文章编号:1000-7423(2011)-01-0049-06

【综述】

人工神经网络在传染病研究中的应用

徐俊芳、周晓农*

【提要】 在信息技术的推动下,人工神经网络的应用越来越广泛。由于人工神经网络具有自适应性、并行处理能力 和非线性等优点,逐渐被应用于医学和生物学领域的研究。本文对人工神经网络近年来在传染病相关因素、预测预报和 诊断等方面的应用作一综述。

【关键词】 人工神经网络; 传染病

中图分类号: R382

文献标识码: A

Application of Artificial Neural Networks in Infectious Diseases

XU Jun-fang, ZHOU Xiao-nong*

(National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention; Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, MOH; WHO Colla-borating Centre for Malaria, Schistosomiasis and Filariasis, Shanghai 200025, China)

[Abstract] With the development of information technology, artificial neural networks has been applied to many research fields. Due to the special features such as nonlinearity, self-adaptation, and parallel processing, artificial neural networks are applied in medicine and biology. This review summarizes the application of artificial neural networks in the relative factors, prediction and diagnosis of infectious diseases in recent years.

[Key words] Artificial Neural Network; Infectious disease

Supported by the National Special Science and Technology Project for Major Infectious Diseases of China (No. 2008ZX10004-011) Corresponding author, E-mail: ipdzhouxn@sh163.net

人工神经网络的研究自 20 世纪 80 年代初再次复 苏并形成热点以来,发展非常迅速,从理论上对它的 计算能力、对任意连续映射的逼近能力、学习理论和 动态网络的稳定分析上都取得了丰硕成果。目前,已 发展了几十种人工神经网络,如反向传播神经网络、 径向基函数网络、支持向量机、委员会机器、主分量 分析、自组织映射、信息论模、Hopfield 模型和动态 驱动的递归网络等。人工神经网络是一种大规模并行 分布式结构, 能完成复杂的非线性映射, 具有较强的 综合能力, 因此, 人工神经网络的应用越来越受到医 学和生物学领域的关注[1,2]。

1 人工神经网络简介

定义 人工神经网络是一个由简单处理元构成 的规模宏大的并行分布处理器。人工神经网络在两个 方面与人脑相似. ① 人工神经网络从外界环境中学 习获取知识; ② 互连神经元的连接强度, 即突触值,

基金项目: 国家传染病重大专项 (No. 2008ZX10004-011)

作者单位:中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所,世界卫生组 织疟疾、血吸虫病和丝虫病合作中心, 卫生部寄生虫病原 用于储存获取的知识。Koholen 对人工神经网络的定 义是:"由具有适应性的简单单元组成的广泛并行互 连的网络, 它的组织能够模拟生物神经系统对真实世 界物体所做出的交互反应。"

1.2 原理和结构[3] 神经元是人工神经网络操作的基 本信息处理单位,是人工神经网络的设计基础。神经 元模型一般包括3种基本元素:突触或连接链、加法 器和激活函数。神经元的非线性模型示意图见图 1.

其数学表达式为:
$$y_k = f(\sum_{i=1}^m w_k x_i - b_k)$$
, $i=1, 2, \dots, m$

 $x_1, x_2 \cdots, x_m$ 是输入变量; $w_{k1}, w_{k2}, \cdots, w_{km}$ 是神经 元 k 的突触 i 上的输入变量 xm 被乘以 k 的突触权重. 表示输入的连接强度,可以取正值也可以取负值; b_k 是一个外部偏置, 其作用是根据其为正或为负, 相应 地增加或降低激活函数的网络输入; Σ 是求和结点, 用于求输入信号被神经元的相应突触加权的和,这个 操作构成一个线性组合器; φ(·)是激活函数, 激活 函数有阈值函数、分阶段线性函数和 sigmoid 函数, 不同的激活函数其表达式有所不同, 在构造人工神经 网络中最常用的激活函数是 sigmoid 函数。

(C)199与媒介生物销重点实验室mt海c200025 Electronic Publishing House神经网络是ese个的具有互连接突触的节点和 通讯作者, E-mail: ipdzhouxn@sh163.net

激活连接构成的有向图, 人工神经网络中神经元的构 造方式是和训练网络的学习算法密切连接、用于网络 设计的学习算法是被构造的。按连接方式,可分为前 馈网络和递归网络。前馈神经网络的各个神经元接受

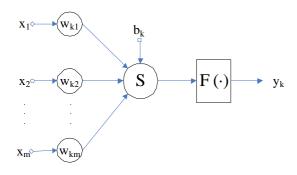


图 1 神经元非线性模型

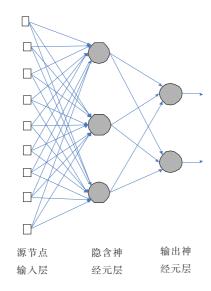
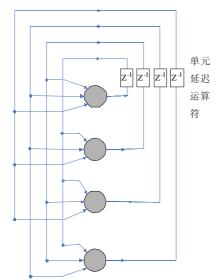


图 2 一个隐含层和输出层的全连接前馈网络



(C)1994-2020 China Academic Journal Electronic Publish 图 3 无自反馈环和隐含神经元的递归网络

前一层节点的输入,然后输出给下一层,没有反馈(图2); 递归神经网络和前馈神经网络的区别在于, 它至少有 一个反馈环、单层网络的每一个神经元的输出都反馈 到所有其他神经元的输入中去,没有自反馈环(图 3), 带有隐含神经元的一类递归网络,反馈连接的起点包 括隐含层神经元和输出神经元。由于反馈环涉及使用 单元延迟元素 z 1 构成的特殊分支, 假如人工神经网 络包含非线性单元,这导致非线性的动态行为(图4)。

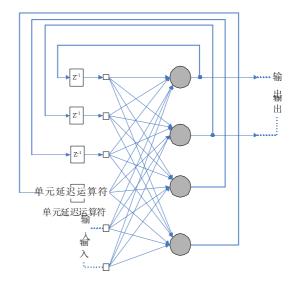


图 4 有隐含层神经元的递归网络

1.3 人工神经网络的设计

1.3.1 样本数据的确定和变量的预处理 人工神经网 络的性能与样本数密切相关。应用人工神经网络的前 提条件是样本规模足够大、质量足够高、代表性足够 好。同时为了监控训练过程不发生"过拟合", 并评价 建立的网络模型性能和泛化能力, 必须将收集的样品 随机分成两个部分:训练样本和测试样本。训练样本 的样品数取决于输入输出非线性映射关系的复杂程 度,根据经验,训练样品数可取网络连接权值总数的 5~10 倍4, 测试样本的样品为总样品数的 10%。由于 变量常具有不同的量纲、人工神经网络的隐含层采用 了转换函数,因此,要对输入数据行预处理。

1.3.2 初始值的确定[4] 网络权值的初始化决定了网 络的训练从误差曲面的哪一点开始, 因此初始化方法 对缩短网络训练的时间至关重要。为了使初始值在零 点附近,通常采用两种方法:使初始值足够小;或使 初始值为+1和-1的权值数相等。应用中对隐含层采 用前一种方法, 而对输出层采用后一种方法。

1.3.3 拓扑结构的确定 人工神经网络拓扑结构的关 键在于隐含层数及隐含层节点数的确定。一般认为, 隐含层数可降低网络误差,同时也会使网络的训练时

间过长,出现"过拟合"倾向。不同的人工神经网络优先考虑设置的隐含层数是不一样的,如多层感知器一般先考虑1个隐含层,BP人工神经网络(Back-Propagation network)即反向传播神经网络先考虑3个隐含层。隐含层节点数过少,网络从样本中获取的信息能力就差,不足概括和体现训练集中的样本规律,过多则会导致"过拟合"现象。目前对于隐含层节点数的确定没有一个科学和普遍的方法,通常可在综合考虑网络结构复杂程度和误差大小的情况下用节点删除法和扩张法来确定。

1.4 训练和测试 在训练过程中要反复使用样本数据,通常每一次训练最好不要按固定的顺序取数据。网络训练通常需要成千上万次的重复,这个过程是一个复杂而又繁琐的过程。网络的训练和测试是交替进行,每训练和测试一次都要分别记录各自的均方误差,然后利用训练和测试的均方误差做出两条均方误差随训练次数变化的曲线。从误差曲线可以直观的看出,在某个训练次数 to 之前,随着训练次数的增加,两条误差曲线同时下降;当超过时,曲线开始上升,此时的 to 则为最佳训练次数。

2 人工神经网络在传染病研究中的应用

2.1 相关因素的探索 传染病流行病学主要研究传染病在人群中发生、流行过程及影响流行过程的因素,并制定、控制和消灭传染病的对策与措施。研究传染病影响因素的流行病学方法之一就是建立模型,传统的病因探索模型有其局限性,当变量间存在非线性或变量间关系未知时,很难拟合出良好的判断结果。人工神经网络内部的物理机制是非线性的,而且可以不受限制地自动去学习识别变量间的关系,该特性适合于探索性研究,即从理论上提出假设,然后用人工神经网络进行模拟,如果人工神经网络可以很好地模拟出这种关系,支持假设,反之则推翻。

工神经网络比传统的线性模型更适合于处理非线性问题,但是其"黑箱过程"导致模型的解释性不够,因此,如何解释模型是人工神经网络应用的一个关键问题。作者通过分析输入信号与隐含层的权重值、定义每一个隐含层对输出信号的贡献对模型进行了合理解释。应用人工神经网络进行相关因素的研究较多,如Douali等。应用人工神经网络对 HEPT 类化合物抗艾滋病活性定量构效非线性关系的研究,得到了满意的结果;Xie等问应用人工神经网络的特征研究了 SARS与典型患者的损失部位是否存在差异,Tim等图应用人工神经网络进行 HIV 危险因素的探讨;曲波等则构建 BP 人工神经网络模型研究干旱地区伤寒副伤寒与气象因素间的关系。

2.2 预测预报 传染病进行预测的方法主要有多元线性回归[1011]、时间序列分析[12-14]、微分方程[15]、马尔柯夫链[16,17]、灰色预测模型[18,19]、传播动力学模型[20-23]和人工神经网络[24-26]等。传染病的发病过程是一个受多因素影响的复杂过程,利用传统的统计方法预测传染病的发生过程往往存在很大的局限性。流行病学数学模型预测效果虽好,但需要深厚的数学知识,这对于流行病学人员来说较难掌握。而人工神经网络具有综合能力强,对数据的要求不高,操作简便、节省时间,易于掌握和应用等优点,无论变量是何种类型,是否满足正态性、独立性和方差齐性等条件均可用于人工神经网络建模(表 1)。

黄德生等[27]收集了 1979-2000 年伤寒副伤寒发病率及相关的气象指标建立伤寒副伤寒发病率预测模型,根据拟合数据所用时间的不同,分别建立了前瞻性模型、回顾性模型和随机性模型,同时还对 3 种模型进行了 Bayes 判别分析,并将不同分析的结果相比较,3 种模型的预测结果均是 LVQ 的拟合准确度高于判别分析,且 LVQ 的外推预测能力较强[28-30]。

Arav-Boger 等[31]应用人工神经网络建立了感染巨细胞病毒(CMV)新生儿发病的预测模型。从 54 名怀孕期间感染 CMV 产妇的羊水中提取 CMV UL144 基因,从 20 名新生儿的尿液、唾液和血液中提取 CMV的 4 种基因(US28、UL144、UL146 和 UL147),以基因序列为输入变量,隐含层有 5 个神经元,以新生儿出生时感染 CMV 是否出现症状为输出层。在 54 名产妇样品中随机抽取 36 名进行训练,这个过程反复进行 100 次,模型分类正确率为 90.5%;20 名新生儿随机剔除 1 名,19 名进行学习训练,模型分类正确率为 83%。通过人工神经网络分析发现,基因 UL144可准确预测先天 CMV 感染的发病情况,基因 UL144可准确预测先天 CMV 感染的发病情况,基因 UL146可换到其发病情况,在基因 UL147、US28 中未发现

基础理论知识	统计模型	流行病学数学模型	人工神经网络
	概率论与数理统计	数学基础知识	交叉学科
模型种类	多元线性回归、logistic 回归、 广义线性回归、判别分析等	传播动力学模型、微分方程模型、 马尔柯夫链等	BP神经网络、LVQ 神经网络、 多层感知器、自组织映射等
样本量	大样本,通常为分析指标的 5~10倍	无要求	训练样本为连接权值总数的 5~10倍,测试样本为总样品数的 10%
数据要求	部分模型要求线性、正态性、方差齐	无	无
潜在变量	无	无	有
假设检验	是	否	否
适用条件	已知因素间有某种函数关系	病因未知	因素间有稳定规律, 无函数关系
优缺点	理论基础完善,易于掌握; 模型解释性较好; 不能解决非线性问题; 应用广泛; 可用数据进一步分析的预处理。	要求较深厚的数学基础知识,难于掌握; 充分考虑许多因素; 适用范围较广; 不需要大量的数据来调整模型的系数; 对于结果有效性范围的确定不是很准确。	具有很强的非线性拟合能力、 学习及泛化能力; 学习规则简单,便于计算机实现; 应用中最严重的问题是没有能力 来解释其推理过程和推理依据; 推理过程为数值计算过程, 会丢失一定信息。

表 1 3 类模型在预测预报应用中的比较

与疾病有关的位点, 但是4种基因联合预测先天感染 CMV 发病情况的灵敏度可达 90%。人工神经网络能 很好的处理(诸如分子序列分析和基因表达等)复杂 的、非确定的问题。在基因研究中,结合人工神经网 络和传统的系谱分析可很好地分析大量的基因序列信 息:另外,应用人工神经网络构建一个利用基因预测 疾病发病情况的预测模型,有助于确定疾病的高危 人群。

有研究者将人工神经网络与传统统计模型的预测

结果进行比较[27, 32-35], 大多数研究者认为人工神经网 络在处理非线性问题时的预测结果比线性模型更可靠 和精确。在传染病预测方面、各种预测模型各有特 点。灰色模型、时间序列分析和马尔柯夫链等方法适 合于传染病病因未知时,用历史数据建立预测模型: 若已知传染病各影响因素之间能形成某种函数关系 时,则使用线性或非线性模型;若已知传染病各影响 因素之间仅能找到某种较为稳定规律, 但无某种函数 关系时,则使用人工神经网络方法较佳[36,37]。人工神 经网络作为一种新兴的建模技术, 突破了传统统计模 型和传统流行病学数学模型在传染病研究中应用的局 限性,为传染病的预测预报提供了新的分析方法。 2.3 筛查和诊断 人工神经网络因其分布式信息存 储方式、并行式信息处理方式、自组织、自学习、自 适应能力、强大的容错性和非线性处理能力,能够有 效地对疾病进行筛查和诊断,研究者只需选择好输入 和输出变量,其他的事全部由人工神经网络来完成, 使用非常方便, 既能避免人脑判断问题时的主观性和 思维定势, 也可完全消除人脑在决策过程中的易疲劳 性[88]人工神经网络在疾病的筛查和诊断中发挥着重制的精确映射,因此,人工神经网络在传染病研究

要作用,与传统的诊断模型及专家诊断意见相比,具 有更高的精确性[39, 40]。

El-Solh 等[41]应用广义递归神经网络构建活动性肺 结核诊断模型。共收集了700多例患者的人口统计学 资料、临床症状、结核病暴露史、HIV状态、结核菌 素试验结果和临床诊断记录等资料。模型纳入了21个 输入变量,分为3个隐含层,1个输出层,模型输出 提供一个活动性肺结核的似然估计结果。将模型的诊 断结果与临床医生的诊断结果相比较、广义回归神经 网络的灵敏度高,但特异度稍低, ROC 曲线显示广 义回归神经网络的诊断结果好于临床医生的诊断、模型 验证的诊断结果的 c-Index 为 92.3%(85.8%~99.1%), 而医生的诊断结果的为 71.6%(64.5%~78.9%)。该模 型用于活动性肺结核能提供较精确的诊断结果。将人 工神经网络应用于此类疾病的筛查和诊断,可减少成 本、提高效率。但不同人群不同目的需建立不同的模 型进行诊断,如宋烨等[42]建立了涂阴肺结核的诊断模 型;Shang等[43]将人工神经网络应用于MRSA的诊断, 并与 Logistic 回归的结果相比较。

人工神经网络虽然是一种处理非线性问题的好方 法, 但在传染病研究的应用还处于探索阶段, 一些问 题有待解决,如变量的筛选和假设检验方法;权重系 数的假设检验, 计算权重系数的可信区间, 含隐含层 时权重系数的流行病学意义:输入变量的选择:人工 神经网络的类型和结构的选取等问题都还需要进一步 研究。人工神经网络最有用的特性之一是应用时对分 析问题的概率模型不要求通过演绎作出假设, 并具有 逼近任意连续函数和非线性映射的能力, 进行高维非

中的应用不但可以进行疫情分析和识别, 预测传染病 的暴发和流行情况、评价防治效果、也可对某种疾病 的流行情况进行模拟、对患者进行筛查和诊断、对预 期的经济损失进行评估等,有较高的应用和推广价值。

3 应用前景

目前,人工神经网络的理论趋于成熟,类型已达 几十种,被广泛应用于各个领域,但是应用在传染病 研究中的主要是反向传播人工神经网络、学习矢量量 化人工神经网络、支持向量机、递归人工神经网络和 自组织映射等。由于反向传播人工神经网络发展较为 成熟,理论相对完善,是目前应用最为广泛的人工神 经网络。近年来在非线性系统的建模和控制越来越受 到关注,而人工神经网络的种类较多、功能强大,在 该方面的应用还有较大的潜力。传染病的研究受医学 模式转变的影响。也越来越复杂。因此人工神经网络 在传染病研究中将发挥重要作用,但其理论体系的完 善及其潜力的挖掘有待广大流行病学专家共同努力。

考 文 献

- [1] Claude R, Charles DA, Jean A, et al. Bibliometric overview of the utilization of artificial neural networks in medicine and biology[J/OL]. Scientometrics, 2004, 59(1): 117-130.
- [2] Flouris A, Duffy J. Applications of artificial intelligence systems in the analysis of epidemiological data[J]. Eur J Epidemiol, 2006, 21(3): 167-170.
- [3] Simon H. Neural Networks: A Comprehensive Foundation[M]. Translated by Ye SW, Shi ZZ. Beijing: China Machine Press, 2004: 7-24. (in Chinese) (西蒙. 神经网络原理[M]. 叶世伟, 史忠植, 译. 北京: 机械工 业出版社, 2004: 7-24.)
- [4] Zhang DF. MATLAB: Design of Neural Networks [M]. Beijing: China Machine Press, 2009: 40-46. (in Chinese) (张德丰. MATLAB 神经网络应用设计[M]. 北京: 机械工业出版 社, 2009: 40-46.)
- [5] Ghosh D, Guha R. A risk factor analysis of west nile virus: extraction of relationships from a neural-network model[C]//Chai SK, Salerno JJ, Mabry PL. Advances in Social Computing Berlin: SpringerVerlag Berlin Heidelberg, 2010: 208-217.
- [6] Douali L, Villemin D, Zyad A, et al. Artificial neural networks: Non-linear QSAR studies of HEPT derivatives as HIV-1 reverse transcriptase inhibitors[J]. Mol Divers, 2004, 8(1): 1-8.
- [7] Xie X, Li X, Wan SH, et al. Mining X-Ray images of SARS patients[J]. Data Mining, 2006, 3755: 282-294.
- [8] Tim T, Marwala T. Computational intelligence methods for risk assessment of HIV [C]//Magjarevic R, Nagel JH. IFMBE Proceedings, World Congress on Medical Physics and Biomedical Engineering 2006. Seoul: Springer, 2007, 14: 3717-3721.
- [9] Qu B, Huang DH, Guo HQ, et al. The model of back-propagation neural network about meteorological factors and typhoid fever, paratyphoid fever in drought area [J]. Chin J Hlth Stat, 2004, 21(3): 165-167. (in Chinese) (曲波, 黄德生, 郭海强, 等. 干旱地区伤寒副伤寒与气象因素 关系的 BP 神经网络模型[J]. 中国卫生统计, 2004, 21(3): 165-167.)
- tional exposures: epidemiology and factors associated with initia-

- tion of post-exposure prophylaxis [J]. J Epidemiol Commun H, 2009, 63(5): 373-378.
- [11] Cowling, BJ, Muller MP, Wong IO, et al. Alternative methods of estimating an incubation distribution; examples from severe acute respiratory syndrome[J]. Epidemiology, 2007, 18(2): 253-259.
- [12] Allard R. Use of time-series analysis in infectious disease surveillance[J]. Bull WHO, 1998, 76(4): 327-333.
- [13] Sai XY, Zhang ZY, Xu DZ, et al. Application of time series analysis in the prediction of schistosomiasis prevalence in the areas of "breaking dikes or opening sluice for waterstore" in Dongting Lake[J]. J Forth Mil Med Univ, 2003, 24(24): 2297-2300. (in Chinese) (赛晓勇, 张治英, 徐德忠, 等. 时间序列分析在洞庭湖区双退 试点血吸虫发病预测中的应用[J]. 第四军医大学学报, 2003, 24(24): 2297-2300.)
- [14] Cheng YK, Zeng G. Zeng-Ding phenomenon: further demonstration and studies on its predictive value in epidemic of measles and scarlet fever[J]. Chin J Epidemiol, 1999, 20(4): 200-203. (in Chinese) (程颖恺, 曾光. 麻疹、猩红热流行中存在"Z-D 现象"的进一步论 证及其预测价值研究[J]. 中华流行病学杂志, 1999, 20(4): 200-203.)
- [15] Chen WJ, Wu KC, Wu KL, et al. Studies on mathematical model of dengue fever and its application (II)-using mathematical model to evaluate the effect of different measures on the control of dengue fever[J]. Chin Trop Med, 2001, 1(2): 117-220. (in Chinese) (陈文江、吴开琛、吴开录、等. 登革热数学模型及其应用研究 (II)-利用数学模型评价不同措施对登革热的防治效应[J]. 中国 热带医学, 2001, 1(2): 117-220.)
- [16] Walker PG, Cauchemez S, Metras R, et al. A bayesian approach to quantifying the effects of mass poultry vaccination upon the spatial and temporal dynamics of H5N1 in northern Vietnam [J]. PLoS Comput Biol, 2010, 6(2): e1000683.
- [17] Faissol DM, Griffin PM, Swann JL. Bias in markov models of disease[J]. Math Biosci, 2009, 220(2): 143-156.
- [18] Huang CP, Ni ZZ. Application of grey model forecasting incidence of tuberculosis [J]. Modern Prev Med, 2002, 29(6): 791-792. (in Chinese) (黄春萍, 倪宗赞. 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): 791-792.)
- [19] Zhang Z, Zhang Q, Yin ZC, et al. Application of grey model (1,1) in the prediciton of schistosomiasis infection rate [J]. Modern Prev Med, 2007, 34(7): 1291-1293. (in Chinese) (张姝, 张强, 尹治成. 灰色模型在血吸虫病感染率预测中的应 用[J]. 现代预防医学, 2007, 34(7): 1291-1293.)
- [20] Deal B, Farello C, Lancaster M, et al. A dynamic model of the spatial spread of an infectious disease; the case of fox rabies in illinois[J]. Environ Model Assess, 2000, 5(1): 47-62.
- [21] Newman MEJ. Models of the small world[J]. J Stat Phys, 2000, 101(3) 819-841.
- [22] Saramaki J, Kaski K. Modeling development of epidemics with dynamic small-world networks[J]. J Theor Biol, 2005, 234(3): 413-421.
- [23] Chang IS, Fu SJ, Chen CH, et al. Estimating temporal transmission parameters from infectious disease household data, with application to taiwan SARS data[J]. Statist Biosci, 2009, 1(1): 80-94.
- [24] Stevens RH, Lopo AC, Wang P. Artificial neural networks can distinguish novice and expert strategies during complex problem solving[J]. J Am Med Inform Assoc, 1996, 3(2): 131-138.
- [25] Paul PA, Munkvold GP. Regression and artificial neural network modeling for the prediction of gray leaf spot of maize[J]. Phytopathology, 2005, 95(4): 388-396.
- [10] Zemer DO Tombing S. Achadett A. Jeturka HIV | proper president lish if 26 Hours XHA | Idai W.C.; Zhang V.Y.I. Oultobaing vepident old ideal though of hemorrhagic fever with renal syndrome $[\,J\,]$. Chin J Epidemiol,

- 2003, 24(9): 843-845. (in Chinese) (郭秀花, 曹务春, 张习坦. 肾综合征出血热流行病学数学模型展望[J]. 中华流行病学杂志, 2003, 24(9): 843-845.)
- [27] Huang DS, Shi HL, Guan P, et al. Application of LVQ artificial neural network in discrimination and forecasting of occurrent intensity of typhoid and paratyphoid[J]. J Chin Med Univ, 2005, 34(2): 146-148. (in Chinese) (黄德生,施海龙,关鹏,等. LVQ人工神经网络在伤寒、副伤寒发生强度判别与预测中的应用[J]. 中国医科大学学报, 2005, 34(2): 146-148.)
- [28] Vuckovic A, Radivojevic V, Chen AC, et al. Automatic recognition of alertness and drowsiness from EEG by an artificial neural network[J]. Med Eng Phys, 2002, 24(5): 349-360.
- [29] Pantazopoulos D, Karakitsos P, Pouliakis A, et al. Static cytometry and neural networks in the discrimination of lower urinary system lesions[J]. Urology, 1998, 51(6): 946-950.
- [30] Yan H. Constrained learning vector quantization [J]. Int J Neural Syst, 1994, 5(2): 143-152.
- [31] Arav-Boger R, Boger YB, Foster CB, et al. The use of artificial neural networks in prediction of congenital CMV outcome from sequence data[J]. Bioinform Biol Insights, 2008, 2: 281-289.
- [32] Raoufy M, Aahdani P, Alavian S, et al. A novel method for diagnosing cirrhosis in patients with chronic hepatitis B: artificial neural network approach[J]. J Med Syst, 2009. [Epub ahead of print]
- [33] Guan P, He M, Zhou BS. BP artificial neural network based predicative model for viral hepatitis incidence [J]. Chin J Hlth Stat, 2003, 20(5): 269-271. (in Chinese) (关鹏,何苗,周宝森.基于BP人工神经网络的病毒性肝炎发病率自回归预测模型[J].中国卫生统计,2003,20(5): 269-271.)
- [34] He XM, He J, Fan SC. Comparison of nonlinearity disposing ability between Cox proportional hazards regression model and BP neural network [J]. Appl Statist Manag, 2004, 23(2): 69-72. (in Chinese)
 (贺宪民、贺佳、范思昌、Cox 模型与 BP 神经网络在处理非线性
- 数据时的性能比较[J]. 数理统计与管理, 2004, 23(2): 69-72.) [35] Guan P, Huang DS, Zhou BS. Forecasting model for the inci-

- dence of hepatitis A based on artificial neural network [J]. World J Gastroent, 2004, 10(24): 3579-3582.
- [36] Yan YC. Review of comparing application of regression equation with neural network in numerical prediction[J]. J Math Med, 2007, 20(1): 66-69. (in Chinese) (闫以聪. 回归方程与神经网络在数值预测方面的对比研究综述.数理医药学杂志, 2007, 20(1): 66-69.)
- [37] Jin RF, Huang CG, Qiu H, et al. Forecasting incidence of tuberculosis in a city with four types of models[J]. Modern Prev Med, 2008, 35(24): 4866-4869. (in Chinese) (金如锋, 黄成钢, 邱宏, 等. 4 种模型对我国某地区肺结核发病率的预测[J]. 现代预防医学, 2008, 35(24): 4866-4869.)
- [38] Gao W, Shi LY. Advance in application of artificial neural network in epidemiology[J]. Chin J Prev Med, 2000, 34(6): 373-374. (in Chinese)
 (高蔚,施侣元. 人工神经网络流行病学应用进展[J]. 中华预防医学杂志, 2000, 34(6): 373-374.)
- [39] Baxt WG. Use of an artificial neural network for the diagnosis of myocardial infarction [J]. Ann Int Med, 1991, 115 (11): 843-848
- [40] Bottaci L, Drew PJ, Hartley MB, et al. Artificial neural networks applied to outcome prediction for colorectal cancer patients in separate institutions[J]. Lancet, 1997, 350(9076): 469-472.
- [41] El-Solh AA, Hsiao CB, Goodnough S, et al. Predicting active pulmonary tuberculosis using an artificial neural network [J]. Chest, 1999, 116(4): 968-973.
- [42] Song Y, Yang BF, Li F, et al. Study on the application of artificial neural network in the diagnosis of smear negative pulmonary tuberculosis[J]. J Trop Med, 2007, 7(3): 235-238. (in Chinese)
 (宋烨, 杨本付, 李芳, 等. 应用人工神经网络技术诊断涂阴肺
- [43] Shang J, Lin YS, Goetz A. Diagnosis of MRSA with neural networks and logistic regression approach[J]. Hlth Care Manag Sci, 2000, 3(4): 287-297.

结核的研究[J]. 热带医学杂志, 2007, 7(3): 235-238.)

(收稿日期: 2010-06-12 编辑: 衣凤芸)

文章编号:1000-7423(2011)-01-0054-04

【研究简报】

云南疟疾监测点 2008 年疟疾流行趋势与流行特征

陈国伟1、魏春1、李华宪1、杨丽香2、黄强3、岩罕章4、田光强5、白志荣6

【提要】 云南省疟疾监测点 2005-2008 年疟疾年平均发病率呈下降趋势,2008 年平均年发病率为11.84/万,比2005 年下降了66.1%。小学生疟疾间接荧光抗体试验(IFAT)抗体阳性率平均为4.61%。82%的病例初诊就诊机构为乡(镇)卫生院。患者病后第3天及以后就诊的比例高达83.6%。临床表现以隔日发作为主(占72.7%),轻度病例占98.4%,初、复发病例分别占95.3%和4.7%。优势虫种为间日疟原虫(占81.2%)。当地感染病例主要发生在边境接壤地带(占97.2%)。居民蚊帐覆盖率仅占51.4%。调查表明,监测点范围内的疟疾流行已得到有效控制,但提高当地居民尽早就医的行为意识和探索与周边国家接壤地带的疟疾防制策略仍是今后需要考虑的任务。

【关键词】 疟疾;流行趋势;流行特征;发病率

中图分类号: R531.3 文献标识码: B

作者单位: 1 云南省寄生虫病防治所, 思茅 665000; 2 瑞丽市疾病预防控制中心, 瑞丽 678600;

- 3 景洪市疾病预防控制中心, 景洪 666100; 4 孟连县疾病预防控制中心, 孟连 665800;
- 5 沧源县疾病预防控制中心,沧源 677400; 6 元阳县疾病预防控制中心,元阳 662400

(C)1994-2020 China Academic Journal Electronic Publishing House. All rights reserved. http://www.cnki.net