

Problem Chosen

B

2022
SJMMMA
Summary Sheet

Team Control Number

22067984

Summary

疫情传播与阻击

IMMC22067984

2022 年 5 月 11 日

目录

1 论文介绍 1

1.1 背景介绍 1

1.2 文献综述 1

1.3 问题重述 2

1.4 我们的工作 2

2 基本假设 3

3 模型 A: “SI+V” 模型 4

3.1 模型总览 4

3.2 模型假设 4

3.3 变量与常量 4

3.4 基础模型 5

4 模型 B: 7

4.1 模型总览 7

4.2 模型假设 7

4.3 变量与常量 7

4.4 模型分析 8

4.5 模型建立 8

4.6 考虑封控对模型的影响 9

5 模型测试 10

5.1 分析预测数据与实际数据的偏离 10

5.2 对疫情未来走向的预测 11

5.3 分析不同地区疫情传播差异 12

6 模型应用 12

6.1 阻断疫情传播的途径 12

6.2 变量与常量 13

6.3 阻击策略的影响因素 13

6.3.1 核酸频率 13

6.3.2 封锁范围 14

6.3.3 封锁程度 14

7 敏感度分析 16

8 优缺点分析 17

参考文献 18

1 论文介绍

1.1 背景介绍

在经历了 2019 年的疫情爆发之后, 最近全球许多城市正面临着新冠疫情的反弹。中国许多城市也同样面临着这样的危机。中国坚定不移贯彻“动态清零”总方针, 落实落细社会面各项防控措施, 牢牢守住不发生疫情反弹的底线, 优化完善常态化防控举措, 加快企业复工复产进度, 更好统筹疫情防控和经济社会发展。新冠疫情已经严重影响到了人们的生产生活, 所以阻击新冠疫情, 快速恢复经济生产, 使人们的生活回到正轨, 成为了政府工作的重中之重。

但阻击疫情传播的策略对疫情传播的影响均存在不确定性, 这是因为在社会层面有很多因素的影响, 例如居民的疫苗接种程度、检测机构的检测能力、**人群转运**的速度等。**人员转运**与居民的生活保障也对疫情的防控产生影响。

1.2 文献综述

关于传染病的传播模型, 已经有很多科研工作者进行了相关的研究, 例如传染病传播中最为经典的“SIR”模型。

有学者研究了 SIR 模型对于处理“COVID-19”的稳定性, 其主要研究了一类具有饱和发生率和暂时免疫力的传染病 SIR 模型, 通过“再生参数 R_0 ”这一参数, 大致地确定了一个传染病是否会成为流行病, 以及是否会持续性传播。同时也说明了 SIR 模型对于新冠病毒来说, 是基本稳定的, 这对我们之后的模型建立有了很大的启发。因此我们考虑从 SIR 模型这一基础模型着手, 建立新的模型。

另外也有很多学者研究了阻断疫情传播的方法, 分析了中国的疫情管控方案并与同期国外的管控措施进行比较。其中有一篇论文提出应用“房室模型”动力学认识新型冠状病毒肺炎 (COVID-19) 爆发期的传播规律。

论文中提到中国采取了“封城”“隔离”和“戴口罩”等方式, 它们主要通过阻断传播途径, 从而阻止疫情传播, 并取得阶段性成功。研究分析病毒传播爆发期的动力学, 对认识并控制疫情爆发更具有实际意义。因此为科学判定传染病危害程度, 这些学者提出简化的“传播相”和“处置相”的“二房室”模型, 在基于此分析之后得出结论: 处理好传播途径和控制传播速率是关键。

1.3 问题重述

这个问题需要我们分析各种社会因素对于疫情传播的影响，所以我们需要先建立一个基础的疫情传播的模型，然后在其基础上加入各个社会面的因素考量，从而建立出一个更加符合实际情况的疫情传播模型。我们主要将这个问题分为四个部分来进行处理，以下是我们的基础思路：

1. **模型准备**：寻找合适的基础的疫情传播感染模型，并确保这个模型具有可延伸性。
2. **模型建立**：在已有模型的基础上，加入一些基本的相关考虑因素，例如感染人数，疫苗接种率等，建立新的模型。
3. **模型优化**：在建立的模型的基础上，会加入更多社会层面的因素：
 - (a) 将检测与转运能力以及医疗水平和资源纳入考虑范围；
 - (b) 分析预测数据和实际数据的偏离的原因；
 - (c) 进一步优化重要参数的确定。
4. **模型应用**：在模型基础上对阻断疫情传播的策略进行量化。
 - (a) 根据模型的相关参数和传染病传播规律等，挖掘可能阻断疫情传播的策略。
 - (b) 对于阻断策略进行评估，量化其对疫情传播的影响和恢复正常经济生活的积极影响。

1.4 我们的工作

1. 对于模型准备，我们进行了一些基本的假设，例如忽略自然出生率与死亡率，新冠病毒的感染不会达到饱和等。
2. 对于模型建立，我们考虑了以下几个方面：
 - (a) 感染人数
 - (b) 总人口数量

- (c) 疫苗接种率
- 3. 对于模型优化, 我们加入了更多的考虑因素。由于基础的模型中, 我们考虑的因素过于理想化, 我们又考虑了:
 - (a) 政府的转运能力
 - (b) 病毒的潜伏期
 - (c) 我们的模型结果与实际数据的偏差
- 4. 对于模型应用, 我们基于模型与现实情况:
 - (a) 给出了可能阻断疫情传播的策略
 - (b) 对该策略进行量化分析, 主要是传播方面与经济方面

2 基本假设

1. 已感染新冠病毒的人数远小于总人口数。

为了简化模型, 在模型的计算中我们不考虑一个人被多人感染的情况。即一个人感染新冠病毒, 只是因为受到了一个已感染新冠病毒的人的影响, 而不是与多个新冠患者接触而造成的重复感染。同时, 根据目前全球新冠确诊人数的数据看来, 这一假设也基本是立足于现实情况的。

2. 忽略自然出生率与死亡率, 假设总人口数 (包括死亡病例) 不变。

自然出生率与死亡率与疫情的传播无关, 因此在这个模型中不予以考虑。

3 模型 A: “SI+V” 模型

3.1 模型总览

在这个模型中，我们主要基于感染人数与疫苗接种率建立模型。根据假设，新冠的感染是不会达到饱和的，在这个假设的基础上，我们列出了方程组，并得出了在疫情爆发前期，感染人数是呈指数型增长的。

3.2 模型假设

1. 疫情传播只跟感染人数，总人口数和疫苗接种率相关。

这一模型的主要目的是为之后的模型服务，我们在后期模型的建立中会将其应用于对于前期隐秘传播的情况的模拟。在隐秘传播时，没有足够医疗资源供应，也不会对感染者进行隔离管控，所以在这时假设疫情的传播只与这三个因素有关是很合理的。

2. 已感染新冠病毒的人不会康复。

由于这个模型考虑的是一个短时间的疫情传播情况，而且没有足够的医疗资源和严格的管控措施，所以感染新冠病毒的患者在短时间内几乎不能康复。同时，为了简化模型的计算，我们假设，在这段时间内，所有感染新冠病毒的人都不会康复。

3.3 变量与常量

表 1: 模型 A 变量统计

变量名	变量含义
S_1	未感染新冠病毒且未接种过疫苗的人在总人口中的占比
S_2	未感染新冠病毒且已接种过疫苗的人在总人口中的占比
I	已感染新冠病毒的人在总人口中的占比
V	接种过疫苗的人在总人口中的占比
$P_1(I)$	单位时间内未接种过疫苗的人被感染的概率
c_1	使得 $P_1(I) = c_1 I$ 的与 I 无关的常数
$P_2(I)$	单位时间内接种过疫苗的人被感染的概率
c_2	使得 $P_2(I) = c_2 I$ 的与 I 无关的常数

3.4 基础模型

由于在这个模型中，我们只考虑疫情传播和感染人数，总人口数和疫苗接种率相关，因此我们可以认为，在疫情的传播过程中，并没有其它影响因素的干预。例如相关的医疗救助或者隔离管理。在这里我们考虑的是一个最为基础的传播情况，即没有防控与管理，是病毒“自然”传播的情况。这个模型也可以被用于对新冠病毒起初隐秘传播的情况的模拟与考虑。

我们将人口进行了合理的划分，分为 S_1, S_2 和 I 三部分，这三者之间没有重叠，因此：

$$S_1 + S_2 + I = 1 \quad (1)$$

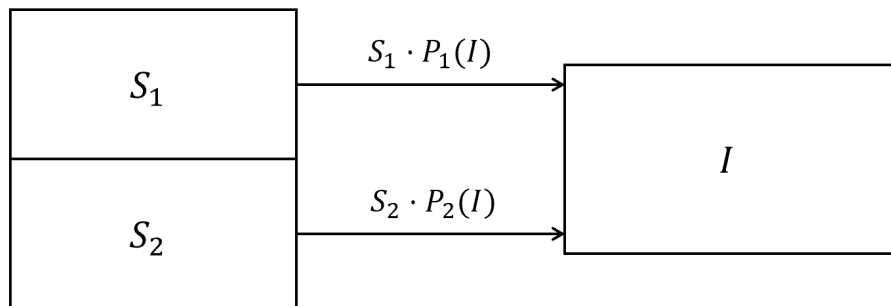


图 1: 模型 A 新冠传播情况示意图

如上图所示，在每一刻，每一个已经感染新冠病毒的人都有一定概率会将病毒传播给一些没有感染的人。对于每一个未感染新冠病毒的人，其受感染的可能性与其接触的人群中感染的人数成正比。而这个比例系数对于接种了疫苗的未感染者和未接种疫苗的未感染者是不同的，这就是我们考虑疫苗接种率的体现，同时也是我们将未感染人群按照是否接种了疫苗划分的原因。

从而，我们可以得到一个 (S_1, S_2, I) 变化的方程组：

$$\begin{cases} \frac{dS_1}{dt} = -c_1 S_1 I \\ \frac{dS_2}{dt} = -c_2 S_2 I \\ \frac{dI}{dt} = c_1 S_1 I + c_2 S_2 I \end{cases}$$

这个方程中，等号左边表示的是随着时间 t 的变化， S_1, S_2 和 I 的变化，而在等号右边，则是不同的参数 c_1 与 c_2 与 I 导致的变化。

就这个方程本身而言，我们难以给出简单形式的解以及该方程的解无法直观体现病毒传播的情况。但由于我们这个模型是建立在感染人数远小于总人数的情况下的，即 $I \ll 1$ 。在这种情况下，这个方程组是合理的。

由于 I 在此处的数量相对于总人口可以忽略，所以我们不妨认为：

$$\begin{cases} c_1 S_1 I = 0 \\ c_2 S_2 I = 0 \end{cases}$$

因此我们可以得到：

$$\begin{cases} \frac{dS_1}{dt} = 0 \\ \frac{dS_2}{dt} = 0 \\ \frac{dI}{dt} = (c_1(1 - V) + c_2 V)I \end{cases}$$

同时我们也可以写出简单的解：

$$I = C e^{kt} \quad (2)$$

其中 $k = c_1(1 - V) + c_2 V$ 。

可见，在不采取管控措施的情况下，在病毒传播的前期， I ，即感染人数的占比，是以指数形式增加的。

4 模型 B:

4.1 模型总览

立足现实，我们会知道新冠病毒的传播不会仅和感染人数与疫苗接种率有关。所以在这个模型中，我们考虑更加社会层面的影响因素，例如转运能力与潜伏期等，这也会涉及到更多的参数。

我们考虑将转运能力与潜伏期加入公式，这二者是限制条件。而模型 A 依旧可以模拟前期的隐秘传播。

我们将新增的新冠患者分为实际新增与报道新增两类，考虑到报道的新增会有一定的延迟，所以这二者之间会有一定的差距。

4.2 模型假设

1. 新冠病毒在每个感染者身上的潜伏期相同。

为了简化模型，同时新冠在不同人身上的潜伏期的数据难以获取，并且太过于微观，因此我们将这种微小的差距忽略，取平均进行计算。

2. 疫区内各地的转运能力相同。

为了简化模型和从宏观层面建立模型，我们将其取平均处理。

4.3 变量与常量

表 2: 模型 B 变量统计

变量名	变量含义
S	未感染新冠病毒的人在总人口中的占比
I	已感染新冠病毒的人在总人口中的占比
V	接种过疫苗的人在总人口中的占比
$In(x)$	每个人感染新冠病毒的概率关于现存未收治的新冠患者 x 的函数
c_t	使得 $In(x) = c_t x$ 的与 x 无关的常数
$A(t)$	第 t 天的累计实际感染人数
$R(t)$	第 t 天的累计检测感染人数
N_t	该地区一天最多能够转运的人数
T_t	该地区新冠患者从被感染到被收治的时间

4.4 模型分析

在模型 A 中, 我们建立的疫情传播模型是建立在没有相关管控措施的基础上的, 我们可以将该模型应用于局部实际疫情的模拟。即前期疫情传播隐秘传播的情况, 这里我们都可以应用模型 A 的公式, 对这种情况进行计算。

因此我们可以考虑微观层面的传播情况, 但由于不同城市的人口基数不同, 以及很难对于单个人或者街区进行跟踪。而且不同地区的相关防疫措施不同, 这从微观层面是很难全面考虑到的, 也不能建立一个通用的数学模型。因此考虑延续模型 A 的思路, 从宏观层面对问题进行分析。

4.5 模型建立

根据假设, 健康的人数远大于感染新冠病毒的人数。而且在宏观层面而言, S_1 与 S_2 的区别无需再考虑, 因为疫苗接种率在一个参数中已经会有体现, 无需再把人分为不同的类别来增加计算的复杂度。

同时, 我们考虑将模型 A 中的系数进行合并。由于不再考虑是否接种疫苗这一差异, 因此就无需采用两个不同的参数 c_1 和 c_2 来描述一个人的感染率, 因此我们引入一个新的参数 c_t , 其可以表示为:

$$c_t = (1 - p)c_1 + pc_2, (p \in (0, 1)) \quad (3)$$

c_t 这个参数可以体现出地域性的差异。由于疫苗接种率在不同城市与地区之间是不同的, 这会导致 c_t 有明显的变化。

在这个模型中, 我们考虑并且计算已经具有传染能力但没有进行及时的收治的新冠患者导致的疫情传播。一个人从具备传染能力到这个人被转运的时间差, 极有可能造成社区传播等情况。每一天, 病毒从未收治的人群传染到健康人群。

根据假设, 这个过程中, 涉及到的感染者远小于总人口, 所以可以认为每一条传播链都是独立的, 不会互相影响。由此我们可以得到:

$$\frac{dA}{dt} = In(A - R) \quad (4)$$

由于新增感染数与未收治感染数成正比关系, 所以:

$$\frac{dA}{dt} = c_t(A - R) \quad (5)$$

根据假设, 每个人的潜伏期与转运时间都相同, 由此我们可以得到:

$$\frac{dR}{dt}|_x = \min(A(x - T_t) - R(x), N_t) \quad (6)$$

结合前文, 我们可以得到:

$$\begin{cases} A(0) = A_0 \\ R(0) = 0 \\ \frac{dA}{dt}|_x = c_i(A(x) - R(x)) \\ \frac{dR}{dt}|_x = \min(A(x - T_t) - R(x), N_t) \end{cases}$$

4.6 考虑封控对模型的影响

对于疫情的传播, 在进行了大规模的封控前后, 疫情的发展趋势是不同的。如果在疫情到达峰值或在采取防控措施前后, 使用同样的参数 c_t , 则前后两种情况都会以相同的趋势发展, 即感染人数持续增加或者持续减少。

所以在这里我们考虑 c_t 疫情到达峰值或采取管控措施之后所产生的变化。这一传播系数也会随着时间的推移同时发生变化。因此考虑使用 r_1 与 r_2 分别表示前后的传播系数 c_t 。

$$\frac{dA}{dt}|_x = \begin{cases} r_1(A(x) - R(x)) & 0 < x < d \\ r_2(A(x) - R(x)) & x \geq d \end{cases}$$

5 模型测试

为了验证我们模型的有效性以及精确性，我们将其应用于实际生活中的疫情爆发城市，并进行预测。同时，我们还需要分析预测数据与实际数据的偏离是如何造成的，这种偏差是否科学合理，还是由于模型本身的局限性亦或者是其它因素导致的。

同时我们需要考虑不同地区的疫情传播情况是否有所不同，并是由什么因素决定的。在这里我们不考虑不同的疫情阻击策略，因为在这里我们需要测试的是该模型是否能体现出足够的地域差异，例如当地的疫苗接种率、转运能力等，而不是防控策略对该模型产生什么影响。

5.1 分析预测数据与实际数据的偏离

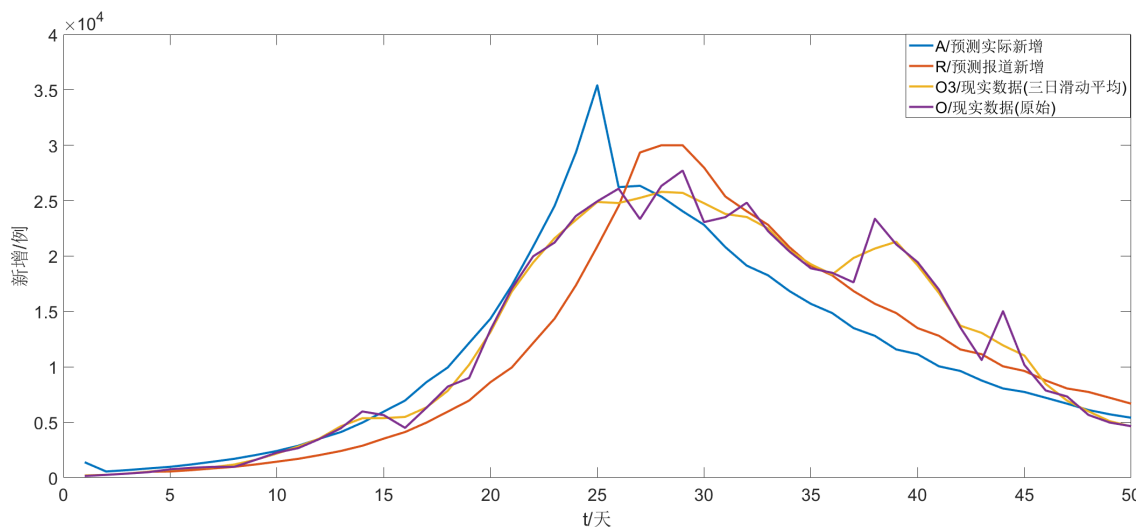


图 2: 上海地区本轮疫情实际每日新增与预测每日新增

该图主要体现了上海地区本轮疫情的报道每日新增与我们预测的现实每日新增和报道每日新增的差异。同时我们还对实际数据进行了处理，图中黄色的折线即为取三日滑动平均以后的官方公布数据。这样会使得折线更为光滑，能相较于原始数据而言，更好地体现每日新增变化的趋势。

图表中的第 0 天指 3 月 15 日，由于在 3 月 15 日前，上海地区并没有实行停

课或停工等措施, 所以病毒在此时几乎是处于自由传播的状态, 在此处对比预测数据与实际数据会造成很大的偏差。且这种偏差的真实大小是很难以评估的, 因为在疫情传播初期, 实际已经感染的人数与官方公布的感染人数相差很大, 因此在此处我们将 3 月 15 日作为上海本轮疫情爆发的第 0 天。

在这张图表中, 我们可以看预测的实际新增确诊 (蓝色的折线) 在第 25 天达到**巅峰**之后又迅速回落, 那是因为**在第 25 天, 上海市全面落实了全域静态管理**, 所以从宏观层面上而言, 就不会再延续之前增长的趋势, 后续呈回落状态。

而我们预测的报道新增, 在 25-30 天处于高位平台期, 那是因为**前期积累的确诊病例受到检测能力的限制**, 只能将在前几天实际已感染的病例分数天报道完。第 30 天后就大致呈回落状态。

从这张图中, 我们可以得知, 我们模型预测的日新增变化趋势与实际情况是大致相符的。其中我们预测的报道新增与实际的报道新增之间会有一定的偏离, 造成这个问题的主要原因是被隔离到被报道之间的时间差的确切数据无法准确获取。所以这种偏离是不可避免的。

5.2 对疫情未来走向的预测

此处以本轮上海疫情爆发为例。即从第 50 天开始, 经预测, 本轮疫情将至第 75 天结束, 即 5 月 31 日。

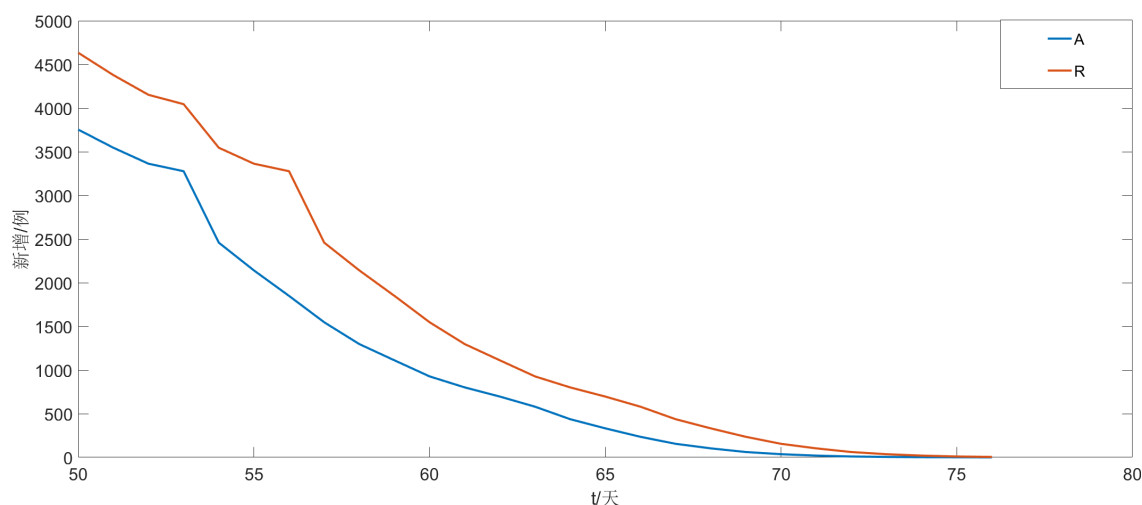


图 3: 对上海本轮疫情未来走向的预测

在这个过程中需要注意的是 c_j 会随着时间的变化而变化。管控能力与检测能力的提升, 会使得 c_j 不断降低, 因此才会在 5 月 31 日达成清零。

5.3 分析不同地区疫情传播差异

6 模型应用

6.1 阻断疫情传播的途径

根据传染病学的基础理论, 阻断一种传染病传播的途径有三种: 控制传染源, 传播途径与易感人群。我们针对这三个方面, 提出了三种可能阻断疫情传播的途径:

1. 全员疫苗

全员接种疫苗, 是保护易感人群的一种途径。这样会使得该地区所有人对该病毒的免疫能力增强。具体的实施措施即为定时进行一次全体疫苗接种。这种阻断疫情传播的途径, 最后只需要将目光聚焦于危重症的患者, 因为不断地接种疫苗, 轻症患者甚至可以实现自愈, 不用占用医疗资源。但这种阻断方法在老龄化较为严重的地区并不适用, 由于老年人口基数太大, 危重症病例的出现概率会变得更高, 会导致医疗资源的挤兑。

2. 隔离管控

隔离管控措施, 是目前中国主要采取的一种阻断疫情传播的措施。其实质是阻断病毒的传播途径。封控区域的范围会根据疫情传播的严重程度而变化, 从封城至封楼, 都是根据疫情传播的规模而定的。这种封控措施可以最大程度上保证人民的生命安全不受到危害, 尽管这一措施对于经济会有很大的影响, 但其对人们生命本身的损失已经降至最低。当然这种措施也会导致很多经济方面的危机, 例如中小微型企业没有收入来源, 有一些大型企业的现金流也会出现危机, 第三产业的失业率会增高, 人民的生活质量下降等。可同时, 这一措施, 就目前的手段而言, 是最符合中国的国情的。所以这一阻断途径对于那些迫切需要动态清零的地区, 相对有效。

3. 使用特效药

这一阻断方式主要是控制**感染源**。目前市场上已经研发出了一部分特效药并**证明较为可观的治愈率**，在未来也会有更多的特效药被研发，因此这一阻击手段具有前瞻性与可持续发展性。如果采取这样的阻断措施，则新冠病毒最后有可能会演变为和流感一样的流行病。但同时需要注意的是，特效药的成本就目前而言非常昂贵，且在不采取别的管控措施以及一人可能会多次感染新冠病毒的情况下，政府可能需要承担很大一笔市民的医疗费用。

6.2 变量与常量

表 3: 模型 B 变量统计

变量名	变量含义
T_f	平均两次核酸检测间隔天数
T_0	平均潜伏期天数
N_i	封锁范围等级 i 时，造成的经济损失人数
s_i	封锁范围等级为 i 时，病毒传播至封锁区域外的概率
E_j	封锁程度等级为 j 时，平均每人的经济产出下降

6.3 阻击策略的影响因素

6.3.1 核酸频率

进行核酸检测的频率与转运时间有关。进行核酸检测越频繁，则可以更加及时的发现感染者并进行及时的转运。因此进行核酸检测的频率越高，转运时间，即 T_t ，越短。

进行核酸检测的频率可以通过 T_f **反应**，二者之间呈反比例关系。所以可以用 $\frac{1}{T_f}$ 反映出进行核酸检测的频率。而在计算进行核酸检测的频率对 T_t 的影响时，使用 T_f 来进行计算更为简单。

从微观层面而言，每一个感染者的转运时间 T_0 都与 T_f 有关，但 T_f 在计算中的具体权重我们无法确定，**只能知道，所以我们可以得到**，就每个感染者而言：

$$T_t = T_0 + \epsilon T_f \quad (7)$$

其中 ϵ 为 $(0,1)$ 中的随机数。然后从宏观层面而言, 平均的 T_t 可以表示为:

$$T_t = T_0 + \frac{1}{2}T_f \quad (8)$$

6.3.2 封锁范围

在进行封控管理的这段时间内, 封锁范围的不同, 会导致封锁范围内的经济产出下降, 同时, 病毒也有一定概率会传播至封锁范围之外。

可见, 在此时我们有必要对封锁范围的大小进行划分。参考各地目前封锁的范围, 可将其划分为不同的等级。

表 4: 封锁范围的划分

封锁范围等级 (i)	对应封锁范围	N_i	s_i
0	不进行封锁措施	N_0	s_0
1	封锁确诊病例所在居民楼	N_1	s_1
2	封锁确诊病例所在小区	N_2	s_2
3	封锁确诊病例所在街道	N_3	s_3
4	封锁确诊病例所在城市	N_4	s_4

显然, $N_0 < N_1 < N_2 < N_3 < N_4$, $s_0 > s_1 > s_2 > s_3 > s_4$ 。

6.3.3 封锁程度

采取封控措施时, 除了封锁范围这一影响因素, 还有封锁的严格程度这一因素。封控管理越严格, 这对该地的经济影响就越大, 同时传播系数 c_t 也会随着减小。

在模型 B 中, 我们考虑了 c_t 前后值从 r_1 到 r_2 的变化, 在这里我们考虑更多 c_t 的变化情况。类似地, 我们将封控程度分为以下四个等级:

表 5: 封锁程度的划分

封锁程度等级 (j)	对应封锁措施	E_0
0	不进行封锁	E_0
1	减少社会面人员流动	E_1
2	禁止社会面人员流动	E_2
3	要求足不出户	E_3

则此时, 我们可以知道 c_t 对于不同的封锁范围, 封锁程度与进行核酸检测的频率的变化情况。 c_t 的表达式为:

$$c_t = \frac{s_i}{T_0} + r_j \quad (9)$$

显然, $E_0 < E_1 < E_2 < E_3$, $r_1 > r_2 > r_3$ 。

7 敏感度分析

8 优缺点分析

参考文献

ref