

贝叶斯 log-binomial 回归方法评估 患病率比的研究

高文龙 林和 刘小宁 任晓卫 李娟生 申希平 朱素玲

730000 兰州大学公共卫生学院流行病与卫生统计研究所(高文龙、刘小宁、任晓卫、李娟生、申希平、朱素玲),信息与工程学院计算机软件与理论研究所(林和)

通信作者:高文龙, Email:gaowl06@aliyun.com

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2017.03.025

【摘要】 探讨贝叶斯 log-binomial 回归估计患病率比的方法及应用。以看护人识别腹泻危险症状与婴幼儿腹泻求医关系为实例,利用 Openbugs 软件拟合贝叶斯 log-binomial 回归模型估计看护人识别腹泻危险症状与婴幼儿腹泻求医关系的患病率比(prevalence ratio, PR)。看护人能识别腹泻危险症状可提高大约 13% 的求医概率。贝叶斯 log-binomial 回归 3 个模型均收敛,估计的 PR 值(95% CI)分别为 1.130(1.005~1.265)、1.128(1.001~1.264)、1.132(1.004~1.267);常规 log-binomial 回归模型 1 和模型 2 收敛,估计的 PR 值(95% CI)分别为 1.130(1.055~1.206)和 1.126(1.051~1.203),但模型 3 不收敛,用复制方法估计 PR 值(95% CI)为 1.125(1.051~1.200)。贝叶斯 log-binomial 回归 3 个模型 PR 的点估计和区间估计虽与常规 log-binomial 回归稍有差异,但整体一致性较好。贝叶斯 log-binomial 回归能有效地估计 PR,模型不收敛问题少,与常规 log-binomial 回归相比在应用上更有优势。

【关键词】 贝叶斯定理;回归分析;模型;统计学;患病率比;log-binomial 回归

基金项目:教育部人文社科基金(15XJC910001);兰州大学中央高校基本科研业务费(lzujbky-2016-025)

Evaluation of estimation of prevalence ratio using bayesian log-binomial regression model Gao Wenlong, Lin He, Liu Xiaoning, Ren Xiaowei, Li Juansheng, Shen Xiping, Zhu Suling
Department of Epidemiology and Health Statistics, School of Public Health, Lanzhou University, Lanzhou 730000, China (Gao WL, Liu XN, Ren XW, Li JS, Shen XP, Zhu SL); Department of Computer Software, School of Information and Engineering, Lanzhou University, Lanzhou, 730000, China (Lin H)
Corresponding author: Gao Wenlong, Email: gaowl06@aliyun.com

【Abstract】 To evaluate the estimation of prevalence ratio (PR) by using bayesian log-binomial regression model and its application, we estimated the PR of medical care-seeking prevalence to caregivers' recognition of risk signs of diarrhea in their infants by using bayesian log-binomial regression model in Openbugs software. The results showed that caregivers' recognition of infant's risk signs of diarrhea was associated significantly with a 13% increase of medical care-seeking. Meanwhile, we compared the differences in PR's point estimation and its interval estimation of medical care-seeking prevalence to caregivers' recognition of risk signs of diarrhea and convergence of three models (model 1: not adjusting for the covariates; model 2: adjusting for duration of caregivers' education, model 3: adjusting for distance between village and township and child month-age based on model 2) between bayesian log-binomial regression model and conventional log-binomial regression model. The results showed that all three bayesian log-binomial regression models were convergence and the estimated PRs were 1.130(95% CI: 1.005-1.265), 1.128(95% CI: 1.001-1.264) and 1.132(95% CI: 1.004-1.267), respectively. Conventional log-binomial regression model 1 and model 2 were convergence and their PRs were 1.130(95% CI: 1.055-1.206) and 1.126(95% CI: 1.051-1.203), respectively, but the model 3 was misconvergence, so COPY method was used to estimate PR, which was 1.125 (95% CI: 1.051-1.200). In addition, the point estimation and interval estimation of PRs from three bayesian log-binomial regression models differed slightly from those of PRs from conventional log-binomial regression model, but they had a good consistency in estimating PR. Therefore, bayesian log-binomial regression model can effectively estimate PR with less misconvergence and have more advantages in application compared with conventional log-binomial regression model.

【Key words】 Bayes theorem; Regression analysis; Models, statistical; Prevalence ratio; Log-binomial regression

Fund programs: Humanities and Social Sciences Foundation of the Ministry of Education of China (15XJC910001); Fundamental Research Funds for the Universities Subordinated to Central Government of China (lzujbky-2016-025)

在横断面研究中, log-binomial 回归能够获得因素与结局变量的关联强度指标患病率比 (prevalence ratio, PR), 是一种研究二分类观察结果与多因素之间关系的重要方法, 在医学研究等领域中得到了广泛的应用^[1-3]。贝叶斯 log-binomial 回归是将 log-binomial 回归估计的回归参数和结局变量看成是具有某个特定分布的随机变量, 在事先指定其先验分布的前提下, 利用贝叶斯公式, 获得它们的后验分布或概率, 从而达到参数估计^[4-5]。与常规的 log-binomial 回归相比, 贝叶斯 log-binomial 回归引入了随机变量, 在处理不确定性或随机问题时, 表现出明显的优势。此外, 处理问题的灵活性也得到了很大的增强。本文主要介绍贝叶斯 log-binomial 回归 PR 估计的方法, 并用看护人识别腹泻危险症状与婴幼儿腹泻求医关系的实例来验证模型估计 PR 的可行性和有效性。

基本原理

log-binomial 回归模型:

在 log-binomial 回归模型中, 观察的结局变量 Y ($Y=1$, 出现阳性结果; $Y=0$, 出现阴性结果) 为两分类变量, 服从二项分布, 且结局变量 $Y=1$ 的概率 P 的对数值与自变量 X 呈线性关系:

$$\log[P(Y=1|X_i)] = \alpha + \sum_{i=1}^m \beta_i X_i \quad (1)$$

在式(1)中, $\log(\cdot)$ 是以自然数 e 为底的对数函数, α 为截距, $\beta_i (i=1, 2, \dots, m)$ 分别为自变量 $X_i (i=1, 2, \dots, m)$ 的回归系数。由于 $P(Y_i=1|X_i)$ 的取值界于 0 和 1 之间, 所以 $\log[P(Y=1|X_i)]$ 取值位于 $(-\infty, 0)$ 区间内。在用最大似然估计方法进行参数估计时, 需要保证限定条件 $\alpha + \sum_{i=1}^m \beta_i X_i \leq 0$ 成立的情况下才能进行。当模型中存在连续自变量时, 最大似然估计的参数落在该限定条件的边界上, 而得不到最大似然函数导数为零时的解, 从而使模型不能收敛。

Deggens 等^[6]提出了扩充原始数据集, 在扩充的数据集上运行 log-binomial 回归模型能够获得最大似然的近似估计值。扩充原始数据集的步骤: 当 log-binomial 回归模型不收敛时, 将原始数据集中

$Y=1$ 的个案增加 $c-1$ 倍, 然后, 再将原始数据集中 Y 值互换, 将这两个新的数据集合并成一个数据集, 即为复制 (COPY) 数据集。再利用 COPY 数据集拟合 log-binomial 回归模型从而达到解决模型不收敛问题。通常 c 为常数, c 越大, COPY 数据集的伪似然估计值越接近于最大似然估计值。在 SAS 软件中, 可以利用 genmod 模块中的加权 log-binomial 回归模型实现 COPY 数据集下的 log-binomial 回归方法^[7]。

贝叶斯 log-binomial 回归模型:

利用贝叶斯方法实现 log-binomial 回归参数估计, 需要将模型中各估计参数看成是随机变量, 指定其先验分布, 然后, 结合样本信息计算其后验分布, 以实现模型参数的估计。由式(1)可见, log-binomial 回归通过对数连接 (通常取自然数 e 为底的对数), 将每个观测 $Y=1$ 的概率 $P_j (j=1, 2, \dots, n)$ 的对数与线性部分连接。如式(2)所示:

$$\log(P_j) = \alpha + \sum_{i=1}^m \beta_i X_i \quad (2)$$

在式(2)中, 估计的参数为回归系数 $\beta_i (i=1, 2, \dots, m)$ 。截距 α 和回归系数 $\beta_i (i=1, 2, \dots, m)$ 在 $[-\infty, \infty]$ 取值。通常不合适的先验会对后验估计结果产生影响, 因此, 按照截距和回归系数的测量尺度, 设定为建议的正态分布先验, 考虑到指定的先验分布精度对参数后验分布的影响, 可采用很小精度的无信息先验分布, 如式(3)和(4)所示。用 $N(\mu, \tau)$

表示以均数 μ 和精度 $\tau \left(\tau = \frac{1}{\sigma^2} \right)$ 为参数的正态分布。

$$\alpha \sim N(0, 0.000\ 001) \quad (3)$$

$$\beta_i (i=1, 2, \dots, m) \sim N(0, 0.000\ 001) \quad (4)$$

在式(2)中, $P_j (j=1, 2, \dots, n)$ 为每一观测结局变量 $Y=1$ 的概率, 取值界于 0 和 1 之间。而每一个观测的结局变量值 $Y_j (j=1, 2, \dots, n)$ 可以看成是以概率 P_j 进行的一次贝努利抽样的结果。此时, 模型可以指定如下先验式(5):

$$Y_j \sim \text{Bern}(P_j) \quad (5)$$

式(5)中 $\text{Bern}(P_j)$ 为以概率 P_j 为参数的贝努利分布概率密度函数。

直接利用贝叶斯公式进行 log-binomial 回归模型参数求解, 涉及到非常复杂的多重积分形式。此

时,可以将参数求解的过程看成是一条或多条马尔可夫链(可以指定不同的初始值来确定),利用蒙特卡罗模拟和 Gibbs 抽样方法实现。

设存在样本量为 n 的横断面样本,二元结局变量 Y ,有 m 个自变量分别为 $X_i(i=1,2,\dots,m)$ 。利用贝叶斯 log-binomial 回归模型估计自变量的 PR 用于测量它与结局变量间的联系。在 Openbugs 软件中,可以通过基本程序来实现,见程序 1。

程序 1:

```
model {
  for(i in 1:n) {
    Y[i]~dbern(p[i])
    log(p[i])<- alpha +inprod(beta[1:m],x[i,1:m])
  }
  alpha~dnorm(0.0,1.0E-6)
  for(j in 1:m){
    beta[j]~dnorm(0.0,1.0E-6)
    PR[j]<-exp(beta[j])
  }
}
```

在贝叶斯 log-binomial 回归中,参数估计需要满足限定条件 $\alpha + \sum_{i=1}^m \beta_i X_i \leq 0$ 。当存在连续自变量时,可能会导致模型不收敛。Chu 和 Cole^[8]在后验概率估计公式中增加了不平等限制改善不收敛问题。在程序中需对每一步中观测的后验概率进行不等式约束,见程序 2。

程序 2:

```
for(i in 1:n){
  Z[i]<-1
  Z[i]~dbern(q[i])
  q[i]<-1-p[i]
}
```

在 Openbugs 中模型运行时,为了监视模型的收敛,需要设定多条不同初始值链,收敛情况可以通过轨迹图、BGR 图直观地监测;为了保证样本是从后验分布中抽取,通常设定退火参数 burn-in;各链的自相关程度可以通过自相关图观测,为了有效降低抽样过程中链间的自相关程度,可以根据不同马尔可夫链自相关程度设置 thin 参数值;为了减低蒙特卡罗误差,需要更多的额外抽样用于参数估计^[9]。

实例分析

实例采用西安交通大学 2005 年西部农村 10 个

省份(甘肃、广西、贵州、江西、内蒙古、宁夏、青海、四川、新疆和重庆)妇幼卫生调查数据库中,婴幼儿腹泻求医行为相关数据作为基础数据。利用贝叶斯 log-binomial 回归探索看护人识别腹泻危险症状与婴幼儿腹泻求医率之间的关系。调查数据库中共包含了 10 个省份的 14 112 名婴幼儿及家庭信息,1 040 名婴幼儿在调查前 2 周内患有腹泻,婴幼儿 2 周腹泻患病率为 7.4%。在 1 040 名腹泻患儿中,795 名腹泻患儿在医疗机构就诊,2 周腹泻求医率为 76.40%;看护人识别腹泻危险症状的比例为 29.23%。研究中所调整协变量的基本信息见表 1。由于 2 周腹泻求医率远高于 10.00%,因此,需要用 PR 来评估因素与结局变量之间的关系,log-binomial 回归可直接获得各因素与结局变量间的 PR 值。

表 1 调整协变量的基本信息

变 量	$\bar{x} \pm s$	取值范围
看护人受教育的年限	6.29 ± 3.20	0 ~ 18
患儿月龄	14.18 ± 8.86	1 ~ 36
村乡间的距离(km)	6.32 ± 6.51	0 ~ 115

采用贝叶斯 log-binomial 回归从 3 个模型分析看护人识别腹泻危险症状与婴幼儿腹泻求医之间的关系。模型 1:未调整协变量;模型 2:调整看护人受教育的年限;模型 3:在模型 2 基础上,调整村乡间的距离和患儿月龄。模型的拟合优度通过偏差信息统计量(deviation information criteria, DIC)分析最优模型。为了更好地比较,同时也拟合了 3 个常规 log-binomial 回归模型,当模型不收敛时,采用 COPY 方法进行参数估计。贝叶斯 log-binomial 回归采用 Openbugs 软件(<http://www.openbugs.net>)进行统计分析,常规 log-binomial 回归和加权 log-binomial 回归(实现 COPY 方法)采用 SAS 9.1.2 软件(SAS Institute Inc., Cary, North Carolina)进行统计分析。

在贝叶斯 log-binomial 回归参数估计过程中,为了监视模型的收敛情况,根据模型的约束条件和回归系数的取值范围(回归系数初始值分别设置在 -1 和 0)运行不同初始值的 2 条链,收敛情况直观地通过迭代轨迹图来分析。通过抽样更新,每 100 次迭代更新 1 次,每 10 次更新通过迭代轨迹图、历史轨迹图以及 BGR 图观察各链收敛情况,发现 5 000 次迭代后,各链趋于收敛。为了确保从后验分布中抽样且参数的估计值不会受到初始值的影响,在参数估计时,通过设定退火参数 burn-in,将前期 5 000 次的迭代结果剔除。为了减少蒙特卡罗误差,额外的 100 000 次抽样用来估计后验参数。为了更好地降

低链间的自相关,贝叶斯模型的参数 thin 设定为 5。在 3 个贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归模型运行后,各估计参数的蒙特卡罗误差均 $< 5\%$ 标准差;自相关指标提示各链混合较好。3 个贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归模型中,看护人识别危险症状变量的历史轨迹图、BGR 图和自相关图分别见图 1~3。此外,3 个模型中,模型 3 运行时间稍长于其他 2 个模型,运行时间也在可接受的范围内。3 个贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归模型拟合优度参数的比较,模型 1 的 DIC 最小 (DIC = 1 763),因此,模型 1 是最优模型。

拟合常规 $\log\text{-binomial}$ 回归模型,模型 1 和模型 2 均能收敛,但模型 3 不收敛,采用 COPY 方法进行参数估计,而 3 个贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归模型均能收敛;比较看护人识别腹泻危险症状与求医关系的 PR 的点估计值,贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归模型 2 和模型 3 均较常规 $\log\text{-binomial}$ 回归稍大,模型 1 两者相等;区间估计贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归较常规 $\log\text{-binomial}$ 回归稍宽。不同模型估计的看护人识别腹泻危险症状与求医关系的 PR 结果见表 2。贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归结果显示,看护人识别腹泻危险症状可提高 13% 的婴幼儿腹泻求医的概率 (贝叶斯最优模型结果)。

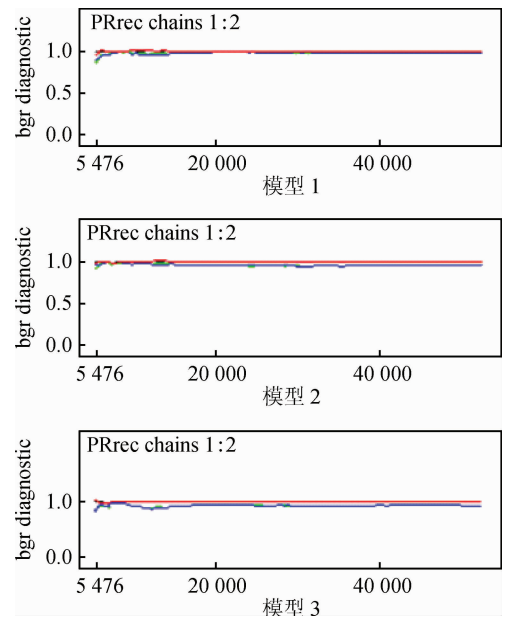


图2 贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归看护人识别腹泻危险症状变量 PR 的 BGR 图

讨论

在流行病学横断面研究中,当疾病的流行水平较高 ($> 10\%$), OR 值会高估因素与疾病间的联系。Lee 和 Chia^[10] 建议使用 PR 值来估计因素与结局变量间的关系。

$\log\text{-binomial}$ 回归作为一种直接获得 PR 的指数风险模型,已被研究者广泛关注。但是, $\log\text{-binomial}$ 模型中,当出现连续自变量时,有时会出现模型不收敛的问题^[6]。尽管 Deggens 提出了扩充原始数据集,然后运行 $\log\text{-binomial}$ 回归模型能够获得最大伪似然估计值, Savu 等^[11] 也证明了这个最大似然估计值是存在的,且是唯一的,但是这种方法调整了数据集本身的结构,有点特别且缺乏一般性^[6,8]。

本研究运用贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归估计 PR , 用实例分析看护人识别危险症状与婴幼儿腹泻求医之间的关系,并同常规 $\log\text{-binomial}$ 回归结果进行了比较。结果显示,看护人识别腹泻危险症状可提高 13% 的婴幼儿腹泻求医的概率。

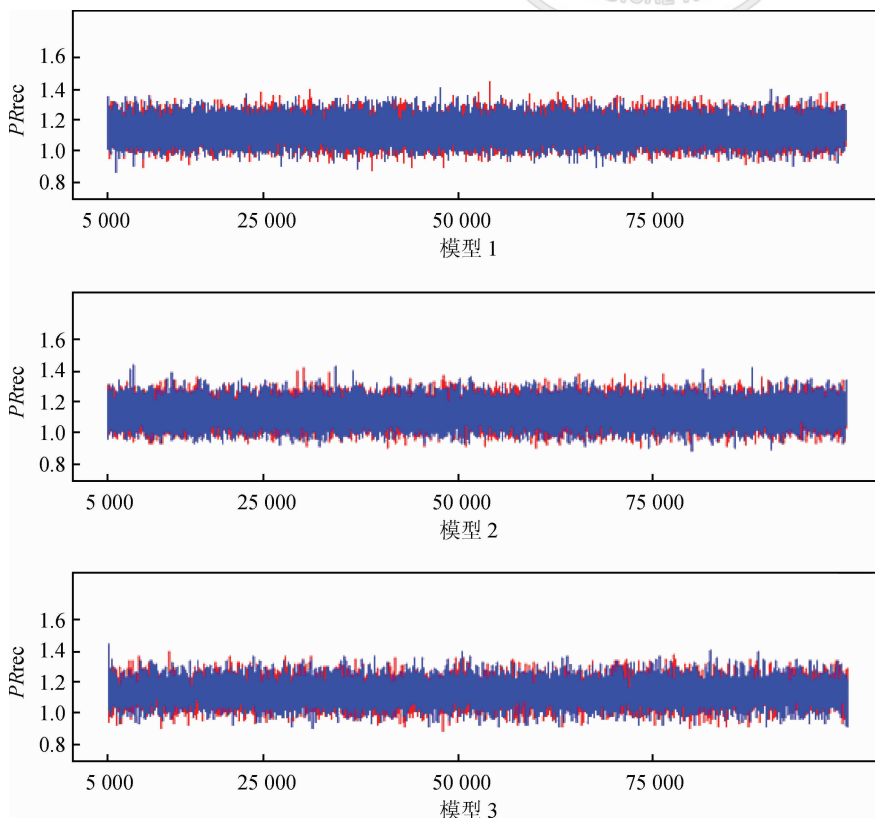


图1 贝叶斯 $\log\text{-binomial}$ 回归模型看护人识别腹泻危险症状变量的迭代历史轨迹图

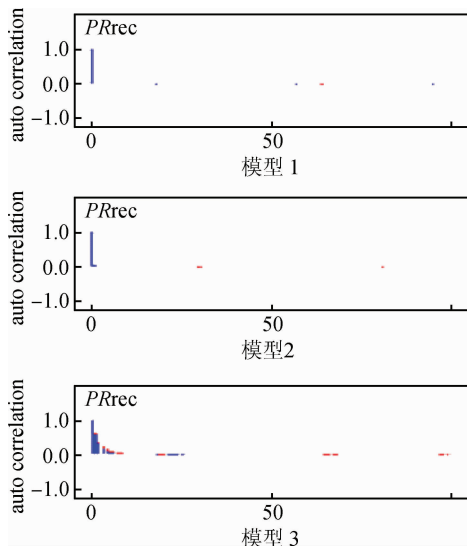


图3 贝叶斯log-binomial模型看护人识别腹泻危险症状变量PR的自相关图

表2 贝叶斯log-binomial回归与常规log-binomial回归结果

模 型	贝叶斯log-binomial回归		log-binomial回归	
	PR值	95%CI	PR值	95%CI
模型1				
腹泻危险症状的识别	1.130	1.005 ~ 1.265	1.130	1.055 ~ 1.206
模型2				
腹泻危险症状的识别	1.128	1.001 ~ 1.264	1.126	1.051 ~ 1.203
看护人受教育年限	1.005	0.988 ~ 1.023	1.004	0.993 ~ 1.016
模型3*				
腹泻危险症状的识别	1.132	1.004 ~ 1.267	1.125	1.051 ~ 1.200
看护人受教育年限	1.004	0.987 ~ 1.022	1.005	0.994 ~ 1.017
患儿年龄	0.996	0.989 ~ 1.002	0.995	0.991 ~ 0.999
村乡间的距离	0.999	0.991 ~ 1.006	1.000	0.995 ~ 1.003

注：*常规log-binomial回归不收敛,用COPY方法估计PR值和95%CI

率。各模型比较结果表明,贝叶斯log-binomial回归与常规log-binomial回归估计的看护人识别腹泻危险症状与求医关系PR的点估计和区间估计,在不同模型中虽有微小差别,但整体估计的一致性较好,说明贝叶斯log-binomial回归在无协变量、有协变量情形下,估计变量的PR是有效的。此外,贝叶斯log-binomial回归应用中,无论有无连续协变量,通过增加对每一步观测的后验概率进行不等式约束程序,监视概率变化,避免了概率越界或边界概率导致模型不收敛的问题。

有研究表明,可选择使用其他的替代模型来估计因素的PR,但这些模型常出现模型拟合有关的问题。Zou^[12]利用Poisson回归估计PR,但Poisson误差通常较二项误差大,还常会出现概率越界问题^[8, 13-14]。Lee和Chia^[10]推荐设定一个不变的随访时间,使用Cox风险回归估计因素的PR,但患病率

很高时,会产生更大的标准误^[15]。此外,一些研究直接利用logistic回归估计PR。Zhang等^[16]将logistic回归估计的OR值,通过OR和PR的转化公式,简单地获得PR值的点估计和区间估计,但有混杂因素时这个方法会产生较大偏倚。Schouten等^[17]通过一定规则扩充数据集后使用logistic回归来获得PR的估计,但该方法需通过调整原始数据集,估计过程有点繁琐。

由于贝叶斯log-binomial回归使用了MCMC模拟的方法进行参数估计,这种模拟方法对每一观测后验概率进行不等式约束后不会依赖非对称近似,当样本量很小的时候,依然能得到概率的区间估计^[8]。另外,对后验概率的不等式约束,降低了模型不收敛而导致无法参数估计的风险,与常规的log-binomial回归相比,使估计参数的问题更加直接,无需转换方法来完成PR的估计。

总之,在横断面研究中,当疾病的流行水平较高时,贝叶斯log-binomial回归方法能够较好地估计各因素的PR,由于对后验概率不等式约束,很少出现模型不收敛导致的无法估计参数的问题,较常规的log-binomial回归在估计PR上更有优势。

利益冲突 无

参 考 文 献

- [1] Rodriguez-Alvarez E, Borrell LN, González-Rábago Y, et al. Induced abortion in a southern European region: examining inequalities between native and immigrant women [J]. Int J Public Health, 2016, 61 (7) : 829-836. DOI: 10.1007/s00038-016-0799-7.
- [2] Chang TI, Evans G, Cheung AK, et al. Patterns and correlates of baseline thiazide-type diuretic prescription in the systolic blood pressure intervention trial [J]. Hypertension, 2016, 67 (3) : 550-555. DOI: 10.1161/HYPERTENSIONAHA.115.06851.
- [3] Magnus MC, Karlstad Ø, Håberg SE, et al. Prenatal and infant paracetamol exposure and development of asthma: the Norwegian Mother and Child Cohort study [J]. Int J Epidemiol, 2016, 45(2):512-522. DOI: 10.1093/ije/dyv366.
- [4] Albert JH, Chib S. Bayesian analysis of binary and polychotomous response data [J]. J Am Statist Assoc, 1993, 88 (422) : 669-679. DOI: 10.1080/01621459.1993.10476321.
- [5] Kruschke JK. Doing Bayesian data analysis-a tutorial with R and BUGS[M]. Burlington, MA: Academic Press, 2010.
- [6] Deggens JA, Petersen MR, Lei X. Estimation of prevalence ratios when PROC GENMOD does not converge [C]// Proceedings of the 28th Annual SAS Users Group International Conference. Cary, NC: SAS Institute Inc, 2003: 270.
- [7] 叶荣, 郜艳晖, 杨翌, 等. log-binomial模型估计的患病比及其应用[J]. 中华流行病学杂志, 2010, 31(5): 576-578. DOI: 10.3760/

cma.j.issn.0254-6450.2010.05.024.

Ye R, Gao YH, Yang Y, et al. Using log-binomial model for estimating the prevalence ratio [J]. Chin J Epidemiol, 2010, 31 (5):576-578. DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2010.05.024.

[8] Chu HT, Cole SR. Estimation of risk ratios in cohort studies with common outcomes: a Bayesian approach [J]. Epidemiology, 2010, 21(6):855-862. DOI: 10.1097/EDE.0b013e3181f2012b.

[9] Spiegelhalter D, Thomas A, Best N, et al. Open BUGS user manual (version 3.2.3) [M]. Cambridge: MRC Biostatistics Unit, 2014.

[10] Lee J, Chia KS. Estimation of prevalence rate ratios for cross sectional data: an example in occupational epidemiology [J]. Br J Ind Med, 1993, 50(9):861-862.

[11] Savu A, Liu Q, Yasui Y. Estimation of relative risk and prevalence ratio [J]. Stat Med, 2010, 29(22):2269-2281. DOI: 10.1002/sim.3989.

[12] Zou GY. A modified Poisson regression approach to prospective studies with binary data [J]. Am J Epidemiol, 2004, 159(7):702-706. DOI: 10.1093/aje/kwh090.

[13] Yelland LN, Salter AB, Ryan P. Performance of the modified Poisson regression approach for estimating relative risks from clustered prospective data [J]. Am J Epidemiol, 2011, 174(8):984-992. DOI: 10.1093/aje/kwr183.

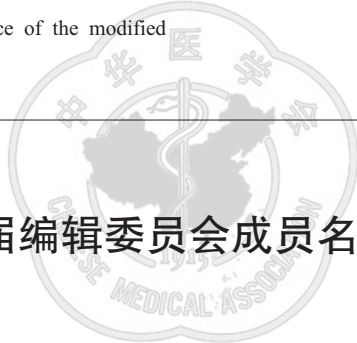
[14] McNutt LA, Wu CT, Xue XN, et al. Estimating the relative risk in cohort studies and clinical trials of common outcomes [J]. Am J Epidemiol, 2003, 157(10):940-943. DOI: 10.1093/aje/kwg074.

[15] Skove T, Deddens J, Petersen MR, et al. Prevalence proportion ratios: estimation and hypothesis testing [J]. Int J Epidemiol, 1998, 27(1):91-95. DOI: 10.1093/ije/27.1.91.

[16] Zhang J, Yu KF. What's the relative risk? A method of correcting the odds ratio in cohort studies of common outcomes [J]. JAMA, 1998, 280(19):1690-1691. DOI: 10.1001/jama.280.19.1690.

[17] Schouten EG, Dekker JM, Kok FJ, et al. Risk ratio and rate ratio estimation in case-cohort designs: hypertension and cardiovascular mortality [J]. Stat Med, 1993, 12(18):1733-1745. DOI: 10.1002/sim.4780121808.

(收稿日期:2016-09-08)
(本文编辑:万玉立)



中华流行病学杂志第七届编辑委员会成员名单

(按姓氏汉语拼音排序)

名誉总编辑	郑锡文(北京)					
顾问	曲成毅(山西)	王滨有(黑龙江)	乌正赉(北京)	张孔来(北京)	赵仲堂(山东)	庄辉(北京)
总编辑	李立明(北京)					
副总编辑	曹务春(北京)	冯子健(北京)	顾东风(北京)	何耀(北京)	贺雄(北京)	姜庆五(上海)
	汪华(江苏)	徐建国(北京)	詹思延(北京)			
编辑委员	毕振强(山东)	蔡琳(福建)	曹广文(上海)	曹务春(北京)	陈峰(江苏)	陈坤(浙江)
	陈可欣(天津)	陈维清(广东)	程锦泉(广东)	杜建伟(海南)	段广才(河南)	方向华(北京)
	冯子健(北京)	龚向东(江苏)	顾东风(北京)	郭志荣(江苏)	何耀(北京)	何剑峰(广东)
	贺雄(北京)	胡东生(广东)	胡国良(江西)	胡永华(北京)	胡志斌(江苏)	贾崇奇(山东)
	姜宝法(山东)	姜庆五(上海)	阚飙(北京)	康德英(四川)	李丽(宁夏)	李群(北京)
	李敬云(北京)	李俊华(湖南)	李立明(北京)	廖苏苏(北京)	刘静(北京)	刘民(北京)
	刘殿武(河北)	刘天锡(宁夏)	卢金星(北京)	陆林(云南)	栾荣生(四川)	罗会明(北京)
	吕繁(北京)	吕筠(北京)	马文军(广东)	孟蕾(甘肃)	米杰(北京)	潘凯枫(北京)
	祁禄(美国)	乔友林(北京)	邱洪斌(黑龙江)	仇小强(广西)	沈洪兵(江苏)	施榕(上海)
	施小明(北京)	时景璞(辽宁)	苏虹(安徽)	谭红专(湖南)	唐金陵(中国香港)	汪华(江苏)
	汪宁(北京)	王蓓(江苏)	王岚(北京)	王鸣(广东)	王定明(贵州)	王建华(天津)
	王全意(北京)	王素萍(山西)	吴凡(上海)	吴先萍(四川)	吴尊友(北京)	夏洪波(黑龙江)
	项永兵(上海)	徐飏(上海)	徐爱强(山东)	徐建国(北京)	许汴利(河南)	闫永平(陕西)
	严延生(福建)	杨维中(北京)	叶冬青(安徽)	于普林(北京)	于雅琴(吉林)	余宏杰(北京)
	俞敏(浙江)	詹思延(北京)	张瑜(湖北)	张博恒(上海)	张建中(北京)	张顺祥(广东)
	张作风(美国)	赵方辉(北京)	赵根明(上海)	赵亚双(黑龙江)	周宝森(辽宁)	周晓农(上海)
	朱谦(河南)	庄贵华(陕西)				