面向校园疫情防控的人群运动行为及疫情传播建模研究

文献综述

**1 前言**

随着新冠疫情防控进入常态化阶段，我们中的大多数人都感受到了COVID-19对我们日常生活的影响，并且许多人已经了解保持安全社交距离、佩戴口罩、进行全面的核酸检测和其他缓解COVID-19传播的策略[1]对公共卫生和我们自身的安全有多重要[2]。尤其是大学校园COVID-19防控更为重要，因为我们在课堂环境和其他社交活动中存在集体生活环境和大量人口混合，为冠状病毒提供了理想的滋生地。此外，校园里的年轻人往往有更多的社交接触，无症状感染的可能性也会增加[3]。同时，我们注意到扩展改进的SIR模型（Susceptible, Infected ,Removed model）已证明对于流行病的建模、分析和预测至关重要，并且能够达到很好的拟合和预测效果[4][5]。

**2 相关研究**

2.1 COVID-19传播特点和防控政策

COVID-19的主要传播方式是通过吸入呼吸道飞沫和间接或直接接触，估计感染的平均潜伏期为 5.2 天，平均再感染人数R0为 2.2，可以通过核酸检测、CT成像等技术进行诊断[6]。超过四成的继发病例在家庭聚集、有阳性病例确诊和家庭外隔离的环境中被感染[7]。可以通过注重手部卫生、保持社交距离和及时进行隔离预防其在社会上传播。同时积极佩戴口罩、实施密切接触者追踪、进行全面的核酸检测、严格的隔离政策、每周核酸轮检也会有效的遏制新冠在校园内的传播[8]。

2.2 SEIR模型以及SEIR改进模型

对流行病毒的传播模拟经典的办法就是使用常微分方程，一般称为SIR或SEIR模型[9][10]，可以帮助我们理解流行病的动态传播。其中SEIR模型（其中S、E、I和R分别表示susceptible, exposed, infected and removed populations四类人群）是SIR流行病学模型的扩展。SEIR模型可以使用简单的联立常微分方程和一些参数，快速处理同质人群中传染病传播的模拟。通过引入随机微分方程（SDE）的SIER模型可以提供随机变化，应用于病毒传播预测，获得预测值的置信区间[11]。应用SEIR模型，定义不同类别变化的微分方程、疾病传播概率、潜伏期和感染期以及疾病死亡率，初始化初始感染人数，可以模拟感染者、康复者和死亡者的数量。准确确定死亡率取决于对流行病参数和疾病特征的了解，并且及时隔离、保持社交距离以及采用非常严格的健康和安全标准对于阻止病毒传播至关重要[12]。

2.3 模拟 COVID-19 在小型大学中的传播

新冠疫情爆发以来，已经有很多研究通过建模模拟COVID-19在校园内的传播，用于制定有效的疫情防控措施使传播风险最小化同时保障师生教学活动的正常进行。Wrighton和Lawrence认为应遵循“最佳实践”，其中包括：检测、隔离、接触者追踪、佩戴口罩和减少人员聚集[13]。文献[14]开发一个基于代理的模型，模拟COVID-19在寄宿学校中的传播。首先，建立学校网络，包括教学楼、体育馆、宿舍、办公楼、公共节点等建筑，模拟真实的校园环境。之后，定义代理类型（分为校外学生、校内学生、教师）、代理的时间表、代理移动的规则，模拟代理的行为。最后，通过SEIR模型定义动态的感染过程。引入接触向量，得到每个人都有十个左右的密切接触者，他们之间可能会造成病毒传播。最终，通过比较总感染人数，得到安全的重新开学需要管理者采取的强有力政策和学生的谨慎行为，同时综合测试和戴口罩是最有效的单一干预措施。以华南理工大学34号楼为例，运用Anylogic仿真建模平台，基于离散事件和智能体建模方法，结合社会力模型，对34号教学楼的多种可能管控手段进行细致仿真建模。分别对错峰上下课，分楼层使用特定楼体以及分方向上下楼等不同管控措施进行建模，对教学楼各个楼体、走廊的人流密度进行实时模拟和预测。同时运用热力图、人流速率折线图以及感染模型折线图直观的展示不同管控措施的效果[15]。Gressman 和 Peck 通过对SIR模型的改进建立了一个基于代理的模型[16]，该模型融合了大学生活的更多特征。粗略地说，在模型中的某一天，一个代理从不同的组中随机选择了大约20个联系人。这些群体包括住宅、密切的学术、课堂接触、广泛的社交等，并且接触具有不同的感染可能性。他们的结果表明，大规模测试、接触者追踪和在线转移大班是最有效的干预措施。他们进一步发现，检测特异性对于管理被隔离的人数至关重要。通过一种确定性传播动态分区模型，用于分析新型冠状病毒在大学校园内的传播。基于目前对 COVID-19 的了解修改了一个标准的 SEIR 模型[17]。为了反映大学校园中的人口，将人员分为学生和教师。有助于捕捉不同类别人员之间的接触率以及基于COVID-19已知的由于年龄差异造成的感染率、死亡率的差异。发现感染总数对与学生行为相关的参数最为敏感。当无法进行核酸轮检时，接触者追踪可以成为一种有效的控制策略。最后，通过Villanova University 2020 年秋季的在线 COVID-19 感染数据验证模型，并发现当超级传播者事件被纳入模型时模型和数据之间的一致性很好。文献[18]通过一个在学生、教职员工和教职员工之间的SARS-CoV-2 易感-暴露-感染-恢复(SEIR)型确定性隔间传播模型，参数化Emory 大学（位于佐治亚州亚特兰大的一所中型私立大学），并对输入参数进行概率敏感性分析，发现可以通过有效的核酸检测、隔离、接触者追踪和隔离来控制 SARS-CoV-2 在校园的传播。文献[19]采用基于统计与概率判断的健康者-感染者(SI)传染模型。针对不同等级的防控措施，设置相应情境下的接触人数与传染概率，对防控等级与新冠疫苗阻断疫情传播的效果进行评估。数据初始化后，随机选取一名学生作为0号感染者，按照洗漱、外出、上课、就餐、回寝的顺序依次进行传染过程模拟，统计经过相应天数后模拟感染人数的均值和标准差。分析得出就餐、洗漱和上课是病毒在校园、宿舍传播速度的重要影响因素。

2.4 模型扩展

在流行病模型的基础上引入流调信息，使用特定年龄的数字移动数据参数化疾病传播模型[20]。使用 Thompson[21]从每日新感染人数的曲线计算Rt，借助交通卡数据标准化交易数量和经验R t估计值的后验平均值之间的皮尔逊相关系数选择合适的代理。通过将模型与香港的病例数据进行拟合[22]，能够近乎实时地准确跟踪当地 COVID-19 的有效繁殖数量（即不再受感染和报告之间大约 9 天的延迟限制），近乎实时地跟踪传播性，生成流行病的临近预报和短期预测。在传统SEIR模型上加入机器学习模型，预测COVID-19的传播[23]。在州、县和社区进行验证，模型在各个层面结果都优于SEIR，尤其是在社区级别。m-ADBio可以使用实时的可穿戴传感器来跟踪个体症状，从而使智能算法能够更及时地预测病例。通过使用Rt的先前估计作为先验，并使用初始值数据重新计算估计来实时更新Rt。还可整合了通勤模式，以克服同质、封闭系统的问题。

**3 总结**

自从新冠疫情爆发以来，COVID-19已经深刻地影响了我们的生活。基于对传统SIR流行病模型的改变，结合对COVID-19传播的特点，构建面向校园疫情防控的人群仿真及防控措施智能优化系统。通过数学公式模拟控制社交距离、佩戴口罩、全面的核酸检测和其他缓解 COVID-19传播的策略，比较有效繁殖数Rt或者最终模拟的总感染人数[14]，进而衡量不同防疫政策的有效性，从而制定有效的疫情防控措施使传播风险最小化，保障师生教学活动的正常进行。

在未来可引入学生在校园内的移动数据，同时对数据应用机器学习的算法提取数据特征，训练得到更精确的模型参数和初始化数据，从而提供更精准的管控和预测，达到实时更新和短期预测的效果。

**4 参考文献**

1. 易外庚,方芳,程秀敏.重大疫情防控中社区治理有效性观察与思考[J].江西社会科学,2020,40(03):16-24.
2. GÜNER H R, Hasanoğlu İ, Aktaş F. COVID-19: Prevention and control measures in community[J]. Turkish Journal of medical sciences, 2020, 50(SI-1): 571-577.
3. Poletti P, Tirani M, Cereda D, et al. Probability of symptoms and critical disease after SARS-CoV-2 infection[J]. arXiv preprint arXiv:2006.08471, 2020.
4. Kiamari M, Ramachandran G, Nguyen Q, et al. COVID-19 Risk Estimation using a Time-varying SIR-model[C]//Proceedings of the 1st ACM SIGSPATIAL International Workshop on Modeling and Understanding the Spread of COVID-19. 2020: 36-42.
5. Wang L. Evaluation of COVID-19 Epidemic Based on SIR Model[C]//Proceedings of the 2020 International Symposium on Artificial Intelligence in Medical Sciences. 2020: 18-22.
6. He X, Lau E H Y, Wu P, et al. Temporal dynamics in viral shedding and transmissibility of COVID-19[J]. Nature medicine, 2020, 26(5): 672-675.
7. Ip D K M, Lau L L H, Leung N H L, et al. Viral shedding and transmission potential of asymptomatic and paucisymptomatic influenza virus infections in the community[J]. Clinical infectious diseases, 2017, 64(6): 736-742.
8. 胡若彤,黄柯毓,胡荣,徐雨清,马秀萍,程林.标准化视角下高校疫情防控体系构建及评价研究[J].大众标准化,2021(21):230-233.
9. Kermack W O, McKendrick A G. A contribution to the mathematical theory of epidemics[J]. Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character, 1927, 115(772): 700-721.
10. Anderson R M, May R M. Infectious diseases of humans: dynamics and control[M]. Oxford university press, 1992.
11. Maki Y, Hirose H. Infectious disease spread analysis using stochastic differential equations for SIR model[C]//2013 4th International Conference on Intelligent Systems, Modelling and Simulation. IEEE, 2013: 152-156.
12. Carcione J M, Santos J E, Bagaini C, et al. A simulation of a COVID-19 epidemic based on a deterministic SEIR model[J]. Frontiers in public health, 2020: 230.
13. Wrighton M S, Lawrence S J. Reopening colleges and universities during the COVID-19 pandemic[J]. Annals of internal medicine, 2020, 173(8): 664-665.
14. Bahl R, Eikmeier N, Fraser A, et al. Modeling COVID-19 spread in small colleges[J]. Plos one, 2021, 16(8): e0255654.
15. 邓巧明,蓝承志,刘宇波. 基于Anylogic平台的大学校园公共教学楼疫情管控模拟研究——以华南理工大学34号楼为例[C]//.数智营造：2020年全国建筑院系建筑数字技术教学与研究学术研讨会论文集.,2020:230-235.DOI:10.26914/c.cnkihy.2020.037395.
16. Gressman P T, Peck J R. Simulating COVID-19 in a university environment[J]. Mathematical biosciences, 2020, 328: 108436.
17. Muller K, Muller P A. Mathematical modelling of the spread of COVID-19 on a university campus[J]. Infectious Disease Modelling, 2021, 6: 1025-1045.
18. Lopman B, Liu C Y, Le Guillou A, et al. A model of COVID-19 transmission and control on university campuses[J]. MedRxiv, 2020.
19. 庞天睿,郑彤.寄宿制学校新冠肺炎疫情防控及传染风险分析[J].哈尔滨工业大学学报,2022,54(02):73-80.
20. Wu J T, Leung K, Bushman M, et al. Estimating clinical severity of COVID-19 from the transmission dynamics in Wuhan, China[J]. Nature medicine, 2020, 26(4): 506-510.
21. Thompson R N, Stockwin J E, van Gaalen R D, et al. Improved inference of time-varying reproduction numbers during infectious disease outbreaks[J]. Epidemics, 2019, 29: 100356.
22. Leung K, Wu J T, Leung G M. Real-time tracking and prediction of COVID-19 infection using digital proxies of population mobility and mixing[J]. Nature communications, 2021, 12(1): 1-8.
23. Balkus S V, Fang H, Rumbut J, et al. A Multi-level Biosensor-based Epidemic Simulation Model for COVID-19[J]. IEEE Internet of Things Journal, 2021.