

RESEARCH

Dynamics of the COVID-19 SEAIQ model with age structure under voluntary vaccination

Wei Y. Wang

Correspondence:

weiyuewang14@163.com

School of Computer Science and
Technology, Nanjing Tech
University, Nanjing, China

Full list of author information is
available at the end of the article

摘要

Introduction: 由 SARS-CoV-2 病毒引起的 2019 年至今的非典型肺炎 (新冠肺炎) 大流行已在全球蔓延, 并且多个国家已经感染了大量的人口。随着时间的推移, 逐渐出现新冠变异病毒感染病例。从在 2020 年 9 月在英国首次发现的阿尔法变异病毒后, 又在同年 10 月在印度发现传染性更为强横的德尔塔变异株, 随后成为疫情再次爆发的主流病毒。2021 年 11 月 9 日至今, 传播速度极快的奥密克戎变异株又作为新的主流变异病毒大致大规模疫情。从疫情出现以来, 国家已经实施了许多干预措施来抑制或消除新冠病毒。从开始时的非药物干预 (如戴口罩、勤洗手消毒、封锁区域等) 到后面开始呼吁全民接种疫苗来减少新冠病毒的传播。随着人们疫苗的接种, 对病毒的抗性及免疫会使得感染变异病株后, 基本没有什么症状表现出来, 使得无症状感染者越来越多。无症状感染者也会携带新冠病毒, 具有一定的传染性, 所以给疫情防控带来进一步的压力。

Methods:

构建年龄接触矩阵。

Results:

Conclusion:

Keywords: 2019-nCoV; Simulation; age-construct; optimize resource allocation

1 问题背景

冠状病毒是能够感染人类与动物的 RNA 病毒之一, 它主要感染上呼吸道和肠胃道。在最近几十年, 已经在人类中引起了多例重大疾病。在 2002 年, 中国南部出现了重症急性呼吸综合征 (SARS), 对近 17 个国家造成了大约 8000 人感染、700 人死亡。在 2012 年, 又出现了中东呼吸综合征, 带来 500 多例感染、150 例死亡。在 2019 年末, 一种新的冠状病毒的出现导致人类出现又一大型感染肺炎事件。新冠病毒被命名为 COVID-19, 它的爆发引发了世界各国卫生当局和政府对健康和经济的许多担忧。

在新冠病毒传播前期, 世界卫生组织建议各国积极采取各种非药物干预措施来控制疫情传播。干预措施包括限制旅行、关闭学校和工作场所, 封锁疫情

比较严重的城市等一些非药物干预措施。全国各地也呼吁人们要做好个人卫生，勤洗手、戴口罩、少出门等。

国家呼吁人们做好非干预措施对抑制疾病的传播起到了十分重大的作用，但是仅仅通过非药物干预措施是不能够彻底消除新冠病毒。因此，各国积极研发应对新冠病毒的疫苗。在疫苗研发上市之后，国家积极号召人们自愿接种疫苗。随着社会中人们自愿接种疫苗，新冠疫情的传播得到了良好的抑制。但随着时间的推移，病毒逐渐出现耐药性，导致开始出现新冠变异病毒感染病例。从在 2020 年 9 月在英国首次发现的阿尔法变异病毒后，又在同年 10 月在印度发现传染性更为强横的德尔塔变异株，随后成为疫情再次爆发的主流病毒。2021 年 11 月 9 日至今，传播速度极快的奥密可戎变异株又作为新的主流变异病毒大致大规模疫情。变异病毒的出现导致大多感染的人们出现较少的症状，甚至没有表现出任何临床症状。社会上出现了大量的无症状感染者。虽然没有展现出症状，但是这些感染者能够携带并传播病毒，对社会造成很大的潜在威胁。

流行病的数学建模在公共卫生的研究中占有越来越重要的地位。流行病研究学科能够有助于很好的理解流行病学现象，并了解可能导致严重流行病甚至危险的全球性流行病的各种因素。在文献 [1] 中，Kermack 等人首次提出了经典的 SIR (susceptible-infected-recovered) 模型。然而，在许多情况下，感染者在感染后有很长一段时间的潜伏期。在这一时期中，被感染的人仍属于潜伏状态，还尚未有传染别人的能力。因此在 SIR 的基础上，新增一个暴露的状态，成为一个新的感染模型：SEIR (susceptible-exposed-infected-recovered)。在我们的研究中，人们自愿接种疫苗以及新冠病毒进行多种突变，导致人们感染后并不会展现出一些临床症状，导致出现大量的无症状感染者。这一类感染者大多只能通过核酸检测来发现。不论是有症状感染者还是无症状感染者，被发现后都会被检疫隔离。因此，我们提出了一个 SEAIQ (susceptible-exposed-asymptomatic-infected-quarantined) 模型。在自愿接种的情况下，每种感染状态都会被分成接种疫苗和未接种疫苗两类。

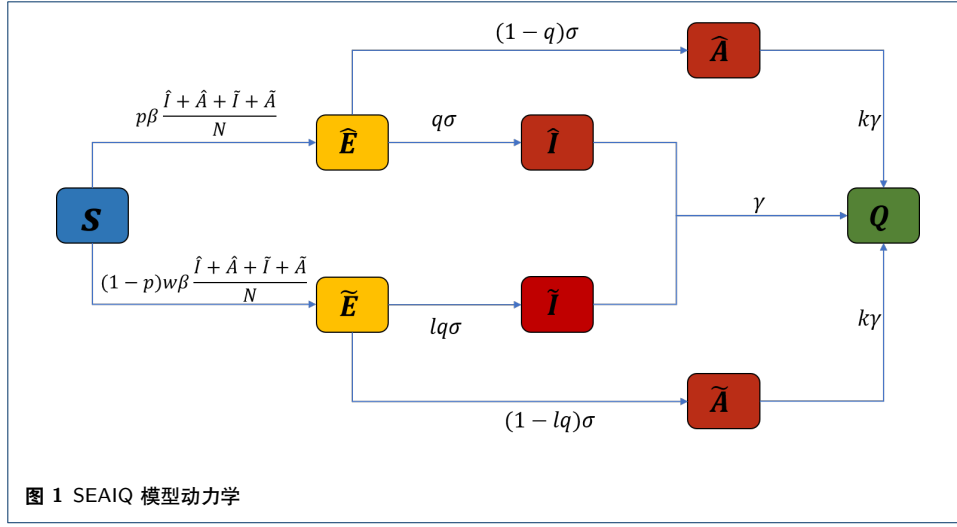
2 SEAIQ 模型

2.1 模型图

由于 COVID-19 的传播相对较快，并且考虑的整个研究过程时间较短，所以我们假设出生和死亡对整个传播动态没有影响。在该模型中，初始时每个人都是易感染个体：susceptible。每个易感染个体会自我选择是否接种。易感染个体在接触感染者后会变为暴露者 (E, non-vaccinated-exposed 和 vaccinated-exposed)。每个暴露者会经过一段时间的潜伏期变为无症状感染者 (A) 或有症状感染者 (I)。不论是有症状感染者还是无症状感染者，被发现后都会被隔离 (Q)。图 Fig. 1 展示了该模型的流行病动力学。

2.2 公式

每个易感染者在和不论是否接种的感染者有效接触后变为暴露者，未接种的易感染者被感染的速率可以用 $p\beta S \frac{I+A+I+A}{2N}$ 来表示，已接种的易感染者被感



染的速率可以用 $pw\beta S \frac{\hat{I} + \hat{A} + \tilde{I} + \tilde{A}}{N}$ 来表示。微分方程组1描述了我们提出的模型的整个动力学。

$$\begin{aligned}
 \Delta S &= -p\beta S \frac{\hat{I} + \hat{A} + \tilde{I} + \tilde{A}}{N} - (1-p)w\beta S \frac{\hat{I} + \hat{A} + \tilde{I} + \tilde{A}}{N} \\
 \Delta \hat{E} &= p\beta S \frac{\hat{I} + \hat{A} + \tilde{I} + \tilde{A}}{N} - \sigma \hat{E} \\
 \Delta \hat{I} &= q\sigma \hat{E} - \gamma \hat{I} \\
 \Delta \hat{A} &= (1-q)\sigma \hat{E} - k\gamma \hat{A} \\
 \Delta \tilde{E} &= (1-p)w\beta S \frac{\hat{I} + \hat{A} + \tilde{I} + \tilde{A}}{N} - \sigma \tilde{E} \\
 \Delta \tilde{I} &= lq\sigma \tilde{E} - \gamma \tilde{I} \\
 \Delta \tilde{A} &= (1-lq)\sigma \tilde{E} - k\gamma \tilde{A} \\
 \Delta Q &= k\gamma(\hat{A} + \tilde{A}) + \gamma(\hat{I} + \tilde{I})
 \end{aligned} \tag{1}$$

其中, $\hat{\cdot}$ 表示未接种, $\tilde{\cdot}$ 表示已接种。 p ($0 \leq p \leq 1$) 表示未接种人数的比例, w ($0 \leq w \leq 1$) 表示接种的个人感染率降低的比率, β 表示感染概率。 q ($0 \leq q \leq 1$) 表示潜伏者变为有症状的概率, l ($0 \leq l \leq 1$) 表示接种后出现症状减少的概率, $\frac{1}{\sigma}$ 表示平均潜伏期。 k ($0 \leq k \leq 1$) 表示无症状感染者被发现的概率降低的比率, γ 表示感染者被发现的平均时间间隔。更详细的参数介绍在表1中。

2.3 R0 计算

在文献 [2] 中, 作者提供了方法来构建下一代矩阵。在我们的工作中, 将 NGM 设置为 K。矩阵 K 的最大特征值就是基本再生数 R0, 因此需要先构建 K。

在整个感染系统中, 感染状态有 $\hat{E}, \tilde{E}, \hat{A}, \tilde{A}, \hat{I}, \tilde{I}$, 未感染状态有 S 和 Q 。为了构建 K, 首先需要有一个线性化的微分方程, 因此需要先设置一个假设: 在

开始时，处于无病平衡，因此有 $S = N$ 。将微分方程 (1) 简化为以下形式：

$$\begin{aligned}
 \Delta \hat{E} &= p\beta(\hat{I} + \hat{A} + I + A) - \sigma \hat{E} \\
 \Delta \tilde{E} &= (1-p)w\beta(\hat{I} + \hat{A} + \tilde{I} + \tilde{A}) - \sigma E \\
 \Delta \hat{I} &= q\sigma \hat{E} - \gamma \hat{I} \\
 \Delta \tilde{I} &= lq\sigma E - \gamma \tilde{I} \\
 \Delta \hat{A} &= (1-q)\sigma \hat{E} - k\gamma \hat{A} \\
 \Delta \tilde{A} &= (1-lq)\sigma E - k\gamma \tilde{A}
 \end{aligned} \tag{2}$$

设 $x = (\hat{E}, \tilde{E}, \hat{A}, \tilde{A}, \hat{I}, \tilde{I})^T$ ，将该感染方程写成以下形式：

$$\dot{x} = (T + \Sigma)x \tag{3}$$

其中， T 是传播矩阵（transmissions matrix）对应所有被感染者产生的新的感染者， Σ 是转移矩阵（transitions matrix）对应所有从潜伏着状态到感染状态的变化。 K 和 Σ 都是 6×6 的矩阵。

$$T = \begin{pmatrix} 0 & 0 & p\beta & p\beta & p\beta & p\beta \\ 0 & 0 & (1-p)w\beta & (1-p)w\beta & (1-p)w\beta & (1-p)w\beta \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}_{6 \times 6}$$

$$\Sigma = \begin{pmatrix} -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 \\ q\sigma & 0 & -\gamma & 0 & 0 & 0 \\ 0 & lq\sigma & 0 & -\gamma & 0 & 0 \\ (1-q)\sigma & 0 & 0 & 0 & -k\gamma & 0 \\ 0 & (1-lq)\sigma & 0 & 0 & 0 & -k\gamma \end{pmatrix}_{6 \times 6}$$

通过计算 $K_L = -T\Sigma^{-1}$ 得到想要的下一代矩阵。

$$\begin{aligned}
 K_L &= -T\Sigma^{-1} \\
 &= - \begin{pmatrix} 0 & 0 & a\beta & a\beta & a\beta & a\beta \\ 0 & 0 & (1-a)w\beta & (1-a)w\beta & (1-a)w\beta & (1-a)w\beta \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \\
 &\quad \times \begin{pmatrix} -\frac{1}{\sigma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{1}{\sigma} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{q}{\gamma} & 0 & -\frac{1}{\gamma} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{lq}{\gamma} & 0 & -\frac{1}{\gamma} & 0 & 0 \\ -\frac{1-q}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{k\gamma} & 0 \\ 0 & -\frac{1-lq}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{k\gamma} \end{pmatrix} \\
 &= \begin{pmatrix} \frac{pq\beta}{\gamma} + \frac{p(1-q)\beta}{k\gamma} & \frac{plq\beta}{\gamma} + \frac{p(1-lq)\beta}{k\gamma} & \frac{p\beta}{\gamma} & \frac{p\beta}{\gamma} & \frac{p\beta}{k\gamma} & \frac{p\beta}{k\gamma} \\ \frac{(1-p)qw\beta}{\gamma} + \frac{(1-p)(1-q)w\beta}{k\gamma} & \frac{(1-p)lw\beta}{\gamma} + \frac{(1-p)(1-lq)w\beta}{k\gamma} & \frac{(1-p)w\beta}{\gamma} & \frac{(1-p)w\beta}{\gamma} & \frac{(1-p)w\beta}{k\gamma} & \frac{(1-p)w\beta}{k\gamma} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}_{6 \times 6}
 \end{aligned}$$

为了从 K_L 推导得到 K ，需要进行下面的步骤。由于个人在感染后并不是立即处于 A 或者 I 状态，所以该系统有两种感染状态： \hat{E} 和 \tilde{E} 。所以创建矩阵

$$E = \begin{pmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

为了得到下一代矩阵 NGM，需要通过下列方式进行矩阵相乘。

$$K = E^T K_L E = -E^T T \Sigma^{-1} E \quad (4)$$

得到

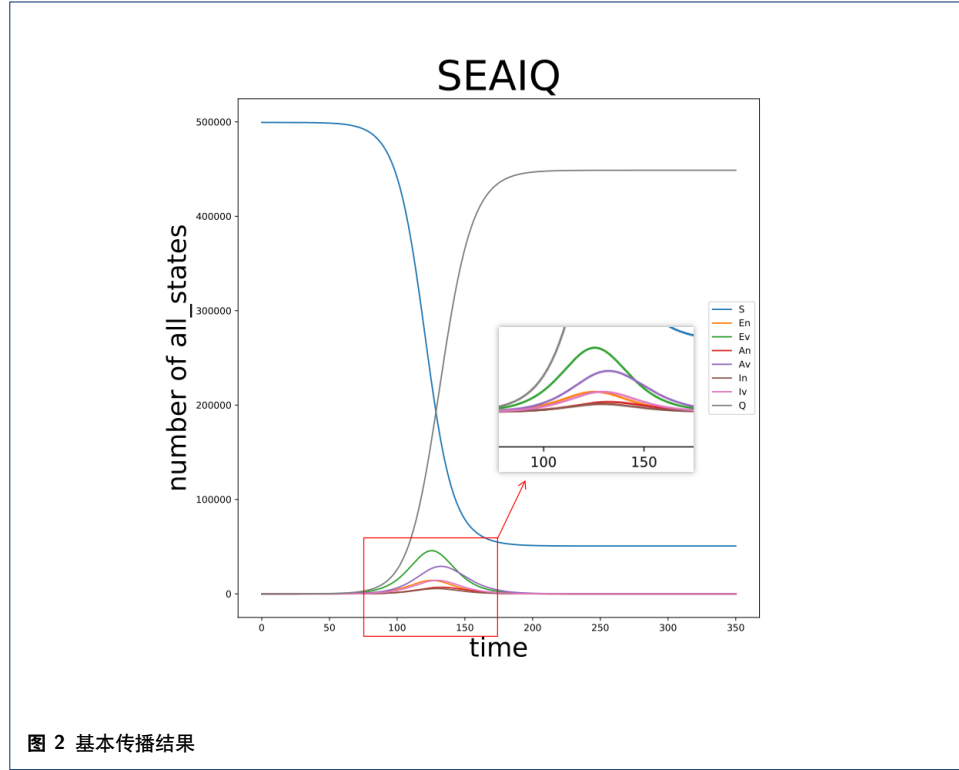
$$K = \frac{\beta}{k\gamma} \begin{pmatrix} p[(1-q) + kq] & p[(1-q) + klq] \\ (1-p)w[(1-lq) + kq] & (1-p)w[(1-lq) + klq] \end{pmatrix}$$

根据 $R_0 = \rho(K)$ ， $\rho(K)$ 表示矩阵 K 的最大特征值或者谱半径。得到

$$R_0 = \rho(K) = \frac{\beta}{k\gamma} \left\{ p[(1-q) + kq] + (1-p)w[(1-lq) + klq] \right\} \quad (5)$$

2.4 模型仿真

基于表1中的参数值，得到的仿真结果如 Fig. 2。



基本再生数 R_0 是传染性流行病学中最重要的数值。当 $R_0 \leq 1$ 时，无病平衡是渐近稳定的，流行病会逐渐消除；当 $R_0 > 1$ 时，流行病是不稳定的，可能会进一步扩大传播。因此，研究各个参数对 R_0 的影响是非常有必要的且有意义的。从 Fig. 3 可以看出，当未接种的易感染者越多时，基本再生数就会越大，可能会进一步扩大感染，导致更为严峻的疫情。同时，当接种效应越显著时，能够有效的减小 R_0 ，能够使得传染尽快消除。从 Fig. 5 中可以看出，当无症状感染者被发现的时间越晚时，会进一步增大 R_0 ，导致无症状感染者可能接触更多的易感染者，造成疫情很大的隐患。

3 基于年龄组的 SEAIQ 模型

流行病的数学表示依赖于对传播过程的描述，通常通过感染力来建模，也就是易感个体因与受感染个体的相互作用而感染的速率。这一速率与感染人数、接触过程中感染的具体传播概率以及人口中每个人与其他个人的总接触率成正比。尽管绝大多数研究假设人群是同质的（所有个体都是平等的，具有相同的平均接触率），但人群的社会和人口结构常反映在个体之间的异质接触模式。年龄结构是个体混合模式的主要决定因素之一。

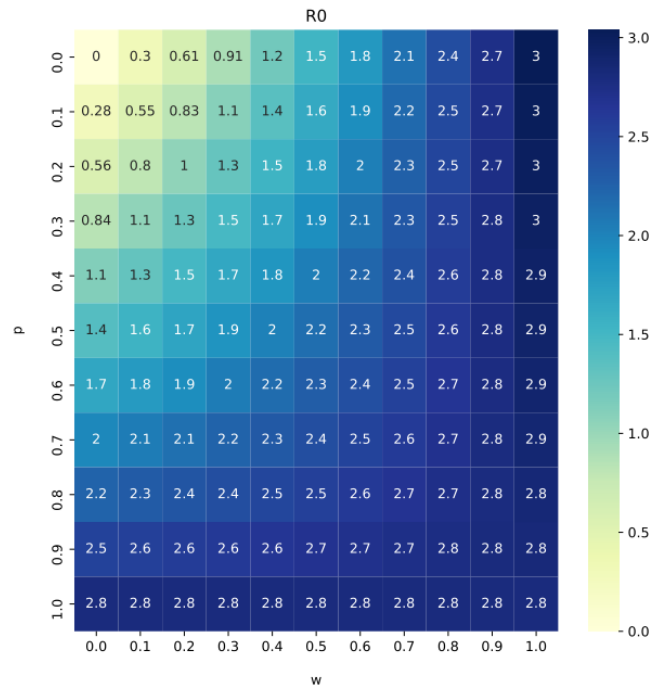


图 3 未接种比例 p 与感染率削弱能力 w 对 R_0 的影响。

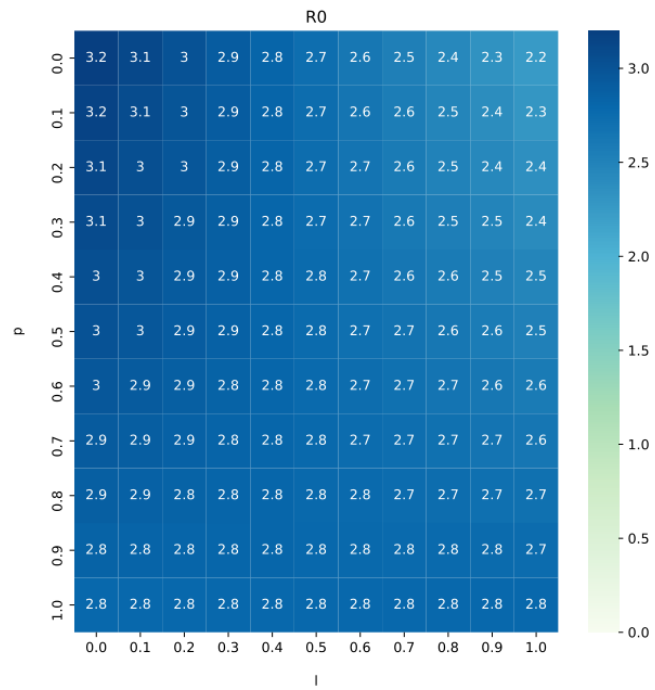


图 4 未接种比例 p 与症状出现概率削弱能力 l 对 R_0 的影响。

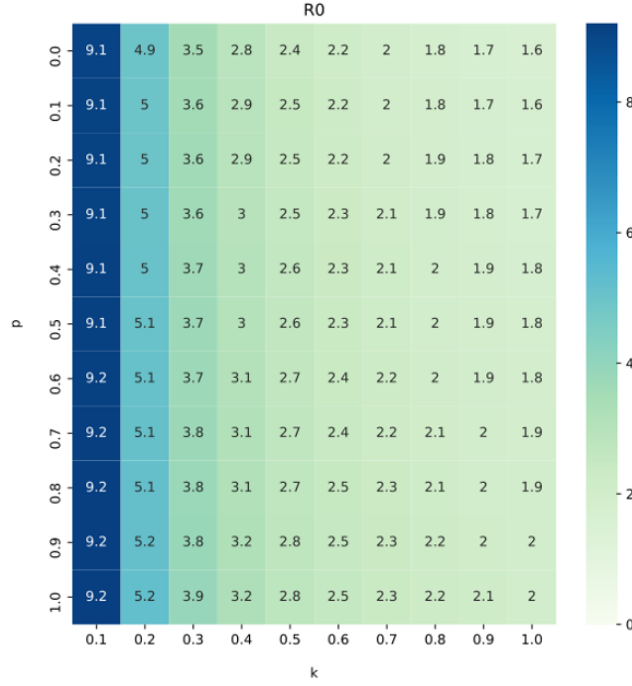


图 5 未接种比例 p 与无症状感染者被发现概率削弱能力 k 对 R_0 的影响。

3.1 基于年龄的接触矩阵

为了计算特定年龄的接触矩阵，将整个人群分为四种特定的情境（家庭 Household、学校 School、工作场所 Workplace、社区 Community），在每种情境下假定是同质的。然后根据四种情境下的接触矩阵的线性组合，得到总的年龄接触矩阵 M 。

首先，在家庭环境下的年龄阶段 i 的个体与年龄阶段为 j 的个体之间的接触概率为：

$$f_{ij}^H = \begin{cases} \frac{1}{n_i^H} \sum_{k=1}^{N_i} \frac{h_j^{(k)} - \delta_{ij}}{v_H^{(k)} - 1} & , \text{ if } n_i^H > 0 \text{ and } v_H^{(k)} > 1 \\ 0 & , \text{ otherwise} \end{cases} \quad (6)$$

其中， δ_{ij} 为 Kronecker delta function，可以使得 k 从它的接触中排除自己。

再次，对于每个特定情境下的接触矩阵，需要计算其有效接触矩阵。

$$C_{ij}^H = p_i^H f_{ij}^H = \frac{n_i^H}{N_i} f_{ij} \quad (7)$$

其中， n_i 为年龄为 i 的在某个区中至少有一个接触的人数， N_i 为年龄阶段为 i 的总人数。 f_{ij}^H 为在家庭情境下，年龄为 i 和 j 的个体之间的接触概率。

最后，根据每种特定情境下的传播比例，得到总的年龄接触矩阵：

$$C_{ij} = \sum_K \alpha^K C_{ij}^K \quad (8)$$

根据以上对于接触矩阵的计算方式，我们得到四种情况下各个年龄段之间的接触频数。Fig. 6展示了在家庭、学校、工作场所和其他环境下的各个年龄段之间的接触。从图中可以看出，在每个家庭环境中，同龄人之间的接触相对较多。同时，父母和孩子、父母与长辈之间的接触也较为频繁。在学校中，占大多数的都是学生，且学生大多为青少年。青少年处于比较活跃的年龄段，他们之间的接触较为频繁。在工作环境中，大多为青年、中年人，他们之间由于日常的工作原因，导致有较多的接触。在其他场所中，假设每个年龄段的人与其他年龄的人接触都相近。但中年左右的人由于生活中的各项事务，与其他年龄的人接触相对较多一些。

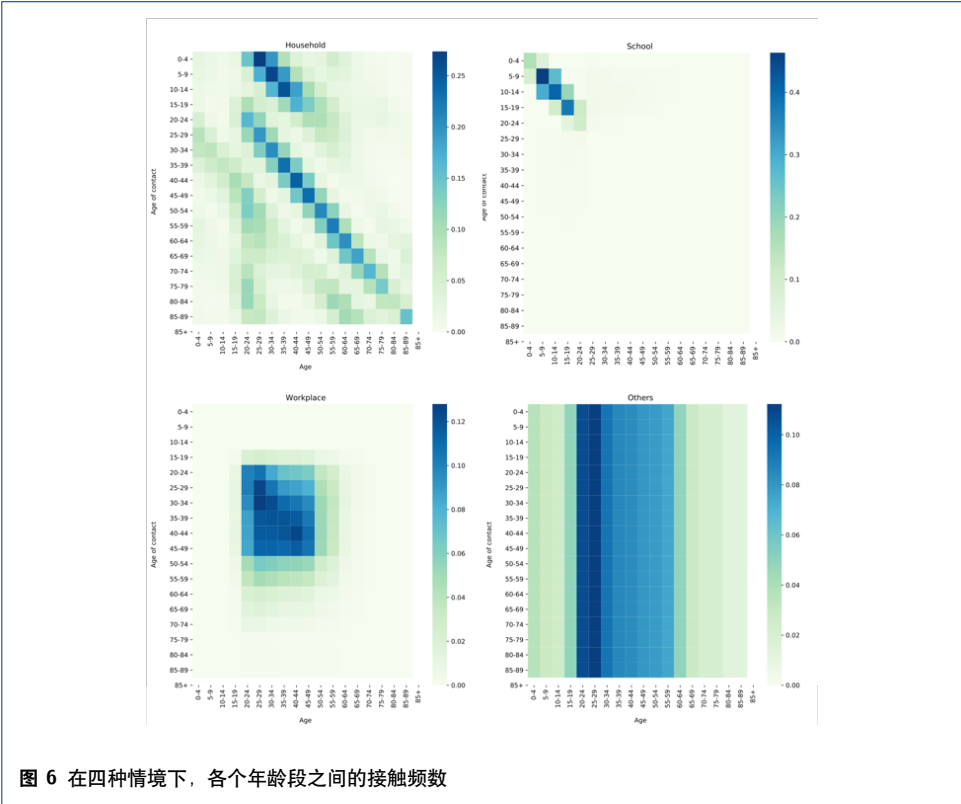
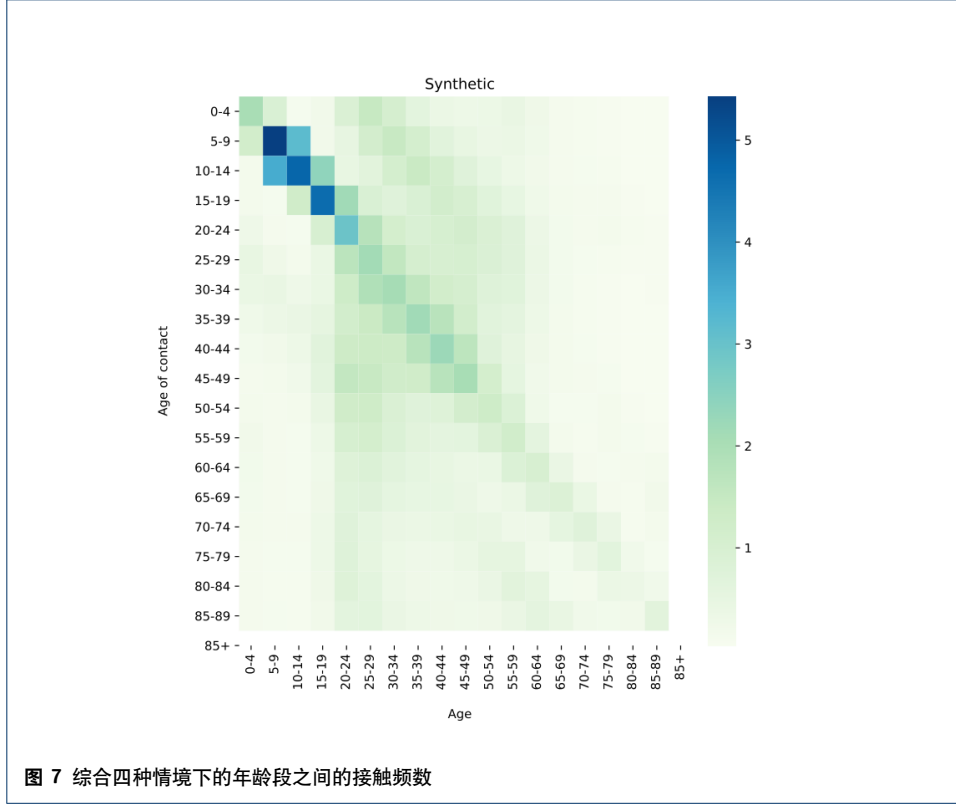


图 6 在四种情境下，各个年龄段之间的接触频数

根据我们的方法，每个情况下占据一定的比重，得到综合的接触矩阵，如图 Fig. 7。



3.2 基于年龄组的模型表达式

$$\begin{aligned}
\Delta S_i &= -p\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j}{N_j} - (1-p)w\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j}{N_j} \\
\Delta \hat{E}_i &= p\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j}{N_j} - \sigma \hat{E}_i \\
\Delta \tilde{E}_i &= (1-p)w\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j}{N_j} - \sigma \tilde{E}_i \\
\Delta \hat{A}_i &= (1-q)\sigma \hat{E}_i - k\gamma \hat{A}_i \\
\Delta \tilde{A}_i &= (1-lq)\sigma \tilde{E}_i - k\gamma \tilde{A}_i \\
\Delta \hat{I}_i &= q\sigma \hat{E}_i - \gamma \hat{I}_i \\
\Delta \tilde{I}_i &= lq\sigma \tilde{E}_i - \gamma \tilde{I}_i \\
\Delta Q_i &= k\gamma(\hat{A}_i + \tilde{A}_i) + \gamma(\hat{I}_i + \gamma \tilde{I}_i)
\end{aligned} \tag{9}$$

3.3 两个年龄组的 R0 推导

在整个感染系统中，感染状态有： \hat{E}_1 、 \hat{E}_2 、 \tilde{E}_1 、 \tilde{E}_2 、 \hat{A}_1 、 \hat{A}_2 、 \tilde{A}_1 、 \tilde{A}_2 、 \hat{I}_1 、 \hat{I}_2 、 \tilde{I}_1 、 \tilde{I}_2 ，未感染状态有 S_1 、 S_2 、 Q_{10} 、 Q_2 。假设在传播开始时，系统处于无

病平衡状态，对于第 i 个年龄组，此时有 $S_i = N_i$ ，其中 N_i 为第 i 个年龄组的人数。因此有

$$\begin{aligned}
\Delta \hat{E}_i &= p\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{N_i}{N_j} (\hat{I}_j + \hat{A}_j + I_j + A_j) - \sigma \hat{E}_i \\
\Delta \tilde{E}_i &= (1-p)w\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{N_i}{N_j} (\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j) - \sigma \tilde{E}_i \\
\Delta \hat{A}_i &= (1-q)\sigma \hat{E}_i - k\gamma \hat{A}_i \\
\Delta \tilde{A}_i &= (1-lq)\sigma \tilde{E}_i - k\gamma \tilde{A}_i \\
\Delta \hat{I}_i &= q\sigma \hat{E}_i - \gamma \hat{I}_i \\
\Delta \tilde{I}_i &= lq\sigma \tilde{E}_i - \gamma \tilde{I}_i
\end{aligned} \tag{10}$$

设 $x = (\hat{E}_1 \hat{E}_2, \tilde{E}_1, \tilde{E}_2, \hat{A}_1, \hat{A}_2, \tilde{A}_1, \tilde{A}_2, \hat{I}_1, \hat{I}_2, \tilde{I}_1, \tilde{I}_2)^T$ ，将该感染系统写成以下形式：

$$\dot{x} = (T + \Sigma)x \tag{11}$$

其中， T 是传播矩阵（transmissions matrix）对应所有被感染者产生的新的感染者， Σ 是转移矩阵（transitions matrix）对应所有从潜伏着状态到感染状态的变化。 K 和 Σ 为 12×12 的矩阵。

T 是传播矩阵（transmissions matrix）

$$T = \begin{pmatrix} \mathcal{O} & \mathcal{D} & \mathcal{D} & \mathcal{D} & \mathcal{D} \\ & & 0 & & \end{pmatrix}_{12 \times 12}$$

其中，

$$\mathcal{D} = \beta \begin{pmatrix} pC_{11} \frac{N_1}{N_1} & pC_{12} \frac{N_1}{N_2} \\ (1-p)wC_{11} \frac{N_1}{N_1} & (1-p)wC_{12} \frac{N_1}{N_2} \\ pC_{21} \frac{N_2}{N_1} & pC_{22} \frac{N_2}{N_2} \\ (1-p)wC_{21} \frac{N_2}{N_1} & (1-p)wC_{22} \frac{N_2}{N_2} \end{pmatrix}_{4 \times 2} \quad \mathcal{O} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}_{4 \times 4}$$

Σ 是转移矩阵（transitions matrix）

$$\Sigma = \begin{pmatrix} -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ q\sigma & 0 & 0 & 0 & -\gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & q\sigma & 0 & 0 & 0 & -\gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & lq\sigma & 0 & 0 & 0 & -\gamma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & lq\sigma & 0 & 0 & 0 & -\gamma & 0 & 0 & 0 & 0 \\ (q-1)\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -k\gamma & 0 & 0 & 0 \\ 0 & (q-1)\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -k\gamma & 0 & 0 \\ 0 & 0 & (lq-1)\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -k\gamma & 0 \\ 0 & 0 & 0 & (lq-1)\sigma & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -k\gamma \end{pmatrix}_{12 \times 12}$$

计算 $K_L = -T\Sigma^{-1}$ 得到想要的下一代矩阵。

$$\begin{aligned}
K_L &= -T\Sigma^{-1} \\
&= - \begin{pmatrix} \mathcal{O} & \mathcal{D} & \mathcal{D} & \mathcal{D} & \mathcal{D} \\ & 0 & & & \end{pmatrix}_{12 \times 12} \\
&\quad \times \begin{pmatrix} -\frac{1}{\sigma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{1}{\sigma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{1}{\sigma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{\sigma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{q}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{q}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{lq}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{lq}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -\frac{(1-q)}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\frac{(1-q)}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\frac{(1-lq)}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{k\gamma} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\frac{(1-lq)}{k\gamma} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\frac{1}{k\gamma} & 0 \end{pmatrix}_{12 \times 12} \\
&= \begin{pmatrix} \frac{[kq+(1-q)]}{k\gamma} \mathcal{D} & \frac{[klq+(1-lq)]}{k\gamma} \mathcal{D} & \frac{1}{\gamma} \mathcal{D} & \frac{1}{\gamma} \mathcal{D} & \frac{1}{k\gamma} \mathcal{D} & \frac{1}{k\gamma} \mathcal{D} \\ & 0 & & & & \end{pmatrix}_{12 \times 12}
\end{aligned}$$

由于个人在感染后并不是立即处于 A 或者 I 状态，所以该系统有四个感染状态： \hat{E}_1 、 \hat{E}_2 、 \tilde{E}_1 、 \tilde{E}_2 。所以创建矩阵

$$E = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}_{12 \times 12} \quad (12)$$

简化得到 4×4 的矩阵 K:

$$\begin{aligned}
K &= -E^T T \Sigma^{-1} E \\
&= \begin{pmatrix} \frac{[kq+(1-q)]}{k\gamma} \mathcal{D} & \frac{[klq+(1-lq)]}{k\gamma} \mathcal{D} \end{pmatrix}_{12 \times 4} \quad (13)
\end{aligned}$$

根据 NGM，基本再生数 R_0 为矩阵 K 的最大特征值或谱半径。因此 R_0 的值为：

$$\begin{aligned} R_0 &= \rho(K) \\ &= \frac{\beta}{k\gamma} \left\{ pC_{11} \frac{N_1}{N_1} [kq + (1-q)] + (1-p)wC_{12} \frac{N_1}{N_2} [kq + (1-q)] \right. \\ &\quad \left. + pC_{21} \frac{N_2}{N_1} [klq + (1-lq)] + (1-p)wC_{22} \frac{N_2}{N_2} [klq + (1-lq)] \right\} \end{aligned} \quad (14)$$

3.4 多个年龄组的 R_0 推导

[3] 在上一节中，对不带有年龄结构的 SEAIQ 模型推到了基本再生数 R_0 。在本节中，对带有年龄结构的 SEAIQ 模型进行 R_0 的推导。

在整个感染系统中，感染状态有： $\hat{E}_i, \tilde{E}_i, \hat{A}_i, \tilde{A}_i, \hat{I}_i, \tilde{I}_i$ ，未感染状态有 S_i 和 Q_i ， i 表示第 i 个年龄组。假设在传播开始时，系统处于无病平衡状态，对于第 i 个年龄组，此时有 $S_i = N_i$ ，其中 N_i 为第 i 个年龄组的人数。因此有

$$\begin{aligned} \Delta \hat{E}_i &= p\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{N_j}{N_j} (\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j) - \sigma \hat{E}_i \\ \Delta \tilde{E}_i &= (1-p)w\beta \sum_{j=1} C_{ij} \frac{N_j}{N_j} (\hat{I}_j + \hat{A}_j + \tilde{I}_j + \tilde{A}_j) - \sigma \tilde{E}_i \\ \Delta \hat{A}_i &= (1-q)\sigma \hat{E}_i - k\gamma \hat{A}_i \\ \Delta \tilde{A}_i &= (1-lq)\sigma \tilde{E}_i - k\gamma \tilde{A}_i \\ \Delta \hat{I}_i &= q\sigma \hat{E}_i - \gamma \hat{I}_i \\ \Delta \tilde{I}_i &= lq\sigma \tilde{E}_i - \gamma \tilde{I}_i \end{aligned} \quad (15)$$

设 $x = (\hat{E}_1, \dots, \hat{E}_N, \tilde{E}_1, \dots, \tilde{E}_N, \hat{A}_1, \dots, \hat{A}_N, \tilde{A}_1, \dots, \tilde{A}_N, \hat{I}_1, \dots, \hat{I}_N, \tilde{I}_1, \dots, \tilde{I}_N)^T$ ， x 为 $6N \times 1$ 的矩阵，将该感染系统写成以下形式：

$$\dot{x} = (T + \Sigma)x \quad (16)$$

T 是传播矩阵 (transmissions matrix)

$$T = \begin{pmatrix} O & \mathcal{T} & \mathcal{T} & \mathcal{T} & \mathcal{T} \\ & 0 & & & \end{pmatrix}_{6N \times 6N}$$

其中，

$$\mathcal{T} = \beta \begin{pmatrix} pC_{11} \frac{N_1}{N_1} & \cdots & pC_{1N} \frac{N_1}{N_N} \\ (1-p)wC_{11} \frac{N_1}{N_1} & \cdots & (1-p)wC_{1N} \frac{N_1}{N_N} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ pC_{N1} \frac{N_N}{N_1} & \cdots & pC_{NN} \frac{N_N}{N_N} \\ (1-p)wC_{N1} \frac{N_N}{N_1} & \cdots & (1-p)wC_{NN} \frac{N_N}{N_N} \end{pmatrix}_{2N \times N} \quad O = \begin{pmatrix} 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 0 \end{pmatrix}_{2N \times 2N}$$

Σ 是转移矩阵 (transitions matrix)

$$\Sigma = \begin{pmatrix} -\mathcal{A} & O & O & O & O & O \\ O & -\mathcal{A} & O & O & O & O \\ q\mathcal{A} & O & -\mathcal{B} & O & O & O \\ O & lq\mathcal{A} & O & -\mathcal{B} & O & O \\ -(1-q)\mathcal{A} & O & O & O & -k\mathcal{B} & O \\ O & -(1-lq)\mathcal{A} & O & O & O & -k\mathcal{B} \end{pmatrix}$$

其中,

$$\mathcal{A} = \begin{pmatrix} \sigma & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & \sigma \end{pmatrix}_{\mathcal{N} \times \mathcal{N}} \quad \mathcal{B} = \begin{pmatrix} \gamma & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & \gamma \end{pmatrix}_{\mathcal{N} \times \mathcal{N}} \quad O = \begin{pmatrix} 0 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 0 \end{pmatrix}_{\mathcal{N} \times \mathcal{N}}$$

计算 $K_L = -T\Sigma^{-1}$ 得到想要的下一代矩阵。

$$\begin{aligned} K_L &= -T\Sigma^{-1} \\ &= - \begin{pmatrix} O & \mathcal{T} & \mathcal{T} & \mathcal{T} & \mathcal{T} \\ & 0 & & & \end{pmatrix}_{6\mathcal{N} \times 6\mathcal{N}} \\ &\quad \times \begin{pmatrix} -\frac{1}{\mathcal{A}} & O & O & O & O & O \\ O & -\frac{1}{\mathcal{A}} & O & O & O & O \\ -\frac{q}{\mathcal{B}} & O & -\frac{1}{\mathcal{B}} & O & O & O \\ O & -\frac{lq}{\mathcal{B}} & O & -\frac{1}{\mathcal{B}} & O & O \\ -\frac{(1-q)}{k\mathcal{B}} & O & O & O & -\frac{1}{k\mathcal{B}} & O \\ O & -\frac{(1-lq)}{k\mathcal{B}} & O & O & O & -\frac{1}{k\mathcal{B}} \end{pmatrix}_{6\mathcal{N} \times 6\mathcal{N}} \\ &= \begin{pmatrix} \frac{[kq+(1-q)]}{k\gamma} \mathcal{T} & \frac{[klq+(1-lq)]}{k\gamma} \mathcal{T} & \frac{1}{\gamma} \mathcal{T} & \frac{1}{\gamma} \mathcal{T} & \frac{1}{\alpha} \mathcal{T} & \frac{1}{\alpha} \mathcal{T} \\ & 0 & & & & \end{pmatrix}_{6\mathcal{N} \times 6\mathcal{N}} \end{aligned} \quad (17)$$

由于个人在感染后并不是立即处于 A 或者 I 状态, 所以该系统有两种感染状态: \hat{E}_i 和 \tilde{E}_i 。所以创建矩阵

$$E = \begin{pmatrix} 1 & \cdots & 0 \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & \cdots & 1 \\ & 0 & & \end{pmatrix}_{6\mathcal{N} \times 2\mathcal{N}} \quad (18)$$

简化得到 $2\mathcal{N} \times 2\mathcal{N}$ 的矩阵 K:

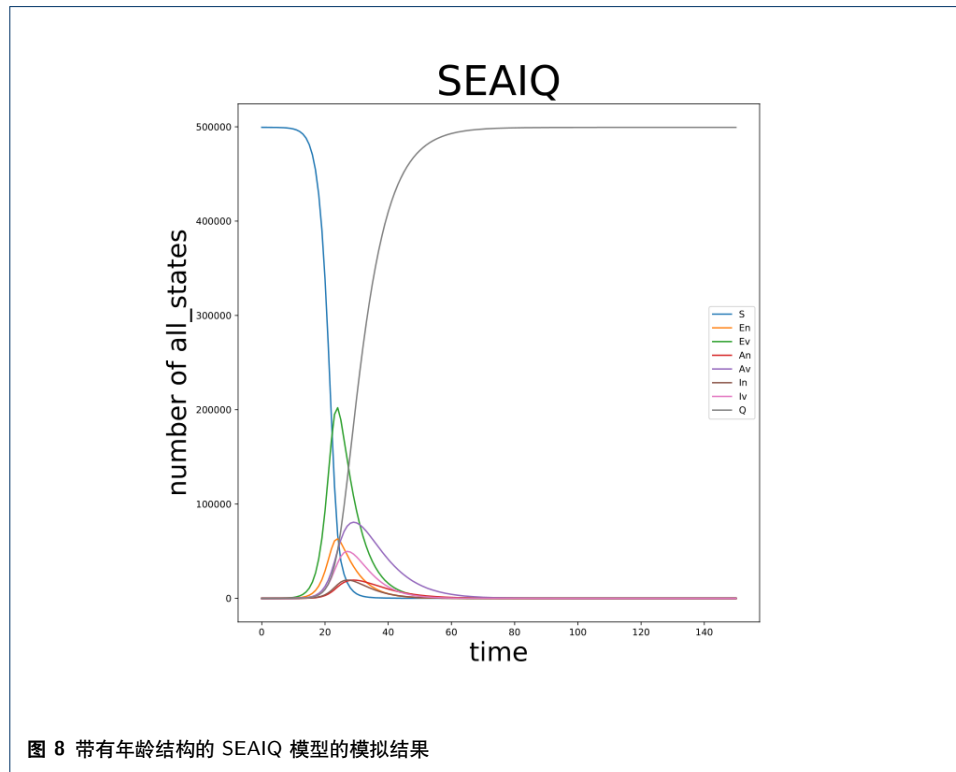
$$\begin{aligned} K &= -E^T T \Sigma^{-1} E \\ &= \begin{pmatrix} \frac{[kq+(1-q)]}{k\gamma} \mathcal{T} & \frac{[klq+(1-lq)]}{k\gamma} \mathcal{T} \end{pmatrix}_{14 \times 2\mathcal{N} \times 2\mathcal{N}} \end{aligned} \quad (19)$$

根据 NGM，基本再生数 R_0 为矩阵 K 的最大特征值或谱半径。因此 R_0 的值为：（由于三年龄组的结果没算出来，所以还未找到规律）

$$R_0 = \rho(K) = ??? \quad (20)$$

4 基于年龄组接触矩阵的仿真

使用带有年龄结构的 SEAIQ 模型来进行模拟整个传播过程。我们将所有人分为 18 个年龄组，每 5 岁为一组，85 及以上为一组。模拟采用表1中的数值，得到模拟结果如 Fig. 8所示。我们又考虑了整个过程中每天新增的有无症状的



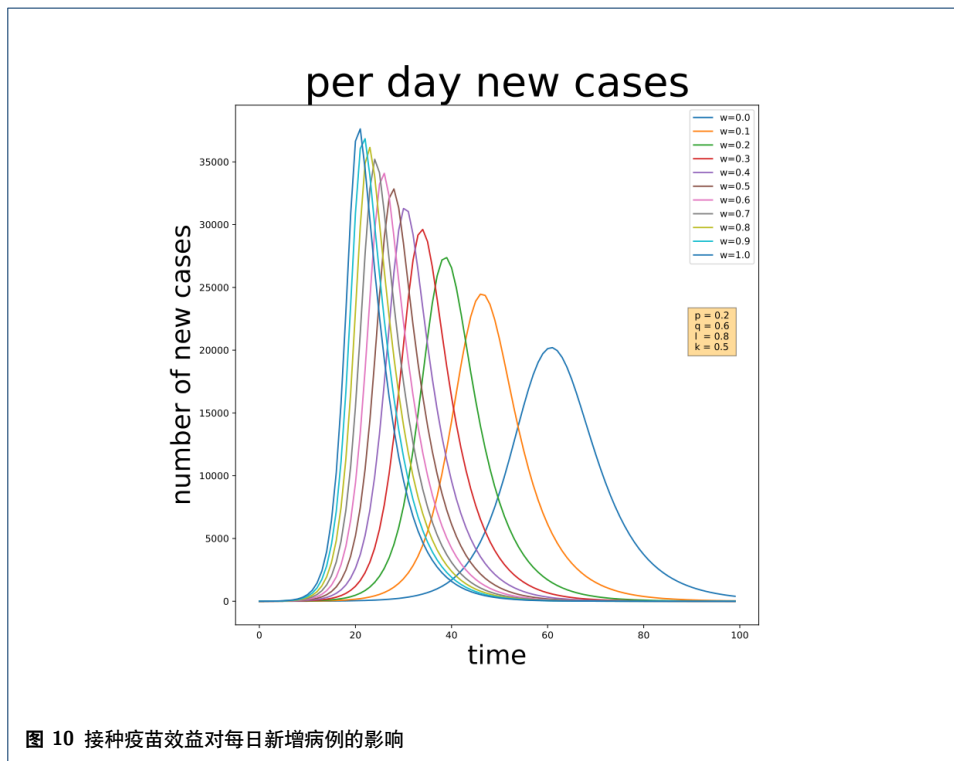
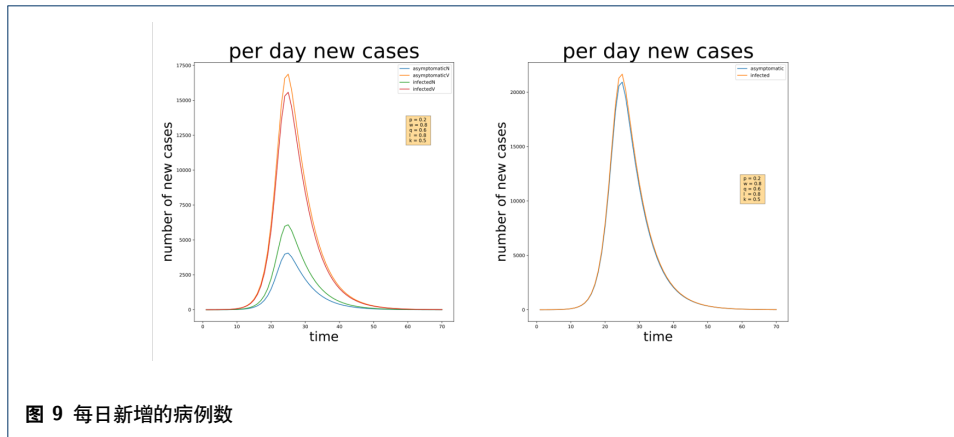
病例情况，结果如 Fig. 9所示。

5 各种参数的 sensitivity analysis

当考虑接种疫苗的效益对整个疾病传播的影响时，得到的结果如 Fig. 10所示。从中可以看出，当接种效益越高时（也就是感染能力被削弱的越多时）每日新增的病例数的峰值会逐渐降低。但是，达到峰值的时间会越来越久，说明疾病传播的时间会被大大的延迟。

通过使用不同的参数，观察对感染者人数的影响以及持续周期的影响。

当考虑未接种对疫情传播的影响时，对 p 进行敏感性分析得到 Fig. 15。从图中可以看出，当未接种接种概率越大时，有症状感染者每日新增的峰值会增大，最大每日会新增大约 2 万 8 千人。假设所有人都会接种时，峰值会降低 70% 之多。



当接种疫苗效益越高时，从图 Fig. 16中可以看出，不论时无症状还是有症状感染者，每日新增峰值都是越来越低。但是会导致峰值到达的时间延缓。

当考虑接种对无症状感染者的影响时，从 Fig. 18中可以发现，当 l 越小时，会使得无症状感染者的潜伏期大大的延迟，从而导致无症状感染者出现的越来越多。当无症状感染者出现的越多时，对疫情的潜在影响就会越大，导致整个传播周期增长。

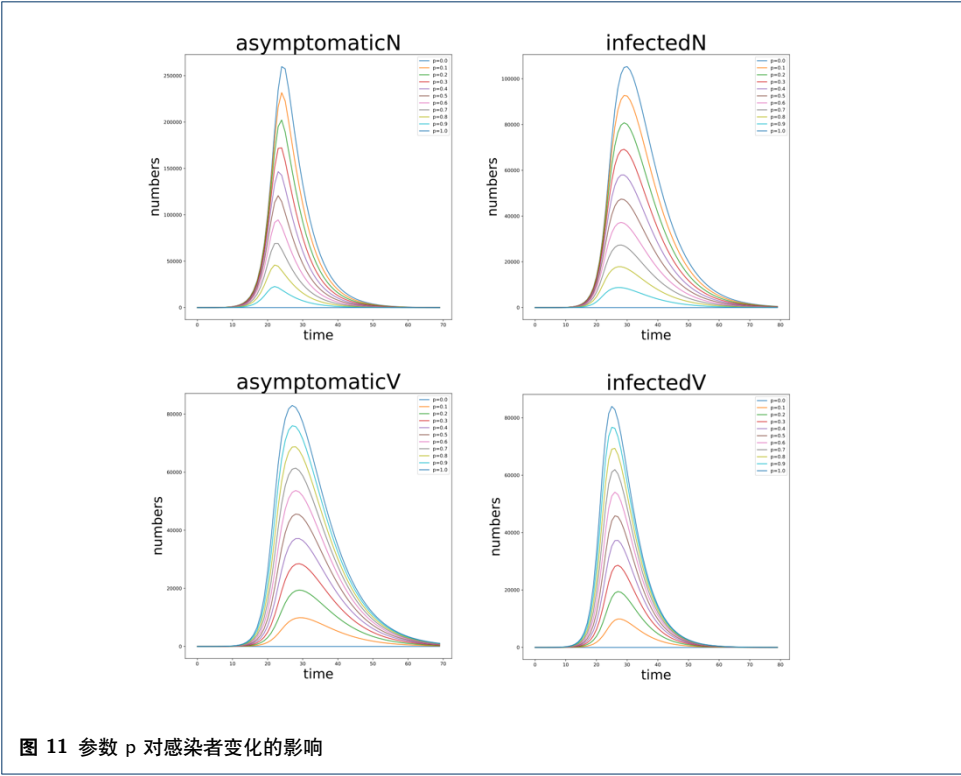


图 11 参数 p 对感染者变化的影响

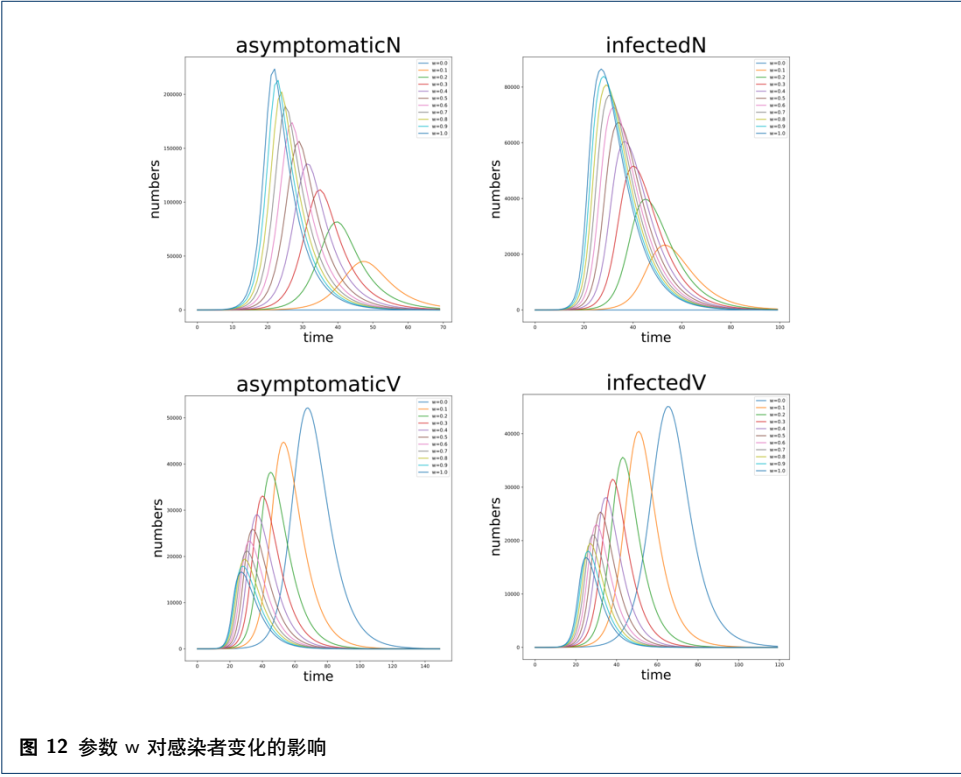


图 12 参数 w 对感染者变化的影响

Methods

资源分配 [4]

为了能够使得检测资源能够最优的分配给所需要的人，制定了一个分配指导策略。根据当地的人口规模、有无症状的感染人数，对资源分配进行优先检

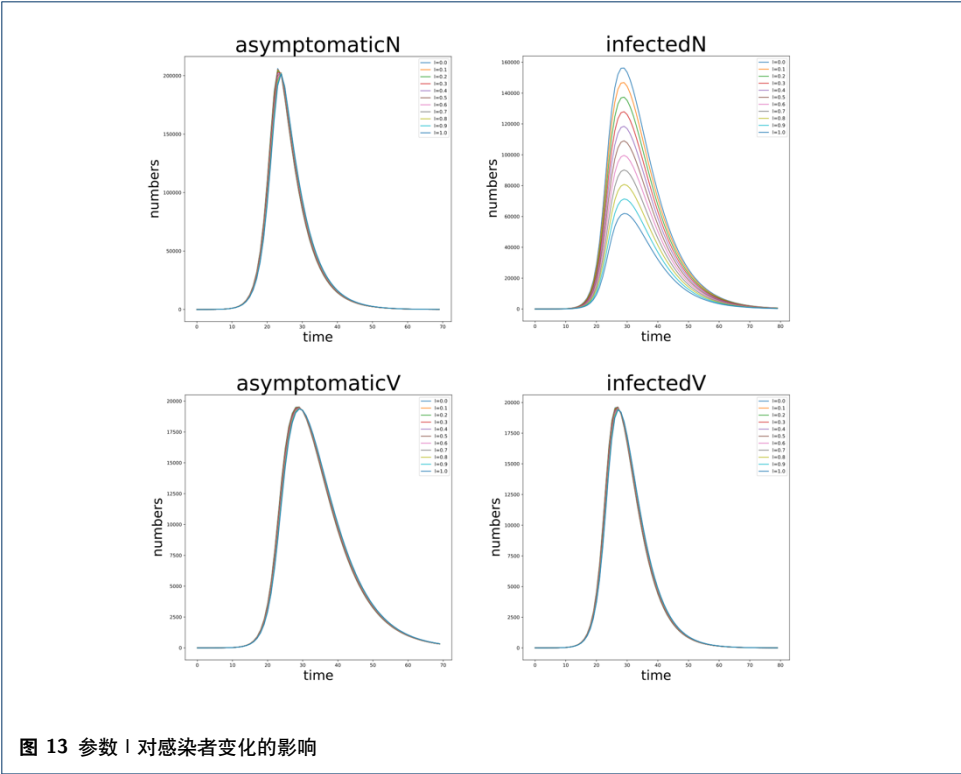


图 13 参数 I 对感染者变化的影响

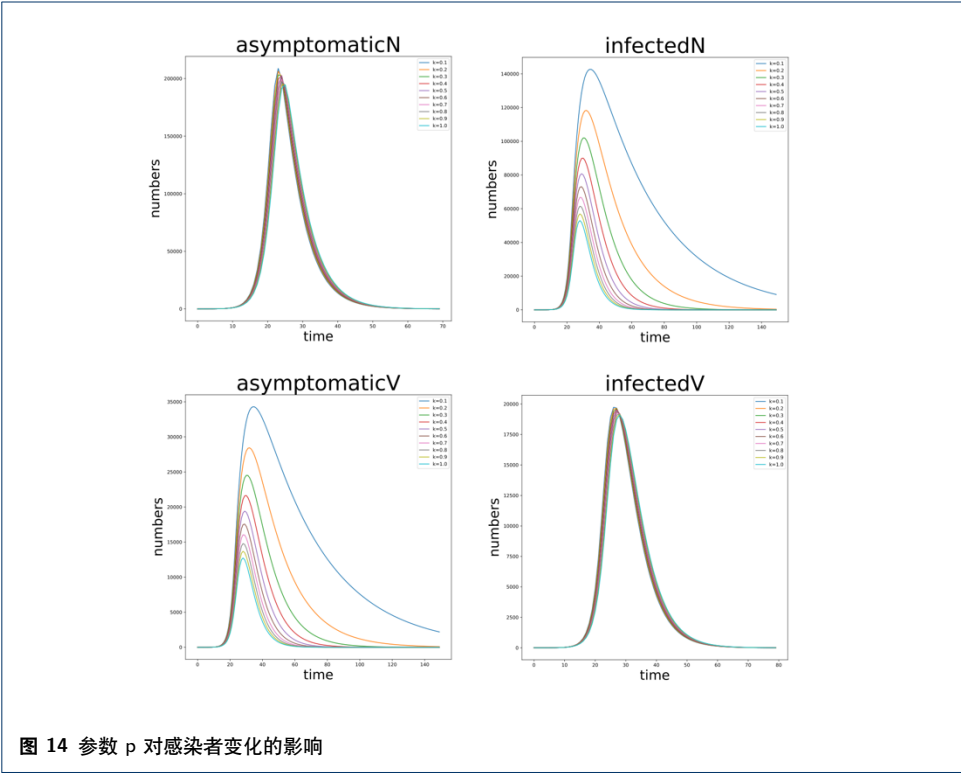
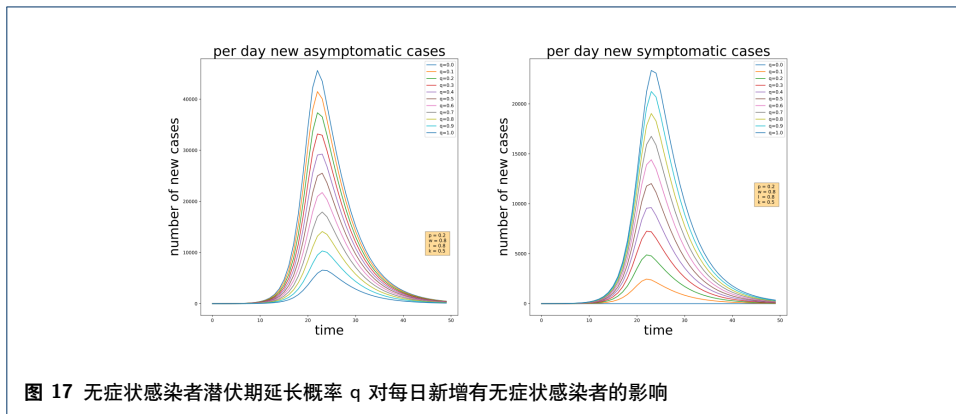
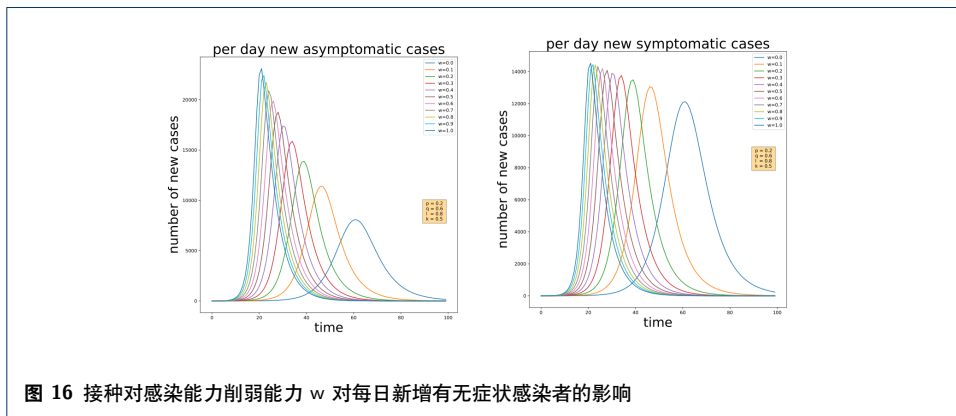
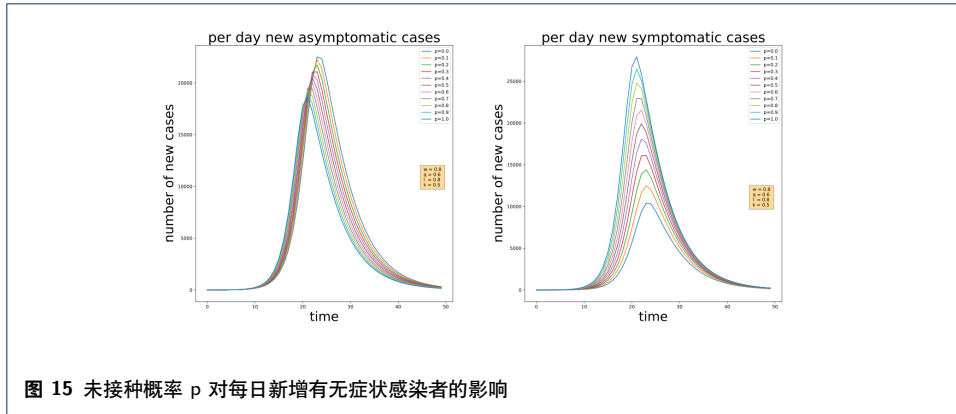


图 14 参数 p 对感染者变化的影响

测。为了能够验证每日新增症状人数，可以对不同的资源容量水平进行模拟：分别设置每天 2 万、4 万、6 万的资源容量。



在测试资源分配方式对传染规模的影响时，考虑两种不同的场景。资源分配的覆盖率如下：

- 1) 基线: 我们设置分配率为 0.01。
- 2) 基于每日新增的无症状感染者病例。

$$\gamma = \frac{\text{asymptomatic_newly}}{\text{all_newly}_{19}} * \frac{\text{allocation_capacity}}{\text{population_total}}$$

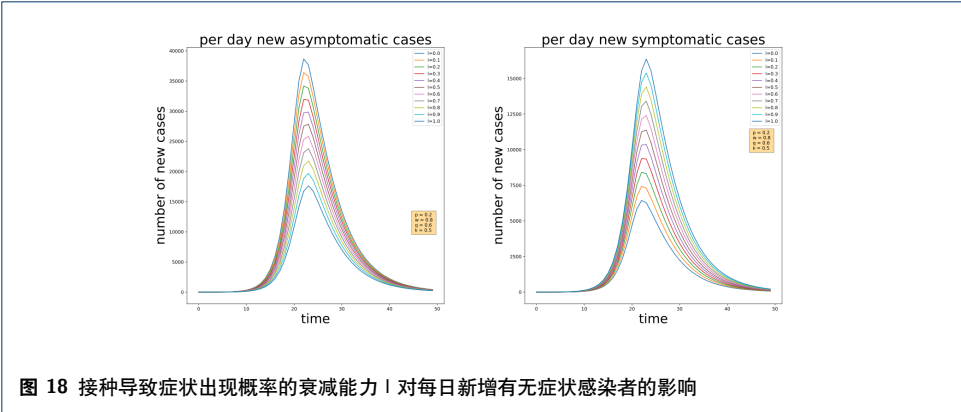


图 18 接种导致症状出现概率的衰减能力 l 对每日新增无症状感染者影响

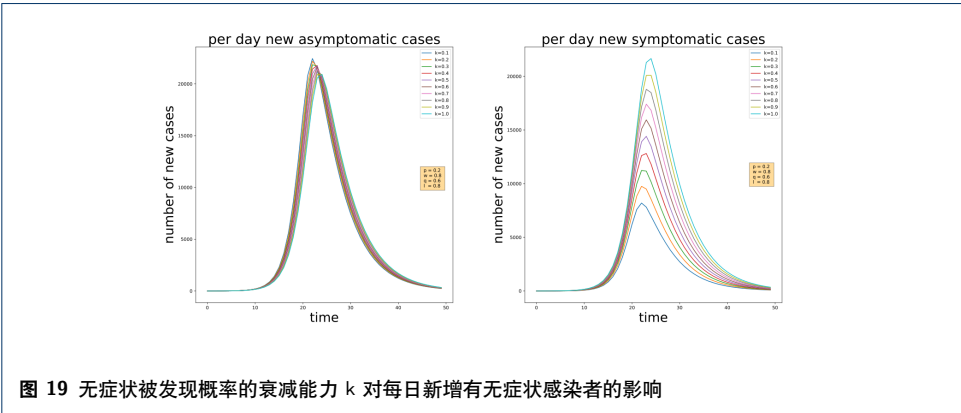


图 19 无症状被发现概率的衰减能力 k 对每日新增无症状感染者影响

表 1 模型参数的意义及取值区间

状态	描述	基线值	范围
p	未接种疫苗的比例。	0.2	$[0, 1]$
w	接种个体感染率降低的比率	0.8	$[0, 1]$
q	潜伏者变为有症状感染者的概率	0.6	$[0, 1]$
k	无症状感染者被发现的概率降低的比率	0.5	$[0, 1]$
l	接种后出现症状的概率降低比率	0.8	$[0, 1]$
β	感染率。	0.5	
$\frac{1}{\sigma}$	平均潜伏期	$1/6$	
$\frac{1}{\gamma}$	感染者被发现的平均时间间隔	$1/4$	

Tables

Figures

Appendix

Author details

School of Computer Science and Technology, Nanjing Tech University, Nanjing, China. Institute of Biology, National University of Sciences, Kiel, Germany.

参考文献

- Kermack, W.O., McKendrick, A.G.: A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character **115**(772), 700–721 (1927)
- Diekmann, O., Heesterbeek, J., Roberts, M.G.J.J.o.t.R.S.I.: The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models **7**(47), 873–885 (2010)

3. Gaddis, M.D., Manoranjan, V.S.J.M., Applications, C.: Modeling the spread of covid-19 in enclosed spaces **26**(4), 79 (2021)
4. Ren, J., Liu, M., Liu, Y., Liu, J.J.I.D.o.P.: Optimal resource allocation with spatiotemporal transmission discovery for effective disease control **11**(1), 1–11 (2022)