

天津大学

关于 COVID-19 在佛罗里达州传播模型



姓 名 戴子明 3019244328

姓 名 李津华 3019233069

姓 名 王艺璇 3019233021

2021 年 06 月 17 日

关于 COVID-19 在佛罗里达州传播模型

摘要

自 2019 年 12 月出现新型冠状病毒感染病例以来，该病毒迅速在全球范围内扩散，已经影响到两百多个国家和地区。截止到 2021 年 5 月底，全球新冠肺炎确诊 170427567 例，其中死亡病例已达到 3543311 例。目前新型冠状肺炎疫情全球形势已呈现两种态势：中国新冠肺炎的治愈率已经超过 72%，其他国家的新型疫情形势持续企稳。新冠疫情的防控已经成为了一个世界性的难题。

针对这一疫情，我们利用所学知识，根据全球疫情的公开数据进行建模和数值模拟，并对结果进行分析和预测。

问题一：以美国佛罗里达州为研究对象，通过历史数据搜集，考虑无症状感染者，潜伏期，隔离率，疫苗接种率，疫苗的作用效果等因素，研究该地区 COVID-19 的病毒传播情况。

问题二：考虑人口流动和人口聚集对疫情传播的影响，同构分析人群活动情况，生成社交距离指标，使用流行病学数据，计算病例的增长率比率，通过拟合统计模型评估人群活动相对变化对病毒传播的影响。

问题三：应美国政府的号召，面对三种可选疫苗，结合三种疫苗的作用机理，通过数值拟合接种疫苗后实验者体内抗体的数量变化，得到不同疫苗的防疫成功率，推测未来美国疫情的发展情况。

关键词：COVID-19、佛罗里达州、SEIARQ 模型、疫苗、拟合统计、传播情况

一、问题重述

1.1 问题背景

COVID-19 肺炎在数月蔓延全球，疫情的传播程度和严重性令人深感担忧。在繁忙的战役期间，中国展示了其出色的抗击疫情能力，将病情控制到客观的范围。国外的疫情困难却越来越明显地浮现了出来，尤其以美国为首的资本主义国家，对于人权的保护使得国家政策没有办法迅速有效地实施到每家每户，所以外国各国的患病人数一直快速地上升。就美国而言，特朗普政府从疫情刚开始就没有重视防控措施，再加上州与州之间的政策差异，以及人们对于自身自由权利的重视，在患病人数很少的时候并没有加以控制，使得美国 COVID-19 感染人数近似指数上升。

为了更好地分析美国疫情快速上涨的原因，需要通过美国疫情累计患病人数数据，建立 COVID-19 病毒传播模型，并应用模型分析出美国疫情人数的变化趋势和传播情况，以及加入接种疫苗情况之后的人数变化。

1.2 求解问题

本文根据问题建立数学模型，并设计求解方法解决如下问题：

问题一：

通过自己搜集美国某地区历史数据，建模并分析该地区的 COVID-19 病毒传播情况。

问题二：

人类的移动、聚集等行为也会影响新冠病毒的传播，尤其西方国家政府宣传不到位，部分人员疫情防控意识不强，不戴口罩出席公共场所等，试分析人类移动、聚集等因素对该地区病毒传播的影响。

问题三：

随着新冠疫苗的研发产出，美国政府要求人们可以注射以下三种疫苗：辉瑞-生物科技、Moderna、强生/杨森，每种疫苗特点不一，防疫成功率也不尽相同。请结合三种疫苗的优缺点，分析人们目前较低的接种率情况下，不聚集、聚集等情形下，分析该地区疫情的发展情况。

二、符号说明

表格 1: 符号说明

变量	说明	量纲
S	易感人口数量	个
E	潜伏期人口数量	个
I	显性感染人口数量	个
A	隐性感染人口数量	个
R	康复人口数量	个
Q	隔离人口数量	个
p	显性感染者比例系数	-
ϕ	隔离比例系数	-
γ	康复系数	-
ω	潜伏期系数	day^{-1}
N	区域全部人口数量	个
β_I	显性患者传染率	-
m	隐性患者较显性患者传染率比	-
r	单人每日接触人数	个
α	接种疫苗比例	-
k	接种疫苗后得病率	-
b	康复者复发概率	-
β_e	潜伏患者传染率	-
t	单位时间步长	day
λ_I	单个显性感染者传染人数	个
λ_e	单个潜伏期患者传染人数	个

三、模型建立、求解、分析

1. 问题一

1.1 问题分析:

在问题一中我们关注的是佛罗里达州的疫情人数变化情况，由于美国在疫情开始阶段并没有进行疫苗的注射、社区隔离等手段。所以我们可以借助网上的 SIER 模型并进行改进来分析佛罗里达州的疫情扩散情况。通过查阅资料来获取 COVID-19 的病程等基本信息来建立病毒传播模型。

1.2 模型建立:

对于传染病传播模型，最为传统的是 SEIR 模型。

在传统的 SEIR 模型中，研究对象被分为 S、E、I、R 4 种类型:

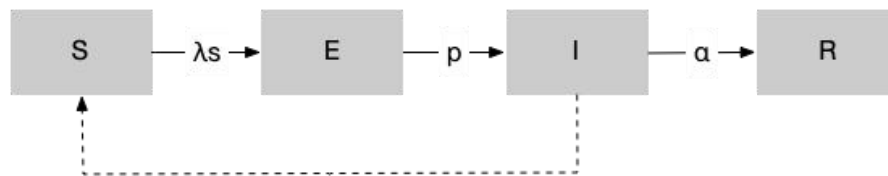
1) S(Susceptible): 易感者, 表示从未感染病毒的健康人群, 他们因为接触了感染者 (I) 而感染病毒。

2) E(Exposed): 潜伏者, 表示感染了病毒的易感者在出现症状之前 (即潜伏期) 所处的状态, 这个阶段病毒还未发作, 具有较低的传染能力。每位病毒携带者的潜伏期不同, 通常假设存在一个平均潜伏期, 故每一时刻潜伏者中将会有占 p 的人群转化为感染者, 其中 p 为平均潜伏期的倒数。

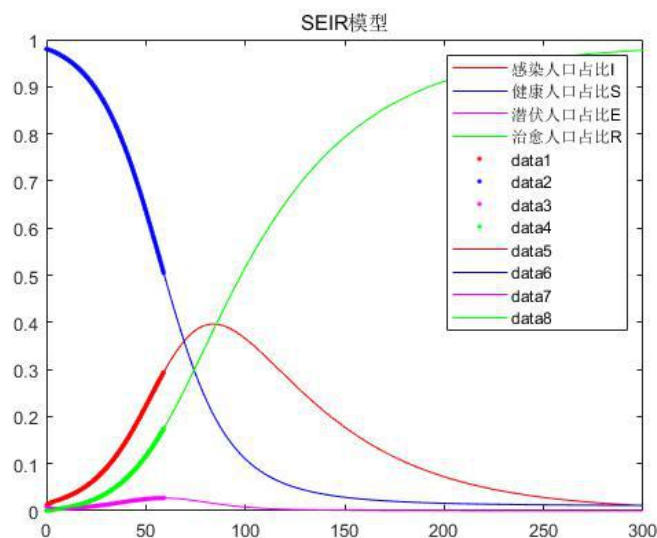
3) I(Infected): 感染者, 表示病毒发作, 开始出现疾病症状的病毒携带者。这类人群具有较强的传播能力, 会将病毒传播到接触的易感者。如果假设一名感染者每一时刻平均接触到的人数为 λ , 则易感者中将会有占 λs 的人群转化为潜伏者, 其中 s 为易感者所占所有人群的比例。

4) R(Removed): 康复者。即从患病康复的患者。

图一显示了传统 SEIR 模型的示意图, 但其中存在许多可修改的空间, 大部分研究是结合实际情况在传统 SEIR 模型上进行修改, 以更贴合现实传播规律。



图一：传统SEIR模型示意图



图表 1: SEIR 曲线图

但是对于 COVID-19 病毒来看, 只有三种人群是过于简单的, 因为这个病毒并不是患上即发病, 新型冠状病毒肺炎有一定的潜伏期, 并且还可能存在一些无症状感染者, 此种感染者的感染率与发病者的感染率不同并且不会被隔离, 所以我们在 SIR 的基础上, 建立了 SEIAR 模型。

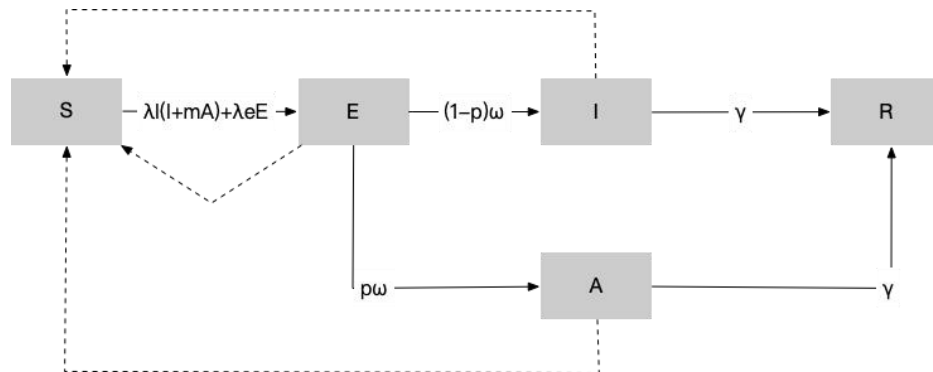
1) 对潜伏者的定义。本文将疾病的发病情况简化为所有易感者在接触病原体的时候都会率先变为潜伏者(E)，潜伏者并不会产生病情，不会被列入隔离名单，潜伏期患者的传染率相比于感染者来说较低，通过调查发现，COVID-19 病毒的潜伏期大概在 14 天左右，潜伏期患者将在 14 天后转变为感染者。

2) 对于显性感染者的定义。由于 COVID-19 病毒存在无症状感染者，本文定义感染者(I)为潜伏期患者被确诊为感染 COVID-19 的人群。显性感染者有患病的外在状况，但是由于美国的政策，许多患病者并不会进入医院隔离，所以我们定义只有 ϕ 比例的显性感染者会进入医院隔离，使其失去传播病毒的能力。

3) 引入隐性感染者（无症状感染者），即 U。在 COVID-19 传播过程中，人们发现有许多无症状感染者，他们并不会产生外在发病特征，但是也具有传染性，并且传染性会高于潜伏期患者。这类患者不容易被发现，也就不会被隔离。根据调查，无症状感染者大约为显性感染者(I)的 25%。

4) 对于康复者(R)。患病后自然痊愈后的人群体内会有 COVID-19 病毒抗体，由于我们不考虑单链 RNA 病毒的变异性，康复者再次患病的几率很低，可以约为 0。

修改后引入隐性传播者的 SEIAR 模型示意图如图二所示：



图二：引入隐性传播者的SEIAR模型示意图

假定易感者可以同时被潜伏者、隐性感染者和显性感染者传染，一个潜伏者在单位时间有 λ_e 的几率传染易感者（例如，潜伏者确诊后寻找与其密切接触的人，其中有 λ_e 比例的人被传染），而一个感染者会有 λ_I 的几率传染易感者，隐性感染者的传染强度为显性感染者传染强度的 m 倍。根据以上数据列出易感者方程为：

$$\frac{dS}{dt} = -\lambda_I[I + mA]S - \lambda_e ES$$

潜伏期患者是所有的易感者在接触病原体之后都会变成潜伏期患者，潜伏期患者又会在潜伏期之后变为感染者，潜伏期为 $1/\omega$ 天。所以每天都有 ω 的概率变为感染者：

$$\frac{dE}{dt} = \lambda_I[I + mA]S + \lambda_e ES - \omega E$$

隐性感染者是感染者的一部分，其占比为 p ，隐性感染者的传播率是显性感染者的 m 倍，COVID-19 的病程是 $1/\gamma$ ，即每天有大约 γ 的几率康复：

$$\frac{dA}{dt} = p\omega E - \gamma A$$

显性感染者和隐性感染者大体相同：

$$\frac{dI}{dt} = (1 - p)\omega E - \gamma I$$

所有感染者都会不断康复为康复者。对于被治愈的康复者，再感染 COVID-19 的可能性极低，因此退出了传播系统：

$$\frac{dR}{dt} = \gamma (A + I)$$

模型综合：

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\lambda_I[I + mA]S - \lambda_e ES \\ \frac{dE}{dt} = \lambda_I[I + mA]S + \lambda_e ES - \omega E \\ \frac{dA}{dt} = p\omega E - \gamma A \\ \frac{dI}{dt} = (1 - p)\omega E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma (A + I) \end{array} \right.$$

1.3 模型求解：

有限差分法：

可收集的数据均以天为单位，因此考虑离散变量的情况下，相关微分方程转换为如下的差分方程：

$$\begin{aligned} S_{t+1} - S_t &= -\lambda_I[I_t + mA_t]S_t - \lambda_e E_t S_t \\ E_{t+1} - E_t &= \lambda_I[I_t + mA_t]S_t + \lambda_e E_t S_t - \omega E_t \\ A_{t+1} - A_t &= p\omega E_t - \gamma A_t \\ I_{t+1} - I_t &= (1 - p)\omega E_t - \gamma I_t \\ R_{t+1} - R_t &= \gamma (A_t + I_t) \end{aligned}$$

通过查找资料，可以确定一些参量的数值。

来自瑞士伯尔尼大学的研究人员在一项大型概览性研究中确定了在 2019 冠状病毒疾病感染患者群体中无症状感染者所占比例。根据医学领域权威专业期刊《公共科学图书馆-医学》(PLOS Medicine) 报道称，无症状感染者约占新冠病毒感染人群的 20% 左右。所以可以确定， p 的数值为 0.2。

宁波市疾病预防控制中心传染病防制所陈奕等人发表的题为《宁波市新型冠状病毒肺炎密切接触者感染流行病学特征分析》的论文研究结果显示，确诊病例的密切接触者感染率为 6.3%，无症状感染者密切接触者感染率为 4.11%。研究者认为：感染率差异无统计学意义。所以可以给出 $\beta_I = 6.3\%$ 。



图表 2：佛罗里达累计感染人数

从图中我们可以看到，在疫情刚在佛罗里达州爆发的时候，其感染者为8，即 $I_0 = 8$ ，相对于佛罗里达州的总人数 $N = 21480000$ ，其显性感染者的比例大概为0.000000233，根据显性感染者和隐性感染者的比例来看，隐性感染者的比例为显性感染者的1/4，所以隐性感染者的比例是0.00000005825，因为是外来人口输入病毒，所以在疫情最开始可以假设潜伏期人数为0，因为病毒还没有开始传播。

对于COVID-19的病程，有专家指出，由于每个人的体质不同，康复情况也会出现差异，但是从统计学来看，COVID-19的病程大体上是42天。我们带入数据可以得到理论上佛罗里达州的疫情发展情况。

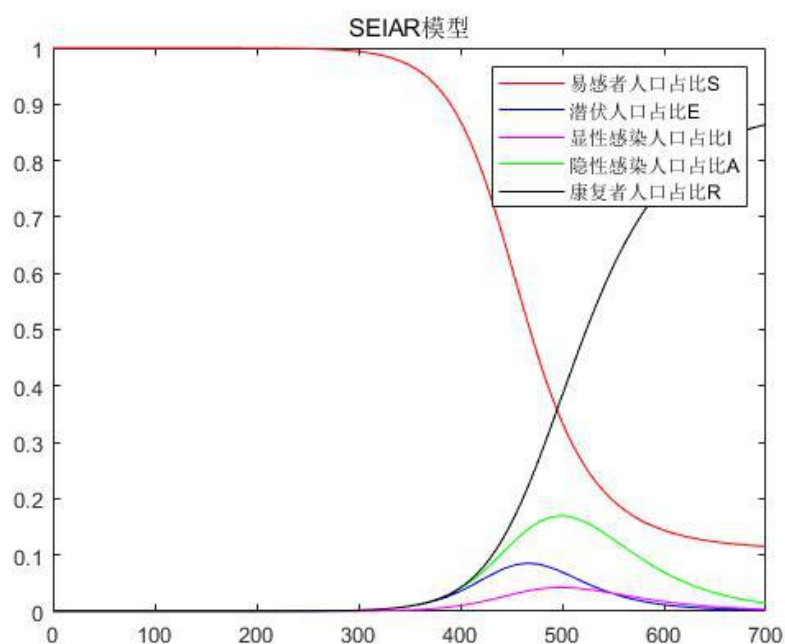
为了简化微分方程运算，并且可以更好地使用MATLAB软件，我们将方程化为矩阵相乘的形式

$$parameter = [\lambda_I, \lambda_e, \gamma, 1]$$

$$answer = [\Delta S, \Delta E, \Delta I, \Delta A, \Delta R]$$

$$matrix = \begin{bmatrix} -(I + 0.625A) & -E & 0 & 0 \\ (I + 0.625A) & E & 0 & -\frac{1}{14}E \\ 0 & 0 & -I & 0.2 \times \frac{1}{14}E \\ 0 & 0 & -A & 0.8 \times \frac{1}{14}E \\ 0 & 0 & (A \times I) & 0 \end{bmatrix}$$

$$\text{即 } answer^T = matrix \times parameter^T$$

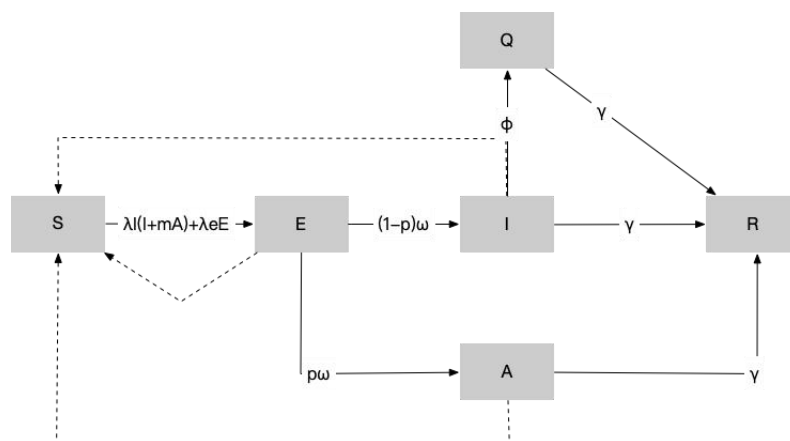


图表 3：理论图像

从图上来看，康复者将在400天之后开始快速上升，也就是说，如果佛罗里达州不采取措施并且病毒并不会变异，最少也需要两年的时间才可以度过疫情。

但是，真实情况是对于很多的显性感染者，医院会对其进行隔离，使其丧失传播能力，并且还有疫苗的介入，为了简化问题一，我们假设注入疫苗后人群会立刻获得免疫能力，通过对美国地区使用的三个疫苗的免疫率比较，分别为 94.1%，95%和 66.1%，为了简化计算，我们假设疫苗的免疫率为 90%，即接受疫苗的人群仅会有 0.1 的概率患病。

所以为了模拟上述情况，我们在 SEIAR 的模型上提出了新的模型，即 SEIARQ 模型，引入了 Q（quarantine），这种人群会丧失传染能力，医院会收容一部分显性感染者，并加以隔离措施。因此 SEIARQ 的模型如下所示：

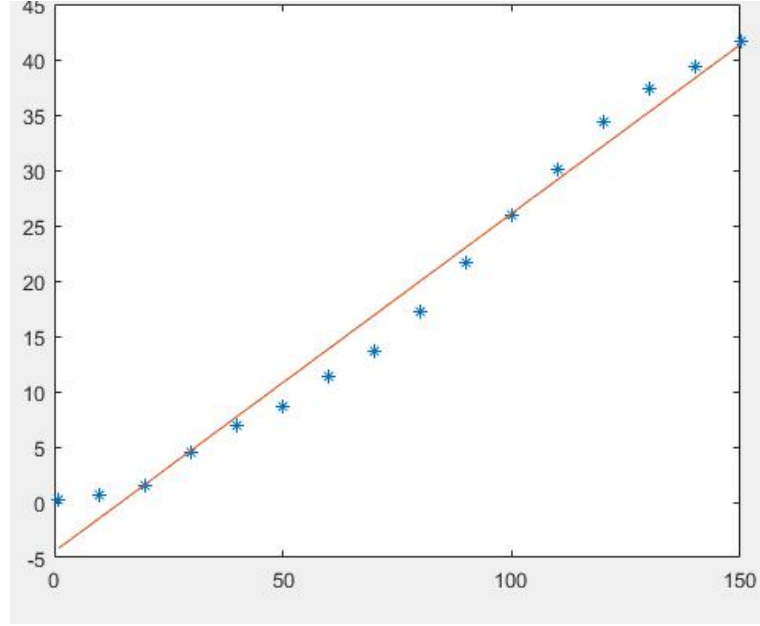


图表 4：SEIARQ 模型图示

对于隔离者（Q），隔离措施只会对显性感染者有效，因为无症状感染者在没有做核酸检测之前是不会被发现的，所以只有显性感染者（I）会被隔离，进入隔离者区域则不会对易感者（S）进行感染，并和其他患者一样，有 γ 的概率痊愈为康复者（R）。所以隔离者的方程如下：

$$\frac{dQ}{dt} = \phi I - \gamma Q$$

又因为在美国开始进行了疫苗注射，疫苗注射比例随着时间的变化而变化，现在对佛罗里达州疫苗的注射进行拟合来获得其疫苗注射情况。



图表 5：佛罗里达州疫苗接种情况

拟合接种疫苗情况：

$$y = 0.3054t - 4.4557$$

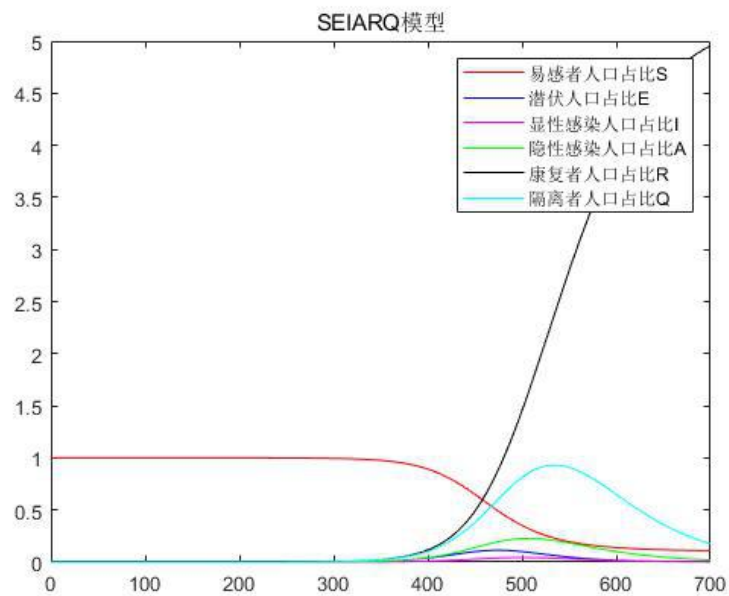
为了简化模型，我们将取其均值等价于疫苗接种率。从拟合的图中可见，从开始有疫苗到如今，平均接种率为 20%，并带入数据。

SEIARQ 综合模型：

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -S[k\alpha + (1 - \alpha)]\beta_I[(1 - \phi)I + mA] - Sr[k\alpha + (1 - \alpha)]\beta_e E \\ \frac{dE}{dt} = S[k\alpha + (1 - \alpha)]\beta_I[(1 - \phi)I + mA] + S[k\alpha + (1 - \alpha)]\beta_e E - \omega E \\ \frac{dI}{dt} = (1 - p)\omega E - (1 - \phi)\gamma I - \phi I \\ \frac{dA}{dt} = p\omega E - \gamma A \\ \frac{dR}{dt} = (1 - \phi)\gamma I + \gamma(A + Q) \\ \frac{dQ}{dt} = \phi I - \gamma Q \end{array} \right.$$

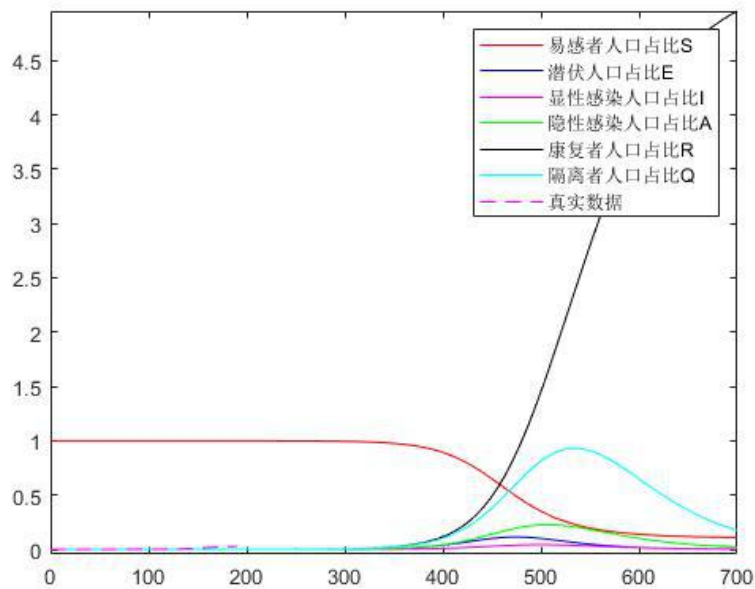
根据纽约时报的统计，美国佛罗里达州的隔离率大概处于 60%，即有 0.6 比例的显性感染者丧

失感染能力。



1.4 模型检验:

将佛罗里达州的真实数据画入图表:



图表 6: 真实数据

品红色的真实数据曲线，和显性感染者的线基本吻合，说明带有隔离和疫苗模型更加符合真实情况。

1.5 模型评价分析

由模型真实检验可知，疫情的爆发最高峰大概在 500 天到 600 天左右，所以从 2020 年初开始的佛罗里达州疫情预计将会在 2021 年末尾达到最高峰，之后各种患者人数才会显著下降，由 SEIARQ 的图像和 SEIAR 图像作对比，引入疫苗和隔离措施会显著降低各种患者的数量比例，并且也会延后疫情的高峰点，这对于一个州甚至一个国家对于疫情的防控是至关重要的。反观美国的州政策，以佛罗里达州为例，州长仍声称不用戴口罩，开放各种聚集活动，这将会大大提高疫情的有害影响，延缓疫情控制。

2. 问题二

2.1 问题分析：

对于人口流动与人口聚集，二者对病毒传播的影响机制是相同的，都是通过增加人与人之间的接触，从而增大病毒传播的范围。通过分析人类活动情况，生成社交距离指标，使用流行病学数据，计算病例增长率比率。通过拟合统计模型，评估人类活动的相对变化对病毒传播的影响。

2.2 模型建立：

基于蜂窝数据，对于问题二，本文通过处理相关数据得出人类活动对病毒传播的影响：

- 1) 构建各地区之间的社会活动距离评估指标；
- 2) 计算各地区病例增长率；
- 3) 建立散点图，拟合分析人口流动、人口聚集对病例增长情况的影响。

为量化不同地区的社会疏远关系，定义每天(t)和地区(j)的流动比率(SD)(social distancing ratio)，反映相对于疫情前，每天每个县个人出行次数变化。为计算该度量，使用出发地-目的地旅行矩阵，SD 是进入、离开和县内旅行次数总和，基线值取定旅行模式稳定时平均值，以此指标解释为社交距离的代替指标，假设个人出行次数减少，身体互动减少：

$$SD_j^t = \frac{\sum_{i \neq j} D_{ij}^t + \sum_{i \neq j} D_{ji}^t + D_{jj}^t}{\sum_{i \neq j} D_{ij}^{t_0} + \sum_{i \neq j} D_{ji}^{t_0} + D_{jj}^{t_0}}$$

D_{ij}^t : 在 t 时，从 i 到 j 的交通流量。

$D_{ij}^{t_0}$: 疫情发生前，从 i 到 j 的交通流量。

SD_j^t : 代表了在 t 天时，j 地点人口流动的相对变化。该指标考虑了县内与县间的流动，因此，

它包括典型通勤模式和围观（县内）运动变化。

将每个地区的病例和死亡数据对比，计算给定一天，某地区的 COVID-19 增长率 (GR: growth rate ratio)，定义为过去三天新报告病例数的对数变化率相对于一周前对数变化率，j 县第 t 天的 GR 计算如下：

$$GR_j^t = \frac{\log\left(\sum_{t-2}^t \frac{C_j^t}{3}\right)}{\log\left(\sum_{t-6}^t \frac{C_j^t}{3}\right)}$$

其中 C_j^t 是 j 县第 t 天新增病例数

GR 可以采用任何非负值，并且仅在任何时期（3 天或 7 天移动平均值）内每天报告的平均病例数大于 1 时才定义，这是因为如果每天报告数为 1，该式子无意义，如果等于 0，该式子同样没有意义。我们使用移动平均线来平滑不稳定的案例报告数据。

使用上述指标，评估社会活动距离对感染率的影响，需要为每个地区拟合了一个广义线性模型 (GLM)，由于病毒传播与是使用滞后 SD 作为 COVID-19 增长率的预测指标，由参考文献，设置滞后时间为 11 天，分析 MR 和 GR 的相关性。MR 和 GR 之间的相关性是根据某地区的单独模型以及地区的组合单个模型计算的。

2.3 模型分析与求解：

通过查找资料，得到 Florida 地区从 2020 年 1 月至 4 月中，人口流动、病例增长相关数据，为数据处理，将 2020 年 1 月至四月近 100 天的数据简化处理，利用上述模型，求解得到相关数据，建立 Florida 地区人口流动变化图以及病例增长情况图如下图 2-1, 2-2 所示，并通过拟合与统计分析，得到病例增长情况，从而说明人类流动与聚集对病毒传播的影响。



图 2-1 佛罗里达人口流动情况

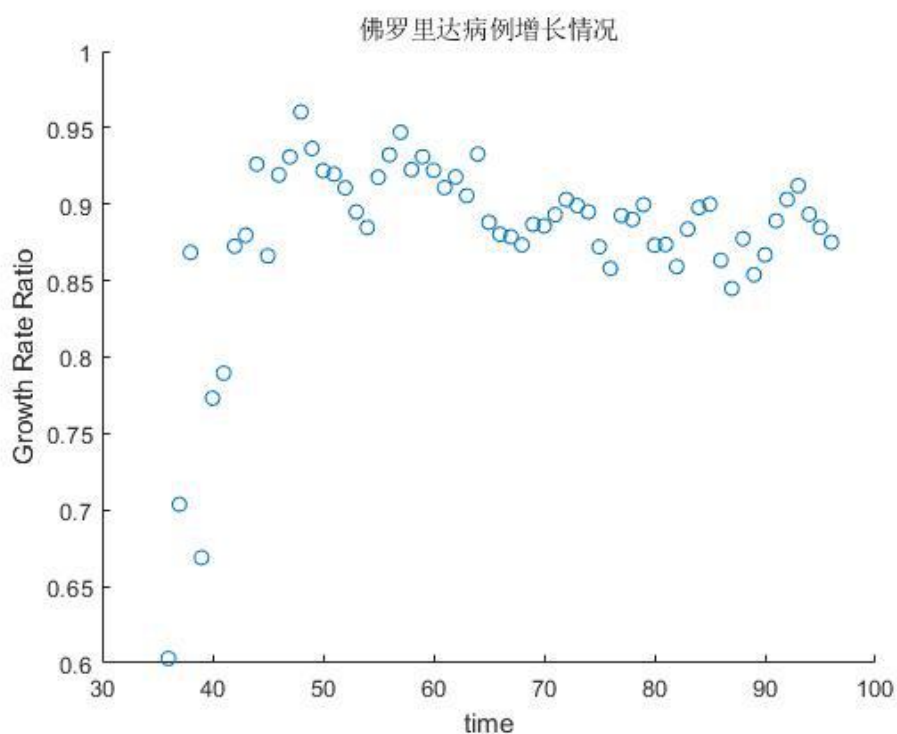


图 2-2 佛罗里达病例增长情况

比较佛罗里达人口流动与病例增长情况可知，疫情初期未颁布居家令时，人口流动与疫情前规模相近，与此同时，该地区病例增长情况呈幂函数增长形式，而在较长的一段时间内，由于政府不控制出行与聚集，造成病例增长速度维持在一个较高水平，直至相关限制出行的文件发布之后，该地区人口流动水平降低，甚至降至疫情前水平的近 50%，与此同时，该地区病例增长速度呈现下降趋势。该结果说明人口流动量、聚集规模的增大会造成病毒传播面积的扩大，而适当增加人与人之间社会活动距离有助于大面积减少疫情对人们身体健康的影响。

3. 问题三

3.1 问题分析

对健康人群进行疫苗接种是控制传染病发生和传播的重要手段，所以在传染病的模型中要加以分析。接种疫苗后的抗体水平衰减趋势和免疫的持续时间是衡量病毒疫苗作用效果的关键指标。^[1]面对 covid-19 在全球的大流行，疫苗的出现显得及其重要。新冠疫苗接种以后，人体的免疫系统做出应答，主要有 T 淋巴细胞和 B 淋巴细胞发挥免疫作用，主要是识别、引发免疫记忆和产生抵御病毒或细菌的作用。人体接种疫苗后，淋巴细胞会帮助我们形成免疫记忆，这个免疫记忆遇到相同的病原时会迅速产生抗体，实现消灭病原的功能，预防疾病。截止到 2020 年底，世界卫生组织已经记录了超过 214 种 covid-19 候选待测疫苗，其中已经有 51 种进入了临床测试阶段。^[2]全球进展最快的辉瑞-生物科技、Moderna 采用的方法是 mRNA 病毒包裹在脂质纳米颗粒中，强生采用的则是腺病毒疫苗。^[3]基于此我们想到建立数学模型来预测抗体衰减的趋势，同时分析辉瑞-生物科技、Moderna、强生三种疫苗接种后一段时间内美国加州的疫情变化趋势，引入拟合法来拟合疫苗免疫的持久性。同时在第一问的基础上，增加不同疫苗的防疫成功率的条件，分析该地区的疫情发展情况。

疫苗抗体的衰减趋势大多为指数曲线 $y=k+ax^b$ 或者幂曲线 $y=k+a\exp(bX)$ ，分别建立两个模型（两个曲线以及各自变量的说明）通过比较二者的拟合效果，选择指数曲线或者幂曲线，结合曲线化直和最小二乘法等确立实测数据的数学模型。^[4]

3.2 拟合过程的实现

（1）确定拟合曲线的类型，分别搜集美国佛罗里达州未接种疫苗前每天的病毒传染情况，接种疫苗后每天的该地区的病毒传染情况，根据搜集到的疫苗测试临床数据，在坐标纸上绘制散点分布图，（x 是时间步长，y 是血液中的抗体）根据散点的分布，确定合适的拟合曲线。

（2）曲线化直，由第一问的拟合曲线决定，在双对数坐标纸或者半对数坐标纸再次绘制实际数据的散点分布图，若已经近似于直线分布，则不需修改；若不呈现直线趋势，可以对自变量或者应变量加减常数 c，反复进行调试，达到直线变化趋势。其中的加减常数 c 即为拟合方程的常数项。

（3）求解方程，采用最小二乘法将直线方程设为 $y=ax+b$ 的形式，问题就变成选择合适的参数 a 和 b 使得误差平方和 $Q(a, b)$ 达到最小值。

（4）拟合效果的检验：计算出决定系数 R^2 ，它的取值范围在 0 到 1 之间，越接近于 1，说明拟合的效果越好。

3.3 数学模型的建立

(1) 辉瑞-生物科技疫苗：美国的 18 至 64 岁人群的 600 人作为实验者随机分组，男性女性随机分组，接种辉瑞-生物科技疫苗，分别注射 $25\text{ }\mu\text{g}$ 、 $100\text{ }\mu\text{g}$ 、 $250\text{ }\mu\text{g}$ 剂量，第一针和第二针间隔 28 天接种，第二针接种结束 12 天以后检测原接种人群，检测血液中 IgM 和 IgG 的数量，建立拟合模型。

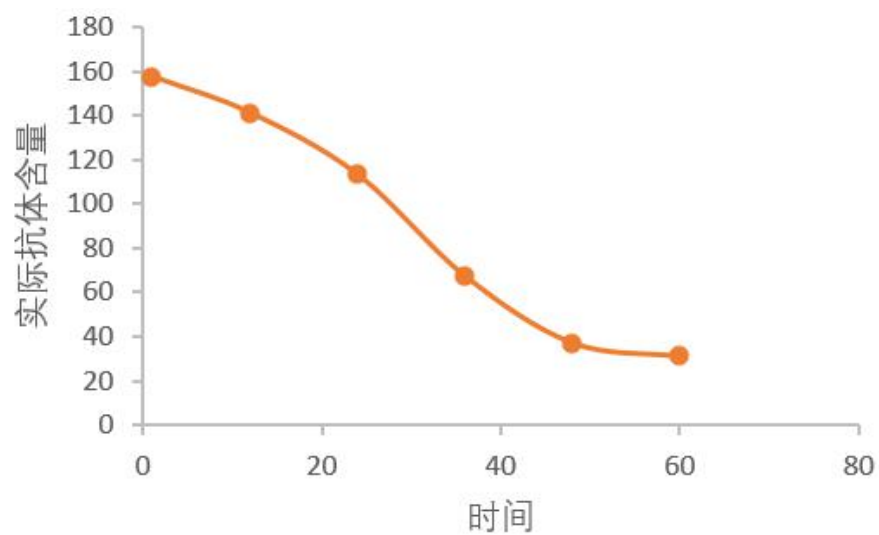
(2) Moderna 疫苗：美国地区 18 岁至 64 岁人群的 600 人作为实验者随机分组，男性女性随机分组，接种辉瑞-生物科技疫苗，分别注射 $25\text{ }\mu\text{g}$ 、 $100\text{ }\mu\text{g}$ 、 $250\text{ }\mu\text{g}$ 剂量，第一针和第二针间隔 28 天接种，在第二针接种结束 24 天以后检测原接种人群，时间步长为 24 天，检测中和抗体滴度，建立拟合模型。

(3) 强生疫苗：美国地区 18 岁至 64 岁人群的 500 人作为实验者随机分组，男性女性随机分组，接种辉瑞-生物科技疫苗，分别注射 $25\text{ }\mu\text{g}$ 、 $100\text{ }\mu\text{g}$ 、 $250\text{ }\mu\text{g}$ 剂量，强生疫苗只接种一针剂，检测抗体浓度，建立拟合模型。

3.4 模型的检验

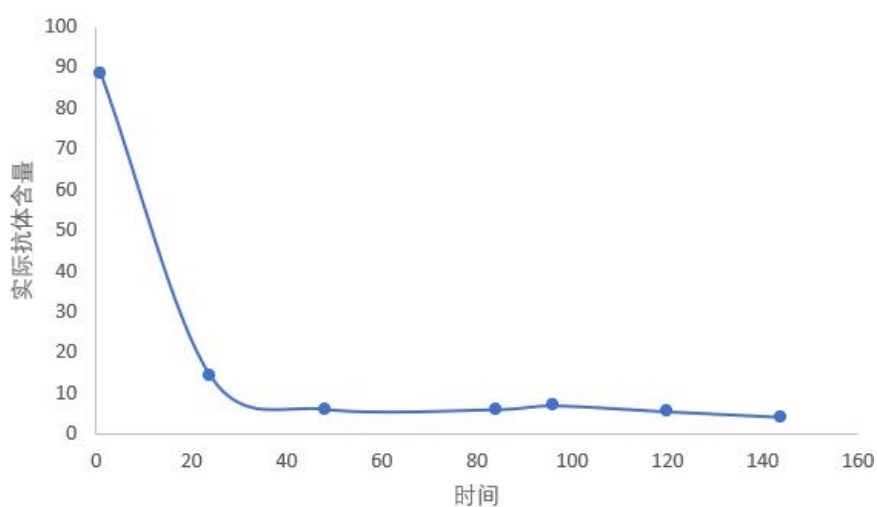
疫苗 1 的临床实验数据

时间 (x_i)	测试人数	实际值 (y_i)	拟合数据	残方差
1	502	157.6	167.8	104.04
12	328	141.2	130.8	107.33
24	287	113.3	97.3	256.64
36	238	67.4	69.6	4.75
48	183	37.3	46.7	88.93
60	155	31.2	27.9	11.16



疫苗 2 的临床实验数据

时间 (x _i)	测试人数	实际值 (y _i)	拟合数据	残方差
1	326	88.35	85.81	6.45
24	326	14.32	13.09	1.51
48	326	6.18	8.58	5.76
84	326	6.08	6.01	0.00
96	326	7.03	5.62	1.99
120	326	5.56	4.90	0.44
144	326	4.20	2.87	1.77



根据数据拟合过程，求解确定拟合方程为 $y=90.95x^{-0.61}$ ，利用最小二乘法计算决定系数。

$$\frac{\partial Q}{\partial a} = -2 \sum_{i=1}^N [y_i - (a + bx_i)] = 0$$

$$\frac{\partial Q}{\partial b} = -2 \sum_{i=1}^N [y_i - (a + bx_i)]x_i = 0$$

$$a = \frac{\sum_{i=1}^N y_i \sum_{i=1}^N x_i^2 - \sum_{i=1}^N x_i \sum_{i=1}^N x_i y_i}{N \sum_{i=1}^N x_i^2 - (\sum_{i=1}^N x_i)^2}$$

$$b = \frac{N \sum_{i=1}^N x_i y_i - \sum_{i=1}^N x_i \sum_{i=1}^N y_i}{N \sum_{i=1}^N x_i^2 - (\sum_{i=1}^N x_i)^2}$$

R^2 计算为 0.997, 预测误差为 0.003, 说明模型拟合理想。

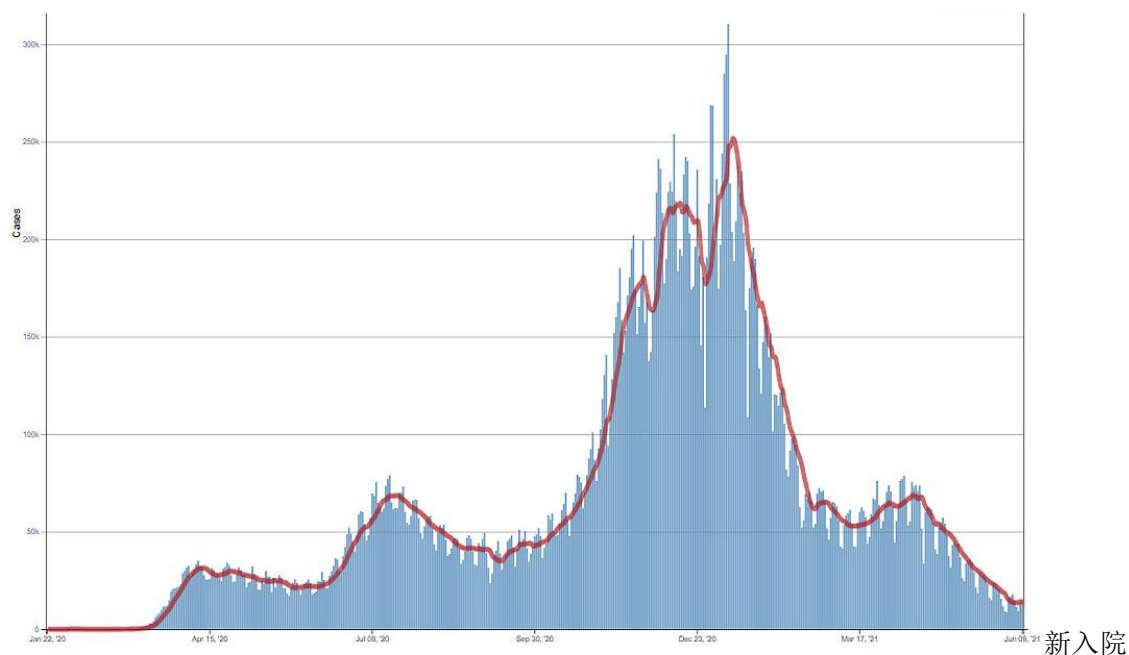
3.5 结果分析

结果显示, 辉瑞疫苗在预防没有感染证据的人群中实验室确诊的 COVID-19 疾病方面有 95% 的效率; Moderna 疫苗在预防接受过两剂疫苗且先前没有感染证据的人群中预防实验室确诊的 COVID-19 疾病方面的有效率为 94.1%; 疫苗在预防没有感染证据的人群中实验室确诊的 COVID-19 疾病方面有 66.3% 的效率, 人们在接种疫苗两周后获得的保护最大。

用数学模型来研究接种疫苗后抗体衰减趋势的方法还处于探索阶段, 其实用价值和存在的问题还有待一步研究, 从本文的角度出发, 一些接种疫苗后抗体衰减的趋势符合幂曲线或者指数曲线的规律。

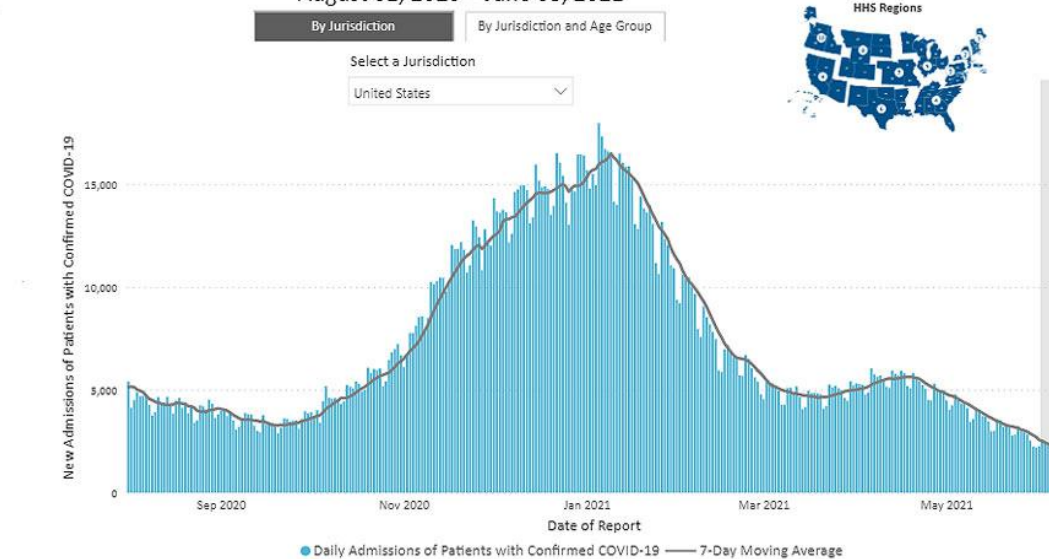
3.6 美国疫情预测

根据 CDC 数据追踪器调查数据显示, 当前每日新增病例的七天移动平均线比之前的七天移动平均线相比下降 6.0%。



人数也在显著下降，目前 6 月 2 日至 6 月 8 日的平均值为 2239，这比 5 月 26 日至 6 月 1 日的前七天平均值下降了 12.8%。自 4 月 19 日以来，新入学的七天移动平均值一直在普遍下降。

New Admissions of Patients with Confirmed COVID-19, United States August 01, 2020 – June 08, 2021



参考文献

- [1]陈田木,刘如春,谭爱春,何琼,田丹平,黄渊秀,高林,董晶,李黎,邓欣,胡国清. 隔离患者对控制学校甲型 H1N1 流感暴发疫情效果的数学模拟[J]. 中国卫生统计, 2014, 31(03):390-394.
- [2]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(03):375-382.
- [3]Bhatnagar, Manav R. "COVID-19: Mathematical modeling and predictions." *submitted to ARXIV. Online available at: <http://web.iitd.ac.in/~manav/COVID.pdf>* (2020).
- [4]翟羿江, 蔺小林, 李建全, 梁卫平. 基于存在基础病史易感者的 SEIR 模型对 COVID-19 传播的研究[J]. 应用数学和力学, 2021, 42(04):413-421.
- [5]Badr Hamada S; Du Hongru; Marshall Maximilian; Dong Ensheng; Squire Marietta M; Gardner Lauren M. Association between mobility patterns and COVID-19 transmission in the USA: a mathematical modelling study[J];
- [6]戴碧涛 谭索怡 陈洒然 蔡梦思 秦烁 吕欣. 基于手机大数据的中国人口迁徙模式及疫情影响研究《物理学报》2021 年第 6 期 346-355, 共 10 页
- [7]罗凤基, 赵伟, 张菁. 麻疹减毒活疫苗抗体衰减趋势的幂曲线模型拟合及抗体持久性预测研究[J]. 中国计划免疫, 2007(02):130-131.
- [8]DAI L,GAO GF.Viral target for vaccines against COVID-19 .Nat Rev Immunol 2020,1-10
- 魏应亮, 艾超仁, 赵永江. 新冠疫苗核心免疫原的专利分析[J]. 中国发明与专利, 2021, 18(03):57-61.
- [9]陈维欣, 丁雪娇. 疫苗接种后抗体衰减趋势的数学模型建立与应用[J]. 中国疫苗和免疫, 2019, 25(03):269-272.
- [10]罗凤基, 董春明, 连文远. 疫苗动力学模型的拟合方法[J]. 中国生物制品学杂志, 2002(02):113-115.

附录

SEIR.m: SEIR 模型函数

```
1. function dy=SEIR(t,x,A)
2. alpha = A(1);           %潜伏期转阳率
3. beta = A(2);            %感染率
4. gamma1 = A(3);          %潜伏期治愈率
5. gamma2 = A(4);          %患者治愈率
6. dy=[alpha*x(3) - gamma2*x(1);
7.     -beta*x(1)*x(2);
8.     beta*x(1)*x(2) - (alpha+gamma1)*x(3);
9.     gamma1*x(3)+gamma2*x(1)];
```

SEIAR.m: SEIAR 函数模型

```
1. function dy=SEIAR(t,x,A)
2. lambda1 = A(1);          %显性感染者传播率
3. lambda2 = A(2);          %潜伏者传播率
4. gamma = A(3);            %康复系数
5. const = A(4);            % 1
6. dy=[-lambda1*(x(3)+0.652*x(4))*x(1)-lambda2*x(2)*x(1);
7.     lambda1*(x(3)+0.652*x(4))*x(1)+lambda2*x(2)*x(1)-(1/14)*x(2)*const;
8.     0.2*(1/14)*x(2)*const - gamma*x(3);
9.     0.8*(1/14)*x(2)*const - gamma*x(4);
10.    gamma*(x(4)+x(3))];
```

SEIARQ.m: SEIARQ 函数模型

```
1. function dy=SEIARQ(t,x,A)
2. lambda1 = A(1);          %显性感染者传播率
3. lambda2 = A(2);          %潜伏者传播率
4. gamma = A(3);            %康复系数
5. const = A(4);            % 1
6. dy=[-lambda1*(x(3)+0.652*x(4))*x(1)*(1-0.9*0.2)-lambda2*x(2)*x(1)*(1-0.9*0.2);
7.     lambda1*(x(3)+0.652*x(4))*x(1)*(1-0.9*0.2)+lambda2*x(2)*x(1)-(1/14)*x(2)*const*(1-0.9*0.2);
8.     0.2*(1/14)*x(2)*const - (1-0.6)*gamma*x(3) - gamma*x(3);
9.     0.8*(1/14)*x(2)*const - gamma*x(4);
10.    (1-0.6)*gamma*x(3) + gamma*(x(4)+x(6));
11.    0.6*x(3)-gamma*x(6)];
```

SEIARQ_theory.m: 对于问题一的 SEIARQ 理论模型

```
1. clear all;close all;clc;
2.
3. %%SEIARQ 模型
4. fid = fopen('totalCase.txt');
5. B = textscan(fid,'%f %f');
6. Idata = [B{1} B{2}];
7. n = max(size(Idata));
8. for i = 1:n
9.     Idata(i,2) = Idata(i,2) / 21480000;
10.end
11.
12.A = [0.06 0.0475 0.0238 1];
13.[t,h] = ode45(@(t,x)SEIARQ(t,x,A),[0 700],[0.99999970875, 0, 0.000000233,
    0.00000005825, 0, 0]); %[初始感染人口占比 初始健康人口占比 初始潜伏人口占
    比 初始治愈人口占比]
14.plot(t,h(:,1),'r');
15.hold on;
16.plot(t,h(:,2),'b');
17.plot(t,h(:,3),'m');
18.plot(t,h(:,4),'g');
19.plot(t,h(:,5),'black');
20.plot(t,h(:,6),'c');
21.plot(Idata(:,1),Idata(:,2),'--m');
22.legend('易感者人口占比 S','潜伏人口占比 E','显性感染人口占比 I','隐性感染人口占
    比 A','康复者人口占比 R','隔离者人口占比 Q','真实数据');
23.
24.
```

SEIAR_theory.m: 对于问题一 SEIAR 的理论模型

```
1. clear all;close all;clc;
2.
3. %%SEIAR 模型
4. fid = fopen('totalCase.txt');
5. B = textscan(fid,'%f %f');
6. Idata = [B{1} B{2}];
7. n = max(size(Idata));
8. for i = 1:n
9.     Idata(i,2) = Idata(i,2) / 21480000;
10.end
11.
```

```

12.A = [0.06 0.0475 0.0238 1];
13.[t,h] = ode45(@(t,x)SEIAR(t,x,A),[0 600],[0.99999970875, 0, 0.000000233,
    0.00000005825, 0]); %[初始感染人口占比 初始健康人口占比 初始潜伏人口占
    比 初始治愈人口占比]
14.plot(t,h(:,1),'r');
15.hold on;
16.plot(t,h(:,2),'b');
17.
18.plot(t,h(:,3),'m');
19.plot(t,h(:,4),'g');
20.plot(t,h(:,5),'black');
21.% plot(Idata(:,1),Idata(:,2),'c');
22.legend('易感者人口占比 S','潜伏人口占比 E','显性感染人口占比 I','隐性感染人口占
    比 A','康复者人口占比 R');
23.title('SEIAR 模型')

```

main.m:对问题一的拟合

```

1. clear all;close all;clc;
2.
3. A = [0.063 0.0356 0.0238 1];
4. [t,h] = ode45(@(t,x)SEIAR(t,x,A),[0 1000],[0.99999970875, 0, 0.000000233,
    0.00000005825, 0]); %[初始感染人口占比 初始健康人口占比 初始潜伏人口占
    比 初始治愈人口占比]
5.
6. data = [t h];
7. data = data(1:80,:);
8.
9. % SEIAR 模型
10.fid = fopen('totalCase.txt');
11.B = textscan(fid,'%f %f');
12.Idata = [B{1} B{2}];
13.n = max(size(Idata));
14.for i = 1:n
15.     Idata(i,2) = Idata(i,2) / 21480000;
16.end
17.T=min(Idata(:,1)):0.1:max(Idata(:,1));
18.I = spline(Idata(:,1),Idata(:,1),T)';
19.S = spline(data(:,1),data(:,2),T)';
20.A = spline(data(:,1),data(:,5),T)';
21.E = spline(data(:,1),data(:,3),T)';
22.R = spline(data(:,1),data(:,6),T)';
23.plot(T,I,'r. ');
24.%
25.dI = diff(I)*10;

```

```

26. dI = [dI;dI(end)];
27. dS = diff(S)*10;
28. dS = [dS;dS(end)];
29. dE = diff(E)*10;
30. dE = [dE;dE(end)];
31. dA = diff(A)*10;
32. dA = [dA;dA(end)];
33. dR = diff(R)*10;
34. dR = [dR;dR(end)];
35.
36.
37.
38. X = [-(I+0.652.*A).*S -E.*S zeros(length(I),2);
39.      (I+0.652.*A).*S E.*S zeros(length(I),1) -(1/14).*E;
40.      zeros(length(I),2) -I 0.2.*(1/14).*E;
41.      zeros(length(I),2) -A 0.8.*(1/14).*E;
42.      zeros(length(I),2) (A+I) zeros(length(I),1)];
43.
44. Y = [dS;dE;dI;dA;dR];
45.
46. K = inv(X'*X) *X'*Y;
47.
48. [t,h] = ode45(@(t,x)SEIAR(t,x,K),[0 300],[0.99999970875, 0, 0.000000233,
49.      0.00000005825, 0]);
50. plot(t,h(:,1),'r');
51. hold on;
52. plot(t,h(:,2),'b');
53. plot(t,h(:,3),'m');
54. plot(t,h(:,4),'g');
54.%

```

Vaccination.m: 获得佛罗里达州接种疫苗拟合函数

```

1. fid2=fopen("vaccinationRate.txt");
2. B2=textscan(fid2,'%f %f');
3. C2=[B2{1} B2{2}];
4. n2=max(size(C2));
5. x2=C2(:,1);y2=C2(:,2);
6. plot(x2,y2,'r','linewidth',2);
7. p = polyfit(x2,y2,1);x1=linspace(min(x2),max(x2));y1=polyval(p,x1);plot
(x2,y2,'*',x1,y1);

```

ques2.m: 对于问题二模型的求解

```

1. clear all;close all;clc;

```



```

2.
3.
4. file = fopen('fluidPeople.txt');
5. ques2_matrix = textscan(file,'%n %n');
6. data = [ques2_matrix{1} ques2_matrix{2}];
7. n = max(size(data));
8. finaldata = [];
9. finaldata(1,1) = 1;
10. finaldata(1,2) = 0;
11. for i = 2:n
12.     finaldata(i,1) = i;
13.     finaldata(i,2) = data(i,2) - data(i-1,2);
14. end
15.
16. GRdata = [];
17. for i = 1:6
18.     GRdata(i,1) = i;
19.     GRdata(i,2) = 0;
20. end
21. for i = 7:n
22.     GRdata(i,1) = i;
23.     total1 = 0;
24.     total2 = 0;
25.     for j = i-2:i
26.         total1 = total1 + finaldata(j,2);
27.     end
28.     for k = i-6:i
29.         total2 = total2 + finaldata(k,2);
30.     end
31.     GRdata(i,2) = log10(total1/3)/log10(total2/3);
32. end
33. showGRdata = GRdata(36:n,:);
34. scatter(showGRdata(:,1),showGRdata(:,2));
35. title('佛罗里达病例增长情况');
36. xlabel('time');
37. ylabel('Growth Rate Ratio')

```