浅谈流行病动力学模型*

贾祥宇 吴禹*

(浙江大学 航空航天学院应用力学研究所,杭州 3100278)

摘要 流行病动力学研究可为新型冠状病毒肺炎疫情的控制决策提供科学依据,本文简介了经典 SIR 模型 及基本再生数.

关键词 流行病动力学, SIR 模型, 基本再生数, 新型冠状病毒

DOI: 10.6052/1672-6553-2020-014

引言

2019年12月中旬,湖北省武汉市出现多例不 明原因肺炎病例,2020年1月明确为新型冠状病 毒(SARS-CoV-2)感染导致的急性呼吸系统传染 病,2月11日世界卫生组织将其正式命名为2019 冠状病毒病(COVID-19).

随着疫情的不断蔓延,国家相继出台一系列防 控措施,大批医护人员和科研工作者第一时间奋战 在抗击疫情的第一线,不断取得突破性进展.

1 流行病动力学模型

可以感染众多人口的传染病称为流行病.人类 发展的历史是一部与流行病抗争的历史^[1].对流行 病的认知在与其一次次的交锋中得以深化,而基于 传染病传播机制的流行病动力学也应运而生,建立 动力学模型模拟流行病的传播过程,预测其发展趋 势,寻求对其防控的最优策略,已成为流行病学重要 的理论研究方法.伴随大数据时代的到来,流行病动 力学正发挥日益重要的作用,为疾病防控的精准施 策和公共卫生战略的制定提供了科学依据.

对流行病的模型研究最早可追溯到 1766 年, 为了研究天花的传播过程,出现了第一本论述流行 病动力学模型的书籍^[2],1911 年 R.Ross 提出针对 疟疾传播的动力学模型^[3].发展至今已有多种模型 方法,如 SIR 模型^[4]、复杂网络模型^[5-7]、元胞自动 机模型^[8]等.

1926年 Kermack 和 McKendrick 提出经典的

SIR 模型,根据疾病传播方式(病原体、传播途径) 以及人群的一些特性(易感性,传染性,免疫力等) 可大致将模型分为 SI 模型,SIR 模型,SIRS 模型、 SEIR 模型以及 SEIRS 模型(部分模型示意图和动 力学方程如图 1)^[9].其中,S、I、E、R 分别代表易感 者(Susceptible)、感染者(Infective)、暴露者(Exposed)和因康复或死亡的移出者(Removal). β 为传 染率系数, γ 为因康复或死亡的移出率, δ 为移出者 再次成为易感者的转化率, τ 为暴露者转为感染者 的转化率,N 为人口总数(假定不变).

SIR 模型与 SIRS 模型的区别在于感染者恢复健康后能否获得免疫力,通常 SIR 模型适用于由病毒和部分细菌引起的传染病,如麻疹、流行性腮腺炎等,绝大多数康复者具有终生免疫力,而 SIRS 模型则较适用于由细菌、真菌或寄生虫等引起的传染病,康复者通常并不产生持久免疫力,仍可能被二次感染.

SIR(SIRS)模型与 SEIR(SEIRS)模型的区别 在于是否存在较长的潜伏期,并假设暴露者在潜伏 期虽携带病原体,但尚不具传染性.而此次新型冠 状病毒肺炎,流行病学调查显示潜伏期1-14天,多 为3-7天,无症状感染者也可能成为传染源,但传 播力较弱,因此基本符合 SEIR 模型的假设,如果潜 伏期的传染性不可忽略,则需对模型做相应修正.

这里以 SIR 模型为例,有如下首次积分:

$$I + S - \frac{N\gamma}{\beta} lnS = constant$$
(1)

$$lnS + \frac{\beta}{N\gamma}R = constant$$
(2)

²⁰²⁰⁻⁰²⁻¹⁰ 收到第1稿, 2020-02-16 收到修改稿.

^{*}浙江省自然科学基金资助项目(LR20A020001),国家自然科学基金资助项目(11932017,11402227,11432012)

[†] 通讯作者 E-mail:ywu@zju.edu.cn



图 1 SIR 模型示意图与动力学方程 Fig.1 Schematic view of the SIR models and ODEs

据此可得到相轨线的规律,还可数值求解原初 值问题得到流行病的演化过程.但经典的 SIR 模型 基于人群均匀混合(well-mixed)假设,并未考虑人 口流动及隔离等防控措施.

2 基本再生数(basic reproduction number)

基本再生数 *R*₀ 是表征传染病的传染性的重要 指标,即在初始无疫病、无干预的自然传播状态下, 引入一个感染者,在其染病期内(从感染至康复或 死亡)在易感人群中产生新感染者的平均人数,可 据此判断传染病流行初期发展趋势.对于 SIR 模 型,无新感染的情况下,感染人数随时间呈指数衰 减,半衰期为 *ln*2/γ,感染者移出(康复或死亡)的 概率服从到达率参数为γ的指数分布,染病期的期 望值为 1/γ,故根据基本再生数的定义

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \frac{S}{N} \tag{3}$$

基本再生数与种群动力学的人均增长率(per capita growth rate)有如下关系:

$$\frac{\mathrm{d}I/\mathrm{d}t}{I} = \gamma(R_0 - 1) \tag{4}$$

当感染者的人均增长率
$$\frac{dI/dt}{I}$$
 为正, 即 $R_0 > 1$

时,传染病将会流行.随着易感者 *S* 的减少, $\frac{dI/dt}{I}$ 可能由正变负或零,流行病逐渐消亡($I \rightarrow 0$)或转为地方流行病($I \rightarrow$ 非零稳态).由于基本再生数仅刻画初始无疫病时传染力,此时 *S/N* = 1,故 SIR 模型的基本再生数常记为:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \tag{5}$$

可基于确诊、治愈和死亡病例数据对 R_0 进行 估算,由(4)式可得:

$$R_0 = 1 + \frac{\mathrm{d}I/\mathrm{d}t}{\gamma I} \tag{6}$$

式中移出率 γ 也是泊松计数过程的平均到达率, γI 即单位时间从感染者群体中移出的平均人数. R_0 越 大,代表传染性越强,流行病越难控制.历史上几次 典型的传染病的传播途径与基本再生数如表 1^[10]:

表1 典型传染病传播途径与基本再生数

 Table 1
 The routes of transmission and basic reproduction number of typical infectious diseases

疾病名称	传播途径	基本再生数(范围)
麻疹	飞沫传播	12-18
HIV(艾滋病)	性传播	2-5
SARS	飞沫传播	2-5
埃博拉	体液传播	1-3
季节性流感	飞沫传播	1-2
MERS(中东呼吸综合症)	飞沫传播	1 左右
2019-nCoV	飞沫、接触、粪口	1.4-2.5 (WHO 估计)

1月23日世界卫生组织估计新冠病毒肺炎的 基本再生数在1.4-2.5之间^[11],1月30日发表在 《新英格兰医学杂志》的一项研究也估算出新冠病 毒的 *R*₀值约为2.2^[12],此外还有多个流行病学专家 的估值^[13-15]和建议^[16-18].

3 防控与建议

以上分析可知,只要能采取措施,使感染者的人 均增长率 $\frac{dI/dt}{I}$ 小于零,或基本再生数 R_0 小于 1,则可 阻断流行.从(3)式可知,减小 R_0 主要有三条途径:

1)降低传染率系数 β.措施包括隔离确诊、疑

似病例及其密切接触者,深居简出,做好个人防护, 切断传播途径.

2) 增大康复移出率 γ.措施是全力救治患者.

3)减少易感者数量 S.措施是尽快研发疫苗并 广泛接种.

相信全国上下团结一心,必将打赢这场 COV-ID-19 疫情阻击战!



- 1 Siettos C I, Russo L. Mathematical modeling of infectious disease dynamics. *Virulence*, 2013,4(4):295~306
- 2 Bernoulli D. Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole. Mém. Math Phys Acad Roy Sci Paris, 1766,1:1~45
- 3 Ross R. The prevention of malaria. London: John Murray, 1911,6:51~86
- 4 Kermack W O, Mckendrick A G. Contribution to the mathematical theory of epidemics. Proceedings of the Royal Society of London Series a-Containing Papers of a Mathematical and Physical Character, 1927, 115 (772): 700 ~ 721
- 5 Shi H J, Duan Z S, Chen G R. An SIS model with infective medium on complex networks. *Physica a-Statistical Mechanics and Its Applications*, 2008, 387(8-9):2133~ 2144
- 6 Wang H Z, Liu Z R, Xu H H. Epidemic spreading on uncorrelated heterogenous networks with non-uniform transmission. *Physica a-Statistical Mechanics and Its Applications*, 2007, 382(2):715~721
- 7 秋根虎,许勇,徐伟,等.一类复杂流行病学模型的混沌研究.物理学报,2011,60(2):84~89(Di G H, Xu Y, Xu W, et al. Chaos for a class of complex epidemiological models. *Acta Physica Sinica*, 2011,60(2):84~89(in Chinese))
- 8 宋玉蓉,蒋国平,徐加刚. 一种基于元胞自动机的自适应网络病毒传播模型.物理学报,2011,60(12):110~ 119(Song Y R, Jiang G P, Xu J G. An epidemic spreading model in adaptive networks based on cellular automa-

ta. Acta Physica Sinica, 2011,60(12):110~119(in Chinese))

- 9 贾祥宇,吴禹. 动力学与生命科学的交叉研究进展综述.动力学与控制学报,2017,15(3):279~288(Jia X Y, Wu Y. An overview on the interdisciplinary studies of dynamics and life sciences. *Journal of Dynamics and Control*, 2017,15(3):279~288(in Chinese))
- 10 维基百科, https://en.wikipedia.org/wiki/basic_reproduction_number
- 11 https://www.who.int/news-room/detail/23-01-2020-statement-on-the-meeting-of-the-international-health-regulations-(2005)-emergency-committee-regarding-the-outbreak-of-novel-coronavirus-(2019-ncov)
- 12 Li Q, Med M, Guan X, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. *The New England Journal of Medicine*, 2020. DOI: 10.1056/NEJMoa2001316
- Jonathan M R, Bridgen J R E, Cummings D A T, et al. Novel coronavirus 2019-nCoV: early estimation of epidemiological parameters and epidemic predictions. *Medrxiv*, 2020. DOI: https://doi.org/10.1101/2020.01.23. 20018549
- 14 Zhao S, Lin Q, Ran J, et al. Preliminary estimation of the basic reproduction number of novel coronavirus (2019nCoV) in China, from 2019 to 2020: A data-driven analysis in the early phase of the outbreak. *bioRxiv*, 2020. DOI: https://doi.org/10.1101/2020.01.23.916395
- 15 Riou J, Althaus C L. Pattern of early human-to-human transmission of Wuhan 2019-nCoV. *bioRxiv*, 2020. DOI: https://doi.org/10.1101/2020.01.23.917351
- 16 Thompson R N. 2019-20 Wuhan coronavirus outbreak: Intensesurveillance is vital for preventing sustained transmission in new locations. *bioRxiv*, 2020. DOI: https://doi. org/10.1101/2020.01.24.919159
- 17 Tang B, Wang X, Li Q, et al. Estimation of the transmission risk of 2019-nCov and its implication for public health interventions. SSRN, 2020. DOI: 10.2139/ssrn.3525558
- 18 Chan J F, Yuan S F, Kok K H, et al. A familial cluster of pneumoni aassociated with the 2019 novel coronavirus indicating person-to-person transmission: a study of a family cluster. *The Lancet*, 2020. DOI: S0140-S6736(20) 30154-9.

A BRIEF INTRODUCTION TO EPIDEMIC DYNAMICS MODELING*

Jia Xiangyu Wu Yu[†]

(School of Aeronautics and Astronautics, Zhejiang University, Hangzhou 310027, China)

Abstract The study of epidemic dynamics can provide a scientific rationale for policy decisions of prevention and control of the novel coronavirus disease (COVID-19). Here we briefly introduce the classic SIR model and the basic reproduction number.

Key words epidemic dynamics, SIR model, basic reproduction number, novel coronavirus

Received 10 February 2020, Revised 16 February 2020.

^{*} The project supported by the Zhejiang Provincial Natural Science Foundation of China for Distinguished Young Scholars (LR20A020001), and the National Natural Science Foundation of China (11932017, 11402227, 11432012)

[†] Corresponding author E-mail:ywu@zju.edu.cn