

SARIMA-GRNN 组合模型和 SARIMA 模型在流行性腮腺炎发病率预测中的应用

刘天^{1,2}, 姚梦雷¹, 黄继贵¹, 吴杨³, 陈琦³, 童叶青³, 陈红缨³, 梅芳盛¹

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 探讨 SARIMA-GRNN 组合模型和 SARIMA 模型在流行性腮腺炎发病率预测中的应用, 并对他们的预测效果进行比较。方法 选取 2004—2016 年上海市流行性腮腺炎逐月发病率资料, 基于 2004 年 1 月—2016 年 6 月的数据建立 SARIMA 模型。利用 2004—2015 年流行性腮腺炎的 SARIMA 模型拟合值与实际值、时间因子训练 SARIMA-GRNN 组合模型, 并运用 2016 年 1—6 月数据进行验证, 筛选模型最优平滑因子 (spread)。采用 2016 年 7—12 月数据进行回代验证模型的外推预测效果。评价指标包括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)。结果 SARIMA(0,0,2)(0,1,1)₁₂ 为最优 SARIMA 模型。SARIMA-GRNN 组合模型 spread 值为 0.0037。SARIMA 模型、SARIMA-GRNN 组合模型拟合的 MAPE、MER、MSE 和 MAE 依次分别为 16.19%、15.18%、0.14、0.25; 2.93%、2.28%、0.01、0.04。SARIMA 模型、SARIMA-GRNN 组合模型预测的 MAPE、MER、MSE 和 MAE 依次分别为 17.40%、17.26%、0.03、0.16; 15.24%、15.50%、0.02、0.14。结论 SARIMA-GRNN 组合模型拟合及预测效果均优于 SARIMA 模型, 但预测精度有待进一步提高。

关键词: SARIMA; GRNN; 组合模型; 流行性腮腺炎

中图分类号: R512.1 **文献标识码:** A **文章编号:** 1006-3110(2021)01-0108-05 **DOI:** 10.3969/j.issn.1006-3110.2021.01.030

Application of SARIMA-GRNN combination model and SARIMA model to predicting the incidence rate of mumps

LIU Tian^{1,2}, YAO Meng-lei¹, HUANG Ji-gui¹, WU Yang³, CHEN Qi³, TONG Ye-qing³, CHEN Hong-ying³, MEI Fang-sheng¹

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

基金项目: 湖北省卫生计生委疾控专项 (WJ2016JT-002)

作者简介: 刘天 (1991-), 男, 本科, 医师, 研究方向: 急性传染病防治。

通信作者: 梅芳盛, E-mail: jzcrbs@163.com。

- [5] 陈风慧, 王晓华, 范春梅. 补充外源性维生素 D 对老年溃疡性结肠炎患者氧化-抗氧化失衡、肠道黏膜屏障和临床预后的影响[J]. 陕西医学杂志, 2018, 47(12): 1634-1637.
- [6] 中华医学会消化病学分会炎症性肠病学组. 炎症性肠病诊断与治疗的共识意见 (2012 年·广州) [J]. 中华内科杂志, 2012, 51(10): 818-831.
- [7] Zundler S, Becker E, Schulze LL, et al. Immune cell trafficking and retention in inflammatory bowel disease: mechanistic insights and therapeutic advances[J]. Gut, 2019, 68(9): 1688-1700.
- [8] Özdemir RB, Özdemir AT, Sariboyac AE, et al. The investigation of immunomodulatory effects of adipose tissue mesenchymal stem cell educated macrophages on the CD4 T cells[J]. Immunobiology, 2019, 224(4): 585-594.
- [9] Hessov I, Mosekilde L, Melsen F, et al. Osteopenia with normal vitamin D metabolites after small-bowel resection for Crohn's disease[J]. Scandinavian J Gastroenterol, 1984, 19(5): 691-696.
- [10] Joseph AJ, George B, Pulimood AB, et al. 25 (OH) vitamin D level in Crohn's disease: association with sun exposure & disease activity[J]. Indian J Med Res, 2009, 130(2): 133-137.
- [11] Al-Shamma H, Lehmann-Bruinsma K, Carroll C, et al. The selective sphingosine 1 - phosphate receptor modulator etrasimod regulates lymphocyte trafficking and alleviates experimental colitis [J]. J Pharmacol Exp Ther, 2019, 369(3): 311-317.
- [12] 王晖, 黄海涛, 梁三红, 等. 英夫利西单抗联合硫唑嘌呤片对炎症性肠病患者 T 淋巴细胞的影响[J]. 实用药物与临床, 2017, 20(9): 1039-1042.
- [13] Martins F, Sofiya L, Sykiotis GP, et al. Adverse effects of immune-checkpoint inhibitors: epidemiology, management and surveillance [J]. Nat Rev Clin Oncol, 2019, 16(9): 563-580.
- [14] Shi X, Yang W, Wang N, et al. Circulating JNK pathway-associated phosphatase level correlates with decreased risk, activity, inflammation level and reduced clinical response to tumor necrosis factor- α inhibitor in Crohn disease patients [J]. Medicine (Baltimore), 2019, 98(33): e16622.
- [15] 李毅, 刘艳, 闫曙光, 等. 调肠经典三方对 UC 大鼠结肠细胞因子 IL-17、IL-23、IL-6、IL-10 及 TNF- α 的影响[J]. 现代中西医结合杂志, 2017, 26(9): 920-924.
- [16] Luo W, Shen Z, Deng M, et al. Roseburia intestinalis supernatant ameliorates colitis induced in mice by regulating the immune response [J]. Mol Med Rep, 2019, 20(2): 1007-1016.

收稿日期: 2020-05-09

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

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

Corresponding author: MEI Fang-sheng, E-mail:jzcrbs@163.com

Abstract: Objective To explore the application of seasonal autoregressive integrated moving average-generalized regression neural network (SARIMA-GRNN) combination model and seasonal autoregressive integrated moving average (SARIMA) model to forecasting the incidence rate of mumps, and to compare the predicated effect between them. **Methods** Data regarding the monthly incidence rate of mumps in Shanghai from 2004 to 2016 were collected, and the SARIMA model was established based on the data from January 2004 to June 2016. The SARIMA model fitted and actual values and time factors for the monthly incidence of mumps in 2004-2015 were used to train the SARIMA-GRNN combination model. The data from January to June in 2016 were used for verification, and the model optimal smoothing factor (spread) was screened. The data about the period from July to December in 2016 were introduced back to the established models to evaluate their predictive capacity. The indexes of fitting efficiency and predictive capacity of the models included mean absolute error percentage (MAPE), mean error rate (MER), mean square error (MSE), and mean absolute error (MAE). **Results** The SARIMA (0,0,2)(0,1,1)₁₂ model was the most appropriate SARIMA model. The spread value of SARIMA-GRNN combined model was 0.0037. In the fitting phase, the MAPE, MER, MSE and MAE fitted by the single SARIMA model were 16.19%, 15.18%, 0.14% and 0.25%, respectively, and those fitted by the SARIMA-GRNN combination model were 2.93%, 2.28% 0.01% and 0.04%, respectively. The MAPE, MER, MSE and MAE predicted by the single SARIMA model were 17.40%, 17.26%, 0.03 and 0.16, respectively, and those predicted by the SARIMA-GRNN combination model were 15.24%, 15.50%, 0.02 and 0.14, respectively. **Conclusions** The SARIMA-GRNN combination model is superior to the SARIMA model in fitting and prediction of monthly incidence of mumps, but the prediction accuracy needs to be further improved.

Keywords: seasonal autoregressive integrated moving average; generalized regression neural network; combination model; mumps

流行性腮腺炎是由腮腺炎病毒感染引起的常见急性呼吸道传染病,呈世界性分布,在我国属于法定丙类传染病,多发生于儿童,呈散发或流行,在集体儿童机构中可形成暴发流行^[1-3]。大多数患者症状轻微,少数可伴发脑膜炎、胰腺炎、睾丸炎等,甚至死亡^[4]。流行性腮腺炎严重危害我国青少年身心健康。及时准确对流行性腮腺炎的疫情趋势进行预测,对指导以含腮腺炎疫苗接种为主的防控措施有效落实具有重大意义。既往研究多采用求和自回归移动平均季节乘积(seasonal autoregressive integrated moving average, SARIMA)模型^[5]、指数平滑法^[6]等传统时间序列预测方法建立流行性腮腺炎预测模型,SARIMA模型与广义回归神经网络(generalized regression neural network, GRNN)的组合模型在流行性腮腺炎预警模型的研究尚未见报道。本研究选取上海市 2004—2016 年流行性腮腺炎逐月发病率数据,分别建立 SARIMA 模型和 SARIMA-GRNN 组合模型,比较两个模型拟合及预测效果,为提高流行性腮腺炎预测模型精度提供科学依据。

1 资料与方法

1.1 资料 选择上海市 2004—2016 年逐月流行性腮腺炎发病率资料进行建模分析,资料来源于公共卫生科学数据中心(<http://www.phsciencedata.cn/>)。运用

上海市 2004 年 1 月—2016 年 6 月逐月流行性腮腺炎发病率拟合、训练模型,利用 2016 年 7—12 月逐月流行性腮腺炎发病率验证模型预测效果。

1.2 方法

1.2.1 SARIMA 模型^[7] SARIMA 模型一般形式为 SARIMA(p, d, q)(P, D, Q)_s, 其中 p 和 q 分别为自回归和移动平均阶数, d 为差分阶数, P 和 Q 分别为季节性自回归和季节性移动平均阶数, D 为季节性差分阶数, s 为季节周期和循环长度。SARIMA 建模过程分为 4 步:①序列平稳化。通过单位根检验判断序列平稳性。对于非平稳序列采用自然对数转换,差分和季节性差分使序列平稳,确定 d, D 值。②模型识别。根据自相关(auto-correlation function, ACF)图、偏自相关(partial auto-correlation function, PACF)图特征确定 p, q 值; P, Q 值采用凑试法筛选。③拟合优度检验。根据贝叶斯(Bayesian Information Criterion, BIC)准则、平稳的 R^2 、平均绝对相对误差百分比(mean absolute error percentage, MAPE)筛选最优模型;通过 t 检验各模型中参数差异是否有统计学意义;对模型残差进行检验,通常采用 Box-Ljung 统计量,残差为白噪声序列说明建立模型可以用于预测。④预测。利用建立的 SARIMA 模型预测 2016 年 7—12 月上海市流行性腮腺炎发病趋势。

1.2.2 SARIMA-GRNN 组合模型 GRNN 神经网络模型是径向基神经网络的一种变形形式,具有良好的非线性逼近性能。GRNN 神经网络由四层构成,包括输入层、隐含层、加和层和输出层。输入层和输出层取决于训练样本向量维度;隐含层为径向基层,奇函数采用高斯函数;加和层的神经元包括分母单元和分子单元;输出层将分子单元、分母单元输出相除,即得到输出层。GRNN 神经网络模型构建最为重要的是隐含层的平滑因子的选取,在实际应用中采用凑试法进行选择。本研究利用 MATLAB R2016a 软件建立 GRNN 神经网络,采用函数为 `newgrnn()`,采用凑试法确定平滑因子;为消除数据量纲的影响,采用 `mapminmax()` 进行归一化^[8]。SARIMA-GRNN 组合模型构建的基本思想是将 SARIMA 模型拟合值作为输入样本,本研究参考文献^[9],加入时间信息作为输入样本,实际值作为输出样本,建立 2 维输入、1 维输出的 GRNN 模型,通过 GRNN 不断学习、模拟、归纳输入和输出变量之间的关系。时间信息即指疾病的季节性,首先计算采用 SPSS 软件中“预测”菜单中的子菜单“季节性分解”计算 2004 年 1 月—2016 年 6 月的季节指数,计算原理及操作参考文献^[10];再根据各月份季节指数由小到大,将各月份分别赋值 1,2,3,...,12,组成包含时间信息的输入向量。待模型训练完成后,可用于开展预测,即将 SARIMA 模型获得的预测值和相应时间变量作为输入,可以获得组合模型的预测结果。本研究利用 2004—2015 年上海市流行性腮腺炎逐月发病率实际值和 SARIMA 拟合值建立 SARIMA-GRNN 组合模型;利用 2016 年 1—6 月上海市流行性腮腺炎逐月发病率实际值和 SARIMA 拟合值 6 组数据筛选平滑因子^[11]最优值,筛选评价指标选择 MAPE。利用建立的 SARIMA-GRNN 组合模型预测 2016 年 7—12 月上海市流行性腮腺炎发病趋势。

1.3 统计学处理 应用 Excel 2007 整理数据;利用 SPSS 20.0 建立 SARIMA 模型,并计算季节指数;运用 MATLAB R2016a 模型建立 GRNN 神经网络模型;ADF 检验采用 Eviews 9.0。采用 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)4 个指标评价 2 个模型拟合、预测效果。发病率的趋势性变化采用线性趋势检验(linear by linear association χ^2 检验),检验水准 $P < 0.05$ 为差异有统计学意义。

2 结果

2.1 流行概况 2004—2016 年上海市累计报告流行性腮腺炎 49 004 例,年均发病率为 18.37/10 万,发病率最高的为 2004 年(37.84/10 万),最低的为 2016 年(9.81/10 万),流行性腮腺炎发病率呈逐年下降趋势($\chi^2_{趋势} = 9\,561.45, P < 0.001$)。季节分解结果显示,1—12 月的季节指数依次为 0.57、0.50、0.83、1.11、1.34、1.57、1.91、1.05、1.01、0.83、0.70、0.58,流行性腮腺炎发病呈单峰型特点,见图 1。

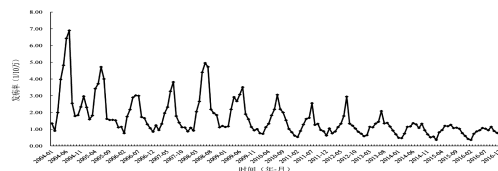


图 1 2004—2016 年上海市流行性腮腺炎逐月发病率时间序列图

2.2 SARIMA 模型构建 原始序列经 ADF 检验($t = -2.75, P = 0.068$),序列非平稳。对原始序列进行自然对数转换、一次步长为 12 的季节差分后,序列平稳($t = -6.32, P < 0.001$),确定 $d = 0, D = 1$ 。再观察经变换后序列的 ACF 图和 PACF 图(图 2),ACF 图显示,在延迟 2 阶后自相关系数迅速下降,而后基本落在 2 倍标准差范围内,可以认为 ACF 图延迟 2 阶截尾;PACF 图显示偏自相关系数在延迟 1 阶、延迟 4 阶、延迟 12 阶均落在两倍标准差范围外,呈拖尾现象。确定 $P = 0, q = 2$ 。 P, Q 分别取 0,1,2 共 9 个备选模型,参数检验及拟合优度检验结果,见表 1。参数均有统计学意义的模型包括 SARIMA(0,0,2)(1,1,0)₁₂、SARIMA(0,0,2)(2,1,0)₁₂ 和 SARIMA(0,0,2)(0,1,1)₁₂,其中 SARIMA(0,0,2)(0,1,1)₁₂ 标准化 BIC 值、MAPE 值最小,平稳的 R^2 值最大,且经 Box-Ljung 统计量残差为白噪声序列,选取该模型为 SARIMA 最优模型。

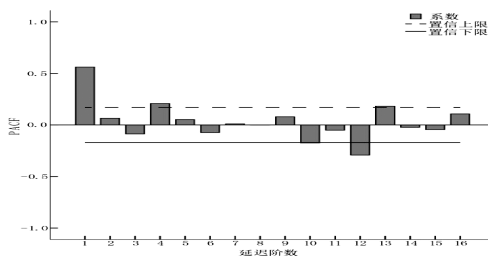
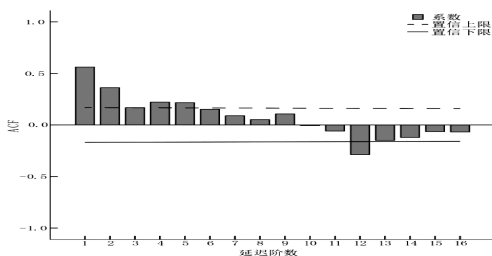


图 2 经变换序列的 ACF 图和 PACF 图

表 1 SARIMA(0,0,2)(P,1,Q)₁₂ 备选模型参数检验和拟合优度检验

备选模型	SAR1		SAR2		SMA1		SMA2		Box-Ljung 统计量		标准化	平稳的	MAPE (%)
	值	P 值	值	P 值	值	P 值	值	P 值	值	P 值	BIC	R ²	
SARIMA(0,0,2)(0,1,0) ₁₂	-	-	-	-	-	-	-	-	28.05	0.031	-1.57	0.343	18.932
SARIMA(0,0,2)(1,1,0) ₁₂	-0.43	0.001	-	-	-	-	-	-	15.75	0.399	-1.68	0.448	17.110
SARIMA(0,0,2)(2,1,0) ₁₂	-0.55	0.001	-0.31	0.001	-	-	-	-	10.97	0.688	-1.67	0.484	16.421
SARIMA(0,0,2)(0,1,1) ₁₂	-	-	-	-	0.73	0.001	-	-	10.62	0.779	-1.76	0.515	16.187
SARIMA(0,0,2)(1,1,1) ₁₂	0.04	0.751	-	-	0.75	0.001	-	-	10.14	0.752	-1.72	0.516	16.156
SARIMA(0,0,2)(2,1,1) ₁₂	-0.04	0.819	-0.13	0.327	0.67	0.001	-	-	9.37	0.744	-1.68	0.518	16.169
SARIMA(0,0,2)(0,1,2) ₁₂	-	-	-	-	0.70	0.001	0.04	0.685	10.01	0.762	-1.72	0.516	16.148
SARIMA(0,0,2)(1,1,2) ₁₂	-0.89	0.001	-	-	-0.25	0.998	0.75	0.992	7.99	0.695	-1.68	0.521	15.989
SARIMA(0,0,2)(2,1,2) ₁₂	-0.91	0.001	-0.03	0.845	-0.25	0.916	0.74	0.680	10.32	0.588	-1.64	0.520	16.023

表 2 2 个模型拟合及预测效果比较

模型	拟合效果				预测效果			
	MAPE (%)	MER (%)	MSE	MAE	MAPE (%)	MER (%)	MSE	MAE
SARIMA(0,0,2)(0,1,1) ₁₂	16.19	15.18	0.14	0.25	17.40	17.26	0.03	0.16
SARIMA-GRNN 组合模型	2.93	2.28	0.01	0.04	15.24	15.50	0.02	0.14

2.3 SARIMA-GRNN 组合模型构建 由 2.1 知,上海市流行性腮腺炎具有明显季节特征,为了更加充分提取季节信息,根据各月份季节指数大小,将各月份分别赋值 1,2,3,⋯,12。则 1—12 月值依次分别为 2、1、6、9、10、11、12、8、7、5、4、3。将基于模型 SARIMA(0,0,2)(0,1,1)₁₂ 的 2004—2015 年流行性腮腺炎发病率拟合值作为一个输入向量,将月份赋值作为另一个输入向量,对应各月份实际值作为输出向量组成 2 维输入,1 维输出的 GRNN 神经网络模型。将 spread 设置为 0.00001~0.01,间距为 0.00005,共 200 个备选值,利用 2016 年 1—6 月数据,采用 MAPE 筛选最优 spread 值。筛选结果见图 3,spread 值取 0.00001~0.0037 之间值,MAPE 均为 20.80%,当 spread 值过小,模型存在过学习可能^[8],为防止模型过学习,最终确定 spread=0.0037。

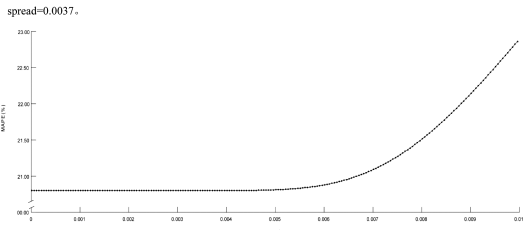


图 3 平滑因子 (spread) 筛选结果

2.4 模型拟合及预测效果比较 分别利用 SARIMA(0,0,2)(0,1,1)₁₂ 模型、SARIMA-GRNN 组合模型预测 2016 年 7—12 月流行性腮腺炎发病率并与实际值比

较,评价 2 个模型预测效果。因 SARIMA-GRNN 组合模型仅拟合 2004—2015 年数据,为保证可比性,利用 2004—2015 年流行性腮腺炎实际值与 2 个模型拟合值比较,评价 2 个模型拟合效果,见表 2、图 4,拟合及预测效果,SARIMA-GRNN 组合模型均优于 SARIMA 模型。

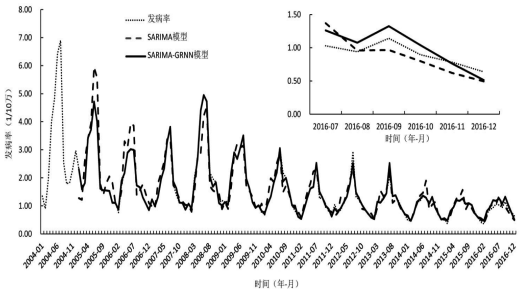


图 4 SARIMA 模型、SARIMA-GRNN 组合模型拟合及预测效果

3 讨论

对于疾病的预测预警,目前国内外不少学者从不同角度开展了大量研究。其中时间序列预测模型是疾病监测领域应用最为广泛的预测方法。传染病发病率序列的前后数据之间存在着十分复杂的影响关系,既包括线性关系又包括非线性关系,SARIMA 模型作为经典的时间序列模型,在线性预测问题的研究中表现较好,而对非线性预测问题的处理往往不尽如人意^[12]。GRNN 作为径向基神经网络的一种变形形式,具有很好的非线性映射能力^[8]。因此国内有学者尝试将 SARIMA 模型与 GRNN 模型进行组合,用于病毒性肝炎^[13]、肺结核^[14] 的疫情预测,结果均显示 SARIMA-GRNN 组合模型预测精度明显高于 SARIMA 模型,组合模型对线性 and 非线性信息提取更为充分。但 SARIMA-GRNN 组合模型在流行性腮腺炎发病率预测中的研究

尚未见报道。本研究结果显示, SARIMA-GRNN 组合模型拟合及预测效果均优于 SARIMA 模型, 与既往研究^[8,13] 结论一致, 提示 SARIMA-GRNN 组合模型对上海市流行性腮腺炎发病率的信息提取较 SARIMA 模型更加充分。

GRNN 神经网络模型建模的关键是输入向量的选取和参数 spread 的设置。神经网络由于开发性好、可解释性差的特点, 输入向量的选取缺乏统一标准, 往往取决于建模者的专业背景和数据本身特点。作者通过查阅文献发现, 目前已有研究^[11,14-17] 多建立以 SARIMA 拟合值作为输入、实际值作为输出的 1 维输入和 1 维输出的 SARIMA-GRNN 组合模型。但流行性腮腺炎季节性是影响其发病率的重要因素, 本研究考虑尝试根据季节指数大小给予月份分别赋值, 将时间因素作为一个输入向量纳入模型, 建立 2 维输入、1 维输出的 SARIMA-GRNN 组合模型。结果显示, SARIMA-GRNN 组合模型较 SARIMA 拟合精度大幅提升, 提示将时间因素纳入模型效果较好。参数 spread 的设置, 本研究采用凑试法, 选择 MAPE 作为筛选指标, 效果较好; 既往研究^[18-19] 选择 SSE、MSE 作为筛选指标, 也取得了较好效果; 提示在实际应用中可根据实际情况选择不同筛选指标。

本研究也存在一定的局限性。一是本研究仅将 GRNN 神经网络模型与 SARIMA 模型进行组合, 未纳入更多神经网络模型, 如 BPNN、RBFNN 与 SARIMA 模型进行组合; SARIMA-GRNN 组合模型较 SARIMA 模型拟合效果显著提升, 但预测效果提升不显著, 上海市流行性腮腺炎发病率的预测模型有待进一步研究。二是仅选取 SARIMA 拟合值和时间因素作为输入向量, 未探讨将其它因素(如年份、疫苗接种率等)纳入模型后的效果。下一步将尝试纳入不同神经网络模型与时间序列模型进行多种组合, 并纳入多维输入向量, 以提高组合模型预测精度, 为流行性腮腺炎的疫情研判和防控策略制定提供科学指导。

参考文献

[1] Yung CF, Ramsay M. Estimating true hospital morbidity of complications associated with mumps outbreak, England, 2004/05[J]. Eur Surveill, 2016, 21(33):30320.

[2] Ho YC, Su BH, Su HJ, et al. The association between the incidence of mumps and meteorological parameters in Taiwan [J]. Hum Vaccin Immunother, 2015, 11(6):1406-1412.

[3] Cui A, Zhu Z, Hu Y, et al. Mumps epidemiology and mumps virus genotypes circulating in mainland China during 2013-2015[J]. PLoS One, 2017, 12(1):e0169561.

[4] Yung CF, Andrews N, Bukasa A, et al. Mumps complications and effects of mumps vaccination, England and Wales, 2002-2006[J]. Emerg Infect Dis, 2011, 17(4):661-667.

[5] Xu Q, Li R, Liu Y, et al. Forecasting the incidence of mumps in Zibo City based on a SARIMA model[J]. Int J Environ Res Public Health, 2017, 14(8):925.

[6] 柳林, 刘继锋. 西安市 2007—2016 年流行性腮腺炎流行病学分析及发病趋势预测[J]. 国外医学(医学地理分册), 2017, 38(3):222-224, 227.

[7] 王燕. 应用时间序列分析[M]. 第 3 版. 北京:中国人民大学出版社, 2012:141-147.

[8] 陈明. MATLAB 神经网络原理与实例精解[M]. 清华大学出版社: 2013, 268-269.

[9] 严薇荣. 传染病预警指标体系及三种预测模型的研究[D]. 武汉:华中科技大学, 2008.

[10] 王彤. 医学统计学与 SPSS 软件应用[M]. 北京大学医学出版社, 2008:338-340.

[11] 王雅文, 沈忠周, 严宝湖, 等. ARIMA 模型和 ARIMA-GRNN 模型在 AIDS 发病预测中的应用[J]. 中华疾病控制杂志, 2018, 22(12):1287-1290.

[12] 刘天, 张丽杰, 翁熹君, 等. SARIMA 模型参数设置探讨[J]. 实用预防医学, 2019, 26(12):1530-1533.

[13] Wei W, Jiang J, Liang H, et al. Application of a combined model with autoregressive integrated moving average (ARIMA) and generalized regression neural network (GRNN) in forecasting hepatitis incidence in Heng County, China[J]. PLoS One, 2016, 11(6):e0156768.

[14] 王华, 田昌伟, 王文明, 等. 应用 SARIMA-GRNN 组合模型分析肺结核流行的季节性特征[J]. 预防医学, 2019, 31(1):55-58.

[15] 马洁, 田野, 黄璐, 等. ARIMA 乘积季节模型与广义回归神经网络模型在布鲁菌病发病预测的比较[J]. 山东大学学报(医学版), 2018, 310(6):76-82.

[16] 黄璐, 孙娜, 许小珊, 等. 广义回归神经网络在布鲁氏菌病预测中的应用[J]. 郑州大学学报(医学版), 2018, 53(6):751-754.

[17] Zhang GL, Huang SQ, Duan QH, et al. Application of a hybrid model for predicting the incidence of tuberculosis in Hubei, China [J]. PLoS One, 2013, 8(11):e80969.

[18] Ren H, Li J, Yuan ZA, et al. The development of a combined mathematical model to forecast the incidence of hepatitis E in Shanghai, China[J]. BMC Infect Dis, 2013, 13(1):421-421.

[19] Zhang X, Liu Y, Yang M, et al. Comparative study of four time series methods in forecasting typhoid fever incidence in China[J]. PLoS One, 2013, 8(5):e63116.

收稿日期:2019-10-11