文章编号:1000-5404(2011)23-2471-05

论著

小儿常见发热出疹性疾病智能诊断模型研究

王庆华,唐 甜,王清青,刘雅琼,林 辉,黄国荣,熊鸿燕 (400038 重庆,第三军医大学军事预防医学院军队流行病学教研室)

[摘要] **目的** 探索实用于社区医生和家庭成员使用的小儿常见发热出疹性疾病智能诊断方法。**方法** 收集2005年1月至2010年11月第三军医大学西南医院儿科及感染科248例小儿发热出疹性疾病住院患者的临床资料,其中男性133例,女性115例,平均年龄4.56岁。病种包括麻疹、幼儿急疹、水痘、手足口病、猩红热、风疹和药疹等。整理并描述发热、皮疹、主要伴随症状、血常规及流行病学相关数据特征,进行主成分分析(PCA);以反向传播神经网络(BPNN)为技术平台,构建智能诊断模型,进一步通过前瞻和回顾数据验证模型的准确性。**结果** 经PCA处理后,31个临床及流行病学特征指标被综合成13个主因子;BPNN模型的输入、隐层和输出神经元分别为13、9、7;模型对小儿发热出疹性疾病回顾性诊断平均准确率达到99.53%,预测诊断平均准确率达到92.86%。**结论** 以临床样本为依据建立的BPNN诊断模型可准确诊断常见小儿发热出疹性疾病,有明显的应用前景。

[关键词] 误差反传神经网络;发热出疹性疾病;主成分分析;智能诊断模型
[中图法分类号] R319; R441.3; R725.04 [文献标志码] A

Development of an intelligent model for diagnosis of common rash and fever illness in children

Wang Qinghua, Tang Tian, Wang Qingqing, Liu Yaqiong, Lin Hui, Huang Guorong, Xiong Hongyan (Department of Military Epidemiology, College of Military Preventive Medicine, Third Military Medical University, Chongqing, 400038, China)

[**Abstract**] Objective To explore an intelligent model for diagnosis of common rash and fever illness (RFIs) in children for medical staff in rural area and family members. Methods Clinical data of 248 RFIs cases (including 133 males and 115 females with an average age of 4.56) were collected from inpatients in the Southwest Hospital of The Third Military Medical University from Jan 2005 to Nov 2010. Diseases comprised of measles, exanthem subitum, chicken pox, hand-foot-and-mouth disease, scarlet fever, rubella and exanthema. Features of fever, rash, main concomitant symptoms, blood routine and epidemiological data were organized and described, and principal component analysis (PCA) was carried out. PCA combined with back-propagation neural network (BPNN) was used to set up an intelligent diagnosis model for children with common RFIs. The accuracy of the model was further confirmed based on prospective and retrospective analysis. Results Thirty-one clinical and epidemiological variables were integrated into 13 principle factors through PCA. These factors were then input to set up a BPNN with a 13-9-7 structure. When the model was used for children with RFIs, the average accuracy rate of retrospective diagnosis reached 99.53%, and the average accuracy rate of predictive diagnosis was 92.86%. Conclusion BPNN diagnosis model on the basis of clinical samples can be applied for an accurate diagnosis of common RFIs in children, and has an significant application prospect.

[**Key words**] back-propagation neural network; rash and fever illness; principal component analysis; intelligent diagnosis model

Supported by the "Eleventh Five-year Plan" of National Key Technology R&D Program (2008BAD96B06-05). Corresponding author: Xiong Hongyan, Tel: 86-23-68752287, E-mail: hongyanxiong@sohu.com

[基金项目] "十一五"国家科技支撑计划(2008BAD96B06-05)
[通信作者] 熊鸿燕,电话:(023)68752287,E-mail: hongyanxiong@sohu.com

社区卫生服务是我国城乡地区卫生体系的基础，是解决我国卫生发展所面临的体制性、机制性和结构性等重要问题的突破口。近年来，在政府部门的推动下，我国社区卫生服务得到蓬勃发展，但是，发展质量和速度与社会期待依然还有很大差距。其中，社区医生的技术水平、工作条件、社会支持与资源、公众健康意识和健康促进技能等问题是最为突出的制约基层医疗卫生稳步发展“瓶颈”[1]。

医疗信息化是提高基层卫生服务水平的有效方法之一。国外研究者探索并评价了以地理信息、计算机模型、计算机网络和电讯服务为代表的信息传输应用在远程医疗、智能诊断、慢性病监测、健康数据收集、医疗继续教育等方面的作用。分析显示，这些技术在推动现代化卫生服务中，在快捷、经济、有效利用等方面展示出独特的优势，是快速提高边远地区和落后地区卫生服务水平的有效手段[2-5]。

人工神经网络（artificial neural network，ANN）是近年来迅速发展起来的一种模仿生物大脑神经系统进行信息处理的数学模型。由于其模拟过程具有非线性映射和泛化功能特点，适合于复杂、多样、不完整和缺乏数学性质的临床数据分析，被广泛应用于疾病诊断研究，其中BP神经网络（back-propagation，BP）是ANN应用最广的一种[6-7]。国内外研究者已经将其应用于间质性肺炎、肺结核、帕金森病、皮肤病等不同疾病的智能诊断，诊断正确率达81.0%～95.08%，展示出可喜的开发前景[8-12]。本研究以发热出疹性疾病（rash and fever illness，RFIs）病例数据为依据，以BP神经网络技术为平台，构建智能诊断模型并探讨其诊断价值，以期为基层社区医疗建立准确、简单、快速的小儿发热出疹性疾病诊断方法。

1 资料与方法

1.1 资料来源及纳入标准

本研究纳入的疾病种类包括：麻疹、幼儿急疹、水痘、手足口病、猩红热、风疹和药疹，其中药疹虽不属于RFIs，但临床常见，与RFIs极易混淆，在此，将其作为一种鉴别诊断的疾病。收集2005年1月至2010年11月第三军医大学西南医院儿科、感染科的住院患者病历资料。纳入标准：①有明确的诊断，符合上述7类疾病的临床诊断标准；②18岁以下；③治愈出院者；④未合并其他皮肤病者。经筛选，本研究共纳入病例248例，其中男性133例，女性115例，年龄范围为1个月至18岁，平均年龄4.56岁。

通过对病例资料的综合分析，提取疾病相关因素、发热状况、皮疹特点、主要伴随症状、血常规5类31个特征指标（表1），构成了疾病样本库。按照疾病诊断结果分为7类：麻疹（51例）、幼儿急疹（49例）、水痘（32例）、手足口病（36例）、猩红热（31例）、风疹（20例）、药疹（29例）。

表1 248例小儿发热出疹性疾病临床特征指标

特征类别	特征名称
疾病相关因素	年龄，发病月份，疫苗接种史，疫情接触史，疹前用药史
发热状况	发热出疹间隔，最高体温，出疹时体温，发热时间
皮疹特点	类型，首现部位，出疹顺序，大小，分布范围，主要分布，密集程度，出齐时间，压之褪色，疹间皮肤，疹后脱屑和色素沉着，出疹时间
主要伴随症状	瘙痒，咳嗽，卡他症状，口腔症状，咽痛，杨梅舌、帕氏线和苍白圈，淋巴结肿大
血常规	白细胞计数，中性粒细胞比例，淋巴细胞比例

1.2 临床资料的预处理

原始临床资料中既有描述性资料也有定性、定量资料，因此需要将进行赋值、量化。例如：

$$\text{X1：（发热程度）}\begin{cases}0-\text{发热}\\1-\text{低热}(37.3\sim38.0\ ℃)\\2-\text{中热}(38.1\sim39.0\ ℃)\\3-\text{高热}(39.1\sim41.0\ ℃)\\4-\text{超高热}(>41\ ℃)\end{cases}$$

$$\text{X2：（诊前服药史）}\begin{cases}0-\text{无}\\1-\text{有}\end{cases}$$

量化后的数据进行Z-score标准化处理，标准化公式：$z=[x-\text{mean}(x)]/\text{std}(x)$，[$z$为归一化后数值，$x$为原始数据值，$\text{mean}(x)$、$\text{std}(x)$分别为原始数据的均值、标准差]。

1.3 主成分分析

主成分分析（principal component analysis，PCA），又称主分量分析，是利用降维的思想，通过线性组合，提取较少几个互不相关的综合变量（主成分）反映具有一定相关性的原始变量的绝大部分信息[13-14]，是一种常用的简化数据的多元统计分析方法。本研究采用SPSS 17.0软件，对31个临床特征变量进行主成分分析，消除变量的多重共线性，提取数据的最主要特征。

1.4 网络模型结构的确立

BP神经网络（Back-Propagation N）是迄今为止应用最广泛的人工神经网络。它是由输入层、隐含层和输出层组成的多层前馈网络，采用误差反向传播（Error Back Propagation，BP）算法[15]。BP网络具有强大的非线性映射能力和泛化功能，任一连续函数或映射均可采用3层网络加以实现[16]。

在MATLAB 7.8环境下，采用Levenberg-Marquarthm学习算法（trainlm）[17]，建立1个3层前向BP网络模型。该网络包括输入层、隐含层和输出层，其中输入层神经元数等于输入样本的特征维数，即主成分分析得到的主成分个数；输出层神经元个数为7，输出变量采用“n中取1”方法，用7个数字组合分别代表7类疾病（表2）。隐含层神经元个数对于神经网络的性能影响较大[18]。目前为止，隐含层神经元个数的选择还没有一个统一的标准，主要是通过经验和多次试验来确定。本研究采用经验公式$l=\sqrt{n+m}+a$和$l=\log_2 n$[19]（l为隐含层神经元个数，n为输入神经元个数，m为输出神经元个数，a为[1，10]之间的常数）确定神经元个数的边界值，然后通过试验法来

筛选最优模型。当网络训练误差和测试误差均小时,此时对应的隐含层神经元个数为最佳。

表 2 7 种发热出疹性疾病的数字代码

疾病种类	数字组合
麻疹	1000000
幼儿急疹	0100000
水痘	0010000
手足口病	0001000
风疹	0000100
猩红热	0000010
药疹	0000001

网络输入层到隐含层传递函数为“tansig”,隐含层到输出层传递函数为“purelin”,学习算法为“trainlm”,期望误差为 0.001,最大迭代次数为 200 次,最小下降梯度为 1e-10;其他设置为系统默认值。BP 神经网络输出结果为连续数据,为将其转换为分类数据,本研究采用竞争函数“compet”对原始输出进行处理。通过竞争,原始输出结果 7 个神经元中最大的神经元成为获胜神经元,显示为“1”,其余则为“0”。

1.5 网络的训练

采用 MATLAB 7.8 软件的神经网络工具箱进行网络的训练与仿真。为了提高网络的泛化能力,防止“过拟合”,本研究采用“提前停止法”[20]进行训练。包含 248 例样本的样本集在训练之前按照 60%、20%、20% 的比例被随机划分为训练集(150 例)、验证集(49 例)和测试集(49 例)。训练集用于对神经网络进行训练,验证集用于在训练的同时监控网络的训练进程,当验证误差增大到一定程度时,网络训练就会停止。测试集不经过训练,用于验证网络的泛化能力。图 1 表明开始阶段训练集、验证集、测试集误差曲线变化一致,当经过某一点后,验证集误差不再下降,但训练集误差继续减小。此点时模型泛化最好,经过此点后,模型就会过度拟合。

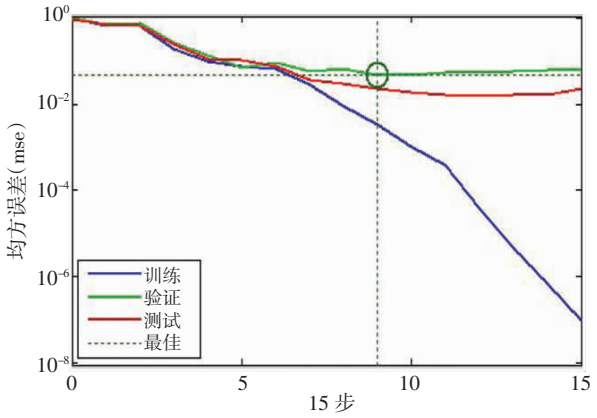


图 1 BP 网络训练图

2 结果

2.1 主成分分析

主成分分析结果见表 3,前 13 个主成分的累积方差贡献率为 80.784%。可见,前 13 个因子基本上反映了原资料 31 个临床指标的绝大部分信息。根据方差累计贡献率大于 80% 的原则,因此,确定提取前 13 个主成分因子。

表 3 主成分特征根和方差贡献表(%)

主成分序号	特征值	各因子方差贡献度	累积方差贡献度
1	4.809	15.514	15.514
2	4.152	13.393	28.907
3	3.808	12.283	41.190
4	2.572	8.297	49.487
5	1.879	6.061	55.548
6	1.398	4.511	60.059
7	1.269	4.095	64.154
8	1.008	3.253	67.407
9	0.959	3.093	70.500
10	0.874	2.821	73.321
11	0.822	2.651	75.972
12	0.767	2.476	78.447
13	0.724	2.337	80.784

表中只显示了被提取的前 13 个因子

2.2 BP 网络结构

PCA 得到的 13 个因子作为网络输入,疾病类别作为输出,因此,输入层神经元个数为 13,输出层神经元个数为 7。通过计算,隐含层神经元个数的边界值为 4 ~ 15。由不同隐含层神经元个数网络误差(图 2),可以看出,随着隐含层神经元个数的增加,训练误差逐渐减小;测试误差开始逐渐减小,而后又逐渐增大。当隐含层神经元个数为 9 时,测试误差达到最小,因此,决定隐含层神经个数为 9。最终确定的 BP 网络结构为 13-9-7。

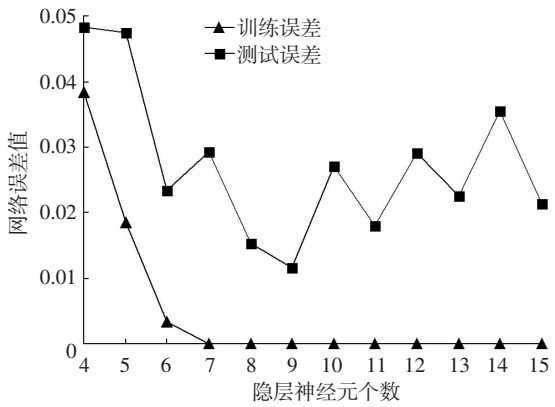


图 2 隐含层神经元个数与网络误差关系

2.3 BP 网络训练和预测结果

利用已经建好的 BP 神经网络模型对样本集进行训练。训练集、验证集、测试集误差曲线开始变化一致,经过 9 步训练即达到最优泛化点。说明数据集划分合理,3 个数据集具有类似的特征,网络训练结果较为合理,无明显的过度拟合发生(图 1)。利用测试集样本对训练好的网络进行模拟预测,预测结果与实际结果见图 3。反复进行 10 次训练、预测。结果显示,训练集平均诊断准确率为 99.53%;验证集平均诊断准确率为 93.47%;测试集平均诊断准确率 92.86%;按照疾病划分,10 次诊断准确率显示:麻疹、幼儿急疹、水痘、手足口病和猩红热诊断准确率较高,平均分别为 99.02%、99.59%、99.06%、99.72% 和 97.10%;相对来说,风疹和药疹诊断准确率较低,风

疹平均为86.50%,药疹平均为90.69%。结果表明,建立的模型对小儿发热出疹性疾病具有较高的诊断、预测能力。

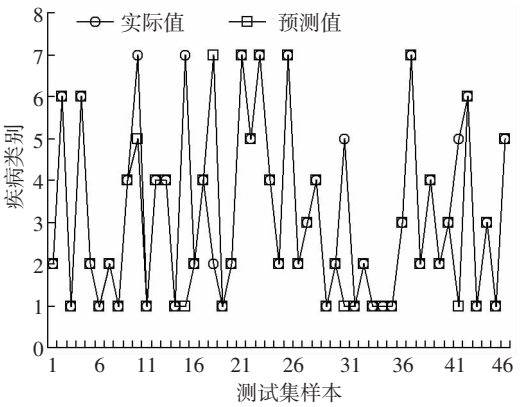


图3 测试集实际值与预测值

3 讨论

发热出疹性疾病(RFIs)是以发热、出疹为主要临床表现的儿童急症。主要包括麻疹、幼儿急疹、水痘、手足口病、猩红热以及风疹等。虽然这些疾病有其典型的症状和体征,有规范的诊断标准。但是,在基层社区,由于卫生人员的临床经验不足,往往不能及时诊断,甚至误诊。这不仅延缓救治,还造成疫情传播。因此,为社区医疗平台提供此类疾病的智能诊断技术将有利于社区医疗RFIs的救治水平。本研究模型对7类小儿发热出疹性疾病的总体诊断准确率为92.86%,与文献[7,9-12]报道相近似。其中,麻疹、幼儿急疹、水痘、手足口病及猩红热准确率均在97%以上,风疹及药疹准确率相对较低,分别为86.50%、90.69%,显示有明显的应用价值。但是,由于本模型依据的病例资料全部来源于住院患者,其代表性不够全面,对于症状不典型的轻型或异型患者的诊断能力可能有限。因此,在进一步研究中,我们将实时收集样本量更大、临床类型更多的病例信息,以进一步改良模型。

网络模型构建过程中,样本的选取、各层的设计及初始值决定着模型诊断效能。就样本量来说,对于建模的训练样本,一般来说,样本数越多越好。但样本的收集整理往往受到客观条件的限制。实践表明,网络训练所需的样本数取决于输入输出线性映射关系的复杂程度,一般认为其样本量为其全部节点的2~10倍[21]。本研究样本应当在54~270例,本研究为150例,说明样本量基本符合要求。此外,由于样本还要求具有代表性,主要体现在:①尽量使每个类别的样本数量大体相等,避免网络对样本数量多的类别"印象深",面对出现次数少的类别"印象浅";②在输入变量时应选择对输出影响大、彼此之间互不相关或相关性很小的变量。本研究通过主成分分析将原本对输出影响不显著、彼此相关的31个临床特征转换成13个对输出影响显著、互不相关的综合因子。转换后的13个因子作为输入变量,简化了模型结构,提高了模型效能。

基本BP算法存在收敛速度慢,且易陷入局部极小点的缺点[22-23]。本研究采用收敛速度最快的Levenberg-Marquarthm算法来加快收敛速度。此外还探索利用全局寻优能力良好的遗传算法与BP网络相结合,先用遗传算法进行寻优,将搜索范围缩小后,再利用BP网络来找到全局最小点,避免陷入局部极小点[24]。但在本模型中,经遗传算法优化后的网络诊断效能无明显改善,因此放弃采用遗传算法优化网络。其原因可能由于本研究构建的模型网络结构比较合理、输入变量特征明显所致。另外,本研究利用竞争学习的原理对输出结果进行了处理,去除了"噪声"干扰,规范了数据。使处理后的输出结果与实际结果更为接近,提高了诊断准确率。

参考文献:

[1] 发改社会[2010]561号. 以全科医生为重点的基层医疗卫生队伍建设规划[R]. 2010.03.25.

[2] Coyle D, Doherty G, Sharry J, *et al*. Computers in talk-based mental health interventions[J]. Interacting with Computers, 2007, 19(4): 545-562.

[3] Chen C M. Web-based remote human pulse monitoring system with intelligent data analysis for home health care[J]. Expert Systems with Applications, 2011, 38(3): 2011-2019.

[4] Huang J C. Remote health monitoring adoption model based on artificial neural networks[J]. Expert Systems with Applications, 2010, 37(1): 307-314.

[5] Hasan J. Effective telemedicine project in Bangladesh: Special focus on diabetes health care delivery in a tertiary care in Bangladesh [J]. Telematics and Informatics, 2011, (in press) doi: 10.1016/ j. tele. 2011.02.002.

[6] 李丽霞, 张敏, 郜艳晖, 等. 人工神经网络在医学研究中的应用[J]. 数理医药学杂志, 2009, 22(1): 80-82.

[7] 谭文学, 王细萍, 席金菊, 等. 基于BP神经网络模型的疾病确诊方法研究[J]. 计算机工程与设计, 2011, 32(3): 1070-1073.

[8] Abe H, Ashizawa K, Li F, *et al*. Artificial neural networks (ANNs) for differential diagnosis of interstitial lung disease: results of a simulation test with actual clinical cases[J]. Acad Radiol, 2004, 11(1): 29-37.

[9] Er O, Temurtas F, Tanrikulu A C. Tuberculosis disease diagnosis using artificial neural networks[J]. J Med Sys, 2010, 34(3): 299-302.

[10] 常崇旺, 高国栋, 陈洪, 等. 人工神经网络诊断帕金森病的应用研究[J]. 中国临床康复, 2003, 7(28): 3818-3819.

[11] 白云静, 申洪波, 孟庆刚, 等. 基于人工神经网络的中医证候非线性建模研究[J]. 中国中医药信息杂志, 2007, 14(7): 3-4, 83.

[12] 刘延喜. 基于BP神经网络的皮肤病诊断方法[J]. 长春大学学报, 2010, 20(2): 9-10, 16.

[13] 杨中荣, 毛广运, 臧桐华, 等. 用SAS和SPSS软件进行主成分分

析[J]. 中国卫生统计, 2009, 26(2): 212 -213.
[14] Yang J, Frangi A F, Yang J Y, *et al*. KPCA plus LDA: a complete kernel fisher discriminant framework for feature extraction and recognition[J]. IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell, 2005, 27(2): 230 -244.
[15] Rumelhart D B, Hinton G E, Williams R J. Learning internal representations by error propagation in parallel distributed processing: explorations in microstructure of cognition Ⅰ[R]. Cambridge: MIT Press, 1986, 318 -362.
[16] Hecht-Nielson R. Theory of the back-propagation neural network [C]. Proceeding of international Joint Conference on Neural Networks, Washington: IEEE, 1989: 593 -603.
[17] Hagan M T, Menhaj M. Training feedforward networks with the Marquardt algorithm[J]. IEEE Trans Neural Netw, 1994, 5(6): 989 -993.
[18] 傅荟璇, 赵红. MATLAB 神经网络应用设计[M]. 北京: 机械工业出版社, 2010: 90 -91.
[19] 沈花玉, 王兆霞, 高成耀, 等. BP 神经网络隐含层单元数的确定[J]. 天津理工大学学报, 2008, 24(5): 13 -15.
[20] Hagiwara K. Regularization learning, early stopping and biased estimator[J]. Neurocomputing, 2002, 48(1/4): 937 -955.
[21] 梁毅冬. BP 神经网络在银行贷款分类中的应用[J]. 中国金融电脑, 2005, (7): 59 -62.
[22] Brent R P. Fast training algorithms for multilayer neural nets[J]. IEEE Trans Neural Netw, 1991, 2(3): 346 -354.
[23] Gori M, Tesi A. On the problem of local minima in backpropagation [J]. IEEE Trans Pattern Anal Mach Intell, 1992, 14(1): 76 -85.
[24] da-Silva-Lopes H F, Abe J M, Anghinah R. Application of Paraconsistent Artificial Neural Networks as a Method of Aid in the Diagnosis of Alzheimer Disease[J]. J Med Syst, 2010, 34(6): 1073 -1081.

(**收稿**:2011-09-19;**修回**:2011-10-01)
(编辑 王 红)

文章编号:1000-5404(2011)23-2475-01

个案与短篇

抗-A_1和 A_2红细胞用于正反定型不符 1 例

周助人,杨丽艳,张坤莲,李剑平 (110044 沈阳,辽宁省血液中心输血医学研究所)

[**关键词**] ABO 血型;抗-A_1;A_2红细胞
[**中图法分类号**] R457.11 [**文献标志码**] B

在输血医学中,正确鉴定受血者和献血者 ABO 血型是保障输血安全的重要步骤之一。ABO 不相合输血目前仍然是临床输血所面临的主要风险和问题[1-3]。人类血型系统十分复杂,除常见血型外,也包括一些亚型,如 A、B 亚型等。现将某基层医院送检的 1 例 ABO 血型正反定型不符病例报告如下。

1 临床资料

男性,42 岁,腹部手术前备血,基层医院以正反定型不符送检。参照《全国临床检验操作规程》[4],以该送检医院及目前临床常规 ABO 血型鉴定方法,该血样正定为 AB 型,反定为 B 型。在本中心,正定型加做抗 A_1和反定型加做 A_2红细胞后,试验结果为抗 A_1无凝集,且由于抗 A 凝集强度 2 +,抗 B 凝集强度 4 +,表明该患者正定为 A_2B 亚型。反定型与 A_1红细胞凝集,且与 A_2红细胞不凝集,说明患者血浆中含抗-A_1抗体,不含有抗-A_2抗体(表 1)。

表 1 送检血样 ABO 正反定型鉴定结果的比较

检测机构	ABO 正定型					ABO 反定型				
	抗 A	抗 A_1	抗 B	抗 AB	抗 H	A_{1C}	B_C	O_C	A_{2C}	自身$_C$
送检医院	2 +	-	4 +	4 +	1 +	±	0	0	-	0
血液中心	2 +	0	4 +	4 +	1 +	±	0	0	0	0

C 代表红细胞;±代表肉眼见阴性,光镜下大多数视野中可见 6 ~ 10 个红细胞凝集的小凝集块

在吸收放散实验中,经待检血样的红细胞吸收后抗 A 试剂效价由 128 降为 32,而经对照 A_1红细胞吸收后则降为 4;待检血样及对照 A_1红细胞的放散液与 A_1红细胞凝集强度分别为 2 + 和 1 +。因此,待检红细胞上的 A 抗原符合亚型特点,即吸收弱、放散强。唾液型物质测定表明该患者为分泌型,存在 H 及 B 血型物质,同时也存在 A 血型物质。

2 讨论

A_1和 A_2是用血清学方法确定 A 型红细胞的 2 种最主要的亚型。A_1血型红细胞有 A 和 A_1 2 种抗原;而 A_2血型红细胞只有 A 抗原,故与抗 A_1试剂不发生凝集。本研究通过加做抗-A_1及 A_2红细胞,鉴定临床送检血样为 A_2B 亚型,表明在 ABO 正反定型不符的血型鉴定中,加做抗 A_1和 A_2红细胞具有一定的临床应用价值。A 型除 A_1和 A_2外,也包括 A_3、Ax、Am 等亚型,但其频率为几万分之一到几千分之一,并且其血清学特点是这些罕见亚型在正定型中与抗 A 试剂呈弱反应(如呈混合外观凝集),甚至无凝集[4],与本文报道的抗 A 正定型凝集强度(2 +)相差较大。因此,可以判断送检血样 A 抗原为 A_2亚型,而不是 A_3、Ax、Am 等亚型。

目前,临床常规受血者及部分血站献血者血型鉴定均不包括检测红细胞上有无 A_1抗原,A_1与 A_2、A_1B 与 A_2B 血型并不加以区分。1% ~2% 的 A_2型个体和 22% ~26% 的 A_2B 型个体血清中可能产生抗-A_1[5]。国内上海地区在 A 亚型者中检出不规则抗 A 占 A 亚型总数比例达 91%[6]。对于已产生抗-A_1抗体的 A_2或A_2B亚型受血者,只能输注相同亚型或O型洗涤红细

(下转 2479 页)

[**基金项目**] 沈阳市科学技术计划项目(F10-149-9-35;F10-206-1-00)
[**通信作者**] 李剑平, E-mail: ljp_63@yahoo.com