



统计与决策

Statistics & Decision

ISSN 1002-6487, CN 42-1009/C

## 《统计与决策》网络首发论文

题目： 基于 SIR 模型的有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情仿真模拟研究  
作者： 尹楠  
网络首发日期： 2020-03-23  
引用格式： 尹楠. 基于 SIR 模型的有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情仿真模拟研究 [J/OL]. 统计与决策.  
<http://kns.cnki.net/kcms/detail/42.1009.c.20200320.0909.002.html>



**网络首发：**在编辑部工作流程中，稿件从录用到出版要经历录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿等阶段。录用定稿指内容已经确定，且通过同行评议、主编终审同意刊用的稿件。排版定稿指录用定稿按照期刊特定版式（包括网络呈现版式）排版后的稿件，可暂不确定出版年、卷、期和页码。整期汇编定稿指出版年、卷、期、页码均已确定的印刷或数字出版的整期汇编稿件。录用定稿网络首发稿件内容必须符合《出版管理条例》和《期刊出版管理规定》的有关规定；学术研究成果具有创新性、科学性和先进性，符合编辑部对刊文的录用要求，不存在学术不端行为及其他侵权行为；稿件内容应基本符合国家有关书刊编辑、出版的技术标准，正确使用和统一规范语言文字、符号、数字、外文字母、法定计量单位及地图标注等。为确保录用定稿网络首发的严肃性，录用定稿一经发布，不得修改论文题目、作者、机构名称和学术内容，只可基于编辑规范进行少量文字的修改。

**出版确认：**纸质期刊编辑部通过与《中国学术期刊（光盘版）》电子杂志社有限公司签约，在《中国学术期刊（网络版）》出版传播平台上创办与纸质期刊内容一致的网络版，以单篇或整期出版形式，在印刷出版之前刊发论文的录用定稿、排版定稿、整期汇编定稿。因为《中国学术期刊（网络版）》是国家新闻出版广电总局批准的网络连续型出版物（ISSN 2096-4188，CN 11-6037/Z），所以签约期刊的网络版上网络首发论文视为正式出版。

## 基于 SIR 模型的有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情仿真模拟研究

尹楠

(南京晓庄学院 商学院, 南京 211171)

**摘 要:** 文章构建新型冠状病毒肺炎疫情扩散的 SIR 模型, 对此次疫情中的几种感染情况进行仿真模拟研究, 试图找出预防和控制肺炎疫情发生或蔓延的方法。实验仿真主要包括三个方面, 即: 新型冠状病毒肺炎的平均感染者数量模拟、新型冠状病毒肺炎的交叉感染仿真模拟, 以及新型冠状病毒肺炎的接触性感染仿真模拟。最后, 通过以上三种仿真模拟的结论, 分别提出相应的对策和建议。

**关键词:** SIR 模型; 新型冠状病毒肺炎 (COVID-19) 疫情; 有限区域

**中图分类号:** O193

**文献标识码:** A

### 0 引言

2019 年底, 新型冠状病毒肺炎 (COVID-19) 在我国湖北省武汉市开始暴发, 并迅速蔓延至全国, 目前疫情在全球多点爆发并呈现蔓延态势, 已经成为全球性流行病。五大洲均发现了新型冠状病毒肺炎的确诊病例, 尤其以意大利、伊朗和韩国的情况最为严重。

新型冠状病毒肺炎因不知其病原体、传染途径和确切的治疗方式, 相对于传统的传染病而言, 其预防和控制途径更加有限, 因此新型冠状病毒肺炎若未能及早发现进行防疫, 疾病不仅影响区域的健康环境改变, 进而还会影响全球健康<sup>[1]</sup>。由于新型冠状病毒肺炎具有传播和扩散的特点, 短时间内很容易传染给他人, 因此对于新型冠状病毒肺炎的预防和控制工作非常重要。

目前, 针对新型冠状病毒肺炎预防和控制的相关研究, 主要可以分为三个方面: 一是通过临床医学和药理学等对新型冠状病毒肺炎预防和控制的研究<sup>[2]</sup>; 二是从制度管理上对新型冠状病毒肺炎预防和控制的研究<sup>[3]</sup>; 三是对新型冠状病毒肺炎传播模式的研究<sup>[4]</sup>。现有研究主要是基于新型冠状病毒肺炎患者的人口统计学数据分析其传播方式和规律, 进而提出对疫情的管控措施。但是, 目前尚未有研究涉及新型冠状病毒肺炎传播与扩散模式的理论模型研究。在标准流行病学 SIR 模型中, 群体中的所有个体可以大致分为有限的几种状态, 包括易感

**基金项目:** 全国统计科学研究一般项目 (2019LY14); 江苏高校哲学社会科学一般项目 (2019SJA0412); 南京晓庄学院科学研究项目青年专项 (2016NXY21)

**作者简介:** 尹楠 (1982—), 男, 江苏镇江人, 博士, 讲师, 研究方向: 信息管理、数据分析与设计。

---

个体、受感染个体、以及被移除个体。传统的 SIR 模型不仅可以应用于传染病传播与扩散的研究,如在 SARS 疫情中的应用<sup>[5]</sup>、对埃博拉病毒蔓延趋势的预测<sup>[6]</sup>,还可以应用于其他众多领域<sup>[7-9]</sup>。SIR 模型有着较为广泛的应用,而新型冠状病毒肺炎具有一般传染病的特征,利用这些传染病群体的不同感染状态,可以构建新型冠状病毒肺炎疫情的传播扩散模式。本文基于 SIR 模型,结合有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情蔓延的方式,构建新型冠状病毒肺炎疫情扩散的 SIR 模型,主要包括三个方面,即:新型冠状病毒肺炎的平均感染者数量模拟,新型冠状病毒肺炎的交叉感染仿真模拟,以及新型冠状病毒肺炎的接触性感染仿真模拟。利用这三种模拟仿真的结果,可以对有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情扩散的状态进行预测,并找出预防和控制疫情发生或蔓延的方法。

## 1 传染病疫情扩散模型的研究方法

两种最常用的传染病传播建模动力学方法是基于人群和网络的。在基于人群的方法中,共享相同症状的宿主按照有限数量的类(也称为仓室)建模或分组,研究人员的主要任务是研究和比较他们的各种动力学机制。类的组合用于建模和分析种群动力学。例如,SLIR 模型将个人分为易感、潜伏、感染或恢复四种感染状态之一<sup>[10]</sup>,通过微分方程来确定流行病学阶段之间的转换。根据被移除的个体是否会再次变得易感,疾病可以被模拟成 SLIR 或 SLIR 周期。

基于人口和面向网络的方法分别强调大规模人口水平和个人水平的观点。以人口为基础的方法适合于讨论同一仓室内个体之间的动态变化,但在构建个体异质性和处理人类流动网络方面较弱<sup>[11]</sup>。由于个体被建模为群体,同一群体的任何两个成员都被假定为有直接联系,这在现实世界中是不正确的。此外,个体的运动和活动是位置相关的,因此,不能用假设种群分布均匀的基于种群的方法来模拟现象。而面向网络的方法更适合引入个体异质性,但在模拟大规模社会环境中具有多个属性的个体的行为时,这些方法计算量大且耗时<sup>[12]</sup>。

相反,面向网络的方法强调个体的异质性、个体间的相互作用和网络结构<sup>[13]</sup>。网络中的个体被表示为节点,他们之间的交互被表示为链接。网络节点可以用来表示个人、地点、社区或城市的特征,模型可以结合这些特征的时间动态,优先定义两个节点之间链接的时间帧,这是一种常用于表示具有交互或关系模式的个人的组结构的方法<sup>[14]</sup>。面向网络的方法适合于捕捉个体间复杂的接触模式,探索流行病动态和评估公共卫生政策的有效性<sup>[15]</sup>。格点网络被用来确定个体之间的距离关系。相比之下,随机网络支持与移动个人之间的偶然接触相关的特征,以及在社交网络中常见的低分离度。这些被认为是可靠的调查流行病的方法,利用特定网络模型的传播动力学来调查新出现的传染病的传播<sup>[16]</sup>。近期研究发现,社交网

网络的拓扑特征对传染病的传播动力学和临界阈值有很大的影响,从而支持了面向网络的模型无法进行的细微分析<sup>[17]</sup>。

在查阅了对传染病传播模型的相关研究方法之后,发现目前的研究主要是基于人群和网络的动力学传染病研究模型,而新型冠状病毒肺炎属于一种流行性传染病,可以采用 SIR 模型分别表示易感者、感染者和恢复者,并模拟仿真三种状态的传播与扩散。因此本文以 SIR 模型为基础,对新型冠状病毒肺炎疫情扩散、交叉感染与接触性感染等几种状态分别进行仿真实验。

## 2 模型构建

### 2.1 有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情发生的特点

有限区域指的是某个特定区域,比如一个公司、一个学校、一个医院等,其内部的成员作为特定群体内的成员,比如公司内部的员工、学校的学生、医院的医生等,聚集在一个特定场所。有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情是指在某个特定群体内发生新型冠状病毒肺炎疫情传播的突发事件,在一个有限的区域内聚集的群体面对突发疫情事件,更容易受到传染病的感染,以及发生相互的交叉感染等情况。本次新型冠状病毒肺炎疫情已发生多次的聚集性感染事件,如近期医院内发生的多起医护人员被新型冠状病毒肺炎患者感染的事件,天津百货大楼发生聚集性感染事件等。

有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情的发生具有蔓延快、感染性强的特点。在一个特定的群体内,如果某个群体内成员被感染,会导致其相近或相邻成员被感染,并引起疫情迅速向四周蔓延,最终会影响整个群体。其主要特征表现为在一个有限的固定区域内,个体间相互作用的模拟,与传染病研究中 SIR 模型的特点相类似,因此可以借鉴 SIR 模型去研究有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情的发生及蔓延。

### 2.2 有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情 SIR 模型的构成

标准流行病学模型中,在一个复杂网络群体中的所有个体(节点)可以大致分为有限的几种状态,包括易感的、受感染的和被移除的,可以使用这些状态的组合表示不同状态之间的转换顺序以及流行病学所处的阶段。易感染者(未感染)从感染到移除的过程如图 1 所示。

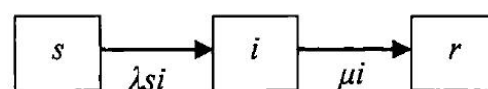


图 1 易感染者(未感染)从感染到移除的过程图

根据假设条件可以得出：

$$s(t) + i(t) + r(t) = 1 \quad (1)$$

需要建立  $s(t)$ 、 $i(t)$ 、 $r(t)$  的两个方程组，如下所示：

$$N[i(t + \Delta t) - i(t)] = \lambda N s(t) i(t) \Delta t - \mu N i(t) \Delta t \quad (2)$$

$$N[s(t + \Delta t) - s(t)] = -\lambda N s(t) i(t) \Delta t \quad (3)$$

对于移除者(感染后)的数量应为：

$$N \frac{dr}{dt} = \mu N i \quad (4)$$

假设初始时刻的易感染者（未感染）、感染者（受感染）、移除者（感染终止）的比例分别为  $s_0$  ( $s_0 > 0$ )， $i_0$  ( $i_0 > 0$ )， $r_0 = 0$ ，于是得到 SIR 模型为如下微分方程组初值问题：

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\lambda si, & s(0) = s_0 \\ \frac{di}{dt} = \lambda si - \mu i, & i(0) = i_0 \\ \frac{dr}{dt} = \mu i, & r(0) = 0 \end{cases} \quad (5)$$

而由  $s + i + r = 1$  有  $dr/dt = -di/dt - ds/dt$ ，于是式（5）中的第三个方程变为恒等式，从而模型可以简化为：

$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\lambda si, & s(0) = s_0 \\ \frac{di}{dt} = \lambda si - \mu i, & i(0) = i_0 \end{cases} \quad (6)$$

$$i_0 + s_0 \approx 1 \text{ (通常 } r(0) = r_0 \text{ 很小)}$$

从式（6）中消去  $dt$ ，其中  $\sigma = \lambda/\mu$ ，可以得出如下 SIR 模型：

$$\begin{cases} \frac{di}{ds} = \frac{1}{\sigma s} - 1 \\ i|_{s=s_0} = i_0 \end{cases} \quad (7)$$

### 3 有限区域内传染病疫情 SIR 模型的仿真过程

#### 3.1 新型冠状病毒肺炎的平均感染者数量模拟



SIR 模型分别表示易感者、感染者和恢复者。在该模型中，假设任何个体均是上述三种状态之一。如果个人并未感染某种疾病，称之为易感者；如果感染某种疾病，称之为感染者；如果感染过该疾病，并且已恢复（现在具有免疫力）或者死亡的，都被归为恢复者。在下文的描述中，分别用易感者、感染者和恢复者来区分个体的不同状态。同时，将时间表示成为离散数据的形式。在每个时间点，每个感染者可以使易感者感染致病或者本身恢复或死亡。

令  $S(t)$ 、 $I(t)$  和  $R(t)$  分别表示在时刻  $t$  新型冠状病毒肺炎的易感者、感染者和恢复者的数量。在任意时刻每个感染者以概率  $\lambda$  使易感者染病（或者说每个感染者与所有的易感者有相同的接触机会，这里称之为混合假设）。在有机会感染其他人之后，每个感染者以概率  $\mu$  恢复或被移除。

假设初始条件： $S(0)=N$ ； $I(0)=1$ ； $R(0)=0$ 。注意到总的个体数量是  $N+1$ ，即在所有的时刻  $t$ ，有  $S(t)+I(t)+R(t)=N+1$ 。在每个时刻  $t$ ，易感者未被感染的概率是  $(1-\lambda)^{I(t)}$ 。进一步，假设感染者在变为易感者之后失去传染能力（失效），因而  $S(t+1)$  符合二项分布模型  $\text{binom}(S(t), (1-\lambda)^{I(t)})$ ，每个感染者以概率  $\mu$  恢复正常，即  $R(t+1) \sim R(t) + \text{binom}(I(t), \mu)$ ，同时  $I(t+1) = N+1 - R(t+1) - S(t+1)$ 。

考察参数  $\lambda$ 、 $\mu$  如何影响新型冠状病毒肺炎患者的数量也是重要的，针对不同的  $\lambda$ 、 $\mu$  值，利用模拟方法可以得到  $ES(T)$  的不同估计。在数据分析软件 R 语言中进行模拟仿真，图 2 分别给出了当  $\lambda \in [0.001, 0.01]$ ， $\mu \in [0.5, 1.0]$ ，以及  $\lambda \in [0.0005, 0.005]$ ， $\mu \in [0.2, 0.7]$  的 3D 模拟图。可以观察到，疾病传播行为在  $N_\lambda = \mu$  时发生变化，这里， $N_\lambda$  表示在时刻 1 时新感染个体的期望数目， $\mu$  表示在时刻 1 时感染者恢复正常时的期望数目。当  $N_\lambda > \mu$  时，新型冠状病毒肺炎患者规模变大，但是当  $N_\lambda \leq \mu$  时，新型冠状病毒肺炎患者的数量急剧降低。

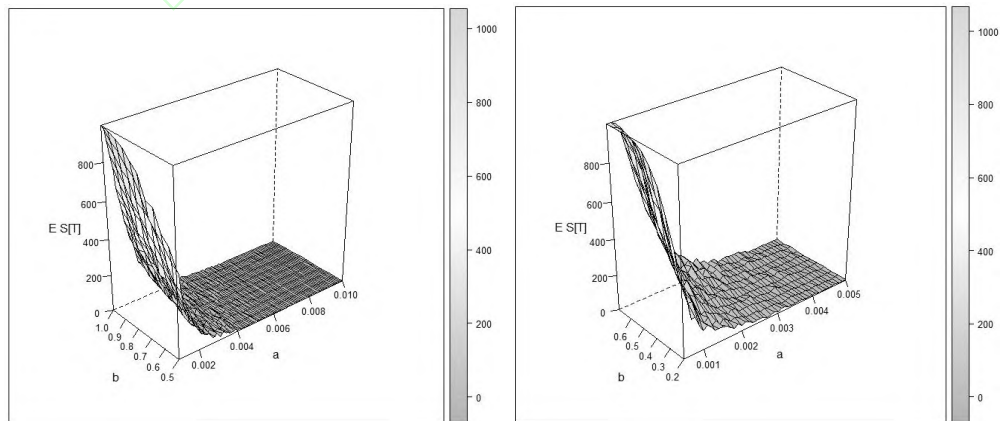


图 2 不同感染率  $\lambda$  和恢复率  $\mu$  时，平均感染者数量

### 3.2 新型冠状病毒肺炎的交叉感染仿真模拟

在传播初期时,如果  $E(\text{新感染者}) > E(\text{新恢复者})$ , 则新型冠状病毒肺炎疫情有可能大规模爆发。对于一般的传染性疾病,由于个人的交叉影响,计算  $E(\text{新感染者})$  是困难的,因为有限的总体量意味着个体从正常到感染是相互竞争的;空间因素限制了感染者和易感者之间的接触。SIR 模型忽略了空间之间的相互作用,仅模拟总体有限时的情形。分支过程忽略了有限总体这一限制,因此,分支过程可以被视为一种模拟传染病早期阶段的模型。

通过分支过程可以模拟出新型冠状病毒肺炎交叉感染的情形,令  $Z_n$  表示第  $n$  代时的总体数量。在任一时间,每个个体生产一定数量的后代,用随机变量  $X$  表示,然后死亡(这里可以包括个体生产后不死亡的情况,但需要给随机变量  $X$  加 1)。令  $Z_0=1$ , 则:

$$Z_{n+1} = X_{n,1} + \dots + X_{n,Z_n}$$

这里,  $X_{n,i}$  表示第  $i$  个个体在第  $n$  代时的家族个体数量。显然,  $X_{n,i}$  与  $X$  独立,且服从相同分布。如果仅仅考察感染情况, SIR 传染模型的第一步与分支过程第一步是相同的,即  $X_{0,1}=A+B$ , 这里  $A \sim \text{binom}(N, \lambda)$  表示新感染者分布,  $B \sim \text{binom}(1, 1-\mu)$  等于 1 或 0 分别表示感染者恢复正常或未恢复的情况。注意到  $EX=N\lambda+1-\mu$ , 传染病增长的条件  $N\lambda > \mu$  等价于  $EX > 1$ 。

图 3 给出了当  $X \sim \text{binom}(2, 0.5)$  和  $X \sim \text{binom}(3, 0.8)$  时的输出结果, 这里, 给出了 20 次由初始状态传递到第 20 代的模拟。结果显示, 其中有一半的总体死亡, 同时另一半的总体成长。为了考察子代的分布  $X$  与增长过程之间存在的关系, 可以固定  $T$ , 使用模拟方法对不同的  $X$  估计  $\log EZ_T$  的值, 并相对于  $EX$  给出图形。下面给出当  $T=40$ ,  $X \sim \text{binom}(2, p)$ ,  $p \in [0.2, 0.4]$ , 以及  $T=50$ ,  $X \sim \text{binom}(2, p)$ ,  $p \in [0.3, 0.6]$  时的程序, 其输出结果如图 4 所示。可以看出, 在  $EX$  和  $\log EZ_T$  之间存在着某种线性关系, 且横坐标截距为 1。即对某个常数  $c=c(T)$ , 因此有:

$$\log EZ_T \approx c(EX-1)$$

$$EZ_T \approx e^{c(EX-1)}$$

于是, 当  $EX > 1$  时有  $EZ_T > 1$ , 同时当  $EX < 1$  时有  $EZ_T < 1$ 。

由于分支过程是一个相对简单的模型，因而可以给出一些精确的结论，可以证明， $EZ_n=(EX)^n$ ，所以当  $EX>1$  时，该过程以指数形式增长；当  $EX<1$  时，该过程以指数形式消亡。

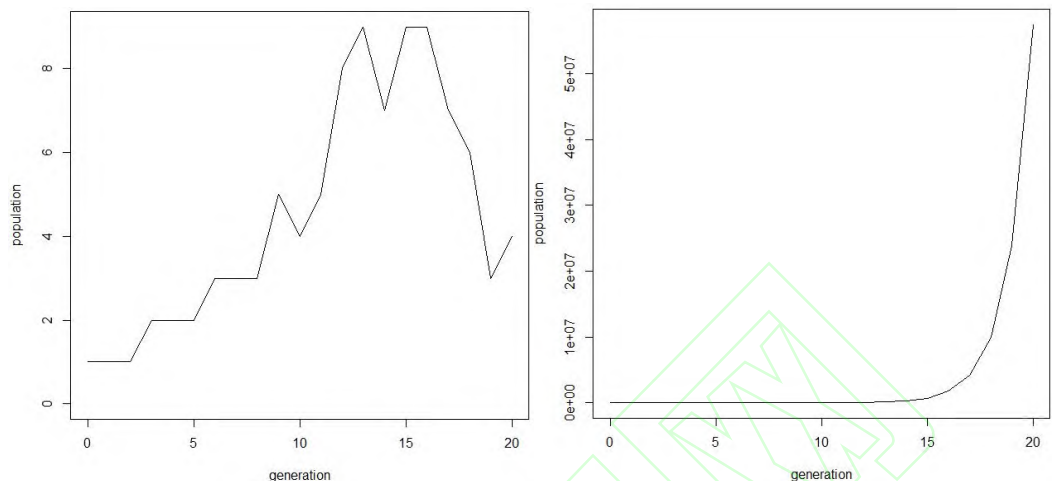


图 3 分支过程的关系图

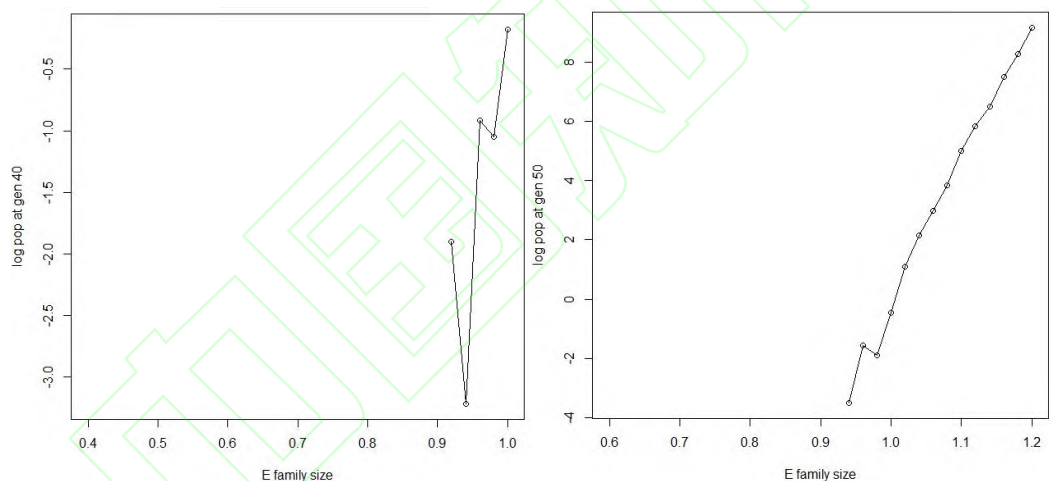


图 4 时刻  $T=40$  和  $T=50$  的期望总体数量

### 3.3 新型冠状病毒肺炎的接触性感染仿真模拟

在二维矩阵中，方格代表个体，相邻的方格视为彼此接触。在现实社会中，邻近的个体间较容易产生接触的概念。由于二维矩阵可以表现出地理空间的概念，有时被用于森林火灾的模拟，火灾发生后扩散的过程和疾病感染过程的 SIR 模型有高度的相似性。Mollison 模拟疾病在二维晶格上的传播时发现了一个重要的特性：以爆发点为中心而往外作涟漪般的扩散，而这正是许多疾病在地理空间上传播所呈现出来的一个重要性质。

本文使用一个二维矩阵来代表一个区域，矩阵上的方格代表这个区域内的接触场所，例如：家庭、学校或办公室。在同一个接触场所的人视为完全接触。由于新型冠状病毒产生的



飞沫及空气传染的特性，所以在同一个场所的人们之间有密切的接触。从接触网络的角度来看，这些人彼此间形成了一个完全图。但实际上，当一个场所的人数非常多时，并不可能每个人都会和所有的其他人都接触到。二维矩阵中邻近个体相互作用的模拟示意图如图 5 所示。

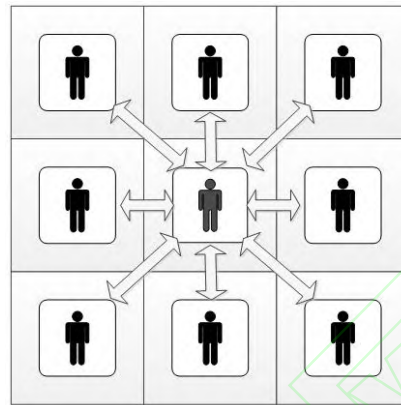


图 5 二维矩阵中邻近个体相互作用的模拟示意图

在一个区域内新型冠状病毒肺炎疫情 SIR 模型的主要特点表现在肺炎疫情的发生对空间个体相互作用的模拟。基于已建立的有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情 SIR 模型，感染者（受感染）只能感染触及与其相邻的易感染者（未感染）。因此定义点 $(x,y)$ 的 8 个相邻点分别为： $(x-1,y-1)$ 、 $(x-1,y)$ 、 $(x-1,y+1)$ 、 $(x,y-1)$ 、 $(x,y+1)$ 、 $(x+1,y-1)$ 、 $(x+1,y)$ 、 $(x+1,y+1)$ 。利用离散化的步骤改善模型。在每一步中，每个感染者个体以概率 $\lambda$ 感染触及与其相邻的易感染者（未感染）个体。令  $x$  表示与一个易感染者（未感染）个体相邻的感染者（受感染）总数，则该易感染者（未感染）个体以概率 $(1-\lambda)^x$  保持未被感染。在导致其他个体被感染后，每个感染者（受感染）以概率 $\mu$ 被移除。

假设新型冠状病毒肺炎疫情限制在一个空间为二维的矩阵网格中，令  $X_t$  表示在时刻  $t$  时的一个二维矩阵，并且令  $X_t(i,j)=2$  时，表示个体在点  $(i,j)$  为易感染者； $X_t(i,j)=1$  时，表示个体在点  $(i,j)$  为感染者； $X_t(i,j)=0$  时，表示个体在点  $(i,j)$  为移除者。

在数据分析软件 R 语言中对有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情的 SIR 模型进行模拟仿真实验，得出如图 6 的输出结果散点图。假设在二维矩阵图中，在网格中心位置存在单一的传染病疫情感染源，图 6 表示在 5、10、15、20 四个节点分别模拟的新型冠状病毒肺炎疫情扩散的状态，在群体成员的感染率 $\lambda=0.3$ ，移除率 $\mu=0.6$  时模拟传染病疫情蔓延的四个状态。图中深色和浅色点分别表示感染者（受感染）和移除者（感染终止）。

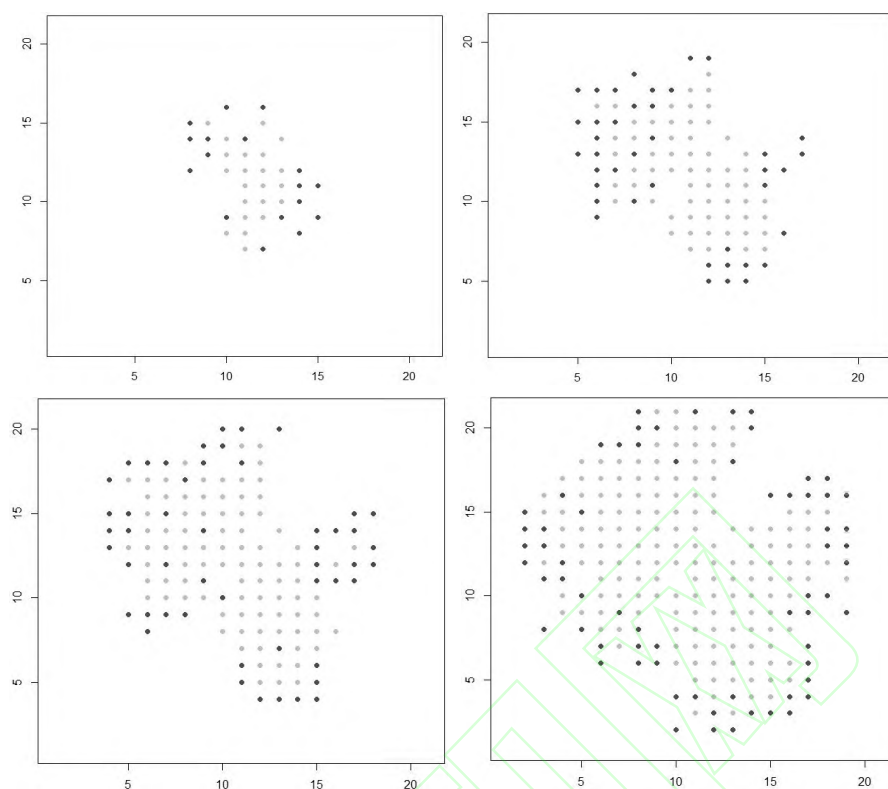


图 6  $\lambda=0.3$ ,  $\mu=0.6$  的有限区域内肺炎疫情模拟扩散图

从图 7 可以看出，当群体成员的感染率 $\lambda=0.6$ ，移除率 $\mu=0.6$ 时，模拟新型冠状病毒肺炎疫情的扩散速度和面积变大，仅仅在 5 和 10 天模拟疫情扩散的两个节点过后，扩散的面积已经几乎感染了整个区域。因此可以得出这样的结论，随着 $\lambda$ 的增加，新型冠状病毒肺炎疫情的扩散，即发生群体内严重的肺炎疫情的概率将大大增加。

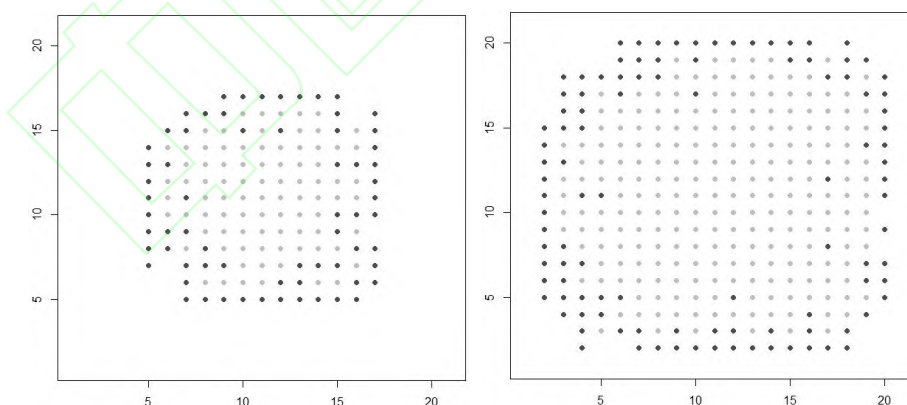


图 7  $\lambda=0.6$ ,  $\mu=0.6$  的有限区域内肺炎疫情模拟扩散图

从图 8 可以看出，当群体成员的感染率 $\lambda=0.2$ ，移除率 $\mu=0.8$ 时，模拟新型冠状病毒肺炎疫情的扩散速度和面积明显减小，在第 5 和第 10 天分别模拟肺炎疫情扩散的两个节点之后，扩散已经基本终止，且扩散的面积不大。因此可以得出这样的结论，随着 $\mu$ 的增加，新型冠状病毒肺炎疫情的扩散，即发生群体内肺炎疫情蔓延的概率将减小。

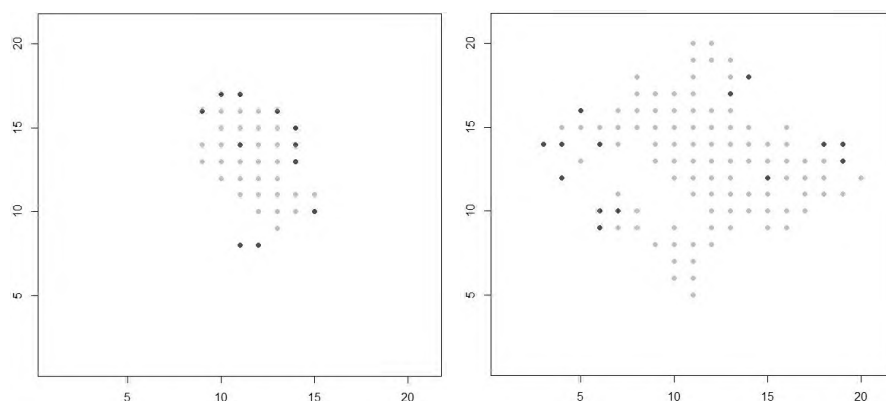


图 8  $\lambda=0.2$ ,  $\mu=0.8$  的有限区域内肺炎疫情模拟扩散图

## 4 结论和建议

### 4.1 结论

本文根据 SIR 模型建立有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情扩散的模拟仿真，首先对有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情扩散 SIR 模型的平均感染者数量进行模拟仿真，可以得出：

首先，疾病的传播行为在一个时间点发生变化，即在某个时刻的新感染个体的期望数目等于在某个时刻感染者恢复正常时的期望数目时。而当某个时刻的新感染个体的期望数目大于某个时刻感染者恢复正常时的期望数目时，新型冠状病毒肺炎感染者的规模将变大；当某个时刻的新感染个体的期望数目小于等于某个时刻感染者恢复正常时的期望数目时，新型冠状病毒肺炎感染者的数量将急剧降低。

其次，对有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情扩散的（交叉感染）分支过程进行仿真，分支过程可以被视为一种模拟传染病早期阶段的模型。通过模拟仿真可以看出，只要在某个临界点控制住新型冠状病毒肺炎疫情的扩散，将能有效控制其对子代的感染，如果控制不好，传染病传播将以指数形式进行扩散。

最后，在一个空间为二维的矩阵网格中模拟新型冠状病毒肺炎疫情的发生状态。结论表明，当群体成员的感染率 $\lambda$ 增加，或者移除率 $\mu$ 减小时，传染病疫情将会蔓延，导致发生严重传染病疫情的概率将会增加。同时，根据建立的有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情 SIR 模型，在 R 数据分析软件中能够较好地模拟传染病疫情发生的演变状态，限于篇幅本文仅列出了几个节点的状态。从新型冠状病毒肺炎疫情扩散模拟的演变过程可以看出，疫情的扩散并不是直线型的，而是属于一种不规则的变动，如果假设疫情的发生是沿着一种直线的方向扩散，那么每一个未感染个体，即易感染者（未感染）都与三个感染的个体，即感染者（受

---

感染)相邻,该个体感染的可能性为  $1-(1-\lambda)^3$ , 考虑到个体,即每个感染者(受感染)以概率  $\mu$  被移除,因此  $1-(1-\lambda)^3 > \mu$ , 新型冠状病毒肺炎疫情将会蔓延。

#### 4.2 建议

根据本文建立的有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情 SIR 模型的三种模拟仿真结果及分析结论,从三个方面,即:新型冠状病毒肺炎的平均感染者数量模拟、新型冠状病毒肺炎的交叉感染仿真模拟、以及新型冠状病毒肺炎的接触性感染仿真模拟,分别提出相应的对策和建议。

##### (1) 降低平均感染者数量

根据有限区域内新型冠状病毒肺炎疫情扩散 SIR 模型的平均感染者数量模拟的仿真结果可以看出:为降低平均感染者数量,更好地预防和控制肺炎疫情的发生或蔓延,可以通过降低群体成员的感染率  $\lambda$  和提高移除率  $\mu$  两个基本途径;其中降低群体成员的感染率可以通过禁止群体内肺炎疫情的传播等途径降低感染率,以达到预防或者控制肺炎疫情的目的。例如采取戴口罩、勤洗手、卫生消毒,以及群体内成员保持一定距离等通常的做法。而提高移除率可以通过在群体内实施新的控制手段,比如采取隔离等控制性措施,严禁群体内成员的相互接触等手段去更好地控制新型冠状病毒肺炎疫情的蔓延。

##### (2) 预防群体内的交叉感染和接触性感染

通过仿真模拟实验得出,只要在某个临界点控制住新型冠状病毒肺炎疫情的扩散,将能够有效控制其对子代的感染。一旦发现新型冠状病毒肺炎在某个区域暴发时,疫情将迅速地发展,在短时间内便可造成将近一半的人受到感染。因此可以采取预防性措施,比如使用预防性用药、居家隔离等。此外,政府卫生监管部门应该加强其发现患病病例的能力,因为提高病例的发现率可以使得居家隔离及以预防性用药的效果更好。

##### (3) 政府公共卫生政策的实施

从实验的结果来看,新型冠状病毒肺炎的突发,很难利用现行的各种公共卫生政策措施将它完全根除。因此,在新型冠状病毒肺炎流行的早期,政府公共卫生监管部门就必须实施更加严厉的公共卫生政策,比如患者的隔离治理、疑似患者的定点隔离等。其目的是使疫情减轻,使医疗体系有能力应对疫情,并且使政府有能力去应对疫情给社会带来的各种冲击。

#### 参考文献:

- [1]De Cock, Kevin M, Simone, Patricia M, Davison, Veronica. The New Global Health [J]. Emerging Infectious Diseases, 2013, 19(8).

- 
- [2]倪力强,陶弘武,杨小林,等.中药预防新型冠状病毒肺炎策略与分析 [J].中华中医药学刊, 2020, 38(3).
- [3]郭丽萍,王莹丽,朱瑞芳,等.在武汉新冠肺炎定点医院进行医院感染防控工作的实践策略 [J].中华医院感染学杂志, 2020, 30(3).
- [4]刘郑倩,叶玉瑶,张虹鸥,等.珠海市新型冠状病毒肺炎聚集发生的时空特征及传播路径 [J].热带地理, 2020, 40(2).
- [5]张佳. SIR 模型及其在 SARS 疫情中的应用 [D].济南: 山东大学硕士学位论文, 2019.
- [6]王香阁,于红斌,王飘飘,等.基于 SIR 模型对埃博拉病毒蔓延趋势的预测 [J].福建电脑, 2015, 31(2).
- [7]尹楠.有限群体内舆情危机扩散 SIR 模型及仿真模拟实现 [J].统计与决策, 2018, (18).
- [8]杨湘浩,段哲哲,王筱莉.考虑遗忘机制的企业隐性知识传播 SIR 模型研究 [J].中国管理科学, 2019, 27(7).
- [9]曾志坚,吴汪洋.贸易渠道视角下的金融危机传染研究:基于复杂网络与 SIRS 模型 [J].湖南大学学报(社会科学版), 2018, 32(3).
- [10]Li G, Jin Z. Global Stability of a SEIR Epidemic Model With Infectious Force in Latent, Infected and Immune Period [J]. Chaos, Solitons and Fractals, 2005, 25(5).
- [11]Barrett C L, Eubank S G, Smith J P. If Smallpox Strikes Portland [J]. Scientific American, 2005, 292(3).
- [12]Epstein J M. Modelling to Contain Pandemics [J]. Nature, 2009, 460(7256).
- [13]Boguñana, Satorras P. Epidemic Spreading in Correlated Complex Networks [J]. Physical Review E: Statistical Nonlinear and Soft Matter Physics, 2002, 66(4).
- [14]Watts D J, Strogatz S H. Collective Dynamics of Small World Networks [J]. Nature, 1998, 393(6684).
- [15]Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic Dynamics and Endemic States in Complex Networks [J]. Physical Review E, 2001, 63(6).
- [16]May R M, Lloyd A L. Infection Dynamics on Scale-free Networks [J]. Physical Review E Statistical Nonlinear & Soft Matter Physics, 2002, 64(2).
- [17]Draief M, Danesh A. Thresholds for Virus Spread on Networks [J]. Annals of Applied Probability, 2008, 18(2).

---

## Simulation of COVID-19 Epidemic in Limited Area Based on SIR Model

Yin Nan

(Business School, Nanjing Xiaozhuang University, Nanjing 211171, China)

**Abstract:** This paper constructs a SIR model for the spread of COVID-19, and simulates the infection of the model in the epidemic situation in an attempt to find out the ways to prevent and control the occurrence or spread of pneumonia. The experimental simulation of the paper mainly includes three aspects: the simulation of COVID-19 with average number of infected persons, the simulation of COVID-19 cross infection, and the simulation of COVID-19 infection by contact. Finally, through the conclusions of the above three kinds of simulation, the corresponding countermeasures and suggestions are put forward.

**Key words:** SIR model; COVID-19 epidemic; limited area

(责任编辑/方 思)