

差分自回归移动平均模型及其在寄生虫病等传染病预测中的应用

王强 许静 周晓农*

【摘要】 通过时间序列分析可对传染病的发生、发展进行及时准确地预测预警,对有效防治传染病具有重要意义。该文在分析时间序列分析特点的基础上,就其中精度较高的差分自回归移动平均模型(auto regressive integrated moving average model, ARIMA)的分类和建模过程及其在寄生虫病等传染病预测中的应用等方面进行阐述,以为科研与防治工作者提供参考。

【关键词】 时间序列;差分自回归移动平均模型;传染病

Application of auto regressive integrated moving average model in infectious diseases prediction Wang Qiang, Xu Jing, Zhou Xiaonong*. National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention, WHO Collaborating Center for Malaria, Schistosomiasis and Filariasis, Key Laboratory of Parasite and Vector Biology, Ministry of Health, Shanghai 200025, China

*Corresponding author: Zhou Xiaonong, Email: xiaonongzhou1962@gmail.com

Supported by National Natural Science Foundation (1301454); Team Building Project for Disease Surveillance and Early Warning, National Institute of Parasitic Diseases, Chinese Center for Disease Control and Prevention

【Abstract】 It is greatly valuable for prevention and control of infectious diseases by predicting and early warning their occurrence and tendency through time-series analysis. On the basis of analysing the characteristic of time-series method, an overview was conducted for auto regressive integrated moving average model (ARIMA model), one accurate predicting model, which covered its classification, modeling process and application in forecasting of infectious diseases, thus to provide reference for scientists and diseases control staffs.

【Key words】 Time series; Auto regressive integrated moving average model; Infectious diseases

根据传染病的发生、发展规律及有关因素,用分析判断和数学模型的方法对可能发生的传染病的发生、发展和流行趋势作出预测,对提高传染病预防控制工作的预见性和主动性,有效采取干预措施具有重要意义^[1-3]。对传染病进行预测的数据模型很多,其中差分自回归移动平均模型(auto regressive integrated moving average model, ARIMA)(或 Box-Jenkins 模型)是时间序列预测模型中精确度较高的短期预测模型之一^[4]。本文就 ARIMA 模型的构建及其在寄生虫病等传染病中的预测应用和发展作一综述,为疾病控制工作者提供参考。

1 时间序列及 ARIMA 模型简介

时间序列是按时间先后顺序将同一变量的实际数据排列起来而构成的集合。这种数列由于受到各种偶然因素的影响往往表现为某种随机性^[5]。对基于时间序列的疾病数据进行预测分析,并与观察值进行比较,有利于判断疾病的发展趋势、预测未来并且通过干预来控制。时间序列分析法克服了因果回归分析法中影响预测对象的因素错综复杂、不易分析和数据资料不易得到等难题^[6]。时间序列分析方法主要有数据图法、指标法和模型法等 3 种,其中模型法因利用现代数理方法结合计算机技术拟合最优模型而具有客观性、预测精度高等优势,从而在时间序列分析中占主导地位。

时间序列分析模型通常是指 Box-Jenkins 方法构建的模型,又称 Box-Jenkins 模型或 ARIMA 模型,是一组简单且预测精度较高的模型^[6],最早由美国统计学家 Box 和 Jenkins 于 1968 年提出^[7]。该组模型对样本容量和概率分布没有严格要求,其原理合理简单、操作简便,适用范围较广^[8-9],在传染病预测

DOI: 10.3760/ema.j.issn.1673-4122.2014.02.010

基金项目:国家自然科学基金青年基金(1301454);中国疾病预防控制中心寄生虫病预防控制所监测预警团队建设项目

作者单位:200025 上海,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,卫生部寄生虫病原与媒介生物学重点实验室

*通信作者:周晓农, Email: xiaonongzhou1962@gmail.com

领域也得到了广泛应用^[10-11]。

2 ARIMA 常见模型及建模过程

2.1 常见模型

根据数据特征,时间序列可分为平稳时间序列和非平稳时间序列。对平稳时间序列分析的常见模型包括自回归模型 [auto regressive model, AR(p)模型]、移动平均模型 [moving average model, MA(q)模型]、自回归-移动平均模型 [auto regressive moving average model, ARMA(p, q)] 等 3 种基本模式^[4]。AR 模型描述的是系统对过去自身状态的记忆, MA 模型描述的是系统对过去时刻进入系统的噪声的记忆, 而 ARMA 模型描述的是系统对过去自身状态以及各时刻进入的噪声的记忆^[12]。如序列为非平稳序列, 但通过 d 次差分可使序列平稳时, 可采用求和自回归移动平均模型, 即 ARIMA(p, d, q) 模型, 其中 p, d, q 分别表示自回归阶数、差分阶数、移动平均阶数。鉴于 3 种基本模式可视作 ARIMA 模型的特例, 故 ARIMA 模型又被作为这一族模型的总称^[13]。有些时间序列具有自相关及周期性的特征, 称为季节性时间序列, 对这些序列构建的 ARIMA 模型称为季节性 ARIMA 模型 (seasonal ARIMA model), 即 SARIMA(p, d, q)(P, D, Q)^s, 其中 P, Q 为季节性的自回归和移动平均阶数, D 为季节性差分阶数, s 为季节周期。

2.2 ARIMA 模型建模过程

ARIMA 模型建模过程可归纳为 4 个基本步骤^[5,7]。首先是序列的预处理, 通过时序图和自相关图检验序列数据的平稳性, 再利用差分法、季节差分法或者对数转换等使非平稳序列转换为平稳序列, 并采用白噪声检验数据的随机性; 第二步是模型的识别, 即根据样本自相关系数和样本偏相关系数的计算结果, 估计自相关阶数 p 和移动平均阶数 q , 确定适当的 ARIMA 模型拟合观察值序列; 第三步是估计与检验模型参数, 可利用矩阵法、极大似然估计、最小二乘估计和条件最小二乘法等估计 ARIMA 模型中未知参数。再对每一个模型参数是否显著非零进行检验, 同时对残差序列进行白噪声检验。最后是模型的优化, 通常采用赤池信息准则 (akaike information criterion, AIC) 和施瓦茨贝叶斯信息准则 (schwartz bayesian information criterion, SBC) 对模型进行优化。AIC 或 SBC 函数达到最小值的模型则被认为是相对最优模型。

3 ARIMA 模型在传染病领域中的应用

ARIMA 模型综合考虑了序列的趋势变化、周期性及随机干扰, 借助模型参数进行了量化表达, 能较精确地反映时序中所包含的动态依存关系, 是一种实用性强、精确度高的短期预测方法^[4]。国内外学者根据传染病的流行和发病是否有典型周期性, 利用非季节性 ARIMA、SARIMA 模型在寄生虫病等传染性疾病预防预警中作了大量研究。

3.1 ARIMA 的应用

在寄生虫病方面, 国内专家利用 ARIMA 模型用于血吸虫病、疟疾的监测预警研究中。例如, 龙芳等^[14]根据 1994—2009 年岳阳县人群血吸虫病感染率的时序资料, 得到最佳预测模型为 ARIMA(2, 1, 0), 实测值与预测值相对误差为 11.11%, 且所有实测值均在预测值的 95% 的可信区间内。赛晓勇等^[15-17]分别采用时间序列分析中指数平滑法、移动平均法、自回归分析及自回归综合移动平均法对洞庭湖区退田还湖试点集成坑和濠口 1990—2002 年患病率预测发现, 时间序列分析诸方法中 ARIMA 模型预测效果较好, 并提示退田还湖后血吸虫病粪检阳性率预测值有升高的趋势。曹亚军等^[18]基于宜昌市 1951—2006 年的疟疾发病数据构建了 ARMA(4, 1) 模型, 并对 2007—2011 年的疟疾发病率进行了预测, 提示宜昌市疟疾将呈下降趋势, 但仍应继续做好监测预警工作。

近年来, ARIMA 模型在传染病预警工作, 特别是流感等急性传染病暴发的早期预警中应用较广。如冯丹等^[19]利用北京某医院 2002 年 8 月 1 日至 2005 年 12 月 8 日流感样疾病的药物处方量数据, 经过对数和差分变化后建立了 ARIMA(1, 1, 1) 模型, 外推预测的平均相对误差为 0.307, 可为流感样疾病的暴发做出早期预警。朱猛等^[20]用江苏省 2005 年 10 月至 2010 年 2 月各监测点每周流感样病例监测数据拟合构建的 ARIMA(2, 1, 2) 模型, 预测 2010 年 3—4 月流感疫情, 显示流感发病趋于平稳, 但存在平稳增加的趋势, 结果和实测值吻合, 提示 ARIMA 模型可用于流感疫情的预测预警。此外, ARIMA 模型也用于传染病的发病率预测中, 如沈艳辉等^[21]运用时间序列分析, 对北京市城区 1957—2001 年的猩红热发病率数据构建时间序列分析模型, 用 2002—2004 年的数据验证模型的预测精度, 结果显示构建的 MA(1) 模型的标准误为 0.544, R^2 为 0.296, 预测值与实际值基本吻合。

3.2 SARIMA 模型的应用

SARIMA 模型主要用于具有季节性疾病的时间序列分析。寄生虫病的发病情况易受媒介宿主、气温等因素影响而具有典型的季节性,因此 SARIMA 模型在寄生虫病领域的研究有较多报道。Wangdi 等^[22]对不丹 7 个疟疾流行区 1994—2008 年的疟疾数据建模,并对 2009—2010 年的疟疾发病趋势进行预测,结果表明 ARIMA 模型可用于预测不丹的疟疾发病趋势,但由于各个流行区的特点不同,适用于各个地区的 ARIMA 模型参数不同。周水森^[23]、朱继民^[24]、温亮^[25]等分别利用疟疾逐月发病数据拟合并建立了 SARIMA 预测模型,结果预测曲线与实际曲线基本一致,疟疾月发病率实际值均在预测值的 95% 可信区间内,提示 ARIMA 模型可用于预测未来的疟疾发病率,为疟疾防治工作服务。Lara-Ramírez 等^[26]对墨西哥 1988—2011 年的盘尾丝虫病月报告病例数进行拟合,构建了 SARIMA(1,1,1) × (1,0,1),该模型预测到墨西哥 2012、2013 年的病例数在 1 以下,提示盘尾丝虫病在墨西哥正在被消除。Mohame 等^[27]通过对美国 2003—2009 年人和犬的贾第鞭毛虫发病数据开展描述性时矩图、季节性趋势分解以及 SARIMA 模型分析,显示犬类的贾第鞭毛虫发病率呈现逐年下降趋势,而无明显季节性,相反人类的贾第鞭毛虫发病率每年呈现季节性,8—9 月呈现高峰,提示人和犬类的贾第鞭毛虫流行病学和传播过程存在差异。

此外,肠道、呼吸道以及自然疫源性传染病的发病由于受到季节性因素或其他一些固有因素的影响,存在明显的周期性变化。因此 SARIMA 模型在这类疾病的时间序列分析中应用也较广。吴家兵^[28]、叶孟良^[29]、冯丹^[30]等分别收集法定传染病逐月发病率资料,建立时间序列,并分别构建了 ARIMA(0,1,1) × (0,1,1)¹²、ARIMA(0,1,0) × (0,1,1)¹²、ARIMA(0,1,0) × (0,1,0)¹² 等季节性时间序列模型,对传染病发病率进行预测,结果显示模型很好地拟合了既往时间段上的发病率序列,预测的传染病发病率符合实际发病率变动趋势。刘刚^[31]、陈雄飞^[32]等分别将香港、广州的结核病数据进行平稳处理后的时间序列构建 ARIMA 模型并开展预测,结果表明构建的模型可较好地描述两地肺结核报告发病数的分布规律,对结核病的近期预测产生积极指导意义。Ali 等^[33]用 SARIMA 时间序列模型评估孟加拉共和国 Matlab 地区气候和环境因素对霍乱发病率的影响以及该模型预测霍乱发病率的可行性,结果显示

月温度升高 1℃,霍乱的发病率升高 6%,海平面温度升高 1℃则可引起当月霍乱发病率增加 25%,两个月增加 18%,构建的 SARIMA 模型的均方根误差为 0.108,可用于霍乱暴发的预测。丁磊等^[34]基于山东省疾病报告信息系统 2006—2011 年以月为单位的恙虫病监测数据,利用 ARIMA 模型建模拟合,分析显示该病符合秋冬型流行特点,10、11 月季节效应指数分别为 8.454、2.230,应用该模型预测 2011 年 11、12 月发病数,预测值与实际发病数相符,实际观测值均在预测值的 95%CI 内。此外,SARIMA 模型在流感、乙型肝炎、麻疹、菌痢等传染性疾病的诸多应用,也表明 SARIMA 模型能较好模拟和预测传染性疾病的发病趋势,对于疾病控制具有重要的指导意义^[2,35-42]。

3.3 ARIMA 模型与其它模型的组合应用

在预测工作中,对于某一特定问题可以运用多种预测模型开展预测分析。由于时间序列分析善于分析变量在时间方面的发展规律,要求数列有着严格的平稳性及等方差性,仅通过简单的数据处理很难使原始发病率序列的波动性和随机性降低到精确预测分析的要求^[43]。鉴于不同模型有着不同的使用范围和优势以及 Bates 等组合模型理论的发展^[3, 44-45],国内外一些学者探讨了 ARIMA 模型与其它模型组合预测传染性疾病的发病情况,以提高预测的精准性。广义回归神经网络(general regression neural network, GRNN)是径向基网络的一种变化形式,具有强大的自学习模拟及归纳序列规律的能力,杨小兵等^[46]利用 2001—2006 年宜昌市痢疾月发病率数据探讨 ARIMA 和 GRNN 的组合模型预测痢疾发病率,结果显示组合预测模型较单一序列分析模型的平均相对误差降低了 74.34%,提高了预测的精度。Ren 等^[47]用 ARIMA-反向传播神经网络(back propagation neural network, BPNN)组合模型对上海市 2000—2011 年间 144 个月的戊型肝炎病例数据进行训练,并用 2012 年 12 月的病例数据进行验证,而后预测 2013 年 1—12 月的戊型肝炎病例数,显示上海市戊型肝炎的发病具有季节性,标准误差由单一 ARIMA 模型的 0.250 下降至组合模型的 0.176,ARIMA-BPNN 模型适于线性和非线性数据的拟合,可提高预测的准确度。

4 ARIMA 模型应用注意事项

ARIMA 模型克服了因果回归分析法中预测对

象的影响因素难以掌握和数据资料不易收集的难题,可将影响疾病发生的医学发展、社会经济、气候环境、媒介生物学特征等各种复杂因素的综合效应统一蕴涵于时间变量中,其短期外推预测的精确度比一般线性回归模型更高^[48]。但为保证预测结果的准确性,应用 ARIMA 模型应注意以下几项:至少需要 50 个以上的时间序列数据,当应用季节性 ARIMA 模型时,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,序列太短,则可靠性较差^[28,40];单次分析建立的 ARIMA 模型,不能作为永久不变的预测工具,只能用于中、短期预测;由于疫情波动受到诸多未知因素的影响,实际应用中应不断添加积累新的监测数据,修正原来的模型或拟合新的模型,以更准确预测传染病发病情况^[37]。

5 结语

综上所述,ARIMA 模型是一种有效的统计分析模型,在一定程度上排除人们的主观性,采用更为科学严谨的数学化手段进行疾病发病率的预测,具有重要的应用价值。虽然 ARIMA 模型分析得到的预测期望值不能判断将来传染病是否有暴发或者提供暴发概率,但可以为决策者提供将来观察值的期望变异,从而为是否进一步开展监测和(或)采取公共卫生干预提供参考。但作为一种数据处理方法,ARIMA 模型和其他常用的预测方法一样,主要从数据上反映疾病的统计规律,在实际决策时还应考虑其他综合因素对预测结果的影响,相信组合模型的发展将为其带来更广阔的应用空间。

参 考 文 献

- [1] Amzallag-Bellenger E, Oudjit A, Ruiz A, et al. Effectiveness of MR enterography for the assessment of small-bowel diseases beyond Crohn disease[J]. *Radiographics*, 2012, 32(5): 1423-1444.
- [2] 彭志行, 鲍昌俊, 赵杨, 等. ARIMA 乘积季节模型及其在传染病发病预测中的应用[J]. *数理统计与管理*, 2008, 27(2): 362-368.
- [3] 邢慧娴, 杨维中, 王汉章. 传染病预测[J]. *预防医学情报杂志*, 2004, 20(6): 639-642.
- [4] Garabedian LF, Ross-Degnan D, Ratanawijitrasin S, et al. Impact of universal health insurance coverage in Thailand on sales and market share of medicines for non-communicable diseases: an interrupted time series study[J]. *BMJ Open*, 2012, 2(6): 112-118.
- [5] 王振龙. 应用时间序列分析[M]. 北京: 中国统计出版社, 2010: 2.
- [6] Allard R. Use of time-series analysis in infectious disease surveillance[J]. *Bull World Health Organ*, 1998, 76(4): 327-333.
- [7] Haredasht SA, Taylor CJ, Maes P, et al. Model-based prediction of *Nephropathia epidemica* outbreaks based on climatological and vegetation data and bank vole population dynamics[J]. *Zoonoses Public Health*, 2012, 26: 461-477.
- [8] Zhang Y, Liu QY, Luan RS, et al. Spatial-temporal analysis of malaria and the effect of environmental factors on its incidence in Yongcheng, China, 2006-2010[J]. *BMC Public Health*, 2012, 12: 544.
- [9] Erhart LM, Ernst KC. The changing epidemiology of hepatitis A in Arizona following intensive immunization programs(1988-2007)[J]. *Vaccine*, 2012, 30(42): 6103-6110.
- [10] Heymann DL, Dixon M. Infections at the animal/human interface: shifting the paradigm from emergency response to prevention at source[J]. *Curr Top Microbiol Immunol*, 2012, 14: 207-215.
- [11] Dzakpasu S, Powell-Jackson T, Campbell OM. Impact of user fees on maternal health service utilization and related health outcomes: a systematic review[J]. *Health Policy Plan*, 2013, 30: 1-14.
- [12] 兰华, 廖志民, 赵阳. 基于 ARMA 模型的光伏电站出力预测[J]. *电测与仪表*, 2011, 48(2): 31-35.
- [13] 方积乾, 陆盈. 现代医学统计学[M]. 北京: 人民卫生出版社, 2002: 233.
- [14] 龙芳. 岳阳县人患血吸虫病疫情时空分异规律研究[D]. 长沙: 湖南师范大学, 2011.
- [15] 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.
- [16] 赛晓勇, 闫永平, 张治英, 等. 时间序列分析预测洞庭湖区退田还湖试点血吸虫病疫情变化趋势[J]. *中国寄生虫病防治杂志*, 2004, 17(6): 353-355.
- [17] 赛晓勇, 张治英, 徐德忠, 等. 不同时间序列分析法在洞庭湖区血吸虫病发病预测中的比较[J]. *中华流行病学杂志*, 2004, 25(10): 863-866.
- [18] Wang L, Han X, Liu M, et al. Experience in management of Fournier's gangrene: a report of 24 cases[J]. *J Huazhong Univ Sci Technolog Med Sci*, 2012, 32(5): 719-723.
- [19] 冯丹, 赵京丽, 郝璐, 等. 基于处方监测的流感样疾病预警模型研究[J]. *预防医学论坛*, 2007, 13(10): 875-877.
- [20] Reza MA, Fahimeh G, Reza MH. Evaluation of xenotropic murine leukemia virus and its R426Q polymorphism in patients with prostate cancer in Kerman, southeast of Iran[J]. *Asian Pac J Cancer Prev*, 2012, 13(8): 3669-3673.
- [21] Tamguney G, Giles K, Oehler A, et al. Chimeric elk/mouse prion proteins in transgenic mice[J]. *J Gen Virol*, 2013, 94 (Pt 2): 443-452.

- [22] Wangdi K, Singhasivanon P, Silawan T, et al. Development of temporal modelling for forecasting and prediction of malaria infections using time-series and ARIMAX analyses: a case study in endemic districts of Bhutan[J]. *Malar J*, 2010, 9: 251.
- [23] 周水森, 黄芳, 沈毓祖. ARIMA 模型在疟疾发病预测中的应用[J]. *中国病原生物学杂志*, 2007, 2(4): 284-286.
- [24] 朱继民, 汤林华, 周水森, 等. 非稳定性疟区用时间序列模型预测疟疾发病率的可行性研究[J]. *中国寄生虫学与寄生虫病杂志*, 2007, 25(3): 232-236.
- [25] 温亮, 徐德忠, 林明和, 等. 应用时间序列模型预测疟区疟疾发病率[J]. *第四军医大学学报*, 2004, 25(6): 507-510.
- [26] Kanekawa H. Contradiction and intention of actual situation and statistical observation on home custody of mental patients[J]. *Seishin Shinkeigaku Zasshi*, 2012, 114(10): 1201-1207.
- [27] Kourkoumpetis TK, Desalermos A, Muhammed M, et al. Central nervous system aspergillosis: a series of 14 cases from a general hospital and review of 123 cases from the literature[J]. *Medicine (Baltimore)*, 2012, 91(6): 328-336.
- [28] 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.
- [29] 叶孟良, 张多西, 王润华. 重庆市法定报告传染病预测与监测的 ARIMA 模型[J]. *重庆医科大学学报*, 2009, 34(8): 1070-1072.
- [30] 冯丹, 韩晓娜, 赵文娟, 等. 中国内地法定报告传染病预测和监测的 ARIMA 模型[J]. *疾病控制杂志*, 2007, 11(2): 875-878.
- [31] 刘刚, 唐宋, 孙文杰. 时间序列分析法在香港结核病预测中的应用[J]. *中国卫生统计*, 2012, 29(2): 226-228.
- [32] 陈雄飞, 董晓梅, 王声湧, 等. 广州市 1997~2009 年肺结核报告发病数时间序列分析[J]. *中国卫生统计*, 2011, 28(5): 548-552.
- [33] Bao L. A new infectious disease model for estimating and projecting HIV/AIDS epidemics[J]. *Sex Transm Infect*, 2012, 88(Suppl 2): i58-64.
- [34] 丁磊, 丁淑军, 张萌, 等. 应用时间序列分析研究秋冬型恙虫病时间分布特征及趋势[J]. *中华流行病学杂志*, 2012, 33(7): 698-701.
- [35] 李燕婷, 张宏伟, 任宏, 等. 上海市流感样病例发病趋势的时间序列分析和预测模型研究[J]. *中华预防医学杂志*, 2007, 41(6): 496-498.
- [36] 朱猛, 祖荣强, 霍翔, 等. 时间序列分析在流感疫情监测预警中的应用[J]. *中华预防医学杂志*, 2012, 45(12): 1108-1111.
- [37] Warren-Gash C, Hayward AC, Hemingway H, et al. Influenza infection and risk of acute myocardial infarction in England and Wales: a CALIBER self-controlled case series study[J]. *J Infect Dis*, 2012, 206(11): 1652-1659.
- [38] Liu J, Li X, Fan X, et al. Adoptive transfer of macrophages from adult mice reduces mortality in mice infected with human enterovirus 71[J]. *Arch Virol*, 2013, 158(2): 387-397.
- [39] 王玉明. 时间序列分析在甘肃省麻疹发病率预测中的应用研究[D]. 兰州: 兰州大学, 2009.
- [40] 胡建利, 梁祁, 吴莹, 等. 季节时间序列模型在菌痢发病预测中的应用[J]. *中国卫生统计*, 2012, 29(1): 34-36.
- [41] Thompson WW, Ridenhour BL, Barile JP, et al. Time-series analyses of count data to estimate the burden of seasonal infectious diseases[J]. *Epidemiology*, 2012, 23(6): 839-844.
- [42] Held L, Paul M. Modeling seasonality in space-time infectious disease surveillance data[J]. *Biom J*, 2012, 54(6): 824-843.
- [43] Stockmann C, Sherwin CM, Zobel JT, et al. Optimization of anti-pseudomonal antibiotics for cystic fibrosis pulmonary exacerbations: III. fluoroquinolones [J]. *Pediatr Pulmonol*, 2013, 48(3): 211-220.
- [44] Nogradi N, Spier SJ, Toth B, et al. Musculoskeletal *Corynebacterium pseudotuberculosis* infection in horses: 35 cases (1999-2009)[J]. *J Am Vet Med Assoc*, 2012, 241(6): 771-777.
- [45] Koyanagi Y. HTLV research 30th year [J]. *Uirusu*, 2011, 61(2): 175-182.
- [46] Hermet M, Minichiello E, Flipo RM, et al. Infectious sacroiliitis: a retrospective, multicentre study of 39 adults[J]. *BMC Infect Dis*, 2012, 12: 305.
- [47] Teurlai M, Huy R, Cazelles B, et al. Can human movements explain heterogeneous propagation of dengue fever in Cambodia[J]? *PLoS Negl Trop Dis*, 2012, 6(12): e1957.
- [48] 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.

(收稿日期:2013-12-25)

(本文编辑:陈勤)