

SARIMA 模型参数设置探讨

刘天^{1,2}, 张丽杰², 翁熹君², 马会来², 姚梦雷¹, 黄继贵¹, 吴杨³

1. 荆州市疾病预防控制中心, 湖北 荆州 434000; 2. 中国现场流行病学培训项目, 北京 100050;
3. 湖北省疾病预防控制中心, 湖北 武汉 430079

摘要: **目的** 比较不同参数设置的 SARIMA 模型拟合及预测效果, 为提高 SARIMA 模型精度提供参考。 **方法** 利用全国 2009 年 1 月—2015 年 6 月手足口病逐月发病率数据, 按照传统图示法确定参数 p, q 值, 建立 SARIMA 模型, 记为模型 1。再将参数 p, q 值 ± 1 , 构建多个备选模型, 筛选最优模型, 记为模型 2。利用模型 1 和模型 2 预测 2015 年 7—10 月手足口病发病率并与实际值比较, 采用平均绝对误差百分比 (mean absolute percentage error, *MAPE*)、平均误差率 (mean error rate, *MER*)、均方误差 (mean square error, *MSE*) 和平均绝对误差 (mean absolute error, *MAE*) 评价模型拟合及预测效果。 **结果** 模型 1 为 SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂; 模型 2 有 2 个, 包括 SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂ 和 SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂。SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂、SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂ 和 SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ 拟合的 *MAPE* 依次分别为 22.891%、

基金项目: 湖北省卫生计生委疾控专项 (WJ2016JT-002); 湖北省荆州市 2017 年卫生科技计划项目 (2017130)

作者简介: 刘天, 本科学历, 医师, 主要从事传染病预防控制工作。

通信作者: 吴杨, E-mail: 6021975@qq.com。

羟维生素 D 水平越低, 越可能合并肾损害。

综上所述, 过敏性紫癜患儿血清 25 羟维生素 D 水平降低, 合并肾炎者下降更明显, 25 羟维生素 D 可能作为 HSP 患儿是否合并肾脏损害的预测指标, 在对过敏性紫癜患儿的诊疗过程中有必要监测患儿的 25 羟维生素 D 水平, 补充维生素 D 可能对 HSP 患儿疾病诊治有意义, 但如何通过调节维生素 D 含量而改善过敏性紫癜的病情还需进一步深究。

参考文献

- [1] 张爱华, 朱春华. 儿童紫癜性肾炎诊治进展[J]. 中华实用儿科临床杂志, 2017, 32(5): 324-327.
- [2] 中华医学会儿科学分会肾脏病学组. 儿童常见肾脏疾病诊治循证指南(二): 紫癜性肾炎的诊治循证指南(试行)[J]. 中华儿科杂志, 2009, 47(12): 911-913.
- [3] Iqbal SF, Freishtat RJ. Mechanism of action of vitamin D in the asthmatic lung[J]. J Invest Med, 2011, 59(8): 1200-1202.
- [4] 王一, 廖宏伟, 宋扬. 血清 VitD、FA 水平与三阴乳腺癌患者新辅助化疗敏感性关系[J]. 实用预防医学, 2018, 25(4): 405-408.
- [5] Holick MF. Vitamin D deficiency[J]. N Engl J Med, 2007, 357(3): 266-281.
- [6] Ozen S, Ruperto N, Dillon MJ, et al. EULAR/PRIS endorsed consensus criteria for the classification of childhood vasculitides[J]. Ann Rheum Dis, 2006, 65(7): 936-941.
- [7] Calvo-Rio V, Loricera J, Mate C, et al. Henoch-Schönlein purpura in northern Spain: clinical spectrum of the disease in 417 patients from a single center[J]. Medicine, 2014, 93(2): 106-113.
- [8] Kawasaki Y, Ono A, Ohara S, et al. Henoch-Schönlein purpura nephritis in childhood: pathogenesis, prognostic factors and treatment[J]. Fukushima J Med Sci, 2013, 59(1): 15-26.
- [9] 唐雪梅. 过敏性紫癜病因及免疫发病机制[J]. 实用儿科临床杂志, 2012, 27(21): 1634-1636.
- [10] 李爽. 过敏性紫癜“阳络伤”与免疫失衡关系的研究[C]. 中华中医药学会儿科学分会第三十二次学术大会论文集, 2015: 327-329.
- [11] Li YY, Li CR, Wang GB, et al. Investigation of the change in CD4⁺ T

cell subset in children with Henoch-Schönlein purpura[J]. Rheumatol Int, 2012, 32(12): 3785-3792.

- [12] 范秋霞, 王春美, 盛光耀. Th17 细胞和白细胞介素-17 在儿童过敏性紫癜发病中作用[J]. 中华实用诊断与治疗杂志, 2010, 24(11): 1089-1090.
- [13] Rostoker G, Rymer JC, Bagnard G, et al. Imbalances in serum proinflammatory cytokines and their soluble receptors: a putative role in the progression of idiopathic IgA nephropathy (IgAN) and Henoch-Schönlein purpura nephritis, and a potential target of immunoglobulin therapy[J]. Clin Exp Immunol, 1998, 114(3): 468-476.
- [14] 刘文东, 于凌翔, 薛爱红, 等. 过敏性紫癜血清 TNF- α 、IL-4 和 IL-6 的变化及临床意义[J]. 中国儿童保健杂志, 2011, 19(1): 77-80.
- [15] 陈冬平. 紫癜性肾炎患者血清中 TNF- α 、TGF- β 1 和 IL-6 表达及其临床意义[J]. 中国老年学杂志, 2010, 30(15): 2217-2218.
- [16] 彭霄, 贺宏丽. 维生素 D 在脓毒症免疫调节中的作用研究进展[J]. 中华危重病急救医学, 2014, 26(3): 206-208.
- [17] 李金潺, 卫丹丹. 维生素 D 在自身免疫性疾病中的作用[J]. 中国全科医学, 2015, (18): 2184-2187.
- [18] 刘靖华. 过敏性紫癜患儿血清 25-羟维生素 D 水平变化[J]. 医学理论和实践, 2018, 10(4): 1001-7585.
- [19] 权志慧, 夏成云, 张国云, 等. 狼疮性肾炎患者狼疮活动度与血清维生素 D 水平变化及意义[J]. 国际泌尿系统杂志, 2015, 35(2): 187-190.
- [20] Li YC. Podocytes as target of vitamin D[J]. Curr Diabetes Rev, 2011, 7(1): 35-40.
- [21] Barreto DV, Barreto FC, Liabeuf S, et al. Vitamin D affects survival independently of vascular calcification in chronic kidney disease[J]. Clin J Am Soc Nephrol, 2009, 4(6): 1128-1135.
- [22] Inaguma D, Nagaya H, Hara K, et al. Relationship between serum 1, 25-dihydroxyvitamin D and mortality in patients with pre-dialysis chronic kidney disease[J]. Clin Exp Nephrol, 2008, 12(2): 126-131.
- [23] Ravani P, Malberti F, Tripepi G, et al. Vitamin D levels and patient outcome in chronic kidney disease[J]. Kidney Int, 2009, 75(1): 88-95.

收稿日期: 2019-02-02

20.015%、19.985%。SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂、SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂和 SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂预测的 MAPE、MER、MSE 和 MAE 依次分别为 9.119%、8.988%、1.874% 和 1.107%；11.000%、10.909%、2.552% 和 1.344%；8.711%、8.477%、1.857% 和 1.044%。结论 SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂为最优模型,拟合及预测效果优于图示法建立的 SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂模型。在 SARIMA 建模过程中应在图示法基础上采用凑试法,筛选最优参数,提高模型精度。

关键词: SARIMA;最优参数;图示法;手足口病

中图分类号:R512.5 文献标识码:A 文章编号:1006-3110(2019)12-1530-04 DOI:10.3969/j.issn.1006-3110.2019.12.036

Discussion on parameter setting of SARIMA model

LIU Tian^{1,2}, ZHANG Li-jie², WENG Xi-jun², MA Hui-lai², YAO Meng-lei¹, HUANG Ji-gui¹, WU Yang³

1. Jingzhou Municipal Center for Disease Control and Prevention, Jingzhou, Hubei 434000, China;

2. Chinese Field Epidemiology Training Program, Beijing 100050, China;

3. Hubei Provincial Center for Disease Control and Prevention, Wuhan, Hubei 430079, China

Corresponding author: LIU Tian, E-mail:6021975@qq.com

Abstract: **Objective** To compare the fitting and prediction effects of SARIMA models with different parameter settings, and to provide a basis for improving the accuracy of SARIMA model. **Methods** The monthly incidence rates of hand, foot and mouth disease (HFMD) in China from January 2009 to June 2015 were collected. The parameters p and q were determined according to the conventional graphic method, and the SARIMA model was established and recorded as the model 1. Then the parameters p and q were added or decremented by 1, a plurality of candidate models were constructed, and the optimal model was filtered and recorded as the model 2. The model 1 and the model 2 were employed to predict the incidence rates of HFMD from July to December in 2015, and then compared them with the actual values. Mean absolute percentage error (MAPE), mean error rate (MER), mean square error (MSE), and mean absolute error (MAE) were used to evaluate the fitting and prediction effects of the two models.

Results Model 1 was SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂. There were two models 2, including SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂ and SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂. In the fitting phase, the MAPE fitted by the SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂, SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂ and SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ were 22.891%, 20.015% and 19.985%, respectively. The MAPE, MER, MSE and MAE predicted by the SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂, SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂ and SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ were 9.119%, 8.988%, 1.874 and 1.107; 11.000%, 10.909%, 2.552 and 1.344; 8.711%, 8.477%, 1.857 and 1.044, respectively. **Conclusions** SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ is the best model, and its fitting and prediction effects are better than those of the SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂ model established by the graphic method. In the SARIMA modeling process, the approximate range of model parameters should be determined by the graphic method, and the optimal parameters should be screened by step-by-step methods to improve the accuracy of the model.

Key words: seasonal autoregressive integrated moving average; optimal parameter; graphic method; hand, foot and mouth disease

季节性求和自回归移动平均模型(seasonal autoregressive integrated moving average, SARIMA)是经典的时间序列预测模型,广泛应用于经济^[1]、农业^[2]、电力^[3]等领域。近年来,SARIMA 模型逐步被应用于疾病监测,应用 SARIMA 模型短期预测疾病流行强度的报道越来越多^[4-5],但关于该模型最优参数设置的文献较少。SARIMA 模型参数设置的好坏直接影响模型拟合及预测精度,目前该模型参数常用图示法进行设置,而该方法设置的参数是否为最优参数,尚未见文献报道。因此,本文利用全国 2009—2015 年手足口病发病率数据,首先按图示法建立 SARIMA 模型,之后在图示法确定的 SARIMA 参数基础上进行适当调整建立不同模型,评价参数调整前后 SARIMA 模型拟合及预测效果,筛选最优参数,为疾病监测领域该模型参数的设置提供参考。

1 资料与方法

1.1 资料 采用我国 2009—2015 年逐月手足口病发病率资料进行分析,该数据来源于公共卫生科学数据中心(<http://www.phsciencedata.cn/>)。手足口病在我国属于法定丙类传染病,全国手足口病疫情数据受偶然因素干扰较小,该数据拟合的模型能真实反映中国手足口病疫情的流行特征。

1.2 方法 运用全国 2009 年 1 月—2015 年 6 月逐月手足口病发病率拟合、训练不同参数下的 SARIMA 模型,评价拟合效果;利用 2015 年 7—12 月逐月手足口病发病率验证模型预测效果。采用平均绝对误差百分比(MAPE)、平均误差率(MER)、均方误差(MSE)和平均绝对误差(MAE)4 个指标评价模型拟合及预测效果。

1.2.1 SARIMA 模型原理 SARIMA 模型一般表达

式为 $SARIMA(p,d,q)(P,D,Q)_s$, 其中 p 为自回归阶数, d 为一般差分阶数, q 为移动平均阶数, P 为季节性自回归阶数, D 为季节性差分阶数, Q 为季节性移动平均阶数, s 为季节周期。SARIMA 模型建立的过程实际就是确定上述参数的过程。根据文献^[6-7], 传统建模方法一般包括 4 个步骤: ①序列平稳化。SARIMA 模型应用前提条件是时间序列平稳, 对于不平稳的时间序列采用差分(d)、季节性差分(D)和对数变换等方法使序列平稳, 采用单位根(ADF)检验检验序列平稳性。②模型定阶。一般地, 通过观察经变换后平稳序列的自相关图(ACF)和偏自相关图(PACF)来确定: ACF 图拖尾, PACF 图截尾, 则 $q=0$, p 值为 PACF 图截尾对应延迟阶数; ACF 图截尾, PACF 图拖尾, 则 $p=0$, q 值为 ACF 图截尾对应延迟阶数; ACF 图、PACF 图均拖尾, 采用凑试法确定。③参数估计和模型检验。该步骤与步骤②相互交叉进行。首先, 对备选模型的参数进行估计, 参数估计采用 t 检验, 无统计学差异的模型应剔除。其次进行拟合优度检验, 选取标准化 BIC 值、平均绝对误差百分比(MAPE)和平稳的 R^2 均最小者作为最优模型。最后, 进行残差检验。残差检验即对模型残差是否为白噪声进行检验, 常用检验方法是 Box-Ljung 统计量, 当 Box-Ljung 统计量无统计学差异, 提示残差为白噪声序列, 可以采用该模型进行预测。④预测。采用建立的最优模型进行短期预测。

1.2.2 不同 SARIMA 模型参数设置 按 2.1 方法建立模型记为模型 1。笔者查阅文献, 由于 p, q 值超过 2 的文献较少, 本文按 2.1 确定 p, q 值后, 在 p, q 值基础上加减 1; 同时 P, Q 值分别取 0、1、2 逐个尝试, 作为备选参数设置, 根据参数检验和拟合优度检验选择最优模型记为模型 2。

1.3 统计分析 采用 Excel 2007 整理数据, 利用 SPSS 25.0 软件建立 SARIMA 模型, 单位根检验采用 Eviews 9.0。检验水准 $\alpha=0.05$ 。

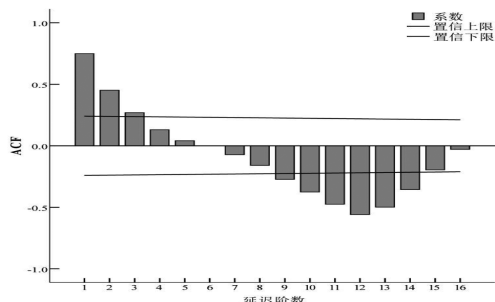


图 2 经自然对数转换、一次季节差分后转换序列的 ACF 图和 PACF 图

2 结果

2.1 一般情况 2009—2015 年全国共报告手足口病 13 323 246 例, 年均发病率为 141.40/10 万, 其中 2014 年发病率最高 (205.56/10 万), 2009 年发病率最低 (87.01/10 万)。总体来看, 2009—2015 年手足口病呈单峰型特点, 发病高峰为 4—7 月份, 发病数占病例总数的 59.41% (7 915 882/13 323 246)。分年份来看, 2009 年, 2010 年和 2015 年手足口病呈单峰型特点, 发病高峰为 4—7 月份; 2011—2014 年手足口病呈双峰型特点, 4—7 月份为第一个发病高峰, 10—12 月为次高峰。见图 1。

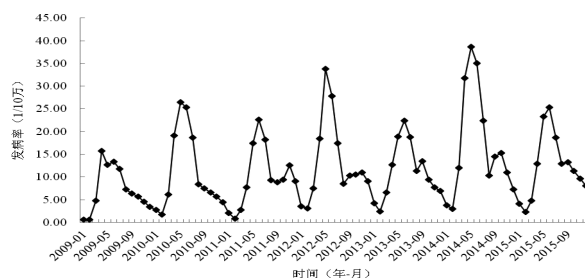


图 1 全国 2009—2015 年手足口病流行概况

2.2 模型 1 建立 由图 1 可知, 全国 2009 年 1 月—2015 年 6 月手足口病长期趋势不明显, 存在明显季节性, 对原始数据进行自然对数转换和一次季节差分, 变换后序列平稳 ($t(ADF) = -3.77, P < 0.05$)。观察变换后序列的 ACF 图和 PACF 图 (图 2), ACF 图拖尾, PACF 图 1 阶截尾, 确定 $p=1, q=0$ 。 P, Q 值分别取 0、1、2, 共 9 个备选模型, 利用 9 个备选模型拟合数据并进行参数检验和拟合优度检验, 结果见表 1。参数检验结果显示, 仅有 $SARIMA(1,0,0)(0,1,0)_{12}$ 、 $SARIMA(1,0,0)(1,1,0)_{12}$ 、 $SARIMA(1,0,0)(0,1,1)_{12}$ 三个模型参数均有意义。拟合优度检验结果显示, $SARIMA(1,0,0)(1,1,0)_{12}$ MAPE 最小, 平稳的 R^2 值最大, 标准化 BIC 值与 $SARIMA(1,0,0)(2,1,0)_{12}$ 相当, Box-Ljung $Q=17.308, P=0.366$, 残差为白噪声。最终确定模型 1 为 $SARIMA(1,0,0)(1,1,0)_{12}$ 。

2.3 模型 2 建立 由于 2.2 确定模型 1 参数 $p=1$, $q=0$,因此模型 2 参数 p 的备选值为 0,1,2,参数 q 的备选值为 0,1。由 2.2 知,当 P 值和(或) Q 值取 2 时,所得模型 SAR(2) 和(或)SMA(2) 参数检验均无统计学意义,提示 P 值和(或) Q 值不宜取 2。因此 P 、 Q 值分别取 0、1,包括模型 1 外共构建 23 个备选模型。经逐个试验,当参数 p 取 2,构建的 8 个模型 AR(2) 参数

检验均无统计学意义。除表 1 中 4 个备选模型外,其余 11 个模型参数估计和拟合优度检验见表 2。SARIMA(0,0,0)(1,1,0)₁₂ 等 8 个模型参数检验均有统计学意义,经拟合优度检验,SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂、SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ 各项指标相当,且优于其余模型,残差检验均为白噪声,2 个模型拟合效果相当,均为优选模型。

表 1 模型 1 备选模型 P、Q 参数估计及拟合优度检验

备选模型	SAR1		SAR ²		SMA1		SMA2		标准化	平稳的	MAPE
	值	P	值	P	值	P	值	P	BIC	R ²	(%)
SARIMA(1,0,0)(0,1,0) ₁₂	—	—	—	—	—	—	—	—	2.807	0.537	25.521
SARIMA(1,0,0)(1,1,0) ₁₂	-0.386	0.003	—	—	—	—	—	—	2.587	0.578	22.891
SARIMA(1,0,0)(2,1,0) ₁₂	-0.433	0.002	-0.102	0.477	—	—	—	—	2.718	0.576	23.476
SARIMA(1,0,0)(0,1,1) ₁₂	—	—	—	—	0.557	0.000	—	—	2.585	0.574	23.718
SARIMA(1,0,0)(1,1,1) ₁₂	0.070	0.790	—	—	0.614	0.020	—	—	2.657	0.573	23.792
SARIMA(1,0,0)(2,1,1) ₁₂	-1.371	0.349	-0.442	0.415	-0.993	0.939	—	—	2.784	0.577	23.222
SARIMA(1,0,0)(0,1,2) ₁₂	—	—	—	—	0.546	0.002	0.036	0.808	2.660	0.573	23.802
SARIMA(1,0,0)(1,1,2) ₁₂	-0.673	0.979	—	—	-0.152	0.995	0.355	0.979	2.711	0.578	23.464
SARIMA(1,0,0)(2,1,2) ₁₂	-0.306	0.910	0.134	0.664	0.228	0.934	0.291	0.843	2.751	0.577	23.391

表 2 模型 2 备选模型参数估计及拟合优度检验

备选模型	AR1		MA1		SAR1		SMA1		标准化	平稳的	MAPE
	值	P	值	P	值	P	值	P	BIC	R ²	(%)
SARIMA(0,0,0)(1,1,0) ₁₂	—	—	—	—	-0.615	0.000	—	—	3.010	0.212	27.926
SARIMA(0,0,0)(0,1,1) ₁₂	—	—	—	—	—	—	0.447	0.001	3.438	0.121	30.302
SARIMA(0,0,0)(1,1,1) ₁₂	—	—	—	—	-0.896	0.000	-0.510	0.014	2.913	0.247	27.990
SARIMA(0,0,1)(0,1,0) ₁₂	—	—	-0.993	0.000	—	—	—	—	2.881	0.489	25.242
SARIMA(0,0,1)(1,1,0) ₁₂	—	—	-0.907	0.000	-0.527	0.000	—	—	2.409	0.568	20.257
SARIMA(0,0,1)(0,1,1) ₁₂	—	—	-0.921	0.000	—	—	0.439	0.002	2.569	0.550	20.481
SARIMA(0,0,1)(1,1,1) ₁₂	—	—	-0.906	0.000	-0.777	0.000	-0.377	0.129	2.475	0.572	20.513
SARIMA(1,0,1)(0,1,0) ₁₂	0.717	0.000	-0.534	0.000	—	—	—	—	2.504	0.590	22.556
SARIMA(1,0,1)(1,1,0) ₁₂	0.655	0.000	-0.568	0.000	-0.382	0.002	—	—	2.304	0.624	20.015
SARIMA(1,0,1)(0,1,1) ₁₂	0.705	0.000	-0.549	0.000	—	—	0.498	0.001	2.343	0.621	19.985
SARIMA(1,0,1)(1,1,1) ₁₂	0.710	0.000	-0.547	0.000	0.044	0.879	0.539	0.056	2.421	0.621	20.006

2.4 拟合及预测效果比较 SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂ 和 SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ 模型拟合效果优于 SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂。利用 3 个模型预测 2015 年 7—12 月手足口病发病率并与实际值比较,结果见表 3。预测效果,SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂>SARIMA(1,0,0)(1,1,0)₁₂>SARIMA(1,0,1)(1,1,0)₁₂。

表 3 3 个模型预测效果比较

	MAPE(%)	MER(%)	MSE	MAE
SARIMA(1,0,0)(1,1,0) ₁₂	9.119	8.988	1.874	1.107
SARIMA(1,0,1)(1,1,0) ₁₂	11.000	10.909	2.552	1.344
SARIMA(1,0,1)(0,1,1) ₁₂	8.711	8.477	1.857	1.044

3 讨论

传染病预测是根据传染病的发生、发展规律及有关因素,通过分析判断和应用数学模型等方法,对传染病可能发生、发展的趋势及其变化水平进行判断,为制定预防和控制传染病的应对策略提供依据^[8]。目前国内学者^[9-13]在传染病预测领域应用最多的预测方法为时

间序列方法中的 SARIMA 模型,但 SARIMA 模型在疾病监测领域的研究多属于应用性研究,建模步骤与模型 1 类似,采用图示观察法对模型定阶。但图示法往往存在主观性^[6],对多个模型备选参数进行评价以提高模型可信度和准确性具有重要意义。本文利用全国 2009—2015 年手足口病数据,按照图示法建立模型 1。再对模型 1 参数 p,q 加减 1 进行调整,构造多个备选模型,筛选最优模型为模型 2,比较模型 1 和模型 2 的拟合及预测效果,选择最优模型,为科学建立 SARIMA 模型、优化模型精度提供依据。

本文结果显示,在图示法基础上采用凑试法建立的 SARIMA(1,0,1)(0,1,1)₁₂ 为最优拟合及预测模型,而非图示法建立的模型 1,这与王燕^[6]、孙振球^[7]学者著述的 SARIMA 建模方法存在一定差异。沈忠周等^[14]采用 R 软件拟合 SARIMA 模型分 2 步。首先,利用“auto.arima()”函数筛选多个备选参数;其次,再通过模型检验筛选最优模型,最终确定 SARIMA(4,1,1)(1,1,1)₁₂ 为最优预测模型,与图示法建模步骤存在差异,作