论 著

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

程颖恺 曾光

目的 进一步论证疾病流行中"Z-D 现象"的存在, 并探讨其与病种和时间序列的 【摘要】 关系。方法 利用 1975~ 1996 年全国疫情资料, 建立了麻疹、猩红热两种疾病 1975~ 1995 年、1980 ~ 1995 年、1985 ~ 1995 年和 1990~ 1995 年 4 个不同长度的时间序列,进行最佳截取点的月累计百 分位数与前兆升降比的相关分析,并通过构建外推模型进行了预测研究。结果 在上述两种疾病 4个时间序列共 236 份资料中, 98.3% 的资料 R< 0(232/236), 这进一步论证了疾 病流行中'Z=D 现象'的存在。从时间序列来看, R<0, P<0.05 的资料在上述 4 个时间序列中所 占比例分别为: 63.8%、54.2%、44.1%、35.0%,四者之间差异有显著性(x^2 10.86, P < 0.05)。从 病种来看, 麻疹 R< 0, P< 0.05的资料, 在上述 4个时间序列中所占比例分别为: 73,3%、56.7%、 36.7%、36.7%, 四者之间差异有显著性(x² 11.16, P< 0.05); 猩红热为: 53.6%、51.8%、51.7%、 33.3%。说明"Z-D现象"与时间序列、病种的相关性。外推模型的预测结果显示: 麻疹在 1975~ 1995年、1985~1995年两个时间序列上的预测符合率(65.5%、37.0%)差异有显著性(x2 4.54, P < 0.05),表现出随时间序列的延长预测符合率增高,随 R 值减小(绝对值增大)猩红热的预测符合 可从资料来源、时间序列长度等方面来判断资料的预测价值。 率升高的趋势。结论

【关键词】 麻疹 猩红热 Z-D 现象 外推模型

Zeng- Ding phenomenon: Further demonstration and studies on its predictive value in epidemic of measles and scarlet fever CHENG Yingkai, ZENG Guang. Institute of Epidemiology and Microbiology, Chinese Academy of Preventive Medicine, Beijing 100050

[Abstract] Objective To demonstrate further the existence of Zeng – Ding phenomenon in disease epidemic and to explore the relationship between it and the time series in different kinds of diseases. **Methods** Incidence data of notifiable communicable diseases during 1975 to 1996 were collected. Time series of measles and scarlet fever incidence during 1975 to 1995, 1980 to 1995, 1985 to 1995 and 1990 to 1995 were established. Correlation analysis was conducted between monthly cumulative percentage and predictive ratio of increase to decrease in incidence rate at the best cut – off point. Prediction was studied based on the constructed extrapolation model. **Results** Correlation analysis showed that 98.3% (232/236) of the coefficients of correlation were negative (R < 0), indicating further the existence of Zeng – Ding phenomenon in disease epidemic. There was significant difference in coefficients of correlation between the four time series, which accounted for 63.8%, 54.2%, 44.1% and 35.0%, respectively; and for 73.3%, 56.7%, 36.7% and 36.7%, respectively, in measles, and for 53.6%, 51.8%, 51.7% and 33.3%, respectively, in scarlet fever. It showed that Zeng – Ding phenomenon correlated with the time series and the kinds of diseases. Prediction

作者单位: 100050 北京, 中国预防医学科学院流行病学微生物学研究所

from extrapolation model showed that there was significant difference in predictive agreement between two time series of 1975 to 1995 (65.5%) and 1985 to 1995 (37.0%) with \times^2 of 4.54 and P < 0.05, indicating a trend that predictive agreement increased with prolonging of time series, and a trend that predictive agreement for scarlet fever increased with decreasing of coefficients of correlation. **Conclusion** Predictive value of the incidence data can be evaluated by their source and length of time series.

Key words Measles Scarlet fever Zeng- Ding phenomenon Extrapolation model

进行疾病流行预测的方法学研究是流行病学研究的一个重要内容, 也是公认的难题。由曾光等^[1] 提出的描述传染病发病 规律的 "Z-D 现象"即为探索疾病预测的新方法之一。笔者研究了不同长度时间序列的麻疹、猩红热疫情资料与"Z-D 现象"、实际预测之间的关系, 并应用外推模型进行预测分析, 同时筛选出预测效果较好的地区, 探讨了判断资料预测价值的方法。有关此现象的介绍和术语解释请参见文献^[1]。

材料与方法

一资料来源: 1975~ 1996 年《全国疫情资料汇编》和 1975~ 1996 年全国及各省级单位的人口资料。

二、病种选择: 麻疹属于计划免疫疾病, 且发病数较多。猩红热为呼吸道传染病, 尚 缺乏特异性预防措施, 人为干预较少。

三、资料整理: 选取 30 个行政单位(除外海南省、重庆市, 共包括全国及 29 个省级单位。不包括海南、重庆是因为建制时间较短, 不能收集足够的资料建立适宜的时间序列)的麻疹和猩红热 1975~ 1995 年的分月发病数, 按流行年整理为 1975~ 1995 年、1980~ 1995 年、1985~ 1995 年和 1990~ 1995 年 4 个长度不同的时间序列。其中猩红热在 4 个时间序列中共有 4 份数据因至少有一个流行年没有病例发生、将这些资料剔除。

四、研究方法:

1. 计算出上述 236 份资料的各流行年发病率、前兆升降比、月累计百分位数,整理出前兆升集合、前兆降集合,计算出升降集合交叉数、升降集合交叉值,并按双指标最小原则

确定最佳截取点。

- 2. 对每一个时间序列中各份资料, 以最 佳截取点的月累计百分位数与该流行年前兆 升降比. 应用 SAS 统计软件进行相关分析。
- 3. 建立外推模型, 预测 1996 流行年的发病情况。

结 果

一、时间序列、病种与" Z- D 现象": 4个时间序列共 236 份资料中,有 232 份资料R< 0(98.3%),其中 P < 0.05有 116 份资料;有 4 份资料 R> 0(1.7%),其中 P < 0.05为 0 份资料。在 $1975 \sim 1995$ 年、 $1980 \sim 1995$ 年、 $1985 \sim 1995$ 年、 $1990 \sim 1995$ 年 4 个时间序列中,R < 0,P < 0.05的资料分别为 37 份(63.8%)、32 份(54.2%)、26 份(44.1%)、21 份(35.0%),四者之间差异有显著性(x^2 10.86, P < 0.05)。

麻疹 (R < 0, P < 0.05) 的资料数在 1990~ 1995 年时间序列与 1985~ 1995 年时间序列中的构成比相同(36.7%),但当时间序列延长至 1980~ 1995 年、1975~ 1995 年时间序列时, R < 0, P < 0.05的资料数所占百分比增大(依次为56.7%,73.3%),四者之间差异有显著性(x^2 11.16, P < 0.05)。猩红热(R < 0, P < 0.05)的资料数在上述 4个时间序列中的构成比分别为:33.3%、51.7%、51.8%、53.6%、,四者差异无显著性。湖南、江西、山东、青海、全国、广西、福建、浙江、天津、四川、江苏、河北、广东、贵州、山西、河南、湖北、黑龙江、宁夏、甘肃、内蒙古,麻疹 R < - 0.50(按绝对值由大到小排列)。四川、新疆、安徽、宁夏、河南、山西、湖北、全国、天津、

河北、山东、甘肃、江苏、猩红热 R < - 0.50 (按绝对值由大到小排列)。

二、外推模型的预测研究:

1. 外推模型与时间序列: 利用上述 4 个

11

时间序列建立外推模型来预测 1996 流行年 的疫情, 结果见表 1。麻疹在 1975~ 1995 年、 1985~1995年2个时间序列上的预测符 合率(65.5%、37.0%)有差异,其差别存在显

14

15

			1975~ 1995 年时间序列		1980~ 1995 年时间序列		1985~ 1995年时间序列		1990~ 1995 年时间序列	
			实际升	实际降	实际升	实际降	实际升	实际降	实际升	实际降
麻	疹	预测升	13	4	9	4	8	6	9	5
		预测降	6	6	10	4	11	2	10	6
猩红热		预测升	4	7	4	6	4	4	4	4

12

表 1 外推模型的预测结果

6

著性(x² 4.54, P < 0.05)。

预测降

- 2. 外推模型与相关系数: 麻疹的预测符 合率在不同 R 值之间差异均无显著性,而猩 红热的预测符合率其差异有显著性(x² 4. 13, P < 0. 05), 随着 R 值的减小(绝对值的 增大), 预测符合率升高。
- 3. 麻疹、猩红热预测符合率较好的地区: 麻疹预测符合率> 50% 的地区由高到低依次 为: 黑龙江、上海、浙江、山东、广东、全国、北 京、吉林、福建、河南、贵州、云南、天津、宁夏、 河北、山西、新疆。猩红热预测符合率> 50% 的地区由高到低依次为: 北京、天津、山西、辽 宁、黑龙江、上海、江苏、河南、广东、云南、陕 西、青海、吉林、福建、湖北、贵州、浙江、四川。
- 4. 原始资料预测价值的判断: 如前所述, 由干"Z-D现象"与具体病种、地区和时间序 列有关, 因此并非每份数据都适宜依据"Z-D 现象"建立的外推模型进行预测。在使用 数据进行预测前应先对其预测价值作出判 断,再决定是否开展预测。

本研究认为可根据资料是否来源于过去 有较好的预测符合率的地区(例如麻疹预测 宜在黑龙江、上海、浙江等地,猩红热宜在北 京、天津、山西等地),以及资料的时间序列长 度是否适宜(例如进行麻疹、猩红热预测时时 间序列长度宜在 10 年以上) 对资料预测价值 作出判断。

讨 论

一、病种、时间序列与"Z-D 现象": 本研

究共建立了 1975~ 1995 年、1980~ 1995 年、 1985~ 1995年、1990~ 1995年4个时间序列、 结果表明: 在 4 个时间序列中, R < 0, P <0.05的资料数在四者之间差异有显著性 $(x^2 10.86, P < 0.05)$ 。随着时间序列的延 长, 所占比例增大, 表明"Z-D 现象"与时间 序列的长度有关。麻疹与猩红热在4个时间 序列中 R< 0, P< 0.05的资料数所占比例的 差异, 说明" Z- D 现象"与病种有关。在疫苗 使用后, 麻疹除了在少数接种率不高, 冷链不 健全的地区外,平均发病年龄有后移趋势,使 得年龄构成对疾病的流行规律产生影响。近 年来大部分猩红热患者表现为轻型与不典型 的临床经过,且早期应用抗生素,不能产生典 型发疹, 从而造成诊断上的困难, 出现相当数 量的漏诊[2,3]。但是与麻疹比较起来,由于 猩红热不是计划免疫疾病, 流行规律受人为 因素影响相对较小, 故R < 0, P < 0.05的资料 在 4 个时间序列中的比例差异无显著性。

二、外推模型:从总体上说,利用外推模 型对麻疹进行预测在 4 个时间序列中, 预测 符合率并无差异。但是麻疹在 1975~ 1995 年、1985~1995年2个时间序列上的预测符 合率差异有显著性(x^2 4.54, P < 0.05), 表 现出随时间序列的延长预测符合率增高的趋 势。而在猩红热的4个时间序列中无这种差 异, 这与猩红热的 R < 0, P < 0.05的资料数在 4 个时间序列中差别无显著性是一致的。麻 疹的预测符合率与 R 值无相关性, 而猩红热 则表现出随 R 值减小(绝对值增大)预测符合率升高的趋势。上述特征无不说明利用"Z-D 现象"建立模型进行预测,宜因时、因地而异,应具体分析。

三、未来研究方向的设想: 预测研究中很重要的一点是, 预测结果的时效性。现有的大多数预测方法, 包括上述应用" Z- D 现象"建立的模型在进行预测时都是利用前一年的资料来预测来年。能否及时应用本年度已获得或刚获得的资料来进行预测? 在这方面进行探索将是很有意义的。在进行疾病预测时可及时收集有关控制措施, 病原流动, 人群易

感性等多方面信息,在一年中开展多次预测将是可行的,加强这方面的研究很有价值。

参 考 文 献

- 1 曾光, 丁雁鹏, 程颖恺. 传染病流行中存在" Z- D 现象" 的论证. 中华流行病学杂志 1997, 10 270- 274.
- 2 徐特璋, 吴霆. 麻疹. 见: 耿贯一, 主编. 流行病学. 第 2 版. 北京: 人民卫生出版社, 1996.510-517.
- 3 刘茂松. 猩红热及溶血性链球菌感染. 见: 耿贯一, 主编. 流行病学. 第 2 版. 北京: 人民卫生出版社, 1996. 643 647.

(收稿: 1999-02-29 修回: 1999-05-10)

庚型肝炎感染者重叠感染其他肝炎状况调查

黄志成 蔡一华 王一泓 许珂 余文炳

1997年采用酶联免疫试验方法和 PCR 技术, 对 杭州市的一些人群作了庚型 肝炎病毒(HGV) 感染的 而清学和分子生物学检测, 并对感染者的而清, 进一 步作乙、丙、丁、戊型肝炎病毒的重叠感染情况的检 测。结果: ①各类人群庚型肝炎病毒感染情况: 857 例不同人群的血清作抗- HGV 测定, HGV 总的感染 率为7.82%。肝炎、肝癌病人及静注毒品者的感染 率分别为17.07%、14.29%、11.48%。这三类人群 HGV 的感染率, 经统计学处理 x^2 0.92, P > 0.05。 献血员与健康对照者的 HGV 感染率分别为4.88%、 2.09%, 经统计学处理差异亦无显著性(P> 0.05)。 而献血员与静注毒品者、肝癌病人、肝炎病人的HGV 感染率, 经统计学两两比较, x^2 值分别为4.28、14.69、 15.79, 差异均有显著性; 健康对照者与静注毒品者、 肝癌病人、肝炎病人的 HGV 感染率, 经统计学两两 比较, x² 值分别为8.07、14.38、16.73, 差异均有显著 性。②HGV 感染者中 HBV、HCV、HDV、HEV 型肝炎 的感染情况:任选各类人群 62 例 HGV 感染者.做 HBV、HCV、HDV、HEV 型肝炎感染指标检测。除 HDV 型感染指标未检出外,HBV、HCV、HEV 型肝炎感染指 标均有检出。但 HBV 型肝炎的感染指标 (HBsAg、 HBeAg、抗-HBe、抗-HBc IgM 中一项或多项检出

者) 的检出率 为37.09%, 明显高于 HCV 型的 8.06% (均为静注毒品者)和HEV型为12.90%,仅以HBsAg 作为 HBV 感染指标与 HCV 和 HEV 感染相比较. 经 统计学两两比较, x^2 值分别为5.64、4.06、均 P <0.05. 差异有显著性。从 HGV 感染者与 HBV、HCV、 HEV 的重叠感染情况看, 有53, 23% HGV 感染者重叠 感染 HBV 和/或HCV 和/或HEV。但重叠感染 HBV 高于重叠感染 HCV、HEV。 经统计学两两比较 x^2 值 分别为9.68、14.95、均 P < 0.01、差异有非常显著性。 ③抗- HGV 检出者中HGV- RNA 检测情况: 对 27 例 抗-HGV 阳性者血清,做HGV-RNA检测。结果有 2 例检出 HGV - RNA, 其检出率为7.41%。这 2 例中 1 例为肝炎病人(HBsAg+、HBeAg+), 另 1 例为肝癌 病人并有 HEV 感染(抗- HEV+)。 结果提示: ①本 地有 HGV 感染的存在, 而且在某些人群中感染率相 当高。②在献血员和健康对照者中检出抗- HGV, 提示HGV可能存在正常携带者。③各型肝炎间有 重叠感染现象, 且相当严重, 其中 HBV 感染率最高; HCV 感染率为8.06%, 这可能与 HGV 的共同传播途 径有关,并提示静注毒品者 HCV 感染的危险性很

(收稿: 1999-05-01 修回: 1999-07-02)