文章编号:1006-2475(2022)02-001-06

基于 SEIR-ARIMA 混合模型的新冠肺炎预测

董章功,宋 波,孟友新

(青岛科技大学,山东 青岛 266061)

摘要:新型冠状病毒肺炎简称新冠肺炎,是一种由新型冠状病毒引起的急性感染性肺炎,具有传染性强、人群普遍易感的特点。因此,对新冠肺炎感染人数的预测,不仅仅有利于国家面对疫情做出科学决策,而且有利于及时整合防疫资源。本文提出一种基于传统的传染病动力模型 SEIR 和差分整合移动平均自回归模型 ARIMA 构建的 SEIR-ARIMA 混合模型,对不同时间段、不同地点的新冠肺炎疫情做出预测和分析。从实验结果上看,基于 SEIR-ARIMA 混合模型的预测,比常见的用于新冠肺炎预测的逻辑回归 Logistic、长短期记忆人工神经网络 LSTM、SEIR 模型、ARIMA 模型有较好的预测效果。为了真实地反映出实验效果的提高是否源于 SEIR 与 ARIMA 模型结合的优势,本文还实现 SEIR-Logistic 混合模型和 SEIR-LSTM 混合模型,并与 SEIR-ARIMA 对比分析得出,SEIR-ARIMA 预测都取得更好的预测效果。因此,基于 SEIR-ARIMA 混合模型对新冠肺炎的发展趋势的分析相对可靠,有利于国家面对疫情的科学决策,对我国未来预防其他类型的传染病具有很好的应用价值。

关键词:新型冠状病毒肺炎; SEIR 模型; ARIMA 模型; 混合模型; 预测

中图分类号:R181.2+5

文献标志码:A

DOI: 10.3969/j. issn. 1006-2475. 2022. 02. 001

Prediction of COVID-19 Based on Mixed SEIR-ARIMA Model

DONG Zhang-gong, SONG Bo, MENG You-xin

(Qingdao University of Science and Technology, Qingdao 266061, China)

Abstract: Novel coronavirus pneumonia, referred to as COVID-19, is an acute infectious pneumonia caused by novel coronavirus, which is of highly infectious and generally susceptible to the population. Therefore, the prediction of the number of novel coronavirus pneumonia infections is not only beneficial for the country to make scientific decisions in the face of the epidemic, but also facilitates the timely integration of epidemic prevention resources. In this paper, a hybrid model SEIR-ARIMA constructed by the model SEIR based on the traditional infectious disease dynamics and the differential integrated moving average autoregressive model ARIMA is proposed to make prediction and analysis of the novel coronavirus pneumonia epidemic in different time periods and locations. From the experimental results, the prediction based on the SEIR-ARIMA hybrid model has better prediction effect than the common logistic regression Logistic, long short-term memory artificial neural network LSTM, SEIR model, and ARIMA model used for COVID-19 prediction. In order to truly reflect whether the improvement of the experimental effect originates from the advantage of combining SEIR and ARIMA models, this paper also implements the SEIR-Logistic hybrid model and SEIR-LSTM hybrid model, and compares the analysis with SEIR-ARIMA to conclude that both SEIR-ARIMA predictions achieve better prediction results. Therefore, the analysis of the development trend of COVID-19 based on the SEIR-ARIMA hybrid model is relatively reliable, which is conducive to the scientific decision-making of the country in the face of the epidemic and has good application value for the prevention of other types of infectious diseases in China in the future.

Key words: COVID-19; SEIR model; ARIMA model; hybrid model; prediction

0 引 言

2019年12月以来,湖北陆续在华南海鲜市场发现不明冠状病毒感染病例。2020年2月11日,世界

卫生组织宣布,将新型冠状病毒肺炎命名为 COVID-19^[1]。据研究表明,该病毒具有人传人的现象,因此,国家卫健委发布 1 号通告,将该新冠肺炎纳入乙类传染病,但采取甲类传染病预防、控制措施^[24]。

收稿日期:2021-08-18; 修回日期:2021-09-09

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(61572268,61303193,61402246); 山东省重点研发计划项目(2017GSF18110,2018GGX101029)

作者简介:董章功(1995—),男,山东淄博人,硕士研究生,研究方向:医疗大数据,E-mail: 2383588373@qq.com; 宋波(1977—),男,教授,博士,研究方向:软件工程,医疗健康工程,E-mail: 3106068309@qq.com; 孟友新(1953—),女,教授,博士,研究方向:网络安全,医学影象处理,E-mail: 3147261445@qq.com。

截至2020年3月5日,全国累计确诊人数80710人,其中湖北累计确诊人数67592人,占全国的80%以上。面对这场疫情,国家科学的相关举措显得尤为重要。因此,对新冠肺炎感染人数的预测,有利于国家决策的制定。随着疫情的发展,国家相关举措的施行、人员管制、社区防疫站等措施以及新冠病毒的变异,使得原有的新冠肺炎预测数学模型存在差异。因此,本文构建SEIR-ARIMA模型。

1 数据来源

自 2020 年 1 月 20 日以来,各省卫健委官网每天公布感染人数、疑似人数、死亡人数等数据。各应用平台通过卫健委官网对全国各省新冠肺炎数据进行收集统计,建立新冠肺炎专题疫情地图(http://ncov.dxy.cn/ncovh5/view/pneumonia)。本文主要是利用疫情地图为建模提供数据支持。

2 模型与评估方法

本文所提出的 SEIR-ARIMA 混合模型,由传统的传染病模型 SEIR 和差分整合移动平均自回归模型 ARIMA 这 2 种模型结合组成。传统的传染病模型虽然能够预测新冠疫情的发展趋势,但是受外界因素的影响很大,无法根据外界因素的改变进行模型外生变量(由模型以外的因素所产生,非模型本身产生的变量)的自我调节。因此,引入差分整合移动平均自回归模型 ARIMA, ARIMA 模型是由内生变量(模型本身产生的变量)确定的,不受外生变量的影响。因此,ARIMA 模型可以很好地解决 SEIR 的弊端。利用 2 种模型的预测结果,通过线性回归能够很好地表现出 2 种模型的预测结果与真实值之间的线性关系,通过不断学习修改,从而提高模型预测的准确性。

2.1 SEIR 模型

新型冠状肺炎是一种传染性疾病,常见的传染性模型按照传染病类型分为 SI、SIR、SEIR 等模型,按照传播机理又分为基于常微分方程、偏微分方程、网络动力学的不同类型^[5]。据国家卫健委与国家中医药管理局公布《新型冠状病毒感染的肺炎诊疗方案(试行第四版)》文件表明:新型冠状病毒与 2003 年的SARS 病毒同源性达 85%,都属于冠状病毒这个大家族^[6]。有关 SARS 传播动力学研究多数采用的是 SIR或 SEIR 模型^[7]。但是据报道研究表明,新冠肺炎存在潜伏者,因此采用具有潜伏者的 SEIR 模型更合适。

2.1.1 SEIR 模型介绍

SEIR 模型是一种国际通用的传统传染病模型。该模型是研究传染病的传播速度、感染人数以及发展趋势等问题的一种非线性动力学模型,对传染病有效控制和预防具有指导的作用^[8]。该模型引入潜伏人

群的概念,将人群分为4类,分别是易感人群、潜伏人群、感染人群、康复人群^[9]。其中潜伏人群指接触过感染者,但暂无能力传染给其他人的人群^[10]。SEIR模型通过这4类人群之间的关联关系建立微分方程,是一种典型的传染病模型。

2.1.2 SEIR 模型建立

如图 1 所示, SEIR 模型首先分别用符号 $S \setminus E \setminus I \setminus R$ 来表示易感人群、潜伏人群、感染人群、康复人群这 4 种人群的数量[11]。假设一个区域内总人数为 N,即 N = S + E + I + R,每天感染者接触的人数为 P,健康人比例为 S/N,其中易感人群按照比例 A 转化为潜伏人群,潜伏人群按照比例 B 转化为感染人群,感染人群疾照比例 C 转化为康复人群[12]。在此模型上可以建立如下微分方程:

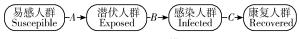


图 1 SEIR 模型

$$\frac{\mathrm{d}S}{\mathrm{d}t} = \frac{-PAIS}{N} \tag{1}$$

$$\frac{\mathrm{d}E}{\mathrm{d}t} = \frac{PAIS}{N} - BE \tag{2}$$

$$\frac{\mathrm{d}I}{\mathrm{d}t} = BE - CI \tag{3}$$

$$\frac{\mathrm{d}R}{\mathrm{d}t} = CI \tag{4}$$

2.2 ARIMA 模型框架

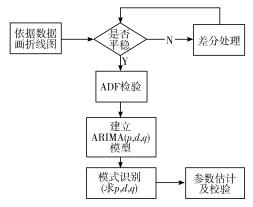


图 2 ARIMA 建模步骤图

ARIMA 模型是一种时间序列预测方法,主要捕获历史数据的波动,描述当前值与历史值之间的关系^[13-14],适用于含时间序列的新冠肺炎预测,而且其自身模型是借助内生变量构建,不受外生变量影响,可很好地解决外界因素的干扰。建模步骤如图 2 所示。

2.2.1 平稳性检测

平稳时间序列是 ARIMA 模型预测的重要前提,通过时间序列上的平均值反映样本数据的波动情况,通过标准差反映样本数据的离散程度,从而做出平稳性假设。然后通过单位根检验(ADF 检验)在数据层面直观地验证假设。

平均值公式:

$$\overline{x} = \frac{x_1 + x_2 + \dots + x_n}{n} \tag{5}$$

标准差公式:

$$S = \sqrt{\frac{\sum_{i=1}^{n} (x_i - \bar{x})^2}{n-1}}$$
 (6)

其中, x_i ($i=1,2,\dots,n$)表示 t 时刻感染人数。

2.2.2 数据平稳性处理

如果该时间序列数据存在离散性,无法顺着现有的形态延续下去[15-16],可能会增加新冠肺炎预测值与真实值之间的误差,这也是对新冠肺炎相关数据进行平稳性检验与处理的重要原因之一。数据离散可以通过采用差分的方法,使离散的时间序列数据平稳化[17]。

差分运算过程:

一阶差分:

$$\Delta y_t = y_{t+1} - y_t$$
 (7)
其中, y_{t+1} , y_t 分别表示时间序列在 $t+1$ 与 t 的值。

二阶差分:

$$\Delta(\Delta y_t) = \Delta(y_{t+1} - y_t) = \Delta y_{t+1} - \Delta y_t \tag{8}$$

二阶差分是在一阶差分的基础上进行运算,其中, Δy_{t+1} , Δy_t 分别表示时间序列 y 在 t+1 与 t 的一阶差分值。

2.2.3 ARIMA 运算过程

$$\hat{y}_{t} = \mu + \phi_{1} \times y_{t-1} + \dots + \phi_{p} \times y_{t-p} + \theta_{1} \times e_{t-1} + \dots + \theta_{q} \times e_{t-q}$$
(9)

其中, ϕ 表示 AR 的系数, θ 表示 MA 的系数,p 为自回归项,q 为移动平均项数^[18],e 为误差。p、q 暂时未知,需要通过自相关函数 ACF (Autocorrelation Function) 和偏自相关函数 PACF (Partial Autocorrelation Function)确定。

1)自相关函数 ACF,不仅受其他变量的影响,而且还与其他变量存在相关的关系,所以 ACF 里含有其他变量影响因子[19]。

$$ACF(k) = P_k = \frac{Cov(y, y_{t-k})}{Var(y)}$$
 (10)

2)偏自相关函数 PACF,排除其他变量的相关影响下,k时间内 y_{t+k} 和 y_t 之间的关系。

PACF(k) =
$$\frac{\text{Cov}[(y_{t} - \hat{y}_{t})(y_{t+k} - \hat{y}_{t+k})]}{\sqrt{\text{Var}(y_{t} - \hat{y}_{t})} \sqrt{\text{Var}(y_{t+k} - \hat{y}_{t+k})}}$$
(11)

2.3 SEIR-ARIMA 模型构建

SEIR 模型可以较好地预测疫情的发展趋势,但是对于初始的传染概率等外在因素也只是估算的,在国家采取疫情防控的措施下,传染概率也会随之降低,因此 SEIR 无法根据历史的波动数据,进行模型的自我调节。ARIMA 模型虽然是基于时间序列预测的模型之一,但是具有由内生变量所决定不受外界因素干预的优点,很好地弥补了 SEIR 模型的弊端。因

此,为了更加准确地预测疫情的发展趋势,本文通过 对 SEIR 模型预测结果和 ARIMA 模型预测结果进行 线性回归建模,形成了 SEIR-ARIMA 混合模型。 SEIR-ARIMA 混合模型的优势是既学习到了一般传 染病的发展趋势,又避免后期因管控措施、病毒变异 等影响,造成外生变量的改变,而进行的分阶段划分 分析,可以根据历史数据的发展趋势,统筹地预测接 下来疫情发展的优点。SEIR-ARIMA 模型是通过 SEIR 模型和 ARIMA 模型预测结果线性回归建模,而 线性回归是研究因变量与自变量之间关系[20],在线 性回归中,自变量可以是连续的,也可以是离散 的[21]。通过一元线性方程或者多元线性方程,找到 SEIR 模型预测值与 ARIMA 模型预测值之间的内部 关系,形成最佳的线性拟合直线[22]。本文认为 SEIR 模型和 ARIMA 模型存在线性相关性,使用 SEIR-ARIMA 模型进行预测步骤如下:

1)SEIR 模型预测。

通过对 2020 年 1 月 20 日至 2020 年 2 月 10 日 疫情数据进行分析,结合相关研究以及参数的优化,得到其预测值 f。

2) ARIMA 模型预测。

将疫情历史数据作为输入值,检验时间序列数据是否平稳化,采用 ADF 验证假设。若不平稳就通过一元差分、二元差分等方法,直到数据平稳化 $^{[23]}$ 。通过计算 ACF 和 PACF 得到 p、q 的值,建立 ARIMA 模型。训练样本集,优化模型,得到预测值 e。

3) SEIR-ARIMA 模型构建。

SEIR-ARIMA 模型构建以上述所得的 2 种模型的预测值 f, e 为输入值, 真实数据为目标值, 采用线性回归建模, 计算 SEIR-ARIMA 混合模型的预测值。

$$\hat{y} = kx + b \tag{12}$$

其中, \hat{y} 表示 SEIR-ARIMA 混合模型的预测值,b 表示偏移量,k 表示特征矩阵的系数,x 表示特征值[f,e],即表示 SEIR 和 ARIMA 预测值。

求解系数 k 的过程:

$$k = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \lfloor \hat{y}_i / y \rfloor \tag{13}$$

即预测值与真实值的倍数,求解偏移数据 b,

$$b = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \hat{y}_i - kx \tag{14}$$

2.4 评估预测方法

本文采用 4 个指标评估预测数据的精确度,分别是平均误差 ME(反映预测值与真实值之间的误差)、平均绝对误差 MAD(体现真实值与预测值的真实误差)、平均绝对百分比误差 MAPE(反映误差大小的相对值)、决定系数 R²(反映模型的可靠程度^[24-25])。

$$ME = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} (Y_i - \hat{Y}_i)$$
 (15)

$$MAD = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} |Y_i - \hat{Y}_i|$$
 (16)

MAPE =
$$\frac{1}{n} \sum_{i=1}^{n} \frac{|Y_i - \hat{Y}_i|}{|Y_i|} \times 100\%$$
 (17)

$$R^{2} = 1 - \frac{\sum_{i=1}^{n} (Y_{i} - \hat{Y}_{i})^{2}}{\sum_{i=1}^{n} (Y_{i} - \overline{Y}_{i})^{2}}$$
(18)

其中, \overline{Y} ,表示平均值, \hat{Y} ,表示模型的预测值。

3 模型的预测与评估

3.1 SEIR-ARIMA 模型构建

3.1.1 SEIR 模型构建

3.1.2 ARIMA 模型构建

1)判定数据是否平稳化。

通过平均值和标准差进行平稳化判定。当数据平稳,在数据序列上,其平均值不随时间有较大变化^[26-27]。如图 3 所示,其平均值随时间呈现递增的趋势。因此,假设其不具有平稳性。

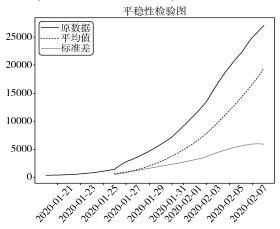


图 3 平稳性检验图

为了进一步验证数据不平稳,采取 ADF 检验。ADF 检验又称为单位根检验,如果存在单位根,则序列平稳,否则,序列不平稳^[28]。所以,ADF 检验的假设就是存在单位根,如果得到的显著性检验统计量小于 3 个置信度(10%,5%,1%),则对应有(90%,95%,99%)的把握来拒绝原假设^[29]。

如图 4 所示,其中 Test Statistic 表示检验值, p-value 表示检验结果, critical value 表示置信度,看到 Test Statistic 的值 –1.364767 要大于置信度 10%,所以无法拒绝原假设,另外, p-value 的值也很大。因此,时间序列不平稳。

Test Statistic	-1.364767
p-value	0.599046
#Lags Used	8.000000
Number of Observations Used	11.000000
Critical Value (1%)	-4.223238
Critical Value (5%)	-3.189369
Critical Value (10%)	-2.729839
图 4 ACF 检验署	异信度 图

2)平稳化处理。

如图 5 所示,一阶差分之后数据并未平稳,通过 二阶差分后,数据基本平稳。

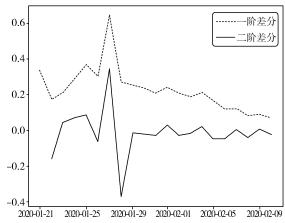


图 5 差分对比图

3)模式识别,求 $p \setminus q$ 值。

通过建立 ACF 和 PACF 得出 $p \setminus q$ 值。

如图 6 所示,根据表 1 的取值规则可见,ACF 的 2 阶衰减趋于 0,PACF 在 2 阶后处于置信区间,因此 p=2,ACF 在 1 阶后处于置信区间,PACF 在 1 阶后衰减趋于 0,因此 q=1。

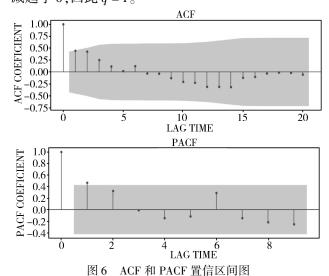


表 1 p 和 q 取值规则

参数	ACF	PACF
p	衰减趋于0	p 阶后处于置信区间
q	q 阶后处于置信区间	衰减趋于0

3.1.3 SEIR-ARIMA 模型构建

将湖北 2020 年 1 月 20 日至 2020 年 2 月 10 日疫情数据作为训练集,输入样本训练 ARIMA 模型,通过训练好的 ARIMA 模型,预测 90 d 内感染人数。SEIR 模型通过输入传染概率、最初感染者、康复概率等,构建 SEIR 模型,预测 90 d 内数据变化。最后,构建 SEIR-ARIMA 混合模型是通过 ARIMA 模型预测值和 SEIR 模型预测值作为输入,真实值为目标,构建 ARIMA 模型和 SEIR 模型预测结果与真实数据之间的线性模型,完成 SEIR-ARIMA 混合模型构建。SEIR-ARIMA 混合模型通过不断学习修改预测值与真实值之间的线性关系,形成最佳的线性拟合直线,从而提高模型预测的准确性。

3.2 模型评估与对比

本文使用 2020 年 1 月 20 日至 2020 年 2 月 10 日湖北新冠疫情数据,对湖北疫情 2020 年 1 月 20 日至 2020 年 4 月 20 日进行预测。从图 7 可以看出,单一的 ARIMA 模型预测效果较差,与真实值差距较大,SEIR 模型预测现有确诊人数发展趋势相对较好。但是,与总的确诊人数偏差较大,预测效果也存在较大误差。

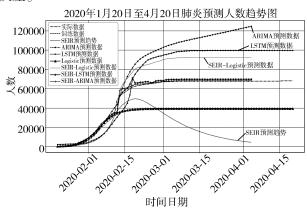


图 7 湖北省新冠肺炎预测模型对比图

为了对 SEIR-ARIMA 混合模型进行评估,本文引人了常用于新冠疫情预测的 LSTM 模型、Logistic 模型。LSTM 模型是一种长短期记忆网络模型,王瑞等^[30]对新冠肺炎疫情研究表明,LSTM 模型对国内新冠疫情发展趋势的预测相对较好。Logistic 模型作为传统的机器学习模型的一种,在国内新冠肺炎预测方面也有较好的预测效果,而且,其具有训练高效、准确率好的优点,一般可以作为模型训练的基准,用来衡量其他算法的性能。为了更全面地证明 SEIR-ARI-MA 模型结合的优势,本文实现了 SEIR-LSTM 模型和

SEIR-Logistic 模型并对它们进行比较。如图 7 所示,LSTM 和 Logistic 模型、SEIR-Logistic 模型预测的趋势与真实趋势基本一致,但是预测人数与真实值差距较大。而 SEIR-LSTM 模型预测人数接近真实值,但是相比于 SEIR-ARIMA 模型,SEIR-ARIMA 模型更加接近真实值,预测效果更加精确。综上所述可以得出,SEIR-ARIMA 混合模型预测相比于 LSTM 模型、Logistic 模型、ARIMA 模型、SEIR 模型、SEIR-LSTM 和 SEIR-Logistic 模型,预测效果更好。如表 2 所示,SEIR-ARIMA 模型的 4 个评估指标平均误差(ME)、平均绝对误差(MAD)、平均绝对百分比误差(MAPE)、决定系数(R²)分别为 -574、931、0.03、0.90。

表 2 模型预测误差对比

方法	ME	MAD	MAPE	\mathbb{R}^2
Logistic	20225	20288	0.54	0.075
LSTM	- 18271	22373	0.40	-0.06
SEIR	36271	36271	0.60	0.10
ARIMA	- 26693	27351	0.31	0.14
SEIR-Logistic	- 14589	15878	0.30	0.58
SEIR-LSTM	- 1333	1878	0.05	0.85
SEIR-ARIMA	- 574	931	0.03	0.90

虽然 SEIR-ARIMA 模型具有对历史数据的学习能力,但是为了验证在不同时间段、不同地点上获得的数据仍然具有较好的预测效果,选取 2021 年于7月 20日在南京爆发的疫情数据做预测,比较 SEIR-ARIMA 预测效果。

如图 8 所示,可以看出 SEIR-ARIMA 预测效果较好,SEIR-LSTM 次之。

时间日期图 8 南京新冠肺炎预测模型对比图

综上所有对比实验可以得出,SEIR-ARIMA 预测效果较好,SEIR-LSTM 次之,SEIR-Logistic 略好于其他单一模型,其他单一模型在长期的疫情发展趋势预测是较好的,但是其预测值还是与真实值有较大差距。因此可以看出,SEIR-ARIMA 模型不管与其他模型进行比较,还是不同时间、不同地点的预测效果的比较,SEIR-ARIMA 模型都具有更好的预测效果。

4 结束语

针对新冠疫情趋势的预测,本文提出了一种SEIR-ARIMA混合模型预测的方法。通过传统的传染病模型 SEIR 建模,刻画了传染病一般的发展规律,同时结合了ARIMA模型,使整个混合模型在管控措施下,传染概率等内因改变的条件下,可以根据历史因素,在模型内部进行调节。通过与Logistic模型、LSTM模型、单一的SEIR模型、ARIMA模型、SEIR-Logistic模型和SEIR-LSTM模型在不同时间、不同地点预测结果对比,可以看出,本文提出的SEIR-ARI-MA混合模型有更好的预测效果,对国家未来预防其他类型传染病具有很好的应用价值。但是,本文提出的SEIR-ARIMA混合模型并未对康复者是否还会再感染等因素进行实验。基于本模型具备的优良特性,下一步可以通过研究康复者的感染情况,证明能否达到预期缩小误差的效果。

参考文献:

- [1] 祝洪福,赵伟,王立乾,等. 新型冠状病毒肺炎 CT 诊断 及动态变化[J]. 现代医用影像学, 2020,29(10):1843-1846.
- [2] 贺英,赵凤娟,郑冬梅,等. 基于 SMART 原则在医院职工新型冠状病毒肺炎知识培训考核中的应用[J]. 成都医学院学报, 2020,15(2):185-188.
- [3] 刘超. 风险交流视阈下传染病疫情信息公布制度之省 思——从新型冠状病毒[D]. 泉州:华侨大学, 2020.
- [4] 马启玲,李萍,陈晓莉,等. 1665 名新型冠状病毒肺炎密 切接触者医学观察情况分析[J]. 中华流行病学杂志, 2020,41(12);2020-2023.
- [5] SHIN H Y. A multi-stage SEIR(D) model of the COVID-19 epidemic in Korea [J]. Annals of Medicine, 2021,53 (1):1160-1170.
- [6] 王彤. SARS-Cov 的分子生物学进展[J]. 沈阳医学院学报, 2004,6(1):56-60.
- [7] 谢丽. 一类具有接种和非线性发生率的传染病模型稳定性分析[D]. 信阳:信阳师范学院, 2018.
- [8] PARTOHAGHIGHI M, AKGUL A. Modelling and simulations of the SEIR and blood coagulation systems using Atangana-Baleanu-Caputo derivative [J]. Chaos, Solitons and Fractals, 2021,150:111135. DOI: 10.1016/j.chaos. 2021.111135.
- [9] 肖佳. 西非三国埃博拉疫情控制模型的建立与分析 [D]. 重庆:重庆大学, 2018.
- [10] VERMA T, GUPTA A K. Network synchronization, stability and rhythmic processes in a diffusive mean-field coupled SEIR model[J]. Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation, 2021,102;105927. DOI:10.1016/

- j. cnsns. 2021. 105927.
- [11] 潘文武,韩琦. 有关传染病传播的一个模型[J]. 数学 教学研究, 2010,29(3):46-48.
- [12] PICCIRILLO V. Nonlinear control of infection spread based on a deterministic SEIR model [J]. Chaos, Solitons, and Fractals, 2021, 149: 111051. DOI: 10.1016/j. chaos. 2021.111051.
- [13] 王琳,张赟,彭文辉,等. 基于人工蜂群优化的支持向量回归预测方法[J]. 系统工程与电子技术, 2014, 36 (2):326-330.
- [14] 傅惠民,刘成瑞,马小兵. 时间序列均值和方差函数的确定方法[J]. 机械强度, 2004, 26(2):164-169.
- [15] 石砚舟. 判断性层次预测模型的统计性质及其应用 [D]. 南京:南京大学, 2019.
- [16] 刘明. 经济时间序列的 ARIMA 类模型构建[J]. 统计与决策, 2014(8):29-32.
- [17] 马亮亮,陈龙. 基于 Huang 变换和 ARIMA 模型的时间序列 预测方法[J]. 攀枝花学院学报, 2013(3):111-113.
- [18] 叶柱江,刘赴平. 时间序列自回归移动平均模型在临床 红细胞用量预测中的应用[J]. 中国输血杂志, 2013, 26(2):131-134.
- [19] 聂淑媛. 沃尔德与离散平稳时间序列[J]. 咸阳师范学院学报, 2012,27(2):72-75.
- [20] 程新洪. 基于粗糙集与多元回归的公交客流预测模型研究[D]. 杭州:杭州电子科技大学, 2017.
- [21] 刘莉. 改进医院感染监测与应急管理的研究[D]. 天津:天津大学, 2004.
- [22] 刘树锟,阳小华. 一种函数依赖程序不变量动态检测方法[J]. 微电子学与计算机,2008,25(7):205-209.
- [23] 黄智峰,刘晓剑,杨连朋,等.流行性感冒预警方法及其应用[J].疾病监测,2016,31(12):989-994.
- [24] 梁宗经,旷芸. 基于搜索大数据的旅游需求自回归分布 滞后模型预测研究[J]. 生产力研究, 2018(2);15-22.
- [25] 雍宾宾. 通用向量机优化理论及其在时间序列预测中的应用研究[D]. 兰州:兰州大学, 2017.
- [26] TOUAMA H Y. Application of the statistical analysis for prediction of the Jordanian GDP by using ARIMA time series and Holt's linear trend models for the period (2003-2013) [J]. Mathematical Theory and Modeling, 2014, 4 (14):19-26.
- [27] ALABDULRAZZAQ H, ALENEZ M N, RAWAJFIH Y, et al. On the accuracy of ARIMA based prediction of COVID-19 spread[J]. Results in Physics, 2021,27:104509.
- [28] 翟爱梅. 基于 GARCH 模型对人民币汇率波动的实证研究[J]. 技术经济与管理研究, 2010(2):20-23.
- [29] 刘昌峰. 风电并网对电网电压的影响评估与对策研究 [D]. 济南:山东大学, 2019.
- [30] 王瑞,闫方,逯静,等. 运用 Dropout-LSTM 模型的新冠肺炎 趋势预测[J]. 电子科技大学学报, 2021,50(3):414-421.