS(Remote Sensing)信息提取技术的发展,与计算机建模技术相结合产生了数字生态安全模型^[87]。该方法采用栅格数据结构,容易进行空间叠加分析,逻辑运算简单,具有快速、准确、可操作性强等优点^[61]。其实质是将相关研究数据、信息和知识落实到具体空间位置,对辅助区域生态安全管理和决策,评价、预测与预警区域生态安全风险作用明显^[88]。GIS 在禽流感风险评估研究中已有广泛应用,2008 年方立群等人建立了 2004—2006 年期间确诊的 182 起家禽、野鸟感染 H5N1 和 21 例人感 H5N1 的病例数据库,数据库还包括疫情发生期间的野鸟迁徙、家禽密度、环境变量(水体、湿地、交通线路、主要城市、降水量和海拔高度)数据。这些数据被纳入地理信息系统,利用 Logistic 多元回归分析,确定了疾病发生的相关环境因素,并通过地理信息系统生成了风险图^[52]。数字生态安全模型为禽流感的生态安全评价提供了很好的理论框架参考,GIS 可以结合多种评价方法,对评价工作开展有很好的促进。类似地,Faith^[89]等基于 WebGIS 技术,从跟踪物种入侵、水质评估和疾病传播的监测角度分析了数据获取的重要性。WebGIS 技术支持海量且异构的数据存储,并将数据以图形化、动态与交互的方式展现^[61],这是该模型的优势。

4 结论与讨论

4.1 结论

在有关基于禽流感发生风险的区域生态安全评价研究中,涉及的研究内容基本停留在定性描述阶段,没有深入探讨两者之间的科学关系,研究较滞后。2000年后学者在讨论应对高致病性禽流感时开始关注病毒在物种间传播对生物安全的影响^[90];从2004年开始大部分研究重点关注了与高致病性禽流感相关的生物安全措施,尽管大多数文献都描述了隔离和遏制的生物安全原则,但没有可靠证据表明这些措施对于农户(后院)禽畜养殖中应对生物安全的可行性和有效性^[91]。高致病性禽流感对全球公共卫生安全构成重大威胁已经被公认,然而禽流感研究主要以病原学、流行病学、病毒学为主,忽视了它可能带来的严重生态安全问题。再有生态安全评价研究主要关注全球气候变化、粮食安全、土地利用、生物多样性、可持续发展等内容^[92-95],以禽流感为代表的传染性疾病引起的公共卫生安全和生物安全的研究基本被忽视。虽然有研究探讨了禽流感对公共卫生安全、生物物种安全的威胁,但在生态安全层面仍然缺乏相应的讨论。

近年来,在有关禽流感的研究文献中与“预测”、“风险”、“评估”、“模型”等相关的关键词在显著增加,这些主题的研究主要与生物学和流行病学建模技术的快速发展有关,比如基因表达、风险因素、疾病感染和预防^[96]。另外,生态安全评价已经完成从理论阶段探索向实践发展阶段跨越,并注重解决实际问题,大量的建模技术和算法得到开发,一系列评价方法得到广泛应用。在多种传染性疾病持续爆发形势下,尤其是禽流感发生的突发性和危害性特点,是对公共卫生安全和生物安全的重要挑战。因此,需要借助禽流感与生态安全评价研究的理论和方法,进一步探讨禽流感发生与传播的动力学机制,选择有效、合理的模型与评价方法对禽流感引发的生态安全危机进行评价预测,这对维持区域内生态系统的完整性和生态健康显得尤为急迫。如湖泊湿地、水稻种植区、重要水库、主要的禽类交易市场等禽流感发生高风险区,这也是人类活动非常活跃的区域,加强对生态安全监控,有利于更好的为人类稳定提供服务功能和免于生态灾变。

水禽被认为是禽流感病毒的自然宿主,一些迁徙类水鸟飞行途中在湿地(水稻田、湖泊、河流和水库等)周围停歇、补充食物,可能使这些停靠点成为新的疫源地,从而使疫点与水域(特别是湿地)关系密切^[97];张继荣等发现湿地与湖泊的位置和密度与禽流感暴发有直接的关联,禽流感暴发的地区有相当数量与湿地、湖泊发生覆盖^[98]。病毒的自然存在、存活及传播与家禽、野鸟等宿主有关,同时与它们的栖息地、活动场所的生态环境有关。在我国,特别是南方的水稻田往往是野生鸟类、家禽和人类的共同活动地,因此可能增加跨物种流感病毒传播的可能性,尤其是自由散养的鸭子被认为是H5N1传播的中间途径^[48,54]。着眼于某一个典型区(如鄱阳湖区),以公共卫生安全和生物物种安全为视角,对区域内禽流感发生风险开展生态安全评价,这有利于补充大尺度下生态安全研究的内容。

4.2 讨论

由于基于禽流感发生风险的区域生态安全评价方法研究目前处于探索阶段,关键影响因素的科学确定,还需要从风险管理角度进一步调查家禽与野鸟中高致病性禽流感病毒的持久性、调节机制和发生的深层原因等方面入手,需要全面了解人感禽流感和禽类之间病毒传播的驱动力,以及野鸟与湿地、水稻种植、家禽之间病毒的传播机制等^[37,99-102]。而实时建模给禽流感风险影响下的公共卫生安全和生物物种安全带来机遇也带来挑战。在建模过程中,通常需要广泛借鉴生态安全评价的理论框架,目前国内外常用的理论模型有国际经济合作与发展组织(OECD)提出的“压力-状态-响应”模型(PSR, 1994)、联合国可持续发展委员会(UNCSD)在此基础上提出“驱动力-状态-响应”模型(Driving force-State-Response, DSR, 1996)、以及欧洲环境署在PSR基础上增加“驱动力”(Driving force)和“影响”(Impact)两类指标,发展成为“驱动力-压力-状态-影响-响应”模型(DPSIR)等,其中以PSR模型应用最为广泛。这些模型框架为禽流感的生态安全评价提供了理论基础,再结合禽流感风险评价的具体方法,如系统发育分析^[103]、贝叶斯分析^[104]、增强回归树模型^[56]、生态位模型^[43]等,为禽流感影响下的区域生态安全评价带来可能。

总之,禽流感的发生关系到区域的公共卫生安全和生物安全问题,也离不开在生态安全层次的探讨。随着生态安全内涵的丰富与研究的深入,对基于禽流感发生风险的区域生态安全评价将成为主要方向与研究趋势之一,也是当下研究的一个重点领域。未来,需要加强探索如何建立数据库?构建何种模型?采用什么样的评价方法?要达到什么样的目的?这些将是我们需要更深入解决的问题。同时,还需要对禽流感发生风险评估方法与生态安全评价方法进行一系列的筛选和整合,及时建立高效、适用的基于禽流感发生风险的区域生态安全评价方法。然而,此类模型的构建需要克服理论、技术、方法、数据等方面的巨大障碍,近期重点可关注空间流行病学的相关研究。

参考文献 (References):

- [1] 管雪婷. 野鸟源 LPAIV、HPAIV 对家鸭和野鸭的感染特性分析及 AIV 传播方式的研究[D]. 哈尔滨: 东北林业大学, 2014.
- [2] Dudley J P. Public health and epidemiological considerations for avian influenza risk mapping and risk assessment. *Ecology and Society*, 2008, 13 (2): 21.
- [3] 中华人民共和国农业部. 疫情发布. [2017-02-28]. <http://www.moa.gov.cn/zwl/m/yjgl/yqfb/>.
- [4] 李子君. H7N9 禽流感造成养殖业损失 200 亿. 北京商报网. 2014-01-30 [2017-12-08]. <http://www.bbtnews.com.cn/2014/0130/9353.shtml>.
- [5] 谭伟, 徐倩, 谢芝勋. 禽流感病毒研究概述. *基因组学与应用生物学*, 2014, 33(1): 194-199.
- [6] 张毅, 王幼明, 王芳, 王静静, 毕玉海, 尹燕博, 丁家波. 我国禽流感研究进展及成就. *微生物学通报*, 2014, 41(3): 497-503.
- [7] Wu J Y, Lun Z R, James A A, Chen X G. Review: Dengue fever in mainland China. *The American Journal of Tropical Medicine and Hygiene*, 2010, 83(3): 664-671.
- [8] Tatem A J, Hay S I, Rogers D J. Global traffic and disease vector dispersal. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(16): 6242-6247.
- [9] Bui C, Bethmont A, Chughtai A A, Gardner L, Sarkar S, Hassan S, Seale H, MacIntyre C R. A systematic review of the comparative epidemiology of avian and human influenza A H5N1 and H7N9—lessons and unanswered questions. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2016, 63 (6): 602-620.
- [10] 国家卫生计生委疾病预防控制局. 全国法定传染病疫情概况. [2017-03-31]. http://www.nhfpc.gov.cn/jkj/s3578/new_list.shtml.
- [11] 刘冬平, 肖文发, 陆军, 张正旺. 野生鸟类传染性疾病预防研究进展. *生态学报*, 2011, 31(22): 6959-6966.
- [12] Calistri P, Iannetti S, Danzetta M L, Narcisi V, Cito F, Di Sabatino D, Bruno R, Sauro F, Atzeni M, Carvelli A, Giovannini A. The components of 'One World-One Health' approach. *Transboundary and Emerging Diseases*, 2013, 60(S2): 4-13.
- [13] Anonymous. 1st International one health congress abstracts. Melbourne, Australia. February 14-16, 2011. *EcoHealth*, 2011, 7 Suppl 1: S1-S170.
- [14] Pennisi E. Armed and dangerous. *Science*, 2010, 327(5967): 804-805.
- [15] Smith K F, Sax D F, Lafferty K D. Evidence for the role of infectious disease in species extinction and endangerment. *Conservation Biology*, 2006, 20(5): 1349-1357.
- [16] Cattoli G, Fusaro A, Monne I, Coven F, Joannis T, El-Hamid H S A, Hussein A A, Cornelius C, Amarín N M, Mancin M, Holmes E C, Capua I. Evidence for differing evolutionary dynamics of A/H5N1 viruses among countries applying or not applying avian influenza vaccination in poultry. *Vaccine*, 2011, 29(50): 9368-9375.
- [17] 邹长新, 沈渭寿. 生态安全研究进展. *农村生态环境*, 2003, 19(1): 56-59.
- [18] Chen C M. CiteSpace II: detecting and visualizing emerging trends and transient patterns in scientific literature. *Journal of the American Society for Information Science and Technology*, 2006, 57(3): 359-377.
- [19] 陈红光, 刘民. CiteSpace II 在新发传染病研究领域的应用. *中华流行病学杂志*, 2012, 33(6): 630-633.
- [20] 秦晓楠, 卢小丽, 武春友. 国内生态安全研究知识图谱——基于 Citespace 的计量分析. *生态学报*, 2014, 34(13): 3693-3703.
- [21] 胡秀芳, 赵军, 查书平, 鲁凤, 王晓峰. 生态安全研究的主题漂移与趋势分析. *生态学报*, 2015, 35(21): 6934-6946.
- [22] Gao R B, Cao B, Hu Y W, Feng Z J, Wang D Y, Hu W F, Chen J, Jie Z J, Qiu H B, Xu K, Xu X W, Lu H Z, Zhu W F, Gao Z C, Xiang N J, Shen Y Z, He Z B, Gu Y, Zhang Z Y, Yang Y, Zhao X, Zhou L, Li X D, Zou S M, Zhang Y, Li X Y, Yang L, Guo J F, Dong J, Li Q, Dong L B, Zhu Y, Bai T, Wang S W, Hao P, Yang W Z, Zhang Y P, Han J, Yu H J, Li D X, Gao G F, Wu G Z, Wang Y, Yuan Z H, Shu Y L. Human infection with a novel avian-origin influenza A (H7N9) virus. *The New England Journal of Medicine*, 2013, 368(20): 1888-1897.
- [23] Subbarao K, Klimov A, Katz J, Regnery H, Lim W, Hall H, Perdue M, Swayne D, Bender C, Huang J, Hemphill M, Rowe T, Shaw M, Xu X Y, Fukuda K, Cox N. Characterization of an avian influenza A (H5N1) virus isolated from a child with a fatal respiratory illness. *Science*, 1998, 279(5349): 393-396.

- [24] Ferguson N M, Cummings D A T, Cauchemez S, Fraser C, Riley S, Meeyai A, Iamsrithaworn S, Burke D S. Strategies for containing an emerging influenza pandemic in Southeast Asia. *Nature*, 2005, 437(7056): 209-214.
- [25] Fouchier R A M, Munster V, Wallensten A, Bestebroer T M, Herfst S, Smith D, Rimmelzwaan G F, Olsen B, Osterhaus A D M E. Characterization of a novel influenza A virus hemagglutinin subtype (H16) obtained from black-headed gulls. *Journal of Virology*, 2005, 79(5): 2814-2822.
- [26] Spackman E, Senne D A, Myers T J, Bulaga L L, Garber L P, Perdue M L, Lohman K, Daum L T, Suarez D L. Development of a real-time reverse transcriptase PCR assay for type A influenza virus and the avian H5 and H7 hemagglutinin subtypes. *Journal of Clinical Microbiology*, 2002, 40(9): 3256-3260.
- [27] Claas E C J, Osterhaus A D E M, Van Beek R, De Jong J C, Rimmelzwaan G F, Senne D A, Krauss S, Shortridge K F, Webster R G. Human influenza A H5N1 virus related to a highly pathogenic avian influenza virus. *The Lancet*, 1998, 351(9101): 472-477.
- [28] Olsen B, Munster V J, Wallensten A, Waldenström J, Osterhaus A D M E, Fouchier R A M. Global patterns of influenza A virus in wild birds. *Science*, 2006, 312(5772): 384-388.
- [29] Li K S, Guan Y, Wang J, Smith G J D, Xu K M, Duan L, Rahardjo A P, Puthavathana P, Buranathai C, Nguyen T D, Estoepongastie A T S, Chaisingh A, Auewarakul P, Long H T, Hanh N T H, Webby R J, Poon L L M, Chen H, Shortridge K F, Yuen K Y, Webster R G, Peiris J S M. Genesis of a highly pathogenic and potentially pandemic H5N1 influenza virus in eastern Asia. *Nature*, 2004, 430(6996): 209-213.
- [30] Perez-Padilla R, de la Rosa-Zamboni D, de Leon S P, Hernandez M, Quiñones-Falconi F, Bautista E, Ramirez-Venegas A, Rojas-Serrano J, Ormsby C E, Corrales A, Higuera A, Mondragon E, Cordova-Villalobos J A. Pneumonia and respiratory failure from swine-origin influenza A (H1N1) in Mexico. *The New England Journal of Medicine*, 2009, 361(7): 680-689.
- [31] Yuen K Y, Chan P K S, Peiris M, Tsang D N C, Que T L, Shortridge K F, Cheung P T, To W K, Ho E T F, Sung R, Cheng A F B. Clinical features and rapid viral diagnosis of human disease associated with avian influenza A H5N1 virus. *The Lancet*, 1998, 351(9101): 467-471.
- [32] Herfst S, Schrauwen E J A, Linster M, Chutinimitkul S, De Wit E, Munster V J, Sorrell E M, Bestebroer T M, Burke D F, Smith D J, Rimmelzwaan G F, Osterhaus A D M, Fouchier R A M. Airborne transmission of influenza A/H5N1 virus between ferrets. *Science*, 2012, 336(6088): 1534-15541.
- [33] Rowe T, Abernathy R A, Hu-Primmer J, Thompson W W, Lu X H, Lim W, Fukuda K, Cox N J, Katz J M. Detection of antibody to avian influenza A (H5N1) virus in human serum by using a combination of serologic assays. *Journal of Clinical Microbiology*, 1999, 37(4): 937-943.
- [34] Ungchusak K, Auewarakul P, Dowell S F, Kitphati R, Auwanit W, Puthavathana P, Uiprasertkul M, Boonnak K, Pittayawonganon C, Cox N J, Zaki S R, Thawatsupha P, Chittaganpitch M, Khontong R, Simmerman J M, Chunsutthiwat S. Probable person-to-person transmission of avian influenza A (H5N1). *The New England Journal of Medicine*, 2005, 352(4): 333-340.
- [35] Koopmans M, Wilbrink B, Conyn M, Natrop G, van der Nat H, Vennema H, Meijer A, Van Steenbergen J, Fouchier R, Osterhaus A, Bosman A. Transmission of H7N7 avian influenza A virus to human beings during a large outbreak in commercial poultry farms in the Netherlands. *The Lancet*, 2004, 363(9409): 587-593.
- [36] Gao H N, Lu H Z, Cao B, Du B, Shang H, Gan J H, Lu S H, Yang Y D, Fang Q, Shen Y Z, Xi X M, Gu Q, Zhou X M, Qu H P, Yan Z, Li F M, Zhao W, Gao Z C, Wang G F, Ruan L X, Wang W H, Ye J, Cao H F, Li X W, Zhang W H, Fang X C, He J, Liang W F, Xie J, Zeng M, Wu X Z, Li J, Xia Q, Jin Z C, Chen Q, Tang C, Zhang Z Y, Hou B M, Feng Z X, Sheng J F, Zhong N S, Li L J. Clinical findings in 111 cases of influenza A (H7N9) virus infection. *The New England Journal of Medicine*, 2013, 368(24): 2277-2285.
- [37] Gilbert M, Chaitaweessub P, Parakamawongsa T, Premashthira S, Tiensin T, Kalpravidh W, Wagner H, Slingenbergh J. Free-grazing ducks and highly pathogenic avian influenza, Thailand. *Emerging Infectious Diseases*, 2006, 12(2): 227-234.
- [38] Lam T T, Wang J, Shen Y Y, Zhou B P, Duan L, Cheung C L, Ma C, Lycett S J, Leung C Y H, Chen X C, Li L F, Hong W S, Chai Y J, Zhou L L, Liang H Y, Ou Z H, Liu Y M, Farooqui A, Kelvin D J, Poon L L M, Smith D K, Pybus O G, Leung G M, Shu Y L, Webster R G, Webby R J, Peiris J S M, Rambaut A, Zhu H C, Guan Y. The genesis and source of the H7N9 influenza viruses causing human infections in China. *Nature*, 2013, 502(7470): 241-244.
- [39] Hien T T, Liem N T, Dung N T, San L T, Mai P P, van Vinh Chau N, Suu P T, Dong V C, Mai L T Q, Thi N T, Khoa D B, Phat L P, Truong N T, Long H T, Tung C V, Giang L T, Tho N D, Nga L H, Tien N T K, San L H, van Tuan L, Dolecek C, Thanh T T, de Jong M, Schultz C, Cheng P, Lim W, Horby P, Farrar J. Avian influenza A (H5N1) in 10 patients in Vietnam. *The New England Journal of Medicine*, 2004, 350(12): 1179-1188.
- [40] Kraemer M U G, Hay S I, Pigott D M, Smith D L, Wint G R W, Golding N. Progress and challenges in infectious disease cartography. *Trends in Parasitology*, 2016, 32(1): 19-29.
- [41] Tu C Y, Fang Y R, Huang Z H, Tan R M. Application of the analytic hierarchy process to a risk assessment of emerging infectious diseases in Shaoxing City in southern China. *Japanese Journal of Infectious Diseases*, 2014, 67(6): 417-422.

- [42] Williams R A, Fasina F O, Peterson A T. Predictable ecology and geography of avian influenza (H5N1) transmission in Nigeria and West Africa. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 2008, 102(5): 471-479.
- [43] Williams R A J, Peterson A T. Ecology and geography of avian influenza (HPAI H5N1) transmission in the Middle East and northeastern Africa. *International Journal of Health Geographics*, 2009, 8: 47.
- [44] Clements A C A, Pfeiffer D U. Emerging viral zoonoses: frameworks for spatial and spatiotemporal risk assessment and resource planning. *The Veterinary Journal*, 2009, 182(1): 21-30.
- [45] Costa J, Peterson A T. Ecological niche modeling as a tool for understanding distributions and interactions of vectors, hosts, and etiologic agents of Chagas disease. *Advances in Experimental Medicine and Biology*, 2012, 710: 59-70.
- [46] Hu W B, Zhang W Y, Huang X D, Clements A, Mengersen K, Tong S L. Weather variability and influenza A (H7N9) transmission in Shanghai, China: a Bayesian spatial analysis. *Environmental Research*, 2015, 136: 405-412.
- [47] Jewell C P, Kyraios T, Christley R M, Roberts G O. A novel approach to real-time risk prediction for emerging infectious diseases: a case study in Avian Influenza H5N1. *Preventive Veterinary Medicine*, 2009, 91(1): 19-28.
- [48] Paul M, Tavornpanich S, Abrial D, Gasqui P, Charras-Garrido M, Thanapongtharm W, Xiao X M, Gilbert M, Roger F, Ducrot C. Anthropogenic factors and the risk of highly pathogenic avian influenza H5N1: prospects from a spatial-based model. *Veterinary Research*, 2010, 41(3): 28.
- [49] Stevens K B, Gilbert M, Pfeiffer D U. Modeling habitat suitability for occurrence of highly pathogenic avian influenza virus H5N1 in domestic poultry in Asia: a spatial multicriteria decision analysis approach. *Spatial and Spatio-temporal Epidemiology*, 2013, 4: 1-14.
- [50] Paul M C, Goutard F L, Roulleau F, Holl D, Thanapongtharm W, Roger F L, Tran A. Quantitative assessment of a spatial multicriteria model for highly pathogenic avian influenza H5N1 in Thailand, and application in Cambodia. *Scientific Reports*, 2016, 6: 31096.
- [51] Iglesias I, Sánchez-Vizcaíno J M, Muñoz M J, Martínez M, de la Torre A. Spatio-temporal model of avian influenza spread risk. *Procedia Environmental Sciences*, 2011, 7: 104-109.
- [52] Fang L Q, De Vlas S J, Liang S, Looman C W N, Gong P, Xu B, Yan L, Yang H, Richardus J H, Cao W C. Environmental factors contributing to the spread of H5N1 avian influenza in mainland China. *PLoS One*, 2008, 3(5): e2268.
- [53] Fuller T, Havers F, Xu C L, Fang L Q, Cao W C, Shu Y L, Widdowson M A, Smith T B. Identifying areas with a high risk of human infection with the avian influenza A (H7N9) virus in East Asia. *Journal of Infection*, 2014, 69(2): 174-181.
- [54] Martin V, Pfeiffer D U, Zhou X Y, Xiao X M, Prosser D J, Guo F S, Gilbert M. Spatial distribution and risk factors of Highly Pathogenic Avian Influenza (HPAI) H5N1 in China. *PLoS Pathogens*, 2011, 7(3): e1001308.
- [55] Fang L Q, Li X L, Liu K, Li Y J, Yao H W, Liang S, Yang Y, Feng Z J, Gray G C, Cao W C. Mapping spread and risk of avian influenza A (H7N9) in China. *Scientific Reports*, 2013, 3: 2722.
- [56] Gilbert M, Golding N, Zhou H, Wint G R W, Robinson T P, Tatem A J, Lai S J, Zhou S, Jiang H, Guo D H, Huang Z, Messina J P, Xiao X M, Linard C, Van Boeckel T P, Martin V, Bhatt S, Gething P W, Farrar J J, Hay S I, Yu H J. Predicting the risk of avian influenza A H7N9 infection in live-poultry markets across Asia. *Nature Communications*, 2014, 5: 4116.
- [57] Van Boeckel T P, Thanapongtharm W, Robinson T, Biradar C M, Xiao X M, Gilbert M. Improving risk models for avian influenza: the role of intensive poultry farming and flooded land during the 2004 thailand epidemic. *PLoS One*, 2012, 7(11): e49528.
- [58] Tanner W D, Toth D J A, Gundlapalli A V. The pandemic potential of avian influenza A(H7N9) virus: a review. *Epidemiology & Infection*, 2015, 143(16): 3359-3374.
- [59] Li N, Bai B, Wang Z, Luo F, Lu X Z, Lu C H. Avian seed dispersal and seedling distribution of the endangered tree species, *Taxus chinensis*, in patchy habitats. *Plant Ecology & Diversity*, 2015, 8(3): 407-414.
- [60] Li X L, Liu K, Yao H W, Sun Y, Chen W J, Sun R X, De Vlas S J, Fang L Q, Cao W C. Highly Pathogenic avian influenza H5N1 in mainland China. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2015, 12(5): 5026-5045.
- [61] 李文杰, 张时煌. GIS 和遥感技术在生态安全评价与生物多样性保护中的应用. *生态学报*, 2010, 30(23): 6674-6681.
- [62] LaDeau S L, Glass G E, Hobbs N T, Latimer A, Ostfeld R S. Data—model fusion to better understand emerging pathogens and improve infectious disease forecasting. *Ecological Applications*, 2011, 21(5): 1443-1460.
- [63] 郭金玉, 张忠彬, 孙庆云. 层次分析法的研究与应用. *中国安全科学学报*, 2008, 18(5): 148-153.
- [64] 施湘锟, 林文雄. 福建省海水养殖业生态安全评价. *福建农林大学学报: 自然科学版*, 2015, 44(1): 83-89.
- [65] 和春兰, 饶辉, 赵筱青. 中国生态安全评价研究进展. *云南地理环境研究*, 2010, 22(3): 104-110.
- [66] Crabtree B, Bayfield N. Developing sustainability indicators for mountain ecosystems: a study of the Cairngorms, Scotland. *Journal of Environmental Management*, 1998, 52(1): 1-14.
- [67] Wang X D, Zhong X H, Gao P. A GIS-based decision support system for regional eco-security assessment and its application on the Tibetan Plateau. *Journal of Environmental Management*, 2010, 91(10): 1981-1990.

- [68] Dai F C, Lee C F, Zhang X H. GIS-based geo-environmental evaluation for urban land-use planning: a case study. *Engineering Geology*, 2001, 61 (4): 257-271.
- [69] Wang Y M, Liu J, Elhag T M S. An integrated AHP-DEA methodology for bridge risk assessment. *Computers & Industrial Engineering*, 2008, 54 (3): 513-525.
- [70] 陈宗铸, 黄国宁. 基于 PSR 模型与层次分析法的区域森林生态安全动态评价. *热带林业*, 2010, 38(3): 42-45.
- [71] Peterson A T, Martínez-Campos C, Nakazawa Y, Martínez-Meyer E. Time-specific ecological niche modeling predicts spatial dynamics of vector insects and human dengue cases. *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene*, 2005, 99(9): 647-655.
- [72] Peterson A T, Robbins A, Restifo R, Howell J, Nasci R. Predictable ecology and geography of West Nile virus transmission in the central United States. *Journal of Vector Ecology*, 2013, 33(2): 342-352.
- [73] Peterson A T. Ecological niche modelling and understanding the geography of disease transmission. *Veterinaria Italiana*, 2007, 43(3): 393-400.
- [74] Peterson A T. Predicting the geography of species' invasions via ecological niche modeling. *The Quarterly Review of Biology*, 2003, 78(4): 419-433.
- [75] Hirzel A H, Hausser J, Chessel D, Perrin N. Ecological - niche factor analysis: how to compute habitat - suitability maps without absence data? *Ecology*, 2002, 83(7): 2027-2036.
- [76] Stockwell D. The GARP modelling system: problems and solutions to automated spatial prediction. *International Journal of Geographical Information Science*, 1999, 13(2): 143-158.
- [77] Phillips S J, Dudík M, Schapire R E. A maximum entropy approach to species distribution modeling//*Proceedings of the Twenty-first International Conference on Machine Learning*. Banff, Alberta, Canada: ACM, 2004: 83-83.
- [78] Phillips S J, Anderson R P, Schapire R E. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 2006, 190(3/4): 231-259.
- [79] Urbani F, D'Alessandro P, Frasca R, Biondi M. Maximum entropy modeling of geographic distributions of the flea beetle species endemic in Italy (Coleoptera: Chrysomelidae: Galerucinae: Alticini). *Zoologischer Anzeiger—A Journal of Comparative Zoology*, 2015, 258: 99-109.
- [80] Brook E J, Anthony Hart C, French N P, Christley R M. Molecular epidemiology of *Cryptosporidium* subtypes in cattle in England. *The Veterinary Journal*, 2009, 179(3): 378-382.
- [81] Simon-Grifé M, Martín-Valls G E, Vilar M J, García-Bocanegra I, Martín M, Mateu E, Casal J. Biosecurity practices in Spanish pig herds: perceptions of farmers and veterinarians of the most important biosecurity measures. *Preventive Veterinary Medicine*, 2013, 110(2): 223-231.
- [82] 王莺, 王静, 姚玉璧, 王劲松. 基于主成分分析的中国南方干旱脆弱性评价. *生态环境学报*, 2014, 23(12): 1897-1904.
- [83] Fauci A S, Morens D M. The perpetual challenge of infectious diseases. *The New England Journal of Medicine*, 2012, 366(5): 454-461.
- [84] Boklund A, Alban L, Mortensen S, Houe H. Biosecurity in 116 Danish fattening swineherds: descriptive results and factor analysis. *Preventive Veterinary Medicine*, 2004, 66(1/4): 49-62.
- [85] Van Steenwinkel S, Ribbens S, Ducheyne E, Goossens E, Dewulf J. Assessing biosecurity practices, movements and densities of poultry sites across Belgium, resulting in different farm risk-groups for infectious disease introduction and spread. *Preventive Veterinary Medicine*, 2011, 98 (4): 259-270.
- [86] 张跃华, 戴鸿浩, 吴敏谨. 基于生猪养殖户生物安全风险管理研究——以浙江省德清县 471 个农户问卷调查为例. *中国畜牧杂志*, 2010, 46(12): 32-34.
- [87] Kang M Y, Liu S, Huang X X, Dong S K, Shi P J. Evaluation of an ecological security model in Zhalute Banner, Inner Mongolia. *Mountain Research and Development*, 2005, 25(1): 60-67.
- [88] 李晓燕, 张树文. 基于景观结构的吉林西部生态安全动态分析. *干旱区研究*, 2005, 22(1): 57-62.
- [89] Kearns F R, Kelly M, Tuxen K A. Everything happens somewhere: using WebGIS as a tool for sustainable natural resource management. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 2003, 1(10): 541-548.
- [90] Swayne D E, Suarez D L. Highly pathogenic avian influenza. *Revue Scientifique et Technique (International Office of Epizootics)*, 2000, 19(2): 463-482.
- [91] Conan A, Goutard F L, Sorn S, Vong S. Biosecurity measures for backyard poultry in developing countries: a systematic review. *BMC Veterinary Research*, 2012, 8: 240.
- [92] Godfray H C J, Beddington J R, Crute I R, Haddad L, Lawrence D, Muir J F, Pretty J, Robinson S, Thomas S M, Toulmin C. Food security: the challenge of feeding 9 billion people. *Science*, 2010, 327(5967): 812-818.
- [93] Foley J A, Ramankutty N, Brauman K A, Cassidy E S, Gerber J S, Johnston M, Mueller N D, O'Connell C, Ray D K, West P C, Balzer C, Bennett E M, Carpenter S R, Hill J, Monfreda C, Polasky S, Rockström J, Sheehan J, Siebert S, Tilman D, Zaks D P M. Solutions for a cultivated planet. *Nature*, 2011, 478(7369): 337-342.

- [94] Rockström J, Steffen W, Noone K, Persson Å, Chapin III F S, Lambin E F, Lenton T M, Scheffer M, Folke C, Schellnhuber H J, Nykvist B, de Wit C A, Hughes T, van der Leeuw S, Rodhe H, Sörlin S, Snyder P K, Costanza R, Svedin U, Falkenmark M, Karlberg L, Corell R W, Fabry V J, Hansen J, Walker B, Liverman D, Richardson K, Crutzen P, Foley J A. A safe operating space for humanity. *Nature*, 2009, 461(7263): 472-475.
- [95] Tilman D, Balzer C, Hill J, Belfort B L. Global food demand and the sustainable intensification of agriculture. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2011, 108(50): 20260-20264.
- [96] Guo C, Park Y S, Liu Y, Lek S. Toward a new generation of ecological modelling techniques: review and bibliometrics. *Developments in Environmental Modelling*, 2015, 27: 11-44.
- [97] Prosser D J, Cui P, Takekawa J Y, Tang M J, Hou Y S, Collins B M, Yan B P, Hill N J, Li T X, Li Y D, Lei F M, Guo S, Xing Z, He Y B, Zhou Y C, Douglas D C, Perry W M, Newman S H. Wild bird migration across the Qinghai-Tibetan Plateau: a transmission route for highly pathogenic H5N1. *PLoS One*, 2011, 6(3): e17622.
- [98] 张继荣, 赵德龙, 尹祚华, 雷富民. H5N1 高致病性禽流感病毒的危害及生态问题. *动物学杂志*, 2007, 42(6): 152-156.
- [99] Kilpatrick A M, Chmura A A, Gibbons D W, Fleischer R C, Marra P P, Daszak P. Predicting the global spread of H5N1 avian influenza. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2006, 103(51): 19368-19373.
- [100] Webster R G. The importance of animal influenza for human disease. *Vaccine*, 2002, 20 Suppl 2: S16-S20.
- [101] Hulse-Post D J, Sturm-Ramirez K M, Humberd J, Seiler P, Govorkova E A, Krauss S, Scholtissek C, Puthavathana P, Buranathai C, Nguyen T D, Long H T, Naipospos T S P, Chen H, Ellis T M, Guan Y, Peiris J S M, Webster R G. Role of domestic ducks in the propagation and biological evolution of highly pathogenic H5N1 influenza viruses in Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2005, 102(30): 10682-10687.
- [102] Gilbert M, Xiao X M, Pfeiffer D U, Epprecht M, Boles S, Czarnecki C, Chaitaweesub P, Kalpravidh W, Minh P Q, Otte M J, Martin V, Slingenbergh J. Mapping H5N1 highly pathogenic avian influenza risk in Southeast Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2008, 105(12): 4769-4774.
- [103] Tian H Y, Zhou S, Dong L, Van Boeckel T P, Cui Y J, Newman S H, Takekawa J Y, Prosser D J, Xiao X M, Wu Y R, Cazelles B, Huang S Q, Yang R F, Grenfell B T, Xu B. Avian influenza H5N1 viral and bird migration networks in Asia. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(1): 172-177.
- [104] Tróvão N S, Suchard M A, Baele G, Gilbert M, Lemey P. Bayesian inference reveals host-specific contributions to the epidemic expansion of influenza A H5N1. *Molecular Biology and Evolution*, 2015, 32(12): 3264-3275.