

基于SALIR模型的病毒传播研究

——以COVID-19为例

周恬恬, 仇丹, 陶泽, 王晖, 魏雪蕊, 何志威*

绍兴文理学院, 浙江 绍兴

收稿日期: 2022年4月23日; 录用日期: 2022年5月18日; 发布日期: 2022年5月26日

摘要

传染病毒的传播是人类健康问题非常重大的挑战, 如2003年的SARS、2020年的新冠肺炎等病毒的传播给全世界造成了严重的伤害, 因此研究病毒的传播是当今非常重要的科学问题之一。本文根据病毒传播的特性构建了基于常微分方程的SALIR模型, 模型中重点考虑新冠肺炎病毒传播中无症状感染者的影响。通过对模型进行数值模拟和分析, 发现模型能较好地反映被感染人数增长的一般规律, 与真实数据基本相符。同时, 我们还考虑了病毒传播能力对总感染人数的影响, 发现病毒传播能力较弱时, 不会造成大面积的感染, 而当传染能力超过一定的阈值, 病毒就会大面积的爆发。

关键词

无症状感染者, 系统稳定, COVID-19, SALIR模型

Study on the Spread of the Virus Based on SALIR Model

—A Case Study on COVID-19

Tiantian Zhou, Dan Qiu, Ze Tao, Hui Wang, Xuerui Wei, Zhiwei He*

Shaoxing University, Shaoxing Zhejiang

Received: Apr. 23rd, 2022; accepted: May 18th, 2022; published: May 26th, 2022

Abstract

The spread of infectious viruses poses a severe threat to human health. Viruses such as SARS in

*通讯作者。

2003 and COVID-19 in 2020 have caused serious damage around the world. Therefore, carrying out studies on the spread of viruses is one of the most meaningful scientific researches today. According to the properties of virus, SALIR Model based on ODE (ordinary differential equation) was constructed. The model focuses on the impact of asymptomatic infections in the spread of COVID-19 viruses. Through numerical modeling and analysis of the model, we found that the model can reflect the general rule of the increase in the number of infected people, which is basically consistent with the truthful data. Moreover, we also considered the impact of virus transmission capacity on the total number of infected people and found that when the virus is found to be weak in transmission, it will not cause widespread infection. However, when the intensity of the infection exceeds a certain threshold, it will bring the massive outbreak of virus.

Keywords

Asymptomatic Patients, System Stability, COVID-19, SALIR Model

Copyright © 2022 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

2020年,新冠疫情病毒疾病在世界范围内快速传播,新冠病毒也被证明是有史以来最致命的疾病之一。这一传染病给全球带来了巨大挑战,扰乱了商业发展,严重影响了国家经济,并给医疗部门带来了巨大压力。而病毒的传播在数学上可以用传染病模型进行研究,因此,从数学的角度探索病毒传播的动态,获得对其影响的见解,设计减少或减缓其传播的方法至关重要。

近期以来,国内许多学者建立了不同的传染病模型来分析新冠病毒的传播并预测其后期发展。有学者基于最原始的SIR模型进行分析研究,如杨雨琦[1]等人用来预测疫情的“拐点”;杨伟宏[2]等人提出了基于环境感知的EA-SIR模型。有学者在传染病的模型上加以改进与延申,如桑茂盛[3]等人建立了8个仓室的传染病模型进行研究;郭尊光[4]等人建立了基于SEIR空间反应扩散模型;闫慧林[5]等人建立了一类考虑隔离和治疗措施的SEIAHRMSqEq模型;王国柱[6]等人引入了“无症状感染者”的概念,建立了SEIADR模型;谭键滨[7]等人提出可估计未隔离感染者数和时变可再生数的P-SIHR概率图模型。还有学者对新冠病毒的分析有其他的研究,如李瑞松[8]等人通过仿真探索我国和美国在疫情防控手段上的差异性;刘雅姝[9]等学者对各类模型进行综合评价,寻找描述新冠病毒的最优模型;崔景安[10]等人提出了一个媒体报道和宣传教育影响下的传染病动力学模型;韦原原[11]等人建立了一种顾及时空对象空间相互作用机制的新冠病毒风险评估模型,实现了新冠病毒风险城际传播的关联性、动态性分析。

当然,国外也有学者通过基于传染病模型来对比研究各个国家各个地区的控制新冠病毒政策的效果,基于地区特点对不同地区进行预测,如Marwan Al-Raei [12]等人通过SEIR模型,对中东各国新冠病毒传播进行分析;Samui [13]等人提出了预测和控制新冠病毒在印度传播动态的分区域模型。也有学者基于一些特殊的参数分析新冠病毒研究,如Khan [14]等人提出了一个具有凸发生率新冠肺炎传染病模型;Ivorra [15]等人建立了 θ -SEIHRD模型,考虑了未检测病例的存在、卫生条件、隔离、检疫和追踪。还有其他国外学者对本次新冠病毒传播也有不同的发现,如Anirudh [16]等人通过描述不同的数学传染病模型,对新冠肺炎的预测、上升、扩散和减少进行了简要的研究;Chakraborty [17]等人建立了基于小波的ARIMA-WBF模型,用于预测全世界各个新冠肺炎感染国家。

就疫情现阶段出现无症状感染者这一现象,在肖井华教授团队[18]的研究中,建立了离散化的 SALIR 常微分方程模型,分析了无症状感染者的感染率对疫情控制的影响。基于该文中的研究,以及其他国内外学者的研究成果,我们对模型进行分析,建立连续性的 SALIR 常微分方程模型,以此分析在无症状感染者存在的情况下,患病人数的连续变化情况。在实际情况下,病毒的传播概率对疫情爆发起着决定性作用,因此我们研究其对总感染人数的影响,这有助于分析采取各项政策对病毒传播进行控制的有效性。

2. SALIR 常微分方程模型的建立

随着新冠病毒的扩散与蔓延,病毒也在不断更新换代,久而久之,出现无症状的感染者。由此,基于对新冠病毒传播的实况了解,本研究建立 SALIR 常微分方程模型,流程如下图 1 所示。

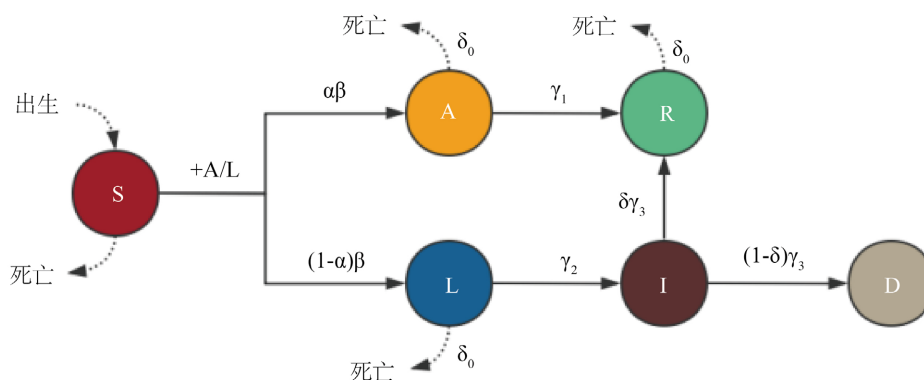


Figure 1. Flow chart of SALIR model

图 1. SALIR 模型流程图

图 1 中, S 、 A 、 L 、 I 和 R 分别表示为易感者、无症状感染者、未被隔离的有症感染者、被隔离的感染者和治愈者; α 表示易感者成为无症状感染者的概率; β 表示疾病的传播概率; γ_1 表示无症状感染者恢复的概率; γ_2 表示未被隔离的有症感染者被隔离的概率; γ_3 表示个体从住院与个人康复或死亡之间的平均间隔时间的倒数; δ 表示染病死亡率; b 表示自然出生率; δ_0 表示自然死亡率。

如图 1 所示,在现实中的大部分个体都属于易感人群 S ,存在自然出生与自然老去死亡的可能。在一定区域内,当易感人群与无症状感染者 A 接触时,有 $\alpha\beta$ 的可能性转换为无症状感染者;或是与未被隔离的患者 L 相接触时,有 $(1-\alpha)\beta$ 的概率转换为未被隔离的患者。无症状感染者会经过缜密的诊疗判断,被发现,并会以 γ_1 的概率治愈恢复。未被隔离的患者会以 γ_2 的概率被发现转化为被隔离的患者 I 。被隔离的患者在进行治愈的过程中将有 γ_3 的概率康复转化为治愈者 R 。当然也会存在治愈不及时的情况,被隔离的患者会有 $\delta\gamma_3$ 的概率死亡,转化为 D 。

除了考虑传染病传播原则之外,为了防止新冠病毒的进一步扩散,国家包括各级政府都会采取措施进行人为隔离。因此,本文还考虑到政府控制措施的力度。在新冠病毒的传染过程中,实施一些控制措施,如封城、居家隔离等,此时病毒的传染概率将降至 $m(t)\beta$,其中 $m(t)$ 为控制措施的强度。强度越强, $m(t)$ 的值越小。具体控制措施的强度如下:

$$m(t) = \begin{cases} 1, & t \leq t_0, \\ e^{-\lambda(t-t_0)}, & t_0 < t < T, \\ m_0, & t \geq T, \end{cases} \quad (1)$$

综上所述,本文建立如下的连续的常微分方程如下:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = m(t)\beta \frac{A(t)+L(t)}{N(t)} S(t) + N(t)b - S(t)\delta_0 \\ \frac{dA(t)}{dt} = \alpha m(t)\beta \frac{A(t)+L(t)}{N(t)} S(t) - \gamma_1 A(t) - A(t)\delta_0 \\ \frac{dL(t)}{dt} = (1-\alpha)m(t)\beta \frac{A(t)+L(t)}{N(t)} S(t) - \gamma_2 L(t) - L(t)\delta_0 \\ \frac{dI(t)}{dt} = \gamma_2 L(t) - \gamma_3 I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma_1 A(t) + (1-\delta)\gamma_3 I(t) - R(t)\delta_0 \end{cases} \quad (2)$$

其中, $N(t)$ 表示 t 时刻相互接触的个体总数, 因此 $N(t) = A(t) + S(t) + R(t) + L(t)$, 则 $[A(t) + L(t)]/N(t)$ 表示易感个体在 t 时刻与处于 A 或 L 状态的个体接触的概率。

3. 数值模拟与讨论

当 $\alpha = 0.05$, $\gamma_1 = 0.1$, $\gamma_2 = 0.9$, $\gamma_3 = 0.7$, $\delta = 0.03$, $\beta = 0.3$ 时, 我们基于中国疫情发展程度与研究的方便性考虑, 就湖北武汉和浙江省的疫情发展进行研究。从 2020 年 1 月 20 日起进行研究新冠病毒控制研究, 其中武汉在 2020 年 1 月 23 日起正式封城, 浙江于 2 月 5 日正式封城。根据我们所建立的连续性方程, 由于人口基数较大, 自然出生率与自然死亡率在数据拟合中可以忽略不计。

从图 2 和图 3 中可以看出, 我们预测武汉的累计确诊人数死亡人数从一开始的极速增加逐步走向平稳, 每日新增的感染人数呈现先增后减的趋势。而在实际的病毒传染过程中, 前期由于对新冠病毒尚未完全理解, 导致病毒传染迅速, 感染人数与死亡人数剧增, 后期由于当地政府及时有效地采取了控制措施, 每日新增的感染人数武汉的死亡人数也得到控制。

从图 4 和图 5 可以看出, 我们预测浙江的累计死亡人数较少, 且趋于一个稳态, 但感染病率与控制强度的影响, 每日新增的感染人数仍呈现先增后减的趋势。而在实际的病毒传染过程中, 浙江的新冠病毒传播较晚, 且浙江政府响应国家防控要求尽早地进行了一系列的防控措施, 使得浙江的新冠病毒传播控制在一个较低的稳态。

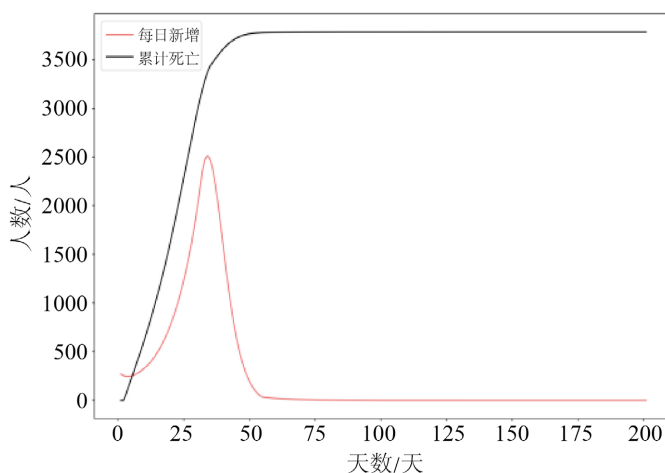


Figure 2. Forecast changes of daily new and cumulative deaths in Zhejiang province

图 2. 浙江每日新增和累计死亡预测变化情况

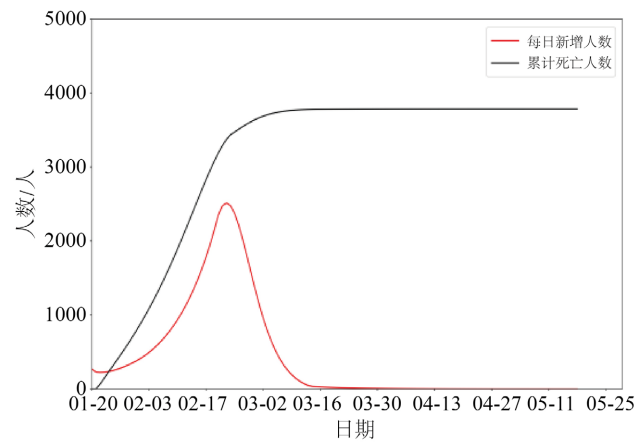


Figure 3. Actual changes in daily new and cumulative deaths in Zhejiang province

图 3. 浙江每日新增和累计死亡实际变化情况

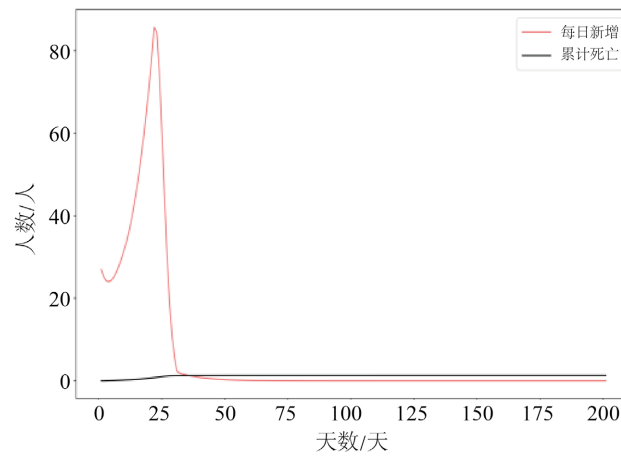


Figure 4. Forecast changes of daily new and cumulative deaths in Wuhan

图 4. 武汉每日新增和累计死亡预测变化情况

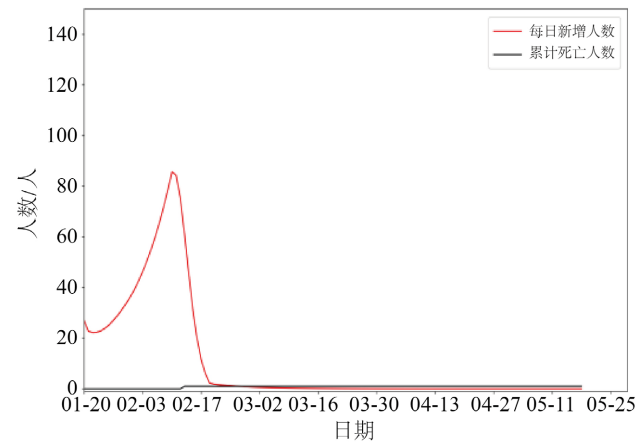


Figure 5. Actual changes in daily new and cumulative deaths in Wuhan

图 5. 武汉每日新增和累计死亡实际变化情况

从图6和图7可以对比看出,受到传染病机理与控制强度的共同作用下,两地的累计确诊人数不会无止尽地增长,到达一定时间后会趋于稳定,实现零增长。从理论数据线与实际数据线对比发现,本文的模型所进行的拟合得到的数据与真实数据相吻合,特别是在平衡处,真实数据的图像与拟合数据的图像基本重合。由此,我们可以说明我们建立的SALIR常微分模型具有合理性,能较好地反映新冠病毒的传播规律。

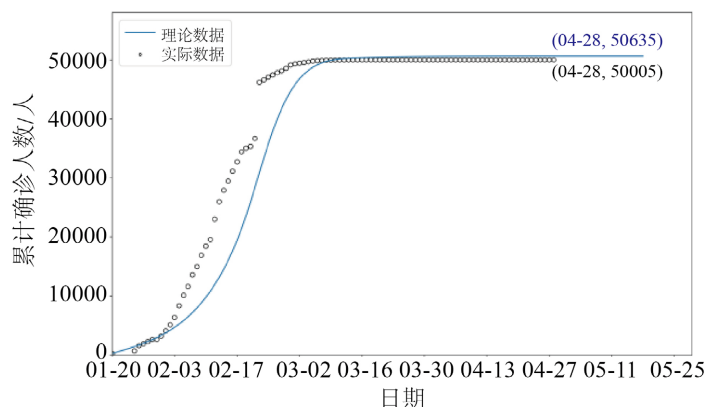


Figure 6. Theoretical cumulative number of confirmed cases and actual number of cases in Zhejiang

图 6. 浙江理论的累计确诊人数与实际人数情况

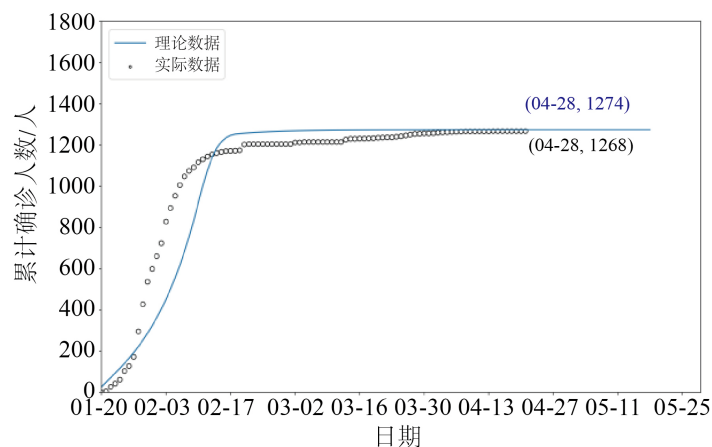


Figure 7. The theoretical and actual number of confirmed cases in Wuhan

图 7. 武汉理论的累计确诊人数与实际人数情况

根据新冠肺炎疫情最新数据查询及服务权威平台和武汉市健康卫生委员会官网的数据,将浙江与武汉两个的真实稳定数据与拟合的平衡点数据进行对比,如表1所示,可以看出浙江省与武汉市的拟合与真实偏差比都较小,真实数据与拟合数据基本吻合,这进一步说明本文建立的SALIR常微分方程模型从图形与数值都能充分体现新冠病毒的传播规律。

Table 1. Real and calculated data comparison table

表 1. 两地真实与计算数据对比表

	浙江真实	浙江计算	偏差比	武汉真实	武汉计算	偏差比
平衡点	1268	1274	0.4732%	50,005	50,635	1.260%

4. 参数 β 对总感染人数的影响

疫情的传染性由其传播概率来进行刻画,传播概率的大小对疫情的扩散起着很大的作用,疾病的传播概率越小,越有利于疫情的消除与控制。在模型中, β 越小,新冠疫情的传染力越小,因此了解 β 对系统稳定性的影响,有助于疫情的区域制定有效的干预策略。本文对 β 的变化进行分析,取地区人口总数 1200 万,固定其他参数的值,防止对稳定性分析造成影响,其中取 $\alpha = 0.05$, $\gamma_1 = 0.1$, $\gamma_2 = 0.9$, $\gamma_3 = 0.7$, $\delta = 0.03$, 这与数据拟合中的参数取值相同。 β 从 0.2 开始,步长设置为 0.005,得到如下变化图。

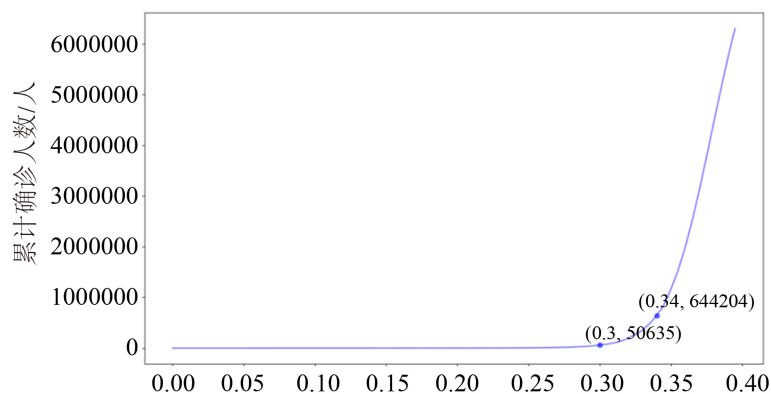


Figure 8. Curve: Beta and the number of confirmed cases

图 8. β 与确诊人数关系图

由图 8 可知,随着 β 的量逐步增加,累计确诊人数也在逐步增加,这验证了 β 的实际涵义为疾病的传播概率。在数值拟合中,本文取 $\beta = 0.3$,从上图中可以发现,当 $\beta = 0.3$ 时,累计确诊人数处于一个较低的稳定状态,说明此时可以采取常规的控制措施,新冠病毒也是可以控制在一定范围内的。但是,当 $\beta = 0.34$ 时,后面图像的增长速率和前面相比发生突增,累计确诊人数出现转折。当 $\beta > 0.34$ 时,累计确诊人数以一种不可控的趋势疯涨,说明此时必须采取非常强而有力的控制措施才能抑制新冠病毒的传播,避免造成巨大灾难。因此,要正确地选择行病毒的调控措施,当染病概率不断增大时,政府也要加强新冠病毒控制强度,防止新冠病毒传播达到不可挽回的余地。

5. 结论

本文建立基于常微分方程的 SALIR 模型,结合武汉与浙江两地的新冠肺炎疫情真实数据,确定模型中的各项参数。通过对模型进行分析和数值模拟,发现病毒感染人数(累计确诊人数)的理论值与真实值基本吻合,表明 SALIR 模型基本能反映病毒传播的规律。同时,我们对病毒的传染率参数 β 进行分析,发现当 $\beta < 0.3$ 时,累计确诊人数处于一个较低的稳定状态。而当 $\beta > 0.34$ 时,累计确诊人数以一种不可控的趋势疯涨,结果表明当病毒的传播能力较强时,必须采取非常严格的防控措施,才能有效地抑制病毒的迅速蔓延。因此, SALIR 常微分模型对研究新冠肺炎病毒的传播具有较好的理论意义,同时对于新冠病毒的控制有一定的参考价值。

基金项目

浙江省教育厅科技项目(Y201840260, Y201840026); 绍兴文理学院校级科研计划项目 2018LG1008。

参考文献

- [1] 杨雨琦, 孙琦, 王悦欣, 严雪凌, 乐涛. 重庆市新型冠状病毒肺炎(NCP)疫情分析与趋势预测[J]. 重庆师范大学学报(自然科学版), 2020, 37(1): 135-140.
- [2] 杨伟宏, 秦阳, 吴兵兵. 环境感知的新肺炎传播态势的建模与分析[J]. 计算机应用研究, 2021, 38(7): 2077-2080. <https://doi.org/10.19734/j.issn.1001-3695.2020.08.0220>
- [3] 桑茂盛, 丁一, 包铭磊, 方攸同, 卢冰冰. 基于新冠病毒特征及防控措施的传播动力学模型[J]. 系统工程理论与实践, 2021, 41(1): 124-133.
- [4] 郭尊光, 李明涛, 常利利, 张娟, 梁娟, 邢国荣, 张伟, 孙桂全. 基于反应扩散方程研究新型冠状病毒肺炎在武汉早期传播特征[J]. 工程数学学报, 2020, 37(4): 391-402.
- [5] 闫慧林, 王晓静, 白玉珍. 一类具有隔离和治疗措施的新型肺炎(COVID-19)传染病模型研究[J]. 北京建筑大学学报, 2021, 37(1): 74-79.
- [6] 王国柱, 池晓航, 周强. 基于改进 SEIR 模型的疫情预测与分析[J]. 河南工学院学报, 2020, 28(5): 29-33.
- [7] 谭键滨, 蒋宇康, 田婷, 王学钦. P-SIHR 概率图模型: 一个可估计未隔离感染者数的适用于 COVID-19 的传染病模型[J]. 应用数学学报, 2020, 43(2): 365-382.
- [8] 李瑞松, 刘洪久. 基于传染病模型应用于中美两国应对 COVID-19 的对比研究[J]. 疾病预防控制通报, 2021, 36(2): 1-5+21.
- [9] 刘雅妹, 吴琪俊, 陆一涵, 赵玉虹. 新型冠状病毒肺炎(COVID-19)传染病预测模型分析[J]. 公共卫生与预防医学, 2020, 31(3): 10-13.
- [10] 崔景安, 吕金隆, 郭松柏, 陈田木. 新发传染病动力学模型——应用于 2019 新冠肺炎传播分析[J]. 应用数学学报, 2020, 43(2): 147-155.
- [11] 韦原原, 江南, 陈云海, 李响, 杨振凯. 顾及时空对象空间相互作用的疫情风险评估建模与应用[J]. 地球信息科学学报, 2021, 23(2): 274-283.
- [12] Al-Raei, M. (2021) The COVID-19 Basic Reproductive Ratio Using SEIR Model for the Middle East Countries and Some Other Countries for Two Stages of the Disease. *Bulletin of the National Research Centre*, **45**, 112. <https://doi.org/10.1186/s42269-021-00572-4>
- [13] Samui, P., Mondal, J. and Khajanchi, S. (2020) A Mathematical Model for COVID-19 Transmission Dynamics with a Case Study of India. *Chaos, Solitons & Fractals*, **140**, Article ID: 110173. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110173>
- [14] Khan, A., Zarin, R., Hussain, G., Ahmad, N.A., Mohd, M.H. and Yusuf, A. (2021) Stability Analysis and Optimal Control of Covid-19 with Convex Incidence Rate in Khyber Pakhtunkhawa (Pakistan). *Results in Physics*, **20**, Article ID: 103703. <https://doi.org/10.1016/j.rinp.2020.103703>
- [15] Ivorra, B., Ferrández, M.R., Vela-Pérez, M. and Ramos, A.M. (2020) Mathematical Modeling of the Spread of the Coronavirus Disease 2019 (COVID-19) Taking into Account the Undetected Infections. The Case of China. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, **88**, Article ID: 105303. <https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2020.105303>
- [16] Anirudh, A. (2020) Mathematical Modeling and the Transmission Dynamics in Predicting the Covid-19—What Next in Combating the Pandemic. *Infectious Disease Modelling*, **5**, 366-374. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.06.002>
- [17] Chakraborty, T. and Ghosh, I. (2020) Real-Time Forecasts and Risk Assessment of Novel Coronavirus (COVID-19) Cases: A Data-Driven Analysis. *Chaos, Solitons & Fractals*, **135**, Article ID: 109850. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109850>
- [18] Wang, X.C., Wang, S.F., Lan, Y.H., Tao, X.F. and Xiao, J.H. (2020) The Impact of Asymptomatic Individuals on the Strength of Public Health Interventions to Prevent the Second Outbreak of COVID-19. *Nonlinear Dynamics*, **101**, 2003-2012. <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05736-x>