

核酸检测中的混检方案

第二十四届华东杯大学生数学建模邀请赛

2022.5

摘要

这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。
这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这
是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是
一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。这是一段摘要。

目录

1	问题的提出	3
2	问题的初步分析	3
3	单轮检测模型	4
3.1	模型的假设	4
3.2	符号的说明	4
3.3	模型的建立	4
3.4	模型的应用	4
4	多轮检测模型	4
4.1	问题的分析	4
4.2	模型的假设	5
4.3	符号的说明	5
4.4	模型的建立	5
4.5	模型的应用	5
5	模型的评价与推广	5
5.1	模型的评价	5
5.1.1	优点	5
5.1.2	缺点	5
5.2	模型的推广	5

1 问题的提出

2019 年底、2020 年初开始，新冠疫情席卷全球。为了有效控制新冠病毒的传播，核酸检测是一个非常重要而有效的方法。但是由于核酸检测需要一定的时间，在进行大规模检测时，往往会因为来不及检测而耽误控制病毒传播的宝贵时间。

为此，通常采用混合检测的方法。将若干人组成一组，把他们的采样样本混合起来进行检测。若一组核酸检测的结果为阴性，那么这组样本对应的被检测者都是阴性的。若一组核酸检测的结果为阳性，那么这组样本对应的被检测者中至少有一人是阳性的，需要对这组样本的所有被检测者重新进行单人单管检测。

本文旨在回答以下几个问题：

1. 单轮检测中，理想的混检方案；
2. 根据现实数据，分析问题 1.
3. 多轮检测中，混检方案相对于单轮检测的调整。

2 问题的初步分析

本文将由浅入深地建立两个模型：单轮检测模型和多轮检测模型。

定义一轮检测包括如下两个步骤：先将若干人组成一组，进行混合检测；若一组核酸检测的结果为阳性，再对这组样本的所有被检测者进行单人单管检测。

在单轮检测模型中，仅进行一轮检测，不考虑在核酸检测结果发布前的新增病例以及核酸检测本身的假阴性情况。对于给定的总人口数和初始感染人数，确定混合检测每组的人数，使得核酸检测的总次数最小。

在多轮检测模型中，考虑进行多轮检测，且考虑在核酸检测结果发布前的新增病例以及核酸检测本身的假阴性情况。对于给定的总人口数、初始感染人数、传染系数、假阴性概率，确定混合检测每组的人数、检测的次数、检测的间隔时间，使得核酸检测的总次数尽可能小、人群中剩余阳性的概率尽可能低。

3 单轮检测模型

3.1 模型的假设

1. 仅进行一轮检测；
2. 病毒携带者等可能地出现在各组中。
3. 总人口数为常数；
4. 不考虑在核酸检测结果发布前的新增病例，即携带病毒的人口数为常数；
5. 不考虑核酸检测本身的假阴性情况。

3.2 符号的说明

符号	含义
n	总人口数
m	携带病毒的人口数
k	混合检测每组的人数

表 1: 单轮检测模型的符号说明

3.3 模型的建立

记随机变量 X 表示单个人的核酸检测次数。由于假设总人口数为常数，最小化核酸检测的总次数即最小化单个人的核酸检测次数，即最小化 $E[X]$ 。

又由于假设病毒携带者等可能地出现在各组中， n 为总人口数， m 为携带病毒的人口数，可知任意一个人为病毒携带者的概率为 $\frac{m}{n}$ ，任意一组核酸检测为阴性的概率为 $(1 - \frac{m}{n})^k$ 。进而得到 X 的分布：

$$P(X = \frac{1}{k}) = (1 - \frac{m}{n})^k$$
$$P(X = \frac{1}{k} + 1) = 1 - (1 - \frac{m}{n})^k$$

以及 X 的期望：

$$E[X] = \frac{1}{k}(1 - \frac{m}{n})^k + (\frac{1}{k} + 1)(1 - (1 - \frac{m}{n})^k) = 1 + \frac{1}{k} - (1 - \frac{m}{n})^k$$

3.4 模型的应用

4 多轮检测模型

4.1 问题的分析

1. 假阴/抗原

- 2. 中途传染
- 考虑的因素
- 1. 频率
- 2. 总次数

4.2 模型的假设

4.3 符号的说明

4.4 模型的建立

4.5 模型的应用

5 模型的评价与推广

5.1 模型的评价

5.1.1 优点

5.1.2 缺点

5.2 模型的推广

参考文献

附录