

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 第十三届“认证杯”数学中国

### 数学建模网络挑战赛

### 承 诺 书

我们仔细阅读了第十三届“认证杯”数学中国数学建模网络挑战赛的竞赛规则。

我们完全明白，在竞赛开始后参赛队员不能以任何方式（包括电话、电子邮件、网上咨询等）与队外的任何人（包括指导教师）研究、讨论与赛题有关的问题。

我们知道，抄袭别人的成果是违反竞赛规则的，如果引用别人的成果或其他公开的资料（包括网上查到的资料），必须按照规定的参考文献的表述方式在正文引用处和参考文献中明确列出。

我们郑重承诺，严格遵守竞赛规则，以保证竞赛的公正、公平性。如有违反竞赛规则的行为，我们接受相应处理结果。

我们允许数学中国网站([www.madio.net](http://www.madio.net))公布论文，以供网友之间学习交流，数学中国网站以非商业目的的论文交流不需要提前取得我们的同意。

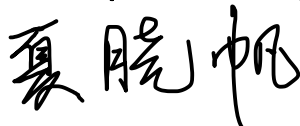
我们的参赛队号为：32491

参赛队员（签名）：

队员 1：



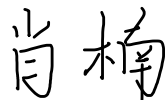
队员 2：



队员 3：



参赛队教练员（签名）：



参赛队伍组别（例如本科组）：本科组

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

---

第十三届“认证杯”数学中国

数学建模网络挑战赛

编号专用页

参赛队伍的参赛队号：（请各个参赛队提前填写好）：

32491

竞赛统一编号（由竞赛组委会送至评委团前编号）：

---

竞赛评阅编号（由竞赛评委团评阅前进行编号）：

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 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 基于引入无症状感染者的 SEIR 模型对

COVID-19 疫情的预测及防控研究

关 键 词 因子分析法 引入无症状感染者的 SEIR 模型

基于元胞自动机非邻体高斯传染模型 标准差椭圆模型

### 摘 要

针对问题一，本文首先综合考虑人口数、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、防疫政策等因素构建起一个能够评价传染病流行程度的评估指数，并以此指数结合 H1N1 流感、新冠肺炎、SARS 等世界卫生组织给出定性界定的流行病的具体情况综合给出了界定“流行”(Epidemic)和“大流行”(Pandemic)病的定量条件。即在全球疫情爆发的高峰观察期 30 天内，若流行病流行程度评估指数出现  $F \geq 3.5$ ，且  $F \geq 3.5$  的天数超过了总观察天数的 50%，则界定为“大流行”(Pandemic)病。否则，则界定为“流行”(Epidemic)病。

针对问题二，首先本文选取合适的抽样框，设计了合适的抽样方案，其次利用 ArcGIS、MATLAB、EXCEL 构建基于引入无症状感染者的 SEIR 模型，实现对无症状感染者等群体人数的预测。根据深圳市 COVID-19 现有的疫情数据以及预测的结果，并结合人群移动的特点，从抽象空间和物理空间两个方面对无症状感染者的未来的空间分布趋势进行仿真模拟。对于抽象空间的分布，我们通过基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型进行模拟，并对比不同的参数值来确保结果的准确性；对于无症状感染者在深圳市实际地理位置的分布，我们采用标准差椭圆模型进行模拟，得到具体的空间分布情况。通过这三种模型的仿真模拟预测，我们可以得到的结论是：无症状感染者将在未来的一段时间内持续增加，但增加幅度较小，其余群体将呈现平稳趋势；在空间分布上，主要集聚在西南片区，在福田区和南山区形成“两核”。

针对问题三，根据前面建模过程中的数据分析以及模型结果，撰写本团队对于疫情情况的判断、防控建议和降低病毒传播风险思路提交给世界卫生组织。

参赛队号： 32491

所选题目： C 题

参赛密码 \_\_\_\_\_  
(由组委会填写)

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

---

## Abstract

**Aiming at question 1**, this paper firstly constructs an assessment index to evaluate the prevalence of infectious diseases by taking into account population number, number of infections, number of deaths, duration of epidemic diseases, economic conditions, medical conditions, population density, epidemic prevention policies and other factors. Based on this index, the quantitative conditions for the definition of "Epidemic" and "Pandemic" diseases are given comprehensively in combination with the specific situation of the Epidemic defined qualitatively by the world health organization (who), such as H1N1 influenza, COVID 19 and SARS. That is, Pandemic disease is defined as Pandemic disease if the Pandemic prevalence assessment index  $F \geq 3.5$  occurs within 30 days of the peak observation period of the global outbreak, and the number of days of  $F \geq 3.5$  exceeds 50% of the total observation days. Otherwise, it is defined as an Epidemic.

**Aiming at question 2**, firstly, the paper selects the appropriate sampling box and designs the appropriate sampling scheme. Secondly, ArcGIS, MATLAB and EXCEL were used to construct SEIR model based on the introduction of asymptomatic infected people, so as to realize the prediction of the number of asymptomatic infected people and other groups. According to the existing epidemic data and predicted results of Shenzhen covid-19, and in combination with the characteristics of population movement, the future spatial distribution trend of asymptomatic infected patients was simulated from abstract space and physical space. For the distribution of abstract space, we simulated the non-adjacent Gaussian contagion model based on cellular automata, and compared different parameter values to ensure the accuracy of the results. For the actual geographical distribution of asymptomatic infection in Shenzhen, we used the standard deviation ellipse model to simulate and obtain the specific spatial distribution. Through the simulation prediction of these three models, we come to the conclusion that the number of asymptomatic infections will continue to increase for some time in the future, but the increase rate will be small, and the rest of the population will show a stable trend. In terms of spatial distribution, it is mainly concentrated in the southwest area, forming "two cores" in Futian district and Nanshan district.

**Aiming at question 3**, we according to the previous data analysis in the process of modeling and model results, write the team for the judgment of epidemic situation, control Suggestions and ideas of reducing the risk of the spread of the virus to the world health organization.

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 目录

一. 问题的背景与重述 .....	1
1.1 问题背景 .....	1
1.2 问题重述 .....	1
1.3 研究现状 .....	1
二. 问题分析 .....	2
三. 模型假设 .....	2
四. 符号说明 .....	2
五. 数据预处理 .....	2
5.1 异常值剔除 .....	2
5.2 归一化处理 .....	3
六. 模型的建立与求解 .....	3
6.1 问题一模型的建立与求解 .....	3
6.1.1 流行病流行程度评估指标的指标选取 .....	3
6.1.2 基于因子分析法的流行病流行程度评估指数建立 .....	4
6.1.3 “流行”与“大流行”病的定量界定 .....	6
6.2 问题二模型的建立与求解 .....	7
6.2.1 病毒检测抽样方案 .....	7
6.2.2 引入无症状感染者的 SEIR 模型 .....	8
6.2.3 基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型 .....	10
6.2.4 深圳市无症状感染者分布预测求解 .....	11
6.2.5 针对深圳市的无症状感染者防控应对方案 .....	16
6.3 致世界卫生组织的一封信 .....	17
七. 模型的评价 .....	18
八. 模型的应用与推广 .....	18
九. 参考文献 .....	19
附录 .....	20

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 一. 问题的背景与重述

### 1.1 问题背景

2020 年初,新型冠状病毒引发的肺炎疫情席卷全球,世界卫生组织(WHO)宣布此次疫情中的肺炎(COVID-19)是一种大流行病。世卫组织表示,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。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,所以现行报告的病例是否能真实反映病毒传播的情况,如何能够对于疫情情况给出更加有效的量化指标,这是世卫组织非常关心的问题。

在此次疫情期间出现了新冠病毒无症状感染者,无症状感染者存在传染性。但传染期长短、强弱有待确定。很多人担心“无症状感染者”会成为新的传染源,无症状感染者的识别具有一定的困难,如何快速地、准确地、低成本地识别和判断无症状感染者也是世界各国非常关注的问题。

### 1.2 问题重述

基于以上问题背景,本文需建立合理的数学模型来解决以下问题:

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,寻找一种更为有效的病毒检测抽样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。结合问题一所建立的模型,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,阐述本团队对于疫情情况的判断,并给出一些防控建议和降低病毒传播风险的思路。

### 1.3 研究现状

对于一种传染病达到大流行水平与否,世界卫生组织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等数据。我国在伤害流行病学调查研究中,为了比较各地伤害的发生率和评价干预措施效果,我国在 1996 年提出了一个“伤害的流行病学界定标准(参考)”<sup>[1]</sup>并几经修改,此标准以定性描述为主,定量数据不足。

对于无症状感染者的传播风险研究,西北大学金安楠等综合运用文本分析、数理统计、空间分析等方法,解析深圳市 COVID19 确诊病例的流行病学特征和疫情的时空演化过程,提出了一种城市传播风险分布分析方法。对于无症状感染者的识别与传播风险分析有一定的促进作用。目前对于无症状感染者的传播风险调查研究还较少,对于无症状感染者分布预测模型还有较大的研究空间

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 二. 问题分析

针对问题一，首先需要综合考虑人口数、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、防疫政策等因素构建起一个能够评价传染病流行程度的评估指数，再结合 H1N1 流感、新冠肺炎、SARS 等综合定量界定“流行”(Epidemic)和“大流行”(Pandemic)病的定量条件。

针对问题二，首先需要根据病毒传播的特点设计合适抽样框选取合适的抽样单元，进而选取成本较低的、安全有效的抽检方案。引入无症状感染者改进 SEIR 模型，实现无症状感染者等各类群体的预测。将预测结果结合人群移动特点，从抽象空间与物理空间两个方面对无症状感染者的未来空间分布趋势进行仿真模拟。抽象空间分布采取不同参数值对比，构建精准的基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型；物理空间分布结合深圳实际地理位置，构建标准差椭圆模型，进而得到详细具体的空间分布情况。

针对问题三，我们需要根据问题一、二所研究的成果阐述本团队对于疫情情况的判断并给出一些防控建议和降低病毒传播风险的思路。

## 三. 模型假设

1. 假设附件中所给的数据真实有效。
2. 假设所研究地区人口自然出生率与死亡率无剧烈变化。
3. 假设人口是均匀混合的，因此我们考虑标准发生率。
4. 假设确诊者被完全完全隔离，不再具有传染性。
5. 假设深圳市的医疗资源充足，未被确诊的感染者以给定的速率进入确诊室。

## 四. 符号说明

符号	说明
$F$	流行病流行程度评估指数
$S$	易感者
$E$	潜伏者
$I$	感染者
$R$	移出者
$U$	无症状感染者

## 五. 数据预处理

### 5.1 异常值剔除

对所收集的数据采用拉依达准则进行异常值剔除，对于每一组时间序列数据当偏差大于  $3\sigma$  时，该数据为异常值。 $\sigma$  的计算公式如下：

$$\sigma = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^n (x_i - \bar{x})^2}{n-1}} \quad (\text{式 5-1})$$

式中  $x_i$  分别各指标的时间序列数据， $\bar{x}$  分别为各指标时间序列数据的平均值。 $n$  为



# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

各组数据的样本容量。

异常值判断公式为：

$$|x_i - \bar{x}| > 3\sigma \quad (\text{式 5-2})$$

正常值的范围为  $\bar{x} - 3\sigma \leq x_i \leq \bar{x} + 3\sigma$ 。

## 5.2 归一化处理

由于指标之间存在不同的量纲，数据大小差别较大，数据范围也不尽相同，会增大某些指标的影响程度同时会减弱某些指标的影响程度，对接下来的分析预处理造成较大的影响。所以须将指标进行归一化处理，转化为[0,1]之间的数

本文选用最大最小法进行归一化处理，对所有量化后的指标进行归一化处理的公式如下：

$$x_i' = \frac{x_i - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}} \quad (\text{式 5-3})$$

式中  $x_i$  为各指标序列数据， $x_i'$  为归一化后各指标序列数据， $x_{\max}$ 、 $x_{\min}$  分别为各指标原始序列数据的最大值和最小值。

## 六. 模型的建立与求解

### 6.1 问题一模型的建立与求解

为了更好地对流行病的流行程度进行定量描述，本文基于因子分析法构建了流行病流行程度评估指数，结合此次新冠肺炎及几种影响较大的流行病描述界定“流行” (Epidemic) 和“大流行” (Pandemic) 病的定量条件。

#### 6.1.1 流行病流行程度评估指数的指标选取

为构建流行病流行程度评估指数,本文选取的指标如表 6-1 所示

表 6-1 流行病流行程度评估指数构建

一级指标	二级指标
疫情状况 $x_1$	感染者数量 $x_{11}$
	治愈人数 $x_{12}$
	病死人数 $x_{13}$
人口状况 $x_2$	人口数量 $x_{21}$
	人口密度 $x_{22}$
经济状况 $x_3$	GDP $x_{31}$
医疗条件 $x_4$	医疗卫生机构数量 $x_{41}$
防疫政策 $x_5$	是否强制全民佩戴口罩 $x_{51}$



# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 6.1.2 基于因子分析法的流行病流行程度评估指数建立

本文以此次新冠肺炎期间所收集到的数据为例，展示评估指数建立过程。对所收集到的各地区各二级指标的日数据进行如下处理：

### ● KMO 检验和巴特利特球形检验

KMO 检验是 Kaiser, Meyer 和 Olkin 提出的，该检验是对原始变量之间的简单相关系数和偏相关系数的相对大小进行检验，主要应用于多元统计的因子分析。其中，Kaiser 给出一个 KMO 检验标准： $KMO > 0.9$ , 非常适合； $0.8 < KMO < 0.9$ , 适合； $0.7 < KMO < 0.8$ , 一般； $0.6 < KMO < 0.7$ , 不太适合； $KMO < 0.5$ , 不适合。

巴特利特球形检验是一种检验各个变量之间相关性程度的检验方法。用于判断变量是否适合用于做因子分析。其对应的  $p$  值小于用户心中的显著性水平（一般为 0.05），那么应该拒绝原假设，认为相关系数不可能是单位阵，即原始变量之间存在相关性，适合于作因子分析。相反不适宜作因子分析。利用 SPSS 对所收集的数据进行以上两种检验，其结果如表 6-2 所示。

表 6-2 KMO 和 Bartlett 的球形度检验结果

KMO 取样适切性量数		0.860
Bartlett 的球形度检验	近似卡方	28968.508
	自由度	21
	显著性	0.000

从表 6-2 检验结果来看，KMO 值大于 0.8，说明变量之间存在相关性；其次根据 Bartlett 球形检验的结果，显著性为 0.000 小于 0.05，说明所收集的数据符合因子分析的前提条件。

### ● 碎石图分析

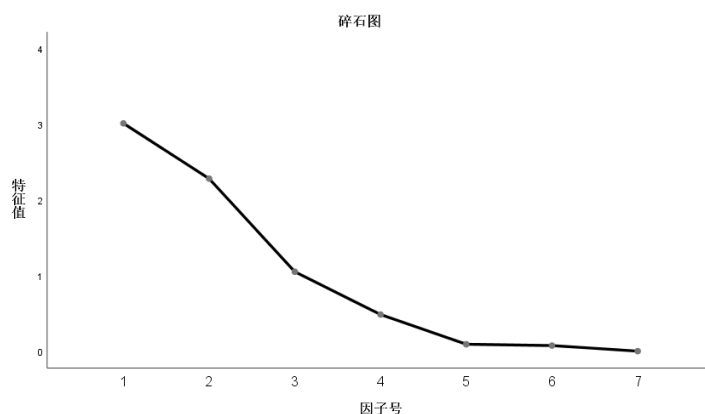


图 6-1 因子分析碎石图

参照因子分析碎石图，各指标数据在因子个数为 3 的时候达到了基本收敛，且累计解释方差基本达到 85% 以上。即可以通过降维后的 4 类因子概括 85% 以上的原始数据信息，具有一定的可靠性和有效性。

### ● 降维分析因子旋转矩阵

旋转后的每个公共因子上的载荷分配更清晰，因而比未旋转时更容易解释各因子的意义。旋转后的因子载荷矩阵如表 6-3 所示，旋转后的因子图如图 6-2 所示。

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

表 6-3 旋转后的因子载荷矩阵

指标	Factor1	Factor2	Factor3
感染者数量	0.983	0.071	-0.152
治愈人数	0.961	0.058	0.212
病死人数	0.997	0.046	-0.041
人口密度	-0.029	-0.234	0.804
人口数量（万人）	0.050	0.000	0.912
GDP（亿元）	0.059	0.828	-0.012
医疗卫生机构数量	-0.011	0.665	0.020

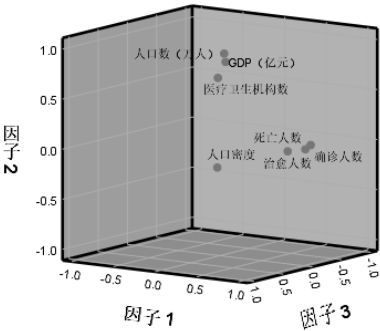


图 6-2 旋转后的因子图

根据因子旋转矩阵与因子旋转图，我们对降维后的三类因子进行解释和定义。

- （1）factor1 与感染者数量、治愈人数、病死人数关联度最高，我们将其归结为疫情状况指标  $f_1$ ；
- （2）factor2 与 GDP、医疗卫生机构数量关联度最高，我们将其归结为社会指标  $f_2$ ；
- （3）factor3 与人口密度、人口数量关联度最高，我们将其归结为人口指标  $f_3$ 。

● 流行病流行程度评估指数建立

基于因子分析得到的指标贡献率与旋转后的因子载荷矩阵，我们进一步建立三大因子与流行病流行程度评估指数  $F$ 。各因子指标所占方差百分比与累计贡献率如表 6-4 所示。流行病流行程度评估指数  $F$  如式 6-1 所示。

表 6-4 各因子所占方差百分比与累计贡献率

因子	方差百分比	累计贡献率
1	43.043	43.043
2	32.601	75.644
3	15.011	90.655
4	6.932	97.587
5	1.323	98.910
6	1.071	99.981
7	0.019	100.000

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

$$\begin{cases} f_1 = 0.983x_1 + 0.961x_2 + 0.997x_3 - 0.029x_4 + 0.05x_5 + 0.059x_6 - 0.011x_7 \\ f_2 = 0.071x_1 + 0.058x_2 + 0.046x_3 + 0.234x_4 + 0.828x_6 + 0.665x_7 \\ f_3 = -0.152x_1 + 0.212x_2 - 0.041x_3 + 0.804x_4 + 0.912x_5 - 0.012x_6 + 0.02x_7 \\ F = 0.475f_1 + 0.360f_2 + 0.165f_3 \end{cases} \quad (\text{式 6-1})$$

式中  $f_1, f_2, f_3$  为降维后的三类因子,  $x_i (i=1 \cdots 7)$  为感染者数量、治愈人数、病死人数等指标。

## 6.1.3 “流行”与“大流行”病的定量界定

我们将所收集的新冠肺炎、H1N1 流感、SARS 以及 MERS 的评价数据代入本文所建立的流行病流行程度评估指数  $F$ , 求得各流行病的流行病流行程度评估指数极值如表 6-5 所示。

表 6-5 流行病流行程度评估指数极值

流行病	$F_{\max}$	$F_{\min}$
COVID-19	4.51285	-0.53078
H1N1 流感	3.95847	-0.65475
SARS	2.83254	-0.75635
MERS	1.99706	-0.91817

在疫情高峰期三十天观察期的流行病流行程度评估指数的变化趋势如图 6-3 所示。

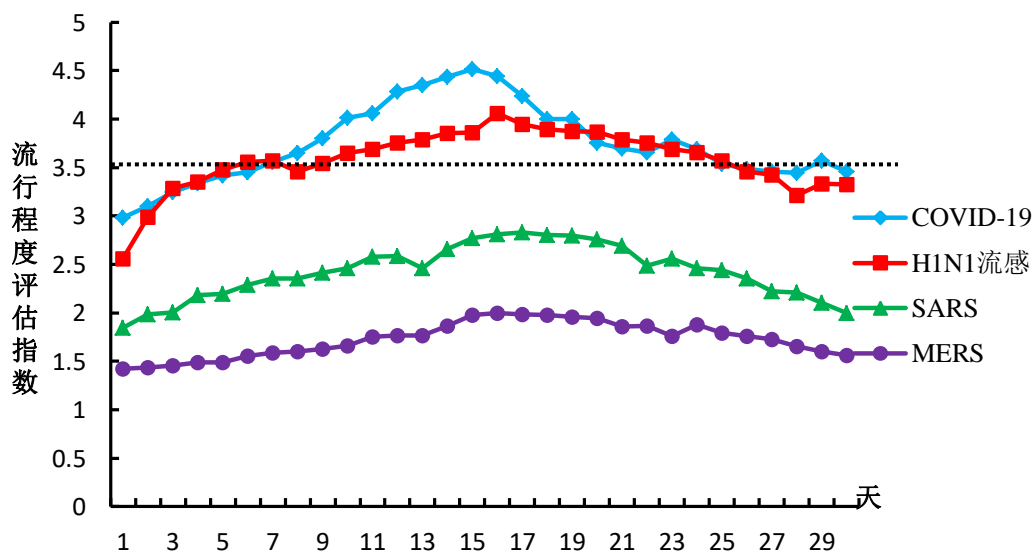


图 6-3 各疫情高峰期内三十天流行病流行程度评估指数的变化趋势

在已被认定为大流行病的新冠肺炎以及 H1N1 流感爆发高峰期的三十天内, 流行病流行程度评估指数  $F \geq 3.5$  的天数超过了总观察天数的 70%, 而被认定为流行病的 SARS 与 MERS 的流行病流行程度评估指数  $F$  远未及该数值。

根据本文所建立的流行病流行程度评估指数  $F$ , 以及现今世界卫生组织对新冠肺炎、H1N1 流感、SARS 以及 MERS 的判断, 本文对“流行”(Epidemic) 和“大流行”(Pandemic) 病的定量界定如下。

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

在全球疫情爆发的高峰观察期 30 天内,若流行病流行程度评估指数出现  $F \geq 3.5$ ,且  $F \geq 3.5$  的天数超过了总观察天数的 50%,则界定为“大流行”(Pandemic)病。否则,则界定为“流行”(Epidemic)病。判定条件如表 6-6 所示。

表 6-6 流行病流行程度判定表

	$F \geq 3.5$	$F < 3.5$
$F \geq 3.5$ 天数/观察期 $\geq 50\%$	“大流行”(Pandemic)病	“流行”(Epidemic)病
$F \geq 3.5$ 天数/观察期 $< 50\%$	“流行”(Epidemic)病	“流行”(Epidemic)病

## 6.2 问题二模型的建立与求解

在城市化与人口流动性加速的今天,疫情在人群与地域传播的主要空间节点和焦点是城市。探究 COVID-19 疫情在城市中的时空演化特征与防控对策,对当前城市乃至全国疫情的防控以及应对未来类似的挑战具有重要意义。鉴于此,我们选取了距离中国 COVID-19 疫情始发地武汉较远但同样疫情高发的深圳市作为研究对象。

深圳市人口稠密距离中国疫情始发地武汉市 1 000 多公里,截至 2020 年 3 月 11 日,该市累计确诊 COVID-19 病例 421 例,确诊人数在广东省地级市中列第一,全国地级市中除湖北省各市外位列第二,属于远汉高发市域,是开展城市尺度疫情研究的典型案例地。

### 6.2.1 病毒检测抽样方案

#### ● 明确抽样单元与抽样框

在社会科学研究中常用的抽样单元是个体的人但对于居民生活来说,由于来自同一家庭的成员受生活环境等因素的影响有相似的结构从而导致家庭成员的染病状况表现出一定的家庭聚集性。所以居民生活病毒抽检的基本单元是家庭户。但在实际操作中抽样单元将随着抽样方法的变化有所调整,对于简单随机抽样和分层随机抽样家庭户为抽样单位;对于整群抽样和分层整群抽样,本文将每 3 户相邻的家庭户编为一个群单元,即每 3 户为一个抽样单元

对于不同的抽样方法,所选用的抽样框也是不同的。例如本文对于简单随机抽样,其抽样框是深圳十个区所有的家庭户的名录;对于整群抽样,从已完成排序编号的所有家庭户中随机确定起点,每相邻 3 户设为一个群单元,然后将群单元进行排序编号,则所有的群单元为整群抽样的抽样框。

#### ● 抽样方法选取

因为在居民生活区中染病状况具有明显的成层分群分布的特点,因此本文选用分层整群抽样方法对病毒进行抽样调查。分层整群抽样是一种以群为抽样单位的分层抽样,先对群间均值差异显著的群总体进行分层。使各层内的群大小相近、均值差异不大,然后再每层内分别使用整群抽样方法按比例随机抽取若干群共同构建样本。

#### ● 抽样成本控制

抽样成本是指因病毒检测活动而产生的所有成本,本文仅以核算时间成本为主,费用函数  $C$  的简化模型为:

$$C = c_0 + n(c_1 + mc_2) \quad (\text{式 6-2})$$

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

其中  $C$  为病毒检测总的时间成本,  $c_0$  为固定时间成本, 实际中主要为抽样框制作与检测员培训的成本;  $c_1$  为单个样本区块的平均时间成本, 其主要由区块的平均规模来决定;  $c_2$  为抽检单元病毒检测的平均成本, 其主要有抽检人员素质和抽检难易程度决定。

## ● 抽样方案的详细步骤设计

根据疫情通报状况, 与深圳市各区的小区密度, 对出现疫情的小区进行甄别, 深圳市小区核密度分布如图 6-4 所示。根据分布密度确定主要抽检的行政区。

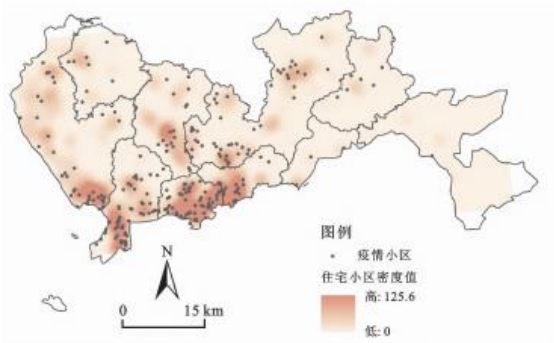


图 6-4 深圳市住宅小区核密度分布

首先从深圳下设的小区核密度较为大的 7 个区随机抽样 3 个, 然后将选中的 3 个区下辖街道办事处、镇、农村乡政府进行按比例简单随机抽样, 将抽中的街道下辖的社区居委会和村委会进行按比例简单随机抽样, 最后对抽中的社区居委会和村委会下辖的家庭户进行编号, 然后随即确定起点, 每相邻 3 户设为一个群单元, 以群为单位进行随机抽样, 被抽到的群单位的所有样本采用普查的方式进行病毒检测。

## 6.2.2 引入无症状感染者的 SEIR 模型

### ● 传统的 SEIR 模型

在传统的 SEIR 模型中, 研究对象被分成 S、E、I、R 等 4 种类型。

(1) **S(Susceptible)**: 易感者, 从未感染病毒的健康人群, 但会因为接触感染者而感染病毒。

(2) **E(Exposed)**: 潜伏者, 感染了病毒的易感者在出现症状之前所处的状态。

(3) **I(Infectives)**: 感染者, 在 14 天潜伏期出现自我感知或可临床识别的症状与特征的病毒携带者, 具有较强的传播能力, 可以将病毒传播到接触的易感者。

(4) **R(Recovered)**: 移出者, 感染者治疗完成痊愈或者死亡的人群。恢复者治愈之后具有抗体, 即使与感染者接触也不会被传染。

传统 SEIR 模型示意图如图 6-5 所示。

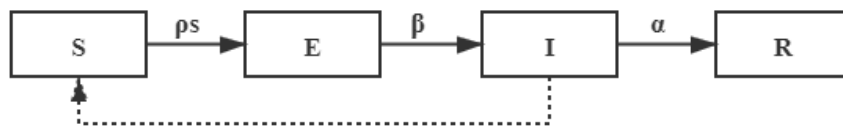


图 6-5 传统 SEIR 模型示意图



# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 #32491

图中,  $\rho$  为一名感染者每一时刻平均接触到的人数;  $s$  为易感者所占所有人群的比例;  $\beta$  为每一时刻潜伏者中将会有占  $\beta$  的人群转化为感染者, 其中  $\beta$  为平均潜伏期的倒数;  $\alpha$  表示治愈率和死亡率的总和。

传统 SEIR 模型存在着许多改进的空间, 为了使其更加贴合 COVID-19 的传播规律。就如来说, 通过考虑时变传播率, 我们可以引入无症状感染者等更多类型的人群。

## ● 引入无症状感染者的 SEIR 改进模型

### Step1. 人群类型修改

#### (1) E 重定义

被监测出有可疑迹象, 实际上可能携带病毒也可能不携带病毒的人群。

#### (2) 引入 U(Unsymptomatic): 无症状感染者

一是: 感染者核酸检测呈阳性, 经过 14 天潜伏期的观察, 均无任何可自我感知或可临床识别的症状与体征, 始终为无症状感染状态。二是: 感染者核酸检测呈阳性, 采样时无任何可自我感知或可临床识别的症状与体征, 但随后出现某种临床表现, 即处于潜伏期的“无症状感染”状态。

U 与 E 在本模型中最大的区别在于, U 容易被认为是“健康的”, 从而没有被采取任何强制措施, 这种情况下他们的传播能力将远大于 E。

#### (3) I 重定义

依据国家“自行在家隔离”防控策略, 除医务人员之外, 其他人被感染几率极低。且因防护设备密不透风, 感染可能性相对较低。由此, 对 I 传播能力进行重定义, 认为 I 不具有较高的传播能力。

### Step2. 修正后 SEIR 模型的假设

(1) 依据重定义后的 I, 假设 I 对 S 没有传播能力。

(2) 根据目前已收集到的数据, 全国易感者比例始终接近于 1 (非易感者人数在 30 万人以内), 对传播率的影响较小, 由此假设 U 和 E 的传播率是恒定的。

(3) 随着针对 COVID-19 治疗技术的研发和改善, 治愈率与死亡率必然发生变化, 由此假设治愈率和死亡率与时间相关。

(4) 假定 S 可以被 U 和 I 传染。

(5) E 中未携带病毒的人在 14 天 (医学观察期为 14 天) 后将变为 S, 因此假设每日  $1/14$  的 E 回到易感人群。

(6) 被治愈者再感染 COVID-19 的可能性极低, 由此假设被治愈者不会被传播。

### Step3. 修正后 SEIR 模型的建立

修正后的 SEIR 模型示意图如图 6-6 所示。

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

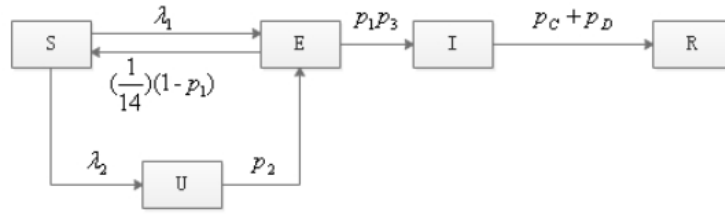


图 6-6 修正后的 SEIR 模型示意图

一位 R 在单位时间内可将  $\lambda_1$  个 S 变为 E，而一名 U 在单位时间内传染  $\lambda_2$  个 S，携带病毒的 E 在所有 E 中所占比例为  $p_1$ ，由此可得 S 变化方程为：

$$\frac{dS_t}{dt} = -\lambda_1 E_t - \lambda_2 U_t + \frac{1}{14}(1-p_1)E_t \quad (\text{式 6-3})$$

U 在易感人群中传播病毒后，被传播病毒的 S 变为 U，这些 U 如果在体温轨迹等监测中出现疑似点，则有一定概率  $p_2$  被发现，变为 E，由此可得 U 变化方程为：

$$\frac{dU_t}{dt} = \lambda_2 U_t - p_2 U_t \quad (\text{式 6-4})$$

带病毒 E (比例为  $p_1$ ) 在单位时间内变为 I 的概率为  $p_3$ ，未带病毒 E (比例为  $1-p_1$ ) 在 14 天观察期后，返回 I 中，由此可得 E 变化方程为：

$$\frac{dE_t}{dt} = p_2 U_t + \lambda_1 E_t - p_1 p_3 E_t - \frac{1}{14}(1-p_1)E_t \quad (\text{式 6-5})$$

E 被确诊后变为 I，而 I 因至于或死亡而变为 R，被治愈者不会被传播，t 时刻的治愈率和死亡率分别为  $p_{C,t}$  和  $p_{D,t}$ ，由此可得 I 和 R 变化方程为：

$$\frac{dI_t}{dt} = p_1 p_3 E_t - (p_{C,t} + p_{D,t}) I_t \quad (\text{式 6-6})$$

$$\frac{dR_t}{dt} = (p_{C,t} + p_{D,t}) I_t \quad (\text{式 6-7})$$

## 6.2.3 基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型

元胞自动机是一种时间、空间和状态均离散的动力系统，其最基本的组成部分包括元胞、元胞空间、邻居、规则和时间。即可看成一个四元组， $C = (L_\alpha, S, n, f)$ ，其中， $L_\alpha$ ：元胞空间；S：状态集，N：邻居；f：演化规则。

一个元胞自动机模型在定义规模、状态集合中的元素、元胞间互为邻居的位置关系、邻居状态的演化规则之后，即可自我迭代，从而对演化现象的模拟实验中得到每一个离散的单位时间内各状态元胞的空间分布以及元胞数量随时间的演化情况。

但是，现实生活中，未被隔离的感染者不仅与某几个相邻地理位置的人接触，其活动范围通常在一定半径大小的区域内，因此，对元胞自动机进行改进，使元胞自动机模拟中的邻体结构并不只局限于具有 8 邻体的摩尔临体结构，结合人群活动的特点以及流行病传播的特点，提出以下假设：

- (1) 非邻体区域感染的几率比邻体区域感染几率小；



# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

(2) 距离某位感染者越远的区域越不容易感染, 反之, I 在距离自身较近的区域活动的可能性更大;

(3) I 在各个方向移动的概率相同, 且相互独立;

(4) 人的活动范围有限。

基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型流程图如图 6-7 所示

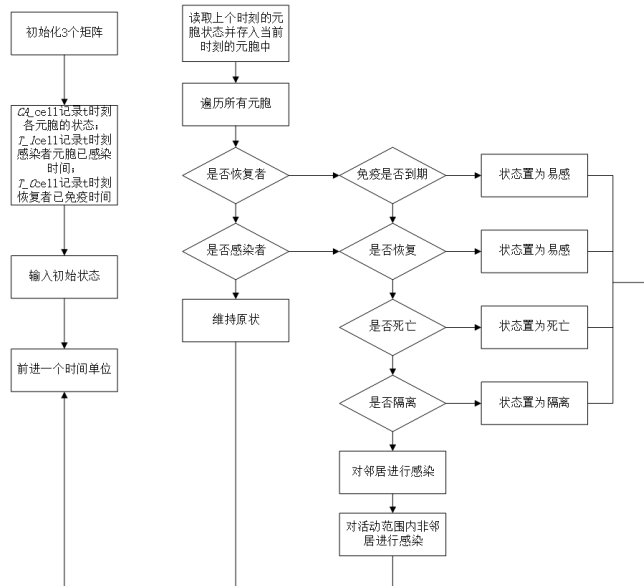


图 6-7 元胞自动机流程

元胞空间为  $n \times n$  大小的正方形网格, 根据二维高斯分布概率密度函数:

$$f(x, y) = (2\sigma_1\sigma_2\sqrt{1-\rho^2})^{-1} \times \exp\left[-\frac{1}{2(1-\rho^2)}\left(\frac{(x-\mu_1)^2}{\sigma_1^2} - \frac{2\rho(x-\mu_1)(y-\mu_2)}{\sigma_1\sigma_2} + \frac{(y-\mu_2)^2}{\sigma_2^2}\right)\right] \quad (\text{式 6-8})$$

基于假设(3),  $\sigma = \sigma_1 = \sigma_2$ ,  $\rho = 0$ , 则式(1)可化简为:

$$f(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} \exp\left[-\frac{(x-\mu_1)^2 + (y-\mu_2)^2}{2\sigma^2}\right] \quad (\text{式 6-9})$$

为控制感染率, 将式 (2) 乘以感染期望  $b_2$ , 得到每个感染个体对自身非邻体周边的感染率:

$$g(x, y) = \frac{b_2}{2\pi\sigma^2} \exp\left[-\frac{(x-\mu_1)^2 + (y-\mu_2)^2}{2\sigma^2}\right] \quad (\text{式 6-10})$$

## 6.2.4 深圳市无症状感染者分布预测求解

针对引入无症状感染者的 SEIR 改进模型与基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型建立的方程, 结合深圳市 COVID-19 确诊病例的数据利用幂函数进行数据拟合预测各群体的人数, 并结合标准差椭圆模型揭示深圳市疫情区的空间分布趋势。

### Step1.数据选取与分析

研究数据包括来源于深圳市卫生健康委员会通报的确诊病例个案数量及详情、每日病例诊疗情况等, 深圳市确诊病例每日新增变化情况如图 6-8 所示。

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

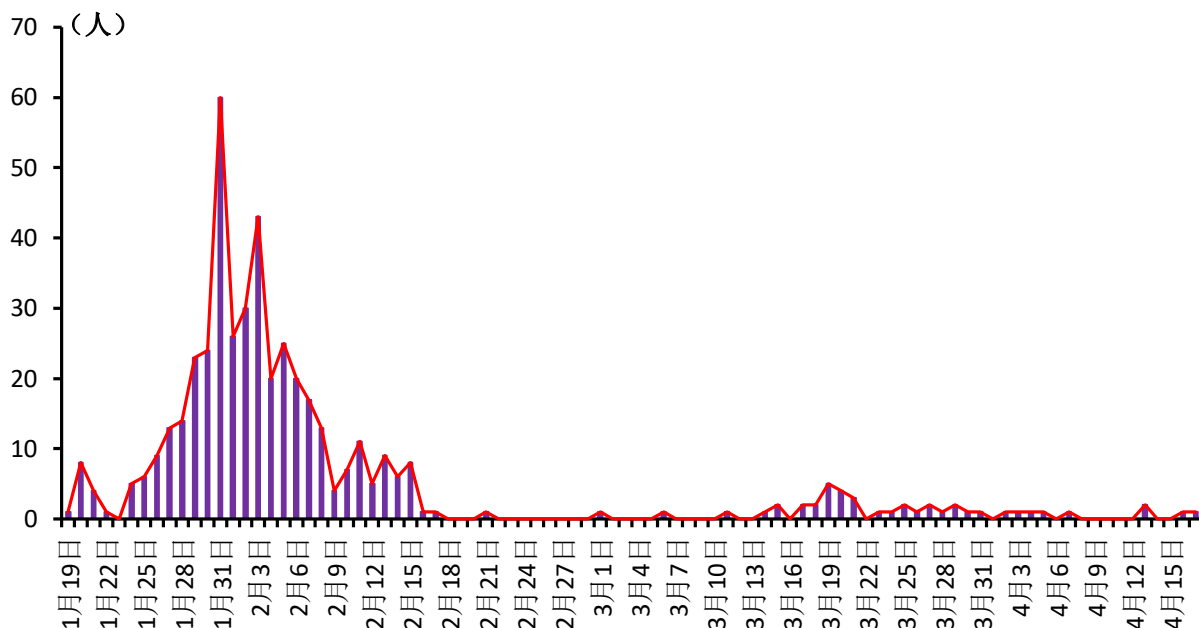


图 6-8 深圳市确诊病例每日新增变化情况

通过分析上图深圳市 COVID-19 新增确诊病例的时间演变过程，我们可以发现整体呈现“低发期—增长期—减缓期—尾声期”四个阶段。

根据深圳市治愈病例和死亡病例的数据，我们可以得到如图 6-9 所示的深圳市的治愈率和死亡率的时间演变图。

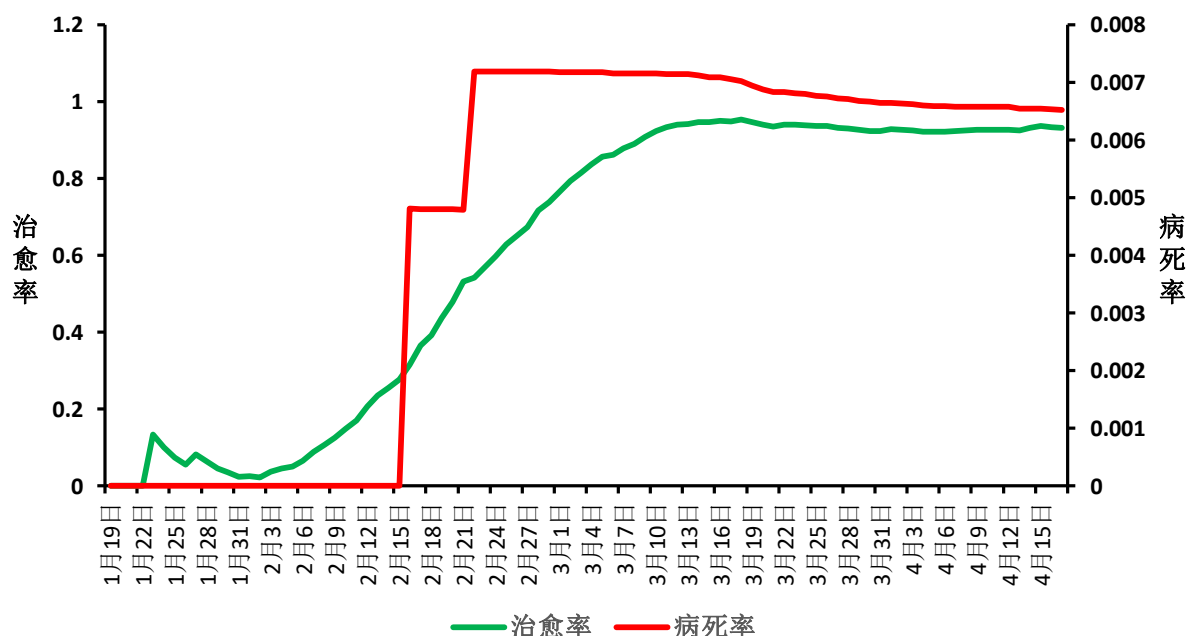


图 6-9 治愈率和死亡率的时间演变图

由上图的 COVID-19 治愈率和死亡率的时间演变图分析得出：深圳市治愈病例呈现由缓增到快增的演变过程；死亡率除 2 月 16 日到 2 月 23 日之外，其余时间段基本呈现稳定不增加的趋势。

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## Step2.数据拟合与分析

我们利用幂函数对深圳市的治愈率和死亡率进行了拟合，并去除波动较大值得到了具体的拟合结果。 $p_{C,t}$ 和 $p_{D,t}$ 分别为当天新增出院人数和新增死亡人数除以上一天感染者的比率，结果如图 6-9、图 6-10 所示。

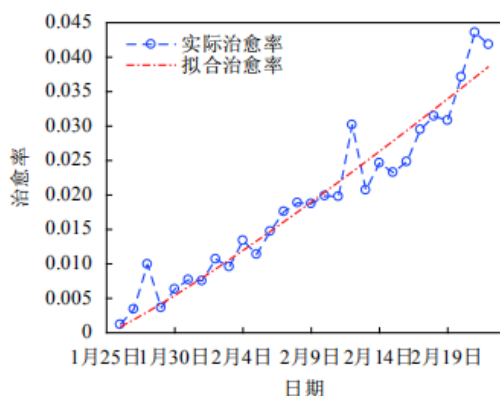


图 6-9 实际治愈率与拟合效果图

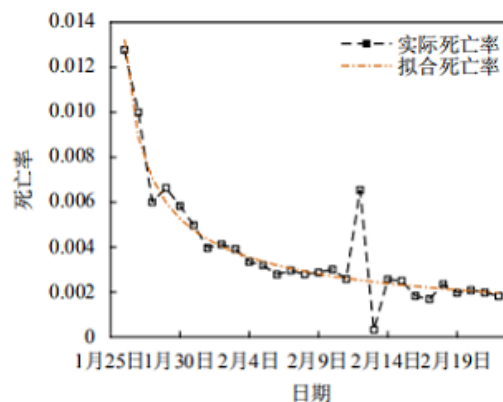


图 6-10 实际死亡率和拟合效果图

$p_{C,t}$ 和 $p_{D,t}$ 随时间的推移分别表现出明显的增长和下降趋势，拟合方程如表 6-7 所示。

表 6-7 拟合方程及系数

拟合方程	可决系数 $R^2$	调整可决系数
$p_{C,t} = 8.364 \times 10^{-4}t^{1.1280}$	0.9324	0.9254
$p_{D,t} = 1.246 \times 10^{-2}t^{-0.5736}$	0.9745	0.9760

注：对死亡率的拟合去除了 2020 年 2 月 12 日、13 日两天的波动较大值。

由于所收集的数据以天为单位，因此考虑离散变化的情况，相关的微分方程转化成如下的差分方程：

$$\begin{aligned}S_{t+1} - S_t &= -\lambda_1 E_t - \lambda_2 U_t + \frac{1}{14}(1 - p_1)E_t \\U_{t+1} - U_t &= \lambda_2 U_t - p_2 U_t \\E_{t+1} - E_t &= p_2 U_t + \lambda_1 E_t - p_1 p_3 E_t - \frac{1}{14}(1 - P_1)E_t \\I_{t+1} - I_t &= p_1 p_3 E_t - (p_{C,t} + p_{D,t})I_t \\R_{t+1} - R_t &= (p_{C,t} + p_{D,t})I_t\end{aligned}$$

为体现引入无症状感染者后 SEIR 模型拟合和预测效果的提升，本文将含有无症状感染者和不含有无症状感染者的 SEIR 模型进行对比。（以 2020 年 1 月 25 日至 2 月 22 日的数据进行拟合结果分析）

在进行疫情数据的拟合中，我们可以看到引入无症状感染者的 SEIR 模型相对于传统 SEIR 模型的优势更为明显，表 6-8 为拟合结果，由表 6-9 我们可以看出改进的 SEIR 模型拟合误差在 RMSE 和 MAPE 上分别降低了 69.68%和 72.11%。

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 #32491

表 6-8 2010 年 1 月 25 日至 2 月 22 日的拟合结果

无症状给感染者的引入	$\lambda_1$	$\lambda_2$	$p_1$	$p_2$	$p_3$	$U_0$
引入	0.0254	0.8750	0.1284	0.9742	0.1300	70012
未引入	0.2243	—	0.4020	—	0.3462	—

表 6-9 2010 年 1 月 25 日至 2 月 22 日的拟合效果评价

无症状给感染者的引入	均方根为误差(RMSE)	平均相对误差(MAPE)/%
引入	1252.65	5.1432
未引入	4131.82	18.4412

## Step3. 模型的仿真预测

基于拟合好的 SEIR 模型可以得到未来一段时间的各群体演化情况,如图 6-11 所示。从 2020 年 2 月 22 日至 5 月 31 日的仿真结果显示, COVID-19 疫情向好的方向发展。

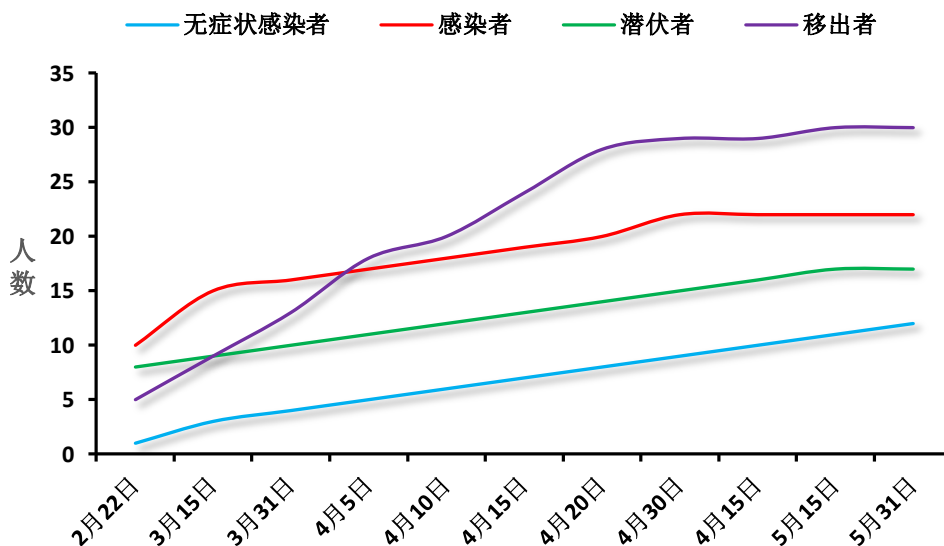


图 6-11 2020 年 2 月 23 至 5 月 31 日的仿真结果

由上图我们可以得出,无症状感染者预测会由于境外输入导致继续增加,但增加数量较少;在四月底预测整体疫情得到控制,基本生活能够正常,感染者、潜伏者和移出者基本持平稳态势。

对于深圳市无症状感染者的空间分布情况,我们从抽象空间和物理空间两个方面进行仿真模拟,一个是基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型,在抽象空间中展示无症状感染者的分布情况;另一个是通过标准差椭圆模型从实际地理位置来揭示无症状感染者的空间分布趋势。

对基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型进行模拟时,我们通过给非邻居感染期望  $b_2$ , 方差  $\sigma$ , 活动范围  $r$  赋予不同的值得到不同的仿真结果。

首先,调整方差  $\sigma$  与活动范围  $r$ , 为控制活动范围内感染的概率和相同。在增大方差

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 #32491

$\sigma$ 的同时需要增加活动范围 $r$ ，经过计算，选定3组取值分别为（其中 $P_w$ 为活动范围内概率和，确定 $\sigma$ 和 $r$ 后可通过计算得到， $P_w \leq 1$ ）：

- (1)  $[\sigma = 1, r = 3], P_w = 0.989$ ;
- (2)  $[\sigma = 2, r = 6], P_w = 0.989$ ;
- (3)  $[\sigma = 3, r = 9], P_w = 0.989$ .

将活动范围内感染率画成曲面图如图 6-12 所示。

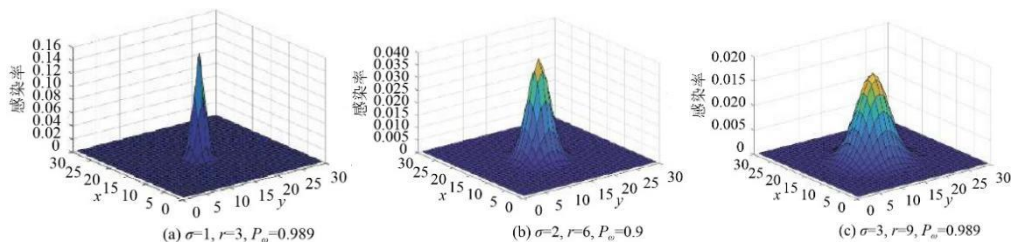


图 6-12 Gauss 概率图像

在此 3 种参数设置下，利用元胞自动机模型进行仿真，得到的空间分布如图 6-13 所示。

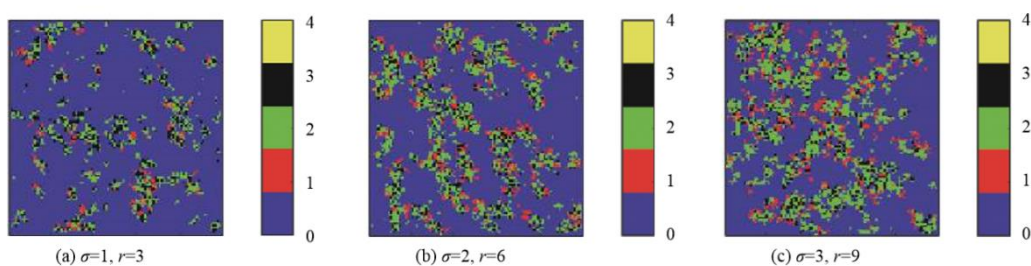


图 6-13 空间分布情况

通过标准差椭圆进行仿真模拟时，我们根据收集到的深圳市 COVID-19 数据以及预测的结果数据来建立模型，来直观地反映各时期各区的离散程度与方向性，揭示深圳市的物理空间分布趋势。具体结果如图 6-14 所示。

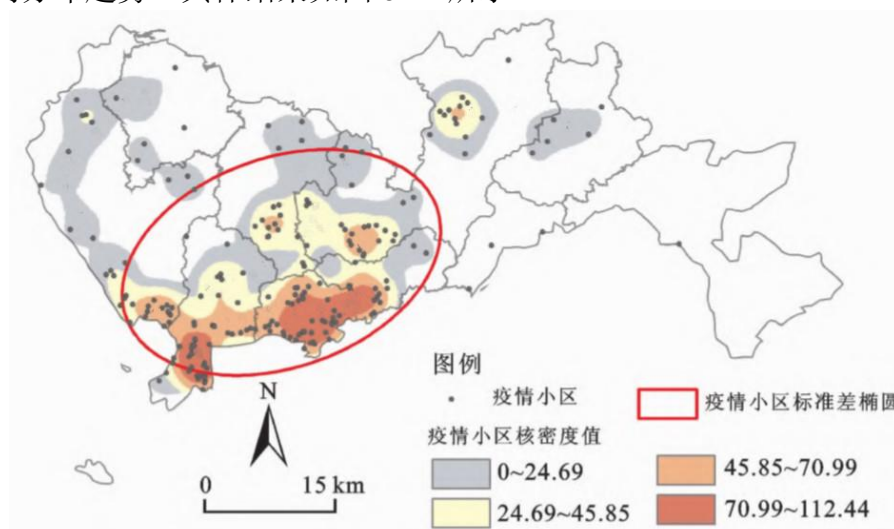


图 6-14 深圳市疫情区空间空间分布



# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

从图 6-14 我们可以看出深圳市 COVID-19 无症状感染者在空间上呈现东北-西南走向，主要集中在西南片区，在福田区和南山区南部形成“两核”，无症状感染者的所在疫情区的平均中心点在西南片区波动，反映了深圳市疫情的总体演化特征，同时也指示了深圳市对于无症状感染者防控的重点方向。

## 6.2.5 针对深圳市的无症状感染者防控应对方案

深圳市的疫情经过了“低发期—增长期—减缓期—尾声期”的阶段性发展，本应接近尾声的阶段却出现了难以控制的无症状感染者，针对国内外疫情防控形势新的重大变化，深圳市应该做好将应急措施和常态化防控相结合，掌握疫情走向，及时完善防控策略和应对举措，进一步做好面对无症状感染者的防控工作。我们根据模型预测的结果，并结合深圳市的现状提出如下应对方案。

从战略角度来看，对于无症状感染者，需要高度重视但不必要过度恐慌。正如钟南山院士所言，由于中国本土新增确诊病例人数维持在低位，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。对于深圳市来讲，我们可以多开展一些线上教育活动，安抚民众，告诉民众不必过分紧张，做好自身防护。

从战术角度上来看，对于无症状感染现象，需要顺应疫情防控常态化新形势，统筹做好各项工作，由于没有临产症状，我们通过基于引入无症状感染者的 SEIR 模型、基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型和标准差椭圆模型对深圳市现有的感染人群、无症状感染者以及其他各群体进行仿真模拟预测，结果表明，无症状感染者所在的疫情区的平均中心点在西南片区波动，说明这是深圳市重点防护的地方。针对该结果，我们给出如下建议：

(1) 对西南片区等重点区域针对性地加大无症状感染者筛查力度，将检测范围进一步扩大至 COVID-19 病例和已发现的无症状感染者的密切接触者、有特殊要求的重点人群等。

(2) 一旦发现无症状感染者，要立即按“四早”要求，严格集中隔离和医学管理，公开透明发布信息，坚决防止迟报漏报，尽快查清来源，对密切接触者也要实施隔离医学观察。

(3) 抓紧在疫情重点地区抽取一定比例样本，尤其是西南片区，开展无症状感染者调查和流行病学分析，研究完善防控措施。

(4) 做好疫情跨境输入输出防范。深圳市作为经济发达区，境内外交往较多，一定要加强检测力量和设备设施配备，对所有入境人员实施核酸检测，切实守好外防输入关口。

(5) 做好康复患者出院后按要求复查，加强人员医学管理等工作。

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 6.3 致世界卫生组织的一封信

尊敬的世界卫生组织：

您好！

2020 年新型冠状病毒引发的肺炎疫情爆发席卷全球，严重损害了世界人民的身体健康，给各行各业带来了巨大的冲击，给整个人类带来了巨大的挑战。本团队本着人类命运共同体原则，积极对流行病流行程度的定量界定，“新冠病毒无症状感染者”的抽检方案、分布特征、传播风险等问题开展研究，给出如下防控建议和降低风险的思路：

首先，当世界范围内出现一种流行病时我们需要快速的对其流行程度进行研判以制定不同等级的并且合适的防疫策略。本团队在综合考虑了人口数、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、防疫政策等因素的情况下，提出了一种流行病流行程度评估指数及其建立方法来评价一种流行病的流行程度，并以此给出了“流行”(Epidemic) 和“大流行”(Pandemic) 病的定量界定条件。即在全球疫情爆发的高峰观察期 30 天内，若流行病流行程度评估指数出现  $F \geq 3.5$ ，且  $F \geq 3.5$  的天数超过了总观察天数的 50%，则界定为“大流行”(Pandemic) 病。否则，则界定为“流行”(Epidemic) 病。

其次，在出现无症状感染者的情况下，需要对疫情高风险的地区进行病毒抽样检查，考虑到由于来自同一家庭的成员受生活环境等因素的影响有相似的结构从而导致家庭成员的染病状况表现出一定的家庭聚集性。因此在抽样单元设计上应该以家庭户为基本研究对象，在此基础上可以考虑使用分层整群的抽样方法进行抽检以降低成本，快速甄别无症状感染者。

再次，对无症状感染者的分布情况进行有效预测，能够帮助人们提前制定不同的隔离和检测措施，本团队基于引入无症状感染者的 SEIR 模型，实现对无症状感染者等群体人数的预测。根据深圳市 COVID-19 现有的疫情数据以及预测的结果，并结合人群移动的特点，从抽象空间和物理空间两个方面对无症状感染者的未来的空间分布趋势进行仿真模拟。通过基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型进行模拟，结合标准差椭圆模型得到无症状感染者在深圳市具体的空间分布情况，该方法为对其他地区的无症状感染者分布状况的研究提供了一种较好的思路。

2020 年 4 月 19 日





# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 七. 模型的评价

### ● 基于因子分析法的流行病流行程度评估指数模型

(1) **优点:** 因子分析法通过研究变量间的相关系数矩阵, 把这些变量间错综复杂的关系归结成少数几个综合因子, 由于归结出的因子个数少于原始变量的个数, 但是它们又包含原始变量的信息, 基于因子分析法构建流行病流行程度评估指数, 设计思路简单, 易于实现, 能够帮助地区快速对该地区的流行病流行程度进行定量判别以帮助该地区制定相应的防控措施提供参考。

(2) **缺点:** 对数据的正确性依赖程度较高, 在应用该方法前需要通过共线性检验, 对于样本量和指标数之间的关系需要提前把控。

### ● 引入无症状感染者的 SEIR 模型

(1) **优点:** 在传统的 SEIR 模型中引入无症状感染者, 以更贴合现实病毒传播规律。提升了传统的 SEIR 模型的预测效果

(2) **缺点:** 对人群类型的划分还有待更进一步地细分, 对无症状感染者的类型还有待更进一步的区分, 以更加贴合实际传染规律。

### ● 基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型

(1) **优点:** 结合人群活动的特点, 不只局限于元胞自动机具有 8 邻体的摩尔临体结构, 通过改进传染模型更加符合实际的传染规律, 提高预测结果的准确性。

(2) **缺点:** 模型模拟比较耗时, 如有缺失值, 其结果难于实现。

### ● 标准差椭圆

(1) **优点:** 标准差椭圆 (SDE) 可以直观地反映各时期无症状感染者的离散程度与方向性, 以揭示深圳市无症状感染者的空间分布趋势。

(2) **缺点:** 选择不同标准差等级的时候, 中心点的位置可能不同, 需要提前判断标准差等级, 方向分布一样需要进行加权计算。

## 八. 模型的应用与推广

### ● 基于因子分析法的流行病流行程度评估指数模型的应用与推广

1、可用来构建广告媒体传播能力的评价体系, 能够对经济状况、人口状况等因素进行综合考虑。

2、可用来构建一些需要对各种定量与定性相结合的综合因素综合考虑的评价体系。

### ● 引入无症状感染者的 SEIR 模型的应用与推广

在爆发流行性疾病时, 能够更加贴切实际传播规律的预测传染病在人群中的传播状况, 帮助人们制定相应的防控措施, 与实际情况进行比对, 修改参数, 进一步减少误差。

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

利用 SEIR，拟合当前疫情数据，并推演疫情的时空演化过程，帮助把握关键节点，判断疫情形势，帮助决策复工复产复学等重大安排部署。

## ● 基于元胞自动机的非邻体高斯传染模型的应用与推广

利用元胞自动机算法可以对一些传播性的疾病的爆发趋势进行模拟，并推演疫情的时空演化过程帮助人们在空间上把握疫情风险状况，对重点地区进行重点防控。

可以引用到媒体传播能力评价体系的构建上，根据媒体的传播性与传播特点对模型加以推广使用。

## ● 标准差椭圆的应用与推广

1、可用在地图上标示一组犯罪行为的分布趋势，并且能够确定该行为与特定要素（一系列酒吧或餐馆、某条特定街道等）的关系。

2、在地图上标示地下水井样本的特定污染，可以指示毒素的扩散方式，这在部署应急防灾策略时非常有用。

3、对各个物种所在区域的椭圆的大小、形状和重叠部分进行比较可以分析与物种入侵或者隔离相关的深入信息。

4、绘制一段时间内疾病爆发情况的椭圆可用于建立疾病传播的模型。

## 九. 参考文献

- [1] 伤害的流行病学界定标准(修改意见)[J].预防医学论坛,2005(01):1.
- [2] 李珊,张卓.基于电子地图导航的城市大规模抽样设计研究[J].黑河学院学报,2018,9(09):213-215.
- [3] 董利苹,曲建升,张志强,刘莉娜.居民生活碳排放抽样调查方案设计:以青海省为例[J].数学的实践与认识,2014,44(06):81-88.
- [4] 金安楠,李钢,王皎贝,徐婷婷,于悦,胡志恒,杨佳辰.深圳市新型冠状病毒肺炎(COVID-19)疫情时空演化与防控对策[J/OL].陕西师范大学学报(自然科学版):1-15[2020-04-19].<http://kns.cnki.net/kcms/detail/61.1071.N.20200413.1415.003.html>.
- [5] 吴成来.基于元胞自动机的传染病传播模型研究[J].电脑知识与技术,2019,15(09):185-186.
- [6] 关鹏,毕雪,费良儒,黄德生,刘磊.某高校甲型 H1N1 流感传播元胞自动机模拟研究[J].中国感染控制杂志,2016,15(02):79-82.
- [7] 关鹏,毕雪,费良儒,黄德生,刘磊.某高校甲型 H1N1 流感传播元胞自动机模拟研究[J].中国感染控制杂志,2016,15(02):79-82.
- [8] 林俊锋.基于引入隐形传播者的 SEIR 模型的 COVID-19 疫情分析和预测[J/OL].电子科技大学学报:1-8[2020-04-19].

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

## 附录

### 附录 1—新增确诊病例

截止日期	新增确诊	截止日期	新增确诊
1 月 19 日	1	2 月 27 日	0
1 月 20 日	8	2 月 28 日	0
1 月 21 日	4	2 月 29 日	0
1 月 22 日	1	3 月 1 日	1
1 月 23 日	0	3 月 2 日	0
1 月 24 日	5	3 月 3 日	0
1 月 25 日	6	3 月 4 日	0
1 月 26 日	9	3 月 5 日	0
1 月 27 日	13	3 月 6 日	1
1 月 28 日	14	3 月 7 日	0
1 月 29 日	23	3 月 8 日	0
1 月 30 日	24	3 月 9 日	0
1 月 31 日	60	3 月 10 日	0
2 月 1 日	26	3 月 11 日	1
2 月 2 日	30	3 月 12 日	0
2 月 3 日	43	3 月 13 日	0
2 月 4 日	20	3 月 14 日	1
2 月 5 日	25	3 月 15 日	2
2 月 6 日	20	3 月 16 日	0
2 月 7 日	17	3 月 17 日	2
2 月 8 日	13	3 月 18 日	2
2 月 9 日	4	3 月 19 日	5
2 月 10 日	7	3 月 20 日	4
2 月 11 日	11	3 月 21 日	3
2 月 12 日	5	3 月 22 日	0
2 月 13 日	9	3 月 23 日	1
2 月 14 日	6	3 月 24 日	1
2 月 15 日	8	3 月 25 日	2
2 月 16 日	1	3 月 26 日	1
2 月 17 日	1	3 月 27 日	2
2 月 18 日	0	3 月 28 日	1
2 月 19 日	0	3 月 29 日	2
2 月 20 日	0	3 月 30 日	1
2 月 21 日	1	3 月 31 日	1
2 月 22 日	0		
2 月 23 日	0		
2 月 24 日	0		

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

2 月 25 日	0		
2 月 26 日	0		

附录 2—治愈人数与死亡人数

日期	治愈率	死亡率	日期	治愈率	死亡率
1 月 19 日	0	0	2 月 28 日	0.717026379	0.0071942
1 月 20 日	0	0	2 月 29 日	0.738609113	0.0071942
1 月 21 日	0	0	3 月 1 日	0.765550239	0.007177
1 月 22 日	0	0	3 月 2 日	0.794258373	0.007177
1 月 23 日	0.1333333333	0	3 月 3 日	0.815789474	0.007177
1 月 24 日	0.1	0	3 月 4 日	0.837320574	0.007177
1 月 25 日	0.074074074	0	3 月 5 日	0.85645933	0.007177
1 月 26 日	0.055555556	0	3 月 6 日	0.861575179	0.0071599
1 月 27 日	0.081632653	0	3 月 7 日	0.878281623	0.0071599
1 月 28 日	0.063492063	0	3 月 8 日	0.890214797	0.0071599
1 月 29 日	0.046511628	0	3 月 9 日	0.909307876	0.0071599
1 月 30 日	0.036363636	0	3 月 10 日	0.923627685	0.0071599
1 月 31 日	0.023529412	0	3 月 11 日	0.933333333	0.0071429
2 月 1 日	0.025510204	0	3 月 12 日	0.94047619	0.0071429
2 月 2 日	0.022123894	0	3 月 13 日	0.942857143	0.0071429
2 月 3 日	0.037174721	0	3 月 14 日	0.947743468	0.0071259
2 月 4 日	0.044982699	0	3 月 15 日	0.947990544	0.0070922
2 月 5 日	0.050955414	0	3 月 16 日	0.95035461	0.0070922
2 月 6 日	0.065868263	0	3 月 17 日	0.948235294	0.0070588
2 月 7 日	0.088319088	0	3 月 18 日	0.953161593	0.0070258
2 月 8 日	0.107142857	0	3 月 19 日	0.946759259	0.0069444
2 月 9 日	0.125	0	3 月 20 日	0.940366972	0.0068807
2 月 10 日	0.149333333	0	3 月 21 日	0.936218679	0.0068337
2 月 11 日	0.170984456	0	3 月 22 日	0.940774487	0.0068337
2 月 12 日	0.207161125	0	3 月 23 日	0.940909091	0.0068182
2 月 13 日	0.235	0	3 月 24 日	0.93877551	0.0068027
2 月 14 日	0.256157635	0	3 月 25 日	0.936794582	0.006772
2 月 15 日	0.277777778	0	3 月 26 日	0.936936937	0.0067568
2 月 16 日	0.315662651	0.0048193	3 月 27 日	0.932735426	0.0067265
2 月 17 日	0.365384615	0.0048077	3 月 28 日	0.93064877	0.0067114
2 月 18 日	0.391826923	0.0048077	3 月 29 日	0.926503341	0.0066815
2 月 19 日	0.4375	0.0048077	3 月 30 日	0.924444444	0.0066667
2 月 20 日	0.478365385	0.0048077	3 月 31 日	0.924611973	0.0066519
2 月 21 日	0.532374101	0.0047962			
2 月 22 日	0.541966427	0.0071942			
2 月 23 日	0.568345324	0.0071942			

# 第十三届数学中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

2 月 24 日	0.597122302	0.0071942			
2 月 25 日	0.628297362	0.0071942			
2 月 26 日	0.649880096	0.0071942			
2 月 27 日	0.673860911	0.0071942			

附录 3—无症状感染者

日期	现存数量	境外输入数量
4 月 1 日	15	9
4 月 2 日	17	10
4 月 3 日	17	10
4 月 4 日	20	11
4 月 5 日	21	11
4 月 6 日	23	12
4 月 7 日	24	13
4 月 8 日	25	13
4 月 9 日	26	13
4 月 10 日	26	13
4 月 11 日	26	13
4 月 12 日	28	14
4 月 13 日	29	14
4 月 14 日	30	14
4 月 15 日	29	14
4 月 16 日	30	13

附录 4—引入无症状感染者的 SEIR 模型的实现代码

**func\_SEIR.m:**

```
function dy=func_SEIR(~,y)
global alpha beta0 beta1 gamma mu
S = y(1);
E = y(2);
I = y(3);
tt = y(4);
x=beta0*(cos(2*pi*tt)*beta1+1);
dS = mu-x*S*I-mu*S;
dE = x*S*I-(mu + alpha)*E;
dI = alpha*E-(mu+gamma)*I;
ds = 1;
dy=[dS;dE;dI;ds];
end
```

**SEIR\_main.m:**

```
global alpha beta0 beta1 gamma mu
mu=0.02;
alpha = 31.74;
gamma = 52;
```

# 第十三届中国数学建模网络挑战赛

参赛队号 # 32491

---

```
beta0 = 1095;
beta1 = 0.05;

options = odeset('MaxStep',0.01);
[T,Y] = ode45(@func_SEIR, [0,50], [0.0658 0.0007 0.0002 0.00], options);

figure(1)
plot(T,Y(:,3),'k','LineWidth',2);
xlabel('t / yr');
ylabel('I/ people');

%figure(2);
%plot(Y(:,1),Y(:,3));
%xlabel('-ln(S)');
%ylabel('-ln(I)');

figure(2);
%options = odeset('MaxStep',0.01);
%[T,Y] = ode45('func_SEIR',[0 50],[0.0658 0.0007 0.0002 0.0],options);
T=T(1:450);
T=T(1:8.6:end);
YY=Y(1:450,3);
YY=YY(1:8.6:end)
plot(T,YY,'k','LineWidth',2);
xlabel('t /yr');
ylabel('I/ people');
hold on;
```