

ARIMA 模型与 GM(1,1) 模型在痢疾发病数预测中的比较研究

宋媛媛^{1,3}, 王雷², 熊甜^{1,3}, 胡樱^{1,3}

1. 武汉大学健康学院, 武汉 430072; 2. 湖北省疾病预防控制中心, 武汉 430072; 3. 武汉大学全球健康中心, 武汉 430072

摘要: **目的** 分别应用求和自回归滑动平均模型 (autoregressive integrated moving average model, ARIMA) 和灰色模型 (gray forecast model) GM(1,1) 对湖北省痢疾发病数进行预测, 比较两种方法的预测效果, 为选择更适宜的方法提供依据。**方法** 分别应用 2001–2015 年月发病数及年发病数建立 ARIMA 模型和 GM(1,1) 模型, 用平均误差率 (mean error rate, MER) 和决定系数 (coefficient of determination, R^2) 评价拟合效果, 并采用 2016 年实际发病数验证预测效果, 选择准确性更高的模型对 2017–2018 年发病数进行预测。**结果** 建立的 ARIMA 模型为 SARIMA(1,0,0)(0,1,1)₁₂, GM(1,1) 模型为 $\hat{Y}(t+1) = -274\ 126.038e^{-0.067\ 467t} + 293\ 275.08$, 两模型的平均误差率 (mean error rate, MER) 分别为 3.55% 和 14.78%; 决定系数 (R^2) 分别为 0.993 和 0.960, 2016 年实际发病数与两模型预测发病数的残差分别为 635 和 3 240; 相对误差分别为 16.54% 和 84.38%, 综合考虑各项评价指标采用 ARIMA 模型对 2017–2018 年发病数进行预测分别为 4 286 和 4 011。**结论** 通过拟合及预测评价指标的比较 ARIMA 模型均优于 GM(1,1) 模型, 可得 ARIMA 模型对湖北省痢疾发病数的预测比 GM(1,1) 模型有较明显的优势, 能更准确的处理时间序列类型的资料, 此预测结果准确具有实用价值, 可为卫生防治工作提供依据。

关键词: ARIMA 模型; GM(1,1) 模型; 痢疾; 预测

中图分类号: R378.2 文献标识码: A 文章编号: 1006-3110(2019)07-0888-05 DOI: 10.3969/j.issn.1006-3110.2019.07.034

Comparative study of ARIMA model and GM (1,1) model in predicting the incidence of diarrhea

SONG Yuan-yuan^{1,3}, WANG Lei², XIONG Tian^{1,3}, HU Ying^{1,3}

1. School of Health Science, Wuhan University, Wuhan, Hubei 430072, China;

2. Hubei Provincial Center for Disease Control and Prevention, Wuhan, Hubei 430072, China;

3. Center of Global Health, Wuhan University, Wuhan, Hubei 430072, China

Corresponding author: HU Ying, E-mail: 8411957@qq.com

Abstract: **Objective** The autoregressive integrated moving average model (ARIMA) and gray forecast model GM (1,1) were respectively applied to predicting the incidence of dysentery in Hubei Province. The prediction results of the two methods were compared to provide a basis for selecting a more appropriate method. **Methods** The ARIMA model and GM (1,1) model were established respectively based on the number of monthly cases and the number of annual cases from 2001 to 2015. The fitting effect was evaluated with the mean error rate (MER) and the coefficient of determination (R^2), and the prediction effect was verified with the actual number of cases in 2016. The more accurate model was selected to predict the number of cases in 2017–2018.

Results The established ARIMA model was SARIMA (1,0,0)(0,1,1)₁₂, the established GM (1,1) model was $\hat{Y}(t+1) = -274\ 126.038e^{-0.067\ 467t} + 293\ 275.08$, and the mean error rates (MER) of the two models were 3.55% and 14.78% respectively. The coefficients of determination (R^2) were 0.993 and 0.960 respectively, and the residuals of the actual incidence in 2016 and the incidence predicted by the two models were 635 and 3,240 respectively. The relative errors were 16.54% and 84.38% respectively, and the incidence in 2017 and 2018 predicted by the ARIMA model was 4,286 and 4,011 respectively after all evaluation indexes having been taken into consideration. **Conclusions** According to the model fitness and prediction accuracy, the ARIMA model is superior to the GM (1,1) model. The ARIMA model has obvious advantages over the GM (1,1) model in predicting the number of dysentery cases in Hubei Province, and can process the data of time series more accurately. This prediction results are of practical value, and can provide a basis for health prevention and treatment.

Key words: ARIMA model; GM (1,1) model; diarrhea; prediction

基金项目: 中华预防医学会疫苗与免疫青年人才托举项目 (项目编号: Q2017A4201)

作者简介: 宋媛媛 (1993–), 女, 吉林人, 硕士, 研究方向: 卫生统计学。

通信作者: 胡樱, E-mail: 8411957@qq.com。

痢疾是常见的消化道传播疾病,属乙类传染病,主要通过痢疾患者和带病原体者以粪、口感染为主。一年四季均可发生,但以夏、秋季发病率高^[1],以发热、腹泻、腹痛为主要症状。发病主要集中在发展中国家,尤其是在医疗条件差且水源不安全的地方。痢疾可分为细菌性痢疾和阿米巴痢疾,其中细菌性痢疾较为常见。近年来,湖北省在痢疾控制方面有了明显的效果,但因易感人群为儿童,且病后免疫差可反复感染的特点,故痢疾的监测工作不可放松,有研究表明监测资料的分析与预警可以有效预防控制并减少传染病危害^[2]。本次研究分别应用 2001-2015 年月发病数及年发病数建立 ARIMA 模型和 GM(1,1)模型并进行预测,旨在选择出对湖北省痢疾发病数据预测更为科学及准确的模型,为今后传染病监测及防控工作的策划提供有力依据。

1 资料与方法

1.1 资料来源 2001 年 1 月-2015 年 12 月痢疾月发病数资料来自中国疾病监测信息报告管理系统疫情监测资料,2001-2015 年痢疾年发病数为月发病数之和。

1.2 建立 ARIMA 模型

1.2.1 原理 时间序列是将变量在不同时间形成的不同数值,按时间先后顺序排列成的一个随机序列,由于某些偶然因素的影响,时间序列呈现出随时间 t 变化的一组随机变量,可以利用此时间序列的过去值及现在值预测未来值^[3]。ARIMA 模型是时间序列模型中比较经典的方法,其综合考虑了变量的随机性、趋势性及周期性,并且根据原始数据序列是否具有季节趋势,模型可以分为季节性 SARIMA(p,d,q)(P,D,Q)和非季节性 ARIMA(p,d,q)。痢疾的发病特点是具有季节性,利用季节性 SARIMA 模型对 2001-2015 年湖北省痢疾月发病数进行分析。

1.2.2 步骤 考虑季节变化的季节性 ARIMA 模型其结构为 SARIMA(p,d,q)(P,D,Q),其中 p、q 分别为自回归和移动平均阶数,d 为非季节差分次数,P、Q 分别为季节性自回归和移动平均阶数,D 为季节性差分次数,S 为季节周期。建立 ARIMA 模型按照以下 4 个步骤进行^[4]。(1) 序列平稳化:根据 2001-2015 年湖北省痢疾月发病数序列图和自相关函数(autocorrelation function,ACF)分析图确定序列的平稳性。对原序列进行非季节差分以消除长期趋势;或进行季节差分,消除周期性影响,使得序列平稳化。(2) 模型的识别和定阶:根据样本的 ACF 和偏自相关函数(partial autocorrelation function,PACF)分析图,进行模型的初步

识别和定阶,包括模型类型确定,及为非季节数据的 p、q 定阶,为季节数据 P、Q 定阶。(3) 模型参数估计和模型诊断:利用非线性最小二乘法估计模型参数。参数估计后对模型的残差序列进行白噪声检验(通过 Box-Ljung 统计量检验若差异无统计学意义,即通过白噪声检验)判断 ARIMA 模型的适合性。根据标准化的贝叶斯信息准则(BIC 准则)和决定系数(R^2)判定模型的拟合优度。如不恰当则返回第二阶段,重新选定模型。通过反复调试比较,确定残差序列为白噪声、BIC 值较小、 R^2 值较大、模型较为简洁的为最佳模型。(4) 预测应用:2001-2015 年月发病数用于建立模型,对 2016 年月发病数进行预测,相应地计算出年发病数,并对 2017-2018 年湖北省痢疾的月发病数进行预测。

1.2.3 方法 运用 SPSS 20.0 建立 ARIMA 模型,并利用相关统计学模块实现上述计算过程。

1.3 建立 GM(1,1)模型

1.3.1 原理^[5] 灰色预测的原理是通过对既含有已知信息又含有未知或非确定信息数据的处理建立灰色模型,系统的掌握其变化及发展规律,对其在一定范围内随时间的变化做出准确的定量预测。灰色系统理论中应用最为广泛的一种动态预测模型是 GM(1,1)模型,该模型由单一变量的一阶微分方程构成,它主要应用于复杂系统中某一主导因素特征值的拟合和预测,以揭示该主导因素随时间的变化规律和未来的发展趋势。

1.3.2 步骤 用 2001-2015 年发病数建立 GM(1,1)模型并进行预测,建模过程按以下 4 个阶段进行^[6]:

(1) 生成累加数列:对原始数列 $X(t)$, $X(t) = \{X(1), X(2), \dots, X(n)\}$,进行一次累加生成,以弱化其随机性和波动性,强化其规律性,得累加生成数列 $Y(t)$ 。(2) 生成累加数据均值:对累加数据列作均值生成,得均值数列 $Z(t)$ 。(3) 建立 GM(1,1)模型:GM(1,1)模型表示为 $Y(t)$ 的估值 $\hat{Y}(t)$ 的一阶线性微分方程, $\frac{d\hat{Y}(t)}{dt} + a\hat{Y}(t) = u$,解该微分方程得特解为: $\hat{Y}(t+1) = [X(1) - \frac{u}{a}]$

$e^{-at} + \frac{u}{a}$ 式中 a 、 u 为待定系数,根据最小二乘法估计参数。对 $\hat{Y}(t+1)$ 数列作累减还原生成,得原始数列 $X(t+1)$ 的估计值 $\hat{X}(t+1)$ 数列: $\hat{X}(t+1) = \hat{Y}(t+1) - Y(t)$ 。(4) 检验 $\hat{X}(t)$ 与 $X(t)$ 拟合效果即模型精度检验:用平均相对误差、后验差比值(C 值)和小误差概率(P 值)来检验灰色数列模型的可靠性^[7-8],判断标准如表 1

所示。若两者拟合精度等级为 1 级(好)或 2 级(合格),则模型可用于外推预测,若两者拟合精度等级为 3 级(勉强)或 4 级(不合格),则不可直接用于外推预测,须经残差修正后,再进行外推预测。最后以拟合精度好的 GM(1,1)模型对 2001-2015 年年发病数进行预测。

表 1 后验差比值与小误差频率检验表

预测精度等级	P 值	C 值
好	>0.95	<0.35
合格	>0.8	<0.5
勉强	>0.7	<0.65
不合格	0.7	0.65

1.3.3 方法 运用 SAS8.0 软件建立 GM(1,1)模型,实现上述计算过程。

1.4 ARIMA 模型和 GM(1,1)模型预测准确性的比较 采用 2001-2015 年建模,拟合效果的评价指标用平均误差率(MER)和决定系数(R^2)。平均误差率(mean error rate, MER)=平均误差绝对值/实际值的均值。决定系数(R^2)=($SS_{实}-SS_{误}$)/ $SS_{实}$,式中: $SS_{实}$ 为实际值的方差, $SS_{误}$ 为误差(残差)的方差。采用 2016 年的实际发病数与两模型预测发病数验证模型的外推预测效果,点预测评价指标为绝对误差(残差)和相对

表 1 四种预期 ARIMA 模型的参数比较结果

变量	SARIMA(1,0,0)(0,1,1) ₁₂			SARIMA(1,0,0)(1,1,0) ₁₂			SARIMA(1,0,0)(1,1,1) ₁₂			SARIMA(1,0,0)(0,1,0) ₁₂		
	系数	t 值	P 值	系数	t 值	P 值	系数	t 值	P 值	系数	t 值	P 值
AR(1)	0.785	15.622	0.000	0.768	15.005	0.000	0.789	15.806	0.000	0.664	11.431	0.000
SAR(1)	-	-	-	-0.408	-5.489	0.000	-0.195	-1.064	0.289	-	-	-
SMA(1)	0.423	5.406	0.000	-	-	-	0.275	1.493	0.137	-	-	-
平稳 R^2	0.524			0.519			0.528			0.443		
BIC	10.012			10.064			10.048			10.227		
Ljung-Box Q	16.034			14.447			14.005			40.508		
P 值	0.451			0.565			0.525			0.001		

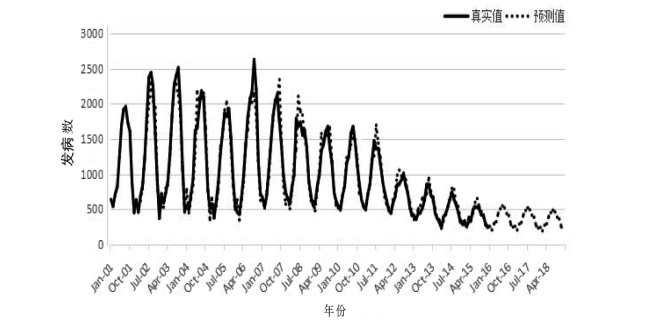


图 1 模型预测拟合图

2.2 GM(1,1)模型拟合结果 GM(1,1)模型拟合结果为 $a=0.067\ 467\ u=19\ 786.39, u/a=293\ 275.08$, 得出预测模型方程为 $\hat{Y}(t+1)=-274\ 126.038e^{-0.067\ 467t}+293\ 275.08$,模型精度检验结果显示后验差比值 $C=0.228\ 04\leq 0.35$,小误差概率 $P=1\geq 0.95$,精度等级为

误差。

2 结果

2.1 ARIMA 模型拟合结果 湖北省 2001-2015 年痢疾月发病数的时间序列具有明显季节周期性,为不平稳序列,所以经过一次自然对数及一次季节差分的转换变为平稳时间序列。通过观察平稳化处理后获得数据序列的自相关函数图(ACF)确定 q 值及偏自相关函数图(PACF)确定 P 值,ACF 图为拖尾,PACF 图为截尾,初步确定 $P=1, Q=0^{[9]}$ 。季节模型的参数采取从低阶到高阶逐个进行尝试的办法,可初步判定的 4 个模型见表 1。根据模型检验结果和参数间的相关性进行调试、检验,如此反复进行,选定模型 SARIMA(1,0,0)(0,1,1)₁₂为最优模型,其 BIC 值在拟合的 4 个模型中最小,为 10.012,且各项参数均显著不为 0,故为最佳模型。对残差序列进行 Ljung-Box Q 检验,统计结果显示($Q=16.034, P=0.451$),统计量均无统计学意义($P>0.05$),因此可以认为残差序列是白噪声,说明所选模型是合理的。使用该模型对 2001-2015 年原始数据进行拟合,模型预测值的变化趋势与实际值基本吻合,见图 1。

1 级(好)。

表 2 两模型效果评价比较

预测方法	预测模型的有效性	MER (%)	R^2	2016 年预测发病数	2016 年实际发病数	残差	相对误差 (%)
ARIMA 模型	有效	3.55	0.993	4 475	3 840	635	16.54
GM(1,1)模型	有效	14.78	0.960	7 080		3 240	84.38

表 3 两模型拟合情况比较

年份	真实值	ARIMA 模型		GM(1,1)模型	
		预测值	误差	预测值	误差
2001	14 194	-	-	-	-
2002	15 582	15 039	543	18 208	2 626
2003	16 797	15 754	1 043	17 020	223
2004	14 983	15 340	357	15 909	926
2005	13 940	13 908	32	14 871	931
2006	16 717	15 479	1 238	13 901	2 816

续表 3

年份	真实值	ARIMA 模型		GM(1,1)模型	
		预测值	误差	预测值	误差
2007	15 251	15 480	229	12 994	2 257
2008	14 400	14 642	242	12 146	2 254
2009	12 855	13 221	366	11 354	1 501
2010	12 302	12 169	133	10 613	1 689
2011	11 404	11 614	210	9 921	1 484
2012	8 352	9 043	691	9 274	922
2013	6 700	7 015	315	8 669	1 969
2014	5 561	5 917	356	8 103	2 542
2015	4 667	4 938	271	7 574	2907
合计	169 511	169 559	6 026	170 557	25 047
均值	12 108	12 111	430	12 183	1 789
方差	17 286 830	14 713 977	117 976	11 644 982	685 448

2.3 两模型效果评价及较优模型预测 见表 2、3, ARIMA 模型的平均误差率(MER)和决定系数(R^2) 分别为 3.55%和 0.993; GM(1,1)模型的平均误差率(MER)和决定系数(R^2)分别为 14.78%和 0.960,可见

两种模型比较,ARIMA 模型的平均误差率小,且 R^2 较大。2016 年实际与两模型预测发病数的残差分别为 635 和 3240;相对误差分别为 16.54%和 84.38%,可见两种模型比较,ARIMA 模型的误差小。由上述结果及图 2 可见,拟合效果的评价及点预测评价均是 ARIMA 模型较好,所以应用 ARIMA 模型对湖北省 2017–2018 年痢疾发病数进行预测,见图 1 及表 4。

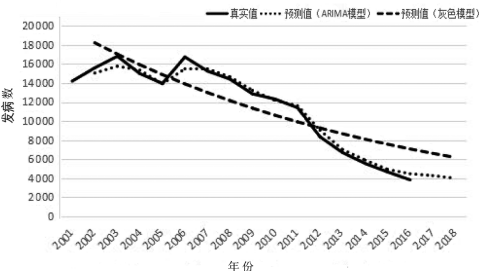


图2 两种模型的预测值与真实值拟合图

表 4 2017–2018 年月发病数预测值

年度		一月	二月	三月	四月	五月	六月	七月	八月	九月	十月	十一月	十二月	合计
2017 年	UCL *	383	310	444	481	658	747	807	763	645	599	410	362	6 609
	预测值	257	204	290	313	426	483	521	492	416	386	265	233	4 286
	LCL *	164	128	180	193	261	295	318	300	254	235	161	142	2 631
2018 年	UCL *	381	307	439	475	648	736	794	751	635	590	404	356	6 516
	预测值	241	192	272	293	399	452	487	460	389	361	247	218	4 011
	LCL *	143	112	157	168	229	258	278	263	222	206	141	124	2 301

注: * UCL 为 95%可信区间上限;LCL 为 95%可信区间下限。

3 讨论

目前,传染病的预警和预报对相关部门的防治工作起到重要的作用,由较为简单的阈值预警^[10]到相对复杂的传播动力学模型^[11]等,其中所应用到的基于数理统计的预测方法,随着其理论的不完善,方法的不断丰富,更多的预测模型可供研究人员使用,并可相互比较应用的效果,选出更适宜的模型。由于传染病的影响流行因素较为复杂,分析单一因素不够全面,所有因素综合分析是一项困难且复杂的工作,且有研究显示,人口、行为、经济、气候及环境等流行因素的变化均与时间紧密关联^[12],若将多种因素整合到时间变量中,则利用时间序列分析传染病的方法的优点得以体现。但在通过传染病的时间序列预测发病率时,不同的数列数据特征不同,适宜的模型也不同,同时各种模型的应用条件不同,可能会造成同时应用不同模型拟合某种传染病,所得的拟合准确性却不同^[13]。

ARIMA 模型的应用在近几年的预测工作中较为广泛,尤其 SARIMA 形式的模型对季节性能较好的

分析和拟合,可对有季节趋势的传染病预测准确性较高。郑敏慧等^[14]运用 ARIMA 模型预测深圳市菌痢发病率,发现高发季节一致且本研究结果误差更小;李艳菊等^[15]也用此方法对邯郸市菌痢进行预测,并指出此方法的局限性即仅适用于单步预测;但 ARIMA 模型对数据要求较多,首先,其对数据的要求是时间序列的平稳性,然而在实际工作中,数据常为非平稳序列,需对数据进行预处理,使之达到平稳的要求。其次,如果模型中含有季节因素,则至少应有 7 或 8 个季节周期的数据对季节参数进行估计,若序列太短,则可靠性较差^[16]。最后,由于分析时未考虑相关因素,导致该模型仅适合于受相关因素影响较小的数据^[17]。GM(1,1)模型是灰色系统中最基本及应用最广泛的预测模型之一,它是一种利用微分方程建立的时间连续性模型,只需一个数列即可建模,主要应用于复杂系统中某一主要变量值的拟合和预测,对概率分布及样本含量无严格要求,在一定程度上克服了传统预测模型的局限性^[18],且预测效果较好,因而过去在慢性病如恶性肿

瘤等疾病的预测方面具有明显的优势^[19-20],在肠道传染病的预测方面,周林^[21]用 Excel 建立 GM(1,1)模型应用于济南市发病趋势。但是该模型较适宜呈指数函数变化的序列,而且数据的波动性不应该太大^[22],且由于长期监测获得的数据可能产生较大的波动,故该模型仅适用于短期预测^[23]。

本研究结果显示,ARIMA 模型的预测效果优于 GM(1,1)模型,考虑原因可能有:不同预测模型适宜的数据分布特征不同。ARIMA 模型对有波动较大且周期性的传染病发病数据具有预测优势,而 GM(1,1)模型对无波动或波动较小^[24]并且隐含指数函数变化趋势^[25]的小样本数据预测效果更好。湖北省痢疾数据波动性较大,且受到社会和经济等多种因素影响,年发病数据变化并不平稳,自 2006 年起下降趋势明显,近 5 年处于快速下降趋势,导致数据序列光滑度较低,大大降低了灰色模型的精度^[26],但其数据中呈现出明显周期性、季节性的变化趋势则更适宜 ARIMA 模型的拟合。王瑜等^[27]、张轩等^[28]的研究也指出痢疾等肠道传染病的流行趋势与气象因素相关。根据 ARIMA 模型对 2017-2018 年痢疾发病数的预测结果可见,湖北省的痢疾发病得到了有效的控制,发病数逐年递减,可能与居民生活条件和生活质量不断提高,积极有效的宣教卫生防控知识密切相关,相关部门应继续保持此类工作的有序进行。

在实际工作中,对不同传染病的预测,应尝试多种预测方法,找出最适宜此种传染病数据特征的模型。影响传染病发病规律的因素有很多,但预测模型仅从数据特征上对传染病进行分析及预测,所以无论用何种预测模型都应运用不断更新的数据,多次建模减小预测值与真实值的差距,有利于相关监管部门工作人员利用预测结果对疾病的发生发展做出准确的判断,使防控工作有效进行。

参考文献

- [1] 霍飞,高璐,夏卫东.天津市 2006-2015 年细菌性痢疾季节性分布及气温相关性分析[J].实用预防医学,2017,24(11):1324-1326.
- [2] 唐文革,杨小伶,李全乐.培训需求分析评价及其在疾控系统的应用[J].现代预防医学,2007,34(19):3731-3732,3734.
- [3] 易丹辉.时间序列分析方法与应用[M].北京:中国人民大学出版社,2011:48-88.
- [4] 王振龙.时间序列分析[M].北京:中国统计出版社,2002:181-192.
- [5] 范引光,吕金伟,戴色莺,等. ARIMA 模型与灰色预测模型 GM(1,1)在 HIV 感染人数预测中的应用[J].中华疾病控制杂志,2012,16(12):1100-1103.
- [6] 金如锋,邱宏,周霞,等. ARIMA 模型和 GM(1,1)模型预测全国 3 种

肠道传染病发病率[J].复旦学报(医学版),2008,35(5):675-680.

- [7] 任正洪.孕产妇死亡率的灰色预测[J].中国卫生统计,2005,22(1):20-22.
- [8] 黄春萍,倪宗瓚.灰色模型在预测肺结核发病率中的应用[J].现代预防医学,2002,29(6):791-793.
- [9] 宇传华.SPSS 与统计分析[M].北京:电子工业出版社,2007:577-614.
- [10] 成瑶,刘新,凤孟蕾,等.甘肃省 2016 年 7 种常见急性传染病预警阈值研究[J].中华流行病学杂志,2018,39(3):352-356.
- [11] 杨仁东,胡世雄,曾小敏,等.手足口病疫情预测预警模型研究进展[J].实用预防医学,2015,22(11):1399.
- [12] 吴家兵,叶临湘,尤尔科.时间序列模型在传染病发病率预测中的应用[J].中国卫生统计,2006,23(3):276-277.
- [13] 金如锋,邱宏,周霞,等. ARIMA 模型和 GM(1,1)模型预测全国 3 种肠道传染病发病率[J].复旦学报(医学版),2008,35(5):675-680.
- [14] 郑慧敏,薛允莲,黄燕飞,等. ARIMA 模型在深圳市法定传染病发病趋势预测的应用[J].实用预防医学,2016,23(2):240-243.
- [15] 李艳菊,王磊,李迎玲,等.采用自回归移动平均模型对细菌性痢疾发病的预测分析[J].山西医药杂志,2017,46(17):2132-2134.
- [16] 吴家兵,叶临湘,尤尔科. ARIMA 模型在传染病发病率预测中的应用[J].数理医药学杂志,2007,20(1):90-92.
- [17] 胡冰雪,曲波,刘洁,等. ARIMA 模型和 GM(1,1)模型在全国艾滋病发病率预测中的比较研究[J].预防医学情报杂志,2014,30(10):813-816.
- [18] 吴伟,关鹏,郭军巧,等. GM(1,1)灰色模型和 ARIMA 模型在 HFRS 发病率预测中的比较研究[J].中国医科大学学报,2008,37(1):52-55.
- [19] 张天良. GM(1,1)模型在预测人口出生率研究中的应用[J].中国卫生统计,2000,17(2):89-90.
- [20] 张慧玲.不同维数的 GM(1,1)模型对庐江县肝癌死亡率的灰色预测与分析[J].中华疾病控制杂志,2010,14(9):855-858.
- [21] 周林. GM(1,1)模型预测肠道传染病发病趋势的应用[J].中国卫生统计,2013,30(5):715-718.
- [22] 庄恒杨. GM(1,1)建模机理与应用条件分析及其改进方法[J].系统工程理论方法应用,1993,2(1):56-62.
- [23] 任正洪.孕产妇死亡率的灰色预测[J].中国卫生统计,2005,22(1):20-22.
- [24] 林昆,朱碧柳,曾旸,等. SARS 病例数的统计学与灰色模型预测效果评价[J].华南预防医学,2007,33(1):13-17.
- [25] 吴培乐.灰色预测法在西安市农村电话预测中的应用[J].西安邮电学院学报,2002,7(1):20-23.
- [26] 潘浩,胡家瑜,吴寰宇,等. GM(1,1)灰色模型和 ARIMA 模型在上海市手足口病发病率预测应用中的比较研究[J].中华疾病控制杂志,2011,15(5):445-448.
- [27] 王瑜,刘光文,贾蕾.和田市 2010-2014 年肠道传染病流行特征时间序列分析[J].中国公共卫生,2016,32(9):1265-1267.
- [28] 张轩,贺娟.北京地区肠道传染病与气象因素的关联性分析[J].长春中医药大学学报,2015,31(1):105-109.

收稿日期:2018-10-11