

上海市乙型肝炎感染者家庭成员感染状况及影响因素分析

黎健 刘景壹 胡家瑜 李燕婷

【摘要】 目的 了解上海市乙型肝炎(乙肝)感染者家庭成员HBV的感染状况,并分析其感染HBV的影响因素。方法 于2010年随机抽取上海市6个区的乙肝患者304例和HBsAg阳性者288例,对其本人及全部家庭成员进行调查,并采集静脉血5 ml检测乙肝血清学指标。按是否感染HBV分为病例组和对照组,进行单因素分析并拟合多因素logistic回归模型,探讨家庭成员感染HBV的影响因素。结果 全部592户1485名调查对象中有1137例感染HBV,总感染率为76.57%。共15种HBV感染模式,其中以抗-HBs和抗-HBc两项阳性,HBsAg、抗-HBe、抗-HBc三项阳性,抗-HBs、抗-HBe、抗-HBc三项阳性模式为主,构成比分别为30.69%、26.65%和10.03%。HBV感染年限与家庭成员中HBV感染人数构成比的差异无统计学意义。子女的感染率(42.86%)显著低于夫妻感染率(87.54%)($P < 0.001$)。经单因素和多因素分析,性别、年龄、共用餐具、乙肝疫苗接种史和口腔诊疗史是家庭成员感染HBV的影响因素($P < 0.05$),而未接种乙肝疫苗、年龄40岁以上、年龄21~40岁、共用餐具、有口腔诊疗史、男性家庭成员的OR值分别为9.009、3.817、2.283、2.222、2.124和1.339。结论 上海市HBV感染呈明显的家庭聚集性。

【关键词】 乙型肝炎病毒;家庭聚集性;影响因素

Study on the status of HBV infection and its determinants among family members with HBV infected persons in Shanghai Li Jian¹, Liu Jing-yi², Hu Jia-yu¹, Li Yan-ting¹. 1 Department of Acute Infectious Disease, Shanghai Municipal Center for Disease Control and Prevention, Shanghai 200336, China; 2 Xuhui District Center for Disease Control and Prevention

Corresponding author: Li Yan-ting, Email: ytli@scdc.sh.cn

This work was supported by grants from the National Science and Technology Support Project for the "Eleventh Five-Year Plan" (No. 2008ZX10002-001), the Science and Research Project of Shanghai Municipal Health Bureau (No. 20114072) and the Constructing Program of Shanghai Municipal Public Health Key Discipline (No. 12GWZX0101).

【Abstract】 Objective To understand the status of HBV infection among family members with HBV infected persons in Shanghai and to probe the determinants of HBV infection so as to provide evidence for improving the related strategies on hepatitis B prevention and control. **Methods** Three hundred and four hepatitis B patients together with 288 HBsAg carriers from 6 districts in Shanghai were randomly sampled in 2010. All the said persons and their families members were asked to fill in questionnaires and to be drawn 5 ml venous blood for HBV serologic indicators detection. The subjects were divided into case group and control group according to their status of HBV infection. Univariate analysis and multivariate logistic regression analysis were carried out to identify the determinants of HBV infection among family members. **Results** Among 1485 subjects from 592 households, a total of 1137 persons were infected by HBV, with the overall infection rate as 76.57%. Fifteen infection modes were noticed, in which double positive of anti-HBs and anti-HBc, triple positive of HBsAg, anti-HBe and anti-HBc, together with triple positive of anti-HBs, anti-HBe and anti-HBc accounted for the top three, with the proportions as 30.69%, 26.65% and 10.03% respectively. The differences between the years of carrying HBV and the proportions of numbers that

DOI: 10.3760/cma.j.issn.0254-6450.2013.03.001

基金项目:国家“十一五”科技重大专项(2008ZX10002-001);上海市卫生局科研课题(20114072);上海市公共卫生重点学科计划(12GWZX0101)

作者单位:200336上海市疾病预防控制中心(黎健、胡家瑜、李燕婷);上海市徐汇区疾病预防控制中心(刘景壹)
黎健、刘景壹同为第一作者

通信作者:李燕婷, Email: ytli@scdc.sh.cn

carrying HBV in families, were not statistically significant. The infection rate among children (42.86%) was significantly lower than that of their parents (87.54%) ($P < 0.001$). Results from both univariate and multivariate analysis showed that gender, age, utensil sharing, histories of receiving hepatitis B vaccines and dental outpatient service were determinants of HBV infection among families members ($P < 0.05$), with OR values being 9.009 for persons without immunization history of hepatitis B vaccines, 3.817 for persons above 40 years old and 2.283 for persons of 21–40 years old, 2.222 for families members who sharing utensil, 2.124 for persons with history of dental outpatient service and 1.339 for male members, respectively. **Conclusion** Family clustering of HBV infection in was seen in Shanghai. In order to reduce the number of HBV infection in families, hepatitis B vaccination program need to be carried out. Healthy lifestyle should be emphasized to prevent HBV infection due to close contact. The risk of iatrogenic HBV transmission should also be prevented.

[Key words] Hepatitis B virus; Family clustering; Determinant

HBV 感染是我国及全球性的公共卫生问题^[1,2]。有研究表明^[3], HBV 的传播具有明显的家庭聚集性, 其中感染者的家庭成员是 HBV 感染的高危人群。为此本研究于 2010 年调查了上海市 HBV 感染者家庭成员的感染现状及其影响因素。

对象与方法

1. 调查对象: 随机抽取上海市市、郊区各 3 个, 采用单纯随机抽样方法, 从每个区法定传染病疫情报告系统和从业人员健康体检系统中分别抽取 2006—2009 年诊断的成年乙型肝炎(乙肝)患者和无症状 HBsAg 阳性者(均符合 2000 年全国第十次病毒性肝炎会议修订的病毒性肝炎诊断标准)各 50 人及其共同生活的全体家庭成员为调查对象。

2. 现场调查: 调查前由上海市疾病预防控制中心按照统一方案培训调查员, 签署知情同意后, 使用自行设计的调查表对调查对象本人或其监护人进行现场问卷调查。内容包括个人基本情况、乙肝疫苗接种史、乙肝患病史、就医史、个人生活行为史等。同时采集血液标本 5 ml, 分离血清于 $-20\text{ }^{\circ}\text{C}$ 保存, 现场调查结束后统一送实验室检测。

3. 实验室检测: 应用酶联免疫吸附法(ELISA)检测 HBsAg、抗-HBs、HBeAg 及抗-HBe, 应用化学发光法(CLIA)检测抗-HBc。HBsAg、抗-HBs、HBeAg 和抗-HBe 诊断试剂盒购自上海科华生物工程股份有限公司, 抗-HBc 诊断试剂盒产自美国 Abbott 公司, 检测仪器为全自动酶免疫分析仪(COBAS CORE II 型, 美国 Abbott 公司)和免疫发光检测仪(ARCHITECT-i2000 型, 美国 Abbott 公司)。阳性判定标准: 先用 ELISA 初筛, 阳性者用 Abbott 试剂复核。HBV 五项检测结果中有 1 项阳性者即判定为 HBV 感染者(接种过乙肝疫苗且仅有抗-HBs 阳性者除外)。

4. 统计学分析: 采用 EpiData 3.0 软件建立数据库, 双遍录入数据并逻辑校对后, 将数据导入 SPSS 13.0 统计软件分析, 检验水准为 0.05。率的比较采用 χ^2 检验, 并采用条件 logisitc 回归拟合多因素分析模型。采用 Hosmer-Lemeshow 检验评价回归模型的拟合优度。采用容忍度(tolerance)和方差膨胀因子(variance inflation factor)进行自变量间的多重共线性诊断, 本研究未发现多重共线性(诊断标准为容忍度 < 0.1 与方差膨胀因子 > 10 时, 则认为存在严重的多重共线性)。

结 果

1. 一般情况: 完成有效调查对象 592 (乙肝患者 304、HBsAg 阳性者 288) 户, 共调查 1485 人, 平均每户 2.51 人。其中男性 721 人(48.55%), 平均年龄 (42.98 ± 16.94) 岁; 女性 764 人(51.45%), 平均年龄 (41.45 ± 16.15) 岁, 性别间的年龄差异无统计学意义 ($t = 0.611, P = 0.541$)。592 户中, 家庭成员数为 5 人的有 29 户(4.90%), 4 人 63 户(10.64%), 3 人 193 户(32.60%), 2 人 307 户(51.86%)。所有调查对象中 HBV 感染标志物有 1 项及以上阳性者共 1248 人, 其中 111 人为接种过乙肝疫苗后仅抗-HBs 阳性, 排除 HBV 感染, 因此共检出 HBV 感染者 1137 人, HBV 总感染率为 76.57%。其中 HBsAg 阳性率为 31.18%, HBeAg 阳性率为 7.34%, 抗-HBe 阳性率为 30.44%, 抗-HBc 阳性率为 69.56%。五项血清学标志物全阴者为 237 人(15.96%)。

2. 家庭成员 HBV 感染模式: 592 户家庭共显示 15 种 HBV 感染模式(表 1)。其中以抗-HBs 和抗-HBc 两项阳性, HBsAg、抗-HBe、抗-HBc 三项阳性, 抗-HBs、抗-HBe、抗-HBc 三项阳性模式为主, 构成比分别为 30.69%、26.65% 和 10.03%。

3. 乙肝感染年限与家庭成员 HBV 感染的关系:

去除 18 例感染时间未知的 HBV 感染者, 将 574 例感染者的感染时间分为 ≤5 年、6~10 年和 ≥11 年三组, 评价乙肝感染时间与家庭成员 HBV 感染的关系。从表 2 可见, 家庭成员中 HBV 感染人数为 2 人的比例最高, 共有 295 人; 而感染人数为 4 人的比例最低, 只有 29 人。随着 HBV 感染时间的延长, 家庭成员中 HBV 感染人数构成比的差异无统计学意义(线性趋势 $\chi^2=1.177, P=0.278$)。

表 1 上海市 592 户调查家庭中乙肝感染者家庭成员 HBV 感染模式

序号	HBsAg	抗-HBs	HBeAg	抗-HBe	抗-HBc	感染例数			构成比 (%)
						男性	女性	合计	
1	-	+	-	-	+	154	195	349	30.69
2	+	-	-	+	+	158	145	303	26.65
3	-	+	-	+	+	60	54	114	10.03
4	+	-	+	-	+	60	38	98	8.62
5	-	+	-	-	-	36	61	97	8.53
6	-	-	-	-	+	49	43	92	8.09
7	+	-	-	-	+	26	21	47	4.13
8	-	-	-	+	+	13	5	18	1.58
9	+	-	+	+	+	7	2	9	0.79
10	-	+	-	+	-	1	2	3	0.26
11	+	+	-	+	+	1	1	2	0.18
12	+	-	-	+	-	0	2	2	0.18
13	+	-	-	-	-	0	1	1	0.09
14	-	+	+	-	-	0	1	1	0.09
15	+	+	+	-	-	0	1	1	0.09

表 2 乙肝感染年限与家庭成员 HBV 感染的关系

感染时间 (年)	家庭 HBV 感染人数				合计
	1	2	3	4	
≤5	63(23.36)	118(49.37)	43(17.99)	15(6.28)	239
6~10	25(23.15)	53(49.07)	22(20.37)	8(7.41)	108
≥11	59(25.99)	124(54.63)	38(16.74)	6(2.64)	227
合计	147(25.61)	295(51.39)	103(17.94)	29(5.06)	574

注: 括号外数据为感染例数, 括号内数据为构成比(%)

4. 不同家庭成员 HBV 感染情况: 对 1485 人按照夫妻、子女及其他家庭成员分组, 子女组的感染率为 42.86%, 低于夫妻组 (87.54%), 也低于其他家庭成员组 (70.88%), 差异有统计学意义 ($\chi^2=221.20, P<0.001; \chi^2=45.57, P<0.001$)。夫妻组 HBV 感染率高于其他家庭成员组, 差异有统计学意义 ($\chi^2=48.64, P<0.001$), 见表 3。

5. HBV 感染单因素分析: 以 HBV 感染者为病例组, 未感染者 (即单纯抗-HBs 阳性和 HBV 感染标志物五项全阴者) 为对照组, 单因素分析结果见表 4。将调查对象按年龄分为 <20 岁、20~40 岁及 >40 岁三组, 各年龄组间 HBV 感染率的差异有统计学

意义 ($P<0.001$)。家庭成员有无共用餐具间的 HBV 感染率差异有统计学意义 ($P<0.001$)。有无乙肝疫苗接种史者间的 HBV 感染率差异有统计学意义 ($P<0.001$)。有无口腔诊疗史 (拔牙、补牙等)、有无针灸治疗史和有无手术治疗史者间的 HBV 感染率差异均有统计学意义 ($P<0.001$)。有无内窥镜检查史的 HBV 感染率差异有统计学意义 ($P=0.003$)。有无输血史者和有无消化道溃疡史者间的 HBV 感染率的差异均有统计学意义, P 值分别为

表 3 不同类型家庭成员 HBV 感染情况

HBV 感染	家庭成员关系			合计
	夫妻	子女	其他成员	
感染	794(87.54)	102(42.86)	241(70.88)	1137
未感染	113(12.46)	136(57.14)	99(29.12)	348
合计	907	238	340	1485

注: 同表 2

表 4 上海市 1485 名乙肝感染者家庭成员 HBV 感染分布及单因素分析

变量	人数	感染者	未感染者	χ^2 值	P 值	
性别	男	721	565(78.36)	156(21.64)	2.524	0.112
	女	764	572(74.87)	192(25.13)		
年龄(岁)	<20	146	40(27.40)	106(72.60)	258.531	<0.001
	20~40	495	358(72.32)	137(27.68)		
	>40	844	739(87.56)	105(12.44)		
共用餐具	是	835	671(80.36)	164(19.64)	15.301	<0.001
	否	650	466(71.69)	184(28.31)		
外出就餐(次/月)	0	767	595(77.57)	172(22.43)	2.559	0.278
	1~2	465	358(76.99)	107(23.01)		
	≥3	253	184(72.73)	69(27.27)		
乙肝疫苗接种史	有	251	75(29.88)	176(70.12)	366.91	<0.001
	无	1234	1062(86.06)	172(13.94)		
口腔诊疗史	有	416	361(86.78)	55(13.22)	33.595	<0.001
	无	1069	776(72.59)	293(27.41)		
针灸治疗史	有	111	100(90.09)	11(9.91)	12.230	<0.001
	无	1374	1037(75.47)	337(24.53)		
内窥镜检查史	有	173	148(85.55)	25(14.45)	8.807	0.003
	无	1312	989(75.38)	323(24.62)		
手术治疗史	有	237	206(86.92)	31(13.08)	16.850	<0.001
	无	1248	931(74.60)	317(25.40)		
输血史	有	53	47(88.68)	6(11.32)	4.495	0.034
	无	1432	1090(76.12)	342(23.88)		
献血史	有	125	94(75.20)	31(24.80)	0.142	0.706
	无	1360	1043(76.70)	317(23.30)		
消化道溃疡史	有	106	91(85.85)	15(14.15)	5.483	0.019
	无	1379	1046(75.75)	333(24.25)		
创伤性美容史	有	104	80(76.92)	24(23.08)	0.008	0.929
	无	1381	1057(76.54)	324(23.46)		
足浴店修脚	从不	1286	969(75.35)	317(24.65)	8.177	0.017
	偶尔	173	145(83.82)	28(16.18)		
	经常	26	23(88.46)	3(11.54)		

0.034 和 0.019。将在足浴店修脚分为从不、偶尔和经常三组, 各组 HBV 感染率的差异有统计学意义 ($P=0.017$)。其余各因素间 HBV 感染率的差异无统计学意义 ($P>0.05$)。

6. HBV 感染多因素条件 logistic 回归分析: 为正确估计多个变量的综合效应, 控制潜在混杂因素对分析结果的影响, 将单因素分析所包括的全部变量纳入多因素分析, 以 HBV 感染与否为因变量, 拟合向后逐步 logistic 回归模型 (规定引入水平为 0.05, 剔除水平为 0.10)。将各多分类无序自变量转换成哑变量后再参与模型拟合, 各影响因素哑变量的设计与说明见表 5, 多因素分析的结果见表 6。

表 5 HBV 感染影响因素及哑变量设计

变量	哑变量	对照分类水平
年龄(岁)	20 ~ 40、>40	<20
外出就餐(次/月)	1 ~ 2、≥3	0
足浴店修脚	偶尔、经常	从不

表 6 影响乙肝感染者家庭成员感染 HBV 的多因素 logistic 回归模型拟合

变量	β	Wald χ^2 值	P值	调整 OR 值(95%CI)
性别				
男	0.292	3.936	0.047	1.339(1.004 ~ 1.786)
年龄(岁)				
20 ~ 40	0.826	9.937	0.002	2.283(1.366 ~ 3.817)
>40	1.341	22.669	<0.001	3.817(2.203 ~ 6.623)
共用餐具				
是	0.798	27.857	<0.001	2.222(1.652 ~ 2.988)
乙肝疫苗接种史				
无	2.200	114.119	<0.001	9.009(6.024 ~ 13.514)
口腔诊疗史				
有	0.753	16.164	<0.001	2.124(1.471 ~ 3.067)
常数项	1.719	6.030	0.014	5.580

在控制潜在混杂因素的影响后, 最终有性别、年龄、共用餐具、乙肝疫苗接种史和口腔诊疗史 5 个因素进入 logistic 模型 (表 6)。综合单因素与多因素分析结果, 认为这 5 个因素对于家庭成员感染 HBV 影响的差异有统计学意义。男性家庭成员感染 HBV 的可能性是女性的 1.339 倍 ($P<0.05$); >40 岁的家庭成员感染 HBV 的可能性是 <20 岁者的 3.817 倍 ($P<0.001$), 20 ~ 40 岁家庭成员感染 HBV 的可能性是 <20 岁者的 2.283 倍 ($P=0.002$); 在家庭内共用餐具者感染 HBV 的可能性是未共用餐具者的 2.222 倍 ($P<0.001$); 乙肝疫苗接种史是影响家庭成员感染 HBV 的重要因素, 未接种乙肝疫苗者感染 HBV 的可能性是接种者的 9.009 倍 ($P<0.001$); 有拔牙、补牙、洗牙等口腔诊疗史者感染 HBV 的可能性是无口

腔诊疗史者的 2.124 倍 ($P<0.001$)。经采用 Hosmer-Lemeshow 检验评价回归模型的拟合优度, 显示本模型有较好的拟合优度 ($\chi^2=14.785, P=0.063$)。

讨 论

本次调查上海地区乙肝感染者家庭成员的 HBV 感染率为 76.57%, 稍高于朱建勇等^[4]在河南省相似研究的 63.39% 的感染率, 提示 HBV 感染的家庭聚集现象是一个不容忽视的现象。其中日常生活密切接触和母婴垂直传播是 HBV 家庭内传播的主要因素^[3]。在实行新生儿乙肝疫苗接种后, 全人群的 HBV 感染率下降明显, 但乙肝感染者的家庭成员仍是 HBV 感染的高危人群, 应及时筛查并接种乙肝疫苗。本文 HBV 的家庭感染模式呈现多样化特点, 共有 15 种感染模式, 其中抗-HBs 和抗-HBc 两项阳性, HBsAg、抗-HBe、抗-HBc 三项阳性, 抗-HBs、抗-HBe、抗-HBc 三项阳性, HBsAg、HBeAg、抗-HBc 三项阳性 4 种模式占 75.99%。有 3 例出现 HBsAg 和抗-HBs 同时阳性。本次调查还显示, 随着 HBV 感染年限的增加, 家庭成员中 HBV 感染人数为 2 人的比例始终最高, 家庭成员中 HBV 感染人数构成比的差异无统计学意义。家庭成员中子女组由于年龄较轻, 且多数接受了乙肝疫苗免疫, 因此其 HBV 感染率低于夫妻配偶, 也低于其他家庭成员组的感染率。夫妻由于日常生活接触密切, 其 HBV 感染率显著高于子女和其他家庭成员组。

调查中采用单因素和多因素 logistic 回归模型综合分析了乙肝感染者家庭成员感染 HBV 的影响因素, 结果显示乙肝疫苗接种史、年龄、共用餐具、口腔诊疗史和性别为其感染 HBV 的影响因素。乙肝疫苗接种史是乙肝感染者家庭成员感染 HBV 的独立影响因素, 接种乙肝疫苗是公认的预防感染 HBV 的最好方式^[5]。未接种乙肝疫苗者感染 HBV 的危险性是接种者的 9.009 倍, 与国内相关研究一致^[6], 说明在家庭成员中有乙肝感染者存在的情况下, 接种乙肝疫苗是保护其他家庭成员免受 HBV 感染的重要因素。年龄是家庭成员感染 HBV 的影响因素, >40 岁的家庭成员和 20 ~ 40 岁者感染 HBV 的可能性分别是 <20 岁者的 3.817 倍和 2.283 倍, 提示随着年龄的增长, 家庭成员暴露于乙肝感染者的机会亦逐渐增大。家庭生活中共用餐具者感染 HBV 的可能性是不共用餐具者的 2.222 倍, 因此在家庭日常生活中应注意避免与乙肝感染者共用餐具。调查

还显示,具有口腔诊疗史者感染 HBV 的可能性是无口腔诊疗史家庭成员的 2.124 倍,提示口腔诊疗中有可能发生医源性 HBV 感染。此外,性别也是感染 HBV 的影响因素^[7],本次调查男性家庭成员感染 HBV 的可能性是女性的 1.339 倍,表明男性家庭成员活动范围广,相对较易感染,且感染后女性更易产生保护性抗体并进入感染恢复。

本次调查结果表明,为减少乙肝感染者家庭成员感染 HBV 的风险,应加强对乙肝感染者家庭成员筛查并及时接种乙肝疫苗,还应做好日常生活中的预防,避免共用餐具,这对于阻断因密切生活接触导致的 HBV 感染意义重大,同时也应警惕 HBV 经医源性传播的风险。

参 考 文 献

- [1] Lu FM, Zhuang H. Management of hepatitis B in China. Chin Med J, 2009, 122(1): 1-2.
- [2] Ganem D, Prince AM. Hepatitis B virus infection natural history and clinical consequences. N Engl J Med, 2004, 350(3): 1118-1129.
- [3] Blumberg BS. Complex interactions of hepatitis B virus with its

host and environment. J R Coll Physician Lond, 1995, 29(1): 31-40.

- [4] Zhu JY, Yan YM, Ma DR. Analysis of infection module in families carrying HBV. Prev Med Trib, 2006, 12(2): 148-150. (in Chinese)
朱建勇,严玉明,马道瑞. 卫辉市部分乙肝感染者家庭的感染模式分析. 预防医学论坛, 2006, 12(2): 148-150.
- [5] Liu CB, Su CA. Viral hepatitis B vaccine prevention and it related problem in China. Chin J Epidemiol, 2004, 25(5): 377-378. (in Chinese)
刘崇柏,苏崇鳌. 中国乙型肝炎疫苗免疫及存在的问题. 中华流行病学杂志, 2004, 25(5): 377-378.
- [6] Hu YS, Wang XJ, Chen YS, et al. Study on hepatitis B birth dose coverage in the western and mid-level provinces of China. Chin J Vaccin Immun, 2006, 12(2): 88-90. (in Chinese)
胡苑笙,王晓军,陈园生,等. 中国中西部地区新生儿乙型肝炎疫苗首针及时接种状况调查. 中国计划免疫, 2006, 12(2): 88-90.
- [7] Kramer A, Sommer D, Hahn EG, et al. German experimental hepatitis B vaccine-influence of variation of dosage schedule, sex and age differences on immunogenicity in health care workers. Klin Wochenschr, 1986, 64(15): 688-694.

(收稿日期: 2012-11-05)

(本文编辑: 张林东)

读者·作者·编者

本刊对统计学方法的要求

统计学符号按 GB 3358-1982《统计学名词及符号》的有关规定一律采用斜体排印,常用:①样本的算术平均数用英文小写 \bar{x} (中位数用 M);②标准差用英文小写 s ;③标准误用英文小写 s_x ;④ t 检验用英文小写 t ;⑤ F 检验用英文大写 F ;⑥ 卡方检验用希文小写 χ^2 ;⑦ 相关系数用英文小写 r ;⑧ 自由度用希文小写 ν ;⑨ 概率用英文大写 P (P 值前应给出具体检验值,如 t 值、 χ^2 值、 q 值等), P 值应给出实际数值,不宜用大于或小于表示,而用等号表示,小数点后保留 3 位数。

研究设计:应告知研究设计的名称和主要方法。如调查设计(分为前瞻性、回顾性还是横断面调查研究),实验设计(应告知具体的设计类型,如自身配对设计、成组设计、交叉设计、析因设计、正交设计等),临床试验设计(应告知属于第几期临床试验,采用了何种盲法措施等);主要做法应围绕 4 个基本原则(重复、随机、对照、均衡)概要说明,尤其要告知如何控制重要非试验因素的干扰和影响。

资料的表达与描述:用 $\bar{x} \pm s$ 表达近似服从正态分布的定量资料,用 $M(Q_n)$ 表达呈偏态分布的定量资料,用统计表时,要合理安排纵横标目,并将数据的含义表达清楚;用统计图时,所用统计图的类型应与资料性质相匹配,并使数轴上刻度值的标法符合数学原则;用相对数时,分母不宜小于 20,要注意区分百分率与百分比。

统计学分析方法的选择:对于定量资料,应根据所采用的设计类型、资料具备的条件和分析目的,选用合适的统计学分析方法,不应盲目套用 t 检验和单因素方差分析;对于定性资料,应根据所采用的设计类型、定性变量的性质和频数所具备的条件及分析目的,选用合适的统计学分析方法,不应盲目套用 χ^2 检验。对于回归分析,应结合专业知识和散布图,选用合适的回归类型,不应盲目套用直线回归分析;对具有重复实验数据检验回归分析资料,不应简单化处理;对于多因素、多指标资料,要在一元分析的基础上,尽可能运用多元统计分析方法,以便对因素之间的交互作用和多指标之间的内在联系做出全面、合理的解释和评价。

统计结果的解释和表达:当 $P < 0.05$ (或 $P < 0.01$) 时,应说对比组之间的差异具有统计学意义,而不应说对比组之间具有显著性(或非常显著性)差异;应写明所用统计分析方法的具体名称(如:成组设计资料的 t 检验、两因素析因设计资料的方差分析、多个均数之间两两比较的 q 检验等),统计量的具体值(如: $t = 3.45$, $\chi^2 = 4.68$, $F = 6.79$ 等);在用不等式表示 P 值的情况下,一般情况下选用 $P > 0.05$, $P < 0.05$ 和 $P < 0.01$ 三种表达方式即可满足需要,无须再细分为 $P < 0.001$ 或 $P < 0.0001$ 。当涉及总体参数(如总体均数、总体率等)时,在给出显著性检验结果的同时,再给出 95% 可信区间。