

基于 BP 神经网络方法的手足口病预测预警模型构建研究^{*}

杜雪杰 葛 辉

(中国疾病预防控制中心 北京 102206)

〔摘要〕 选取手足口病发病数据, 阐述数据预处理方法以及基于 BP 神经网络的手足口病预测预警模型具体构建过程, 评估该模型效果, 结果表明其具有较高准确性。

〔关键词〕 手足口病; 数据; 预测模型; 预警

〔中图分类号〕 R-058 〔文献标识码〕 A 〔DOI〕 10.3969/j.issn.1673-6036.2021.10.003

Study on the Building of the Prediction and Early Warning Model of Hand – Foot – Mouth Disease Based on BP Neural Network DU Xuejie, GE Hui, Chinese Center for Disease Control and Prevention, Beijing 102206, China

〔Abstract〕 The paper selects the incidence data of Hand – Foot – Mouth Disease (HFMD), expounds the method of data preprocessing and the concrete building of the prediction and early warning model of HFMD based on BP neural network, and evaluates the effect of the model. The results show that it has high accuracy.

〔Keywords〕 Hand – Foot – Mouth Disease (HFMD); data; prediction model; early warning

1 引言

随着全球气候变暖问题加剧, 气候异常和自然灾害现象呈现高发趋势, 为手足口病传播提供有利条件。该疾病儿童易感并发展为重症疾病, 引发重要器官损害甚至威胁生命安全^[1]。因此开展对手足

口病流行人数预测和趋势预警及相关因素研究, 建立完善的流行病预测预警机制是手足口病防控工作的重要内容。

2 数据获取

2.1 概述

通过多维数据融合方式, 采用 BP 神经网络方法构建面向手足口病的预警模型, 使用数据主要包括患者和环境数据两部分。来源为 2016 年山西省手足口发病数日统计数据, 其中不包含个人隐私数据。环境数据包括最高温度、最低温度、风力等级、日照时长、空气湿度、平均气压 6 项, 其中前 3 项通过网络获取, 后 3 项来源于山西省 18 个气象站点数据, 对统计地区按最近气象站点天气数据进

〔收稿日期〕 2021-02-25

〔作者简介〕 杜雪杰, 助理研究员, 发表论文 2 篇; 通讯作者: 葛辉, 副研究员。

〔基金项目〕 国家科技重大专项“基于海量多元大数据的突发急性传染病时空多尺度预测预警模型与应用示范的构建——基于突发急性传染病多元数据的云服务平台构建”(项目编号: 2018ZX10201-002-001)。

行匹配。鉴于手足口潜伏期（一般为 4 天）对日发病量的影响，获取统计当天在 4 天前对应天气数据，以相同方式获取相应环境数据。

2.2 数据预处理

2.2.1 缺失值处理 手足口病流行传播相关因素数据中，当日天气数据或区县人口数据存在部分变量值缺失问题，因此对缺失值进行处理。首先，针对大部分数值未收集到的变量、大部分变量缺失个体，采用简单删除法直接删除变量或个体数据，不纳入实验研究和数据分析中；针对属性值稳定且数值方差小的属性使用最邻近填补法进行填充，例如所在统计地区当天气压数据缺失，可使用相同时间最近地区气压值代替，或者使用该地区历史同期气压平均值代替等。其次，针对在应用爬虫过程中一些特殊缺失值的填补，例如爬取统计区县气温数据，因爬虫地址采用地区名汉字全拼方式且部分地区使用特殊名称，需要对其爬虫地址进行修改并重新爬取当地气温数据。最后，针对小部分数据缺失情况采用均值填补法进行处理，当发现对象某变量数据缺失时，计算出在此变量上其他未缺失数值的平均值来替补在该属性中的缺失值，如部分区县儿童数量数据缺失，可使用该区所在地级市中各县平均人口数量代替。

2.2.2 异常值处理 通过网络爬虫得到的地区天气数据经异常值识别发现存在部分数据异常现象，因此对异常值进行替代或修正。首先，针对单变量因素，定义符合实际需求的约束条件，如区县人口数量不低于 1 000，最高温度不超过 40 摄氏度，不满足约束定义的变量异常值采用均值替换法，即发现某对象某变量数值异常时，计算出在该变量上其他所有正常且未缺失数值的平均值以替换该异常值。其次，对于多个变量因素，由于爬虫页面结构和内容变动，最高和最低温度先后顺序经常变化，需识别最低温度高于最高温度的个体数据并将二者对换使数据符合约束条件。

2.2.3 数据说明 主要利用山西省 2016 年手足口发病数据，汇总并统计各地区每天发病量，然后获取影响手足口病流行的气象和人口数据，形成影响

手足口病流行的原始因素数据，再进行数据预处理。所有天气变量均按平均值汇总，人口变量与手足口发病量按总和汇总；对手足口病流行统计时间按周进行汇总，其中所有天气和人口变量按平均值汇总，手足口发病量按总和值汇总形成最终完整规范、用于预测的模型数据，见表 1。通过此次数据收集，方便对手足口病流行人数与因素进行分析，为建立手足口病预测预警模型提供依据。

表 1 手足口流行病研究数据

变量名	数据基本含义	数据类型	数据范围
weekofyear	统计时间所在周	离散变量	1 ~ 53
addID	统计地区编码	离散变量	1 401 ~ 1 411
count	感染人数	整数变量	0 ~
last_ count	前一周的感染人数	整数变量	0 ~
highTem	平均最高温度	连续变量	0 ~ 39
lowTem	平均最低温度	连续变量	0 ~ 39
windLevel	平均风力等级	连续变量	0 ~ 12
p_ highTem	潜伏期前平均最高温度	连续变量	0 ~ 39
p_ lowTem	潜伏期前平均最低温度	连续变量	0 ~ 39
p_ windLevel	潜伏期前平均风力等级	连续变量	0 ~ 12
hTemDiff	最高温差	连续变量	- 15 ~ 15
lTemDiff	最低温差	连续变量	- 15 ~ 15
windLevDiff	风力等级差	连续变量	- 3 ~ 3
wet	平均空气湿度	连续变量	0 ~ 100
sunshine	平均日照时长	连续变量	0 ~ 10
pressure	平均气压	连续变量	- 2 ~ 2
p_ wet	潜伏期前平均空气湿度	连续变量	0 ~ 100
p_ sunshine	潜伏期前平均日照时长	连续变量	0 ~ 10
p_ pressure	潜伏期前平均气压	连续变量	- 2 ~ 2
wetDiff	平均湿度差	连续变量	- 100 ~ 100
sunDiff	平均日照时长差	连续变量	- 10 ~ 10
pressDiff	平均气压差	连续变量	- 5 ~ 5
Children	6 岁以下儿童数量	整数变量	1 ~

2.2.4 手足口病流行影响因素分析 通过单一变量方差分析和双变量相关性分析方法分别计算各变量方差、影响因素与病例数之间的 Pearson 相关系数、Spearman 相关系数和距离相关系数，得到详细结果，用以确定变量波动性、变量间线性关系、单调关系、非线性关系及相关性强弱，见表 2。通过

计算发现在统计学意义上手足口周发病量与温度差、日照时长相关变量呈负相关，与上周感染人数、周平均最高和最低气温、风力等级、空气湿度、气压、0~6 岁儿童人口数量呈正相关。同时所有变量方差均大于 0.5，无需淘汰变量；上周感染人数、最高温度、最低温度、空气湿度、潜伏期之前的最高温度、最低温度、空气湿度和儿童人口数量等影响因素与病例数呈线性相关，周平均最高温度、周平均最低温度、周平均空气湿度、周平均风力等级、潜伏期之前的最高温度、最低温度、空气湿度、风力等级、风力等级差和儿童人口数量等影响因素与病例数呈非线性相关，上一周感染人数、周平均最高和最低气温、空气湿度、风力等级、潜伏期之前的最高温度、最低温度、空气湿度和儿童人口数量等影响因素与病例数呈单调相关；同时在置信度为 0.95 的条件下，除最高温度差、风力等级差、空气湿度差、日照时长差和气压差之外，其他变量的 P 值均小于 0.05，具有显著统计学意义，

与手足口病例数呈现一定相关性。因为在单一变量分析与双变量相关性分析基础上存在较多具相关性和显著意义的流行影响因素，为进一步确定影响手足口病例数的主要和次要因素，利用多元回归分析法构建回归模型，不断调整各相关因素影响，定量研究影响因素与病例数参数化关系，因此在进行多变量综合分析之前利用单变量和双变量进行分析，初步过滤出周序数、上周发病量、周平均最高和最低气温、风力等级、气压、空气湿度、潜伏期之前的最高和最低气温、风力等级、气压、空气湿度、统计日期与潜伏期的风力等级差和儿童人口数量等 14 个变量。使用步进法将满足条件的特征依次输入模型，通过分析得到模型详细参数结果，见表 3。上周发病量、周平均气压值、周序数和儿童人口数量的 P 值均小于 0.05，上述变量在统计学上有显著意义，可用于建立其他线性模型，而且建立非线性模型时可重点考虑。

表 2 手足口病流行影响因素变量分析

变量名	方差	Pearson	Spearman	距离相关系数	$P - value$
weekofyear	210.26	0.118 5	0.327 4	0.332 8	3.52e-14
highTem	103.26	0.350 3	0.437 1	0.361 1	3.61e-25
p_ highTem	98.38	0.365 3	0.469 7	0.381 3	2.71e-29
hTemDiff	10.97	-0.019 2	-0.086 1	0.177 7	0.052 2
lowTem	114.9	0.369 8	0.458 3	0.393 8	8.39e-28
p_ lowTem	110.1	0.376 4	0.478 4	0.408 2	1.77e-30
lTemDiff	7.58	0.005 2	-0.094 5	0.175 3	0.033 0
windLevel	0.77	0.137 6	0.208 1	0.286 2	2.19e-6
p_ windLevel	0.75	0.069 9	0.118 3	0.252 8	0.007 6
windLevDiff	0.81	0.066 8	0.079 4	0.240 8	0.073 3
wet	2 598	0.091 6	0.453 7	0.365 0	3.30e-27
p_ wet	224	0.306 9	0.464 8	0.375 8	1.22e-28
wetDiff	2 458	0.001 4	0.046 8	0.112 1	0.291 5
sunshine	6.37	0.010 1	-0.115 1	0.129 0	0.009 3
p_ sunshine	7.37	0.016 2	-0.100 6	0.121 5	0.023 2
sunDiff	7.74	-0.006 6	0.012 9	0.124 7	0.771 6
pressure	1.00	0.045 0	0.109 0	0.187 8	0.013 9
p_ pressure	1.00	0.044 0	0.109 3	0.187 3	0.013 6
pressDiff	13.2	0.012 3	0.047 2	0.163 8	0.288 0
children_ number	99.72	0.595 8	0.854 7	0.750 6	1.96e-146
count	2 024	1	1	1	0
last_ count	2 024	0.955 1	0.937 3	0.946 6	2.78e-234

表 3 多元线性回归模型各变量相关参数

变量名	标准化系数	标准误差	t 检验	P 值
last_ count	0. 902	0. 016	56. 547	0. 000
pressure	-0. 049	0. 694	-3. 197	0. 001
children_ number	0. 110	0. 082	6. 056	0. 000
weekofyear	-0. 049	0. 043	-3. 472	0. 001
p_ sunshine	0. 025	0. 227	1. 850	0. 065

3 模型构建

3.1 BP - NN 结构

3.1.1 概述 经比较分析后采用 BP 神经网络构建手足口病流行预警预测模型。BP 神经网络是在感知机的基础上引入 1 层或多层中间层的前馈网络^[2]，其采用信号向前传播和误差向后传播的训练方式^[3]，通过多层次网络结构和反馈误差机制，动态调整并更新网络中连接权值和神经元阈值的参数，从而不断减小输出结果的平均误差之和。BP 神经网络训练过程通过误差反馈机制实现^[4-5]，即向前传播信号，向后传播误差。

3.1.2 构建预测模型 分析相关因素后得到手足口病研究相关变量，将其进行 Min - Max 归一化处理后，按照 7: 3 比例随机筛选出训练集和测试集。将训练集输入要建立的预测模型中，对模型中参数进行训练调整。经过一系列训练过程后得到适合的手足口病流行预测模型。将测试集输入该模型中进行预测，得到预测结果并将其与期望输出进行比较，对该模型做出评价。

3.1.3 采用 BP 神经网络结构图 该结构图包含 3 层，各层神经元个数分别为 m 、 k 、1，其中隐藏层数和各层神经元数量可根据训练效果动态调整，但第 1 层和最后 1 层的神经元数量固定不变，见图 1。输入该网络 1 个数据样本中 m 个信号组成向量 I ($i_1, i_2, \dots, i_m$)，隐藏层各神经元输出信号组成向量 H ($h_1, h_2, \dots, h_k$)，网络输出值为 o ；样本真实标记为 y ；第 1 层与第 2 层间的连接权值是 ω_{ir} ，第 2 层与第 3 层间的连接权值是 γ_r ；第 2 层偏置神经元阈值为 θ_1 ，第 3 层偏置神经元阈值为 θ_r ；采用

梯度下降法的学习率为 α （取值为 0 ~ 1 之间），神经元上的激活函数为 $f(\ast)$ ，常用的激活函数有 sigmoid、tanh、relu 及其变种函数，本文主要使用 relu 函数。

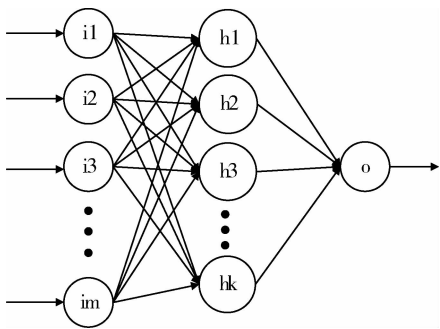


图 1 3 层单输出的 BP 神经网络结构

如式 1，针对 p 个训练样本，定义所有样本误差为：

$$E = \frac{1}{2P} \sum_{i=1}^p (o(i) - y(i))^2 \tag{1}$$

如式 2，信号在向前传播时，到达隐藏层第 r 个神经元的输入值为：

$$x_{hr} = \sum_{a=1}^m \omega_{ar} i_a \tag{2}$$

如式 3，到达隐藏层第 r 个神经网络的所有信号经过计算后的输出值为：

$$z_r = f\left(\sum_{a=1}^m \omega_{ar} i_a\right) \tag{3}$$

如式 4，信号继续向前传播到达输出层唯一的神经元的输入值为：

$$x_o = \sum_{r=1}^k \gamma_r z_r \tag{4}$$

如式 5，到达输出层神经网络的所有信号经计算后输出数值为：

$$o = f(x_o) = \text{relu}\left(\sum_{r=1}^k \gamma_r z_r\right) \tag{5}$$

如式 6、式 7，动态更新不同层之间的连接权值，其中隐藏层与输出层、输入层与隐藏层之间具体更新方式分别为：

$$\gamma_r^+ = \gamma_r - \alpha \cdot \frac{\partial E}{\partial \gamma_r} \tag{6}$$

$$\omega_{ir}^+ = \omega_{ir} - \alpha \cdot \frac{\partial E}{\partial \omega_{ir}} \tag{7}$$

3.2 BP - NN 模型设计

3.2.1 数据预处理和特征选择过程 第一, 对获取的手足口病流行相关影响因素数据进行预处理, 包括缺失值、异常值和归一化处理; 第二, 对所有影响因素变量进行相关性分析, 得到双变量相关系数和对应 P 值, 根据二者筛选出有统计学意义且相关性强的因素, 利用其建立多元回归模型, 找到影响手足口病流行的主要和次要因素, 同时将过滤出的影响因素进行归一化处理并划分样本数据。

3.2.2 BP 神经网络训练过程 (图 2)

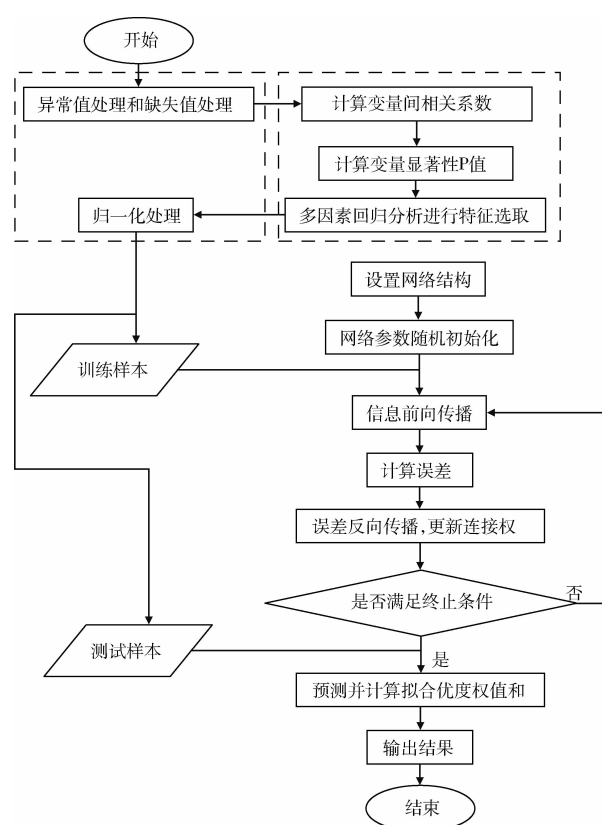


图 2 基于 BP 神经网络的手足口病流行预测模型流程

第一, 根据实际手足口病预测问题确立网络结构, 只有 1 个输入层和输出层, 分别含有神经元个数为特征数量和 1, 初步设定有 k 个神经元的 1 层隐藏层, 若训练结果不理想可动态改变层数和各层中神经元数量, 但不超过 3 层隐藏层。第二, 初始化网络结构中的超参数, 包括学习率、训练次数、连接权值, 若训练结果不理想可动态调整超参数值。第三, 将训练样本输入网络, 经过向

前传播过程得到各样本预测值, 计算输出预测值与期望值之间的整体误差。第四, 若误差不满足条件或训练未达到迭代次数将误差反向传播到输入层, 在此过程中更新连接权值。第五, 若大于设定的迭代次数则结束训练过程, 输出此 BP 神经网络结构并根据相关指标对测试数据进行评测。第六, 若测试结果达不到一定阈值需调整网络中的相关超参数或隐藏层层数或各隐藏层神经元个数, 重复进行以上训练过程。

4 实验结果

4.1 评价指标

4.1.1 拟合优度 拟合优度是指回归模型对观测值的拟合程度, 其度量统计量是确定系数 R^2 。 R^2 的取值范围是 $[0, 1]$, 在该范围内取值越大说明回归方程对训练样本的拟合效果越好; 反之拟合程度则越差, 当拟合优度为负数时, 说明此回归模型拟合效果太差, 没有实际意义。设 y 为待拟合数值, 其均值为 $\bar{y}$, 对拟合预测值四舍五入后为 $\hat{y}$, 记总平方和 SST 为 $\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2$, 回归平方和 SSR 为 $\sum_{i=1}^n (\hat{y}_i - \bar{y})^2$, 残差平方和 SSE 为 $\sum_{i=1}^n (y_i - \hat{y}_i)^2$, 则有 $SST = SSR + SSE$, 则确定系数的计算方法如下式 8:

$$R^2 = \frac{SSR}{SST} = 1 - \frac{SSE}{SST} \quad (8)$$

将经过预处理的数据按 7: 3 比例分为训练和测试数据, 最终模型评价指标为二者拟合优度的权值和, 权值比为 3: 7。

4.1.2 误差内准确率 (Accuracy Within Error, AWE) 类似于分类问题中的准确率, 为避免干扰因素影响, 引入误差内准确率, 是指在预测整数型因变量回归分析过程中, 在一定误差允许范围内, 通过训练得到回归模型正确拟合的样本数量所占训练样本总量的比率。AWE 一定程度解释了回归模型的拟合泛化能力, AWE 越高说明模型拟合能力越强, 反之则说明回归模型拟合能力越弱, 其取值范围在 0 ~ 100% 之间, AWE 计算公式如式 10:

$$AWE = \frac{n}{N} \times 100\%$$

$$(n = n + 1 \text{ when } |f(X_i) - y_i| \leq error_{people}) \tag{10}$$

其中 n 代表回归预测正确的样本数量， N 代表样本总量，当预测值与真实值之间的误差绝对值小于指定误差范围内，则对拟合正确的样本数 n 加上 1，直至训练完所有样本得到最终预测正确的样本数量。预测手足口发病人数时，因变量发病人数是整型数字，因此要先对预测数值进行四舍五入处理，再将处理后的预测值与真实值进行对比，若二者差值在误差人数允许范围内则认为训练模型对此样本预测正确，否则认为对样本预测存在较大误差。根据传染病专业研究人员分析及对回归模型的分析，误差人数取值为 5，即预测值与真实值的差值不超过 5 时，则认定模型在此样本上拟合正确。

4.2 不同预测时空精度对比

为得到更精确的手足口病例数预测模型，分别对不同时间和空间精度进行对比，从最细的时间精度（日）和空间精度（区县）分别扩大到周和地市，利用线性回归、BP 神经网络和 SVR 拟合预测。不同时空精度上的病例数平均值和方差存在较大差别，因此只利用拟合优度 R^2 对模型进行对比，见表 4。随着时间和空间精度扩大，模型拟合优度成倍增长，同时 3 种不同方法对比中 BP 神经网络预测模型 R^2 最大，因此基于 BP 神经网络的市级、周预测模型准确率最高，见图 3。

表 4 不同时间和空间精度预测实验结果

评价指标	预测模型名称	区县、 日预测	区县、 周预测	市级、 周预测
R^2	线性回归	0.391 4	0.761 1	0.898 3
	BP 神经网络	0.393 1	0.761 3	0.899 4
	SVR	0.304 1	0.759 7	0.894 8

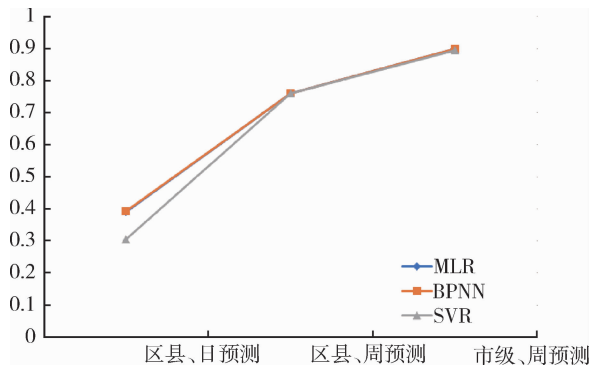


图 3 不同预测精度结果对比

4.3 预测模型对比分析

本研究通过对数值型变量进行训练预测，基于地市手足口周发病量与影响疾病流行的周天气和儿童人口数据对影响因素进行相关变量分析后，使用基于相关性分析的多变量联合特征选取方法，筛选出适合建立线性模型特征子集，包括统计时间的周序数、上一周发病量、周平均气压、0~6 岁儿童人口数量 4 个特征，同时得到适合建立非线性模型特征子集，包括统计时间的周序数、上一周发病量、周平均气压、周最低温度、周空气湿度、风力等级和 0~6 岁儿童人口数量 7 个特征，分别使用 3 种回归方法建立模型拟合周发病量，在不同评价指标下得到各模型训练结果，见表 5。分析可知 BP 神经网络 R^2 达到最大，MAE 达到最小，同时在设定预测误差不超过 MAE 的情况下，其 AWE 达到极大值，因此基于 BP 神经网络的手足口病流行预测模型表现最优，拟合效果相对最好，见图 4。

表 5 不同机器学习回归算法训练结果

评价指标	线性回归	BP 神经网络	SVR
拟合优度 R^2	0.919 3	0.924 3	0.914 2
平均绝对误差 MAE	8	7	7
误差内准确率 AWE	58.94%	69.94%	63.85%

(下转第 21 页)

仅达到 0.755，主要原因之一在于数据集数量较小且各类别分布不均，各参赛队模型创新不足。NLP 技术在医疗健康问句分类应用上尚有较大提升空间。通过这次评测推动该领域研究进展和技术实用化，促进不同学科背景研究人员的交流与合作。此外本次评测所用的语料库将开放共享，相关语料及评测脚本可通过网址获取^[12]。

参考文献

1 Kolecik T A, Dreisbach C, Bourne P E, et al. Natural Language Processing of Symptoms Documented in Free - text Narratives of Electronic Health Records: a systematic review [J]. J Am Med Inform Assoc, 2019, 26 (4): 364 - 379.

2 Iroju O G , Olaleke J O . A Systematic Review of Natural Language Processing in Healthcare [J]. International Journal of Information Technology and Computer Science, 2015, 8 (8): 44 - 50.

3 Yeh A S, Hirschman L, Morgan A A. Evaluation of Text Data Mining for Database Curation: lessons learned from the KDD Challenge Cup [J]. Bioinformatics, 2003, 19 (Suppl 1): i331 - i339.

4 Huang C C, Lu Z. Community Challenges in Biomedical Text Mining over 10 Years: success, failure and the future [J]. Brief Bioinform, 2016 , 17 (1): 132 - 144.

5 Zhang J, Li J, Wen Z, et al. Overview of CCKS 2018 Task 1: named entity recognition in Chinese electronic medical re-

cords [C]. Hangzhou: Proceedings of China Conference on Knowledge Graph and Semantic Computing, 2019.

6 中国中文信息学会医疗健康与生物信息处理专业委员会. 第四届中国健康信息处理大会 (CHIP - 2018) [EB/OL]. [2020 - 11 - 06]. <http://icrc.hitsz.edu.cn/chip2018/Task.html>.

7 上海市医药卫生发展基金会. 瑞金医院 MMC 人工智能辅助构建知识图谱大赛 [EB/OL]. [2020 - 11 - 06]. <https://tianchi.aliyun.com/competition/entrance/231687/introduction>.

8 中共中央网络安全和信息化委员会办公室. 第 46 次《中国互联网络发展状况统计报告》[EB/OL]. [2020 - 11 - 06]. http://www.cac.gov.cn/2020 - 09/29/c_1602939918747816.htm.

9 Deardorff A, Masterton K, Roberts K, et al. A Protocol - driven Approach to Automatically Finding Authoritative Answers to Consumer Health Questions in Online Resources [J]. J Assoc Inf Sci Technol, 2017, 68 (7): 1724 - 1736.

10 Guo H, Na X, Hou L, et al. Classifying Chinese Questions Related to Health Care Posted by Consumers via the Internet [J]. J Med Internet Res, 2017, 19 (6): e220.

11 Guo H, Na X, Li J. Qcorp: an annotated classification corpus of Chinese health questions [J]. BMC Medical Informatics and Deciesion Making, 2018, 18 (Suppl1): 16.

12 中华医学会医学信息学分会. 评测任务发布页面 [EB/OL]. [2020 - 11 - 06]. <https://www.kesci.com/home/competition/5f2d0ea1b4ac2e002c164d82>.

(上接第 16 页)

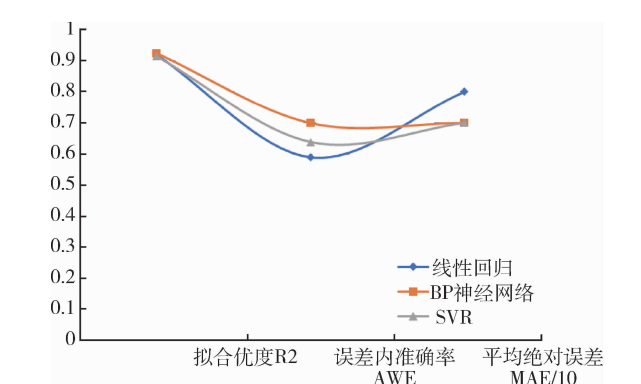


图 4 不同机器学习回归算法训练结果对比

5 结语

本研究基于 BP 神经网络方法构建手足口病预测预警模型并与其他预测预警模型进行比较。实验

结果表明基于 BP 神经网络方法构建的手足口病预测预警模型具有较好拟合和泛化能力，相较而言具有更高准确性。

参考文献

1 刘金志. 小儿手足口病的流行病学特征及预防 [J]. 中国农村卫生, 2020, 12 (3): 34 - 35.

2 李小敏. 基于 BP 神经网络的心血管病预测系统的研究与实现 [D]. 银川: 宁夏大学, 2018.

3 王芳芳. 基于 BP 神经网络算法机理及应用探究 [J]. 科技创新导报, 2020, 17 (13): 150 - 151.

4 吴燎, 陈思珏. BP 神经网络在中医胃病病型诊断中的实现 [J]. 科技风, 2019 (20): 244.

5 张晗. BP 神经网络算法在人脸识别中的应用研究 [J]. 软件, 2020, 41 (5): 193 - 197.