

# 资源约束下基于改进传统 SEIR 模型的传染病传播网络建模研究

徐梦婷, 刘勤明, 何基伟

(上海理工大学 管理学院, 上海 200093)

**摘要:** 为了进一步厘清传染性疾病的传播脉络, 针对传染病突发性、意外性、群体性等特征, 提出了一种基于元胞自动机, 考虑人口数量变动且应急救援物资数量影响动态接触率的 SEIRD 疫情传播网络模型, 以克服传统动力学传播模型 SIR 和 SEIR 的不足。首先, 通过数据分析, 构建应急物资数量及人口密度相关的接触率函数, 建立动态 SEIRD 传染病传播模型。其次, 基于最小二乘估计最优化算法及迭代的四阶龙格-库塔法对模型中的未知参数进行估计。再次, 利用 LSODA 算法进行隐式数值积分运算来求解常微分方程组的数值解, 通过求解出的参数值建立元胞演化规则并将传染病的传播趋势以基于元胞自动机的方式进行展示。最后, 采用 2020 年 2 月 1 日—4 月 1 日中国湖北省新型冠状病毒肺炎感染数据, 对传染性传播网络进行数据预测及模型验证。通过设置模型相关参数, 展示传染病传播过程并将其传播趋势可视化, 并对模型参数进行灵敏度分析。预测结果显示, 动态 SEIRD 模型预测结果有效。

**关键词:** 传播网络; 应急物资; 元胞自动机; 计算机模拟; 传播动力学

中图分类号: TP 391.9 文献标志码: A

## Modeling research of the propagation network of infectious diseases based on improved traditional SEIR model under resource constraints

XU Mengting, LIU Qinming, HE Jiwei

(Business School, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China)

**Abstract:** In order to further clarify the transmission context of infectious diseases, a SEIRD epidemic transmission network model based on cellular automata, considering the changes in population size and

收稿日期: 2023-09-14

基金项目: 国家自然科学基金资助项目 (71840003); 上海市自然科学基金资助项目 (19ZR1435600); 教育部人文社会科学研究规划基金资助项目 (20YJAZH068); 上海理工大学科技发展项目 (2020KJFZ038)。

第一作者: 徐梦婷 (2000-), 女, 硕士研究生。研究方向: 传染病传播、应急资源调度。E-mail: 18156155752@163.com

通信作者: 刘勤明 (1984-), 男, 特聘教授。研究方向: 资源调度、故障诊断与设备维护、人工智能等。E-mail: lqm0531@163.com

引文格式: 徐梦婷, 刘勤明, 何基伟. 资源约束下基于改进传统 SEIR 模型的传染病传播网络建模研究[J]. 上海理工大学学报, 2024, 46(6): 708-718.

Citation: XU Mengting, LIU Qinming, HE Jiwei. Modeling research of the propagation network of infectious diseases based on improved traditional SEIR model under resource constraints[J]. Journal of University of Shanghai for Science and Technology, 2024, 46(6): 708-718.

the impact of emergency relief supplies on dynamic contact rate, was proposed to overcome the shortcomings of traditional dynamic transmission models SIR And SEIR in view of the sudden, unexpected and group characteristics of infectious diseases. Firstly, through data analysis, the contact rate function related to the quantity of emergency supplies and population density was constructed, and the dynamic SEIRD infectious disease transmission model was established. Secondly, the unknown parameters in the model were estimated based on the least square estimation optimization algorithm and the iterative fourth-order Runge-Kutta method. Thirdly, LSODA algorithm was used to carry out implicit numerical integration operation to solve the numerical solution of the ordinary differential equations, and cell evolution rules were established through the solved parameter values, and the transmission trend of infectious diseases was displayed in a way based on cellular automata. Finally, the data of COVID-19 in Hubei Province, China from February 1 to April 1, 2020 were used to predict the transmission network of infectious diseases and verify the model. By setting the relevant parameters of the model, the transmission process of infectious diseases was displayed and its transmission trend was visualized, and the sensitivity of the model parameters was analyzed. The prediction results show that the dynamic SEIRD model is effective.

**Keywords:** *propagation network; emergency materials; cellular automata; computer simulation; transmission dynamics*

传染性疾病持续威胁着人类健康, 对非自然死亡率造成显著影响。特别是在当今全球化背景下, 人口的持续流动、交通运输方式的发展及运载能力的增加, 扩大了传染病的传播范围。因此, 深入研究传染病的发病机制、传播路径及其特征具有至关重要的意义, 有助于制定和改进有效的干预措施, 更好地理解传染病的传播趋势, 预测未来发展, 并为应对疫情提前制定策略。

近年来, 许多学者在传染病传播动力学方面展开大量的研究工作。Wang<sup>[1]</sup>在传染病动力学模型 SIR 中采用阈值策略, 提出线性分段式治疗函数, 考虑到治疗能力具有阈值。当感染者人数低于阈值水平时, 治疗率与感染人数正相关; 当感染者人数超出阈值, 治疗率为恒定值  $k$ 。郭淑利等<sup>[2]</sup>构造了一类 SEIS 模型, 探究线性分段式治疗函数对传染病传播过程的影响。结果证明, 在特定情形下(例如医疗资源有限), 该动力学系统存在双稳性, 表明在初始人口规模不同的情况下, 传染病流行会趋于不同的结果。雷锦志等<sup>[3]</sup>参考传统的 SEIR 模型, 建立了由  $N$  个个体之间相互接触组成的 IBM 复杂网络来描述传染病传播的各状态转换过程。倪莉红等<sup>[4]</sup>模拟了无疫苗干预、自愿或常规接种疫苗等 5 种情境下, 不同的免疫策略对水痘发病的远期影响。王晓静等<sup>[5]</sup>构建了传染病

动力学模型, 并结合印度传染病数据模拟出不同隔离力度可以有效阻止传染病传播。

为了使传染病模型更贴近实际, 贺明峰等<sup>[6]</sup>根据 SARS 病毒的传播特性, 基于元胞自动机模拟病毒在人群中的传播。讨论了当初始人群规模一定时, 传染病在人群中传开所需要的初始感染者人数。钟南山院士团队的 Yang 等<sup>[7]</sup>利用 SEIR 模型结合人工智能方法预测传染病传播高峰和趋势。张丽娟等<sup>[8]</sup>构建以 GIS 为基础的疫情传播系统, 模拟感染者随机接触易感者时传染病的传播情况, 分析了感染率和疫苗接种比例变化对疫情传播的影响。汪婧等<sup>[9]</sup>将感染人群细分为轻度感染者、重症感染者、危重症感染者及无症状感染者 4 类, 考虑 4 种不同人群各自的传播率, 分析不同症状的感染者传播率对总体传染病传播趋势的影响。李昊等<sup>[10]</sup>将传染病模型分为决定论模型和网络式动力学模型, 并将决定论模型进一步细分为机理学模型, 来分析传染病传播过程机理, 进行传染病仿真及预测。丁莹等<sup>[11]</sup>基于 Agent 智能体复杂网络和地理信息系统 GIS 分析武汉市传染病传播规律, 模拟复工后核酸检测措施下传染病的空间分布特征及传播状况。

为了讨论不同因素对传染病传播的影响, 侯祥等<sup>[12]</sup>分析了针对 5 个城市不同气象因素和蚊虫

密度对登革热流行的影响,探讨降雨量及气温变化对蚊媒种群及其对广东省登革热传播的影响。王燕等<sup>[13]</sup>在传统传染病动力学模型中加入改进的无标度网络,讨论易感个体比例及个体重视度对传染病传播的影响。陈钰书等<sup>[14]</sup>在流行病传播模型中引入了非马尔可夫过程,考虑历史状态和其他因素研究旅途中的传染病传播及恢复过程。薛山等<sup>[15]</sup>构建了以城市通勤为主的人口流动空间因素,将不同人口流动方式与SEIR模型结合,应用于长沙市HFMD传播研究。王俊岭等<sup>[16]</sup>在动态演化的SEIRS模型中,考虑网络节点数量因素,借助赫尔维茨定理分析传染病传播平衡点,计算不同时间节点的有效再生数。李冯等<sup>[17]</sup>在传统SEIR模型基础上,引入无症状感染状态,提出SCUIR模型,刻画传染病的传播过程。何青松等<sup>[18]</sup>使用APCA近邻传播聚类的方法模拟城市内传染病扩散,改进了城市空间的模拟精度。

在国际上,传染病传播动力学的研究也取得了显著进展。Bjørnstad等<sup>[19]</sup>介绍了SEIRS模型,作为SIR模型的扩展,预测潜伏者人群(E)和传染者人群(I)最终将稳定在地方性平衡状态,并讨论了延长免疫持续时间对传染病流行轨迹的影响。Annas等<sup>[20]</sup>基于登革热、结核病、糖尿病、HIV-AIDS和COVID-19等疾病的数学建模,证明SEIR模型在理解和预测传染病传播方面的相关性,并通过稳定性分析和数值模拟,研究了COVID-19在印度尼西亚的传播。Li等<sup>[21]</sup>探讨了具有垂直传播的SEIR模型,分析了垂直传播对基本繁殖数量的贡献。Biswas等<sup>[22]</sup>考虑了构建控制措施限制情况下的SEIR模型,分析模型解的存在性和无病平衡的稳定性,为研究传染病传播提供框架。Lekone等<sup>[23]</sup>开发了一个随机SEIR模型,用于估计刚果共和国埃博拉疫情每日发病率和死亡率,并采用随时间变化的传输速率函数捕捉干预效果。

上述传染病传播研究通常基于许多假设,例如讨论有限范围内传染病传播的趋势或假定初始人群总数固定。这些舱室模型使用离散时间步骤,可能无法准确捕捉传染病的动态变化,并且假设接触率固定,难以反映不同时间段的变化。传统SEIR模型缺乏一些现实因素的细节,如人口流动、空间差异和干预措施的影响,且通常假设传播参数固定,难以反映疾病传播过程中的动态变化,同时仅考虑4个主要人口类别,缺乏多样

性。由于人类社会的非线性和复杂性,这些假设会模糊真实传播过程。实际情况可能包括人口自然增长率和应急物资供应对传染病发展的影响。因此,模型的适用性和准确性可能受到限制。

基于上述存在的问题,本文对传统SEIR模型的不足进行优化。考虑人口出生率和死亡率,并将应急物资供应纳入模型,构建与人口密度相关的接触率函数,提出了动态SEIRD模型,以更生动地模拟传染病传播过程。引入动态接触率可以更好地反映不同干预措施的影响,如应急资源的运送,对传染病期间资源分配的合理规划起到促进作用。结合最小二乘估计和四阶龙格-库塔算法估计模型中的未知参数,提高模型精度。采用LSODA算法进行隐式数值积分运算,得到传染病传播特征的数值结果。基于求解出的参数值,建立元胞演化规则,通过元胞自动机直观展示传染病传播路径、速度和影响范围。相比传统SEIR模型,本文模型提供更高的时空分辨率和预测准确度,可以模拟复杂情境,更准确地预测传染病的传播趋势,为制定防控策略提供科学依据。

## 1 动态SEIRD传染性疾病预防仿真模型构建

SEIR作为一种经典的传染病动力学模型,将传染病流行范围内的人分为4类,通过不同的感染率、康复率等实现4类人群的互相转化。考虑到传染病的类型及严重程度不同,且存在一定致死率的情况,本文对SEIR模型进行了状态改进,增加了死亡人群这一群体,使其调整为SEIRD模型。更新后的SEIRD模型将传染病流行区域内的人群分为5类:易感人群、潜伏期人群、感染人群、免疫康复人群和受感染后死亡人群,可以描述存在爆发期、传播高峰期和衰退期的传染病类型。这种分类考虑到康复和死亡的情况,能够更准确地描述传染病的影响和结果。本模型包含潜伏期,该特征对于一些传染病非常重要,因为潜伏期的人员也有可能传播疾病,需要进行有效的预测和控制。且模型将康复者视为具有免疫力的个体,不容易再次感染,对于研究和评估群体中产生免疫力的过程及免疫对传播过程的影响非常重要。模型中各类人群按照一定的概率进行转化,可以更准确地分析传播过程中的变化趋势。

考虑到人口自然出生率和自然死亡率,结合一定地区内传染病应急物资数量影响接触人数进而计算出接触率变动的动态模型,可以更加动态地计算出准确的模型参数,提高模型的可信度。

### 1.1 问题描述

传统的SEIR模型将人群分为4种类别,分别为潜在可能会感染传染病的易感者人群S、已经被感染尚未表现出症状的潜伏者人群E、已经被感染且表现出感染症状的感染者人群I和感染者痊愈后获得抗体的恢复者人群R。

动态SEIRD模型将人群分为以下5类:

S(Susceptible),易感者,指缺乏免疫能力的健康人,与感染者接触后易受到感染,表示潜在的可感染人群;

E(Exposed),潜伏者,指接触过感染者,处于潜伏期未发病或产生症状的人;

I(Infectious),感染者,指确诊感染的病人,可以传播给S,将其变为E或I;

R(Recovered),康复者,指病愈后具有免疫力的人,康复者体内携带抗体,暂时不会二次感染病毒再成为感染者;

D(Dead),死亡者,指感染病毒后死亡的人。

$N_S, N_E, N_I, N_R$ 和 $N_D$ 表示在特定时间各个状态中的人数。假设总人数 $N$ 可变,考虑疾病流行期间,人口出生率和自然死亡率分别为 $\nu$ 和 $\alpha$ ,假设在单位时间内有 $\Lambda$ 新成员补充到易感染者中。

$$\Lambda = \nu N - (N_S + N_E + N_R) \alpha \quad (1)$$

该模型是动态的,因为当下每个状态中的人数会随时间而产生波动变化。假设人群中人与人之间的接触是随机的,每个感染者与易感者每日接触次数为 $c$ ,假设 $c$ 的值与该地区人口密度及应急支援物资(如药物、疫苗等医疗物资)相关,其由函数式 $F(t)$ 计算得出。物资越充足,参与应急支援的人员数量越多,感染者接触的易感人群数量越少。因此,该函数是一个跟应急支援物资数量成反比的函数, $c$ 通过此函数计算得出。

假设接触到感染人群(I)的易感者(S)在每次接触中会以概率 $\beta$ 变为潜伏者。参数 $k$ 表示潜伏者以概率 $k$ 转化为感染者, $1/k$ 反映了疾病的潜伏期, $k \geq 0$ 。

每一类的个体,其自然死亡率为 $\alpha > 0$ ,染病后的病死率为 $d \geq 0$ 。

假设 $\mu$ 为感染者向治愈者转化的日治愈率,表

示每天被治愈的患者数占病人总数的比率,则 $1/\mu$ 表示平均传染期,即从患病到治愈的天数。如果 $\mu = 0.2$ ,表示日治愈率为20%,而 $1/\mu = 5$ ,表示从患病到治愈的平均染病期为5d。

$R_0$ 表示在疾病发展初期,感染者在染病期内能感染的人数,这在传染模型中被称作基本再生数。例如,基于COVID-19广东省的文献调查,累计确诊病例31774例,累计密切接触者345498人,平均每次接触成功传染的概率为 $31774/345498 = 0.09$ ,假设每天接触的次数是一个常数为10次,从症状出现到诊断隔离的天数是3~7d,基于式(2)可以求出基本再生数的范围在2.7~6.3之间。而采取控制措施后,比如封城、提高公共卫生积极响应、搜集物资以及召集医务人员支援等,人群之间的接触次数 $c$ 可以大幅度降低。此时,主要的接触次数是来自于家庭内部的接触,这时的基本再生数称之为有效再生数 $R_t$ ,表示的是某感染者在单位时间 $t$ 内造成的感染人数,计算过程如式(3)所示。当假设家庭接触的次数每天是4次,平均传染期(从症状出现到诊断隔离的时间)降为2~3d,计算 $R_t$ 的范围在0.72~0.84。故通过降低接触次数和缩短平均染病期都能更好地降低有效再生数,达到控制疾病的目的。

$$R_0 = c\beta \frac{1}{\mu} \quad (2)$$

$$R_t = \frac{\beta N_{S,t}}{\gamma} \quad (3)$$

当 $R_0 > 1$ 时,传染病会暴发再逐渐消亡;当 $R_0 < 1$ 时,传染病不会流行并逐渐消失。因此, $R_0 = 1$ 为传染病是否会扩散传播的阈值。若要阻止传染病流行,则需要减少 $R_0$ 使它小于1。可通过隔离措施以减少易感者 $N_{S0}$ ,或者通过及时治疗缩短传染期 $1/\gamma$ , $\gamma$ 指感染了某种病原体的人。在感染之后到病原体排除之前,能够将该病原体传染给其他人的时间段,包括潜伏期和发病期两个阶段。或者通过对环境消毒杀菌等方式来降低传染率 $\beta$ 来降低 $R_0$ 的值,从而达到控制传染病流行的目的。

### 1.2 动态SEIRD模型构建

动态SEIRD模型的动力学过程如图1所示。

根据以上假设,列出的SEIRD模型的非线性常微分公式如下:

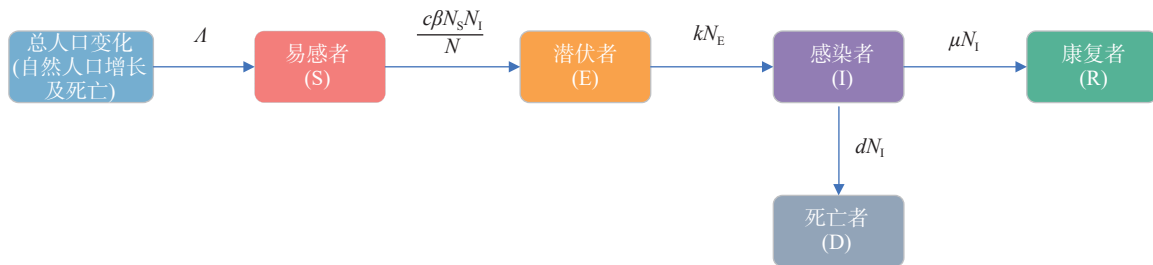


图1 动态 SEIRD 模型的传播动力学过程

Fig.1 The propagation dynamics process of dynamic SEIRD model

$$\begin{cases} \frac{dN_S}{dt} = \nu N - \frac{c\beta N_S N_I}{N} - \alpha N_S \\ \frac{dN_E}{dt} = \frac{c\beta N_S N_I}{N} - (\alpha + k)N_E \\ \frac{dN_I}{dt} = kN_E - (d + \mu)N_I \\ \frac{dN_R}{dt} = \mu N_I - \alpha N_R \\ \frac{dN_D}{dt} = dN_I \\ N = N_S + N_E + N_I + N_R + N_D \end{cases} \quad (4)$$

对式(4)作出如下假设：人群中的某一个体与其他个体在感染疾病时得病的概率是相等的，且个体在单位时间内接触的人数也是相等的；模型当中由潜伏者人群向感染者转变的过程必然发生。其余状态的转变亦同理。

根据式(4)，推出随着  $t$  的变化各个参数的迭代公式为

$$N_{S,n+1} = N_{S,n} + \nu N - \frac{c\beta N_S N_I}{N} - \alpha N_S \quad (5)$$

$$N_{E,n+1} = N_{E,n} + \frac{c\beta N_S N_I}{N} - (\alpha + k)N_E \quad (6)$$

$$N_{I,n+1} = N_{I,n} + kN_E - (d + \alpha + \mu)N_I \quad (7)$$

$$N_{R,n+1} = N_{R,n} + \mu N_I - \alpha N_R \quad (8)$$

$$N_{D,n+1} = N_{D,n} + dN_I \quad (9)$$

传统的传染病传播模型中的接触率通常是一个常数值，适用于人群分布比较均匀的情况。但在真实情况下，人群分布和接触行为会随时间和空间发生变化。“资源约束”表示在考虑传染病传播时，存在资源(如医疗设备、隔离设施等)有限的情况。这些资源的限制会对传染病的传播和控制产生影响。为了衡量地区内有限资源对疾病传播的影响，根据收集到的资源供需数据，代入模型计算人群接触率。资源约束主要体现为资源数量对模型中人群接触率的影响。因此，本文采用动态接触率来建模可以更好地反映人群间不同

的接触情况。

在传染病传播模型中，接触率会随着物资数量和人口密度的变化而动态变化，人口密度高的地方，接触率也相应较高。而当物资数量短缺时发生人群聚集接触的可能性较大，因此，构建动态的接触率为

$$F(t) = \bar{x}_i \frac{P_i}{M_i(t)} \quad (10)$$

式中： $F(t)$ 表示在  $t$  时刻的接触人数； $\bar{x}_i$ 为约束因子，目的是使  $F(t)$  的值约束在合理范围内； $p_i$ 表示  $i$  地区的人口密度； $M_i(t)$ 表示在  $t$  时  $i$  地区内的物资数量。

为了进一步细分物资数量  $M_i(t)$ ，将  $i$  地区感染者所需的物资数定义为  $Y_i(t)$ ，居民日常生活保障物资数定义为  $L_i(t)$ ，则动态接触率可以进一步表示为

$$F(t) = \bar{x}_i \frac{P_i}{Y_i(t) + L_i(t)} \quad (11)$$

式中： $Y_i(t)$ 和  $L_i(t)$ 越大，接触率越小； $Y_i(t)$ 和  $L_i(t)$ 越小，接触率越大。因此，在某些紧急时刻，物资短缺、人口密度增加等情况会导致接触率的大幅上升，进而加剧了疾病的传播速度。式中的  $\bar{x}_i$ 会根据所选地区变化而变化， $\bar{x}_i$ 的取值只跟选取的研究地区有关。

## 2 基于元胞自动机的动态 SEIRD 模型演化

考虑到式(4)无法直观描述传染病传播的随机过程，且传统的元胞自动机只包含存活和死亡两种状态，难以进行传染病传播的有效模拟。因此，本文定义5种不同的元胞状态并根据式(4)中的模型参数制定适应本模型的元胞演化规则来模拟传染病在二维空间中的传播趋势，可以在模型中同时考虑传播过程的连续性和离散性，更全面地描述传染病的传播。

元胞系统内规定, 每个变量只取有限多个状态, 且其状态改变的规则在时间和空间上都是局部的。图 2 为元胞自动机要素构成图。

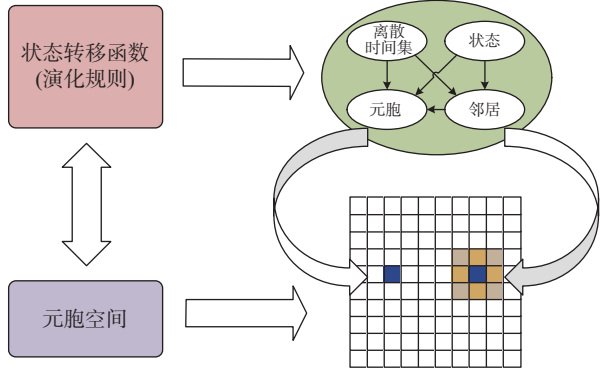


图 2 元胞自动机要素构成图

Fig.2 Element composition diagram of cellular automata

本文中, 元胞依据 SEIRD 这 5 种不同的状态, 按照相应的演化规则不断更新。根据状态转移函数, 元胞的下一时刻状态将由当前状态及其邻居状态决定, 而某时刻元胞下的状态仅取决于它所有邻居以及自身的当前状态。

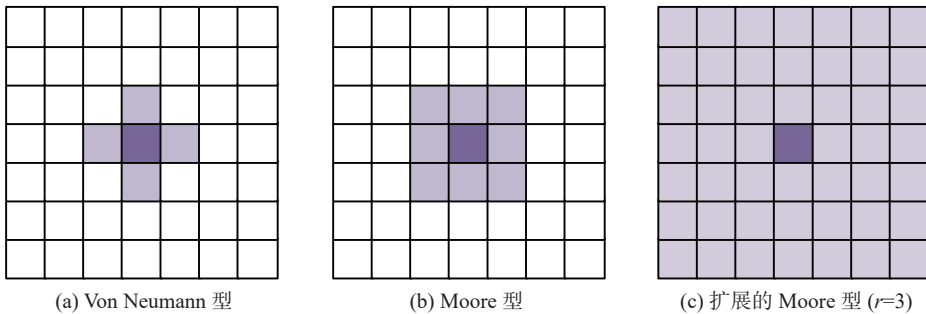


图 3 二维空间的元胞邻居类型

Fig.3 Cellular neighbor types in two-dimensional space

在本模型中, 元胞的状态集合表现为在离散时间内, 由 S, E, I, R, D 组成的非负有限集合, 记作  $G=\{0, 1, 2, 3, 4\}$ , 其中, 0, 1, 2, 3, 4 是元胞的状态。元胞当前时刻状态的变更是根据状态转移函数进行演化的, 由当前元胞状态和元胞邻居状态共同决定。状态转移函数表示为

$$G_{(i,j)}^{t+1} = f(G_{(i,j)}^t, G_L^t) \quad (15)$$

式中:  $G_{(i,j)}^t$  代表二维空间中坐标为  $(i, j)$  的元胞在  $t$  时刻的状态,  $i, j$  均为正整数;  $G_L^t$  表示  $t$  时刻当前元胞上下左右及对角线的邻居元胞状态集合 ( $L$  表示所有的元胞邻居);  $f$  为状态转移函数, 用来描述元胞在每个时刻如何根据当前状态和相邻状态来更新自己的状态;  $G_{(i,j)}^{t+1}$  表示当前元胞  $(i, j)$

在二维空间中, 元胞邻居主要有以下 3 种类型: Von Neumann 型 (邻居半径为 1)、Moore 型 (邻居半径为 1) 及扩展的 Moore 型 (邻居半径为大于 1 的整数)。这 3 种类型的定义分别如式 (12)~(14) 所示, 其中,  $(v_{x0}, v_{y0})$  为当前元胞的坐标,  $(v_{xi}, v_{yi})$  表示元胞邻居的坐标。

Von Neumann 型:

$$N = \left\{ v_i = (v_{xi}, v_{yi}) \mid |v_{xi} - v_{x0}| + |v_{yi} - v_{y0}| \leq 1, (v_{xi}, v_{yi}) \in Z^2 \right\} \quad (12)$$

Moore 型:

$$N = \left\{ v_i = (v_{xi}, v_{yi}) \mid |v_{xi} - v_{x0}| \leq 1, |v_{yi} - v_{y0}| \leq 1, (v_{xi}, v_{yi}) \in Z^2 \right\} \quad (13)$$

扩展 Moore 型:

$$N = \left\{ v_i = (v_{xi}, v_{yi}) \mid |v_{xi} - v_{x0}| + |v_{yi} - v_{y0}| \leq r, (v_{xi}, v_{yi}) \in Z^2 \right\} \quad (14)$$

其表现形式如图 3 所示。

在  $t+1$  时刻的新状态。元胞的演化是元胞自动机中最关键的一步, 不同的状态转移函数对元胞的演化将产生不同的结果。

### 3 参数估计流程

现有模型中, 模型参数的赋值通常是基于主观人为决策或经验性规定, 未能充分考虑传染病传播的实际情境。为了使模型能够有效模拟传染病的传播过程, 提高模型对传染病发展趋势的适应性, 本文将以数据为基础, 对模型参数进行估计。

对于本模型中未知参数的求解过程, 以及在参数估计后, 求解的参数应用于元胞自动机的使用规则如下: 首先, 选定研究地区, 通过查找统

计局的相关数据确定该地区某时段内的人口出生率、死亡率、人口密度及应急物资供应量。其次,为了评估该模型的剩余参数,采用最小二乘估计最优化算法,该算法通过最小化观测数据与模型预测值之间的残差平方和来估计模型参数。通过前后数据差分法求微分,并采用不同的参数设置进行数值模拟,以期能够最佳地拟合数据。在给出各类人群的初始取值范围及参数值后,用基于迭代的四阶龙格-库塔方法求解出微分方程模型的数值近似解。该方法是一种解决微分方程的数值积分算法,其核心思想是将微分方程的解分解为多个小步骤,通过划分时间步长,计算斜率、中间值以及加权平均,逐步逼近微分方程的数值近似解。此迭代过程能够在较大时间步长下提供较高的数值精度,降低计算总成本。

本文选择二维元胞空间来模拟传染病在空间上的传播。模型中的元胞集合代表总人数  $N$ 。元胞邻居设为 Moore 型元胞邻居,包含 8 个方向的偏移量,即上下左右和对角线方向。边界条件为周期性边界条件。同时,在循环遍历二维网格时,也是按照 Moore 型元胞邻居方式进行遍历。Moore 型元胞邻居包括了当前元胞周围的 8 个相邻元胞,而 Von Neumann 型只包括周围 4 个相邻元胞,选择 Moore 型元胞邻居的优势在于它能提供更丰富的局部信息,能够更加全面地考虑周围环境的影响。而与扩展型相比,选用 Moore 型元胞邻居更能模拟传染病在人群中通过接触传染的机制,具备较高的模拟精度。

设定表示元胞状态的变量  $G_{(i,j)}^t$ ,共包含 5 种元胞状态:0 为易感状态,1 为潜伏状态,2 为感染状态,3 为治愈状态,4 为死亡状态。

$$G_{(i,j)}^t = \{0, 1, 2, 3, 4\} \quad (16)$$

初始状态  $t=0$  时,元胞集合中所有元胞都为易感状态,即  $G_{(i,j)}^0=0$ 。在元胞空间中定义  $I_0$  个元胞作为二维空间内传染病的传染源,设为感染元胞,状态  $G_{(i,j)}^0=2$ 。从初始时刻开始,对空间中所有元胞依据离散时间间隔扫描一遍元胞状态,构建下述状态转移函数规则,按照演化规则更新元胞状态。

**Step 1** 当  $G_{(i,j)}^t=0$ ,元胞为易感者,根据邻接矩阵  $A$  计算元胞  $(i,j)$  的所有元胞邻居状态:

$$A = \begin{pmatrix} G_{(i-1,j-1)}^t & G_{(i-1,j)}^t & G_{(i-1,j+1)}^t \\ G_{(i,j-1)}^t & G_{(i,j)}^t & G_{(i,j+1)}^t \\ G_{(i+1,j-1)}^t & G_{(i+1,j)}^t & G_{(i+1,j+1)}^t \end{pmatrix} \quad (17)$$

根据上述矩阵计算,统计出邻居中元胞状态处于受感染的数目,即  $G_{(i,j)}^t$  值为 2 的个数,记作  $Q_{(i,j)}$ 。若元胞的邻域中存在多个处于感染状态的元胞邻居,则根据式(18)计算元胞  $(i,j)$  被感染的概率  $P_{(i,j)}$ 。

$$P_{(i,j)} = 1 - (1 - c\beta) Q_{(i,j)} \quad (18)$$

再在  $(0, 1)$  之间产生一个随机数,若该随机数小于  $P_{(i,j)}$ ,则表示元胞在下一时刻发生感染,当前元胞在下一时刻的状态将转变为潜伏者,元胞状态改为  $G_{(i,j)}^{t+1}=1$ ,进入下一步。否则,重新选择元胞。

**Step 2** 若元胞当前状态为潜伏者时,  $G_{(i,j)}^t=1$ ,根据潜伏期为  $1/k$ ,若元胞此刻处于潜伏状态的时间  $T_e < 1/k$ ,下一时刻元胞仍处于潜伏状态;若  $T_e \geq 1/k$ ,元胞状态将转换为受感染状态。

$$G_{(i,j)}^{t+1} = \begin{cases} 1, & T_e < \frac{1}{k} \\ 2, & T_e \geq \frac{1}{k} \end{cases} \quad (19)$$

**Step 3** 当  $G_{(i,j)}^t=2$  时,元胞为感染者状态。 $1/\mu$  为康复期,此时,若元胞受感染的时间  $T_i < 1/\mu$ ,元胞仍处在感染状态;若  $T_i \geq 1/\mu$ ,元胞已过康复期,此时存在两个分界,一部分元胞有概率  $d$  的可能性转为死亡状态,剩余元胞获得免疫转为治愈状态,不再参与成为传染病传播过程中的一环。

$$G_{(i,j)}^{t+1} = \begin{cases} 2, & T_i < \frac{1}{\mu} \\ 3, & T_i \geq \frac{1}{\mu}, \text{ 被治愈} \\ 4, & T_i \geq \frac{1}{\mu}, \text{ 死亡} \end{cases} \quad (20)$$

**Step 4** 当元胞当前状态为治愈时,  $G_{(i,j)}^t=3$ ,元胞从此刻开始不会再被感染,状态将一直保持下去,有  $G_{(i,j)}^{t+1}=3$ 。

**Step 5** 当元胞当前状态为死亡时,  $G_{(i,j)}^t=4$ ,元胞为死亡者,其状态将不再改变,有  $G_{(i,j)}^{t+1}=4$ 。

基于上述状态转移函数规则,选取时刻作为传染病传播的度量单位,统计不同时刻整个元胞集合中处于不同状态中的元胞数量,研究传染病传播发展规律。

## 4 算例分析

### 4.1 数据准备

本文拟采用新型冠状病毒肺炎(COVID-19)作

为研究对象, 依据该传染病的传播特点结合中国湖北省的新型冠状病毒肺炎感染者部分数据来验证模型。首先对模型进行参数估计, 进而进行有效数值模拟。模型中人口出生率和自然死亡率参照湖北省统计局的数据, 统计数据表明 2020 年人口出生率为 11.25%, 人口自然死亡率参考 2019 年湖北省统计局数据为 7.08%。根据数据显示, 2020 年中国湖北省人口密度为 2846 人/km<sup>2</sup>。根据物流新闻报道、《抗击新型冠状病毒中国行动白皮书》及货运大数据调查显示, 2020 年 1 月 23 日—2 月 2 日, 共有 5681 台次邮政、快递车辆出入湖北省多市, 助运医用应急物资 5843.62 t。在此期间, 全国通过公路、水运、铁路、民航、邮政快递等运输方式向湖北地区运送日常生活保障物资 92.88 t, 运送电、煤、燃油等生产物资 148.7 万 t。2020 年 1 月 27 日—4 月 18 日, 全国通过铁路、公路、水运、民航、邮政快递等运输方式累计向湖北地区运送防疫物资和生活物资 134.41 万 t, 运送电煤、燃油等生产物资 212.48 万 t。根据以上报道数据, 针对湖北省,  $\bar{x}_i$  取值为  $4.722 \times 10^3$ 。

### 4.2 参数估计

根据式 (11), 计算出湖北省的动态接触率  $F(t)$  为 10。

剩余参数的求解, 根据前面参数估计流程, 先根据 SEIRD 模型列出其矩阵形式, 再用最小二乘估计来解。关于参数估计流程, 已在前文详细阐述, 即

$$\begin{pmatrix} 0 & -N_1 N_S & 0 & 0 & -N_S \\ -N_E & N_1 N_S & 0 & 0 & -N_E \\ N_E & 0 & -N_I & -N_I & 0 \\ 0 & 0 & I & 0 & -N_I \\ 0 & 0 & 0 & N_I & 0 \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} k \\ c\beta \\ \mu \\ d \\ \alpha \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} dN_S \\ dN_E \\ dN_I \\ dN_R \\ dN_D \end{pmatrix} \quad (21)$$

为了对本文所建立的模型进行有效的参数估计, 采用 Matlab 编程语言, 结合最小二乘估计的最优化算法及四阶龙格-库塔法对模型中的剩余未知参数进行估计。易感者、潜伏者、感染者、康复者和死亡者分别用蓝、黄、红、绿、紫色表示。拟合结果如图 4 所示, 参数估计结果如表 1 所示。

将表 1 的参数估计代入 SEIRD 模型中, 设计

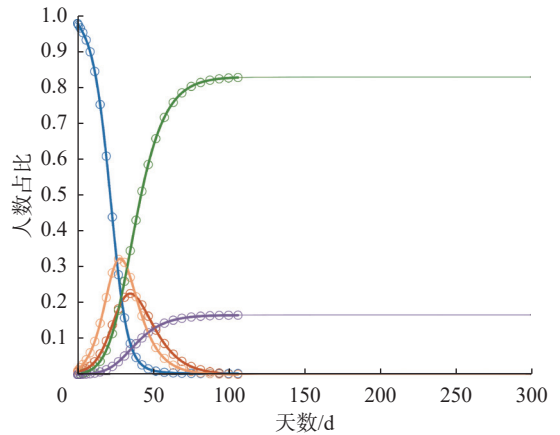


图 4 参数拟合数据结果图

Fig.4 Graph of parameter fitting data result

表 1 参数估计结果

Tab.1 Parameter estimation results

参数名称	范围	估计值
$\nu$	(0, 1)	0.01125
$\alpha$	(0, 1)	0.00708
$N$	$(2 \times 10^5, 5 \times 10^5)$	300315
$\bar{x}_i$	$(10^3, 10^4)$	$4.722 \times 10^3$
$Y_i(t)$	$(10^3, 10^4)$	5863.62
$L_i(t)$	$(10^2, 10^4)$	568.47
$p_i$	$(2, 10^4)$	2846
$c=F(t)$	(0, 20)	10
$\beta$	(0, 1)	0.009
$k$	(0, 1)	0.406
$\mu$	(0, 1)	0.06
$d$	(0, 1)	0.002

元胞的状态转移函数规则来对该种类型传染病进行模拟。同时, 在循环遍历二维网格时, 也是按照 Moore 型元胞邻居方式进行遍历。初始化一个大小为  $550 \times 550$  的二维元胞自动机, 表示包含 30 万个元胞。

### 4.3 结果分析

根据 4.2 中的参数估计结果, 利用 LSODA 算法进行隐式数值积分运算求解常微分方程组的数值解, 通过 Python 程序语言绘制出湖北省新型冠状病毒肺炎的传播趋势, 如图 5 所示。

通过建立的动态 SEIRD 模型, 将上文求解的参数代入元胞自动机的演变过程, 绘制中国湖北省新型冠状病毒肺炎传播的元胞自动机示意图, 如图 6 所示。



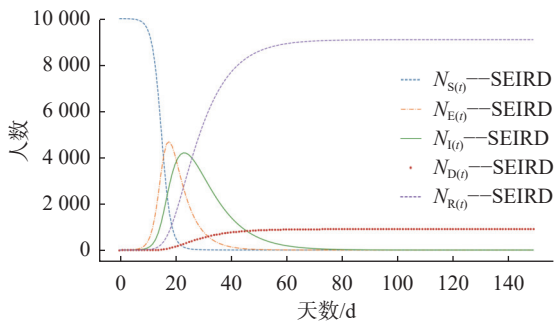


图5 湖北省新型冠状病毒肺炎传播趋势

Fig.5 COVID-19 trends of infection in Hubei Province

图6展示了基于元胞自动机的传染病在人群中传播过程的模拟分布,其中:健康的易感者人群表示为蓝色;潜伏状态的人群表示为黄色;受感染者表示为红色;康复者为绿色;死亡者为黑色。从图6(a)中可以观察到,当时刻为10时,环境中出现部分感染元胞,其余元胞均处于健康状态,随着元胞模拟的进行,该二维网格环境中逐渐出现潜伏者(黄色表示)和感染者(红色表示)。当传染病传播进行到 $t=50$ 时,已经出现少量聚集的感染者。从图6(c)和(d)中可以看到,系统中5种状态的元胞都已经显现,且随着元胞模拟的进行,绿色人群更加明显。

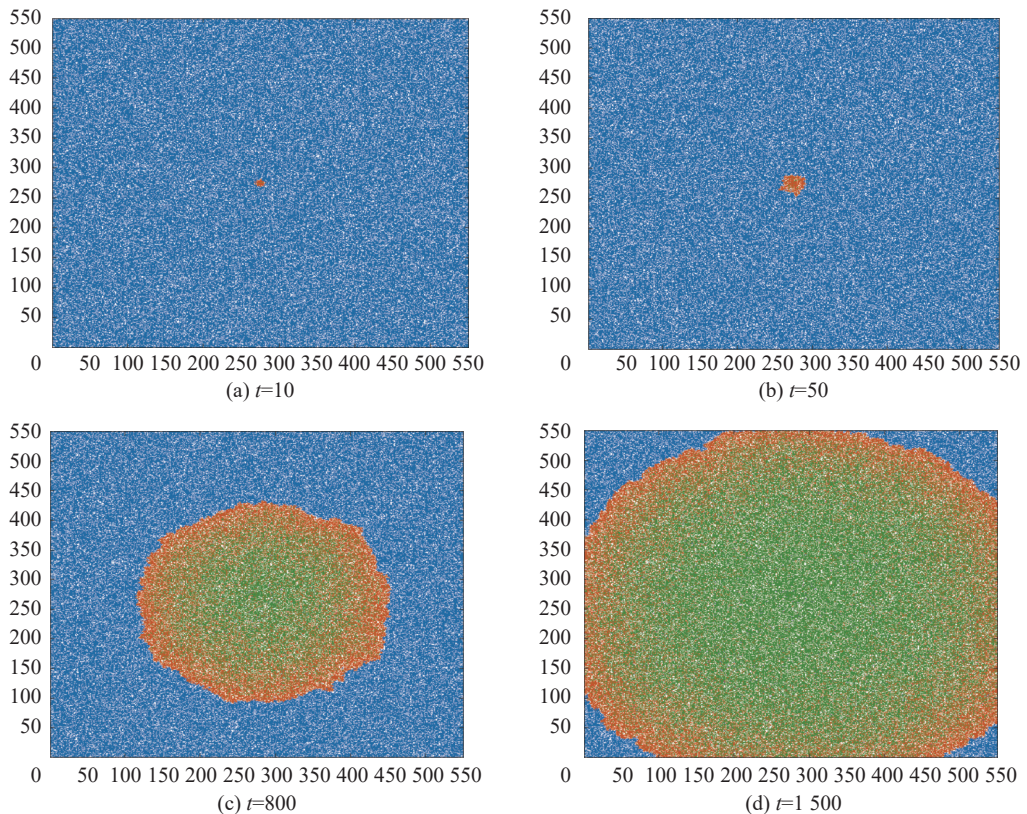


图6 不同时刻点下元胞自动机的模拟分布

Fig.6 Simulation distribution of cellular automata at different time points

通过元胞自动机模拟,可以得出最终SEIRD模型的结果,如图7所示。

经过以上模拟仿真实验,将真实数据统计与得出的改进后动态SEIRD模型实验结果进行对比,如图8所示。由图中数据可以看出,2020年湖北省新型冠状病毒肺炎COVID-19在人群中的传播规律,该传染病在2月15日左右达到高峰期,并在此后一个月内染病人数得到有效控制。改进后的模型较好地拟合了真实数据。

#### 4.4 结果比较

根据元胞自动机模型得到的模拟仿真数据最终结果,模拟累计确诊人数67928,模拟累计死亡人数3190。图9为疾病传播的时间演化图,用于揭示传染病传播过程中的动态变化,有助于观察模型准确性及其对实际传染病的适应能力。如图9所示,2020年2月1日—2月21日,新增确诊病例呈逐渐上升的趋势,直至达到高峰。随后,2月21日—4月1日,新增确诊病例逐渐下降,累积确诊病例数量仍然缓慢上升。

为进一步评估所用模型的性能和准确性,验证模型对实际传染病情况的适应能力,将实际情况数据与模型预测数据进行比对,通过探讨模型

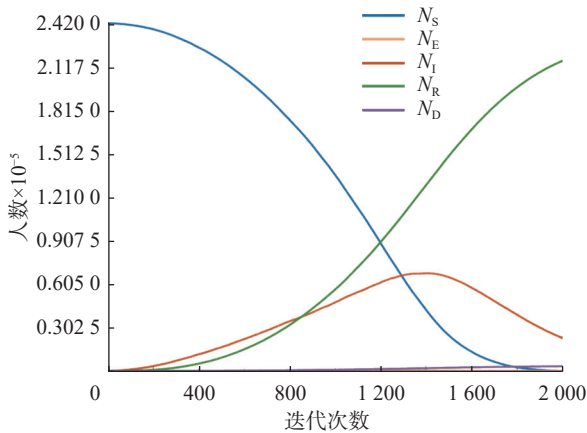


图 7 基于元胞自动机演化的 SEIRD 模型结果图

Fig.7 Graph of SEIRD model based on cellular automata evolution result

和预防策略的制定具有一定的指导意义。

### 4.5 动态 SEIRD 模型灵敏度分析

为了进一步说明在传染病爆发时期应急物资数量保障的重要性, 本文模拟了在保持其余参数不变时, 物资数量充足与否对接触率的影响, 进而造成传染病的发展趋势的变化, 如图 10 所示。

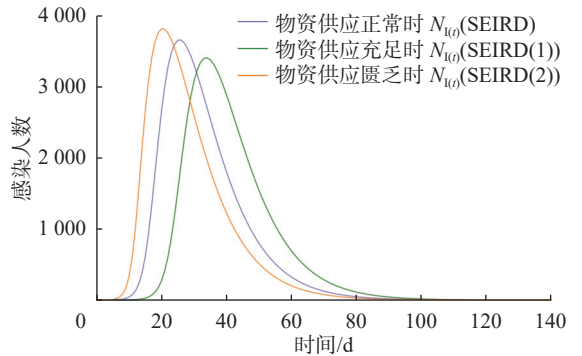


图 10 不同应急物资数量对传染病传播趋势的影响

Fig.10 Impact of different emergency supplies on the trend of infectious disease transmission

根据图 10 展示结果, 当物资供应数量十分充足时, 人群之间的接触率降低, 传染病的峰值点和受感染的人数相对较低。而当物资供应数量匮乏时, 人群接触率会相应增加, 可以看到彼时的传染病的峰值点有所上升, 且与物资充足时相比, 此刻感染峰值达到的时间会大大提前近 30。通过对比分析得出, 充足的应急物资数量对控制传染病传播的重要性和必要性。

## 5 结 论

本文根据传染病的传播特征, 研究人口数量变动及接触率受物资数量影响的动态 SEIRD 网络模型。结合相关数据, 建立参数估计流程, 对模型未知参数进行估计。利用 LSODA 算法进行隐式数值积分运算求出模型的数值解。为刻画传染病传播趋势, 基于元胞自动机, 将人群划分为 5 种状态, 根据状态转移函数建立元胞演化规则, 并将其应用到湖北省新型冠状病毒肺炎 COVID-19 的数据中用于确诊人数预测。通过比较, 本文所用模型相较于传统动力学 SEIR 模型, 均方根误差更小, 更接近于真实数据, 从而验证本文模型的效果较优。预测结果显示, 本文模型对 2020 年年初的湖北省新型冠状病毒肺炎 COVID-19 传染病结果的预测具有较高的可靠性。同时灵敏度分析验证了在传染病传播过程当中, 应急物资数量的保障

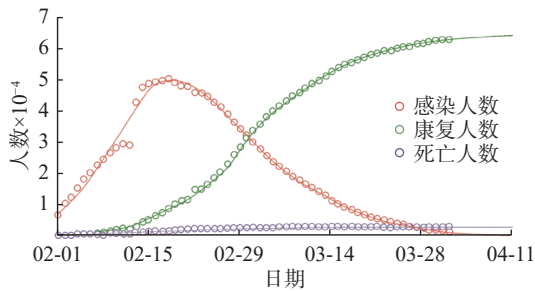


图 8 动态 SEIRD 模型拟合结果

Fig.8 Dynamic SEIRD model fitting results

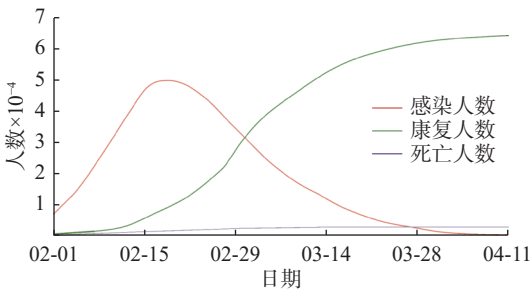


图 9 疾病传播时间演化图

Fig.9 Time evolution diagram of disease transmission

性能关键指标, 深入评估模型在描述传染病传播方面的效能。数据显示, 湖北省 2020 年 4 月 1 日累计确诊传染病人数为 67802 人, 累计死亡人数 3199 人。均方根误差 RMSE 为 0.2519, MSE 为 0.0635, SSE 为 3.8735。相比较传统的 SEIR 模型 RMSE 为 0.3924, MSE 为 0.1539, SSE 为 9.3879。

本文所用模型得出的数据与真实数据接近, 预测精度更高。结果显示, 加入了人口变化和动态接触率的模型, 可以对参数进行更好的估计和拟合, 有效提高了模拟结果的可靠性, 且改进了状态和演化规则的元胞自动机可以提高模拟传染病传播过程的精确性和逼真度, 对于传染病控制

对遏制传染病传播具有重要作用。本文的研究方法也同样适用于其他国家和地区,能够为传染病防控提供一定的参考价值。

为使模型预测效果更加准确,在后续的研究中,将进一步考虑到一些特殊情况,例如,感染者中可能存在超级感染者的情况,或不同地区之间可能存在区域间传播,可以考虑运用复杂网络对模型进行进一步完善,从而提高模型性能。

#### 参考文献:

- [1] WANG W D. Backward bifurcation of an epidemic model with treatment[J]. *Mathematical Biosciences*, 2006, 201(1/2): 58–71.
- [2] 郭淑利,沈明望,宋新宇.有限的医疗资源对传染病传播的影响[J].*应用数学学报*, 2020, 43(3): 593–608.
- [3] 雷锦志,徐闯,刘胜强,等.新型冠状病毒肺炎常态化防控措施下疫情发生及演变的模拟研究[J].*疾病监测*, 2021, 36(12): 1295–1301.
- [4] 倪莉红,吴德平,许建雄.使用传染病动力学模型预测不同水痘疫苗免疫策略的远期效果[J].*热带医学杂志*, 2018, 18(5): 689–692.
- [5] 王晓静,梁宇,郭松柏,等.一类具有隔离措施的 COVID-19 传染病模型的动力学分析[J].*安徽大学学报(自然科学版)*, 2022, 46(6): 12–20.
- [6] 贺明峰,邓成瑞.基于元胞自动机的 SARS 传播模型[J].*数学的实践与认识*, 2008, 38(3): 41–46.
- [7] YANG Z F, ZENG Z Q, WANG K, et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions[J]. *Journal of Thoracic Disease*, 2020, 12(3): 165–174.
- [8] 张丽娟,王福昌,李振刚.基于元胞自动机的病毒传播和系统仿真模型[J].*系统仿真学报*, 2021, 33(10): 2449–2459.
- [9] 汪婧,董莹.基于 SE<sub>I</sub>RD 模型的 COVID-19 传播及防控仿真研究[J].*系统仿真学报*, 2022, 34(7): 1532–1546.
- [10] 李昊,段德光,陶学强,等.传染病动力学模型及其在新型冠状病毒肺炎疫情仿真预测中的应用综述[J].*医疗卫生装备*, 2020, 41(3): 7–12.
- [11] 丁莹,张健钦,杨木,等.新冠疫情发生城市仿真模型及防控措施评价——以武汉市为例[J].*清华大学学报(自然科学版)*, 2021, 61(12): 1452–1461.
- [12] 侯祥,刘可可,刘小波,等.气候因素对广东省登革热流行影响的非线性效应[J].*中国媒介生物学及控制杂志*, 2019, 30(1): 25–30.
- [13] 王燕,罗彦君.无标度网络中考虑个体重视的传染病传播研究[J].*计算机工程与应用*, 2018, 54(12): 41–45.
- [14] 陈钰书,刘影,唐明.具有非马尔可夫旅途感染的流行病传播模型研究[J].*计算机应用研究*, 2023, 40(6): 1739–1744,1749.
- [15] 薛山,廖一兰,李春林,等.不同人口流动模式下城市传染病时空传播模型适用性研究[J].*地球信息科学学报*, 2023, 25(1): 208–222.
- [16] 王俊岭,罗智荣,郭翠芳,等.动态演化 SEIRS 网络病毒传播模型和控制[J].*计算机仿真*, 2022, 39(8): 383–388.
- [17] 李冯,宾晟,孙更新.基于时变参数的 SCUIR 传播模型的构建与研究[J].*复杂系统与复杂性科学*, 2022, 19(2): 80–86.
- [18] 何青松,谭荣辉,杨俊.基于近邻传播聚类元胞自动机模型的武汉城市扩散和聚合过程同步模拟[J].*地理学报*, 2021, 76(10): 2522–2535.
- [19] BJØRNSTAD O N, SHEA K, KRZYWINSKI M, et al. The SEIRS model for infectious disease dynamics[J]. *Nature Methods*, 2020, 17(6): 557–558.
- [20] ANNAS S, ISBAR PRATAMA M, RIFANDI M, et al. Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2020, 139: 110072.
- [21] LI M Y, SMITH H L, WANG L C. Global dynamics of an SEIR epidemic model with vertical transmission[J]. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 2001, 62(1): 58–69.
- [22] BISWAS M H A, PAIVA L T, DE PINHO M D R. A SEIR model for control of infectious diseases with constraints[J]. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 2014, 11(4): 761–784.
- [23] LEKONE P E, FINKENSTÄDT B F. Statistical inference in a stochastic epidemic SEIR model with control intervention: Ebola as a case study[J]. *Biometrics*, 2006, 62(4): 1170–1177.

(编辑:丁红艺)