传染病早期传播模型: 分支过程

生物数学课程报告

柴昊

上海数学中心

2022.12.5

目录

- 1 传染病早期传播模型
- 2 基本传染数和灭绝概率
- 3 数据分析与讨论
- 4 致谢

传染病早期传播模型

模型介绍

文章来源:

Oliveira, G. Early epidemic spread, percolation and Covid-19. J. Math. Biol. 81, 1143–1168 (2020). https://doi.org/10.1007/s00285-020-01539-1

主要内容:

假设一类传染病可以在人类社会中传播,利用分支过程对传染病早期传播(感染者数量较少)进行建模,假设早期传播过程中存在多种传播途径(感染概率不同),利用生成函数计算传染病的基本传染数 R_0 以及传染病被控制住的概率 \mathbf{P}_∞ 。最后根据早期新型冠状病毒的数据(COVID-19)估算了一些国家(德国、巴西等)的模型参数。

- 假设感染者独立/非独立地发生 n 种传播方式 $\mathcal{T}_1,..,\mathcal{T}_n$
- 每种传播方式随机地接触到 k1,...kn 个易感染者
- 每种传播方式有 $T_1,...,T_n$ 的概率造成传染从而产生 $m_1,...,m_n$ 个感染者,接触过程和感染过程,感染过程之间是彼此独立的
- 假设人类社会对该传染病进行防控使得任何一个感染者有 Q 的概率接受治疗/隔离 从而治愈/失去传染能力

从一个零号感染者 X_0 或者一个随机感染者 \widetilde{X}_0 进行跟踪,试图找出传染病传播 m 代际后感染人数 X_m 的概率分布情况,传染病在有限时间内可以被控制的概率 \mathbf{P}_{∞} (灭绝概率),以及平均单个感染者传染的人数 R_0 (基本传染数)。

4 D > 4 D > 4 E > 4 E > E 990

基本定义

对于一个取值在自然数集上的随机变量 X, 定义其生成函数是形如

$$G_X(t) := \mathbb{P}(X=0) + \mathbb{P}(X=1)t + \dots + \mathbb{P}(X=k)t^k + \dots = \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}(X=k)t^k$$

的幂级数。这个函数也称作随机变量 X 的母函数。

基本定义

对于一个取值在自然数集上的随机变量 X, 定义其生成函数是形如

$$G_X(t) := \mathbb{P}(X=0) + \mathbb{P}(X=1)t + \dots + \mathbb{P}(X=k)t^k + \dots = \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}(X=k)t^k$$

的幂级数。这个函数也称作随机变量 X 的母函数。

如果考虑连续值的随机变量,在要求足够好的可积性条件下可以定义生成函数的举心物: 短母函数如

$$M_X(t) := \mathbb{E} \exp tX$$

这时不难得到 $M_X(t)$ 关于 t 的导数与 X 的矩有如下对应

$$M_X^{(n)}(1)=\mathbb{E} X^n \quad n=0,1,2,\dots$$

基本定义

对于一个取值在自然数集上的随机变量 X, 定义其生成函数是形如

$$G_X(t) := \mathbb{P}(X=0) + \mathbb{P}(X=1)t + \dots + \mathbb{P}(X=k)t^k + \dots = \sum_{k=0}^{\infty} \mathbb{P}(X=k)t^k$$

的幂级数。这个函数也称作随机变量 X 的母函数。

如果考虑连续值的随机变量,在要求足够好的可积性条件下可以定义生成函数的类似物: 矩母函数如

$$M_X(t) := \mathbb{E} \exp tX$$

这时不难得到 $M_X(t)$ 关于 t 的导数与 X 的矩有如下对应

$$M_X^{(n)}(1) = \mathbb{E} X^n \quad n = 0, 1, 2, \dots$$

如果 $(X_1,...,X_n)$ 是 $\mathbb{Z}^n_{\geq 0}$ -值随机变量,可以考虑它们的联合生成函数如下定义

$$G_{X_1,...,x_n}(t_1,...,t_n) := \sum_{d_1 \in \mathbb{Z}_{\geq 0},...,d_n \in \mathbb{Z}_{\geq 0}} \mathbb{P}(X_1 = d_1,...,X_n = d_n) t_1^{d_1} \cdots t_n^{d_n}$$

特别地如果 $X_1,...X_n$ 独立那么有 $G_{X_1,...,X_n}(t_1,...,t_n)=\prod_{i=1}^{i=n}G_{X_i}(t_i)$

基本性质

 G_X 具有很多非常好的性质使得处理生成函数要比直接处理随机变量更好入手,以下列出本报告将可能会使用的几点。下表中的随机变量均取 $\mathbb{Z}_{>0}$ -值。

 $lacksymbol{\mathbb{Z}}_{>0}$ -值随机变量 X 的矩都可以用生成函数的高阶导数计算,例如

$$\mathbb{E} X^{\underline{n}} = G_X^{(n)}(1) \quad \Rightarrow \quad \mathbb{E} X^n = \sum_{k=0}^{k=n} {n \brace k} G_X^{(k)}(1) \quad n = 0, 1, 2, \dots$$

这里 $(-)^{(n)}$ 是指求 n-阶导数, $x^n=x(x-1)\cdots(x-n+1)$ 是指下阶乘, 变换矩阵的系数 $\binom{n}{k}$ 是指第二类 Stirling 数,其用来转换普通的幂次 $(-)^n$ 和下阶乘 $(-)^n$ 。

■ 特别地对 $\mathbb{Z}_{>0}$ -值随机变量 X 有 $G_X(1)=1$ 以及期望和方差

$$\mathbb{E}X = G'_X(1), \quad \mathbf{Var}X = \mathbb{E}X^2 - (\mathbb{E}X)^2 = G''_X(1) + G'_X(1) - (G'_X(1))^2$$

- 若 $Y=X_1+\cdots+X_n$ 是独立 $\mathbb{Z}_{\geq 0}$ -值随机变量的和则 $G_Y(t)=\prod_{k=1}^{k=n}G_{X_k}(t)$
- 若 $Z = \sum_{k=1}^{k=Y} X_k$ 满足 $\{X_k\}_{k=1}^{k=n}$ 独立同分布于 X 且均与 Y 独立则

$$G_Z(t) = G_Y(G_X(t))$$

◆□▶ ◆□▶ ◆■▶ ◆■▶ ■ 9Q@

分支过程

定义简述

这里希望建立一个数学模型来描述传染病传播初期的演化过程。 假设 $\{X_{n,i}\}_{i,n\in\mathbb{Z}_{\geq 0}}$ 是一族独立同分布的 $\mathbb{Z}_{\geq 0}$ -值随机变量 (代表个体分支数的随机变量 X) 由此一个简单的离散分支过程可以定义成如下随机过程 $\{Z_n\}_{n\in\mathbb{Z}_{\geq 0}}$ (代表了第 n-代产生的个体数)

$$Z_{n+1} = \sum_{i=1}^{i=Z_n} X_{n,i}, \quad Z_0 = X_{0,1}$$

分支过程

定义简述

这里希望建立一个数学模型来描述传染病传播初期的演化过程。假设 $\{X_{n,i}\}_{i,n\in\mathbb{Z}_{>0}}$ 是一族独立同分布的 $\mathbb{Z}_{>0}$ -值随机变量 (代表个体分支数的随机变量 X) 由此一个简单的离散分支过程可以定义成如下随机过程 $\{Z_n\}_{n\in\mathbb{Z}_{>0}}$ (代表了第 n-代产生的个体数)

$$Z_{n+1} = \sum_{i=1}^{i=Z_n} X_{n,i}, \quad Z_0 = X_{0,1}$$

上述定义的是离散形式的随机过程,也可以定义连续的分支过程是如下概率转移 函数决定的 Markov 过程。

$$P_{ij}(t) = \sum_{j_1 + \dots + j_i = j} p_{1j_1}(t) \dots p_{1j_i}(t) \quad t \in \mathbb{R}^+$$

这里的转移概率是从 $X_k=i$ 到 $X_{k+1}=j$ 的概率 $\mathbf{P}_{ij}(t)$ 而 p_{1k} 对应了个体分支数的概率分布。 T 代表了分支产生的等待时间。

分支过程

采用混合分支过程对传染病早期传播进行建模

考虑多种接触/感染方式即 $\{T_{m,i}^{(k)}\}_{i,m\in\mathbb{Z}_{\geq 0}}, k=1,...,n$ 是 n 族独立同分布的 $\mathbb{Z}_{\geq 0}$ -值随 机变量 (代表了 n 种接触方式),那么从一个零号感染者 $P_0=C_0=1$ 开始,传染病在一代传播过程中会接触的个体数是

$$P_{m+1} := \sum_{i=1}^{i=C_m} (T_{m,i}^{(1)} + \dots + T_{m,i}^{(n)})$$

这里 C_m 是传播到第 m 代的感染数。由于感染过程是在接触后独立发生的而且每一类接触方式的感染概率不同,假设 $\{B_{T,i}\}_{i\in\mathbb{Z}_{>0}}$ 是以 T 概率取 1 以 1-T 的概率取 0 的独立的伯努利随机变量族 (代表个体接触后是否感染) 那么 C_m 的前向方程就是

$$C_{m+1} = \sum_{i=1}^{i=C_m} W_i \left(\sum_{j=1}^{j=T_{m,i}^{(1)}} B_{T_1,j} + \dots + \sum_{j=1}^{j=T_{m,i}^{(n)}} B_{T_n,j} \right)$$

这里 $T_1,...,T_n$ 是 n 种接触方式造成传染的概率; $\{W_i\}$ 是独立伯努利随机变量族以概率 Q 取 0(代表了感染者被治愈/隔离从而丧失传染能力的可能性)。从而可以考虑单个感染者的传染人数如下

$$m = W(\sum_{j=1}^{j=T^{(1)}} B_{T_1,j} + \dots + \sum_{j=1}^{j=T^{(n)}} B_{T_n,j}), \quad W \sim W_i, \ T_{m,i}^{(k)} \sim T^{(k)}$$

分支过程模型的有关参数

传播讨程的随机性质

继续分析随机变量 m。首先考虑 $(T^{(1)}, \dots, T^{(n)})$ 的联合分布,记 \mathbb{P}_i 是随机变量 $T^{(i)}$ 的 边际分布。考虑以下两种情况

■ 传播相互独立情况 (例如考虑—个确定感染的病人进行的传播过程), 这时有联合分 布的概率函数是

$$\mathbb{P}(T^{(i)} = k_i, i = 1, ..., n) := \prod_{i=1}^{i=n} \mathbb{P}(T^{(i)} = k_i) = \prod_{i=1}^{i=n} \mathbb{P}_i(k_i)$$

■ 传播存在依赖情况 (对接触人数进行加权), 这时的联合分布是

$$\mathbb{P}(T^{(i)} = k_i, i = 1, ..., n) := \frac{\sum_{i=1}^{i=n} (k_i + 1) \mathbb{P}_i(k_i + 1) \prod_{j \neq i} \mathbb{P}_j(k_j)}{\mathbb{E}T^{(1)} + \dots + \mathbb{E}T^{(n)}}$$

分支过程模型的有关参数

传播过程的生成函数

传染病早期传播模型 000000000

> 按照独立/非独立的形式计算的接触数联合生成函数分别记成 $G(x_1,...,x_n)$ 和 $G(x_1,...,x_n)$ 。直接展开计算出

$$G_{T^{(1)},...,T^{(n)}}(x_1,...,x_n) := \sum_{d_1,...,d_n} \mathbb{P}(T^{(i)} = d_i, i = 1,...,n) x_1^{d_1} \cdots x_n^{d_n}$$

$$G(x_1,...,x_n) = \prod_{i=1}^{i=n} G_{T^{(i)}}(x_i) = \prod_{i=1}^{i=n} G_i(x_i)$$

$$\widetilde{G}(x_1,...,x_n) = \frac{\sum_{i=1}^{i=n} G'_i(x_i) \prod_{j \neq i} G_j(x_j)}{\sum_{i=n}^{i=n} G'_i(1)}$$

分支过程模型的有关参数

感染讨程的生成函数

传染病早期传播模型 000000000

> 考虑单个感染者传播传染病,"按照 T_i 传播方式接触了 k_i 个个体,造成 m_i 个个体感 染"这一事件发生的概率应该是

$$S_{k_1,d_1,...,k_n,d_n} = (1-Q)\mathbb{P}(T^{(i)} = k_i, i = 1,...,n) \prod_{i=1}^{i=n} {k_i \choose m_i} T_i^{m_i} (1-T_i)^{k_i-m_i}$$

这是综合考虑了防控政策 (隔离概率 Q), 传播过程和感染过程独立性, 感染过程内部的 独立性。考虑防控因素有

$$\mathbb{P}(m_i = d_i, i = 1, ..., n) = \begin{cases} \sum_{k_i \ge d_i, i = 1, ..., n} S_{k_1, d_1, ..., k_n, d_n} & d_1 + \dots + d_n > 0 \\ Q + \sum_{k_i \ge d_i, i = 1, ..., n} S_{k_1, 0, ..., k_n, 0} & d_1 + \dots + d_n = 0 \end{cases}$$

从而对两种传播模式计算得到的 m 的生成函数分别记作 Z, \widetilde{Z} 。可以算出

$$Z(x) = Q + (1 - Q)G(T_1x + (1 - T_1), ..., T_nx + (1 - T_n))$$

$$\widetilde{Z}(x) = Q + (1 - Q)\widetilde{G}(T_1x + (1 - T_1), ..., T_nx + (1 - T_n))$$

4日 > 4周 > 4 至 > 4 至 > 至

基本传染数和灭绝概率

Galton-Watson 过程的灭绝概率

定义

上述考虑的分支过程最早是 Galton 在 19 世纪研究英格兰地区中世纪姓氏的消亡时提出 的。而后又被 Watson 等人重新发现。一个自然的问题就是一个姓氏有多大的可能逐渐 消失,对应于传染病模型或者基因遗传模型就是计算如下概率

$$\mathbb{P}(\lim_{n \to +\infty} S_n = 0) = ?$$

根据这个分支过程的性质

(如果第 n 代灭绝则后续代际均灭绝, $S_n = 0 \Rightarrow S_{n+k} = 0, \forall k \in \mathbb{N}$) 可以知道

$$\mathbb{P}(\lim_{n\to+\infty}S_n=0)=\mathbb{P}(\exists N>0,S_n=0,\forall n\geq N)=\lim_{n\to+\infty}\mathbb{P}(S_n=0)=\mathbf{P}_{\infty}$$

这个概率 P∞ 记作灭绝概率。

Galton-Watson 过程的灭绝概率

回顾单个感染者传染人数的随机变量是 m,那么考虑后向方程进行依次分支,利用全概率公式和独立性有

$$\mathbb{P}(S_{n+1} = 0) = \sum_{d=0}^{\infty} \mathbb{P}(S_1 = d) \mathbb{P}(S_n = 0)^d = G_m(\mathbb{P}(S_n = 0))$$

由于单调递增性质上式取极限得到

$$\mathbf{P}_{\infty} = G_m(\mathbf{P}_{\infty})$$

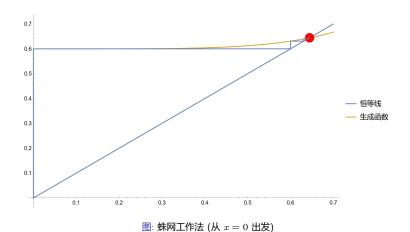
也就是说灭绝概率是相应的生成函数的不动点,那么如果生成函数存在多个不动点,该如果确定灭绝概率?

由于生成函数 G_m 总是一个单调递增的下凸函数,而且 G(1)=1,利用高等数学中的中值定理进行讨论不难发现其最多在 [0,1] 上有两个不动点而且其中一个是 1。如果存在一个更小的不动点 x_* 那么由于灭绝概率可以通过 G_m 在 x=0 处不断迭代进行逼近。那么在迭代过程中如果 $G_m^n(0) \leq x_*$ 根据单调性 $G_m^{\circ n'}(0) \leq x_*, n' \geq n$ 从而可知灭绝概率是生成函数的最小不动点。

直观的解释可以参考蛛网迭代的图。

Galton-Watson 过程的灭绝概率 图像说明

传染病早期传播模型



Galton-Watson 过程的灭绝概率

图像说明

传染病早期传播模型

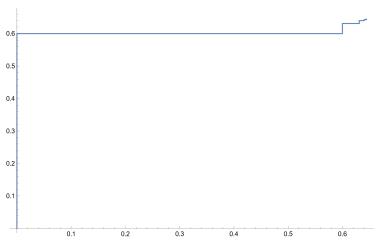


图: 迭代折线不会超过最小不动点



计算基本传染数 Ro

定义

考虑单个感染者传染人数的随机变量 $m=m_1+\cdots+m_n$ 的期望 $R_0=\mathbb{E}m_n$ 根据生成 函数的理论可知事实上考虑了防控、社交隔离等抑制因素下某种传染病的基本传染数 R_0 是牛成函数在 x=1 处的导数

$$R_0 = \frac{d}{dx}\widetilde{Z}(1), \text{ or } R_0 = Z'(1), \widetilde{Z}'(1)$$

根据之前对生成函数的计算,可以得到分别取 Z, \tilde{Z} 计算时有

$$R_0 = (1 - Q) \sum_{i=1}^{i=n} T_i \frac{\partial G}{\partial x_i} |_{x_1 = \dots = x_n = 1}$$

$$R_0 = (1 - Q) \sum_{i=1}^{i=n} T_i \frac{\partial \widetilde{G}}{\partial x_i} \Big|_{x_1 = \dots = x_n = 1}$$

计算基本传染数 R_0

利用生成函数关系计算

利用 G 与 \widetilde{G} 存在如下关系

$$\widetilde{G}(x_1, ..., x_n) = \frac{\sum_{i=1}^{i=n} G_i''(x_i) \prod_{j \neq i} G_j(x_j)}{G_i(1)}$$

利用生成函数与矩的联系不难计算出偏导数

$$\begin{split} \frac{\partial \widetilde{G}}{\partial x_i}|_{x_1 = \dots = x_n = 1} &= \frac{G_i^{\prime\prime}(1) + G_i^{\prime}(1) \sum_{j \neq i} G_j^{\prime}(1)}{\sum_{j = 1}^{j = n} G_j^{\prime}(1)} \\ &= \frac{\mathbb{E} \left. T^{(i)^2} - \mathbb{E} \left. T^{(i)} + \mathbb{E} \left. T^{(i)} \right. \sum_{j \neq i} \mathbb{E} \left. T^{(j)} \right.}{\mathbb{E} \left. T^{(1)} + \dots + \mathbb{E} \left. T^{(n)} \right.} \\ &= \frac{\mathbf{Var} \left. T^{(i)} \right.}{\mathbb{E} \left. T^{(1)} + \dots + \mathbb{E} \left. T^{(n)} \right.} + \mathbb{E} \left. T^{(i)} (1 - \frac{1}{\mathbb{E} \left. T^{(1)} + \dots + \mathbb{E} \left. T^{(n)} \right.}) \right. \end{split}$$

从而可以用 $T^{(i)}$, T_i 计算基本传染数 R_0

$$R_0 = (1 - Q) \sum_{i=1}^{i=n} T_i \left(\frac{\mathbf{Var} T^{(i)}}{\mathbb{E} T^{(1)} + \dots + \mathbb{E} T^{(n)}} + \mathbb{E} T^{(i)} \left(1 - \frac{1}{\mathbb{E} T^{(1)} + \dots + \mathbb{E} T^{(n)}} \right) \right)$$

R₀ 与预测传染病发展

之前提到了 R_0 的数值意义可以理解为单个感染者平均能够传染的人数,这个数据在传染病学中常常作为衡量传染病传播能力的重要参数。理论上有如下结论。

R_0 判据

如果上述传染病模型的 $R_0<1$ 则传染病几乎必然会消失 (灭绝概率为 $\mathbf{P}_\infty=1$,一定会被控制); 如果 $R_0>1$ 则存在非零的灭绝概率 $1>\mathbf{P}_\infty>0$ 。

这个结论可以简单说明如下,由于生成函数 Z(x) , $\widetilde{Z}(x)$ 都是下凸的,那么根据中值定理可知

$$|Z(x_1) - Z(x_2)| \le |Z'(1)||x_1 - x_2| = R_0|x_1 - x_2|, \quad x_1, x_2 \in [0, 1]$$

如果 $R_0<1$ 可知 Z,\widetilde{Z} 是收缩映射,根据 Banach 不动点定理可知其在 [0,1] 上有唯一的不动点 $x_0=1$ 对应了唯一的灭绝概率是 $\mathbf{P}_\infty=1$ 。另一方面如果 $R_0>1$ 而且 $Z(0),\widetilde{Z}(0)>0$ 对 Z(x)-x 或者 $\widetilde{Z}(x)-x$ 应用费马中值定理可知在 (0,1) 区间上有不动点 x_{00} 对应了一个非零的灭绝概率。

R₀ 与预测传染病发展

图像说明

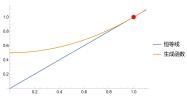


图: 基本传染数小于一

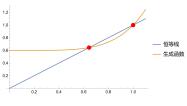


图: 基本传染数大于一

最小隔离率

如果可以人为控制隔离政策和监测方式即增加 Q 值,可以预见到这样做会使得传染病演化为流行病的可能性减小。自然要问 Q 至少增大到多少才能使得传染病不可能一直传播下去,也就是采取多强有力的防控政策可以控制住传染病的传播。这个最小值就是最小隔离率,记作 Q_{min} 。

根据上面的推导可以得到一个下界

$$Q_{min} > 1 - \frac{1}{R_0^{\text{free}}}$$

这里的 R_0^{free} 是指不进行任何政策干预的情况下 (Q=0) 上述模型的基本传染数

 $R_0^{
m free}=R_0(0)=rac{dZ^{
m free}}{dx}|_{x=1}$ 。这里的 $Z^{
m free}$ (或取 $\widetilde{Z^{
m free}}$) 是将参数 Q 设置为零的生成函数。

这是因为无论对于 Z 还是 \widetilde{Z} 而言都有

$$Z(x) = Q + (1 - Q)Z^{\text{free}}(x), \quad \widetilde{Z}(x) = Q + (1 - Q)\widetilde{Z^{\text{free}}}(x)$$

那么取 x=1 处的导数就有

$$R_0 = (1 - Q)R_0^{\text{free}}$$

为了完全控制传染病流行需要 $R_0 < 1$ 所以代入上式得到 $Q_{min} > 1 - \frac{1}{R_0^{\rm free}}$ 。

◆ロト ◆問 ト ◆ 豊 ト ◆ 豊 ・ り Q ②

数据分析与讨论

实际建模

考虑两类接触方式

为了简洁这里选取论文中的一个例子,套用之前两节讲解的理论进行建模。 对于社会上的可能被感染/可能有传染力的人,假设其在日常生活中有两类明显不同的接触类型,一种是和熟人 (例如亲人朋友) 的接触,这种接触的人数上限可以假设是有限的(假设普通人的朋友不可能无穷多),而且接触后染病的概率也应该相应高一些,这样有

$$G_1(x) = p_0 + p_1 x + \dots + p_n x^n = \sum_{s=0}^{s=n} \mathbb{P}(k_1 = s) x^s$$

是一个多项式分布(生成函数是一个多项式,分布是有限值分布)。

第二种接触是和陌生人的接触 (例如乘坐公共交通进出人员聚集的公共场所),这种接触可以近似成一个无记忆的等待队列 (离散泊松过程),根据概率论的知识和课程中的讲授可比较合理地将其近似为泊松分布 $\operatorname{Possion}(\lambda)$,于是生成函数如下

$$G_2(x) = \sum_{s=0}^{+\infty} \frac{\lambda^s}{s!} e^{-\lambda} x^s = e^{-\lambda} \sum_{s=0}^{+\infty} \frac{(\lambda x)^s}{s!} = e^{\lambda(x-1)} = \exp(\lambda x - \lambda)$$

根据上面假设可以得到 $\widetilde{G}, \widetilde{Z}, R_0$ 等关键参数的表达式。

◆□ ▶ ◆□ ▶ ◆□ ▶ ◆□ ▶ ◆□ ◆ ○○○

实际建模

参数的估计和计算

在该论文中详细讨论了以下几种传播模式的计算

- 有限分布/泊松分布
- 泊松分布/泊松分布
- 带有隔离政策和防控意识 Q, f_1, f_2 的泊松分布/泊松分布
- 带有隔离政策和防控意识 Q, f_1, f_2 的多项式分布/泊松分布

由于上述讨论都是繁琐的计算,限于报告篇幅就不详细说明了。

某些国家的数据

论文中作者取 G_1 是一个五次多项式, G_2 是一个带有隔离概率的泊松分布母函数即

$$G_1(x) = p_0 + \dots + p_5 x^5$$
, $G_2(x) = f + (1 - f)e^{-N_2(1 - x)}$

从而

$$\begin{split} \widetilde{Z}(x) &= Q + (1-Q) \frac{G_1^{'}(T_1x + (1-T_1))G_2(T_2x + (1-T_2)) + N_2G_1(T_1x + (1-T_1))e^{-N_2T_2(1-x)}}{G_1^{'}(1) + N_2} \\ R_0 &= Q + (1-Q) \frac{T_1G_1^{''}(1) + (1-f)N_1N_2(T_1 + T_2) + (1-f)N_2^2T_2}{G_1^{'}(1) + N_2} \end{split}$$

应用了 2020 年初期德国,西班牙,葡萄牙,巴西等国新冠病毒 (COVID-19) 感染者的数据估计了必要参数如 Q,T_i,f,p_i 等,然后计算了 R_0 和 \mathbf{P}_{∞} 。如下表。

国家	R_0	\mathbf{P}_{∞}	$Z(\mathbf{P}_{\infty})$
德国	2.81	0.0852	0.0855
西班牙	3.44	0.039	0.039
葡萄牙	3.4	0.04	0.04
巴西	3.82	0.026	0.026



传染病早期传播模型

为什么在传染病流行后期,分支过程的建模可能不再准确?需要考虑偏微分方程 模型如 SIR 模型。

为什么在传染病流行后期,分支过程的建模可能不再准确?需要考虑偏微分方程 模型如 SIR 模型。

是否可以改善这个模型对传染病发展进行预测,进而根据预测结果对模型进行修 正 (例如修正参数)?

传染病早期传播模型

报告结束 感谢聆听