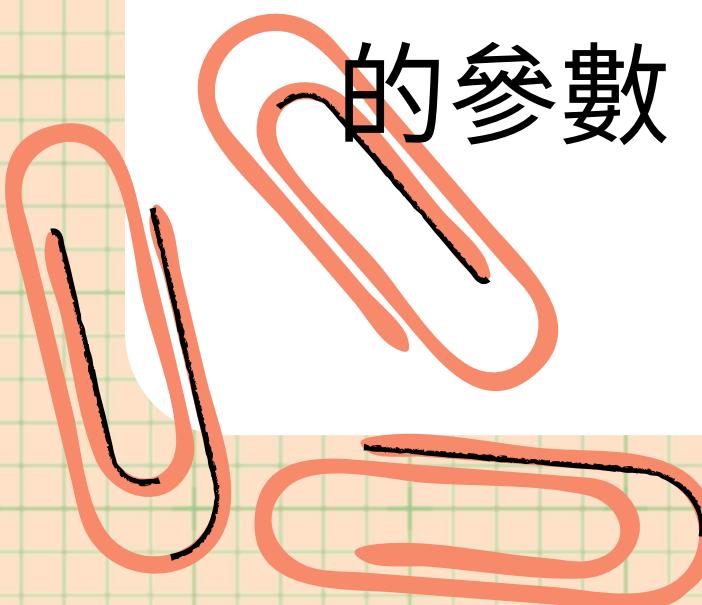


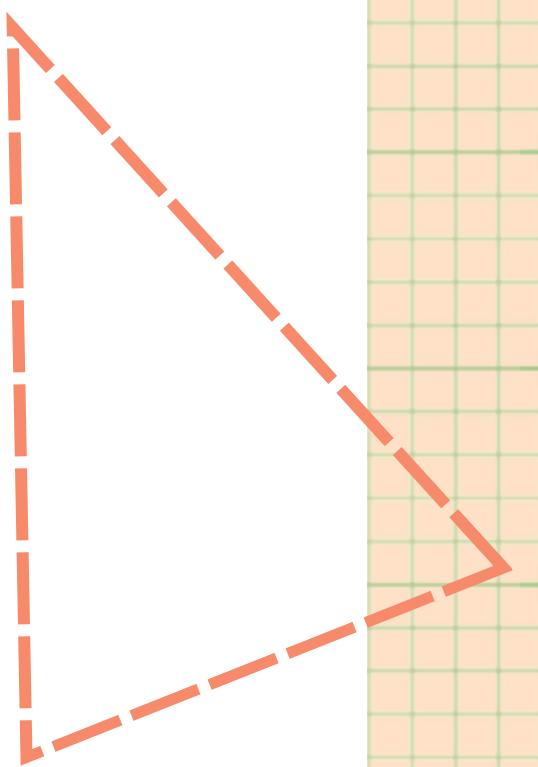
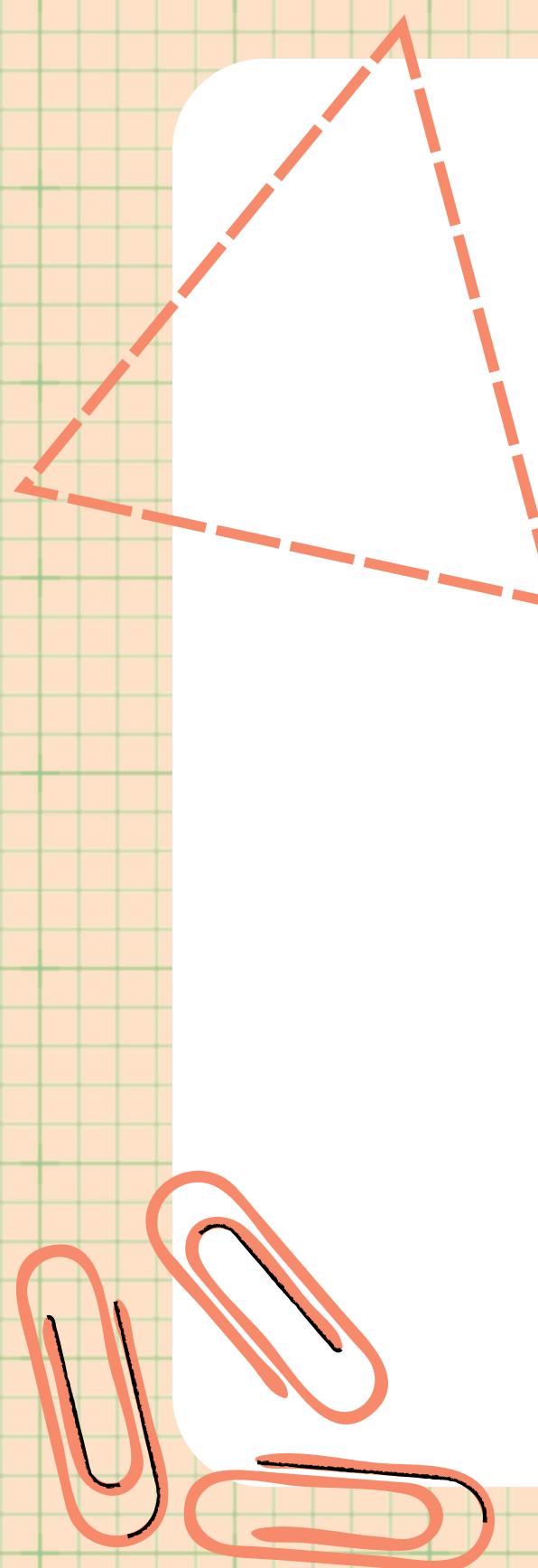
數學模型在傳染病擴散中的應用： 以SIR模型為例

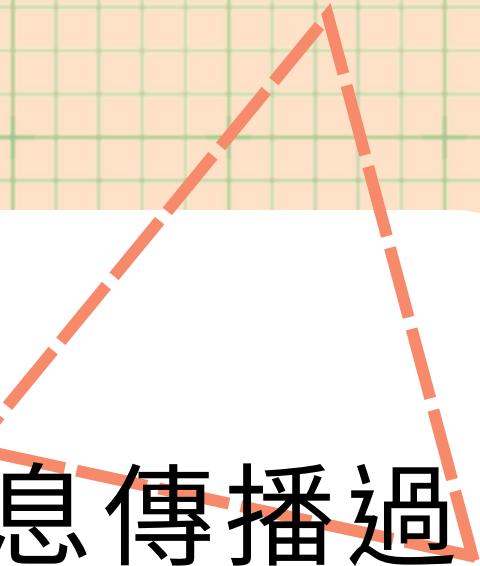
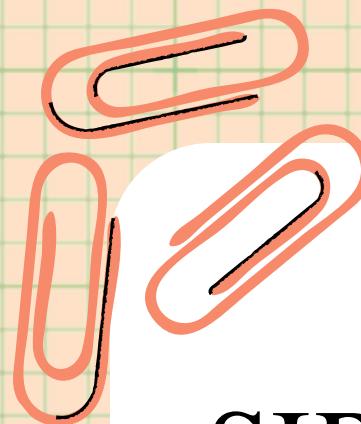
第八組

傳染病的擴散過程是複雜的，但數學模型可以幫助我們理解疾病如何在群體中傳播。SIR 模型（Susceptible-Infected-Recovered）是一個經典的數學模型，用來描述在有限人群中，易感者、感染者與康復者三類人群的變化。此研究將探討如何利用SIR 模型來預測傳染病的蔓延，並通過數學推導與模擬分析，探討如何根據不同的參數（如傳染率、康復率等）來調整防疫措施。



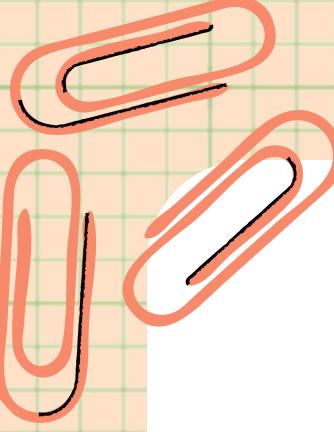
什麼是SIR模型





SIR 模型是一種經典的傳染病模型，用於描述訊息傳播過程。模型中，S表示易感者，I表示感染者，R 表示康復並免疫者。

透過微分方程描述感染率和恢復率，模擬人群狀態變化。在實際應用中，如麻疹疾病案例，**SIR 模型顯示了易感者減少、感染者和免疫者增加的趨勢**，總人數保持恆定。



易感染者 S 隨時間 t 變化：

$$dSdt = -\beta ISN$$

已感染者 I 隨時間 t 變化：

$$dIdt = \beta ISN - \gamma I$$

康復者 R 隨時間 t 變化：

$$dRdt = \gamma I$$

其中參數 β 為傳染力， γ 為康復力

在總人口數為 N 又滿足：

$$dSdt + dIdt + dRdt = 0$$

$$S(t) + T(t) + R(t) = N$$



在 SIR 模型中有提到傳染力 β 和康復力 γ ，這時我們要來定義這兩個參數，同時需要介紹基本傳染數

基本傳染數是在傳染病學上，指在沒有外力介入，同時所有人都沒有免疫力的情況下，一個感染到某種傳染病的人，會把疾病傳染給其他多少個人的平均數。基本傳染數通常被寫成為 R_0

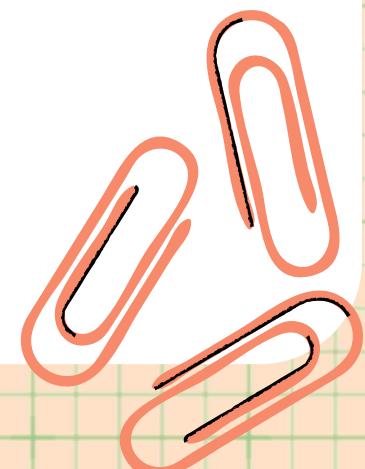
R_0 的數字愈大，該傳染病在傳播初期的爆發潛力越強。

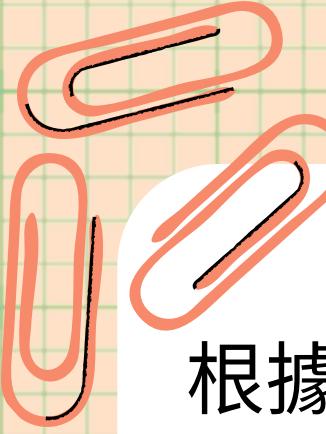
R_0 的定義如下：

$$R_0 = \tau \times \bar{c} \times d = \beta \gamma$$

其中 τ 為每單位時間的接觸量， \bar{c} 為每次接觸傳染的機率， d 為感染的時間。

又定義 $\beta = \tau \times \bar{c}$ $\gamma = d - 1$





根據 SIR 模型，當 $dI/dt > 0$ 時，傳染病會蔓延，意味著：

$$\beta IS - \gamma I > 0 \rightarrow \beta IS > \gamma I$$

因為 $S \approx N$ 、 $I = 1$ 且 $\beta = \tau \times \bar{c}$ 、 $\gamma = d - 1$ 代回 $\tau \times \bar{c} \times d$ ，因此：

$$\beta \gamma = R_0 > 1$$

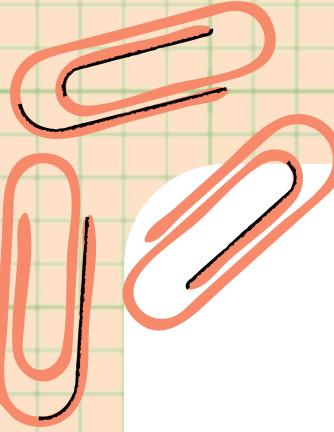
數學上指數分布是一種連續機率分布。指數分布可以用來表示獨立隨機事件發生的時間間隔，遊客進入旅館的時間間隔、收到信件的時間間隔，抑或是一個人得到傳染病的時間間隔。

指數分布的機率密度函數定義如下。

$$f(x; \lambda) = \lambda e^{-\lambda x}, x \geq 0, x < 0$$

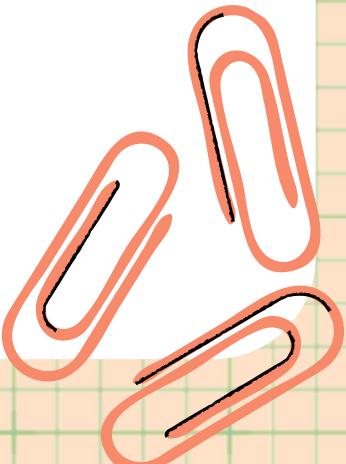
其中 $\lambda > 0$ 是分布的一個參數，常被稱為率參數 (rate parameter) 即每單位時間發生該事件的次數。指數分布的區間 $[0, \infty)$ 。此分佈意在於抽取一個平均發生速率為 λ 的事件之發生時間。





用SIR函數實現SIR模型

```
def SIR(S, I, R):
    # 計算變化
    dS = - Beta * S * I / N
    dR = Gamma * I
    dI = - dS - dR
    # 把變化加回去
    s = S + dS
    i = I + dI
    r = R + dR
    # 邊界檢查
    if (s < 0):
        s = 0
    if (i > N):
        i = N
    if (r > N):
        r = N
    return s, i, r
```





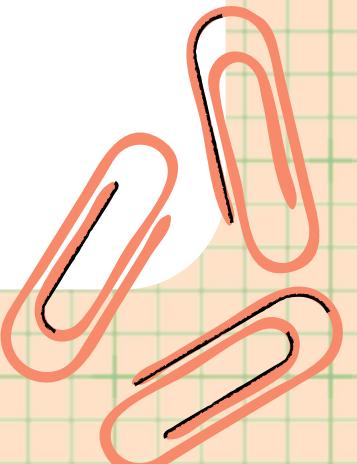
基本傳染數 R_0 ，是在流行病學上，指在沒有任何防疫作為介入，同時所有人都沒有免疫力的情況下，一個感染到某種傳染病的初發個案，會把疾病傳染給其他多少個人的平均數

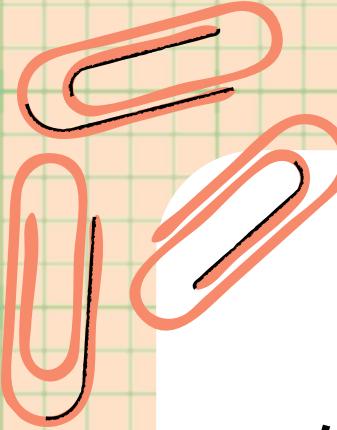
R_0 的數字愈大，代表流行病的控制愈難。

在沒有防疫的情況下，
若 $R_0 < 1$ ，傳染病將會逐漸消失。

若 $R_0 > 1$ ，傳染病會以指數方式散布，成為流行病。但是一般不會永遠持續，因為可能被感染的人口會慢慢減少。部分人口可能死於該傳染病，部分則可能病癒後產生免疫力。

若 $R_0 = 1$ ，傳染病會變成人口中的地方性流行病。

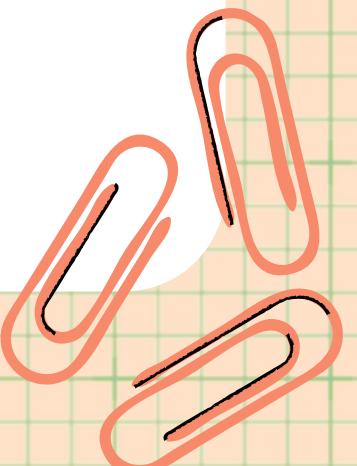


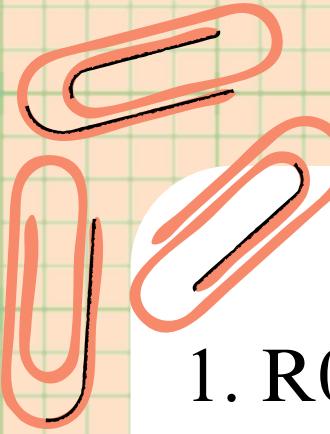


在研究傳染病在人群之中的傳播時，通常使用有效傳染數更加方便。

有效傳染數通常被寫成 R_t ，是估算病毒在一定期間內 (t) 傳播的能力，常用最近7日的確診個案數來估算；簡而言之，有效傳染數是在基本傳染數的基礎上，考慮到防疫措施之後的結果。

在實際防疫過程之中，疫情是否可以得到控制，取決於有效傳染數是否可以持續小於1。





1. R_0 表示在完全易感的群體中，一名感染者在其感染期內平均能夠傳染給多少人。

數學公式：

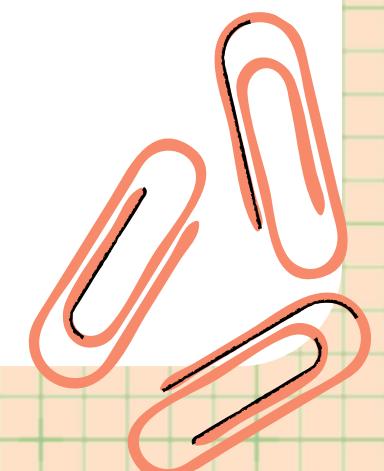
$$R_0 = \beta\gamma$$

其中：

β 是接觸率（每單位時間內每位易感個體與感染者的接觸次數）。

γ 是康復率（每位感染者的平均感染時間的倒數）。

R_0 是衡量疾病是否會爆發的關鍵指標。如果 $R_0 > 1$ ，則疾病有可能引發流行；如果 $R_0 \leq 1$ ，則疾病的傳播會逐漸減弱，最終消失。





2. 當前有效傳染數 R_t

定義： R_t 是在某一時間點 t ，在部分群體已經免疫或隔離的情況下，感染者每位平均能夠傳染給的易感者數量。它是基於當前流行情況計算的。

數學公式：

$$R_t = R_0 \times S(t)N$$

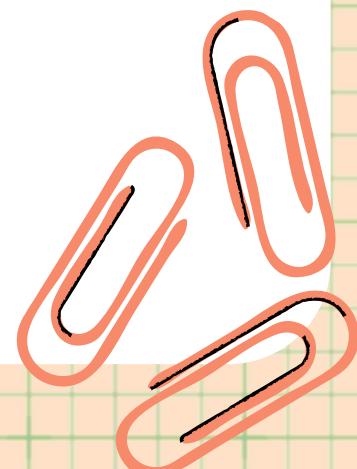
其中：

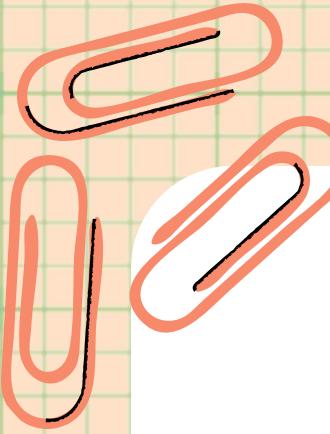
R_0 是基本傳染數。

$S(t)$ 是當前時間點 t 的易感者數量。

N 是總人口數（包含易感者、感染者、免疫者等）。

當 R_t 大於 1 時，疫情擴散；當 R_t 小於 1 時，疫情有可能被遏制。





3. 如何計算 R_0 和 R_t

計算 R_0 ：

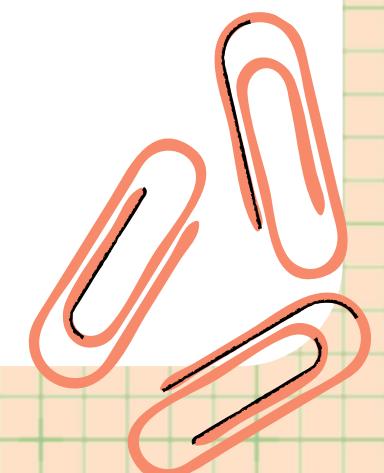
通常來說， R_0 需要通過流行病學模型來估算。例如，基於疾病的傳播特徵、病毒的生物學特性以及接觸網絡進行推算。

計算 R_t ：

R_t 隨著時間變化，取決於以下因素：

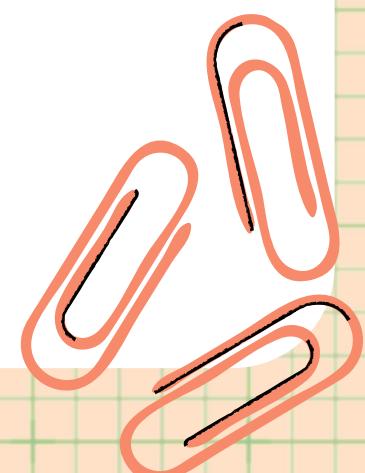
隔離措施（如社交距離、封鎖等）會減少 $S(t)$ 的數量，從而降低 R_t 。

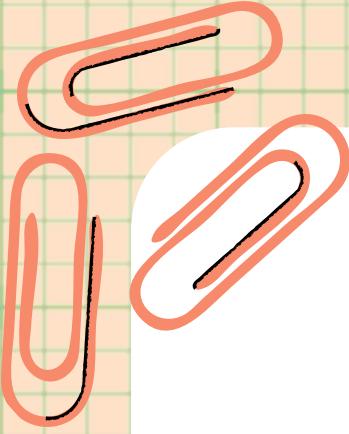
疫苗接種或自然免疫也會減少易感者，降低 R_t 。



| 疾病 | 傳播途徑 | R_0 |
|--------------------|----------------|--|
| 麻疹 | 空氣傳播 | 12-18 |
| 白喉 | 唾液 | 6-7 |
| 天花 | 空氣傳播、飛沫傳播 | 5-7 |
| 脊髓灰質炎 | 糞口傳播 | 5-7 |
| 風疹 | 空氣傳播、飛沫傳播 | 5-7 |
| 流行性腮腺炎 | 呼吸道飛沫 | 10-12 |
| 百日咳 | 空氣傳播、飛沫傳播 | 5.5 |
| SARS | 空氣傳播、飛沫傳播、糞口傳播 | 2-5 |
| 流行性感冒 (1918年流感大流行) | 空氣傳播、飛沫傳播 | 2-3 |
| 伊波拉出血熱 (西非伊波拉病毒疫症) | 體液傳播 | 1.5-2.5 |
| COVID-19 | 飛沫傳播、接觸傳播、糞口傳播 | 1.4-8.9 Delta 變異株：5.1 Alpha 變異株：4-5 Omicron 變異株：7 |
| 中東呼吸綜合征 | 呼吸道飛沫 | 0.5 |
| 普通感冒 | 呼吸道飛沫 | 2-3 |
| 水痘 | 空氣傳播疾病 | 10-12 |

$$\left\{ \begin{array}{l} S(i) + I(j) \xrightarrow{\beta} I(i) + I(j) \\ I(i) \xrightarrow{\gamma} R(i) \end{array} \right.$$





在以上三個基本假設條件下，可知：當易感個體和感染個體充分混合時，

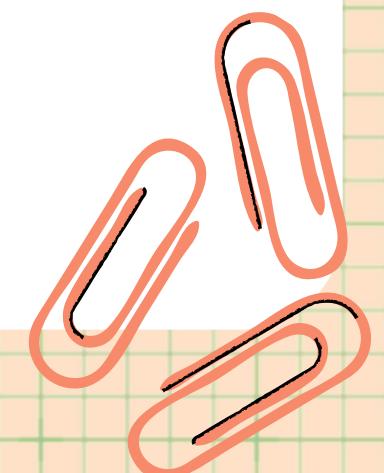
感染個體的增長率為 $\beta i(t)s(t) - \gamma i(t)$

易感個體的下降率為 $\beta i(t)s(t)$

恢復個體的增長率為 $\gamma i(t)$

易感者從患病到移出的過程可以用微分方程表示如下：

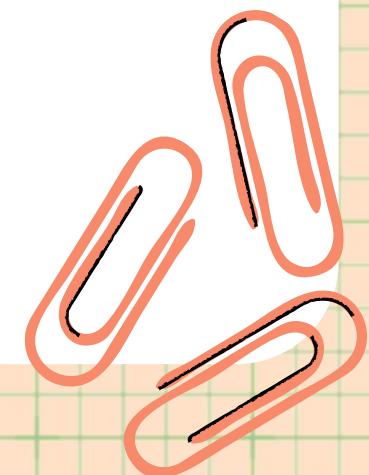
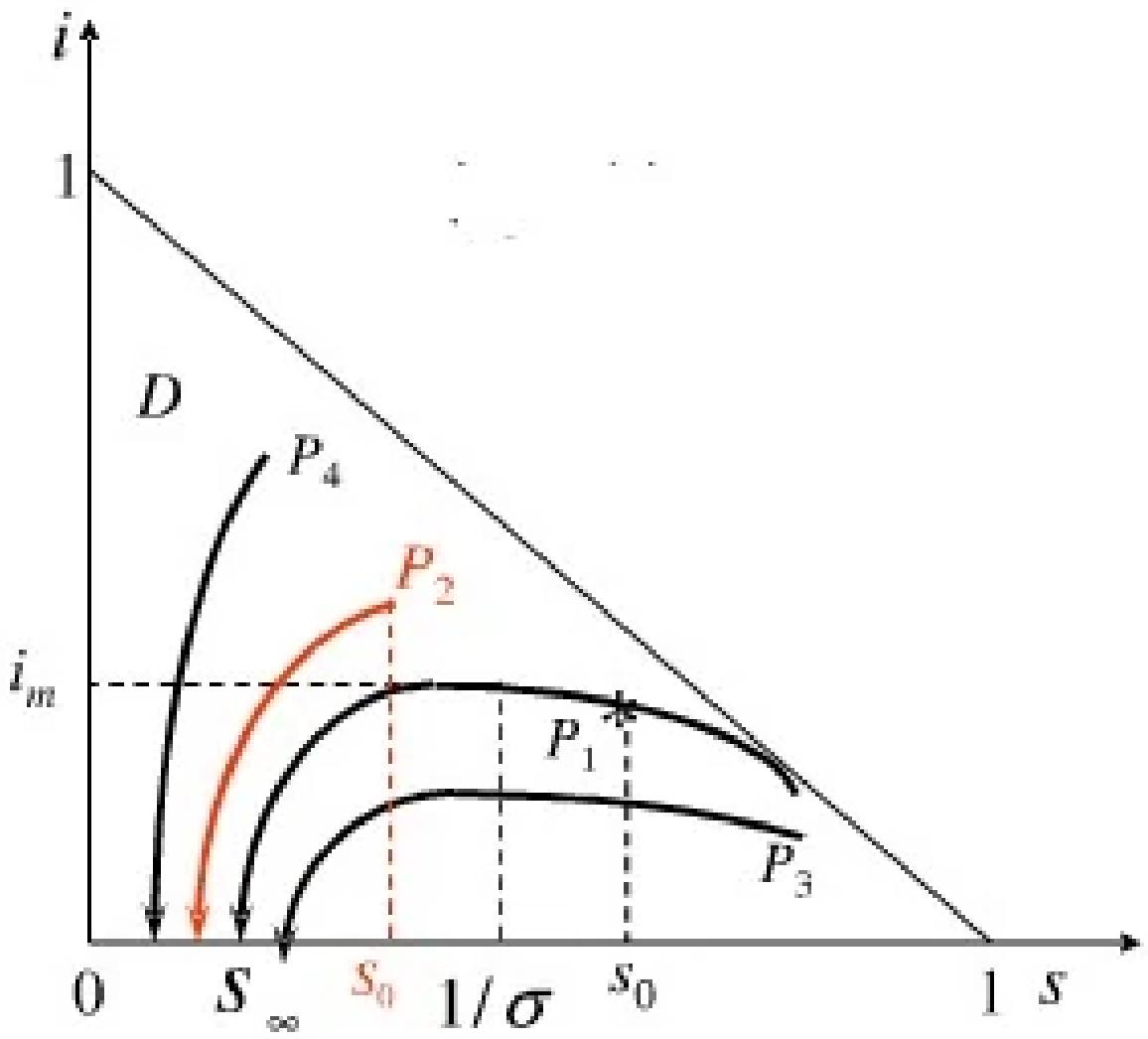
$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta i(t)s(t) \\ \frac{di(t)}{dt} = \beta i(t)s(t) - \gamma i(t) \\ \frac{dr(t)}{dt} = \gamma i(t) \end{cases}$$



解得微分方程的解為 $I = (S_0 + I_0) - S + \frac{1}{\sigma} \ln \frac{S}{S_0}$

，其中 $\sigma = \frac{\beta}{\gamma}$

是傳染期接觸數。

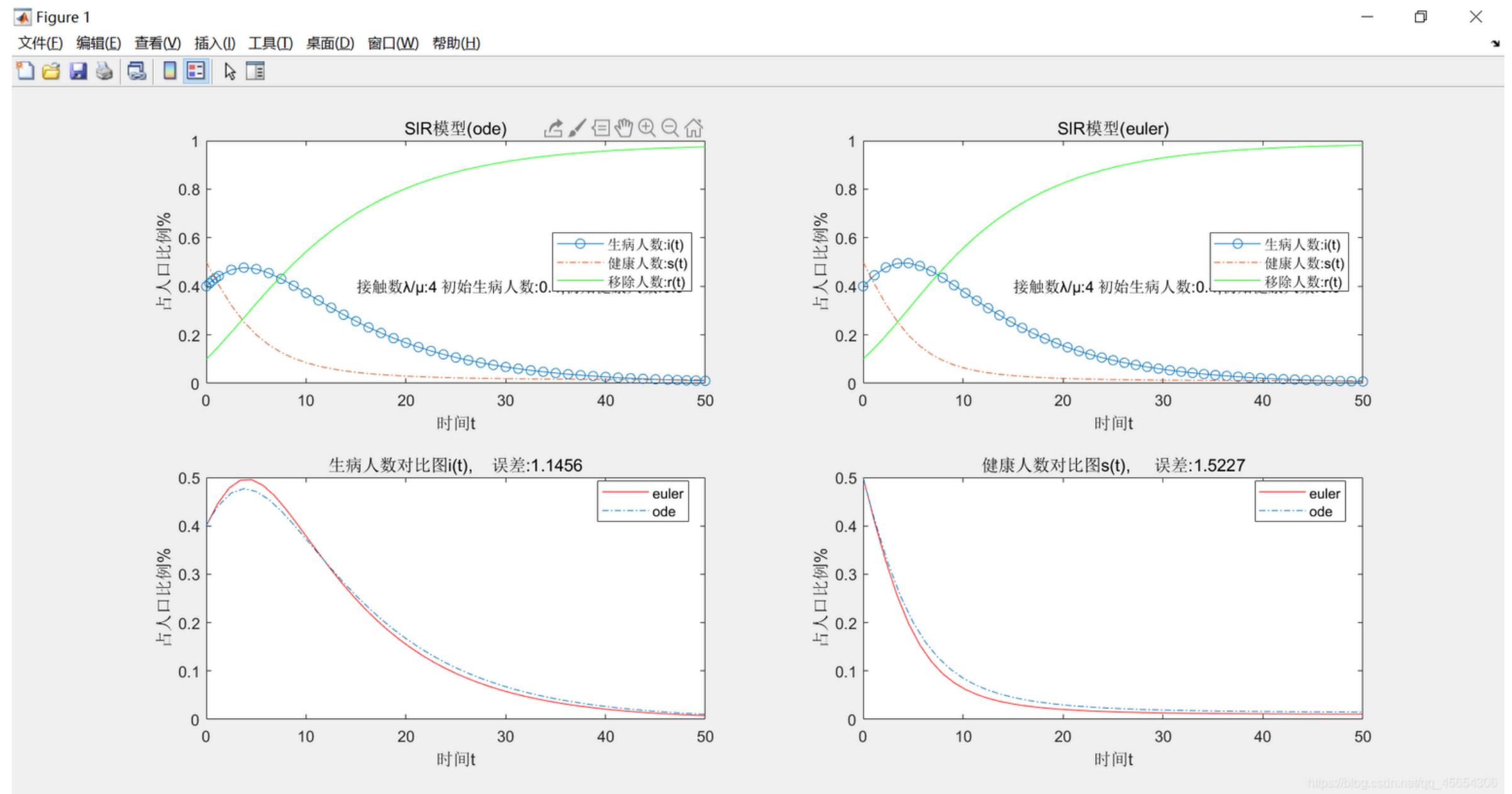


分析圖像可以得到以下結論：

為保證傳染病不蔓延，需要滿足 $s_0 < \frac{1}{\sigma}$

- 為了達到這個目的，一方面，可以提高閾值 $\frac{1}{\sigma}$
，需降低 σ
- 即減小日接觸率 β
- 可通過提高衛生水平的方式；增大日治愈率 γ
- 可以通過提高醫療水平的方式。另一方面，也可以通過群體免疫來提高 r_0
，從而降低 s_0
- 使病情不蔓延。

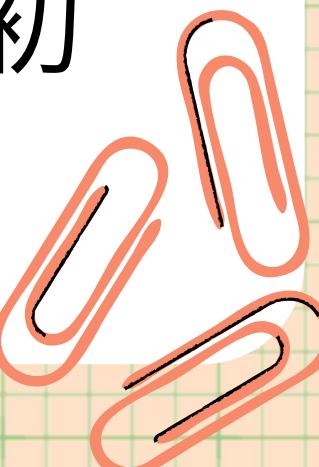
將數值放入程式中所獲得

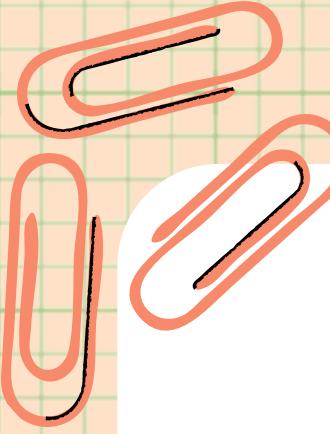




基於微分方程組求解的SIR模型可以根據已有數據比較準確地擬合曲線，並利用相軌線分析得出使傳染病不蔓延的措施，理論依據充分。

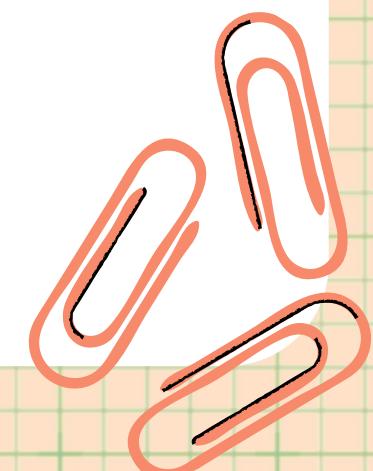
但是應注意到，模型對人群的分類不夠細致，沒有明確考慮隔離的因素。而現實中對疑似病人的隔離是控制疫情傳播的有效手段。模型沒有引入反饋機制，在預測過程中，單純依據已有數據預測未來較長一段時間的數據，必然會使準確度降低。此外，微分方程組求解較為困難，且對初值比較敏感，這對模型的穩健性是一個很大的影響。

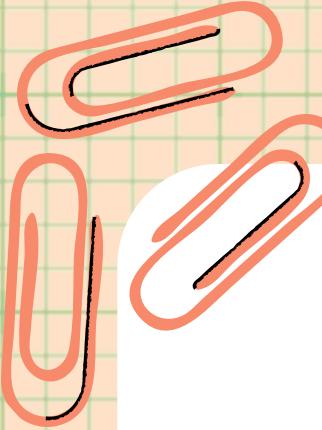




SIRS 模型

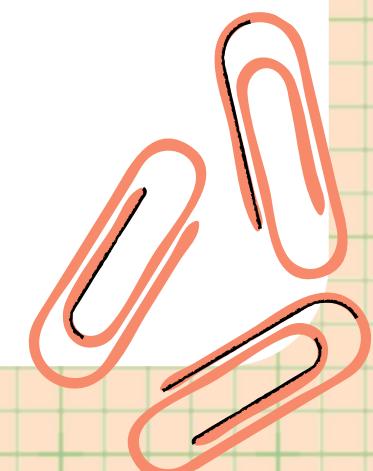
如果所研究的傳染病為非致死性的，但康復後獲得的免疫不能終身保持，則康復者 R 可能再次變為易感者 S。此時有總人數 $S(t) + I(t) + R(t) = N$ 為常數。參數 α 決定康復者獲得免疫的平均保持時間。系統有兩個不動點 $S = N$ ($I = R = 0$) 或 $S = \gamma / \beta$ ($I / R = \alpha / \gamma$)。前者表示疾病從研究地區消除，而後者則是流行狀態。消除流行病的參數條件是 $\gamma > \beta N$ 。若做不到，則要儘量減小 α 而增加 γ ，使更多人保持對該疾病的免疫力。

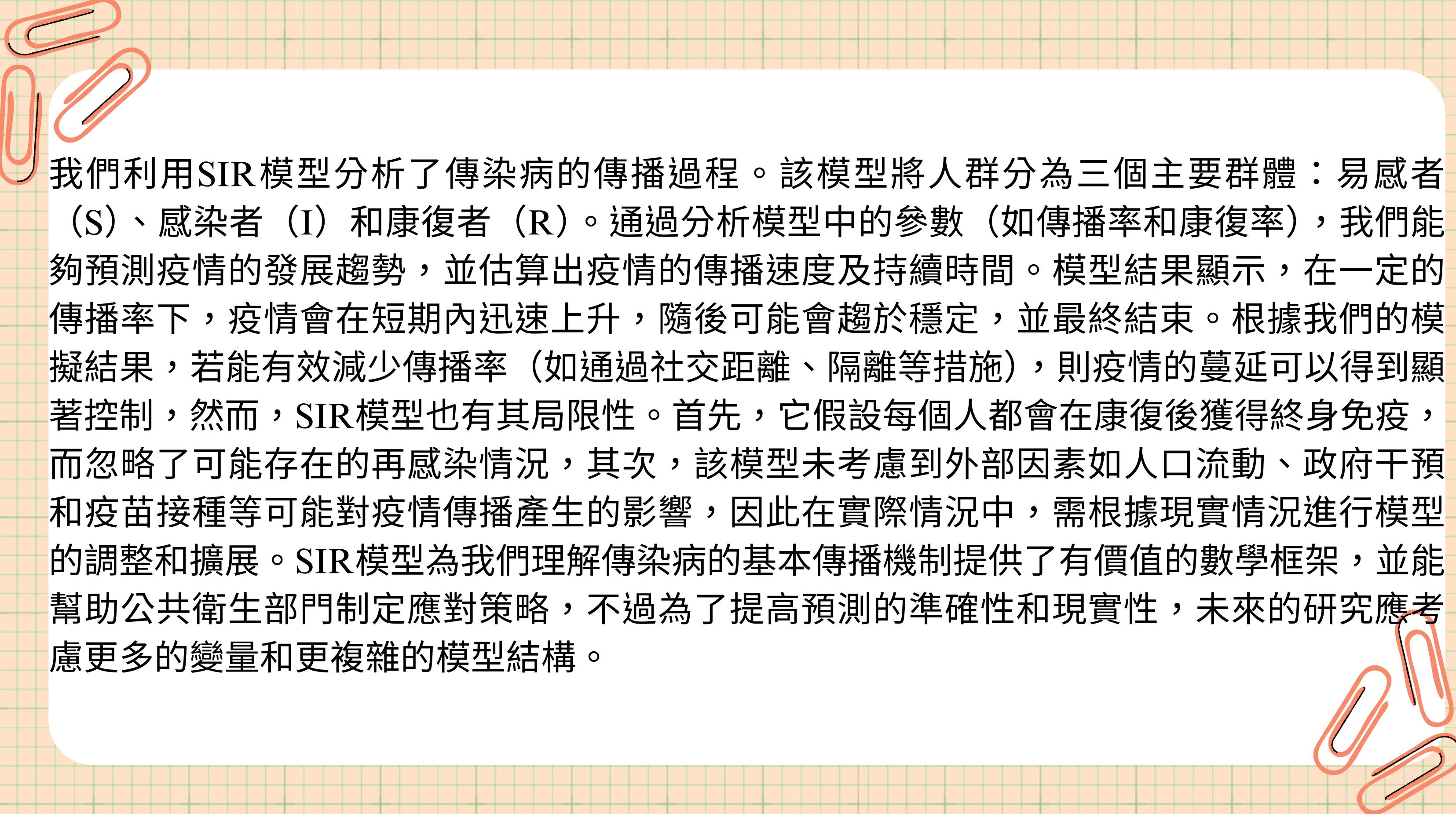




SEIR 模型

如果所研究的傳染病有一定的潛伏期，與病人接觸過的健康人並不馬上患病，而是成為病原體的攜帶者，歸入 E 類。此時有仍有守恆關係 $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = \text{常數}$ ，病死者可歸入 R 類。潛伏期康復率 γ_1 和患者康復率 γ_2 一般不同。潛伏期發展為患者的速率為 α 。與 SIR 模型相比，SEIR 模型進一步考慮了與患者接觸過的人中僅一部分具有傳染性的因素，使疾病的傳播周期更長。疾病最終的未影響人數 S_∞ 和影響人數 R_∞ 可通過數值模擬得到。





我們利用SIR模型分析了傳染病的傳播過程。該模型將人群分為三個主要群體：易感者 (S)、感染者 (I) 和康復者 (R)。通過分析模型中的參數（如傳播率和康復率），我們能夠預測疫情的發展趨勢，並估算出疫情的傳播速度及持續時間。模型結果顯示，在一定的傳播率下，疫情會在短期內迅速上升，隨後可能會趨於穩定，並最終結束。根據我們的模擬結果，若能有效減少傳播率（如通過社交距離、隔離等措施），則疫情的蔓延可以得到顯著控制，然而，SIR模型也有其局限性。首先，它假設每個人都會在康復後獲得終身免疫，而忽略了可能存在的再感染情況，其次，該模型未考慮到外部因素如人口流動、政府干預和疫苗接種等可能對疫情傳播產生的影響，因此在實際情況中，需根據現實情況進行模型的調整和擴展。SIR模型為我們理解傳染病的基本傳播機制提供了有價值的數學框架，並能幫助公共衛生部門制定應對策略，不過為了提高預測的準確性和現實性，未來的研究應考慮更多的變量和更複雜的模型結構。

Thank You

