

文章编号: 1001-0580(2004)12-1409-03

中图分类号: R181.8

文献标识码: A

【论 著】

GM(1,1)模型在洞庭湖区血吸虫病发病预测中应用*

赛晓勇¹, 张治英¹, 闫永平¹, 蔡凯平², 李岳生², 周晓农³, 夏结束⁴, 薛富波⁴, 徐德忠¹

摘要: **目的** 对洞庭湖区退田还湖地区中山试点血吸虫病发病进行预测, 并为国家卫生机构合理分配卫生资源提供决策依据。 **方法** 应用 GM(1,1)模型对中山试点血吸虫病患病率建模并进行残差修正, 进行 3 年预测。 **结果** 中山试点 GM(1,1)模型平均相对误差为 13.61%, 模型精度为差; 残差 GM(1,1)模型平均相对误差为 4.85%, 模型精度为优。残差修正预测模型为 $X^{(1)}(k+1) = -19.373\ 641 e^{-0.081\ 742 k} + 20.677\ 187$ 。连续 3 年预测值分别为 15.71%, 16.54% 和 17.53%。 **结论** 中山试点残差 GM(1,1)模型预测效果好; 血吸虫病发病在未来 3 年内有缓慢上升的趋势; 要加强血防工作。

关键词: 统计预测; GM(1,1); 血吸虫病; 退田还湖

Application of grey model(1,1) in prediction of schistosomiasis prevalence in areas of breaking dikes or opening sluice for waterstore in Dongting lake SAI Xiao-yong, ZHANG Zhi-ying, YAN Yong-ping, et al. Department of Epidemiology, Faculty of Preventive Medicine, the fourth Military Medical University(Xi'an 710033, China)

Abstract: **Objective** To forecast the schistosomiasis prevalence in Zhongshan village of “breaking dikes or opening sluice for waterstore” in Dongting Lake and to provide decision support for the government. **Methods** Grey model(1,1) was applied and residual was ameliorated. **Results** Average relative error of schistosomiasis prevalence grey model(1,1) in Zhongshan village was 13.61%, and model accuracy was not good. Everage relative error of grey model(1,1) which residual was ameliorated was 4.85%, and model accuracy was good. Residual-ameliorated model was $X^{(1)}(k+1) = -19.373\ 641 e^{-0.081\ 742 k} + 20.677\ 187$. The predicted values of future three years were 15.71%, 16.54% and 17.53% respectively. **Conclusion** The prediction effect of residual-ameliorated model is successful. Schistosomiasis prevalence in Zhongsha village will increase in the future three years. Schistosomiasis preventive work should be reinforced.

Key words: statistical prediction; Grey model(1,1); schistosomiasis; breaking dikes or opening sluice for waterstore

血吸虫病的传播过程是一个多因素、多层次的复杂系统, 既有已为人知的白色信息, 又有尚未发现的黑色信息, 更多的是人们不完全清楚的灰色信息, 属于典型的灰色系统。我们应用 GM(1,1)模型对国家“十五”课题湖南洞庭湖区退田还湖单退试点的病情资料进行分析并预测, 以期为国家卫生机构合理分配卫生资源提供决策依据。

1 材料和方法

1.1 材料 收集洞庭湖区退田还湖地区湘阴县青潭乡中山试点 1998~2003 年随机抽样粪检阳性率的病情资料。该试点是单退点之一(单退即退人不退田, 洪水期人转移, 洪水过后返回种田)。其常住人口 3 000 人, 面积为 1 142 万 m², 1998 年溃垸后退田还湖, 实行移民建镇, 为湖南省血吸虫病重灾区监测试点之一。全部资料由湖南省血防所及湘阴县血防办提供。

1.2 方法

1.2.1 模型建立 假定给定时间数据序列 X⁽⁰⁾有 n 个值, X^{(0)}={X⁽⁰⁾(k), k=1, 2, …, n}, 作相应的 1 阶累加序列 X^{(1)}={X⁽¹⁾(k), k=1, 2, …, n}, 则序列{X⁽¹⁾(k), k=1, 2, …, n}的 GM(1,1)模型的白化微分方程为: dX^{(1) / dt + aX^{(1)}=μ 式中: a 为发展灰数; μ 为内生控制灰数。设 α 为待估参数向量,}}}}

$$\alpha = \begin{pmatrix} a \\ \mu \end{pmatrix} = (B^T B)^{-1} B^T Y_n,$$

$$B = \begin{pmatrix} -\frac{1}{2} [X^{(1)}(1) + X^{(1)}(2)] & 1 \\ -\frac{1}{2} [X^{(1)}(2) + X^{(1)}(3)] & 1 \\ \vdots & \vdots \\ -\frac{1}{2} [X^{(1)}(n-1) + X^{(1)}(n)] & 1 \end{pmatrix},$$
$$Y_n = \begin{pmatrix} X^{(0)}(2) \\ X^{(0)}(3) \\ \vdots \\ X^{(0)}(n) \end{pmatrix}, \text{ 求解微分方程}$$

可得预测模型: $X^{(1)}(k+1) = \left[X^{(0)}(1) - \frac{\mu}{a} \right] e^{-ak} + \frac{\mu}{a}$
k=0, 1, 2, …, n

1.2.2 模型检验 包括残差检验、关联度检验和后验差检验。残差检验是按预测模型计算 X^{(1)}(i), 并将 X^{(1)}(i) 累减生成 X^{(0)}(i), 然后计算原始序列 X^{(0)}(i) 与 X^{(0)}(i) 的绝对误差序列及相对误差序列。Δ^{(0)}(i) = |X^{(0)}(i) - X^{(0)}(i)| i=1, 2, …, n; Φ(i) = $\frac{\Delta^{(0)}(i)}{X^{(0)}(i)} \times 100\%$ i=1, 2, …, n。绝对误差越小越好, 相对误差一般认为小于 0.5% 为好。关联度检验是根据 X^{(0)}(i) 与原始序列 X^{(0)}(i) 的关联系数计算出关联度, 当 ρ = 0.5 时一般认为大于 0.6 满意。后验差检验需计算原始序}}}}}}}}}}

列的标准差 S₁ = $\sqrt{\frac{\sum [X^{(0)}(i) - X^{(0)}]^2}{n-1}}$ 和绝对误差序列的标准差 S₂ = $\sqrt{\frac{\sum [\Delta^{(0)}(i) - \Delta^{(0)}]^2}{n-1}}$, 然后计算方差比和小误差概率: C=S₂/S₁, P=p{|Δ^{(0)}(i) - Δ^{(0)}| < 0.674 5S₁} , 令 e_i = |Δ^{(0)}(i) - Δ^{(0)}|, S₀=0.647 5 S₁, 则 P=p{e_i < S₀}。判断标准见表 1, 若残差检验、关联度检验和后验差检验都能通过,}}}}

* 基金项目: 国家“十五”科技攻关项目(2001BA705B08)
作者单位: 1. 第四军医大学预防医学系流行病学教研室, 西安 710033; 2. 湖南省血防所; 3. 中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所; 4. 第四军医大学预防医学系统计学教研室
作者简介: 赛晓勇(1974—), 男, 回族, 山东济南人, 硕士在读, 讲师, 主要从事流行病学研究。
通讯作者: 徐德忠

可以该模型进行预测, 否则进行残差修正。

表 1 模型检验后精度等级

模型精度等级	C	P 值
1 级(好)	$C \leq 0.35$	$0.95 \leq P$
2 级(合格)	$0.35 \leq C < 0.5$	$0.8 \leq P < 0.95$
3 级(勉强)	$0.5 \leq C \leq 0.65$	$0.7 \leq P < 0.8$
4 级(不合格)	$0.65 \leq C$	$P < 0.7$

1.2.3 残差修正 设原始序列 $X^{(0)}$ 建立的 GM(1,1) 模型为 $X^{(1)}(i+1) = [X^{(0)}(1) - \frac{\mu}{a}]e^{-ai} + \frac{\mu}{a}$, 可获得生成序列 $X^{(1)}$ 的预测值 $\hat{X}^{(1)}$, 定义残差为: $e^{(0)}(j) = X^{(1)}(j) - \hat{X}^{(1)}(j)$ 若取 $j=i, i+1, \dots, n$, 则与 $X^{(1)}$ 及 $\hat{X}^{(1)}$ 对应的残差序列为: $e^{(0)} = \{e^{(0)}(i), e^{(0)}(i+1), \dots, e^{(0)}(n)\}$, 经转化 $e^{(1)}$ 可建立相应的 GM(1,1) 模型: $\hat{e}^{(1)}(k+1) = [e^{(0)}(1) - \frac{\mu_e}{a_e}]e^{-a_e k} + \frac{\mu_e}{a_e}$, $\hat{e}^{(1)}(k+1)$ 的导数加上 $\hat{e}^{(1)}(k+1)$ 修正 $\hat{x}^{(1)}(k+1)$ 得到修正模型, 其中 $\delta(k-1)$ 为修正系数。

$$\hat{X}^{(1)}(k+1) = \left[X^{(0)}(1) - \frac{\mu}{a} \right] e^{-ak} + \frac{\mu}{a} + \delta(k-1)(-a_e) \left[e^{(0)}(1) - \frac{\mu_e}{a_e} \right] e^{-a_e(k-1)}$$
 最后经残差修正的原始序列预测模型: $\hat{X}^{(0)}(k+1) = \hat{X}^{(1)}(k+1) - \hat{X}^{(1)}(k), (k=1, 2, \dots)$ 。

2 结果

2.1 建模 收集研究地区发病资料 1998 年~2003 年各年粪检阳性率分别为 15.77%, 15.06%, 13.53%, 12.39%, 13.07% 和 19.50%。代入公式可得 $a = -0.064\ 703; \mu = 11.419\ 131$ 。GM(1,1) 预测模型为 $\hat{X}^{(1)}(k+1) = 192.254e^{0.064\ 703k} - 176.485\ 34$ 。

2.2 检验

2.2.1 残差检验 绝对误差及相对误差较大, 拟合效果不好, 需修正(表 2)。

表 2 GM(1,1) 预测模型绝对误差序列及相对误差

No.	观察值	拟合值	绝对误差	相对误差(%)
X(2)	15.06	12.850 76	2.209 24	14.669 49
X(3)	13.53	13.709 73	-0.179 73	-1.328 4
X(4)	12.39	14.626 13	-2.236 13	-18.047 7
X(5)	13.07	15.603 77	-2.533 77	-19.386
X(6)	19.5	16.646 76	2.853 238	14.631 91

2.2.2 关联度检验 $r = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \eta(i) = 0.560\ 6$, 可以认为在 $\rho=0.5$ 时, $r > 0.56$ 。

2.2.3 后验差检验 $C=0.936\ 7, P=0.2$, 未通过, 需残差修正。

2.3 残差修正(表 3) 经两次残差修正, $a=0.081\ 742, \mu=1.690\ 188$ 。GM(1,1) 修正模型为 $\hat{X}^{(1)}(k+1) = -19.373\ 641e^{-0.081\ 742k} + 20.677\ 187$ 。 $C=0.307\ 2, P=1.000\ 0$ 。

2.4 预测 灰色预测是对既含已知信息又含不确定信息的系统进行预测, 它通过关联分析对原始数据生成处理来寻找规律, 建立微分方程模型从而预测未来发展。灰色系统 GM(1,1) 模型是适合于预测用的一个变量的一阶灰微分方程模型, 是灰色控制系统中预测模型之一。它是利用生成后的数

列进行建模, 预测时再通过反生成以恢复事物的原貌。根据修正模型可得 2004~2006 年湘阴县青潭乡中山试点连续 3 年粪检阳性率预测值为 15.71%, 16.54% 和 17.53%。

表 3 GM(1,1) 残差修正模型绝对误差序列及相对误差

No	观察值	拟合值	绝对误差	相对误差(%)
X(2)	15.06	15.547 21	0.487 21	-3.235 1
X(3)	13.53	12.867 28	0.662 725	4.898 152
X(4)	12.39	11.762 28	0.627 715	5.066 263
X(5)	13.07	14.259 94	-1.189 94	-9.104 31
X(6)	19.5	19.118 04	0.381 956	1.958 737

3 讨论

1998 年, 我国实行退田还湖以来, 血吸虫病的传播更加复杂^[1]。为了阐明退田还湖对血吸虫病传播的影响及有效及时监控, 我们对洞庭湖区退田还湖试点病情与螺情资料进行分析, 发现了血吸虫病及活螺密度退田还湖前后的变化趋势, 也运用时间序列诸方法建模发现其平均相对误差较大^[2,3], 为进一步监测建立和完善血吸虫病预测模型系统, 运用了灰色预测。

灰色系统理论由中国学者邓聚龙教授于 80 年代初创立, 其核心为灰色动态系统, 现广泛应用于疾病(传染病、寄生虫病, 特别是恶性肿瘤等)的预测^[4~9]。GM(1,1) 模型是灰色动态模型中应用最广泛的预测模型。与传统的数理统计模型相比, 具无需典型的概率分布、减少时间序列的随机性、小样本即可计算和计算简便的优点。国内有学者对血吸虫病进行研究并给出了经验公式, 如蔡碧等^[10]在已有规范化数据的基础上得出人群血吸虫病患率(%)的预测模型为 $\hat{X}^{(0)}(K+1) = 8.047\ 036e^{-0.089\ 722\ 67k}$, 又如吴锦华等^[11]将环境干涉因子引入修正预测结果进行预测, 能否外推尚需检验。灰色预测不受一般统计模型是原始数据建模并且要求有足够的样本和典型的概率分布等种种条件的约束, 适用性较强、预测性能好。适用于单调性强特别是具有累加型的资料, 其拟合效果好预测效果也好, 适于近期预测。值得一提的是, 灰色预测亦有其局限性如未考虑社会因素、不适于长期预测等, 找到完备公式还有一定距离。

本研究结果显示, 若用单纯的 GM(1,1) 模型, 则精度不高(平均相对误差为 13.61%, 后验差检验显示: 模型精度为差)。但经过两次残差修正后, 得到的残差 GM(1,1) 模型的精度有所提高(平均相对误差为 4.85%, 后验差检验显示: 模型精度为优), 因而该模型的预测性能较好。应用该模型预测湘阴县青潭乡中山试点 2004~2006 年连续 3 年粪检阳性率发现有逐年升高的趋势, 提示当地血防工作不容乐观。

参考文献:

[1] 赛晓勇, 张治英, 徐德忠, 等. 退田还湖对生态环境及对血吸虫病流行的影响[J]. 中国公共卫生, 2004, 20(2): 237-239.
[2] 赛晓勇, 蔡凯平, 徐德忠, 等. 洞庭湖区退田还湖试点 1990/2002 血吸虫病情与螺情分析[J]. 第四军医大学学报, 2003, 24(20): 1878-1880.
[3] 赛晓勇, 张治英, 徐德忠, 等. 时间序列分析在洞庭湖区双退试点血吸虫病发病预测中的应用[J]. 第四军医大学学报, 2003, 24(24): 2297-2300.
[4] 齐显影. GM(1,1) 模型在传染病预测中的应用[J]. 疾病控制杂志, 1999, 3(3): 235.
[5] 蔡碧, 李建屏, 任先平, 等. 社会经济因素影响血吸虫病流行的灰色关联分析[J]. 医学与社会, 1999, 12(4): 20-22.

[6] 翁寿清,徐校平,阮玉华,等.建德市肾综合征出血热GM(1,1)模型预测研究[J].中国公共卫生,1999,15(7):645—646.

[7] 段琼红,聂绍发,仇成轩,等.应用BP神经网络预测前列腺癌流行趋势[J].中国公共卫生,2000,16(3):193—195.

[8] 凌莉,柳青,骆福添.社区肿瘤发病和死亡资料趋势预测[J].中国肿瘤,2002,11(3):149—151.

[9] 金永富,赵玉婉,裴炯良.舟山结核病流行趋势的灰色模型分析

[J].预防医学情报杂志,1999,15(4):228—230.

[10] 蔡碧,任先平,李建屏,等.血吸虫病预测模型系统的设计[J].预防医学情报杂志,1999,15(4):228—230.

[11] 吴锦华,蔡丘,任先平,等.血吸虫病疫情的中长期预测[J].湖北预防医学杂志,1999,10(5):4—6.

收稿日期:2004-04-05

(蔡天德编辑 张亚莲校对)

文章编号:1001-0580(2004)12-1411-01

中图分类号:R979.8

文献标识码:B

【基层公共卫生】

致乏库蚊对常用杀虫剂的抗性分析

朱江,任樟尧,姚强,黄良

化学杀虫剂是防制卫生害虫的主要措施之一,在防治虫媒传染病中起到了非常重要的作用。但是,由于长期、广泛、大量的使用,导致蚊类的耐药性不断增加。为了进一步掌握我省蚊类对常用杀虫剂的抗性动态,我们选择了5种常用化学杀虫剂,在全省7个地区开展抗性监测研究。

材料与方法 (1)材料:①杀虫剂标准品(敌敌畏、巴沙、三氯杀虫酯,二氯苯醚菊酯、溴氰菊酯),由中国科学院动物研究所提供。②现场试虫:采集于温州市、衢州市、绍兴市、金华市、湖州市、加兴市、台州市等地的致乏库蚊卵块和成蚊,携回实验室经鉴定后繁殖1~2代的四龄期幼虫。对照试虫:引自上海昆虫研究所致乏库蚊敏感品系,经本实验饲养至今长期不接触杀虫剂的四龄期幼虫(以下简称正常品系)。(2)方法:①室温(26±1)℃,相对湿度(75±5)%。采用测定方法:药液

浸渍法,测定四龄期幼虫的半数致死浓度(LC₅₀)。②初始浓度的确定:根据有关文献报道^[1,2]和以往实践中测定的LC₅₀值作参考,设定不同的浓度,选择致死量为初始的最高浓度点。③测定步骤:采用等差或等倍的稀释方法,取500 ml容器,在每个浓度点中投放幼虫20条,然后加脱氯水至200 ml,同一个浓度至少重复5次。④结果观察:作用24 h后,检查幼虫死亡数,以针触虫体不动为死亡。并作好记录。对照组用丙酮取代杀虫剂,以相同的浓度、方法、步骤、同步进行实验观察。对照组的幼虫死亡率≥20%时,证明本次实验失败。(3)统计分析:实验所得数据,汇总整理,计算LC₅₀和抗性倍数。

结果 全省7个地区致乏库蚊对常用杀虫剂的抗性监测结果见表1。

表1 致乏库蚊对杀虫剂的抗性监测结果

地区	敌敌畏		巴沙		三氯杀虫酯		二氯苯醚菊酯		溴氰菊酯	
	LC ₅₀	抗性倍数	LC ₅₀	抗性倍数	LC ₅₀	抗性倍数	LC ₅₀	抗性倍数	LC ₅₀	抗性倍数
正常品系	0.195	1	0.237	1	0.223	1	0.002 8	1	0.000 12	1
温州	0.668	3.53	0.375	1.58	0.650	2.91	0.024 60	8.66	0.000 56	4.76
衢州	1.049	5.35	0.765	3.23	0.577	2.59	0.019 20	6.72	0.000 31	2.58
绍兴	0.682	3.56	0.394	1.67	0.360	1.61	1.019 0	6.69	0.000 64	5.33
金华	1.280	6.56	0.716	3.02	0.614	2.75	0.034 10	12.10	0.000 48	4.00
湖州	0.738	3.78	0.727	3.06	0.344	1.54	0.015 75	5.15	0.001 08	9.00
加兴	0.828	4.24	0.814	3.43	0.284	1.27	0.015 10	5.32	0.001 19	11.08
台州	0.947	4.85	0.449	1.89	0.352	1.58	0.005 52	1.97	0.000 31	2.58

注:正常品系是指在实验室长期饲养的致乏库蚊,作为本次抗性监测敏感基数;没有发现对照组的幼虫死亡

分析 通过本次抗性监测,5种杀虫剂不同程度的存在抗药性,在台州地区敌敌畏抗性最高,为4.85倍。敌敌畏和二氯苯醚菊酯在金华抗性最高,分别是6.56和12.10倍;巴沙和溴氰菊酯在加兴抗性最高,分别是3.43和11.08倍;三氯杀虫酯在温州抗性最高,为2.91倍。昆虫对某种杀虫剂的抗性是经常变化的,因此对主要蚊种的抗性监测应该每隔2~3年进行一次,密切观察抗性动态,为合理选择有效的杀虫剂提供科学依据。

杀虫剂之间存在联合作用,可以是协同,也可以是拮抗,所以交替更换和有目的混和杀虫剂是控制和延缓抗性增长的

有效手段。在选择杀虫剂时,应通过实验室用优势蚊种对各类杀虫剂进行筛选,选择敏感度高或无交互抗性的杀虫剂作为替代药物。用时应注意正确掌握使用方法和用药量,切忌滥用。

在控制蚊密度时,及时清除处理孳生场所是关键,应结合本地的实际情况,因地制宜地合理采用环境、化学、物理、生物相结合的综合性防制措施,把蚊密度控制在不足以危害的水平。

参考文献:

[1] 刘维德.蚊类抗药性及其测定[M].科技出版社,1979.63—69.

[2] 刘金发.蚊幼虫抗药性测定技术[M].中国蚊类抗药性调查汇编,1984,134—137.

收稿日期:2004-05-24

(蔡天德编辑 张亚莲校对)

作者单位: 浙江省疾病预防控制中心,杭州 310009
作者简介: 朱江(1962—),男,浙江德清县人,副主任医师,学士,主要从事疾病预防控制工作。