

分类号

密级

中国地质大学(北京)  
专业硕士学位论文

SEIR 改进模型及 COVID-2019  
武汉疫情分析

研究生 程哲阳 学 号 2119180035

学位类别 工程硕士 专业领域 计算机技术

校内导师 王海英 校外导师 关永福

学习方式 全日制

2021 年 5 月

**A Dissertation Submitted to**  
**China University of Geosciences for Master of**  
**Professional Degree**

**Analysis of SEIR Revision model and COVID-2019**  
**Wuhan epidemic**

**Master Candidate: Cheng Zheyang**

**Professional Degree: Master of Engineering**

**Dissertation Supervisor: Prof. Wang Haiying**

**Associate Supervisor: PE. Guan Yongfu**

**China University of Geosciences (Beijing )**

# 声 明

本人声明所呈交的论文是我个人在导师指导下进行的研究工作及取得的研究成果。尽我所知，除了文中特别加以标注和致谢的地方外，论文中不包含其他人已经发表或撰写过的研究成果，也不包含为获得中国地质大学或其它教育机构的学位或证书而使用过的材料。与我一同工作的同志对本研究所做的任何贡献均已在论文中作了明确的说明并表示了谢意。

签 名：程哲阳 日 期：2021-5-31

## 关于论文使用授权的说明

本人完全了解中国地质大学有关保留、使用学位论文的规定，即：学校有权保留送交论文的复印件，允许论文被查阅和借阅；学校可以公布论文的全部或部分内容，可以采用影印、缩印或其他复制手段保存论文。

☒公开    ☐保密（\_\_\_\_年） （保密的论文在解密后应遵守此规定）

签 名：程哲阳 导师签名：王伯英 日 期：2021-5-31

## 摘要

在人类的发展历程中，传染病的反复出现和流行对人们的健康和社会的正常运行造成了巨大的破坏。2019 年底在武汉出现了不明肺炎病例，随后疫情迅速发展蔓延全国。目前国内处于疫情常态化，但是全世界范围内疫情形势依旧严峻，病例输入疫情反弹的风险仍然存在。对新型冠状病毒肺炎传播建立模型，不仅是对历史事件的追溯还原，还是对病毒传播机制与特性的研究，可以为疫情的防控提供参考。

经典的传染病微分方程模型不能完全拟合现实中更复杂的传染病动力系统，因此需要在此基础上根据实际情况建立新的模型。本文针对武汉地区 COVID-19 传播问题进行研究，考虑疾病具有传染潜伏期，建立了 SEIR 模型；考虑到政府采取隔离措施及潜伏期患者具有一定的传染性，建立了 SEIQR 模型；考虑到无症状感染者的存在，建立了 SEIAQR 模型。在疾病传播模型研究中基本再生数是一个重要指标，它代表了传染病的传播能力。计算了模型的基本再生数和疾病平衡点。

模型参数的求解是本文研究的重点。本文主要研究了粒子群算法和搜索算法这两种智能优化算法。粒子群算法是一种启发式算法，搜索算法是一种盲目搜索。搜索算法运行时间长，可能陷入局部最优。粒子群算法搜索的时间较短，精度较高，而且避免了陷入局部最优。本文中三阶段数值模拟均使用了粒子群算法。

根据疫情的发展将整个过程分为三个阶段：疫情早期、疫情高峰期和疫情末期。用官方公布的实际数据进行数值模拟，用粒子群算法搜索模型中未知参数，以 ode45 函数求解方程组。计算各个阶段的基本再生数，结果表明：随着疫情的逐渐平息，基本再生数不断变小。对基本再生数进行灵敏性分析，研究得出：接种率和接触率对基本再生数的数值波动影响最大，随着接种率及治愈率的增大，基本再生数减小，随着接触率的增大，基本再生数增大。

现阶段世界各国都在推进疫苗的接种，为了研究疫苗接种对于疫情防控的作用，本文通过对基本再生数的分析计算来评估，发现接种率大于 82.08% 时，基本再生数小于 1，此时疾病不会流行。通过以上分析，得出结论：对于疫情防控，应当采取易感人群接种疫苗、隔离疑似人群、保持社交距离及戴口罩等措施。

**关键词：**COVID-19，智能优化算法，传染病模型，基本再生数，接种疫苗

## Abstract

In the course of human development, the repeated appearance and prevalence of infectious diseases have caused tremendous damage to people's health and the normal operation of society. An unknown case of pneumonia appeared in Wuhan at the end of 2019, and the epidemic quickly spread across the country. At present, the epidemic situation in China is normalized, but the epidemic situation around the world is still severe, and the risk of a rebound of the imported case epidemic still exists. The establishment of a model for the spread of new coronary pneumonia is not only a retrospective restoration of historical events, but also a study of the mechanism and characteristics of virus transmission, which can provide a reference for the prevention and control of the epidemic.

The classic differential equation model of infectious diseases cannot fully fit the more complicated dynamical systems of infectious diseases in reality, so it is necessary to establish a new model based on the actual situation on this basis. This article studies the spread of COVID-19 in Wuhan. Considering the incubation period of the disease, the SEIR model is established; considering the government's isolation measures and the infectivity of patients during the incubation period, the SEIQR model is established; Existed, the SEIAQR model was established. The basic reproduction number is an important indicator in the study of disease transmission models, which represents the transmission capacity of infectious diseases. The basic regeneration number and disease balance point of the model are calculated.

The solution of model parameters is the focus of this article. This paper mainly studies two intelligent optimization algorithms, particle swarm algorithm and search algorithm. The particle swarm algorithm is a heuristic algorithm, and the search algorithm is a blind search. The search algorithm runs for a long time and may fall into a local optimum. The particle swarm algorithm has shorter search time, higher accuracy, and avoids falling into the local optimum. The three-stage numerical simulation in this paper uses particle swarm optimization.

According to the development of the epidemic, the whole process is divided into three stages: the early stage of the epidemic, the peak of the epidemic, and the end of the epidemic. Numerical simulations are carried out with actual official data, particle swarm algorithm is used to search for unknown parameters in the model, and the ode45 function is used to solve

the equations. Calculating the basic reproduction number at each stage, the results show that as the epidemic gradually subsides, the basic reproduction number keeps getting smaller. The sensitivity analysis of the basic reproductive number shows that the inoculation rate and contact rate have the greatest impact on the numerical fluctuation of the basic reproductive number. As the inoculation rate and cure rate increase, the basic reproductive number decreases. Increase, the basic reproduction number increases.

At this stage, countries all over the world are promoting vaccination. In order to study the effect of vaccination on epidemic prevention and control, this article evaluates the basic reproductive number through analysis and calculation. It is found that when the vaccination rate is greater than 82.08%, the basic reproductive number is less than 1. The disease will not be epidemic. Through the above analysis, it is concluded that for the prevention and control of the epidemic, measures such as vaccination of susceptible people, isolation of suspected people, social distancing, and wearing masks should be taken.

**Key words:** COVID-19, intelligent optimization algorithm, infectious disease model, basic reproduction number, vaccination

# 目 录

摘要 .....	1
Abstract .....	2
1 绪论 .....	1
1.1 背景 .....	1
1.2 研究意义 .....	7
1.3 研究现状 .....	8
1.4 主要研究内容 .....	10
2 算法原理简介 .....	11
2.1 粒子群算法 .....	11
2.2 搜索算法 .....	12
2.3 本章小结 .....	12
3 经典传染病动力学模型 .....	13
3.1 SI 模型 .....	13
3.2 SIS 模型 .....	13
3.3 SIR 模型 .....	14
3.4 SEIR 模型 .....	15
3.5 本章小结 .....	16
4 基本再生数 .....	17
4.1 基本再生数的概念 .....	17
4.2 基本再生数的计算方法 .....	17
4.2.1 再生矩阵法 .....	18
4.2.2 Lotka-Euler 等式 .....	18
4.2.3 基于原始数据直接求解的方法 .....	20
4.2.4 实例计算 .....	21
4.3 稳定性理论 .....	22
4.3.1 稳定性理论的背景及意义 .....	23
4.3.2 稳定性判据 .....	23
4.4 本章小结 .....	24

5 武汉地区 COVID-19 传播模型 .....	25
5.1 引言 .....	25
5.2 SEIR 模型 .....	25
5.2.1 模型建立 .....	25
5.2.2 平衡点的存在性 .....	26
5.2.3 平衡点的稳定性 .....	27
5.2.4 基本再生数的计算 .....	30
5.2.5 基本再生数与平衡点稳定性的关系 .....	30
5.3 SEIQR 模型 .....	31
5.3.1 模型建立 .....	31
5.3.2 平衡点的存在性 .....	33
5.3.3 平衡点的稳定性 .....	34
5.3.4 基本再生数的计算 .....	36
5.3.5 基本再生数与平衡点稳定性的关系 .....	36
5.4 SEIAQR 模型 .....	37
5.4.1 模型建立 .....	37
5.4.2 平衡点的存在性 .....	39
5.4.3 基本再生数的计算 .....	40
5.5 数值模拟 .....	40
5.5.1 实验数据 .....	40
5.5.2 数据预处理 .....	43
5.5.3 实例分析 .....	43
5.6 灵敏性分析 .....	48
5.7 本章小结 .....	52
6 结论与建议 .....	53
参考文献 .....	54
致谢 .....	59
附录 .....	60



## 1 绪论

### 1.1 背景

传染病是一种由病原体引起，在人与人或人与其他物种之间相互传播且大范围流行的疾病。传染病可以通过各种途径传播，如接触传播、空气传播、体液传播、水源传播、垂直传播、粪口传播等。

在人类历史发展中，伴随着一些严重传染病带来的挑战。人类对传染病的认识和防治也逐步深入，从模糊笼统到科学准确。

历史上最早有详细记录的是雅典大瘟疫。根据史学家修昔底德（Thucydides）的记载，瘟疫从埃塞俄比亚蔓延至埃及、利比亚，于公元前 430 年抵达雅典<sup>[1]</sup>。雅典大瘟疫持续了两年，于公元前 427 年又一次爆发，最终造成约 1/2 人口死亡，重要领导人伯里克利（Pericles）染病去世，使雅典城受到了毁灭性重创。马其顿王国的御医希波克拉底（Hippocratic）发现与火打交道的铁匠不会染上瘟疫，因此判断火具有防疫作用，他让民众燃烧具有香味的植物，并在全城各处点燃火堆，以灭除空气中的细菌，最终疫情得



以控制。

图 1-1 拜占庭帝国的国土面积变化（源自百度）

公元 542 年春天，一次大瘟疫在东地中海地区爆发，后人称之为“查士丁尼瘟疫”。瘟疫首先到达君士坦丁堡，然后通过军队及商路横扫整个拜占庭帝国，导致东罗马帝国

1/4 人口死亡，罗马帝国从此衰亡。经历瘟疫后拜占庭帝国的国土面积变化如图 1-1 所示。瘟疫传播路线如图 1-2 所示。现代学者根据历史学家普罗柯比（Procopius）在《战史》中的描述确定“查士丁尼大瘟疫”为鼠疫<sup>[2]</sup>。按照他的记载，“是一场几乎使人类全部灭绝的瘟疫，它流传到世界各处，吞噬着所有人的生命”，瘟疫在君士坦丁堡蔓延了 4 个月，高峰期有 3 个月<sup>[3]</sup>。现代学者以该城居民总数为 60 万进行估算时死亡率为 75%，以该城居民总数为 100 万进行估算时死亡率为 45%<sup>[4]</sup>。后来瘟疫传播到意大利、安条克、英国、爱尔兰等国家，席卷整个欧洲，此后 250~300 年间反复发作。

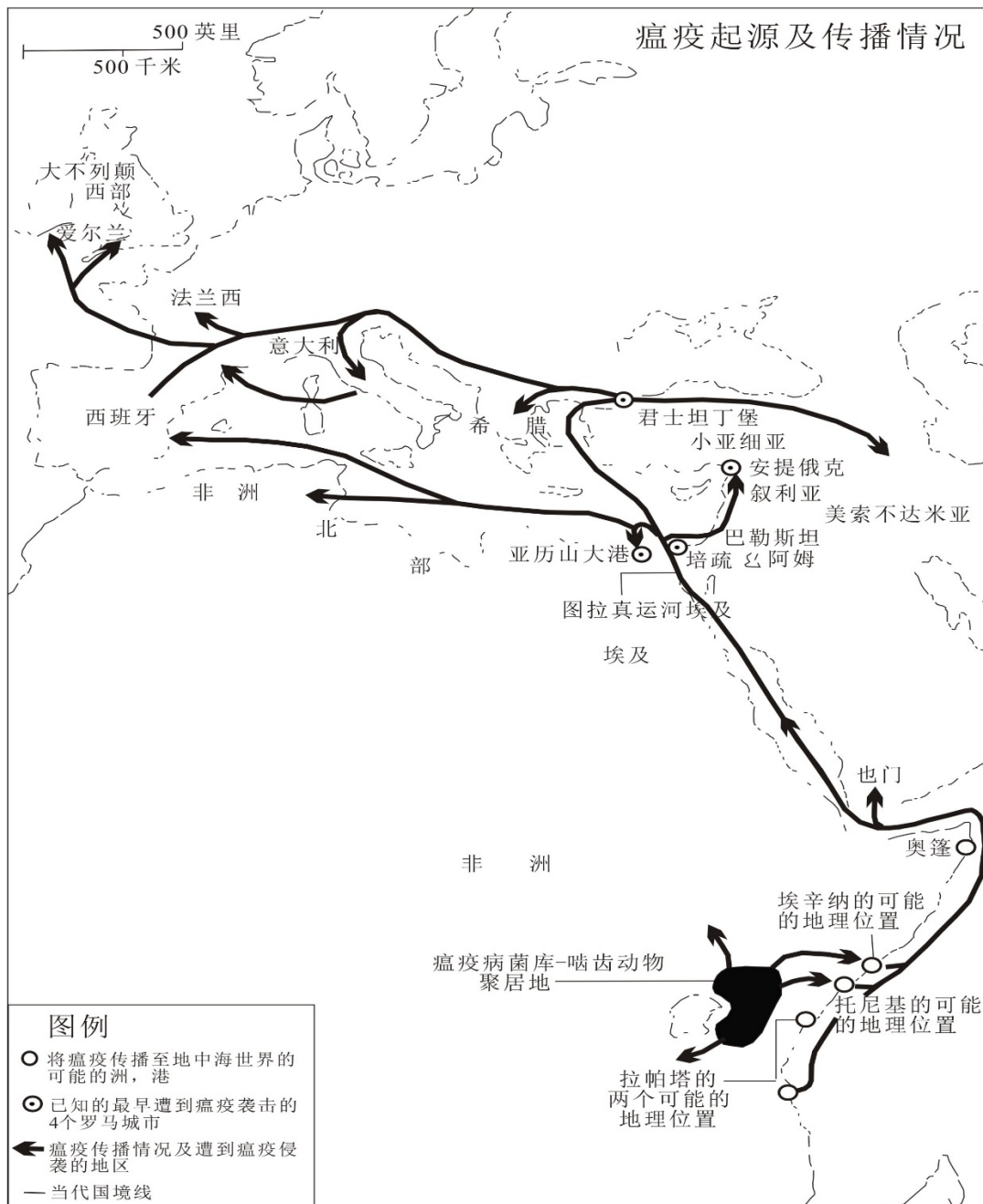


图 1-2 瘟疫起源及传播情况图（根据戴维·斯基的《大灾难》17 页重新描图）

十四世纪四五十年代，黑死病侵袭整个欧洲，这种疾病是由鼠疫杆菌造成的。黑死病造成欧洲 1/3 人数死亡，死亡人数为 2500 万~5000 万，造成全世界高达 7500 万人死亡。根据当时意大利皮亚琴察公证员加布里埃莱·德姆西的记录，1347 年蒙古帝国攻打黑海港口城市卡法（现乌克兰城市费奥多西亚）时，将感染鼠疫的尸体投入城中，瘟疫从此传入。黑死病的传播路线如图 1-3 所示。大瘟疫造成了大饥荒，同时对欧洲社会、文明和经济等方面造成了巨大的影响。此后三百年间，黑死病反复发作。归功于西欧各个国家先后采取严格的隔离，公共卫生情况的改善和长期以来部分人获得免疫力，在 1656 至 1721 年间，黑死病的肆虐落下帷幕<sup>[5]</sup>。

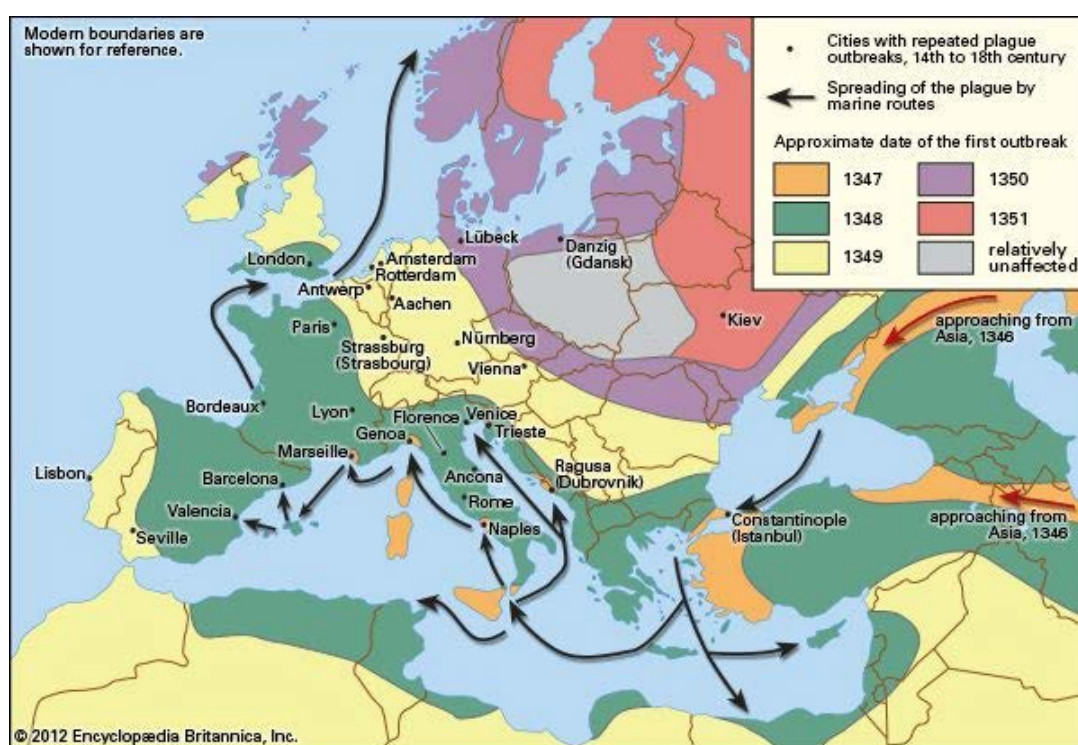
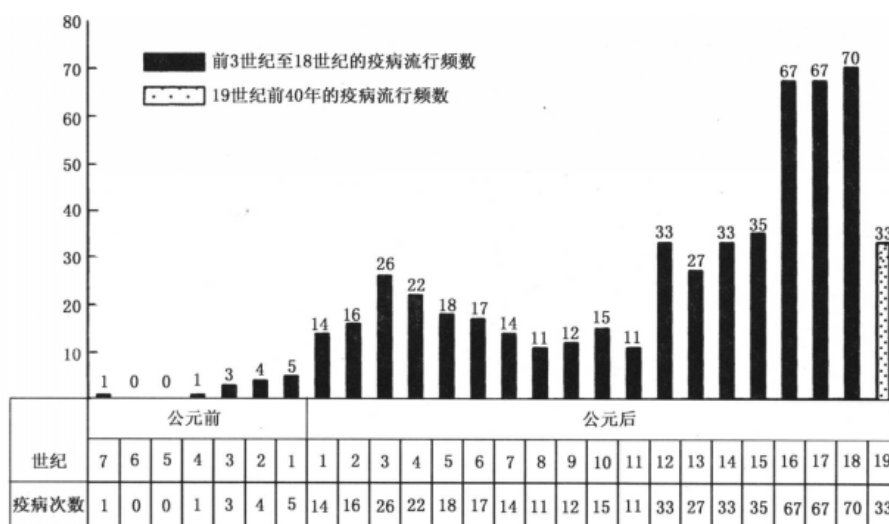


图 1-3 黑死病传播路线图（源自百度）

16 世纪，殖民者将天花等传染病传入美洲大陆，疫情持续的一百年间造成大量印第安人死亡，有一些部落如曼丹人（Mandans）、阿西尼鲍恩人（ARsini boas）等因此消亡<sup>[6]</sup>。据西方学者统计天花是导致印第安人死亡的第一因素，在短期内美洲半数以上的人口因患天花而死亡<sup>[7]</sup>。历史学家麦克尼尔也在《瘟疫与人》中提到，欧洲人到达美洲以后，在十六世纪几十年内，美洲约 90% 的印第安人死去<sup>[8]</sup>。利用病菌而不是枪炮，欧洲殖民者开始了大规模的扩张，历史学家评论称其为“人类史上最大的种族屠杀”<sup>[9]</sup>。

我国古籍也有很多关于瘟疫的记载。先秦著作《礼记·月令》中最早有相关记录，“民殃于疫。”，“民必大疫，又随以丧。”<sup>[10]</sup> 晋代葛洪较早提出“疫”具有传染性，“温疫，转相染著至灭门，延及外人。”<sup>[11]</sup> 宋人也在《刺法论篇》中指出：“五疫之至，皆相染易，无问大小，病状相似。”<sup>[12]</sup> 我国古代疫情流行频数如图 1-4 所示。天花、鼠疫和霍乱等



传染病在我国历史上也曾多次发生。

图 1-4 各世纪中国疫情流行频数图（源自单丽博士论文）

我国最早记录天花的医学家是晋朝葛洪，根据他撰写的《肘后备急方》，汉代建武十七年(公元 42 年)天花传入中国。根据张志斌的《中国古代疫病流行年表》中关于天花的明确官方记载，1344 年至 1732 年，大规模的天花疫情发生了 12 次<sup>[13]</sup>。明朝中期，民间用人痘接种术以预防天花，清朝时，种痘不仅引入宫廷，还在多地推广。人痘接种术是中国历史上较为成功的人工免疫法，也是世界上应用人工免疫法预防大规模传染病的先例。法国思想家伏尔泰曾对中国的人痘接种术做出评价：“我听说一百多年来，中国人一直就有这种习惯，这是被认为全世界最聪明最礼貌的一个民族的伟大先例和榜样。”<sup>[14]</sup> 据《癸巳存稿》中记载，十七世纪人痘接种术传入俄国，“康熙时，俄罗斯遣人至中国学痘医”。十八世纪二十年代左右，人痘接种术经俄国传入土耳其，1721 年时任英国驻土耳其大使夫人 Montagu 氏将人痘接种术引入英国，并进行了一定的推行。

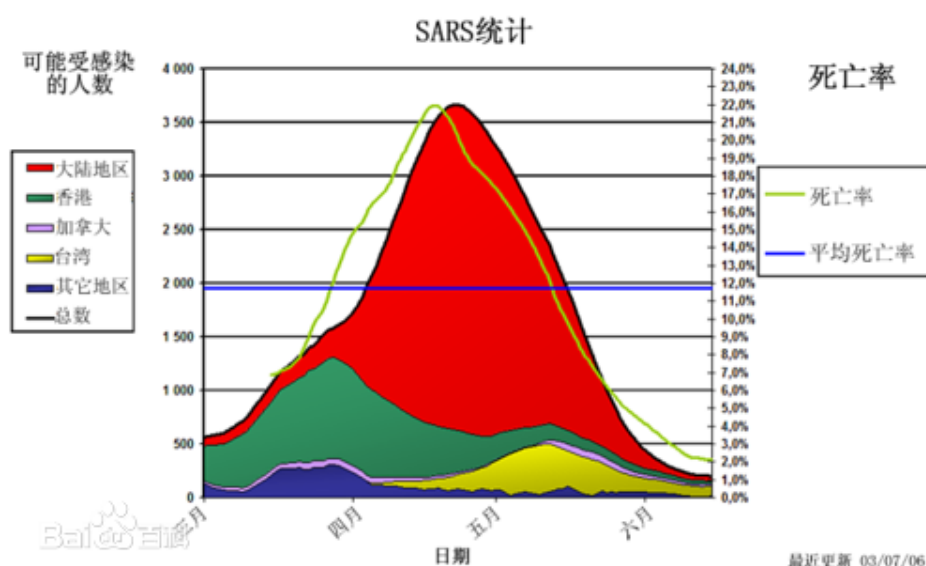
鼠疫在我国流行历史悠久，现代学者研究发现，《内经》中对鼠疫这一疾病的描述以及《金匱要略》中提到的“阴阳毒”<sup>[15]</sup>都符合鼠疫的特征。根据明确的官方记载，1643 年至 1793 年发生了五次鼠疫，1893 至 1894 年华南地区发生了严重鼠疫，中医疗法起到了有效作用，1910~1911 年东北地区鼠疫大流行，西医伍连德采取隔离措施平息了疫

情。

根据伍连德在《中国霍乱流行史略及其古代疗法概况》<sup>[16]</sup>中的描述, 1817 年霍乱由印度孟加拉州传入中国西南部, 1817 年在中国首次流行。根据张礼纲在《我国霍乱流行史略》中的记载, 霍乱是由国外输入的疾病。1817 年至 1840 年间, 官方记载的霍乱流行有 14 次, 其中有三为大爆发。单丽对古籍中霍乱流行的记载统计得出, 自嘉庆元年到清末, 疫情表现为频度增加、烈度降低的趋势<sup>[17]</sup>。

随着现代文明的发展, 人类接触并认识了更多的传染病, 如 HIV、SARS、MERS、埃博拉出血热和 2019 年爆发的 COVID-19 等等。

2003 年在我国爆发 SARS 疫情, 同时非典型肺炎在世界范围内大流行。非典型肺炎的病原体是一种冠状病毒 SARS-CoV。它的主要传播方式是飞沫传播和接触传播。根据世界卫生组织的相关报道, 在全球 34 个国家和地区出现了疫情, 报告相关病例 8422 例, 死亡人数为 916 例, 具体情况如图 1-5 所示 SARS 疫情对社会的各个方面造成了很



大的影响。

图 1-5 SARS 统计图 (源自百度)

埃博拉出血热首次出现是 20 世纪 30 年代, 1976 年人们开始对它有认识, 2014 年在西非八个国家爆发, 2016 年世界卫生组织宣告疫情结束, 截止 2016 年 3 月 13 日, 相关病例为 28639 人, 11316 人死亡, 2017 年疫情又卷土重来。它的病原体是丝状病毒科的埃博拉病毒。埃博拉出血热致死率高, 达到 50% ~90%。它的主要传播方式是体液传播和接触传播。在疫苗的研制使用、严格隔离、医疗条件改善、丧葬习俗的改变和政



府引导等一系列措施干预下，埃博拉出血热疫情得到了控制。中国疾病预防控制中心根据欧盟及 WHO 公布的数据画出的埃博拉疫情分布情况如图 1-6。

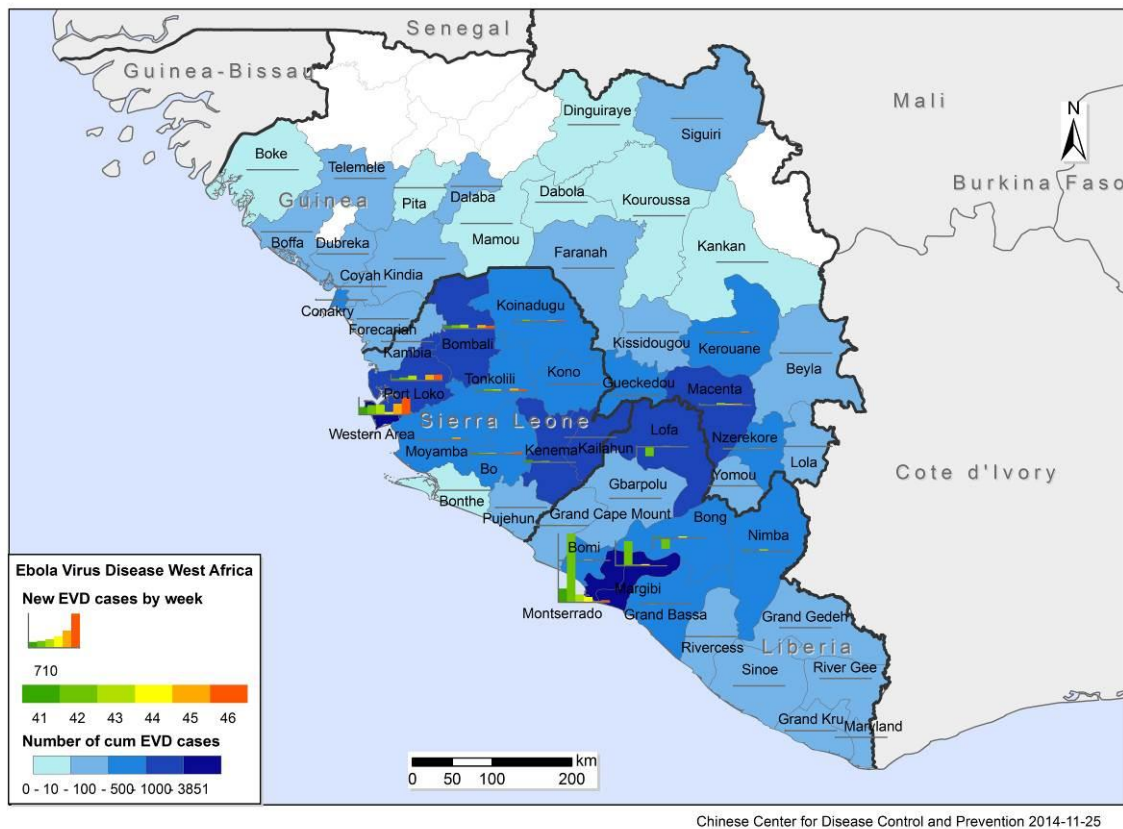


图 1-6 埃博拉疫情分布图（源自中国疾病预防控制中心报告）

2019 年 12 月，湖北省武汉市出现了不明原因肺炎，疫情在当地迅速发展，随后我国多地出现关联确诊病例。这种疾病被世卫组织命名为 COVID-19（新型冠状病毒肺炎），它是由一种冠状病毒 2019-nCoV 引起。它的传播方式有以下三种：接触传播、飞沫传播及气溶胶传播。根据武汉金银潭医院副院长黄朝林等人在《柳叶刀》上发表的论文，2019 年 12 月 1 日中国首例患者发病。他居住于武昌某小区并无华南海鲜市场暴露史，之后确诊病例和他没有流行病学联系，他的家人也没出现过疑似患病的发热和呼吸道等症状。12 月 29 日当地卫生部门展开流行病调查，并于 12 月 30 日发布流行病预警，2020 年 1 月 1 日关闭华南海鲜市场。截至 2020 年 1 月 2 日，共有 41 名患者被收至定点医院治疗，首批确诊病例中只有 27 例有华南海鲜市场接触史<sup>[18]</sup>。2020 年 1 月 8 日，国家卫生健康委员会专家组公布病源是一种新型的冠状病毒，1 月 20 日钟南山院士表明病毒“人传人”，1 月 23 日武汉所有公共交通停运，离汉通道关闭，1 月 24 日，湖北启动 I 级响应。随后国家采取一系列强效抗疫措施，全国大量人力物力支援奔赴武汉，有

力控制了疫情。根据武汉卫健委的报告,截至2021年2月8日24时,武汉全市累计确诊50355例,累计治愈46486例,累计死亡3869例。截至2021年3月21日24时,根据国家卫健委报告,全国累计治愈85309例,累计死亡4636例,累计确诊90106例。

面对疫情的冲击,中国第一时间主动向世界卫生组织以及各个国家报告疫情,开展病因学和流行病学调查,向世界公布新型冠状病毒基因组序列,迅速有效地做出了一系列工作阻断疫情蔓延,为全球提供了抗疫经验。

目前全球抗疫形式依然严峻。截至2021年3月21日,根据美国约翰斯·霍普金斯大学统计,截至美东时间3月21日16时26分(北京时间3月22日4时26分),美国新冠肺炎累计确诊病例29812343例,累计死亡542302例。根据世界卫生组织的报告,截止2021年3月21日,全球累计确诊123234148例,累计死亡2714455例。

## 1.2 研究意义

正如美国历史学家麦克尔尼在《瘟疫与人》<sup>[8]</sup>中的描述,传染病的出现早于人类,未来也与人类长久共存,它是人类历史中的一项基本参数以及决定因子。

漫长岁月里,人类一直在对传染病进行相关研究。从最开始的鬼神论,到1683年列虎·文克首次用显微镜观察到细菌,人类开始了对病原体和致病机理的科学认识。1854年英国医生约翰·斯诺开创流行病调查,同年意大利医生帕西尼首次发现了霍乱的病原体霍乱弧菌。1860年巴斯德提出细菌引起疾病,1876年科赫证明传染病的细菌学基础,1900年经过古巴医生卡洛斯·芬莱和美国军医瓦尔特·里德的研究,得出蚊子携带病毒引发黄热病的结论,通过灭蚊运动控制了传染病流行<sup>[19]</sup>。借助各种科学手段,现代对传染病的研究达到了新的高度。

研究传染病的发病机理、传播模式及防治对策,不仅是对历史的回顾与总结,更能够为当今提供参考经验,将疫情带来的危害尽可能降低,同时也给后人警示。COVID-19在世界范围内的大爆发,不仅造成大量人员感染病亡,还对经济等方面造成了巨大的破坏。尽管目前国内处于平稳的疫情常态化,但是还是有零星的病例出现,制定相关政策防止疫情反弹十分有必要。根据传染病的特性建立相应的模型,分析疫情的发展趋势和各种因素对其影响,可以为疫情分析及相关防控政策提供理论参考,也丰富了传染病动力模型相关的理论研究。

### 1.3 研究现状

最早开始传染病模型研究的是 Daniel Bernoulli, 1760 年他在一篇文章中将人群分为易感人群和感染人群, 建立模型研究天花病毒的传播<sup>[20]</sup>。1910 年, Ronald Ross 爵士建立了微分方程模型研究疟疾传播, 发现控制传染媒介蚊子能有效阻止疫情蔓延<sup>[21]</sup>, 他成为首个因研究流行病学获得诺贝尔奖的人。1927 年, Kermack 与 McKendrick 提出 SIR 仓室模型研究伦敦黑死病和印度孟买流行的瘟疫<sup>[22]</sup>, 在 1932 年又建立了 SIS 模型, 提出传染病动力学中的基本再生数和阈值的概念<sup>[23]</sup>。在他们的研究基础上, 国内外根据不同疾病的特性相继建立了各种模型。

基于 Anderson 和 May 于 1991 年的研究<sup>[24]</sup>, 大部分人用常微分方程组建立动力模型研究传染病传播, 还有一种思路是通过加入随机考虑或利用马尔可夫链进行蒙特卡洛模拟建立随机模型。

考虑潜伏期, Tailei Zhang 等建立了 SEIR 仓室模型<sup>[25]</sup>。结合疫情防控中隔离等干预措施, 划分出隔离人群, 梁桂珍等建立了 SEIQR 模型<sup>[26]</sup>。曹玉芬把人群划分为五类: 易感人群、传染人群、疑似人群、治愈人群和死亡人群, 利用马尔可夫骨架过程研究 SARS 的传播<sup>[27]</sup>。王劲峰团队结合模拟退火算法、遗传规划和空间知识挖掘等技术, 考虑医院分布、人口密度、交通便利程度等因素, 对北京地区 SARS 的传播模型进行了研究<sup>[28]</sup>。杨玉华将把疫情分成四个发展阶段, 用最大似然估计法求解传播模型的参数, 分析 SARS 流行趋势<sup>[29]</sup>; 李学志和丁凤霞在 SEIR 模型中加入了染病年龄结构<sup>[30]</sup>。曹志东等对 2003 年广州市 SARS 传播建立 SEIR 模型, 得到流行病学参数的最优估计, 定量评估了干预措施对疫情的影响<sup>[31]</sup>。Lixia Zuo 和 Maoxing Liu 在模型中考虑了信息干预的影响<sup>[32]</sup>。Jessica L. Abbate 等针对埃博拉病毒在塞拉利昂地区的传播情况, 考虑康复期人群的影响, 提出 SEICR 模型<sup>[33]</sup>。

随着网络科学的兴起, 复杂网络为传染病动力学模型的研究提供了新的方向。林国基研究非典型肺炎的传染时, 加入了信息流效应和负反馈机制, 用小世界网络模型做模拟研究, 发现了信息透明度的重要影响<sup>[34]</sup>。Pastor 和 Vespignani 基于均匀网络建立了 SIS 模型, 并计算该模型的阈值用来判断疫情爆发的可能性<sup>[35]</sup>, 随后他们又建立了复杂网络上的 SIR 模型, 证明网络的标度对模型阈值的趋势性没有影响<sup>[36]</sup>。

除了上述连续动力系统模型, 还有离散动力传播模型。建立离散动力传播模型有两种思路: 一种是在连续模型的假设基础上建立离散模型; 另一种是用离散化方法将连续



模型转化为离散模型。1979年, Spicer建立离散模型拟合英格兰及苏格兰地区的流感疫情<sup>[37]</sup>。Allen基于连续模型的理论建立了离散的 SI, SIR, and SIS 模型<sup>[38]</sup>。Sekiguchi用离散化方法建立了带有时滞的离散 SIRS 传染病模型<sup>[39]</sup>。向蕾建立离散的 SIS 和 SIRS 模型, 分析了无病平衡点和地方病平衡点的稳定性, 结合统计软件分析了基本再生数的敏感性<sup>[40]</sup>。李明山等用离散化方法建立离散 SIR 传染病模型, 同时应用 Banach 不动点定理研究该传染病模型的  $C^1$  不变曲线, 证明该曲线存在性和唯一性, 并给出了相应的生物学解释<sup>[41]</sup>。

对新冠肺炎病毒的传播, 国内外已有很多成果。林俊锋在传统 SEIR 模型中加入隐形传播者, 利用实际 COVID-19 疫情数据进行拟合仿真, 结果分析发现拟合误差显著降低, 同时预测疫情“拐点”为3月中旬, 居民在4月底恢复正常生活, 累计确诊患者约为100 000例<sup>[42]</sup>。钟南山院士的团队在 SEIR 模型的基础上考虑了人口流动的影响, 同时还建立了 LSTM 模型, 用2003年的 SARS 数据进行训练, 再用 COVID-19 疫情数据进行预测, 得出政府的严格管控具有积极作用, 管控措施应该持续到2020年4月<sup>[43]</sup>。樊非建立 SEIR-DH 离散模型, 用2020年1月24日以后20天的全国(除湖北)疫情数据进行拟合, 设置传染病模型的参数随时间而变化, 用 Lotka-Euler 公式计算基本再生数和有效再生数, 预测结果表明政府的防疫措施有效控制住了疫情, 对潜伏期患者的管控是疫情防控工作的重难点<sup>[44]</sup>。引入无症状感染者和隔离者, 王雪萍建立了 SEIACR 模型, 分析了无病平衡点和地方病平衡点的稳定性, 对控制再生数进行灵敏性分析, 得出限制交通和居家隔离是最为有效的防控措施<sup>[45]</sup>。魏永越和卢珍珍等建立  $SEIR^{+CAQ}$  模型, 用马尔科夫链蒙特卡洛算法结合 Gibbs 抽样和无信息先验估计, 预测了全国(除湖北省外)、湖北省(除武汉市外)和武汉市的累计确诊病例数和疫情峰值<sup>[46]</sup>。

国外的学者也做了很多相关工作。Suwardi Anna 等考虑接种疫苗和隔离的因素, 构建印度尼西亚 COVID-19 传播的 SEIR 模型, 用再生矩阵法计算基本再生数, 根据李雅普诺夫判据判断平衡点的全局稳定性, 模拟结果表明, 疫苗可以加速 COVID-19 愈合, 最大程度隔离可以减缓 COVID-19 的传播<sup>[47]</sup>。Julien ArinoSt 和 Ephanie Portet 使用 Erlang 分布描述在潜伏期感染状态、有症状感染和无症状感染者之间转化的时间, 建立  $SL_1L_2I_1I_2A_1A_2R$  多阶段传播模型, 预测了疫情峰值、转折点和疫情开始日期, 对累计确诊病例数进行敏感性分析发现无症状感染者的影响最大<sup>[48]</sup>。Sourabh Shastri 等基于 LSTM 建立了循环神经网络(RNN)预测美国和印度一个月后的疫情发展<sup>[49]</sup>。Kazuo

Maki 考虑到疾病确诊和采取隔离措施时往往比实际处于感染的时间晚, 建立东京地区的延时 SEIQR 传播模型, 用 2020 年 3 月 10 日到 4 月 18 日的实际数据进行数值模拟, 计算感染率和基本再生数, 评估确诊延迟带来的影响<sup>[50]</sup>。Salihu S. 等人对尼日利亚地区疫情进行研究时, 设置不同的群众民众意识强度值, 发现重视疫情对控制疫情扩散有很大的作用<sup>[51]</sup>。英国帝国理工学院的全球传染疾病分析中心发布两篇相关报告, 其中第二篇里建立病源回溯模型, 根据国际航空运输协会 (IATA) 的数据和海外确诊患者人数推算武汉实际患病人数<sup>[52]</sup>。

## 1.4 主要研究内容

本文主要围绕以下几个方面展开研究:

第一章首先概述了古今中外重大的疫情事件, 介绍了疫情的发展过程、规模、防治措施及危害。简述了现今 COVID-19 流行的情况。然后介绍了人类对传染病防治认识逐步科学的过程, 研究传染病传播的重要意义。最后介绍了国内外学者对病毒传播模型研究的现状。

第二章研究了粒子群算法和搜索算法, 对于两种算法的原理、具体步骤及关键公式进行了研究, 同时进行了对比分析。

第三章研究了经典的传染病动力学模型, SI、SIS、SIR 和 SEIR 模型。第四章研究了基本再生数的概念和相关计算方法, 用再生矩阵法、Lotka—Euler 公式和隐式方程求解法对湖北省的基本再生数进行计算, 比较三种方法的优缺点。最后介绍了控制论的稳定性理论及判断稳定性的相关判据。

第五章根据武汉地区的疫情发展特点建立分阶段的传播模型, 用国家卫健委、湖北卫健委和武汉卫健委发布的相关数据进行数值模拟, 绘制病例人数曲线图, 对平衡点及其稳定性进行研究, 计算基本再生数并进行敏感性分析。考虑接种疫苗的影响, 分析接种疫苗对疫情发展的影响, 评价隔离管控及接种疫苗等防疫措施的有效性。

最后部分为结论, 对研究过程和结果进行总结, 同时对文章的局限提出展望。

## 2 算法原理简介

本文主要研究了粒子群算法和网格搜索法。网格搜索法是一种盲目搜索，在搜索过程中实行预定的搜索策略；粒子群算法是启发式搜索，在搜索过程中根据中间信息改进搜索策略。

### 2.1 粒子群算法

粒子群算法(Particle Swarm Optimization, PSO)是对鸟群觅食行为的模拟，是一种启发式的搜索算法，有助于加速求解的过程及找到较优解。该算法的核心思想是群体中的个体共享信息让整个群体的运动在求解空间中由无序演化到有序，从而得到可行解。

粒子群算法有如下假设：

- (1) 所有的鸟都不知道食物在哪
- (2) 它们知道自己的当前位置距离食物有多远
- (3) 它们知道离食物最近的鸟的位置

具体的步骤如下：

- (1) 初始化参数，随机生成各个粒子的初始位置、初始速度。
- (2) 随机生成粒子 $i$ 的邻域，邻域内有 $M$ 个粒子(包含粒子 $i$ )，找到该领域中位置最佳的那个粒子，它的目标函数值最小，记其位置为 $lbest$ 。
- (3) 根据速度公式更新粒子 $i$ 的速度和位置，如果其位置超过了约束，就将位置修改至边界处；如果这个粒子位于边界处，查看其速度是否超过了最大速度，若超过将其速度变为0。
- (4) 计算粒子 $i$ 的适应度，如果小于其历史最优个体的适应度，更新粒子 $i$ 的历史最优个体位置为现在的位置；如果粒子 $i$ 的适应度小于种群的最小适应度，更新全局最优位置为粒子 $i$ 的位置。

粒子群算法中对于粒子的速度和位置的设置是核心。

粒子速度的公式：

第 $d$ 步的速度=上一步自身的速度惯性+自我认知部分+社会认知部分

$$v_i^d = wv_i^{d-1} + c_1r_1(pb_{est_i}^d - x_i^d) + c_2r_2(gbest^d - x_i^d) \quad (2-1)$$

粒子位置的公式：

第  $d+1$  步所在的位置=第  $d$  步所在的位置+第步的速度\*运动的时间

$$x_i^{d+1} = x_i^d + v_i^d \quad (2-2)$$

## 2.2 搜索算法

网格搜索法本质是枚举法，将各参数在取值范围内按一定的精度划分为网格，将每个参数组合进行一一实验，选择拟合结果最优的参数组合。

具体的步骤如下：

- （1）确定参数的取值范围，设定步长，在坐标系上建立网格，网格节点就是相应的一组参数。
- （2）将每一组参数代入相应方程组中，计算每个参数组合的目标函数值。
- （3）选择结果最优的参数组合输出；否则，重复上述步骤，继续搜索。

## 2.3 本章小结

网格搜索法的搜索精度与网格划分有关。粒子群算法搜索的时间较短，但是每次不一定找到最优解，需要多次运行取最好的结果。本文分别用两种算法求解参数，选取拟合效果较优的进行仿真实验。

### 3 经典传染病动力学模型

经典的传染病模型有 SI、SIS、SIR 和 SEIR 模型。SI 模型适用于研究 HIV 等感染后不能治愈的传染病传播，SIS 模型则适合脑炎等这种会反复发作且治愈后不具有免疫力的疾病传播。SIR 模型适用于拟合不会反复感染，治愈后具有免疫力的疾病的传播，SEIR 模型适用于拟合具有潜伏期的传染病。

#### 3.1 SI 模型

该模型基于以下假设：

(1) 人群分为两类：易感人群（Susceptible）和感染人群（Infective）。两种人群均匀混合。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群， $I(t)$  表示已经感染病毒并且表现出症状的人群，具有传染能力。易感人群感染病毒后成为感染人群，不会恢复，不考虑患病致死。

(2)  $S(t)$  和  $I(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒定为  $N$ ，不考虑人口的出生、死亡和流动，即  $S(t) + I(t) = N$ 。

(3) 有效接触率为  $\beta$ 。

该传染病模型的微分方程如下：

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\frac{\beta I(t)S(t)}{N} \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \frac{\beta I(t)S(t)}{N}\end{aligned}\quad (3-1)$$

SI 传播模型如图 3-1：

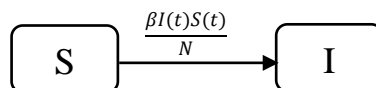


图 3-1 SI 传播模型图

#### 3.2 SIS 模型

该模型基于以下假设：

(1) 人群分为两类：易感人群（Susceptible）和感染人群（Infective）。两种人群均匀混合。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群， $I(t)$  表示已经感染病

毒并且表现出症状的人群，具有传染能力。易感人群感染病毒后成为感染人群，痊愈以后会再次感染，不考虑患病致死。

(2)  $S(t)$  和  $I(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒定为  $N$ ，不考虑人口的出生、死亡和流动，即  $S(t) + I(t) = N$ 。

(3) 有效接触率为  $\beta$ 。

该传染病模型的微分方程如下：

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\frac{\beta I(t)S(t)}{N} + \gamma I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \frac{\beta I(t)S(t)}{N} - \gamma I(t)\end{aligned}\quad (3-2)$$

SIS 传播模型如图 3-2：

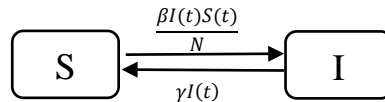


图 3-2 SIS 传播模型图

### 3.3 SIR 模型

Kermack 与 McKendrick 建立的 SIR 仓室模型<sup>[22]</sup>基于以下假设：

(1) 所有人按照当日的健康状态分为易感人群（Susceptible）、感染人群（Infective）和移除人群（Removed）三类，人群是均匀混合的。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群， $I(t)$  表示已经感染病毒的人群， $R(t)$  表示患病死亡或者患病后康复不会再次感染的人群。

(2)  $S(t)$ 、 $I(t)$  和  $R(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒定为  $N$ ，不考虑人口的出生、死亡和流动，即  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ 。

(3) 接触率是指在单位时间内一个感染者接触的人数，通常它与人口总数有关，记为函数  $U(N)$ 。每次患者和易感者接触以后，易感者存在一定的概率  $\beta_0$  被感染。具有传染性的接触被称为有效接触，只有患者和易感者接触才会有疾病的传播，和具有免疫的人等接触不会导致新增感染，有效接触率为  $\beta_0 U(N)$ 。传染率是在单位时间内一个患者

可以感染的人数，患者与易感者接触导致易感者感染，所有人中易感者的比例为  $\frac{S}{N}$ ，那么一个患者单位时间内感染的人数为  $\beta_0 U(N) \frac{S}{N}$ 。疾病发生率是在  $t$  时刻所有患者感染的人数，为  $\beta_0 U(N) I(t) \frac{S(t)}{N(t)}$ 。

当人口数量很大的时候，通常假定接触率为常数  $k$ ，有效接触率  $\beta = \beta_0 U(N)$  [53]。

(4)  $\gamma$  为移除率，是感染人群恢复或者死亡成为移除人群的概率。

该传染病模型的微分方程如下：

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\frac{\beta I(t)S(t)}{N} \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \frac{\beta I(t)S(t)}{N} - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t)\end{aligned}\quad (3-3)$$

SIR 传播模型如下图：

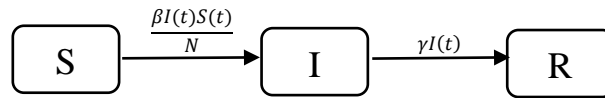


图 3-3 SIR 传播模型图

### 3.4 SEIR 模型

实际情况中，有些传染病传播时，易感者和患者接触感染病毒后不会马上表现出现临床症状，而是会经过一段潜伏期才表现出明显症状，因此考虑引入潜伏者，建立 SEIR 仓室模型，该模型基于以下假设：

(1) 所有人按照当日的健康状态分为易感人群(Susceptible)、感染人群(Infective)、暴露人群 E(Exposed)和移除人群(Removed)四类，人群是均匀混合的。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群， $E(t)$  表示易感者与患者有效接触后处于感染潜伏期状态的人群，但是不具备传染能力， $I(t)$  表示已经感染病毒并且表现出症状的人群，具有传染能力， $R(t)$  表示患病后康复不会再次感染的人群。

(2)  $S(t)$ 、 $E(t)$ 、 $I(t)$  和  $R(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒

定为  $N$ ，不考虑人口的出生、死亡和流动，即  $S(t) + I(t) + E(t) + R(t) = N$ 。

(3) 有效接触率为  $\beta$ ，暴露人群以时间概率  $\delta$  发病成为感染者， $\delta$  是潜伏期天数的倒数。

(4)  $\gamma$  为移出率，是感染人群恢复或者死亡成为移除人群的概率。

SEIR 模型图：

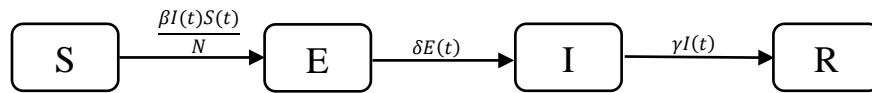


图 3-4 SEIR 传播模型图

该传染病模型的微分方程如下：

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= -\frac{\beta I(t)S(t)}{N} \\
 \frac{dE(t)}{dt} &= \frac{\beta I(t)S(t)}{N} - \delta E(t) \\
 \frac{dI(t)}{dt} &= \delta E(t) - \gamma I(t) \\
 \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t)
 \end{aligned} \tag{3-4}$$

### 3.5 本章小结

以上四种模型为经典的传染病微分方程模型。在实际情况中，往往会根据不同的传染病的传播模式建立相应的假设，对经典模型进行修正得到新的模型，然后根据新模型进行相关得研究。



## 4 基本再生数

本章介绍了基本再生数的基本概念和计算方法，以湖北省的疫情数据为实例进行计算。介绍了稳定性理论的概念及判断稳定性的相关判据。

### 4.1 基本再生数的概念

基本再生数的概念来源于人口统计学和生态学，表示一名女性在一生中预期生育的女性后代数量<sup>[54]</sup>。Anderson 和 Maycon 从流行病学的角度开展了一系列基本再生数的研究<sup>[55-59]</sup>。1980 年以后在传染病动力学中逐渐发展基本再生数的相关理论。基本再生数是传染病动力学模型中具有重要意义的参数，它表示在没有干预的情况下，某一区域所有人为易感人群，一个患者在平均患病时间内能够感染的人数的期望。它是判断一种病毒能否流行的重要参数。当基本再生数大于 1 时，如果采取不干预，传染病会扩散；当基本再生数小于 1 时，疾病最终会消亡。基本再生数的计算对疾病的防控、抗疫策略的制定等具有参考与指导性。

传统的基本再生数表示的是疾病在整个传染过程中的平均强度。实际上由于医疗水平的提高、保持社交距离及戴口罩等等措施的采取，基本再生数的值会随着时间而变化，它的值越来越小。

### 4.2 基本再生数的计算方法

目前沿用的主要思路是，首先求出模型中的参数，然后结合其他方法计算基本再生数。主要的方法有：比较简单的模型根据定义求基本再生数；由无病平衡点的稳定性，结合再生矩阵法计算基本再生数；由地方病平衡点的存在性推导基本再生数；根据初始时刻基本再生数和患病人数变化的单调性一致计算基本再生数；通过数值模拟计算基本再生数，Silvio C. Ferreira 等提出敏感性峰值法，通过数值模拟求解有限网络中 SIS 模型的基本再生数<sup>[60]</sup>，Panpan Shu 等提出变异性峰值方法估计有限网络中 SIR 模型的基本再生数<sup>[61]</sup>。

杨俊元等还提出直接利用公布的数据中累计确诊人数、累计治愈人数、潜伏期、平均感染周期、确诊人数峰值等结合模型计算基本再生数<sup>[62]</sup>。

下面介绍了几种基本再生数具体计算方法。

### 4.2.1 再生矩阵法

O. Diekmann 等人<sup>[63]</sup>结合实例, 运用再生矩阵方法计算各种传染病的基本再生数。Driessche 等人在文中<sup>[64]</sup>对再生矩阵法的理论和基本再生数的计算进行了详细介绍。

设  $x = (x_1, x_2, \dots, x_n)^\top$ , 其中  $x_i \geq 0$ , 它代表处于各个状态仓室的群体。

根据感染状态的不同把模型中仓室分为两类: 感染仓室, 编号为  $(x_1, x_2, \dots, x_m)$ ; 未感染仓室, 编号为  $(x_{m+1}, x_{m+2}, \dots, x_n)$ 。

定义  $X_s$  为所有疾病平衡点的集合,  $X_s = (x_1, x_2, \dots, x_m)$ 。

$F_i(t, x)$  代表新增感染率,  $V_i^+(t, x)$  代表从其他状态到感染状态的转移率,  $V_i^-(t, x)$  代表从感染状态到其他状态的转移率, 如治愈、死亡等。

$$\frac{dx_i}{dt} = F_i(t, x) - V_i(t, x), \text{ 其中 } V_i(t, x) = V_i^-(t, x) - V_i^+(t, x)。$$

当  $x \in X_s$  时,  $F_i(t, x) = V_i^+(t, x) = 0 \quad i = (1, 2, \dots, m)$ 。

$$x_0 \text{ 为平衡点, } F \text{ 和 } V \text{ 为 } m \times m \text{ 矩阵, } F = \left( \frac{\partial F_i(t, x_0(t))}{\partial x_i} \right), \quad V = \left( \frac{\partial V_i(t, x_0(t))}{\partial x_i} \right)。$$

基本再生数  $R_0 = \rho(FV^{-1})$ 。

### 4.2.2 Lotka-Euler 等式

Wallinga 和 Lipstich 对 Lotka-Euler 等式进行了详细介绍<sup>[65]</sup>。首先引入人口增长模型, 假设男性的数量对于人群繁衍是充足的, 只关注女性群体的数量变化。 $t=0$  代表当前时刻, 女性数量指数增长, 人群中年龄结构分布稳定, 女性的生育能力只与其年龄有关。 $b(t)$  表示  $t$  时刻的出生率,  $p(n)$  表示年龄  $n$  岁的母亲生女孩的概率, 则有:

$$b(t) = \int_{n=0}^{\infty} b(t-n)p(n)dn \quad (4-1)$$

女性人口增长呈指数规律,  $r$  为女性人数的增长率, 则:

$$b(t) = b(t-n)e^{rn} \quad (4-2)$$

将两个公式联立得到:

$$b(t) = \int_{n=0}^{\infty} b(t-n)e^{-rn}p(n)dn \quad (4-3)$$

年龄  $n$  岁的人存活率为  $l(n)$ ，年龄  $n$  岁的人的生育率为  $m(n)$ ， $p(n) = l(n)m(n)$ 。

$$1 = \int_{n=0}^{\infty} e^{-m} l(n) m(n) dn \quad (4-4)$$

类似的， $p(n)$  为感染病毒时长为  $n$  的病人的传染能力，根据基本再生数的定义，则有：

$$R = \int_{n=0}^{\infty} p(n) dn \quad (4-5)$$

将  $p(n)$  标准化，得到传染病传染能力的概率分布：

$$g(n) = \frac{p(n)}{\int_{n=0}^{\infty} p(n) dn} = \frac{p(n)}{R} \quad (4-6)$$

$$\frac{1}{R} = \int_{n=0}^{\infty} e^{-m} g(n) dn \quad (4-7)$$

这个结果和统计学中的动差生成函数  $M(z)$  结构相似：

$$M(z) = \int_{n=0}^{\infty} e^{zn} g(n) dn \quad (4-8)$$

所以：

$$R = \frac{1}{M(-r)} \quad (4-9)$$

根据不同病毒传播的特性，建立感染者患病时长  $T_c$  的分布，可以计算出基本再生数。时长分布主要采用这三种：正态分布，指数分布和伽马分布。正态分布：正态曲线中间高两边低，适合拟合传染能力先变强后来变弱的疾病。指数分布：曲线逐渐下降，适合拟合传染能力逐渐变弱的疾病。伽马分布： $\alpha$  为形状参数， $\beta$  为尺度参数，参数不同时曲线的形状也不同。当  $0 < \alpha \leq 1$  时，伽马分布为递减函数。当  $\alpha > 1$  时，伽马分布为偏态分布单峰函数。采取不同的时长分布有不同的结果。

对于 SIR 模型， $r$  为患病人数的增长率，只考虑从感染者到移除者这一段感染时间  $T_c$ ，平均患病时间为  $\frac{1}{\gamma}$ 。

如果考虑使用指数分布，那么： $T_c = \frac{1}{\lambda}$ ， $M(-r) = \frac{\lambda}{\lambda + r}$ 。

所以  $\lambda = \gamma$ ， $R = 1 + r/\gamma$ 。

如果考虑使用正态分布，那么： $E(T_c) = \mu$ ， $M(-r) = \exp(-r\mu + \frac{1}{2}r^2\sigma^2)$ 。

所以  $\mu = 1/\gamma$ ， $R = \exp(r/\gamma - \frac{1}{2}r^2\sigma^2)$ 。

如果考虑使用伽马分布，那么： $M(-r) = (\frac{\lambda}{\lambda+r})^\alpha$ 。

所以  $\alpha/\lambda = 1/\gamma$ ， $R = (1 + \frac{r}{\lambda})^{\frac{\lambda}{\gamma}}$ 。根据伽马分布的方差和均值可以求出  $\lambda$ 。

对于 SEIR 模型，考虑暴露者到感染者和感染者到移除者这两段感染时间  $T_c$ ，平均感染时间为  $\frac{1}{\gamma} + \frac{1}{\delta}$ 。

如果考虑使用指数分布， $R = (1 + r/\delta)(1 + r/\gamma)$ 。

把暴露者到感染者和感染者到移除者划分为更多个阶段，从暴露者到感染者有  $x$  个阶段，发病率为  $\delta$ ，从感染者到移除者有  $y$  个阶段，移除率为  $\gamma$ 。

如果考虑使用指数分布，则

$$R = \frac{(1 + r/\delta)^x}{\sum_{i=0}^y (1 + r/\gamma)^{-i}} \quad (4-10)$$

#### 4.2.3 基于原始数据直接求解的方法

杨俊元等建立模型直接用官方公布的疫情数据计算基本再生数<sup>[62]</sup>。建立 SIR 模型，不考虑人口流动、出生及自然死亡。具体微分方程如下：

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \lambda I \\ \frac{dR}{dt} &= \lambda I \end{aligned} \quad (4-11)$$

$S$ 、 $I$  和  $R$  的初值分别为  $S_0$ 、 $I_0$  和  $R_0$ 。

根据文献<sup>[66]</sup>中的计算方法，得出  $R_0 = \frac{\beta}{\lambda}$ 。

$T$  时刻患病人数达到高峰， $\frac{dI}{dT} = 0$ ， $I(T) > 0$  代入公式，得到：

$$S(T) = \frac{N}{R_0} \quad (4-12)$$

对方程两边从0到T积分得到：

$$S_0 + I_0 - S(T) - I(T) = \lambda \int_0^T I(T) dt \quad (4-13)$$

用常数变易法解方程：

$$\int_0^T I(T) dt = \frac{N}{\beta} \ln\left(\frac{S_0}{S(T)}\right) \quad (4-14)$$

联立上述方程解得：

$$S_0 + I_0 - \frac{N}{R_0} - I(T) = \frac{N}{R_0} \ln\left(\frac{S_0 R_0}{N}\right) \quad (4-15)$$

假设初始时刻  $I_0 = 0$ ， $S_0 = \alpha N$ ， $\alpha$  为易感人中危重症的比例。

得到如下方程， $R_0$  为其隐式解

$$\alpha N - \frac{N}{R_0} - I(T) = \frac{N}{R_0} \ln(\alpha R_0) \quad (4-16)$$

将相关数据代入即可求解基本再生数。

#### 4.2.4 实例计算

本小节用以上三种方法对湖北省 1 月 23 日止疫情前期的基本再生数分别进行计算。

根据湖北卫健委的通告，截止 2020 年 1 月 23 日 24 时，湖北省累计确诊 549 例，其中重症患者 106 例，危重症患者 23 例，累计治愈 31 例，累计死亡 24 例。

所有人按照当日的健康状态分为易感人群  $S$  (Susceptible)、感染人群  $I$  (Infective)、暴露人群  $E$  (Exposed) 和移除人群  $R$  (Removed)，不考虑人口流动、出生和自然死亡，治愈后不会再次感染，根据文献<sup>[67]</sup>，取  $\beta = 0.282$ ， $\delta = \frac{1}{7}$ ， $\gamma = \frac{1}{10}$ 。建立 SEIR 模型：

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta IS}{N} \\ \frac{dE}{dt} &= \frac{\beta IS}{N} - \delta E \\ \frac{dI}{dt} &= \delta E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned} \quad (4-17)$$

首先用再生矩阵法计算，根据上述方程可以得到：

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta S}{N} \\ \delta & 0 \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} \delta & 0 \\ 0 & \gamma \end{bmatrix}$$

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\beta S}{N} \\ 1 & 0 \end{bmatrix}$$

$$R_0 = \rho(FV^{-1}) = \frac{\beta S}{N\gamma}$$

在疫情初期， $S \approx N$ ，所以  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ ，基本再生数为 2.82。

接下来用 Lotka-Euler 等式进行计算，根据之前的结论，患病时长考虑使用指数分布， $R = (1+r/\delta)(1+r/\gamma)$ 。患病人数增长率  $r = \frac{\ln(I(T))}{T} = 0.117$ ，所以  $R_0 = 3.95$ 。

最后基于 SEIR 方程得到下述方程， $R_0$  为其隐式解。

$$N(\alpha - 1) + R(T) = \ln \left( \frac{\alpha N}{N - \frac{\gamma}{\delta} I(T) - I(T) - R(T)} \right) \frac{N}{R_0} \quad (4-18)$$

$I(T)$  在 2 月 18 日达到峰值，将当日治愈人数等数据代入求基本再生数， $R_0 = 2.01$ 。

周涛<sup>[68]</sup>等以人民日报相关数据为基础分析湖北省疫情早期的基本再生数为 2.8~3.3。

以上三种方法中再生矩阵法计算简单，结果较好，而且适用于复杂的动力系统。其他两种方法适用于有理想假设的模型，不考虑人口的流动、出生及自然死亡等条件。Lotka-Euler 公式的理解与计算较为简单，但选择不同的分布对结果影响较大。基于方程隐式解可以直接利用原始数据，省去了模型拟合求参数的过程，但是结果随着系统复杂性的增加会有较大的差别。所以这篇文章对于基本再生数的计算采取了再生矩阵法。

### 4.3 稳定性理论

研究传染病动力学模型稳定性，可以判断传染病传播的趋势，这项工作具有重要的意义。下面介绍了稳定性理论的意义和相关判据。

### 4.3.1 稳定性理论的背景及意义

稳定性理论来源于力学问题的研究,它的发展在工程技术、科学技术、社会经济等方面有着广泛的应用。牛顿和伽利略从动力学角度研究了质点的平衡和运动。在实际观察中,理论值和测量值之间往往存在不一致,这是由无法测得的力的作用和初始扰动造成的。如果在足够微小的初始扰动下,运动的偏离始终都很微小,那么这个运动就是稳定的,否则该运动不稳定<sup>[69]</sup>。

在实际生活中,往往根据对象的动力学特征建立数学模型,为了研究该系统能否正常工作,需要从数学方面进行研究系统的稳定性。系统稳定性是指系统受到扰动后,系统状态变量或者输出变量的偏差量(被调量偏离平衡位置的数值)过渡过程的收敛性<sup>[70]</sup>。如果系统在受到扰动后偏差量越来越大,那么它不可能是一个稳定系统,一个系统具有稳定性才能保证其正常工作。在控制论中,控制系统的稳定性的分析是研究的重点。

### 4.3.2 稳定性判据

在经典控制理论中,结合常微分方程中的稳定性理论用来研究线性定常系统的稳定性问题。线性系统的稳定性有不稳定、渐近稳定和稳定三种状态。对于线性定常系统只有一个平衡点,但是对于其他系统来说,不只有一个平衡点,不同平衡点具有不同的稳定性。

俄国数学家 Alesandr Mikhailovich Lyapunov 最早做出了系统稳定性研究的奠基性的工作,1892 年,他在博士论文<sup>[71]</sup>中对系统稳定性做出严格的数学定义,并提出了判断系统稳定性的方法。李雅普诺夫提出了两个方法,第一种方法也叫间接法(李雅普诺夫第一法),求解动力系统方程的解或者系统矩阵的特征多项式和特征值,然后来判断系统的稳定性;第二种方法叫直接法(李雅普诺夫第二法),通过构造一个虚构的能量函数——李雅普诺夫函数,结合动力方程,判断能量函数对时间的偏导的符号来确定系统的稳定性。在研究中往往采用李雅普诺夫第二法。李雅普诺夫稳定判据适用于线性定常系统,还适用于离散系统及部分时变系统。

此外还有 Routh-Hurwitz 判据、Nyquist 稳定判据和对数频率稳定判据等。Routh-Hurwitz 判据根据特征值和系数的关系判断稳定性。Nyquist 稳定判据本质是图解分析,只适用于线性定常系统,可以分析延时系统的稳定性,它主要用于单变量系统的分析。对数频率稳定判据也是一种图解分析法。

## 4.4 本章小结

基本再生数在疾病传播研究中具有重要的意义，可以采取多种方法进行计算。有一些方法基于高度假设，不具有普适性，在研究过程中大家普遍使用再生矩阵法。对基本再生数和疾病平衡点计算后，还需要进行结合稳定性理论中的相关判据进行分析。李雅普诺夫第二法中能量函数——李雅普诺夫函数的构造是比较困难的，没有经验和通用的方法，因此在分析过程中普遍采用李雅普诺夫第一法和 Routh-Hurwitz 判据。



## 5 武汉地区 COVID-19 传播模型

### 5.1 引言

在本章节中，根据不同时间段内武汉地区疫情传播的情况不同，建立了分阶段的动力传播模型。本文的研究是基于改进的 SEIR 模型进行的，根据实际考虑了隔离、无症状感染者等情况，还考虑了疫苗的接种，用 MATLAB 对整个疫情过程进行了数值模拟，并对传染病相关参数进行了分析计算。

根据疫情的发展划分为三个阶段。2019 年 12 月 1 日到 2020 年 2 月 11 日为疫情早期，2020 年 2 月 12 日到 2020 年 2 月 19 日为疫情高峰期，2020 年 2 月 20 日到 2020 年 6 月 4 日为疫情末期。

### 5.2 SEIR 模型

#### 5.2.1 模型建立

第一阶段建立 SEIR 模型，基于以下的假设条件：

(1) 所有人按照当日的健康状态分为易感人群  $S$  (Susceptible)、感染人群  $I$  (Infective)、潜伏人群  $E$  (Exposed) 和移除人群  $R$  (Removed) 四类，人群是均匀混合的。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群， $E(t)$  表示易感者与患者有效接触后处于感染潜伏期状态的人群， $I(t)$  表示已经感染病毒并且表现出症状的人群，具有传染能力， $R(t)$  表示患病死亡或康复的人群。

(2)  $S(t)$ 、 $E(t)$ 、 $I(t)$  和  $R(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒定为  $N$ ，考虑人口的自然出生和自然死亡相等为  $\mu$ ，不考虑人口流动，即  $S(t) + I(t) + E(t) + R(t) = N$ 。

(3) 易感者与感染患者的有效接触率为  $\alpha$ ，潜伏人群以时间概率  $\beta$  发病成为感染者， $\beta$  是潜伏期天数的倒数。

(4)  $\delta$  为治愈率，是感染人群恢复的概率，康复后不会再次感染。

(5)  $\mu_1$  为患病致死率。

(6)  $v$  为易感人群的疫苗接种率，接种疫苗以后易感人群转化为移除人群，实际接种率为零。

疾病传播的转移过程如下：

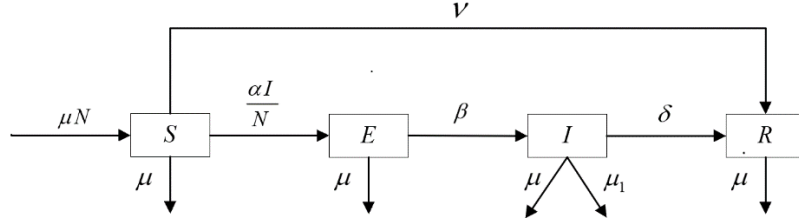


图 5-1 SEIR 模型疾病传播过程图

具体的微分方程如下：

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= \mu N - \frac{\alpha IS}{N} - \mu S - vS \\
 \frac{dE(t)}{dt} &= \frac{\alpha IS}{N} - \beta E - \mu E \\
 \frac{dI(t)}{dt} &= \beta E - \mu_1 I - \delta I - \mu I \\
 \frac{dR(t)}{dt} &= \delta I + \mu_1 I + vS - \mu R
 \end{aligned} \tag{5-1}$$

### 5.2.2 平衡点的存在性

首先对第一阶段进行分析，处于平衡状态时，各个仓室人数随时间的变化率为 0，根据第一阶段的传播模型方程计算，可以得到：

$$\begin{aligned}
 \mu N - \frac{\alpha IS}{N} - \mu S - vS &= 0 \\
 \frac{\alpha IS}{N} - \beta E - \mu E &= 0 \\
 \beta E - \mu_1 I - \delta I - \mu I &= 0 \\
 \delta I + \mu_1 I + vS - \mu R &= 0
 \end{aligned} \tag{5-2}$$

令  $S = \frac{S}{N}$ ,  $E = \frac{E}{N}$ ,  $I = \frac{I}{N}$ ,  $R = \frac{R}{N}$ , 得到：

$$\begin{aligned}
 \mu - \alpha IS - \mu S - vS &= 0 \\
 \alpha IS - \beta E - \mu E &= 0 \\
 \beta E - \mu_1 I - \delta I - \mu I &= 0 \\
 \delta I + \mu_1 I + vS - \mu R &= 0
 \end{aligned} \tag{5-3}$$

处于无病平衡点时疾病消亡， $E$  和  $I$  均为 0，代入以上公式计算：

$$\begin{aligned}\mu - \mu S - \nu S &= 0 \\ \nu S - \mu R &= 0\end{aligned}\quad (5-4)$$

计算出：  $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ ，  $R = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ 。

所以无病平衡点  $K_0$  为  $(\frac{\mu}{\mu + \nu}, 0, 0, \frac{\mu}{\mu + \nu})$ 。

处于地方病平衡点时，疾病的发展相对稳定达到动态平衡，各个仓室的人数不变，人数随时间的变化率为 0。通过计算得到：

$$\begin{aligned}S_e &= \frac{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)}{\alpha\beta} \\ E_e &= \frac{\alpha\beta\mu - (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)}{\alpha\beta(\beta + \mu)} \\ I_e &= \frac{\alpha\beta\mu - (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)}{\alpha(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)} \\ R_e &= \frac{\alpha\beta^2\mu(\mu_1 + \delta) - \beta(\mu_1 + \delta)(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu) + \nu(\beta + \mu)^2(\mu_1 + \delta + \mu)^2}{\alpha\beta\mu(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)}\end{aligned}\quad (5-5)$$

所以地方病平衡点  $K_e$  为  $(S_e, E_e, I_e, R_e)$ 。

### 5.2.3 平衡点的稳定性

接下来分析无病平衡点和地方病平衡点的稳定性。

疫情第一阶段的无病平衡点  $K_0$  处的 Jacobian 矩阵为：

$$J(K_0) = \begin{bmatrix} -(\alpha I + \mu + \nu) & 0 & -\alpha S & 0 \\ \alpha I & -(\beta + \mu) & \alpha S & 0 \\ 0 & \beta & -(\mu_1 + \delta + \mu) & 0 \\ \nu & 0 & (\mu_1 + \delta) & -\mu \end{bmatrix}$$

计算该矩阵的特征值：

$$\det(\lambda I - J) = \begin{bmatrix} \lambda + (\alpha I + \mu + \nu) & 0 & \alpha S & 0 \\ \alpha I & \lambda + (\beta + \mu) & -\alpha S & 0 \\ 0 & -\beta & \lambda + (\mu_1 + \delta + \mu) & 0 \\ -\nu & 0 & -(\mu_1 + \delta) & \lambda + \mu \end{bmatrix}$$

将  $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ ,  $I = 0$  代入可得:

$$\begin{bmatrix} \lambda + (\mu + \nu) & 0 & \alpha\mu(\mu + \nu)^{-1} & 0 \\ 0 & \lambda + (\beta + \mu) & -\alpha\mu(\mu + \nu)^{-1} & 0 \\ 0 & -\beta & \lambda + (\mu_1 + \delta + \mu) & 0 \\ -\nu & 0 & -(\mu_1 + \delta) & \lambda + \mu \end{bmatrix} = 0$$

特征方程为:  $a_0\lambda^4 + a_1\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_3\lambda + a_4 = 0$

计算出四个特征值为:

$$\lambda_1 = -(\mu + \nu), \quad \lambda_2 = -\mu$$

$$\lambda_3 = -\frac{(\beta + \mu)}{2} - \frac{(\mu_1 + \delta + \mu)}{2} - \frac{1}{2} \left( ((\mu_1 + \delta + \mu) - (\beta + \mu))^2 + \frac{4\alpha\beta\mu}{(\mu + \nu)} \right)^{\frac{1}{2}}$$

$$\lambda_4 = -\frac{(\beta + \mu)}{2} - \frac{(\mu_1 + \delta + \mu)}{2} + \frac{1}{2} \left( ((\mu_1 + \delta + \mu) - (\beta + \mu))^2 + \frac{4\alpha\beta\mu}{(\mu + \nu)} \right)^{\frac{1}{2}}$$

所以  $\lambda_1 < 0$ ,  $\lambda_2 < 0$ ,  $\lambda_3 < 0$ 。当  $\lambda_4 < 0$  时, 无病平衡点稳定。

即

$$-\frac{(\beta + \mu)}{2} - \frac{(\mu_1 + \delta + \mu)}{2} + \frac{1}{2} \left( ((\mu_1 + \delta + \mu) - (\beta + \mu))^2 + \frac{4\alpha\beta\mu}{(\mu + \nu)} \right)^{\frac{1}{2}} < 0$$

$$\left( ((\mu_1 + \delta + \mu) - (\beta + \mu))^2 + \frac{4\alpha\beta\mu}{(\mu + \nu)} \right)^{\frac{1}{2}} < (\beta + \mu) + (\mu_1 + \delta + \mu)$$

$$\frac{\alpha\beta\mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)} < 1$$

所以当  $\frac{\alpha\beta\mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)} < 1$  时,  $\lambda_4 < 0$ , 也是无病平衡点稳定的条件。

疫情第一阶段的地方病平衡点  $K_e$  处的 Jacobian 矩阵为:

$$J(K_e) = \begin{bmatrix} -(\alpha I + \mu + \nu) & 0 & -\alpha S & 0 \\ \alpha I & -(\beta + \mu) & \alpha S & 0 \\ 0 & \beta & -(\mu_1 + \delta + \mu) & 0 \\ \nu & 0 & (\mu_1 + \delta) & -\mu \end{bmatrix}$$

计算该矩阵的特征值:

$$\det(\lambda I - J) = \begin{bmatrix} \lambda + (\alpha I + \mu + \nu) & 0 & \alpha S & 0 \\ \alpha I & \lambda + (\beta + \mu) & -\alpha S & 0 \\ 0 & -\beta & \lambda + (\mu_1 + \delta + \mu) & 0 \\ -\nu & 0 & -(\mu_1 + \delta) & \lambda + \mu \end{bmatrix}$$

得到特征多项式：  $a_0\lambda^4 + a_1\lambda^3 + a_2\lambda^2 + a_3\lambda + a_4 = 0$

令  $M = \alpha\beta\mu - (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)$ ，  $N = (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)$ ，

$$a_0 = 1, \quad a_1 = \frac{M}{N} + 4\mu + \nu + \beta + \mu_1 + \delta$$

$$a_2 = \left(\frac{M}{N} + \mu + \nu\right)(\beta + 3\mu + \mu_1 + \delta) + \mu(\beta + 2\mu + \mu_1 + \delta)$$

$$a_3 = \mu\left(\frac{M}{N} + \mu + \nu\right)(\beta + 2\mu + \mu_1 + \delta) + M, \quad a_4 = \mu M$$

由于特征值较难计算，所以根据 Routh-Hurwitz 判据判断地方病平衡点的稳定性。

根据 Routh 表可以得到：

$$\begin{array}{cccc} \lambda^4 & a_0 & a_2 & a_4 \\ \lambda^3 & a_1 & a_3 & \\ \lambda^2 & b_1 & b_2 & \\ \lambda^1 & c_1 & & \\ \lambda^0 & d_1 & & \end{array}$$

其中

$$b_1 = \frac{a_1a_2 - a_0a_3}{a_1}, \quad b_2 = \frac{a_1a_4 - 0}{a_1} = a_4, \quad c_1 = \frac{b_1a_3 - a_1b_2}{b_1}, \quad d_1 = \frac{c_1b_2 - 0}{c_1} = a_4$$

根据 Routh-Hurwitz 判据，地方病平衡点稳定的条件： $a_n > 0$ ， $b_1$ ， $b_2$ ， $c_1$ ， $d_1$  均大于 0。

根据计算容易得出  $a_1$ ， $a_2$ ， $a_3$  均大于 0。

当  $a_4 > 0$  时，即  $\alpha\beta\mu - (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu) > 0$

$b_1$ ， $b_2$ ， $c_1$ ， $d_1$  均大于 0 时，即  $a_1a_2 > a_0a_3$ ， $a_1a_2a_3 - a_0a_3^2 - a_1^2a_4 > 0$ ，计算出满足条件时： $\alpha\beta\mu - (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu) > 0$ 。

综上所述，当地方病平衡点稳定时， $\alpha\beta\mu - (\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu) > 0$ 。

### 5.2.4 基本再生数的计算

首先对第一阶段进行计算，根据 SEIR 模型的相关方程可以得到：

$$F = \begin{bmatrix} 0 & \alpha S \\ \beta & 0 \end{bmatrix}, \quad V = \begin{bmatrix} \beta + \mu & 0 \\ 0 & \mu_1 + \delta + \mu \end{bmatrix}$$

$$V^{-1} = \frac{1}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)} \begin{bmatrix} \beta + \mu & 0 \\ 0 & \mu_1 + \delta + \mu \end{bmatrix}$$

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} 0 & \frac{\alpha S}{\mu_1 + \delta + \mu} \\ \frac{\beta}{\beta + \mu} & 0 \end{bmatrix}$$

将  $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$  代入求得：

$$R_0 = \frac{\alpha \beta \mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)}$$

### 5.2.5 基本再生数与平衡点稳定性的关系

定理 1：当  $R_0 < 1$  时，第一阶段 SEIR 模型的无病平衡点  $K_0 (\frac{\mu}{\mu + \nu}, 0, 0, \frac{\mu}{\mu + \nu})$

为全局渐近稳定；当  $R_0 > 1$  时，第一阶段 SEIR 模型的无病平衡点  $K_0 (\frac{\mu}{\mu + \nu}, 0, 0,$

$\frac{\mu}{\mu + \nu})$  不稳定。

证明：根据第一阶段的无病平衡点  $K_0$  处的 Jacobian 矩阵计算特征值， $\lambda_1 < 0$ ，

$\lambda_2 < 0$ ， $\lambda_3 < 0$ 。

当  $R_0 < 1$  时， $\frac{\alpha \beta \mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)} < 1$ ，则  $\lambda_4 < 0$ 。根据李雅普诺夫第一法，系

数矩阵的特征值均具有负实部时，系统在该平衡点具有渐近稳定性。所以当  $R_0 < 1$  时，

无病平衡点  $K_0$  具有全局渐近稳定性。

当  $R_0 > 1$  时,  $\frac{\alpha\beta\mu}{(\beta+\mu)(\mu_1+\delta+\mu)(\mu+\nu)} > 1$ , 则  $\lambda_4 > 0$ 。根据李雅普诺夫第一法, 系

数矩阵的特征值至少有一个具有正实部时, 系统在该点不稳定。所以当  $R_0 > 1$  时, 无病平衡点  $K_0$  不稳定。

定理 2: 当  $R_0 < 1$  时, 第一阶段 SEIR 模型的地方病平衡点  $K_e (S_e, E_e, I_e, R_e)$  不稳定; 当  $R_0 > 1$  时, 第一阶段 SEIR 模型的地方病平衡点  $K_e (S_e, E_e, I_e, R_e)$  局部渐近稳定。

证明: 当  $R_0 > 1$  时,  $\frac{\alpha\beta\mu}{(\beta+\mu)(\mu_1+\delta+\mu)(\mu+\nu)} > 1$ ,

则  $\alpha\beta\mu - (\beta+\mu)(\mu_1+\delta+\mu)(\mu+\nu) > 0$ 。

那么  $a_3 > 0$ ,  $a_4 > 0$ ,  $b_1, b_2, c_1, d_1$  均大于 0。根据 Routh-Hurwitz 稳定判据, 地方病平衡点  $K_e$  具有局部渐近稳定性。

当  $R_0 < 1$  时,  $\frac{\alpha\beta\mu}{(\beta+\mu)(\mu_1+\delta+\mu)(\mu+\nu)} < 1$ ,

则  $\alpha\beta\mu - (\beta+\mu)(\mu_1+\delta+\mu)(\mu+\nu) < 0$ 。

那么  $a_4 < 0$ , 根据 Routh-Hurwitz 稳定判据, 当系统在平衡点稳定时, 需要满足条件:  $a_n > 0$ ,  $b_1, b_2, c_1, d_1$  均大于 0。所以当  $R_0 < 1$  时, 地方病平衡点  $K_e$  不稳定。

## 5.3 SEIQR 模型

### 5.3.1 模型建立

第二阶段建立 SEIQR 模型, 基于以下的假设条件:

(1) 所有人按照当日的健康状态分为易感人群(Susceptible)、感染人群(Infective)、潜伏人群(Exposed)、隔离人群(Quarantined)和移除人群(Removed), 人群是均匀混合的。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群;  $E(t)$  表示易感者与患者有效接触后处于感染潜伏期状态的人群, 具备较低的传染能力;  $I(t)$  表示已经感染病毒并且表

现出症状的人群，具有传染能力； $Q(t)$  表示感染病毒后被确诊隔离的人群，考虑医院隔离措施严格不具有传染性； $R(t)$  表示患病死亡或康复的人群。

(2)  $S(t)$ 、 $E(t)$ 、 $I(t)$ 、 $Q(t)$  和  $R(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒定为  $N$ ，考虑人口的自然出生和自然死亡相等为  $\mu$ ，不考虑人口流动，即  $S(t) + I(t) + E(t) + Q(t) + R(t) = N$ 。

(3) 易感者与潜伏期患者的有效接触率为  $\alpha_1$ ，易感者与感染者的有效接触率为  $\alpha_2$ ，潜伏人群以时间概率  $\beta$  发病成为感染者， $\beta$  是潜伏期天数的倒数。

(4)  $\delta$  为移除率，是隔离感染人群恢复或患病死亡的概率，康复后不会再次感染。

(5)  $\mu_1$  为患病致死率。

(6)  $q$  为患者隔离率。

(7)  $v$  为易感人群的疫苗接种率，实际接种率为零。

具体的微分方程如下：

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= \mu N - \frac{\alpha_1 ES}{N} - \frac{\alpha_2 IS}{N} - \mu S - vS \\
 \frac{dE(t)}{dt} &= \frac{\alpha_1 ES}{N} + \frac{\alpha_2 IS}{N} - \beta E - \mu E \\
 \frac{dI(t)}{dt} &= \beta E - \mu_1 I - qI - \mu I \\
 \frac{dQ(t)}{dt} &= qI - \delta Q - \mu Q \\
 \frac{dR(t)}{dt} &= \delta Q + \mu_1 I + vS - \mu R
 \end{aligned} \tag{5-6}$$

疾病传播的转移过程如下：

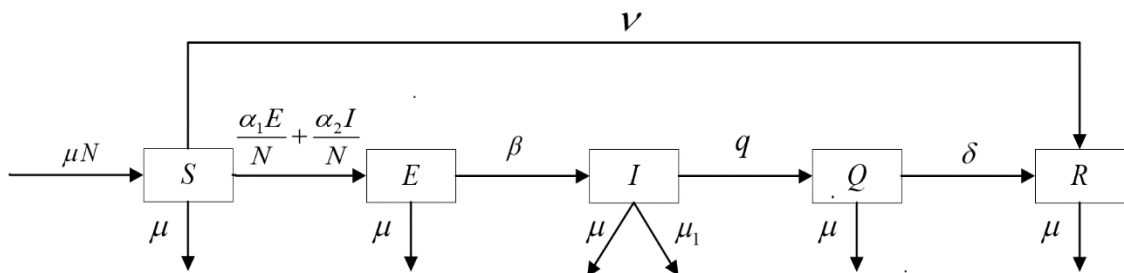


图 5-2 SEIRQ 模型疾病传播过程图



### 5.3.2 平衡点的存在性

对第二阶段进行分析，处于平衡状态时，各个仓室人数随时间的变化率为 0，根据第二阶段的传播模型方程计算，可以得到：

$$\begin{aligned}\mu N - \frac{\alpha_1 ES}{N} - \frac{\alpha_2 IS}{N} - \mu S - \nu S &= 0 \\ \frac{\alpha_1 ES}{N} + \frac{\alpha_2 IS}{N} - \beta E - \mu E &= 0 \\ \beta E - \mu_1 I - qI - \mu I &= 0 \\ qI - \delta Q - \mu Q &= 0 \\ \delta Q + \mu_1 I + \nu S - \mu R &= 0\end{aligned}\quad (5-7)$$

令  $S = \frac{S}{N}$ ,  $E = \frac{E}{N}$ ,  $I = \frac{I}{N}$ ,  $R = \frac{R}{N}$ ,  $Q = \frac{Q}{N}$  得到：

$$\begin{aligned}\mu - \alpha_1 ES - \alpha_2 IS - \mu S - \nu S &= 0 \\ \alpha_1 ES + \alpha_2 IS - \beta E - \mu E &= 0 \\ \beta E - \mu_1 I - qI - \mu I &= 0 \\ qI - \delta Q - \mu Q &= 0 \\ \delta Q + \mu_1 I + \nu S - \mu R &= 0\end{aligned}\quad (5-8)$$

处于无病平衡点时疾病消亡， $E$ 、 $I$  和  $Q$  均为 0，代入以上公式计算：

$$\begin{aligned}\mu - \mu S - \nu S &= 0 \\ \nu S - \mu R &= 0\end{aligned}\quad (5-9)$$

计算出： $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ ,  $R = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ 。

所以无病平衡点  $K_0$  为  $(\frac{\mu}{\mu + \nu}, 0, 0, 0, \frac{\mu}{\mu + \nu})$ 。

处于地方病平衡点时，疾病的发展相对稳定达到动态平衡，各个仓室的人数不变，人数随时间的变化率为 0。通过计算得到：

$$\begin{aligned}S_e &= \frac{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)}{\alpha_1(\mu_1 + \delta + \mu) + \alpha_2\beta} \\ E_e &= \frac{\mu}{(\beta + \mu)} - \frac{(\nu + \mu)(\mu_1 + q + \mu)}{\alpha_1(\mu_1 + q + \mu) + \alpha_2\beta} \\ I_e &= \frac{\mu\beta}{(\beta + \mu)(\mu_1 + q + \mu)} - \frac{\beta(\nu + \mu)}{\alpha_1(\mu_1 + q + \mu) + \alpha_2\beta}\end{aligned}$$

$$Q_e = \frac{\mu\beta q}{(\delta + \mu)(\beta + \mu)(\mu_1 + q + \mu)} - \frac{\beta q(v + \mu)}{(\delta + \mu)(\alpha_1(\mu_1 + q + \mu) + \alpha_2\beta)}$$

$$R_e = P + Q$$

$$P = \frac{v(\delta + \mu)(\beta + \mu)(\mu_1 + q + \mu) - \mu_1\beta(v + \mu)(\delta + \mu) - \delta\beta q(v + \mu)}{\mu(\delta + \mu)(\alpha_1(\mu_1 + q + \mu) + \alpha_2\beta)}$$

$$Q = \frac{\delta\beta q + \delta\beta\mu_1 + \mu\mu\beta_1}{(\delta + \mu)(\beta + \mu)(\mu_1 + q + \mu)}$$

所以第二阶段的地方病平衡点  $K_e$  为  $(S_e, E_e, I_e, Q_e, R_e)$ 。

### 5.3.3 平衡点的稳定性

对第二阶段无病平衡点和地方病平衡点的稳定性进行分析。

疫情第二阶段的无病平衡点  $K_0$  处的 Jacobian 矩阵为：

$$J(K_0) = \begin{bmatrix} -(\alpha_1 E + \alpha_2 I + \mu + \nu) & -\alpha_1 S & -\alpha_2 S & 0 & 0 \\ \alpha_1 E + \alpha_2 I & -(\beta + \mu) & \alpha_2 S & 0 & 0 \\ 0 & \beta & -(\mu_1 + \mu + q) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & q & -(\delta + \mu) & 0 \\ \nu & 0 & \mu_1 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

计算该矩阵的特征值：

$$\det(\lambda I - J) = \begin{bmatrix} a_{11} & \alpha_1 S & \alpha_2 S & 0 & 0 \\ -(\alpha_1 E + \alpha_2 I) & \lambda + (\beta + \mu) & -\alpha_2 S & 0 & 0 \\ 0 & -\beta & \lambda + (\mu_1 + \mu + q) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -q & \lambda + (\delta + \mu) & 0 \\ -\nu & 0 & -\mu_1 & -\delta & \lambda + \mu \end{bmatrix}$$

其中  $a_{11} = \lambda + (\alpha_1 E + \alpha_2 I + \mu + \nu)$

将  $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ ,  $I = 0$ ,  $E = 0$  代入可得：

$$\begin{bmatrix} \lambda + (\mu + \nu) & \alpha_1 \mu (\mu + \nu)^{-1} & \alpha_2 \mu (\mu + \nu)^{-1} & 0 & 0 \\ 0 & \lambda + (\beta + \mu) & -\alpha_2 \mu (\mu + \nu)^{-1} & 0 & 0 \\ 0 & -\beta & \lambda + (\mu_1 + \mu + q) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -q & \lambda + (\delta + \mu) & 0 \\ -\nu & 0 & -\mu_1 & -\delta & \lambda + \mu \end{bmatrix} = 0$$

特征多项式为:  $a_0\lambda^5 + a_1\lambda^4 + a_2\lambda^3 + a_3\lambda^2 + a_4\lambda + a_5 = 0$

计算出特征值为:

$$\lambda_1 = -(\mu + \nu), \quad \lambda_2 = -(\mu + \delta), \quad \lambda_3 = -\mu$$

$$\lambda_4 = -\frac{(2\mu + \beta + \mu_1 + q)}{2} - \frac{\sqrt{(\mu_1 + q - \beta)^2 + \alpha_2\beta\mu(\mu + \nu)^{-1}}}{2}$$

$$\lambda_5 = -\frac{(2\mu + \beta + \mu_1 + q)}{2} + \frac{\sqrt{(\mu_1 + q - \beta)^2 + \alpha_2\beta\mu(\mu + \nu)^{-1}}}{2}$$

所以  $\lambda_1$ 、 $\lambda_2$ 、 $\lambda_3$ 、 $\lambda_4$  均大于 0, 当时  $\lambda_5 < 0$ , 无病平衡点稳定。

$$\text{即 } -\frac{(2\mu + \beta + \mu_1 + q)}{2} + \frac{\sqrt{(\mu_1 + q - \beta)^2 + \alpha_2\beta\mu(\mu + \nu)^{-1}}}{2} < 0,$$

$$\alpha_2\beta\mu - 4(\mu + \nu)(\mu + \mu_1 + q)(\mu + \beta) < 0$$

所以无病平衡点稳定的条件是:  $\alpha_2\beta\mu - 4(\mu + \nu)(\mu + \mu_1 + q)(\mu + \beta) < 0$

疫情第二阶段的地方病平衡点  $K_e$  处的 Jacobian 矩阵为:

$$J(K_e) = \begin{bmatrix} -(\alpha_1 E + \alpha_2 I + \mu + \nu) & -\alpha_1 S & -\alpha_2 S & 0 & 0 \\ \alpha_1 E + \alpha_2 I & -(\beta + \mu) & \alpha_2 S & 0 & 0 \\ 0 & \beta & -(\mu_1 + \mu + q) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & q & -(\delta + \mu) & 0 \\ \nu & 0 & \mu_1 & \delta & -\mu \end{bmatrix}$$

计算该矩阵的特征值:

$$\det(\lambda I - J) = \begin{bmatrix} a_{11} & \alpha_1 S & \alpha_2 S & 0 & 0 \\ -(\alpha_1 E + \alpha_2 I) & \lambda + (\beta + \mu) & -\alpha_2 S & 0 & 0 \\ 0 & -\beta & \lambda + (\mu_1 + \mu + q) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -q & \lambda + (\delta + \mu) & 0 \\ -\nu & 0 & -\mu_1 & -\delta & \lambda + \mu \end{bmatrix}$$

其中  $a_{11} = \lambda + (\alpha_1 E + \alpha_2 I + \mu + \nu)$

计算出特征多项式为:  $a_0\lambda^5 + a_1\lambda^4 + a_2\lambda^3 + a_3\lambda^2 + a_4\lambda + a_5 = 0$

处于地方病平衡点时,  $S_e$ 、 $I_e$ 、 $Q_e$ 、 $E_e$  和  $R_e$  均为正值。

计算得出  $S_e$  和  $R_e$  大于 0,

$I_e$ 、 $Q_e$  和  $E_e$  均大于 0 时, 满足条件。即

$$\frac{\alpha_1 \mu}{(\beta + \mu)(\mu + \nu)} + \frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + q + \mu)(\mu + \nu)} > 1$$

### 5.3.4 基本再生数的计算

根据 SEIQR 模型的相关方程对第二阶段的基本再生数进行计算:

在无病平衡点  $K_0$  处, 则:

$$F(x_{k_0}) = \begin{pmatrix} \alpha_1 S & \alpha_2 S & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad V(x_{k_0}) = \begin{pmatrix} \mu + \beta & 0 & 0 \\ -\beta & q + \mu + \mu_1 & 0 \\ 0 & -q & \delta + \mu \end{pmatrix}。$$

$$V(x_{k_0})^{-1} = \begin{pmatrix} (\mu + \beta)^{-1} & 0 & 0 \\ a_{21} & (q + \mu + \mu_1)^{-1} & 0 \\ a_{31} & q(q + \mu + \mu_1)^{-1}(\delta + \mu)^{-1} & (\delta + \mu)^{-1} \end{pmatrix}$$

其中  $a_{31} = \beta q(\mu + \beta)^{-1}(q + \mu + \mu_1)^{-1}(\delta + \mu)^{-1}$ ,  $a_{21} = \beta(\mu + \beta)^{-1}(\mu + q + \mu_1)^{-1}$

$$F(x_{k_0})V(x_{k_0})^{-1} = \begin{pmatrix} a_{11} & \alpha_2 S(q + \mu + \mu_1)^{-1} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

其中  $a_{11} = \alpha_1 S(\mu + \beta)^{-1} + \alpha_2 \beta S(\mu + \beta)^{-1}(\mu + q + \mu_1)^{-1}$

$$\rho(F(x_{k_0})V(x_{k_0})^{-1}) = \alpha_2 \beta S(\mu + \beta)^{-1}(\mu + q + \mu_1)^{-1} + \alpha_1 S(\mu + \beta)^{-1}$$

将  $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$  代入求得:

$$R_0 = \frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)(\mu + q + \mu_1)} + \frac{\alpha_1 \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)}$$

### 5.3.5 基本再生数与平衡点稳定性的关系

定理 3: 当  $R_0 < 1$  时, 第二阶段 SEIQR 模型的无病平衡点  $K_0 (\frac{\mu}{\mu + \nu}, 0, 0, 0,$

$\frac{\mu}{\mu + \nu})$  为全局渐近稳定; 当  $R_0 > 1$  时, 第二阶段 SEIQR 模型的地方病平衡点  $K_e$  局部渐

近稳定。

证明：当  $R_0 < 1$  时，
$$\frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)(\mu + q + \mu_1)} + \frac{\alpha_1 \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)} < 1$$

传染病模型中各参数均为 0 到 1 之间的数值，
$$\frac{\alpha_1 \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)} > 0。$$

所以：
$$\frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)(\mu + q + \mu_1)} < 1 - \frac{\alpha_1 \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)}, \quad \frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)(\mu + q + \mu_1)} < 1。$$

当  $\lambda_5 < 0$ ， $\alpha_2 \beta \mu - 4(\mu + \nu)(\mu + \mu_1 + q)(\mu + \beta) < 0$ 。

即 
$$\frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \mu_1 + q)(\mu + \beta)} < 4。$$

当  $R_0 < 1$  时，满足  $\lambda_5 < 0$  的条件，根据李雅普诺夫第一法，系数矩阵的特征值均具有负实部时，系统在该平衡点具有渐近稳定性。所以当  $R_0 < 1$  时，无病平衡点  $K_0$  具有全局渐近稳定性。

当  $R_0 > 1$  时，第二阶段 SEIQR 模型的地方病平衡点  $K_e$  局部渐近稳定。

当  $R_0 > 1$  时，
$$\frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)(\mu + q + \mu_1)} + \frac{\alpha_1 \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)} > 1。$$

当 
$$\frac{\alpha_2 \beta \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)(\mu + q + \mu_1)} + \frac{\alpha_1 \mu}{(\mu + \nu)(\mu + \beta)} > 1$$
 时， $I_e$ 、 $Q_e$  和  $E_e$  均大于 0，地方病

平衡点均为正值，且有唯一值，所以存在地方病平衡点。

## 5.4 SEIAQR 模型

### 5.4.1 模型建立

第三阶段建立 SEIAQR 模型，基于以下的假设条件：

(1) 所有人按照当日的健康状态分为易感人群(Susceptible)、有症状的感染人群(Infective)、无症状的感染人群(Asymptomatic)、潜伏人群(Exposed)、隔离人群(Quarantined)和移除人群(Removed)，人群是均匀混合的。 $S(t)$  表示既没有感染过病毒又不具备免疫力的健康人群； $E(t)$  表示易感者与患者有效接触后处于感染潜伏期状态的人群，具备较低的传染能力； $I(t)$  表示已经感染病毒并且表现出症状的人群，具有传染

能力； $A(t)$  表示已经感染病毒并且不表现出症状的人群，具有传染能力； $Q(t)$  表示感染病毒后被确诊隔离的人群，考虑医院隔离措施严格不具有传染性； $R(t)$  表示患病死亡或康复的人群。

(2)  $S(t)$ 、 $E(t)$ 、 $I(t)$ 、 $Q(t)$ 、 $A(t)$  和  $R(t)$  分别表示  $t$  时刻各个群组的总人数。该城市人口总数恒定为  $N$ ，考虑人口的自然出生和自然死亡相等为  $\mu$ ，不考虑人口流动，即  $S(t) + I(t) + A(t) + E(t) + Q(t) + R(t) = N$ 。

(3) 易感者与潜伏期患者的有效接触率为  $\alpha_1$ ，易感者与有症状感染者的有效接触率为  $\alpha_2$ ，易感者与无症状感染者有效接触率为  $\alpha_3$ ，潜伏人群以概率  $\beta_1$  发病成为有症状感染者，潜伏人群以概率  $\beta_2$  成为无症状感染者。

(4)  $\delta$  为治愈率，是隔离人群恢复或患病死亡的概率，康复后不会再次感染。

(5)  $\mu_1$  为有症状感染者患病致死率，考虑无症状感染者症状较轻，不会因病死亡。

(6)  $q_1$  为有症状感染者隔离率， $q_2$  为无症状感染者隔离率。

(7)  $v$  为易感人群的疫苗接种率，接种疫苗以后易感人群转化为移除人群。

具体的微分方程如下：

$$\begin{aligned}
 \frac{dS(t)}{dt} &= \mu N - \frac{\alpha_1 ES}{N} - \frac{\alpha_2 IS}{N} - \frac{\alpha_3 AS}{N} - \mu S - vS \\
 \frac{dE(t)}{dt} &= \frac{\alpha_1 ES}{N} + \frac{\alpha_2 IS}{N} + \frac{\alpha_3 AS}{N} - \beta_1 E - \beta_2 E - \mu E \\
 \frac{dI(t)}{dt} &= \beta_1 E - \mu_1 I - \mu I - q_1 I \\
 \frac{dA(t)}{dt} &= \beta_2 E - q_2 A - \mu A \\
 \frac{dQ(t)}{dt} &= q_1 I + q_2 A - \delta Q - \mu Q \\
 \frac{dR(t)}{dt} &= \delta Q + \mu_1 I + vS - \mu R
 \end{aligned} \tag{5-10}$$

疾病传播的转移过程如下：

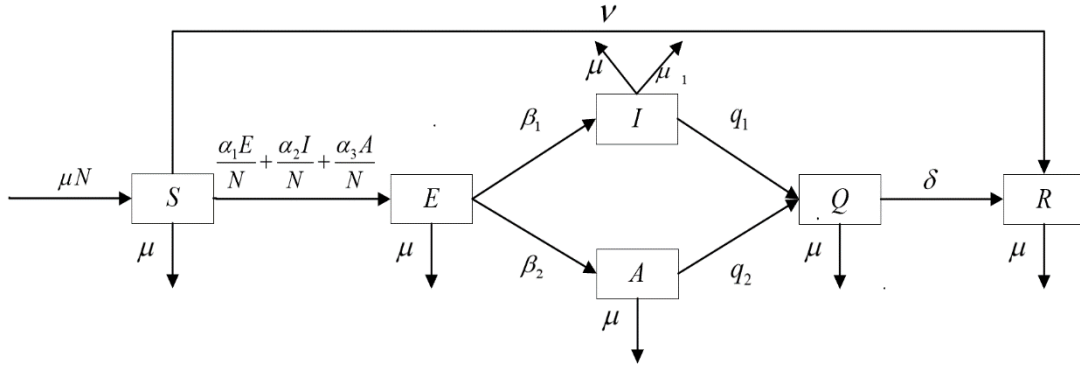


图 5-3 SEIARQ 模型疾病传播过程图

#### 5.4.2 平衡点的存在性

对第三阶段进行分析，处于平衡状态时，各个仓室人数随时间的变化率为 0，根据第二阶段的传播模型方程计算，可以得到：

$$\begin{aligned}
 \mu N - \frac{\alpha_1 ES}{N} - \frac{\alpha_2 IS}{N} - \frac{\alpha_3 AS}{N} - \mu S - vS &= 0 \\
 \frac{\alpha_1 ES}{N} + \frac{\alpha_2 IS}{N} + \frac{\alpha_3 AS}{N} - \beta_1 E - \beta_2 E - \mu E &= 0 \\
 \beta_1 E - \mu I - \mu I - q_1 I &= 0 \\
 \beta_2 E - q_2 A - \mu A &= 0 \\
 q_1 I + q_2 A - \delta Q - \mu Q &= 0 \\
 \delta Q + \mu I + vS - \mu R &= 0
 \end{aligned} \tag{5-11}$$

令  $S = \frac{S}{N}$ ,  $E = \frac{E}{N}$ ,  $I = \frac{I}{N}$ ,  $R = \frac{R}{N}$ ,  $Q = \frac{Q}{N}$ ,  $A = \frac{A}{N}$  得到：

$$\begin{aligned}
 \mu N - \frac{\alpha_1 ES}{N} - \frac{\alpha_2 IS}{N} - \frac{\alpha_3 AS}{N} - \mu S - vS &= 0 \\
 \frac{\alpha_1 ES}{N} + \frac{\alpha_2 IS}{N} + \frac{\alpha_3 AS}{N} - \beta_1 E - \beta_2 E - \mu E &= 0 \\
 \beta_1 E - \mu I - \mu I - q_1 I &= 0 \\
 \beta_2 E - q_2 A - \mu A &= 0 \\
 q_1 I + q_2 A - \delta Q - \mu Q &= 0 \\
 \delta Q + \mu I + vS - \mu R &= 0
 \end{aligned} \tag{5-12}$$

处于无病平衡点时疾病消亡，只有移除者和健康人群计算得：

$$\begin{aligned}
 \mu - \mu S - vS &= 0 \\
 vS - \mu R &= 0
 \end{aligned} \tag{5-13}$$

计算出:  $S = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ ,  $R = \frac{\mu}{\mu + \nu}$ 。

所以无病平衡点  $K_0$  为  $(\frac{\mu}{\mu + \nu}, 0, 0, 0, 0, \frac{\mu}{\mu + \nu})$ 。

处于地方病平衡点时, 疾病的发展相对稳定, 处于动态平衡状态, 各个仓室的人数不变, 人数随时间的变化率为 0。通过计算得到第三阶段的地方病平衡点  $K_e$  ( $S_e$ ,  $E_e$ ,  $I_e$ ,  $A_e$ ,  $Q_e$ ,  $R_e$ )。

### 5.4.3 基本再生数的计算

根据 SEIAQR 模型的相关方程对第二阶段的基本再生数进行计算:

$$F(x_{K_0}) = \begin{pmatrix} \alpha_1 S & \alpha_2 S & \alpha_3 S & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$V(x_{K_0}) = \begin{pmatrix} \beta_1 + \beta_2 + \mu & 0 & 0 & 0 \\ -\beta_1 & \mu + \mu_1 + q_1 & 0 & 0 \\ -\beta_2 & 0 & \mu + q_2 & 0 \\ 0 & -q_1 & -q_2 & \delta + \mu \end{pmatrix}$$

$$\rho(F(x_{K_0})V(x_{K_0})^{-1}) = \frac{\alpha_1 S}{(\beta_1 + \beta_2 + \mu)} + \frac{\alpha_2 S \beta_1}{(\beta_1 + \beta_2 + \mu)(\mu + \mu_1 + q_1)} + \frac{\alpha_3 S \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \mu)(\mu + q_2)}$$

$$R_0 = \frac{\alpha_1 \mu}{(\beta_1 + \beta_2 + \mu)} + \frac{\alpha_2 \mu \beta_1}{(\beta_1 + \beta_2 + \mu)(\mu + \mu_1 + q_1)} + \frac{\alpha_3 \mu \beta_2}{(\beta_1 + \beta_2 + \mu)(\mu + q_2)}$$

## 5.5 数值模拟

### 5.5.1 实验数据

实验数据中 2019 年 12 月 1 日至 2020 年 1 月 2 日的累计确诊人数、累计治愈人数及累计死亡人数来源于金银潭医院黄朝林医生相关团队在柳叶刀发布文章, 2020 年 1 月 3 日至 2020 年 6 月 4 日的相关数据来源于国家卫健委、湖北省卫健委和武汉卫健委的通告。由于数据量较大, 部分真实数据如表 5-1 所示。



表 5-1 2020-1-25-2020-2-3 通告确诊、治愈、死亡人数

日期	累计确诊	累计治愈	累计死亡
2020-1-25	618	40	45
2020-1-26	698	42	63
2020-1-27	1590	42	85
2020-1-28	1905	42	104
2020-1-29	2261	49	129
2020-1-30	2639	70	159
2020-1-31	3215	106	192
2020-2-1	4109	138	224
2020-2-2	5142	191	265
2020-2-3	6384	270	313

疫情具体情况如图 5-4、图 5-5 所示。图 5-4 为累计确诊、累计死亡、累计康复及现存确诊人数随时间的变化趋势。图 5-5 为每日新增确诊、新增死亡及新增康复人数随时间的变化。

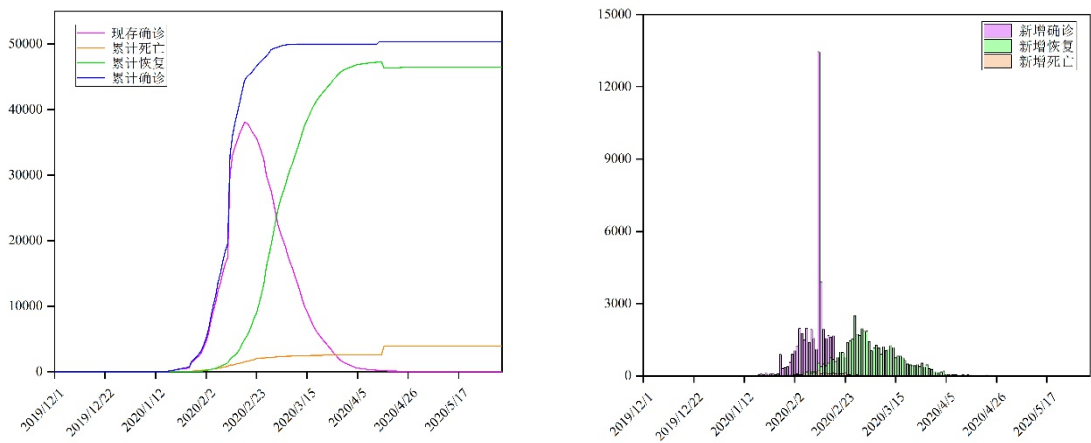


图 5-4 累计确诊、死亡、康复、现存确诊人数变化图 图 5-5 每日新增确诊、死亡、康复人数变化图

根据武汉卫健委发布的数据，截至 2020 年 6 月 4 日 24 时，全市累计报告确诊病例 50340 例，具体数据如下表所示。

表 5-2 武汉市各区累计确诊人数分布表

区名	确诊人数	区名	确诊人数
江岸区	6563	江汉区	5242
硚口区	6854	汉阳区	4691
武昌区	7551	青山区	2804
洪山区	4718	东西湖区	2478
蔡甸区	1424	江夏区	860
黄陂区	2117	新洲区	1071
武汉开发区	1088	东湖开发区	2173
东湖风景区	483	外地	223

用 ArcGIS 画出截止 2020 年 6 月 4 日武汉地区的患病人数分布图如图 5-6 所示。2019 年 12 月 1 日武昌区内武汉市首例患者发病，截止 2020 年 6 月 4 日，武汉各区是以武昌区为中心，随着与其距离增大，感染人数逐渐减少。

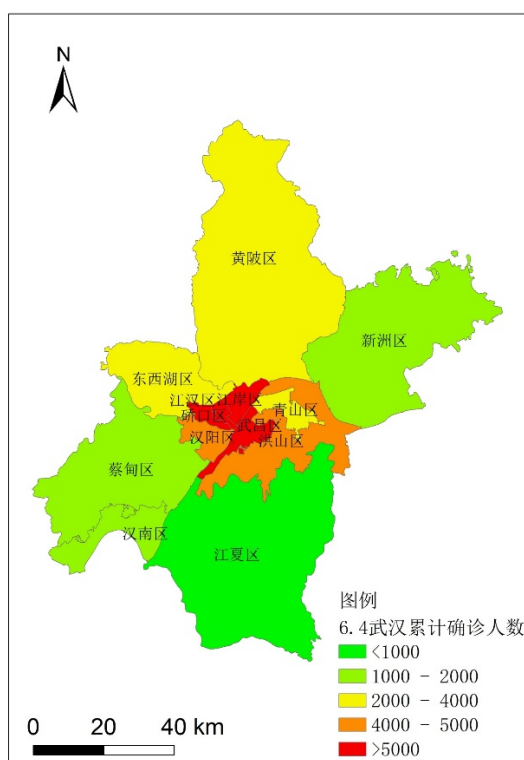


图 5-6 武汉市各区 2020 年 6 月 4 号累计确诊人数分区图

### 5.5.2 数据预处理

由于各级卫健委公布的数据中部分数据缺失，所以对数据进行预处理。

每日现存确诊人数=昨日现存确诊人数+每日新增确诊人数-每日新增死亡人数-每日新增治愈人数

每日治愈人数=累计治愈人数

每日死亡人数=累计死亡人数

### 5.5.3 实例分析

如果用 SEIR 模型进行模拟。首先对第一阶段进行模拟。 $\beta$  为潜伏期天数的倒数，根据钟南山团队研究<sup>[73]</sup>取  $\beta = \frac{1}{7}$ 。武汉市的总人口数为 14000000，考虑人的活动范围有限，易感人群并不等于总人口数，根据文献进行搜索发现总人数 20000000。根据 2019 年武汉市社会发展和国民经济公报的统计数据，查阅得自然死亡率为 0.0057，所以  $\mu = 0.0057$ 。疫苗接种率  $v = 0$ 。

参数  $\alpha$ 、 $\beta$  和  $\delta$  的值为未知，它们的取值范围为 0~1。求解的思路有两种，一种是启发式算法，如遗传算法、模拟退火算法、粒子群算法等；还有一种是盲目搜索，如蒙特卡洛模拟和搜索算法。本文选用了粒子群算法，下面以实例评估粒子群算法和网格搜索法的模拟效果。

选取 2019 年 12 月 1 日到 2020 年 2 月 11 日疫情前期的数据，用 SEIR 模型进行数值模拟。首先用网格搜索法求解模型的参数。具体的步骤如下：

(1) 确定参数  $\alpha$ 、 $\beta$  和  $\delta$  的范围，设定步长，在  $\alpha$ 、 $\beta$  和  $\delta$  坐标系上建立三维网格，网格节点就是相应的一组三个参数。

(2) 将每一组参数代入微分方程组中，用 ode45 函数求方程的数值解，计算感染人数估计值与实际值的残差平方和。

(3) 选择残差平方和最小的一组参数，输出最优参数；否则，重复上述步骤，继续搜索。

上述过程的实现如图 5-7 所示。

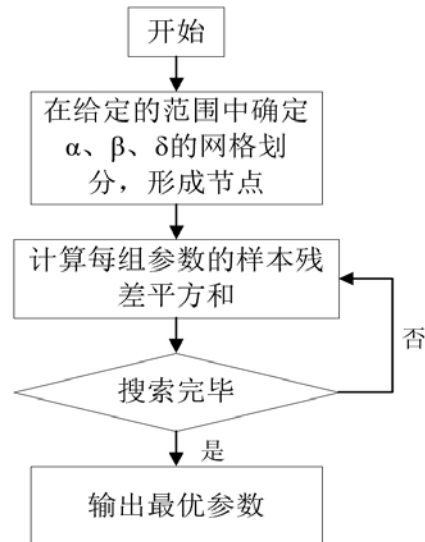


图 5-7 网格搜索法求解模型参数路线图

用搜索算法求出  $\alpha = 0.3399$ ,  $\mu_1 = 0.074$ ,  $\delta = 0.0094$ 。拟合的图像如图 5-8 所示。

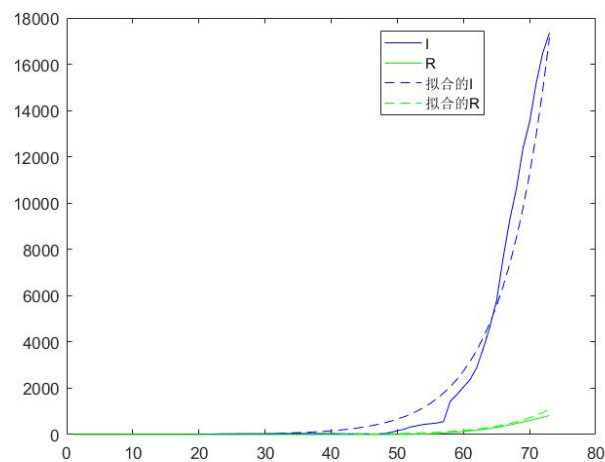


图 5-8 基于网格搜索法的第一阶段 I、R 人数拟合图

接下来用粒子群算法求解参数，将上述已知参数代入第一阶段的方程组中，在 Matlab 中用 ode45 函数进行数值求解。以感染者人数残差平方和最小为目标函数，用粒子群算法在 0 到 1 之间搜索参数  $\alpha$ 、 $\beta$  和  $\delta$  的值。具体的步骤如下：

- (1) 给定参数  $\alpha$ 、 $\beta$  和  $\delta$  的取值范围为 0 到 1，其对应的向量为粒子速度向量。
- (2) 初始化参数，随机生成各个粒子的初始位置、初始速度。
- (3) 随机生成粒子  $i$  的邻域，邻域内有  $M$  个粒子(包含粒子  $i$ )，找到该领域中位置最佳的那个粒子，它的目标函数值最小，记其位置为  $lbest$ 。

(4) 根据速度公式更新粒子 $i$ 的速度和位置，如果其位置超过了约束，就将位置修改至边界处；如果这个粒子位于边界处，查看其速度是否超过了最大速度，若超过将其速度变为0。

(5) 计算粒子 $i$ 的适应度，如果小于其历史最优个体的适应度，更新粒子 $i$ 的历史最优个体位置为现在的位置；如果粒子 $i$ 的适应度小于种群的最小适应度，更新全局最优位置为粒子 $i$ 的位置。

(6) 记此时种群的最小适应度为 $b$ ，上一次迭代完成后种群的最小适应度为 $c$ 。比较 $b$ 和 $c$ 的相对大小，如果 $b < c$ ，则记  $\text{flag} = 1$ ；否则记  $\text{flag} = 0$ 。

(7) 若  $\text{flag} = 0$ ，更新  $Q = \min\{Q + \text{minNeighborhoodSize}, \text{SwarmSize}\}$ ； $Q$ ：邻域内的粒子数目； $\text{minNeighborhoodSize}$ ：邻域最少粒子数目； $\text{SwarmSize}$ ：粒子的总数。更新  $c = c + 1$ ， $c$  表示“停滞次数计数器”，在开始迭代前初始为0。若  $\text{flag} = 1$ ，执行步骤(8)。

(8) 更新  $c = \max\{c - 1, 0\}$ ，更新  $Q = \text{minNeighborhoodSize}$ ，判断 $c$ 的大小，如果  $c < 2$ ，则更新  $w = 2w$ ；如果  $c > 5$ ，则更新  $w = w/2$ 。

(9) 迭代次数达到设定最大迭代次数时，迭代停止，输出残差平方和及参数 $\alpha$ 、 $\beta$ 和 $\delta$ 的值。

上述过程如图 5-9 所示。

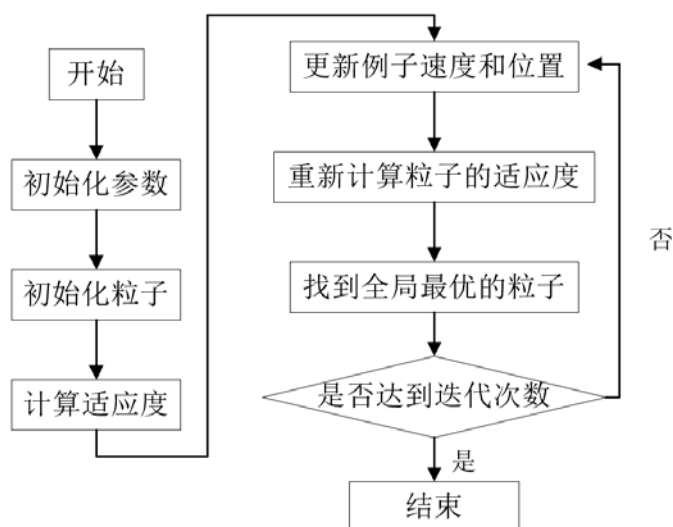


图 5-9 粒子群算法流程图

根据参数估计的结果取  $\alpha = 0.2821$  ,  $\mu = 0.0057$  ,  $\beta = \frac{1}{7}$  ,  $\mu_1 = 0.072$  ,  $\delta = 0.0102$  。

将估计参数代入微分方程组中, 用 Matlab 画出感染者和治愈者的人数拟合图像如图 5-10 所示。如果按照疫情初期的发展趋势, 在 2020 年 3 月 28 日, 感染人数达到峰值为 1311815。

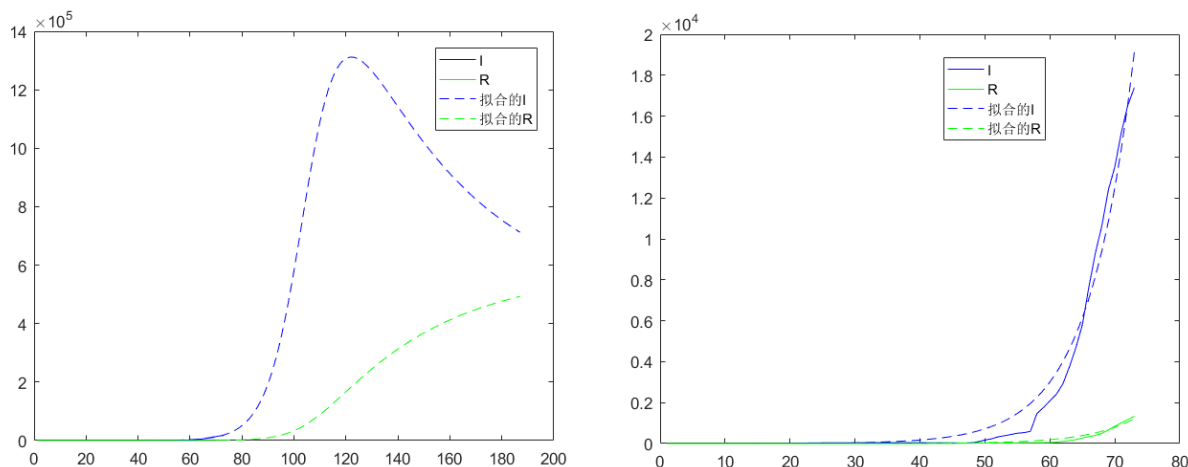


图 5-10 基于粒子群算法的第一阶段 I、R 人数拟合图

对上述两种算法进行分析。搜索算法中网格划分越细, 搜索精度越高, 耗费时间越长; 缩小搜索范围可以减少搜索时间, 但是会陷入局部最优; 有多个搜索变量时, 多重循环需要很长的搜索时间。粒子群算法搜索的时间较短, 而且避免了陷入局部最优。基于搜索算法的结果, 实际感染人数与拟合感染人数的残差平方和为 38839973, 基于粒子群算法, 该残差平方和的值为 24291253。综上所述, 粒子群算法具有较好的拟合效果。

对第二阶段进行模拟, 取  $\alpha = 0.0888$  ,  $\mu = 0.0057$  ,  $\beta = \frac{1}{7}$  ,  $\mu_1 = 0.0031$  ,  $\delta = 0.0123$  。将估计参数代入微分方程组中, 用 Matlab 画出感染者和治愈者的人数拟合图像如图 5-11 所示。

对第三阶段进行模拟, 取  $\alpha = 0.0102$  ,  $\mu = 0.0057$  ,  $\beta = \frac{1}{7}$  ,  $\mu_1 = 0.0023$  ,  $\delta = 0.0611$  。将估计参数代入微分方程组中, 用 Matlab 画出感染者和治愈者的人数拟合图像如图 5-12 所示。

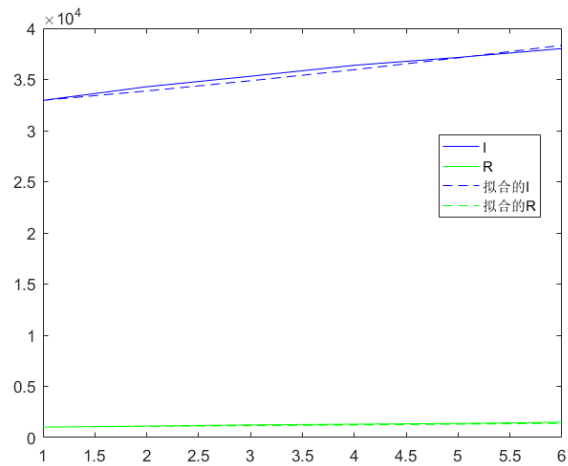


图 5-11 基于粒子群算法的第二阶段 I、R 人数拟合图

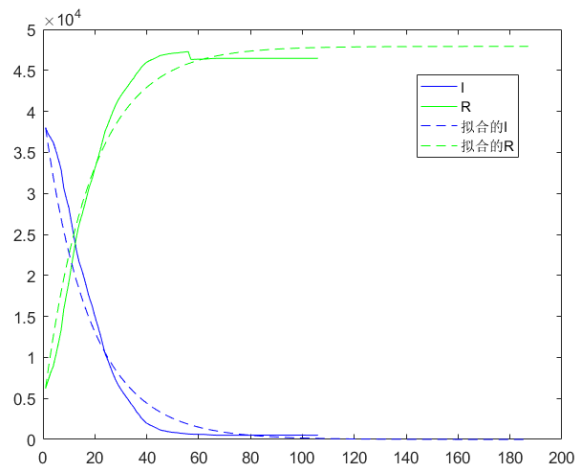


图 5-12 基于粒子群算法的第三阶段 I、R 人数拟合图

根据模拟结果分析：

第一阶段为疫情初期，对于新型传染病的认识程度及防治能力有限，患者人数指数上升，康复率较低，治愈者人数上升趋势较平缓。

第二阶段为疫情高峰期，对于新型传染病的认识较为全面，救治能力较大提升，各级采取了较严格的隔离等疫情防控措施。患者人数增加坡度相较于第一阶段有所放缓，2020 年 2 月 18 日感染人数到达峰值。

第三阶段为疫情末期，普通患者数量呈现快速下降的趋势，大量患者被治愈，治愈者人数上升较快。得到整个阶段的模拟图如图 5-13 所示。

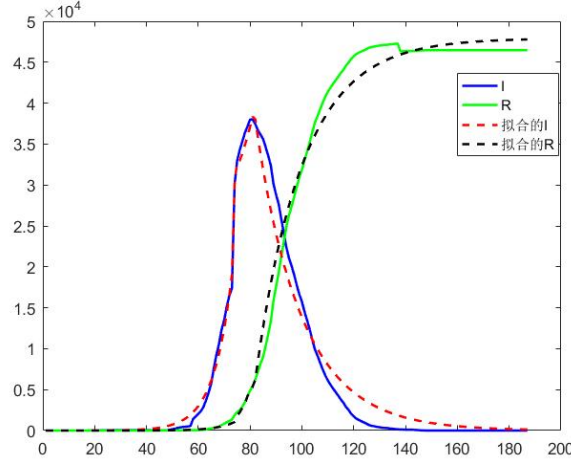


图 5-13 基于粒子群算法的整个阶段 I、R 人数拟合图

## 5.6 灵敏性分析

根据文献的定义，标准化向前灵敏性指数

$$r_p^u = \frac{p}{u} \cdot \frac{\partial u}{\partial p} \quad (5-14)$$

对  $R_0$  进行灵敏性分析。

基本再生数：

$$R_0 = \frac{\alpha\beta\mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)} \quad (5-15)$$

对  $\alpha$  进行灵敏性分析，则

$$\frac{\alpha}{R_0} \cdot \frac{\partial R_0}{\partial \alpha} = \frac{\alpha}{R_0} \cdot \frac{\beta\mu}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)} > 0$$

对  $\beta$  进行灵敏性分析，则

$$\frac{\beta}{R_0} \cdot \frac{\partial R_0}{\partial \beta} = \frac{\beta}{R_0} \cdot \frac{\alpha\mu^2(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)}{((\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu))^2} > 0$$

对  $\mu_1$  进行灵敏性分析，则

$$\frac{\mu_1}{R_0} \cdot \frac{\partial R_0}{\partial \mu_1} = \frac{\mu_1}{R_0} \cdot \frac{(-\alpha\beta\mu)}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)^2(\mu + \nu)} < 0$$

对  $\delta$  进行灵敏性分析，则



$$\frac{\delta}{R_0} \cdot \frac{\partial R_0}{\partial \delta} = \frac{\delta}{R_0} \cdot \frac{(-\alpha\beta\mu)}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)^2(\mu + \nu)} < 0$$

对  $\nu$  进行灵敏性分析，则

$$\frac{\nu}{R_0} \cdot \frac{\partial R_0}{\partial \nu} = \frac{\nu}{R_0} \cdot \frac{(-\alpha\beta\mu)}{(\beta + \mu)(\mu_1 + \delta + \mu)(\mu + \nu)^2} < 0$$

计算出  $\alpha$ 、 $\beta$  关于  $R_0$  的灵敏性指数为正值，而且  $\alpha$  的灵敏性指数为 1。 $\delta$ 、 $\mu_1$  和  $\nu$  关于  $R_0$  的灵敏性指数为负值，且  $\delta$  的负影响值最大。说明降低人群的接触，采取戴口罩、保持社交距离等措施对于疫情防控十分重要。其次良好的医疗条件也对疫情的控制有着积极作用。

根据拟合结果，对每个阶段再生数进行计算，在第一阶段  $R_0 = 11.7$ ，在第二阶段  $R_0 = 4.0$ ，在第三阶段  $R_0 = 0.1$ 。该结果表明：在医疗支援、隔离等国家干预下，疾病的传播得到强有力的遏制。基本再生数在不同阶段的变化如图 5-14 所示。

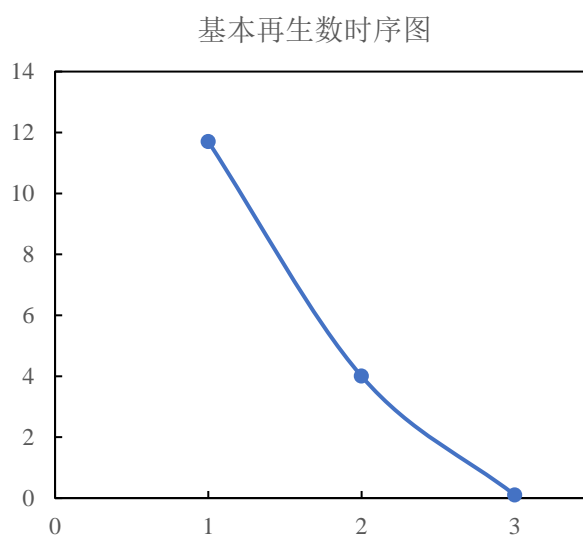


图 5-14 基本再生数时序图

根据拟合结果可以看出从第一阶段到第二阶段，最后到第三阶段，康复率不断上升，而死亡率和接触率在不断的下降，说明诊断治疗水平持续提升，与实际情况相符，画出模拟过程中病死率和康复率的时序图（图 5-16），同时根据官方公布数据画出实际病死率和康复率的时序图（图 5-15）。

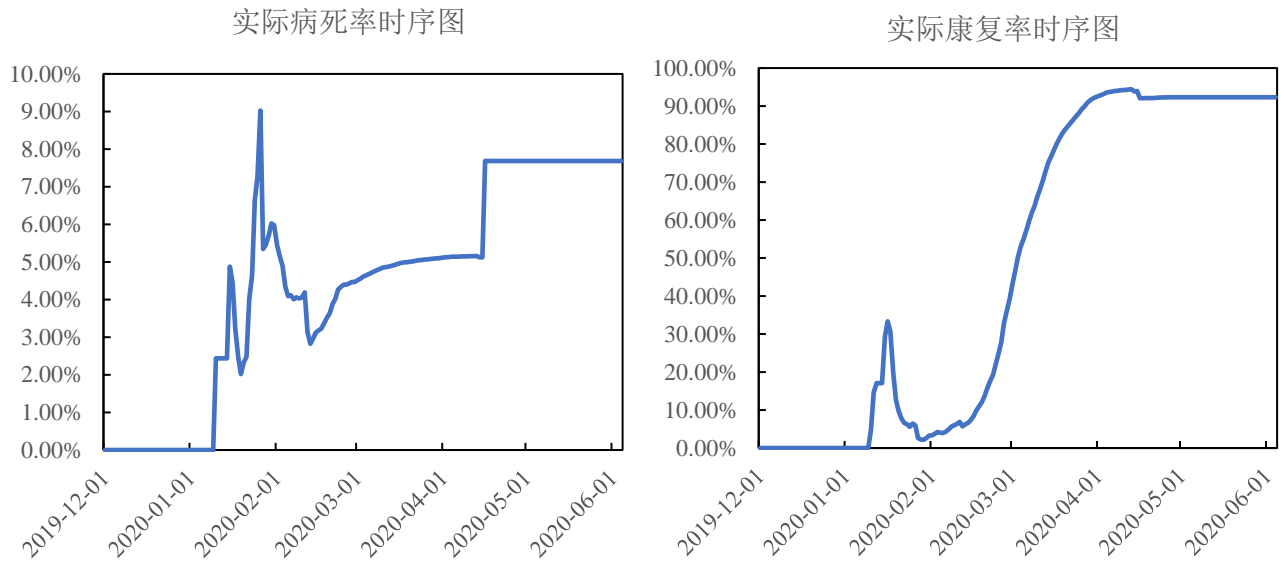


图 5-15 实际病死率与康复率时序图

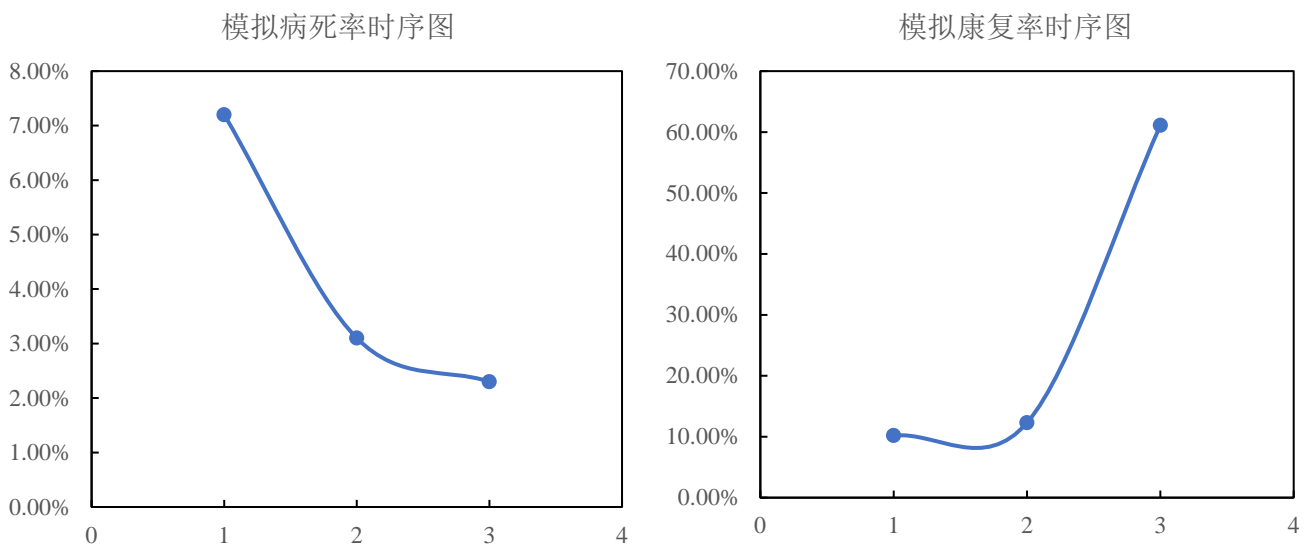


图 5-16 模拟出的病死率、康复率时序图

如果采取打疫苗的措施，对疫情的发展会有影响。当  $v=10\%$  时， $R_0=5.59$ ，一个患者能感染的人数从 12 降低到了 6。当  $v=50\%$  时， $R_0=1.58$ ，一个患者能感染的人数从 12 降低到了不到 2。当  $v=80\%$  时， $R_0=1.02$ 。当  $v=82.07\%$  时， $R_0=1.000033451$ ，此时基本再生数接近 1，当  $v=82.08\%$  时， $R_0=0.99991953$ ，此时基本再生数小于 1，疫情不会扩散。接种率对基本再生数的影响如图 5-17 所示。

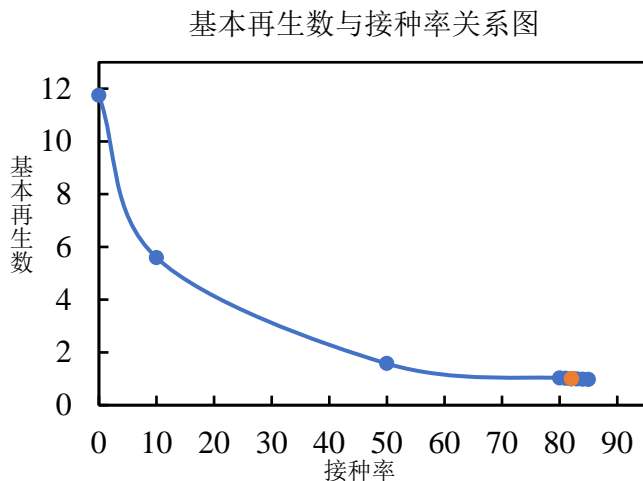


图 5-17 基本再生数与接种率关系图

随着医疗条件的改进，治愈率会提高，对于疫情的控制也有影响。随着治愈率的提高，基本再生数会变小。但是发现，即使治愈率达到了 100%，基本再生数的值仍为 3.1，从 11.7 到 3.1，患病群体的传染力降低了很多，但是疾病还是会传播。治愈率对基本再生数的影响如图 5-18 所示。

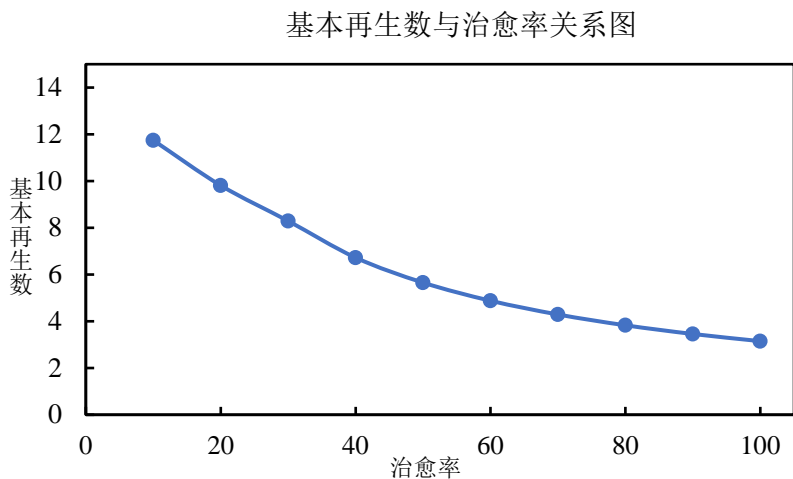


图 5-18 基本再生数与治愈率关系图

根据灵敏性分析的结果，接触率与基本再生数是正相关的。随着接触率的增大，基本再生数会增大，随着接触率的减小，基本再生数会减小。接触率对基本再生数的影响如图 5-19 所示。

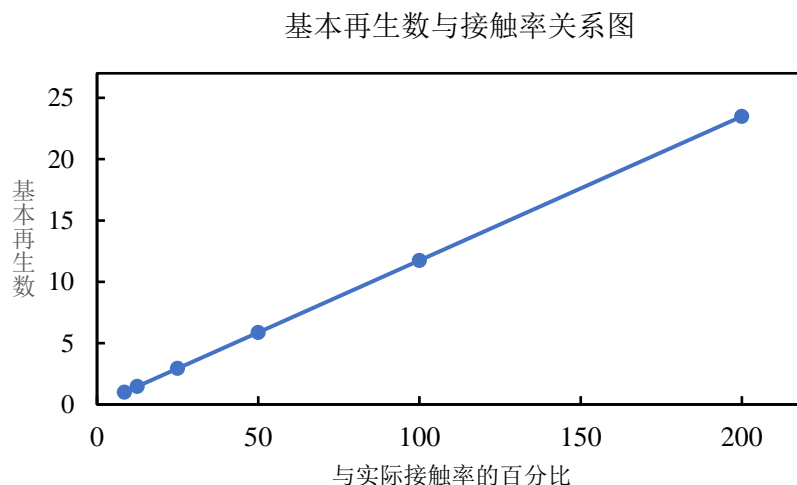


图 5-19 基本再生数与接触率关系图

## 5.7 本章小结

根据武汉地区新型冠状病毒肺炎的传播情况，在不同的假设条件下，建立三种模型，从理论上分析了基本再生数和平衡点稳定性的关系。拟合武汉地区在不同时间内的疫情发展趋势，计算各个阶段的基本再生数，研究传染病参数对基本再生数的影响。结果表明，基本再生数随着防控力度的增大而减小，接触率和接种率对基本再生数的影响很大。因此疫苗的接种推广，保持社交距离，勤洗手，戴口罩等是有效的防控措施。

## 6 结论与建议

基于对传染病模型的理论研究，以武汉地区 COVID-19 传播的过程为例，将整个疫情过程划分为不同的阶段，建立了 SEIR 模型、SEIQR 模型和 SEIAQR 模型，进行相关的分析。

经典的传染病模型的建立是基于微分方程，本文的研究也是基于微分方程建立模型。在第四章中研究了三种基本再生数的方法，以湖北省为实例计算，考虑指数分布用 Lotka-Euler 等式计算出结果为 3.95，基于方程隐式解计算出结果为 2.01，用再生矩阵法计算出结果为 2.82。再生矩阵法计算过程简单，适用范围广，所以本文研究选用了再生矩阵法。

本文研究了粒子群算法和网格搜索法，对比分析得出：粒子群算法比网格搜索法更适合于模型参数求解。针对武汉地区的疫情传播，建立了分时段的模型，仿真实验较好地拟合了真实情况。

分析各个传染病参数对基本再生数的影响，结果表明：接触率和接种率对基本再生数的影响很大。当接种率等于 82.07% 时，基本再生数略大于 1，当接种率为 82.08% 时，基本再生数小于 1。本文分析得到：为了防止疫情的传播，人群接种疫苗率大于 82.08% 时，能有效构建免疫屏障。为了降低接触率，及时隔离疑似人群及密切接触者、戴口罩、保持社交距离、公共场所消杀等措施具有重要的防控作用。

本文还有一些地方可以进行深入研究。

- （1）考虑时滞性，如从发病到出确诊结果及确诊后到住院等都有一定的时间间隔。
- （2）考虑更多因素对疾病传播的影响，如具有时滞性媒体报道、人口的密度、人口的迁移、温度湿度对环境的影响等等。
- （3）可以考虑离散化的传染病模型，结合复杂网络等相关理论研究分析。

## 参考文献

- [1] 修昔底德. 伯罗奔尼撒战争史[M]. 北京: 商务印书馆, 1960.
- [2] 王凝芳. 21 世纪医师丛书: 传染病分册[M]. 北京: 中国协和医科大学出版社, 2000.
- [3] Procopius. History of the War [M]. Cambridge: Harvard University press, 1996.
- [4] Mango C. The Oxford History of Byzantine [M]. Oxford: Oxford University press, 2002.
- [5] 刘少才. 席卷欧洲的黑死病[J]. 生命与灾害, 2020, (2): 23-25, 22.
- [6] (西) 贝尔纳尔·迪亚斯·德尔·卡斯蒂略. 征服新西班牙信史上[M]. 北京: 商务印书馆, 2017.
- [7] 普莱斯苟特. 墨西哥征服史[M]. 北京: 商务印书馆, 1965.
- [8] 威廉·麦克尼尔. 瘟疫与人[M]. 北京: 中国环境科学出版社, 2010.
- [9] Kristine B P, Thomas R. Smallpox and the Native American [J]. The American Journal of the Medical Sciences, 2002, 323(4): 216-222.
- [10] 孔丘. 礼记正义·月令[M]. 见: 阮元. 十三经注疏. 卷十七. 北京: 中华书局, 1980.
- [11] 葛洪. 肘后方[M]. 见: 王焘. 外台秘要. 北京: 人民卫生出版社, 1955.
- [12] 佚名. 黄帝内经·素问[M]. 北京: 人民卫生出版社, 1963.
- [13] 张志斌. 中国古代病疫流行年表[M]. 福州: 福建科学技术出版社, 2007.
- [14] (法) 伏尔泰. 哲学通信[M]. 上海: 上海人民出版社, 2014.
- [15] 吕桂敏, 周鸿飞点校. 金匱要略方论 金匱要略心典[M]. 郑州: 河南科学技术出版社, 2017.
- [16] 伍连德. 中国霍乱流行史略及其古代疗法概况[J]. 同仁医学, 1935, 8(4): 21-28.
- [17] 单丽. 清代古典霍乱流行研究[D]. 上海: 复旦大学, 2011.
- [18] Huang C, Wang Y, Li X, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China [J]. Lancet, 2020, 395: 497-506.
- [19] 阚飙, 郑月林, 詹启敏. 精准预防诊断系列 传染性疾病与精准预防[M]. 上海: 上海交通大学出版社, 2020: 2.
- [20] Klaus D, Heesterbeek J A P. Daniel Bernoulli's epidemiological model revisited [J]. Mathematical biosciences, 2002, 18(1): 1-21.
- [21] The Prevention of Malaria: By Ronald Ross. London: John Murray, 1910. Price 21s. net [J]. Public Health, 1910, 24: 287.
- [22] Kermack W O, McKendrick A.G. A seminal contribution to the mathematical theory of epidemics (1927) [J]. A Historical Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases, 2017: 59-87.

- [23] Kermack W O, McKendrick A G. Contributions to the mathematical theory of epidemics--I. 1927 [J]. Bulletin of mathematical biology, 1991, 53: 33-55.
- [24] Anderson R M, May R M. Infectious diseases of humans: Dynamics and control [J]. Oxford: Oxford University Press, 1991.
- [25] Tailei Z, Ruini K, Kai W, et al. Global dynamics of an SEIR epidemic model with discontinuous treatment [J]. Advances in Difference Equations, 2015, 2015(1): 1-16.
- [26] 梁桂珍, 郝林莉. 一类潜伏期和染病期均传染的 SEIQR 流行病模型的稳定性[J]. 西南师范大学学报(自然科学版), 2020, 45(3): 1-9.
- [27] 曹玉芬. 关于 SARS 病毒传播的马尔可夫骨架过程模型[J]. 数学理论与应用, 2008, (03): 55-60.
- [28] 王劲峰, 孟斌, 郑晓瑛, 等. 北京市 2003 年 SARS 疫情的多维分布及其影响因素分析[J]. 中国学术期刊文摘, 2020, (5).
- [29] 杨玉华. SARS 传染模型的研究及实证分析[J]. 山东科学, 2006, 19(3): 57-60, 68.
- [30] 李学志, 丁凤霞. 具有染病年龄结构的 SEIR 流行病模型的稳定性[J]. 数学的实践与认识, 2007, 37(18): 100-106.
- [31] 曹志冬, 王劲峰, 韩卫国, 等. 广州市 SARS 流行的数学建模与干预措施的定量评估[J]. 复旦学报(自然科学版), 2009, 48(6): 793-800.
- [32] Lixia Z, Maoxing L. Effect of Awareness Programs on the Epidemic Outbreaks with Time Delay [J]. Abstract and Applied Analysis, 2014.
- [33] Jessica L, Abbate, Carmen L M, et al. Potential Impact of Sexual Transmission on Ebola Virus Epidemiology: Sierra Leone as a Case Study [J]. PLoS Neglected Tropical Diseases, 2016, 10(5): 1-15.
- [34] 林国基, 贾珣, 欧阳颀. 用小世界网络模型研究 SARS 病毒的传播[J]. 北京大学学报(医学版), 2003, (1): 66-69.
- [35] Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic spreading in scale-free networks [J]. Physical review letters, 2001, 86(14): 3200-3.
- [36] Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic dynamics in finite size scale-free networks [J]. Physical Review E Statistical Nonlinear & Soft Matter Physics, 2002, 65(3): 035108.
- [37] Spicer C C. The mathematical modelling of influenza epidemics [J]. Br Med Bull, 1979, (1): 23-28.
- [38] Allen L. Some discrete-time SI, SIR, and SIS epidemic models [J]. Mathematical Biosciences, 1994, 124(1): 83.

- [39] Sekiguchi M, Ishiwata E. Global dynamics of a discretized SIRS epidemic model with time delay [J]. *Journal of Mathematical Analysis & Applications*, 2010, 371(1): 195-202.
- [40] 向蕾. 两类离散传染病模型的动力学分析[D]. 武汉: 华中师范大学, 2020.
- [41] 李明山, 张渝曼, 李晓培. 一类 SIR 离散传染病模型的  $C^1$  不变曲线[J]. *岭南师范学院学报*, 2016, 37(6): 16-19.
- [42] 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]. *电子科技大学学报*, 2020, 49(3): 375-382.
- [43] Yang Z, Zeng Z, Wang K, et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions [J]. *Journal of Thoracic Disease*, 2020, 12(3): 165-174.
- [44] 樊非. 新型冠状病毒疫情的建模与分析[D]. 武汉: 华中师范大学, 2020.
- [45] 王雪萍. 具有疫苗接种和媒体效应的时滞传染病模型及研究[D]. 北京: 北京建筑大学, 2020.
- [46] 魏永越, 卢珍珍, 杜志成, 等. 基于改进的 SEIR+CAQ 传染病动力学模型进行新型冠状病毒肺炎疫情趋势分析[J]. *中华流行病学杂志*, 2020, 41(4): 470-475.
- [47] Suwardi A M, Isbar P, Muh R, Wahidah S, Syafruddin S. Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia [J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2020, 139: 110072.
- [48] Julien A, Stéphanie P. A simple model for COVID-19 [J]. *Infectious Disease Modelling*, 2020, 5: 309-315.
- [49] Sourabh S, Kuljeet S, Sachin K, et al. Time series forecasting of Covid-19 using deep learning models: India-USA comparative case study [J]. *Chaos, solitons, and fractals*, 2020, 140: 110227.
- [50] Maki K. A delayed SEIQR epidemic model of COVID-19 in Tokyo [J]. 2020.
- [51] Salihu S M, Sania Q, Shi Z, et al. Mathematical modeling of COVID-19 epidemic with effect of awareness programs [J]. *Infectious Disease Modelling*, 2021, 6: 448-460.
- [52] Natsuko I, Ilaria D, Anne C, et al. Estimating the potential total number of novel coronavirus cases in wuhan city, china [J]. 2020.
- [53] 马知恩. 传染病动力学的数学建模与研究[M]. 北京: 科学出版社, 2004.
- [54] Dublin L I, Lotka A J. On the true rate of natural increase [J]. *Journal of the American Statistical Association*, 1925, 150: 305-339.
- [55] Anderson R M, May R M. Population biology of infectious diseases [J]. Part I. *Nature*, 1979, 280: 361-



367.

[56] Anderson R M, May R M. Population biology of infectious diseases [J]. Part II. *Nature*, 1979, 280: 455-461.

[57] Anderson R M, May R M. *Population Biology of Infectious Diseases* [M]. Springer-Verlag, Berlin, 1982.

[58] Anderson R M, May R M. Directly transmitted infectious diseases: control by vaccination [J]. *Science*, 1982, 215: 1053-1060.

[59] Anderson R M, May R M. *Infectious Diseases of Humans: transmission and control* [M]. Oxford University Press, Oxford, 1991.

[60] Ferreira S C, Castellano C, Pastor-Satorras R. Epidemic thresholds of the susceptible-infected-susceptible model on networks: a comparison of numerical and theoretical results [J]. *Physical Review E*, 2012, 86(4): 041125.

[61] Shu P, Wang W, Tang M, et al. Simulated identification of epidemic threshold on finite-size networks [J]. *Chaos*, 2015, 25(10): 167.

[62] 杨俊元, 张烁, 王国强, 等. 数据驱动下新冠肺炎基本再生数的计算方法[J]. *河南师范大学学报(自然科学版)*, 2020, 48(2): 1-5, 133.

[63] Diekmann O, Heesterbeek J, Roberts M G. The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models [J]. *Journal of the Royal Society Interface*, 2013, 10(47): 873-885.

[64] Hassard B D, Kazarinoff N D, Wan Y H. *Theory and applications of Hopf bifurcation* [M]. Cambridge University Press, 1981.

[65] Lipsitch M, Wallinga J. How Generation Intervals Shape the Relationship between Growth Rates and Reproductive Numbers [J]. *Proceedings: Biological Sciences*, 2007, 274(1609): 599-604.

[66] Junyuan Y, Fei X. The computational approach for the basic reproduction number of epidemic models on complex networks [J]. *IEEE Access*, 2019, 7: 26474-26479.

[67] Luo X, Feng S, Yang J, et al. Analysis of Potential Risk of COVID-19 Infections in China Based on a Pairwise Epidemic Model [EB/OL]. 2020.

[68] 周涛, 刘权辉, 杨紫陌, 等. 新型冠状病毒肺炎基本再生数的初步预测[J]. *中国循证医学杂志*, 2020, 20(3): 359-364.

[69] 许淞庆. 常微分方程稳定性理论[M]. 上海: 上海科学技术出版社, 1962.

- [70] 刘春美. Lyapunov 方法在系统稳定性理论上的应用[D]. 吉林: 东北师范大学, 2010.
- [71] Leine I. The historical development of classical stability concepts: Lagrange, Poisson and Lyapunov stability [J]. Springer Science, Business Media B V, 2009, 59: 173-182.
- [72] Chitnis N, Hyman J M, Cushing J M. Determining Important Parameters in the Spread of Malaria Through the Sensitivity Analysis of a Mathematical Model. Bulletin of Mathematical Biology, 2008, 70(5): 1272-1296.
- [73] Yang Z, Zeng Z, Wang K, et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions (Article) [J]. Journal of Thoracic Disease, 2020, 12(3): 165-174.

## 致谢

我作为一个武汉人，见证了一切的经历，现在武汉又恢复了往日的生机，对武汉地区新型冠状病毒肺炎传播模型的研究充满意义。感谢政府强有力的干预政策，医护人员的无私奉献以及全国人民贡献出的力量。这次疫情是一次考验，也是一种警醒。人类在历史长河中一直与各种传染病作斗争，爱护环境，保持生态平衡，是一项长期的任务。我们要珍惜当下，好好生活，用积极的态度迎接每一天。

从本科到硕士研究生，在地大已经度过了七年，北京对我而言，是一个有特殊情感的城市。研究生三年的时光过得很快，自己也在不断的学习与成长。

自己衷心感谢身边所有的人。感谢父母对自己的支持和理解，让自己没有生活方面的忧虑，只用专注于学习。感谢王海英老师对我生活和学习上的关怀帮助，在老师的指导下我开始了新的研究方向。和课题组的师兄师姐、师妹师弟们有很多愉快的相处时光，一起学习了许多知识技能。本科与研究生的专业差别比较大，对我来说也是挑战与磨砺。感谢我的室友们——顾清青、梅红月、郑家琪、孙超冉和刘杨，她们都是很真诚可爱的人，大家一起学习，在朝夕相处中互相帮助。我们在茫茫人海之中的相遇，是一种独特的缘分和经历。感谢我的好朋友徐艳秋，我们从大学到现在已经认识了七年，我们之间的感情深厚，形成了无言的默契。在写论文的过程中，在找工作的过程中，我们一起面对困难，互相鼓励，她也为我提供资料，探讨问题的解决方案。感谢我的好朋友小黄，他在繁忙的科研任务中，不厌其烦地接受我的叨扰，为我解决一些关键问题提供了思路，他的幽默与智慧对我影响深刻。感谢我的老友汪学，作为一个计算机方面的大牛，他给了我很多技术上的指导，在三年的计算机入门学习过程中，是我的灯塔。感谢我的男朋友张先，感谢他的陪伴，对我各个方面的照顾，我们互相成为对方的支柱和依靠，他的细心坚韧是我欠缺的地方，今后我也会继续完善自己的不足。

学生的生涯即将画上句号，希望自己步入社会以后能怀着初心，认真对待自己的工作，不辜负众人对我的支持与厚爱。

## 附录

### 个人简历

程哲阳，1996 年 5 月生，湖北省武汉市人。

2014.09-2018.06：中国地质大学（北京） 水资源与环境学院，地下水科学与工程专业，获得学士学位。

2018.09-2021.06：中国地质大学（北京） 数理学院，计算机技术专业，研究方向为图形与图像技术。

### 参与科研项目

2018.09~2019.09

企事业单位委托科技项目“基于复杂网络的北京市交通系统研究”。为了减缓城市交通拥堵，改变城市公交线路规划不合理的状况，采用复杂网络的分析方法研究北京交通系统，构建交通网络模型，分析各个重要指标，采用相应的算法和策略，提出优化方法。负责样本数据的筛选，交通网络部分参数的分析及优化方法的验证。

2020.01~2021.08

参与教育部基科研费优秀教师基金项目“新型冠状病毒传播的动力数学模型及其预测”。根据 2019 年新型冠状病毒传播的基本规律，分析古今中外著名传染病事件及其传播数学模型，结合复杂网络等方法建立相关动力传播模型。研究给出人为干预决定因素的时机对疫情带来的影响。负责完成报告编写，包括对项目数据部分的分析整理、病毒传播规律的研究以及模型的建立。