第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

地址: 数学中国数学建模网络挑战赛组委会 网址: <u>www.tzmcm.cn</u> 电话: 0471-4969085 邮编: 010021 Email: service@tzmcm.cn

2020 年第十三届"认证杯"数学中国数学建模网络挑战赛第一阶段论文

题 目 基于数学模型分析新型冠状病毒肺炎

关键词 模糊数学、NSIR、新型冠状病毒、传染病动力学、疫情预测

摘 要:

2020年3月12日,世界卫生组织(WHO)宣布,席卷全球的冠状病毒引发的病毒性肺炎(COVID-19)是一种大流行病;建立流行性传染病动力学数学模型为理解流行性传染病的机理,制定和评估防控策略起到了重要作用。

本文建立了基于模糊神经网络的传染病动态评价模型,用于区分"流行"和"大流行"病,通过利用新型冠状病毒肺炎(COVID-19)数据和已知的大流行病(H1N1 和 COVID-19)和流行病(SARS 和 MERS)数据来验证模型的可信性。针对不同风险区,设计不同病毒检测抽样方案,并结合病毒抽样方案,构建无症状感染者 NSIR 模型,预测北京市无症状感染者分布;针对北京市无症状感染者预测结果结合我国防疫政策制定对应方案。最后,结合问题一和问题二的分析结果,为世界卫生组织提出合理有效的防疫原则和防疫措施。

针对问题一,本文利用现有的新型冠状病毒肺炎(COVID-19)数据和已知的大流行病(HIN1和 COVID-19)和流行病(SARS和 MERS)数据,利用专家打分法和熵权法,确定 HIN1、SARS和 MERS的权重;通过定量指标和定性指标并结合模糊神经网络,构建传染病动态评价模型,来区分"流行"和"大流行"病。

针对问题二:本文针对问题一的研究分析,发现新型冠状病毒肺炎(COVID-19)具有区域性,结合我国的防疫政策,划分三个风险区:高风险区、中风险区和低风险区;根据不同的风险区制定不同的病毒检测抽样方案。根据病毒抽样方案构建无症状感染者 NSIR 预测模型,以北京市为例,预测北京市无症状感染者分布,对北京市无症状感染者预测结果结合我国防疫政策制定对应方案。

针对问题三,本文结合问题一、问题二以及我国的防疫政策,提出了相应的有效的防疫原则和防疫措施。

所选题目: C 题

第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

 地址: 数学中国数学建模网络挑战赛组委会
 网址: www.tzmcm.cn

 电话: 0471-4969085
 邮编: 010021
 Email: service@tzmcm.cn

Abstract

In this paper, a dynamic evaluation model of infectious diseases based on fuzzy neural network was established to distinguish between "pandemic" and "pandemic" diseases. The credibility of the model was verified by using covid-19 (covid-19) data and known pandemics (H1N1 and covid-19) and pandemics (SARS and MERS) data. According to different risk areas, different virus detection sampling schemes were designed, and the NSIR model of asymptomatic infection was constructed in combination with virus sampling schemes to predict the distribution of asymptomatic infection in Beijing. The prediction results of asymptomatic infection in Beijing were combined with China's epidemic prevention policy to formulate corresponding plans. Finally, based on the analysis results of question 1 and question 2, reasonable and effective epidemic prevention principles and measures are put forward for who.

Aiming at question 1, this paper used the existing COVID 19(COVID 19) data and the known pandemic (H1N1 and COVID 19) and epidemic (SARS and MERS) data, and used the expert scoring method and entropy weight method to determine the weight of H1N1, SARS and MERS.A dynamic evaluation model of infectious diseases was constructed by combining quantitative index and qualitative index with fuzzy neural network to distinguish "epidemic" from "pandemic" diseases.

Aiming at question 2: the research and analysis of question 1 in this paper found that covid19 (covid-19) was regional. Combining with China's epidemic prevention policies, three risk areas were divided into high risk area, medium risk area and low risk area. According to different risk areas to develop different virus detection sampling plan. The NSIR prediction model of asymptomatic infection was constructed according to the virus sampling plan. Taking Beijing as an example, the distribution of asymptomatic infection in Beijing was predicted, and the corresponding plan was made based on the prediction results of asymptomatic infection in Beijing combined with China's epidemic prevention policies.

In view of question three, this paper puts forward the corresponding effective epidemic prevention principles and measures in combination with question one, question two and China's epidemic prevention policy.

目录

一 、	问题重述1
	1.1 问题的背景与意义1
	1.2 问题的提出
二、	模型假设2
三、	符合说明3
四、	问题分析
五、	数据预处理4
	5.1 数据筛选
	5.2 数据量化
	5.3 归一化处理5
六、	问题一模型的建立与求解5
	6.1 传染病判别原理6
	6.2 传染病动态评价模型建立
	6.3 传染病动态评价模型的检验10
七、	问题二的分析与模型构建11
	7.1 病毒检测抽样方案12
	7.1.1 不同风险区抽样12
	7.2 无症状感染者分布预测模型构建14
	7.2.2 无症状感染者的 SIR 模型14
	7.2.3 针对无症状患者应对方案22
八、	问题三的建议信
九、	参考文献

一、问题重述

1.1 问题的背景与意义

2020年3月12日,世界卫生组织(WHO)宣布,席卷全球的冠状病毒引发的病毒性肺炎(COVID-19)是一种大流行病。世界卫组织上一次宣布大流行是在2009年的H1N1流感爆发期间,该病感染了世界近四分之一的人口。但是,当时该决定因制造了不必要的恐慌而受到批评。SARS尽管影响了26个国家,但仍未被认为是大流行病,MERS也没有被认为是大流行病。世界卫组织表示,大流行是"新疾病的全球传播"。对于达到大流行水平与否,当下没有定量的严格标准,也没有触发该定义的病例或死亡数量阈值。也就是说"大流行"特征所指的不是疾病的严重性,而是疾病传播的广泛程度。目前,在全球已有超过200个国家/地区报告了病毒感染病例。但由于各国的人口和经济情况差别较大,病毒检测能力和国家防疫政策都不尽相同,所以报告的病例是否就真实反映了病毒传播的情况?如何能够对于疫情情况给出更加有效的量化指标,这是世界卫组织非常关心的问题。

部分专家认为鉴于无症状感染者的呼吸道标本能检出病原核酸,但由于无咳嗽、打喷嚏等临床症状,病原排出体外引起传播的机会较确诊病例相对少一些。另外,《英格兰医学杂志》上近日有报告说,一名1感染者从未出现症状,但所释放的病毒量与出现症状的人相当。因此,也有一部分科学家猜测:一些感染者"在症状轻微或无症状时具有高度传染性"。但要强调的是,类似状况的患者规模仍不清楚。早在2月17日,中国疾控中心流行病学组在《中华流行病学杂志》上发表的大规模流调论文就提到,截至2月11日,中国疾控中心共收到国内报告病例72314例,含有889例无症状感染者,比例约占1.2%。日本一个研究小组的报告称(研究论文3月12日刊登在Eurosurveillance杂志),对钻石公主号游轮上的634名新冠肺炎病例进行统计模型分析,估计无症状感染者所占比例为17.9%。张文宏团队撰文指出,以目前部分研究为例,感染新冠病毒的人群中,无症状感染者的比例大约为18%一31%。不过有些患者仅出现很轻微的症状,在隔离观察期间也不一定会被发现,也常常被认为是无症状。无症状感染者的识别具有一定的困难,如何快速地、准确地、最小成本地识别和判断也是世界各国非常关注的问题。

1.2 问题的提出

2020年3月12日,世界卫生组织(WHO)宣布,席卷全球的冠状病毒引发的病毒性肺炎(COVID-19)是一种大流行病;为此,我们需要建立合适的数学模型,分析并解决以下问题;

- 1) 建立数学模型,综合考虑人口数、感染数量、病死人数、疫情持续时间、经济状况、医疗条件、人口密度、防疫政策等因素,给出一个合理的界定"流行"(Epidemic)和"大流行"(Pandemic)病的定量条件。
- 2) 考虑到无症状感染者具有一定的传染性,且不容易发现,但全民进行病毒检测又成本太高,且时间过长,不利于复工复产,我们试图寻找一种更为有效的方法来最大限度地降低无症状感染者的传播风险,比如对一个地区进行抽样病毒检测来评估该地区的无症状感染者的分布情况,再制定不同的隔离和检测措施。请结合问题一的模型,针对一两个国家(或地区),给出切实可行的病毒检测抽样方案,并给出无症状感染者分布预测模型和针对相应预测结果的应对方案。
- 3) 给世界卫生组织写一封信,阐述你的团队对于疫情情况的判断,并给出一些 防控建议和降低风险的思路。

二、模型假设

- (1) 假设附件中提供的数据及使用的数据都真实准确,数据量化合理有效。
- (2) 假设在神经网络预测中,输入变量作为网络的第一层合理有效。
- (3) 假设抽样过程中被调查人员如实填写基本信息。
- (4) 假设抽取实验期间没有较大人口迁入与迁出。
- (5) 假设期间没有较大死亡率与出生率。
- (6) 假设感染者能在发病的第一时间到医院就诊确认。
- (7) 假设患者的出院的时间在床位不紧张和医疗力量和资源充足的情况下。

三、符合说明

符号	说明	符号	说明
×	痊愈率	c^i_j	隶属度中心
$R_{ heta}$	增长指数	b^i_j	隶属度宽度
R_t	传播指数	A^i_j	模糊集
$\mu_f(u)$	隶属度函数	${\cal Y}_d$	期望输出
$\frac{\lambda}{\boldsymbol{\theta}}$	自然增长率 症状阻断	$egin{array}{c} {m{y}}_c \ {m{e}} \end{array}$	网络实际输 误差

四、问题分析

问题一分析:在问题一中,题目要求我们建立数学模型,综合考虑人口数、感染数量、病死人数、疫情持续时间、经济状况、医疗条件、人口密度、防疫政策等因素,给出一个合理的界定"流行"(Epidemic)和"大流行"(Pandemic)病的定量条件。

由于本题附件中所给的数据糅杂,且附件中的数据存在一些与研究无关的数据。为了得到更加直观系统的数据,首先需要对附件中的数据进行预处理,处理内容包括数据的筛选和删除、数据量化、数据归一化处理等。经过预处理后的数据,本文选取了 6 个定量指标和 5 个定性指标,定量指标分别为疫情持续时间、人口数、感染数量、病死人数、感染国家、感染速率(研究区域为全球);定性指标分别为经济状况、医疗条件、防疫政策、人口密度和地区防疫困难度。其中将定量指标中的疫情持续时间、人口数、感染数量和病死人数作为输入数据,而感染国家和感染速率作为因变量,通过随机森林神经网络,建立了特征值求取模型,得到了每个指标对感染国家和感染速率的特征值;通过对各指标特征值进行分析,筛选出 5 个主要定量指标分别为感染数量、病死人数、感染国家、感染速率。然后通过 4 个主要定量指标和 5 个定性指标,结合模糊神经网络结构,构建流行病综合评价模型。利用已知流行病 H1N1、SARS 和 MERS 感染国家、感染速率数据来建立标准评价阈值,来区分"流行"(Epidemic)和"大流行"(Pandemic)病。

问题二分析: 在问题二中, 题目要求我们根据请结合问题一的模型, 针对一两

个国家(或地区),给出切实可行的病毒检测抽样方案,并给出无症状感染者分布预测模型和针对相应预测结果的应对方案。

在问题二分析中,本文选取中国作为研究分析对象。通过问题一的研究发现,人口数、感染数量、病死人数、感染国家、感染速率为主要影响因素,由于在中国地区,新型冠状病毒的分布存在分布区域性,针对区域问题,我国划分了三个区域,分别为高风险区、中风险区和低风险区;因此,本文对不同风险区采取不同的病毒检测抽样方法,对高风险区采用不同年龄段抽样法;对中风险区采用分层多阶段等容量随机抽样;由于低风险区感染者人数较少,研究效果不佳,为此不对该区域进行病毒抽样。本文根据病毒抽样方案构建无症状感染者 NSIR 预测模型,以北京市为例,预测北京市无症状感染者分布,对北京市无症状感染者预测结果结合我国防疫政策制定对应方案。

问题三分析:在问题三中,题目要求我们根据给世界卫生组织写一封信,阐述你的团队对于疫情情况的判断,并给出一些防控建议和降低风险的思路。

本文结合问题一和问题二的研究结果,并结合我国防疫措施向世界卫生组织给出一些防控建议和降低风险的思路。

五、数据预处理

由于附件中的数据杂糅且定性指标多为文字表述,因此,本文需要进行数据量 化及预处理。由于输入变量众多且相互影响,且每个数据存在不同纲量,因此,需 要对原始数据进行数据归一化和相关性分析等。

5.1 数据筛选

通过整理附件数据,可以看出附件中存在一些无关项,例如 UID、iso2、iso3、code3、FIPS、Admin2 等。由于这些数据对研究目标影响很小或者没有,所以本文不考虑对其处理,而是将其删除。

5.2 数据量化

由于定性指标数据大部分为文字表述,而研究分析需要数字表示,因此本文对定性指标进行量化。量化方法采取定性和定量的方法进行量化,量化等级见量化等级表(表 2-表 5)。

5.3 归一化处理

由于附件一中量化后的数据存在不同的量纲单位,因此数据的大小差别非常大,数据的范围也不相同。差异的较大会增大某些变量对客户续保率的预测结果产生影响,同时会减弱某些变量对预测模型的影响,所以需要对量化的数据进行归一化处理。将所有数据都转为[0,1]之间的数,可以消除数据因大小不一而造成的偏差。

数据的归一化有很多方法,本文采用最大最小法进行归一化处理。数据进行归一化的公式如下所示:

$$v_s = \frac{v - v_{\min}}{v_{\max} - v_{\min}} \tag{1}$$

式中 v_s 是标准化处理后的数值,v是原始数值, v_{max} 、 v_{min} 分别表示数据集中该属性的最大、最小值。使用 MATLAB 软件根据式(1)对模型的输入变量和输出变量进行归一化,能够简单快速的对数据进行很好的处理。

```
%Find the number of rows and columns of matrix B
  [m,n]=size(B);
  mib=min(B); %Find the minimum value of each input element before normalization
  mab=max(B); %Find the maximum value of each input element before normalization
  x=rand(m,n)*0; %Creates a 0 matrix to hold the value of the normalized input element
☐ for i=1:17; %Normalize each set of input elements
    x(i,:)=(B(i,:)-mib)./(mab-mib);
               %The matrix B is normalized
  end;
  [m,n]=size(C);
  mic=min(C); %Find the minimum value of each element before normalization
  mac=max(C); %Find the maximum value of each output element before normalization
  t=rand(17,1)*0; %Creates a matrix to hold the values of the normalized input elements
\Box for i=1:17;
    t(i,:)=(C(i,:)-mic)./(mac-mic);
 end; %Matrix C is normalized
```

图 1.MATLAB 代码图 Fig 1.MATLAB code diagram

六、问题一模型的建立与求解

为了区分"流行"(Epidemic)和"大流行"(Pandemic)病,本文从定量和定性角度分析,并结合模糊神经网络构建流行病评价模型。在定量分析中,本文选取疫情持续时间、人口数、感染数量、病死人数、感染国家、感染速率(研究区域为全球)作为定量指标,在定性分析中,本文选取经济状况、医疗条件、防疫政策、人口密度和地区防疫困难度(研究区域为全球)作为定性指标。收集整理定量指标数据并预

处理以及对量化定性指标并对数据预处理,然后利用模糊神经网络从定量和定性两方面构建评价模型,用于区分"流行"(Epidemic)和"大流行"(Pandemic)病。

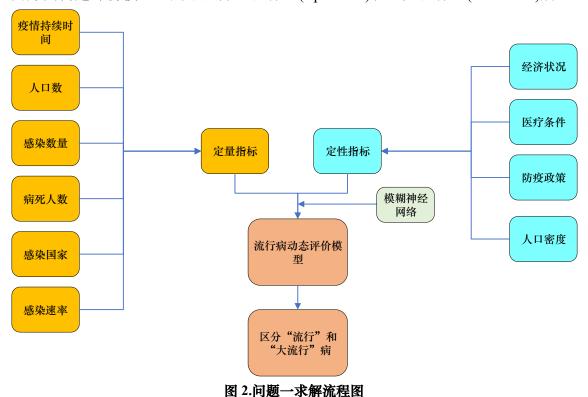


Fig 2. Flow chart of problem 1 solution

6.1 传染病判别原理

模糊数学是用来描述、研究和处理事物所具有的模糊特征的数学。模糊数学中的核心部分是隶属度,是指元素u属于模糊子集f的隶属程度,用 $\mu_f(u)$ 表示,它是一个在[0,1]之间的数。 $\mu_f(u)$ 越接近 0,表示u属于模糊子集f的程度越小;越靠近 1,表示u属于f的程度越大[1]。

本文采用的隶属度函数公式为:

$$\mu_f(u) = \frac{1}{(\frac{d_2}{d_1})^{\frac{2}{q-1}+1}} \tag{2}$$

式中 q 为模糊加权指数,其取值为 \in [1, + ∞), d_1 、 d_2 为聚类中心与样本点间的欧式距离。

结合传染病数据特征和研究目标,选用一种自适应能力很强的多维模糊系统—T-S 模糊模型,该模型不仅能自动更新,而且能不断修正模糊子集的隶属函数^[2],其原理如下:

$$R^{i}$$
: If x_{i} is A_{1}^{i} , x_{2} is A_{2}^{i} , ... x_{k} is A_{k}^{i} then $y_{i} = p_{0}^{i} + p_{1}^{i}x_{1} + \cdots + p_{k}^{i}x_{k}$ (3)

其中, A_j^i 为模糊系统的模糊集; p_k^i ($j=1,2,3,\cdots k$) 为模糊系统参数; y_i 为根据模糊规则得到的输出,输入部分(即 if 部分)是模糊的,输出部分(即 then 部分)是确定的,该模糊推理表示输出为输入的线性组合。

对于输入量 $x = [x_1, x_2, ..., x_k]$,根据模糊规则计算各输入变量 x_i 的隶属度为:

$$\mu A_i^i = exp(-(x_i - c_i^i)^2/b_i^i) \quad j = 1, 2, ..., k; i = 1, 2 ..., n$$
(4)

式中, c_j^i , b_j^i 分别为隶属度函数的中心和宽度,k 为输入参数;n 为模糊子集数。

在各隶属进行模糊计算时,采用的模糊算子为连乘算子,即:

$$\omega^{i} = \mu A_{i}^{1}(x_{1}) * \mu A_{i}^{2}(x_{2}) * \dots * \mu A_{i}^{k}(x_{k})$$
 (5)

根据模糊计算所得结果再计算模糊模型的输出值yi

$$y_i = \sum_{i=1}^n \omega^i (p_0^i + p_1^i x_1 + \dots + p_k^i x_k) / \sum_{i=1}^n \omega^i$$
 (6)

模糊数学方法的缺点是不容易实现自适应学习的功能,而神经网络不适合于表达基于规则的知识^[3],因此,本文构建了 **T-S** 模糊神经网络,将模糊逻辑和神经网络结合起来,更好的利用两者的长处。

T-S 模糊神经网络主要分为输入层、模糊化层、模糊规则计算层和输出层^[4]。 模糊化层采用隶属度函数对输入层进行模糊化得到模糊隶属度值u,模糊规则计算 层采用模糊连乘公式(5)计算得到模糊值 ω 。

在模糊神经网络的学习中, 误差计算如下:

$$e = \frac{1}{2}(y_d - y_c)^2 \tag{7}$$

式中, y_a 是网络期望输出; y_c 是网络实际输;e 为期望输出和实际输出的误差。 系数修正:

$$p_j^i(k) = p_j^i(k-1) - \alpha \frac{\partial e}{\partial c_i^i}$$
 (8)

$$\frac{\partial e}{\partial p_j^i} = (y_d - y_c) \omega^i / \sum_{i=1}^m \omega^i \cdot x_j$$
 (9)

参数修正:

$$c_j^i(k) = c_j^i(k-1) - \beta \frac{\partial e}{\partial c_i^i}$$
 (10)

$$b_j^i(k) = b_j^i(k-1) - \beta \frac{\partial e}{\partial b_j^i}$$
 (11)

式中, c_j^i 、 b_j^i 分别为隶属度函数的中心和宽度。

6.2 传染病动态评价模型建立

由于影响传染病的因素复杂多样、存在多维、非线性且相互影响,且定性定量指标多为离散型、非线性的,难以将所有的因素纳入评价指标体系。由于可拓理论是一种定性与定量结合的分析方法,由于定性指标的离散性难以量化,故流行病动态评估模型采用可拓理论^[5]。

熵权法不仅可以根据各指标的变异程度求取信息熵的熵权,而且还能反过来 通过熵权剔除指标体系中对评价结果贡献较小的指标,可确保得到的指标权重具 有高度客观性^[6]。因此,在传染病动态评价中的指标采用熵权法来获取的。

本文对 6 个定量指标进行标记,用 $I_1 \sim I_6$ 分别代表疫情持续时间、人口数、感染数量、病死人数、感染国家、感染速率,如表 1 所示。并将经济状况、医疗条件、防疫政策和人口密度原始数据采用(0,0.25]、(0.25,0.50]、(0.50,0.75]、(0.75,1] 四个等级进行量化分类,分别用 S、H、L 和 P 代表,如表 7 所示。

表 1 部分样本原始数据 Table 1 The part of the sample original data

序号	疫情持续时 间	人口数 (亿)	感染数量(人)	病死人数 (人)	感染国家 (个)	感染速率
	I_1	I_2	I_3	I_4	I_5	I_6
1	3月1日	70.57	88369	2996	66	2.74
2	3月2日	70.57	90306	3085	73	2.19
3	3月3日	70.57	92840	3160	77	2.81
4	3月4日	70.57	95120	3254	81	2.46
5	3月5日	70.57	97886	3348	85	2.91
•••	•••	•••	•••	•••	•••	•••
42	4月12日	70.57	1771514	108503	185	4.72
43	4月13日	70.57	1846679	114091	185	4.24
44	4月14日	70.57	1917319	119482	185	3.83
45	4月15日	70.57	1976191	125984	185	3.07

表 2 经济状况量化等级划分 Table 2 Quantification of economic status

S_1	S_2	S_3	S ₄
(0,0.25]	(0.25,0.50]	(0.50,0.75]	(0.75,1]

表 3 医疗条件量化等级划分 Table 3 Quantification of medical conditions

H_1	H_2	H_3	H_4
(0,0.25]	(0.25,0.50]	(0.50,0.75]	(0.75,1]

表 4 防疫政策量化等级划分

Table 4 Quantitative classification of epidemic prevention policies

L_1	L_2	L_3	L_4
(0,0.25]	(0.25,0.50]	(0.50,0.75]	(0.75,1]

表 5 人口密度量化等级划分

Table 5 Population density quantified grade division

\mathbf{P}_1	P_2	P_3	P ₄
(0,0.25]	(0.25,0.50]	(0.50,0.75]	(0.75,1]

通过动态评价模型获得所对应的权重,然后根据权重值区间将其分成五个区间,每个区间对应一种传染病类型,分别用 2 表示地方性(Endemic),用 1 表示爆发性(Outbreak),用 0 表示流行(Epidemic),用-1 大流行(Pandemic),具体见表 8。

表6权重所对应的传染病类型

Table 6 The weight corresponds to the type of infectious disease

地方性(Endemic)	爆发性(Outbreak)	流行(Epidemic)	大流行(Pandemic)
[0,0.20]	(0.20,0.50]	(0.50, 0.85]	(0.85,1.0]
2	1	0	-1

表7各传染病的权重

Table 7 Weight of infectious diseases

传染病名称	MERS	SARS	H1N1
权重	0.57	0.61	0.89

通过查找 H1N1、SARS 和 MERS 资料,得到各病的感染人数、感染国家和感染数量,利用专家打分法和熵权法求取各传染病的权重,如表 7。

权重的求取如表 8 所示。在传染病动态评价模型中,综合关联度的求取由 I₁~ I₆这 6 个指标和量化等级矩阵 S~M 同时决定的,量化等级矩阵的值取决于定性指标的大小。从综合关联度四个值中发现,综合关联度的值越来越小,这主要取决于随机-模糊神经网络中寻优过程,就是期望值与误差值的大小。在模型构建中发现,当综合关联度的值取到第 4 个时,模型的误差达到最佳,其误差为 0.13%,期望值达到 98.5%。所以,第四个综合关联度为最佳判别结果,根据表 7 和表 8 的划分,其权重为 0.91,并且所为该传染病为大流行。

表 8 动态评价结果 Table 8 Dynamic evaluation results

动态证	平价因子		量化等级矩阵				
指标	动态赋值	S	Н	L	P	权重	
I_{I}	2.63	0.300	0.109	0.4	0.155	0.060	
I_2	5	0.667	0.556	0.333	0.333	0.063	
I_3	1	0.214	0.057	0.284	0.132	0.115	
I_4	511.9	0.833	0.720	0.600	0.400	0.178	
I_5	24	0.467	0.273	0.25	0.111	0.116	
I_6	87	0	0	0.333	0.500	0.187	
综合	关联度	0.816	0.856	0.894	0.91	大流行	

评价采用可拓理论模型来确定传染病的类型,在定量分析的基础上将定性指标引入传染病动态评价指标体系中。由于定性指标会随时间而变化,动态评价结果 (表 8)也在不断修正,进而对传染病进行评价。以天为一个预测周期,我们对 45 个数据样本的每天的传染病进行评价,将这 45 天传染病数据,分为训练数据 25 组、测试数据 10 组,回判 10 组。判别模型建立后,运用预留的 10 组回判数据代入传染病动态稳定性评价模型中回判检验,得到了动态稳定性检验结果(表 8),其中带"*"的结果为预测错误。

表 9 动态评价结果回判检验表
Table 9 dynamic evaluation results table

序	号	1#	2#	3#	4#	5#	6#	7#	8#	9#	10#
/古 印	真实	-1	-1	-1	-1	-1 -1	-1	-1	-1	-1	-1
但.加	预测	-1	-1	1*	-1	-1	-1	-1	-1	-1	2*

从表 9 可知,其中 3#和 10#共计 2 个预测值出现偏差。分析其原因,定性指标的动态权重取值偏大,传染病动态预测模型偏于保守,造成模型评判结果出现偏差,但预测准确率为 80%,说明模型具有一定的可靠性。

6.3 传染病动态评价模型的检验

为了进一步检验模型的推广性和适用性,利用 2 月 25 日-3 月 7 日的全球疫情数据对模型进行检验,选取一共 12 组数据进行检验,其中带 "*"的结果为预测错误。具体预测结果与实际结果的对比见表 12。由于世界卫生组织于 3 月 12 日将新型冠状病毒(COVID-19)确定为 "大流行"[7],为此本文将该日作为"大流行"来研究。

表 10 动态稳定模型预测结果与实际结果对比

Table 10 d	vnamic eva	luation i	results table

序	号	1#	2#	3#	4#	5#	6#	7#	8#	9#	10#	11#	12#
	真 实						0						
	预 测	0	0	0	-1*	0	-1*	0	0	-1*	-1*	-1*	-1*

其中 4#、6#、9#、10#、11#和 12#出现判定错误,与实际情况不符;分析其原因,因为本文以世界卫生组织于 3 月 12 日定义新型冠状病毒(COVID-19)为"大流行"作为评价指标;但是在该日以前新型冠状病毒(COVID-19)已经具备"大流行"的条件,为此该模型出现判定错误。从该角度出发,该模型仍具有一定的可靠性,因此,传染病动态评价模型具有较好的适用性和推广性。

七、问题二的分析与模型构建

考虑到无症状感染者具有一定的传染性,且不容易发现,但全民进行病毒检测 又成本太高,且时间过长,不利于复工复产,试图寻找一种更为有效的方法来最大 限度地降低无症状感染者的传播风险。本文根据问题一的分析结果,新型冠状病毒 (COVID-19)的分布存在区域性。因此,划风险区制定不同的病毒检测抽样方案;由 于低风险区的新型冠状病毒患者较少(COVID-19),对该区域检测不但浪费资源, 而且研究价值低,本文未对其制定病毒检测抽样方案;而对高风险区和中风险区, 本文采用不同年龄段抽样法^[8]和分层多阶段等容量随机抽样^[9]。结合切实可行的病 毒检测抽样方案,利用NSIR模型和传染病动力学分析构建无症状感染者分布预测 模型,并针对相应预测结果的制定了无症状感染者应对方案。

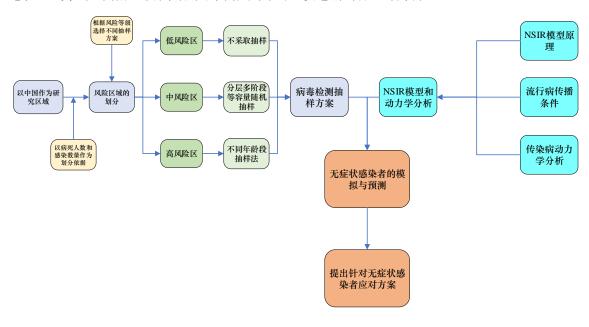


图 3.问题二求解流程图

Fig3. Flow chart of solution of problem 2

7.1 病毒检测抽样方案

针对问题一的分析中发现:新型冠状病毒(COVID-19)的分布存在区域性。针对区域问题,我国依据风险程度高低划分为三个区域,分别为低风险区,中风险区和高风险区。因此,本文对不同风险区采取不同的病毒检测抽样方法;对于高风险区我们采用不同年龄段抽样方法,中风险区采用分层抽样法;由于低风险区域感染人数较少;且无症状感染者几乎为零;因此,本文不对该风险区设计抽样方案。以此,来最大限度地降低无症状感染者的传播风险。

7.1.1 不同风险区抽样

(1)高风险区

● 样本量

本文以武汉市作为高风险研究区域,根据中国疾病预防控制中心报道 2 月 3 日报道数据,武汉市病死率为 4.9%^[10],在允许误差≤0.5%的情况下,同时考虑到 10%的失访率利用公式:

$$N = \frac{\mu_a^2 \pi (1 - \pi)}{\sigma^2} \tag{12}$$

计算出本次调查的样本量为 6512 人。据中国疾病预防控制中心报道,被确诊新冠肺炎的患者中,绝大多数病例(87%)年龄在 30 至 79 岁之间。因此,本文的样本量以在 20 至 80 岁的公民作为调查对象。

● 抽样方法

抽样方法根据年龄段和职业,在武汉市13个区中采取分层整群随机抽样方法 抽样。利用最优分配分层随机抽样方法将样本分配至各年龄段。按功能和生活水平 将全市分为7个中心城区、3个功能区、6个新城区,按总人口比例构成分配各年龄 段的样本量。

6~19岁组:按功能和生活水平将全市分为7个中心城区、3个功能区、6个新城区,每区域内随机抽取一个区(县),每个区(县)分成东、西、南、北、中,按顺时针方向对小学、初中、高中分别进行编号,随机抽取两所学校为调查单位。在性别均等的情况下,依样本量抽取一个班的学号前n个。

19~36岁组:全市各区(县)分成东、西、南、北、中、按顺时针方向对社区卫

生服务中心免疫规划门诊进行编号,随机数字法确定受调查的门诊,对符合要求的人群进行调查和采血,且要求性别均等。

36~54岁组:全市各区(县)对承担婚检的医院、狂犬病疫苗接种门诊分别进行编号,随机数字法确定参加调查的医院和门诊各一家,抽取某一时间段内符合年龄要求的目标人群。

54~68岁组:全市各区(县)确定一家患者数较多的综合性医院,要求该医院在某一时间段内对符合要求的人群进行调查和采血。

68~98岁组:全市各区(县)确定一家患者数较多的综合性医院,要求该医院在某一时间段内对符合要求的人群进行调查和采血。

抽样内容:调查内容所有对象按要求填写统一的调查表,内容包括一般情况, 14天旅行史,14天内的身体情况、是否与新冠肺炎、疑似患者密切接触。然后进行 新型冠状病毒核酸检测。

● 数据处理与分析:使用EpiData软件建立数据库,双录入,采用SPSS 17.0统计软件进行数据分析。

(2)中风险区

由于怀化市确诊新型冠状病毒肺炎为 30 多例,属于中风险区。因此,本文以怀化市作为中风险研究区域。根据中国疾病预防控制中心报道 2 月 9 日报道数据,目前国内死亡率为 2.09%^[11],在允许误差≤0.5%的情况下,同时考虑到 10%的失访率利用公式:

$$N = \frac{\mu_0^2 \pi (1 - \pi)}{\sigma^2} \tag{13}$$

计算出本次调查的样本量为 3576 人。同样样本量以在 20 至 80 岁的公民作为调查对象。

● 抽样方法

采用分层多阶段等容量随机抽样的方法;第一阶段: 以区(县)为基本抽样单位,采用PPS(probability proportionate to size sampling)抽样,分别在怀化市所以区县中随机抽取4个县(由于怀化市只有一个区,因此以县为单位)。

第二阶段: 收集调查区(县)人员名单,利用PPS法,分别从每个县抽被调查人员,并填写14天旅行史,14天内的身体情况、是否与新冠肺炎、疑似患者密切接触。

第三阶段:抽取受检者,在抽取的被调查人员中,将所以符合条件的被调查人员,按性别分别列表,并按姓名的汉语拼音顺序排序,以简单随机抽样的方法从性

别列表内抽取受检者。共抽3576人,并进行新型冠状病毒核酸检测。

● **数据处理与分析:** 使用EpiData软件建立数据库,双录入,采用SPSS 17. 0统计软件进行数据分析。

7.2 无症状感染者分布预测模型构建

2020 年 3 月 12 日,世界卫生组织(WHO)宣布,席卷全球的冠状病毒引发的病毒性肺炎(COVID-19)是一种大流行病。对流行性传染病动力学进行建立数学模型与模拟能够为人们理解流行性传染病的机理,制定、评估防控策略,预测流行病的传播或者消失提供工具^[12]。1927 年,McKendrick 和 Kemack^[13]研究了 1665 年到1666 年黑死病在伦敦的流行规律,以及 1906 年瘟疫在孟买的流行规律,构建了著名的易感染者-感染者-恢复者(Susceptible-infected-recovered(SIR))仓室模型。

自 2019 年 12 月 COVID-19 在湖北武汉爆发以来,国内外学者发表了大量的研究报到或评论,其中也有一些研究 COVID-19 建模和预测的文章。Roosa 等人[14]用一个现象学模型,使用中国国家卫生健康委员会公布的 COVID-19 病例数据对我国的疫情进行了预测。李星君等人 [15]研究了一个只包含感染者的一维流行病传播微分方程模型。使用国家卫计委疫情动态提供的全国 COVID-19 病例数据,模型中的感染者增加速率和预防效果指数进行了确定。预测结果显示:模型演化曲线与公布数据符合很好。 曹盛力等人[16]建立 SEIR 传染病动力学模型,并对湖北省COVID-19 疫情进行预测和评估。研究结果表明:修正的 SEIR 传染病动力学模型在 COVID-19 传播态势分析上是可靠的。王旭艳等人[17]为了分析和预测湖北省COVID-19 疫情变化趋势,采用指数平滑模型对疫情进行预测,结果表明,指数平滑法拟合效果较好,可用于 COVID-19 的疫情预测。

综上所述需要提出新的数学模型,根据比较可靠的COVID-19报告数据进行建模与分析,为更好的认识与掌控流行病的防控提供新的工具。为此本文基于SIR数学模型提出了一个包括无症状带毒者的4个变量的微分方程模型(NSIR)。研究了NSIR的若干动力学性质:给出了流行病控制和传播的判别式。利用北京市COVID-19疫情的有关数据,确定NSIR的分阶段模型参数。数值模拟北京市的COVID-19感染和治愈的演化,进行长期预测。

7.2.2 无症状感染者的 SIR 模型

(一)NSIR 模型和动力学分析

在含无症状带毒者的NSIR模型中,总人口被分成4种状态。S, I, I_I , 和R分别代表易感染者、感染者, 无症状感染者(无症状带毒者), 和恢复者(感染并治愈者和感染后无症状并自愈者)在时刻的t数量。这4种状态之间的疾病传播流程图见图4, 其中 $N=S+I+I_I+R$ 。

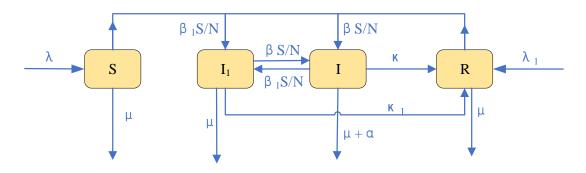


图 4.易感染者 S, 感染者 I, 无症状带病毒者 I1 和恢复者 R 之间的疾病传播流程图 Fig. 4 Flowchart of disease transmission among the susceptible individuals (S), infectious individuals (I), healthy virus carrier I1 and recovered individuals (R).

首先感染者I和无症状带毒者I₁以 $\boldsymbol{\beta}$ 的几率传染未感染者 \mathbf{S} ,使其成为发病感染者;以 $\boldsymbol{\beta}_1$ 的几率使其成为无症状感染者。感染者I的痊愈率为 $\boldsymbol{\varkappa}_1$,无症状带毒者恢复正常的速率为 $\boldsymbol{\varkappa}_1$ 。易感染者的自然增长率为 $\boldsymbol{\lambda}_1$,无症状带毒者的自然增长率为 $\boldsymbol{\lambda}_1$,未感染者,无症状带毒者和恢复者的死亡率为 $\boldsymbol{\mu}$,感染者的死亡率为 $\boldsymbol{\alpha}+\boldsymbol{\mu}$ 。其中所有的参数都是正数。

基于以上的假设,模型的表达式如下:

$$\begin{cases}
\frac{dS}{dt} = \lambda - \frac{(\beta - \beta_1)S(I + I_1)}{N} - \mu S \\
\frac{dI}{dt} = \frac{\beta S(I + I_1)}{N} - (\alpha + \kappa + \mu)I \\
\frac{dI_1}{dt} = \frac{\beta_1 S(I + I_1)}{N} - \kappa_1 I_1 - \mu I_1 \\
\frac{dR}{dt} = \lambda_1 + \kappa I + \kappa_1 I_1 - \mu R
\end{cases}$$
(14)

记总人口 N 为:

$$N = S + I + I_1 + R (15)$$

则方程(14)有一个无病平衡点:

$$E_1 = (\frac{\lambda}{\mu}, 0, 0, \frac{\lambda_1}{\mu}) \tag{16}$$

和一个地方病(持续稳定感染)平衡点:

$$E_2 = (\bar{S}, \bar{I}, \bar{I}_1, \bar{R}) \tag{17}$$

方程(14)在无病平衡点的 Jacobian 矩阵是:

$$J = \begin{cases} -\mu & -\frac{\lambda(\beta+\beta_1)}{\mu(\frac{\lambda}{\mu}+\frac{\lambda_1}{\mu})} & -\frac{\lambda(\beta+\beta_1)}{\mu(\frac{\lambda}{\mu}+\frac{\lambda_1}{\mu})} & 0\\ 0 & \frac{\beta\lambda}{\mu(\frac{\lambda}{\mu}+\frac{\lambda_1}{\mu})} - C & \frac{\beta\lambda}{\mu(\frac{\lambda}{\mu}+\frac{\lambda_1}{\mu})} & 0\\ 0 & \kappa & \kappa_1 & -\mu \end{cases}$$
(18)

解对应的特征方程得到 4 个特征根:

$$x_1 = -\mu; \ x_2 = -\mu \tag{19}$$

$$x_{3,4} = \frac{1}{2(\lambda + \lambda_1)} \left(D \pm \sqrt{D^2 - 4(\lambda + \lambda_1) \left(C(\lambda + \lambda_1) (\mu + \kappa_1) - c\beta_1 \lambda - \beta \lambda (\kappa_2 + \mu) \right)} \right), \quad (20)$$

其中:

$$D = \lambda(\beta - \beta_1) - (\lambda + \lambda_1)(C + \mu + \kappa_1), C = (\alpha + \kappa + \mu). \tag{21}$$

从而得到下面的:

定理 1 如果方程(14)的参数满足下面不等式则无病平衡点(16)是局部稳定的, 否则是不稳定的。

$$\frac{\lambda(\beta+\beta_1)}{(\lambda+\lambda_1)(C+\mu+\kappa_1)} < 1 \tag{22}$$

$$\frac{\lambda((\alpha+\kappa+\mu)\beta_1+\beta\mu)}{C(\lambda+\lambda_1)(\mu+\kappa_2)} < 1 \tag{23}$$

证明:实际上为了使 x_3 , x_4 的实部小于0,需要D<0,从而得到不等式(22)。此外还需要:

$$C(\lambda + \lambda_1)(\mu + \kappa_1) - C\beta_1\lambda - \beta\lambda(\kappa_2 + \mu)) > 0$$
 (24)

从而得到不等式(23)。

实际上我们可以假设无症状带毒群体自愈速度₁高于感染者群体的康复速度 n,从而可以推出不等式(22)成立蕴含不等式(23)成立。

该定理的生物学意义是:如果方程(14)中的参数满足不等式(22)和(23),则在新型冠状病毒的感染的初期不会引起新型病毒的传播而自然消失,否则新型病毒将扩散传播。

将不等式(23)写成等价形式:

$$R_0 \triangleq \frac{\lambda}{\lambda + \lambda_1} \left(\frac{\beta}{\alpha + \aleph + \mu} + \frac{\beta_1}{\mu + \kappa_1} \right) < 1 \tag{25}$$

其中 $\mathbf{R_0}$ 为增长指数,由(24)可以看出感染速率 $\boldsymbol{\beta}$ 和 $\boldsymbol{\beta}_1$ 都较低,则初期感染不会引起该传染病的传播而自然消失。而 $\boldsymbol{\beta}_1$ 是易感者被感染成无症状带病毒的速率,由于无症状带毒者难于防控,因此 $\boldsymbol{\beta}_1$ 在流行病传播中扮演者重要的角色。

如用 θ_1 和 θ_2 分别代表对有症状和无症状感染的阻断,则(24)可改写成:

$$R_0 \triangleq \frac{\lambda}{\lambda + \lambda_1} \left(\frac{\theta_1 \beta}{\alpha + \aleph + \mu} + \frac{\theta_2 \beta_1}{\mu + \varkappa_1} \right) < 1 \tag{26}$$

因此新增感染的持续说明现行防控措施对有症状感染和/或无症状感染的阻断 还需加强。

(二)流行疾病传播的必要条件

如果流行病能够出现,则

$$|\dot{I}(t)|_{t=0} > 0 \tag{27}$$

推出

$$\frac{\beta S(0)(I(0)+I_1(0))}{N(0)} - (\alpha + \kappa + \mu)I(0) > 0$$
 (28)

解该不等式得到下面的定理。

定理 2: 如果方程组(14)中未感染者、感染者、无症状带病毒和总人数的比例和参数满足下面的不等式(29),则流行病就好继续传播。

$$\frac{S(0)(1+\frac{I_1(0)}{I(0)})}{N(0)} > \frac{\alpha+\kappa+\mu}{\beta}$$
 (29)

在流行病感染初期 S≈I 因此不等式(29)可近似表为:

$$R_{\mathsf{t}} \triangleq \frac{\beta}{\alpha + \kappa + \mu} \left(1 + \frac{I_1(0)}{I(0)} \right) > 1 \tag{30}$$

因此可将 $\mathbf{R}_{\mathbf{t}}$ 称为传播指数. 如令(1- $\boldsymbol{\theta}$)为对感染的阻断效率,则 $\boldsymbol{\theta}$ =100%代表对感染的完全阻断, $\boldsymbol{\theta}$ =0 代表无阻断。在对病毒感染阻断下,流行病继续传播不等式(30)化为:

$$\widetilde{R}_{t} \triangleq \frac{(1-\theta)\beta}{\alpha + \kappa + \mu} \left(1 + \frac{I_{1}(0)}{I(0)} \right) > 1$$
(31)

利用上述参数绘制传染病传播的曲线见图 5,其中(1- θ)轴的单位 $U = \frac{\beta}{\alpha + \varkappa + \mu}$ 。可以得知在不存在无症状带毒者的情形下,阻断率 1- θ 小于U即可阻止感染人数进一步增长,当无症状带毒者的人数与感染者相同或为感染者的 4 倍时,需要阻断 1- θ 别小于 0.5U或 0.2U才能阻止感染人数进一步增长。

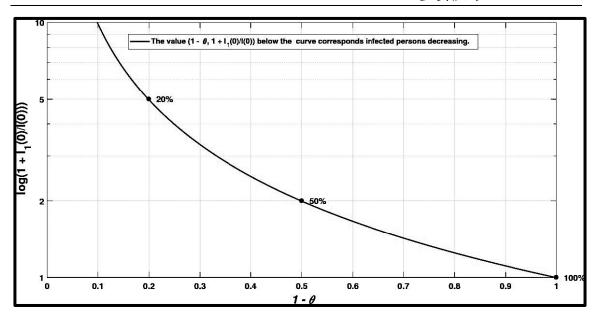


图 5.传染病传播曲线图

Fig 5. Transmission curve of infectious diseases

实际上感染率 β 的取值很难确定,特别是在无症状带毒者的数量很难确定情形下。可以假设在某个时间段 $[0,T_1]$ 内无症状带毒者与感染者满足关系式:

$$\theta_{min}I(t) \le I_1(t) \le \theta_{max}I(t) \tag{32}$$

假设在感染初期 $S(t) \approx N(t)$. 在已知I(0), $I(T_1)$ 的情况下,则由(14)中第 2 个方程可解出:

$$\frac{1}{1+\theta_{max}} \left(\frac{\ln \left(I(T_1) / \ln \left(I(0) \right)}{T_1} + \left(\alpha + \kappa + \mu \right) \right) \le \beta \le \frac{1}{1+\theta_{min}} \left(\frac{\ln \left(\frac{I(T_1)}{\ln \left(I(0) \right)} \right)}{T_1} + + \left(\alpha + \kappa + \mu \right) \right)$$
 (33)

从而可对 β 的取值范围做出估计。

在实际新型病毒感染疫情发生过程中,随着不同阶段医疗措施和防护措施的不断完善,方程(14)中的参数 $\boldsymbol{\beta}$, $\boldsymbol{\beta}_1$, $\boldsymbol{\mu}$, $\boldsymbol{\mu}_1$, $\boldsymbol{\alpha}$ 也是阶段性变化的,相应的参数值可改写成 $\boldsymbol{\theta}$, $\boldsymbol{\theta}$, $\boldsymbol{\mu}$, $\boldsymbol{\mu}$, $\boldsymbol{\mu}$, $\boldsymbol{\mu}$, $\boldsymbol{\mu}$ 0 值越小 1,则对病毒感染的阻断效果越好; \boldsymbol{k} > 1值越大则患者的康复率越高 \boldsymbol{k} 1 ~ 0的值越小于 1 则患者的病亡率越低。

7.2.2.3 无症状感染者模型应用

本节根据北京市卫生健康委员会网站公布的2020年1月19日至2月20日北京地区型冠状病毒疫情的数据^[18],讨论前面有关理论结果应用。数值模拟和绘图用MatlabR2017软件使用ode45和plot等命令执行。

有关北京疫情的诸天现有确诊病例数据(感染者,不包括已治愈和病亡人数,下同)和治愈者数据见图 6(a)和(b)。数据显示在 2 月 12 日现有确诊的感染者数达

到最高: 298 人,随后快速下降。相应的累计治愈者人数则从 2 月 12 日后快速上升。从图 7(a)可以看出累计现有确诊的感染者数目的总体变化并不是服从指数变化规律,但分段的数据可用指数曲线(log 标度时的直线)很好的近似拟合。这一现象可解释为: 在不同阶段采取了不同的医疗措施和防控策略。

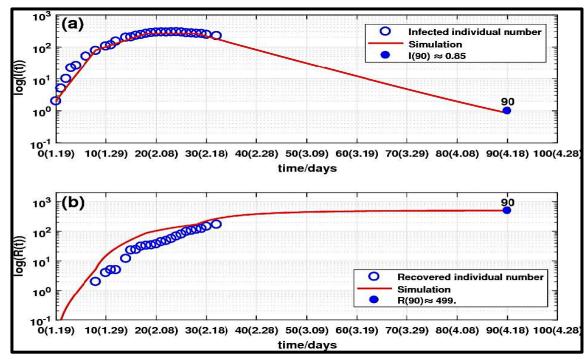


图 6(a)现有确诊感染者数量演化. 圆圈: 报告数据; 实线: 模型的数值模拟. (b) 积累治愈者数量演化. 圆圈: 报告数据; 实线: 模型的数值模拟.

Fig. 6 (a) Outcome of the number of current infected individuals. Circles: reported data; solid line: simulation of the model. (a) Outcome of the number of cumulative recovered individuals. Circles: reported data; solid line: simulation of the model.

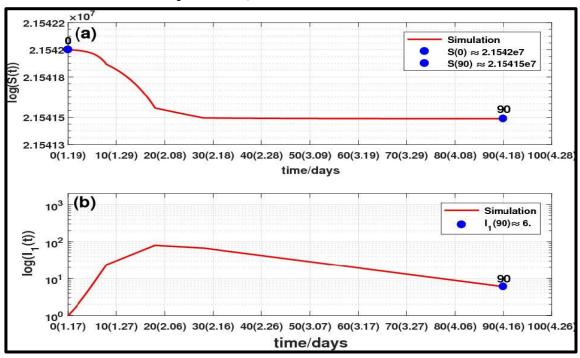


图 7 (a) 实线: 易感者人数的的数值模拟. (b) 实线: 无症状感染者人数的数值模拟. Fig.7 (a) Outcome of the number of susceptible individuals. Solid line: simulation of the model.

(b) Outcome of the number of cumulative healthy virus carriers. Solid line: simulation of the model.

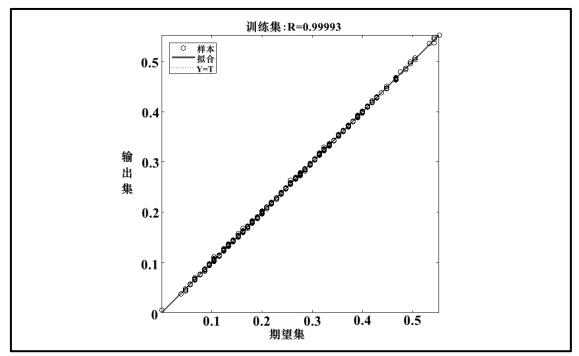


图 8 回归效果图 Fig.8 Regression effect

首先基于提出的 NSIR 模型式(14),将在医控和防控措施干预下的 NSIR 模型 表述如下:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \lambda - \frac{(\beta - \beta_1)S(I\theta_1(i) + I_1\theta_2(i))}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta S(\theta_1(i) + I_1\theta_2(i))}{N} - (\alpha(i) + \kappa(i) + \mu)I \\ \frac{dI_1}{dt} = \frac{\beta_1 S(I\theta_1(i) + I_1\theta_2(i))}{N} - \kappa_1 I_1 - \mu I_1 \\ \frac{dR}{dt} = \lambda_1 + \kappa(i)I + \kappa_1 I_1 - \mu R \end{cases}$$
(34)

其中i=1,2,3,4代表在4个阶段方程中参数的变化。

首先对方程(34)中的一些固定参数进行估计。北京市人口年死亡率5.58×10^{-3[19]}。天死亡率为 μ =5.58×10⁻³/365。假设无症状感染者(健康带毒者)的自愈时间为25天,故天自愈率 κ_1 = 1/25。北京常住人口2154.2万,因此可取S(0) = 2.15×10⁷, λ = μ S(0)。取 λ_1 =2.55×10⁻⁵ λ 。下面分4个阶段对方程(34)的其余参数进行估计。

(1) 1月19日至1月27日

第0天:1月19日现有确认的感染者2人,无治愈和病亡病例。第8天:1月27日现有确认的感染者80人,治愈2人,病亡1人。计算入院病人在某段时间*i*的痊愈率

和病亡率有不同的计算方法。本文认为分别用在此时间段的痊愈人数和病亡人数除以病人的入院天数之和作为κ(*i*)和α(*i*)值似乎是合理的。由于缺乏痊愈患者和病亡患者的入院数据,在分段计算时,我们将这两类患者归结为最早时间的入院患者来计算。由此得出:

$$\alpha(1) = 8.85 \times 10^{-3}$$
, $\aleph(1) = 1.77 \times 10^{-3}$

由I(0) = 2, $I(8) = 8 \times 10^{-2}$ 和不等式(15)得到:

$$\beta \le \frac{1}{1 + \theta_{min}} \left(\frac{\ln (I(T_1)/\ln (I(0))}{T_1} + (\alpha + \kappa + \mu) \right) < \left(\frac{\ln (I(8)/\ln (I(0))}{8} + (\alpha(1) + \kappa(1) + \mu) \right)$$
(35)

假设在此阶段病毒感染没有得到阻断, 既取

$$\theta_1(1) = 1, \theta_2(1) = 1$$
 (36)

$$S(0) = 2.15 \times 10^7, I(0) = 2, I_1(0) = 1$$
 (37)

通过对方程(32)从t = 0到t = 8进行模拟得出与实际数据符合较好的方程参数:

$$\beta(1) = 0.75\tilde{\beta} \tag{38}$$

$$\beta_1(1) = 0.3 \,\beta(1) \tag{39}$$

(2) 1月28日至2月6日

第18天: 2月6日现有确认的感染者263人,治愈33人,病亡1人。用1月20日-2月6日的数据将病亡率 α 和治愈率 α 校正为:

$$\alpha(2) = 1.33 \times 10^{-3}$$
, $\Re(2) = 4.12 \times 10^{-2}$ (40)

假设在此阶段病毒感染得到阻断,通过对方程(31)从**t** = **8**到**t** = **18**进行模拟得出与实际数据符合较好的方程参数:

$$\theta_1(2) = 0.2, \theta_2(2) = 0.82$$
 (41)

对以上数值的解释是:在此阶段的防控措施(通过及时发现与收治患者)对有症状感染者感染的阻断率较高,对无症状感染者的潜在感染的阻断率不够高。

(3) 2月7日至2月16日

第28天: 2月16日现有确认的感染者263人,治愈114人,病亡4人. 用1月25日-16日的数据将病亡率 α 和治愈率x校正为:

$$\alpha(3) = 7.46 \times 10^{-4}, \ \Re(2) = 2.01 \times 10^{-2}$$
 (42)

通过对方程(14)从t = 18到t = 28进行模拟得出与实际数据符合较好的阻断率参数:

$$\theta_1(3) = 0.017, \theta_2(3) = 0.15$$
 (43)

对以上数值的解释是:在此阶段的防控措施对有症状感染者感染进行了非常 有效的阻断:通过普遍戴口罩,减少聚集活动等措施使得对无症状感染者的潜在感 染的阻断也很有成效。

(4) 2月17日以后

假设长期治愈率达到98%,平均治愈时间为10天;长期病亡率为2%,平均病亡时间为20天。则可得到:

$$\alpha(4) = 2/100/20, \ \Re(4) = 98/100/10$$
 (44)

通过对方程(31)t = 28到t = 32进行模拟得出与实际数据符合较好的阻断率参数:

$$\theta_1(4) = 0.05\theta_1(3), \theta_2(4) = 0.05\theta_2(3),$$
 (45)

从1月19日到第90天4月18号的模拟和长期预测模拟见图6和图7。结果显示:到4月18号所有感染者痊愈: $I(90) \approx 0.85$,包括治愈者和自愈的恢复者的人数 $R(90) \approx 499$,病亡约为S(0) - S(90) - $R(90) \approx 11$ 人。

如果进行零阻断,并且治愈率提高到99%,既令

$$\theta_1(4) = 0, \theta_2(4) = 0,$$
 (46)

$$\alpha(4) = 1/100/20, \kappa(4) = 99/100/10,$$
 (47)

则模拟结果显示: 到4月14号感染者痊愈 $I(85)\approx0.91$,包括治愈者和自愈的恢复者的人数 $R(85)\approx493$ \$。病亡约为S(0) - S(85) - $R(85)\approx9$ 人。

分别将1月19日至1月27日的方程参数和I1(0)=1, I(0)=2代入(21)和(24)得到第一阶段的生长指数为 $R_0=16.403$,传播指数为 $R_t=20.519$ 。分别将2月16日之后的方程参数,带入(24)得到第4阶段的生长指数为 $\widetilde{R_0}=0.0235$ 。

综上所述,模拟曲线和最终结果似乎显示本文提出的 NSIR 模型能够定性的解释北京新型冠状病毒疫情中的一些现象和医学界对疫情结束期的估计。

7.2.3 针对无症状患者应对方案

通过以上的研究发现:无症状患者对疫情的影响占据重要地位,对疫情的缓解起着决定性作用;对无症状患者分布预测发现,若无症状患者未进行隔离措施,将会导致疫情大面积爆发。因此,应及时开展密切接触者的排查和采样,规范密切接触者的管理,能减少 COVID-19 无症状感染者可能造成的疫情扩散,减少重症、危重症病例,并且 COVID-19 无症状感染者在解除医学观察后,需开展 2~4 周的健康监测。

从战略角度来看,对无症状感染现象,需要高度重视但不必过度恐慌。正如钟南山院士所言,由于中国本土新增确诊人数维持在低位,很多省份已经清零,所以

就目前这个阶段来说,中国不存在大量的无症状感染者。因此,我们既不能认为疫情在总体控制住之后就可以高枕无忧,也不必因为出现相关病例就感到恐慌。

从战术角度来看,对无症状感染现象,需要顺应疫情防控常态化新形势,统筹做好各项工作。由于没有临床症状,无症状感染具有更强的隐蔽性。这无疑增加了识别和防控的难度。对此,我们要有针对性加大无症状感染者筛查力度,同时公开透明发布信息,坚决防止迟报漏报,并做好患者出院后复查、复阳人员医学管理等工作。"确保疫情统计数据及时真实准确,才能让无症状感染者一经出现就能得到有效治疗和隔离,阻断传播风险。

当前,境外疫情呈加速扩散蔓延态势,世界经济贸易增长受到严重冲击,经济发展特别是产业链恢复面临新的挑战。在疫情防控常态化的条件下,积极的财政政策要更加积极有为,稳健的货币政策要更加灵活适度。对各地而言,对消费该刺激要刺激,对企业该支持要支持,对就业该保障要保障,努力把疫情造成的损失降到最低限度。

针对国内外疫情防控形势新的重大变化,将应急措施和常态化防控相结合,及时完善防控策应对举措,进一步做好无症状感染者防控工作,我们就能为疫情防控 夯实基础,为经济运行保驾护航。

(1)高风险区

高风险地区将严格实施"内防扩散、外防输出、加强救治"策略,继续将疫情防控作为重中之重,继续禁止群体性聚集活动,依法实行区域交通管控,对发生社区传播或聚集性疫情的疫点疫区实施封锁。及时研判疫情走势,在保障疫情防控、公共事业运行、群众生活必需及其他涉及重要国计民生企业正常运转的同时,根据疫情态势逐步恢复生产生活秩序。

(2)中风险区

中风险地区将严格实施"减少输入、阻断传播、精准救治"策略,加强密切接触者全面排查和隔离医学观察;无确诊病例的乡镇(街道)、城乡(社区)可参照低风险地区采取防控措施,确保交通运输、城乡公共交通正常运转,确保人员正常出行和生产生活物资正常流通;落实企业疫情防控责任,组织员工有序返岗,尽快有序恢复正常生产生活秩序。

(3)低风险区

低风险地区将严格实施"严防输入、严阵以待"策略,加强对高风险地区流入 人员跟踪管理和健康监测,做好病例监测发现,落实相关防控措施。保证交通运输、 城乡公共交通正常运转,不得封路、封村、封社区、封市场,全面恢复正常生产生 活秩序。

八、问题三的建议信

尊敬世界卫生组织(WHO)的领导:

您好!

我们数学建模组成员通过大数据对新型冠状病毒肺炎(COVID-19)进行了相关分析发现:

新型冠状病毒肺炎(COVID-19)的多点多国大爆发,不仅仅与感染数量、疫情持续时间、病死人数等有关,而且还与经济状况、医疗条件、防疫政策等因素息息相关。并且医疗条件、防疫政策、经济状况等定性条件对疫情的大爆发占有决定性作用。

本文提出了一个有无症状感染者的SIR模型: NSIR。该模型具有一个无病平衡点和一个地方病平衡点。给出了无病平衡点局部稳定性的判别不等式(见定理1)。不等式具有明确的生物学意义。特别是增长指数刻画出了无症状感染和无症状感染阻断对传染病传播的重要影响。表明了经济状况、医疗条件、防疫政策对疫情控制起着举足轻重的作用。给出了流行病传播的判别不等式(见定理2)。指出了无症状感染者的存在与数量是流行病传播的重要因素,有效的阻断是消除流行榜传播的重要措施。传播指数刻画出了无症状感染者和有症状感染者的初始比值、感染速率和感染的阻断对传染病传播的重要影响。表明若未对无症状患者进行控制管理和隔离,可能会引起新一轮的疫情大爆发。利用北京市新型冠状病毒肺炎疫情的数据,对本文理论结果进行了应用。分段确定了NSIR中的参数,进行数值模拟和长期疫情预测。预测了北京市无症状患者分布和北京市的疫情约在4月中旬结束,感染总人数约500人,病亡人数约10人。

为此,本文提出以下原则与建议:

一、防控原则

(一) 分区分级差异化的办公场所和公共场所防控措施。

因地制宜实施办公场所和公共场所差异化防控。低风险地区坚持"逐步、适当放开"原则,凡是涉及人群聚集性的活动,减少集中聚集风险。对于工作生活必须的场所、开放式活动场所,有序逐步放开;对于娱乐、休闲等集中密闭场所,审慎开放。中、高风险地区坚持"安全、稳步"原则,原则上不组织涉及人群聚集性的活动。对于工作生活必须的场所、开放式活动场所,采取分类适度限制措施;对于娱乐、休闲等集中密闭场所,建议采取临时禁止开业措施,防范聚集性疫情风险,具体要求由各地依据本地疫情形势研究确定。

(二) 强化特殊单位防控和人员防护措施。

低风险地区加强养老机构、儿童福利院、监狱、精神卫生医疗机构等特殊单位 风险防范,做好人员防护、消毒等日常防控工作。中、高风险地区继续采取强化措施,严格落实特殊单位的防控措施监管,制定应急预案,提高应急处置能力。

(三)加强重点场所和重点人群的防护指导。

筑牢织密"外防输入、内防反弹"防线,盯紧航空运输、口岸检疫等各个环节,严格实施闭环管理措施,实现集中接送、检测、隔离等全流程高效无缝运转。要加强应急处置准备,严密落实"早发现、早报告、早隔离、早治疗"措施,最大限度减少传播风险。重点指导老年人、儿童、孕产妇、学生、医务人员等重点人群做好个人防护,教育引导群众养成良好的卫生习惯和生活方式,减少和避免人员聚集,严防聚集性疫情发生。

二、防控建议

- (一)**生活服务类场所**。建议低风险地区在做好室内通风、环境清洁消毒、人员健康监测的前提下正常营业;在中、高风险地区应当限制人员数量,减少人群聚集。
- (二) 开放式活动场所。建议低风险地区逐步恢复正常营业;中、高风险地区在做好环境清洁消毒、人员健康监测的前提下正常营业,并采取措施限制人员数量,减少人群聚集。大型聚集性体育活动如马拉松长跑、聚集性宗教活动、各类展览及会展等暂不开展。
- (三)**密闭式娱乐、休闲场所。**建议低、中、高风险地区均暂不开业,具体要求由各地依据本地疫情形势研究确定。
- (四)客运场站和公共交通工具。如飞机、旅客列车、候车室等,要严格做好 通风、环境清洁消毒、人员健康监测等日常监管,可通过采取控制乘客数量、分

散就坐等措施,减少人员聚集。严格境外回国航空运输、口岸检疫、目的地专车接送等防控措施及监管。

- (五)特殊单位场所。对于养老机构、儿童福利院、监狱、精神卫生医疗机构等特殊单位,低风险地区要做好风险防范,加强人员防护、消毒等日常防控工作;中、高风险地区要制定应急预案,严格落实防控措施监管,有条件的组织开展全面排查和核酸筛查。
- (六)企事业单位。低风险地区做好室内通风、环境清洁消毒、人员健康监测等日常卫生管理;建议中、高风险地区鼓励采取错时上下班、弹性工作制或居家办公方式,减少人员聚集。

九、参考文献

- [1]张万亮,许晨,张丁,郝玉成.基于 T-S 模糊神经网络的边坡稳定性分析[J].露天采矿技术,2013(04):20~22.
- [2]袁海清,傅鹤林,李文博.基于 T—S 模糊神经网络的边坡稳定性评价[J].公路工程,2012,37(02):128~132.
- [3]周宁,傅鹤林,袁勇.基于模糊神经网络的边坡稳定性评价方法[J].地下空间与工程学报,2009,5(S2):1826-1832.
- [4]李元松,陈文峰,李新平,田昌贵,夏进,郭运华.基于模糊神经网络的边坡稳定性评价方法[J].武汉理工大学学报,2013,35(01):113-118.
- [5] 李志强, 杨涛, 王亚平, 等. 边坡稳定性动态辨识及工程应用[J]. 中外公路,2018,38(5):7~13.
- [6]周佳宽,郑博宁,赵红泽.基于熵权-可拓理论的边坡稳定性评价[J].露天采矿技术,2016,31(07):26-30+34.
- [7]国家卫生健康委员会.疫情通报[OL].[2020.03.12]. http://www.nhc.gov.cn/.
- [8]何海艳,赵莹,吴伟慎,等.2010年天津市健康人群乙型病毒性肝炎病毒血清流行病学分析[J].疾病监测,2011,26(12):939-942.
- [9]刘怡然,沈红,仇颖莹,等.江苏省 3~5 岁儿童龋病流行病学抽样调查报告[J].口腔 医学,2019,39(02):152-157.
- [10] 中国疾病预防控制中心.新型冠状病毒疫情分布[OL].[2020.02.03]. http://www.chinacdc.cn/
- [11] 中国疾病预防控制中心.新型冠状病毒疫情分布[OL].[2020.02.09]. http://www.chinacdc.cn/
- [12] DALEL D J, GANI J.Epidemic Modeling: An Introduction[M]. New York: Cambridge University Press, 2005
- [13] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. A contribution to the mathematical theory of epidemics[J]. Proc. Roy. Soc. London, 1927, 115:700-721.
- [14] ROOSA K, LEE Y, LUO R et al.Real-time forecasts of the covid-19 epidemic in china from February 5th to February 24th, 2020[J]. Infectious Disease Modelling, 2020, 94(11): 2308-2330.

[15]李星君,李志宏.新型冠状病毒的传播模型[OL].http://www.paper.edu.cn.

[16]曹盛力,冯沛华,时朋朋.修正 SEIR 传染病动力学模型应用于湖北省 2019 冠状病毒病(COVID-19)疫情预测和评估[J/OL].浙江大学学报(医学版):1-13.

[17]王旭艳,喻勇,胡樱,字传华.基于指数平滑模型的湖北省新冠肺炎疫情预测分析 [J/OL].公共卫生与预防医学:1-4.

[18]北京市卫生健康委员.疫情通报[OL].[2020.01.26-02.20]. http://wjw.beijing.gov.cn. [19]北京市卫生健康委员.疫情通报[OL].[2020.01.25]. http://wjw.beijing.gov.cn.