

基于随机 SEIR 模型比较不同筛查频率的核酸筛查效果

陈倩, 邹峰, 连保胜

武汉科技大学理学院, 武汉 430065

摘要: 为了比较西安疫情期间两种核酸筛查频率的清零效果, 提出了改进的随机 SEIR 模型, 使用这种模型模拟疫情的变化过程, 然后分析比较一天一次核酸和三天一次核酸两者的清零效果; 该模型加入了核酸筛查效果, 建立了考虑核酸筛查的随机 SEIR 模型, 然后根据每日社区(不含隔离管控区域)新增患者人数使用线性回归对参数进行求解, 利用小批量随机梯度下降法和余弦调节器对参数的求解过程优化, 最后利用参数和模型模拟疫情的发展变化; 对比模型一天一次核酸筛查阳性数量和实际数量, 发现两者数量基本一致, 所以该随机 SEIR 模型能够较好地模拟疫情的变化; 使用该随机 SEIR 模型模拟一天一次核酸筛查和三天一次核酸筛查, 并且计算一天一次核酸筛查和三天一次核酸筛查的核酸检测成本以及患者(仅计算核酸筛查发现和发病人群)的治疗费用, 结果发现社区一天一次核酸筛查比三天一次核酸筛查拥有更好的清零效果, 而且一天一次核酸筛查的成本更低。

关键词: 西安疫情; 核酸排查; 随机 SEIR 模型; 优化算法

中图分类号: O213.9 **文献标识码:** A **doi:** 10.16055/j.issn.1672-058X.2023.0004.012

Comparison of Nucleic Acid Screening Effects Based on Random SEIR Model with Different Screening Frequencies

CHEN Qian, ZOU Feng, LIAN Baosheng

School of Science, Wuhan University of Science and Technology, Wuhan 430065, China

Abstract: In order to compare the effects of two nucleic acid screening frequencies of Xi'an epidemic on reducing the number of community nucleic acid positive patients to zero, an improved random SEIR model was proposed. This model was used to simulate the change process of the epidemic, and then the effects of once a day nucleic acid and once a three-day nucleic acid on reducing the number of community nucleic acid positive patients to zero were analyzed and compared. The effect of nucleic acid screening was added to the model, and a random SEIR model considering nucleic acid screening was established. Then, linear regression was used to solve the parameters according to the number of new patients in the community (excluding the isolation and control areas) every day. Small-batch random gradient descent method and cosine regulator were used to optimize the solving process of the parameters. Finally, parameters and models were used to simulate the development of the epidemic situation. Comparing the number of community nucleic acid positives found in the daily nucleic acid screening simulated by the model with the number of community nucleic acid positives actually found, it was found that two numbers were basically the same. Therefore, the random SEIR model can better simulate the changes of epidemic situations. The random SEIR model was used to simulate the epidemic changes of the two nucleic acid screening frequencies, and calculate the nucleic acid detection cost of once a day nucleic acid screening and once a three-day nucleic

收稿日期: 2022-05-13 **修回日期:** 2022-07-06 **文章编号:** 1672-058X(2023)04-0087-06

基金项目: 国家自然科学基金项目资助(51877161).

作者简介: 陈倩(1999—), 女, 河南信阳人, 硕士研究生, 从事随机方程及其应用研究.

通讯作者: 连保胜(1973—), 男, 湖北孝感人, 副教授, 博士, 从事随机方程及其应用研究. Email: lianbaosheng@wust.edu.cn.

引用格式: 陈倩, 邹峰, 连保胜. 基于随机 SEIR 模型比较不同筛查频率的核酸筛查效果[J]. 重庆工商大学学报(自然科学版), 2023, 40(4): 87—92.

CHEN Qian, ZOU Feng, LIAN Baosheng. Comparison of nucleic acid screening effects based on random SEIR model with different screening frequencies[J]. Journal of Chongqing Technology and Business University (Natural Science Edition), 2023, 40(4): 87—92.

acid screening, as well as the treatment cost of patients (only patients detected in the nucleic acid screening and infected population were calculated). The results show that once a day nucleic acid screening has a better effect of reducing the number of community nucleic acid positive patients to zero than once a three-day nucleic acid screening, and the cost of once a day nucleic acid screening is lower.

Keywords: Xi' an epidemic; nucleic acid screening; random SEIR model; optimization algorithm

1 引言

2021 年 12 月西安爆发了大规模的新冠疫情,此次疫情有 3 个传播链,其中长安大学传播链最为严重,有许多确诊患者。政府虽然及时对患者及其接触者进行隔离观察,最大程度地阻断了疫情传播,但是病毒早已渗入社区,在对全市的核酸筛查中发现了大批的核酸阳性患者。西安为了应对日益严重的疫情,将 2021 年 12 月 25—27 日的三日一次全市核酸筛查改为从 28 日开始在雁塔区等重点地区进行每日核酸筛查。假设重点地区的筛查结果科学合理,则以重点地区的筛查代表对全市的筛查,对西安地区进行一天一次核酸筛查和三天一次核酸筛查的社区阳性清零效果分析。

从武汉疫情开始就有许多学者对新型冠状病毒的传播进行研究。曹盛力等^[1]修改 SEIR 模型,在模型中考虑潜伏期的传染率和隔离率,然后基于武汉疫情的实际数据对参数拟合,通过欧拉数值法对 SEIR 模型求解,最后通过设置不同的参数取值(不同的隔离率等),分析各种参数取值对武汉疫情的影响;严阅等^[2]在传染病动力模型中引入时滞过程,用以考虑病毒的潜伏周期,通过最小二乘法来求取传染系数,模拟疫情发展;须成杰等^[3]通过过滤初始数据,优化初始感染人群和治愈系数,使得 SEIR 模型对实际的拟合效果更好;范如国等^[4]建立了带有潜伏期的 SEIR 模型,设定 3 种不同潜伏期病毒的情景,对其进行拐点预测,得到了和实际基本吻合的结果。

上述文献建立了考虑潜伏者传染性^[1]和病毒潜伏周期^[2]等因素的传染病模型,揭示疫情的传播过程,并使用最小二乘法^[3]等方法来对参数求解,提高模型预测精度。从结果来看,这些模型能够很好地预测疫情变化,并且模拟了各种不同条件^[1,4](设置不同的隔离率等)下的疫情发展,这表明 SEIR 模型对疫情的发展具备很好的预测效果。但是他们没有具体分析某一防疫措施的效果,所以本文就西安疫情的两种核酸筛查频率,利用改进的随机 SEIR 模型具体地比较不同核酸筛查频率的筛查效果。

2 模型假设

2.1 SEIR 模型

SEIR 模型是一种经典的传染病模型,模型将人群分为易感染者 S(人数为 N_S)、感染者 I(人数为 N_I)、接触者 E(人数为 N_E)和康复者 R(人数为 N_R)。在模型中感染者 I 对易感染人群 S 以一定比例接触,这部分人便转化为接触者 E,接触者 E 再以一定比例的发病率转变为 I 人群,而发病者 I 人群发病之后被治愈的部分即为 R 人群,模型假设康复者 R 被治愈之后,体内产生抗体,不会再被感染,关系图为图 1。



图 1 人群转化示意图 1

Fig. 1 Crowd conversion diagram 1

2.2 改进的随机 SEIR 模型

文章基于实际疫情传播情况和防控措施,将模型中的接触者变为已感染的潜伏者,并且考虑隔离和核酸排查因素,加入未被感染但是被隔离管控的人群 S_q (人数为 N_{S_q})、感染并且被隔离管控的人群 E_q (人数为 N_{E_q})、住院患者 H(人数为 N_H)和社区内总人数 N ,并且 $N = N_S + N_E + N_R$,模型中暂不考虑死亡人数,关系图为图 2。

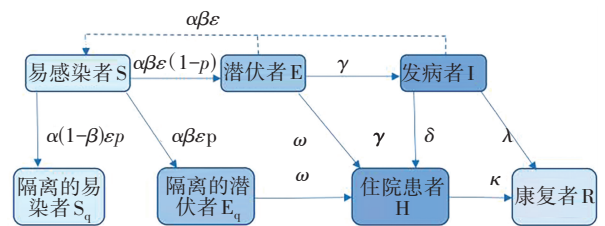


图 2 人群转化示意图 2

Fig. 2 Crowd conversion diagram 2

潜伏者 E 是存在于社区(不含隔离管控区域)中未被隔离的感染者,I 是已经发病的人,S 是易感染者,I 和 E 以 $\alpha\beta\epsilon$ 的速度对 S 人群进行感染, β 是病毒的传染概率, α 是接触率, ϵ 是有效接触系数。西安对社区人群进行核酸筛查,E 人群做一次核酸检测被发现是阳性的概率是 w ,所以 E 人群转成住院患者 H 的速度是 w , w 参考危重症医学专家王辰 2020 年接受采访时的观点,取

值 0.3。E 人群转为发病者 I 的发病率是 γ , 文献[1]认为在潜伏期为 7 d 的情况下, $\gamma = \frac{1}{7}$, 并且在完善的防疫措施之下, 认为 I 被转入医院治疗的概率 δ 是 1。

在发现新患者之后, 政府对患者周围的人群进行隔离管控, 设隔离率是 p , 那么 E_q 新增的速率是 $\alpha\beta\epsilon p$, 由 S 到 E 的速率是 $\alpha\beta\epsilon(1-p)$, S_q 的新增速率是 $\alpha(1-\beta)\epsilon p$ 。因为短期内西安并没有对隔离管控区解封, 暂不考虑解封人群对易感染人群 S 的数量影响, 所以 S 人群的减少速率是 $\alpha\beta\epsilon + \alpha(1-\beta)\epsilon p$ 。

发病者 I 以 δ 的概率被转入医院治疗, 潜伏者 E 和被隔离的潜伏者 E_q 以 w 的速度被发现, 所以住院患者 H 的增加人数是 $wE + wE_q + \delta I$ 。住院患者 H 被治愈的概率是 k , 发病者自愈的概率是 λ , 所以康复者 R 增加的人数是 $\lambda I + kH$ 。

根据以上可以建立如下微分方程组:

$$\begin{cases} \frac{dN_S}{dt} = -(\alpha\beta\epsilon + \epsilon(1-\beta)\alpha p)N_S(N_E + N_I)/N \\ \frac{dN_E}{dt} = \alpha\beta\epsilon(1-p)N_S(N_E + N_I)/N - wN_E - (1-w)\gamma N_E \\ \frac{dN_{S_q}}{dt} = \epsilon(1-\beta)\alpha p N_S(N_E + N_I)/N \\ \frac{dN_{E_q}}{dt} = \alpha\beta\epsilon p N_S(N_E + N_I)/N - wN_{E_q} \\ \frac{dN_H}{dt} = wN_E + wN_{E_q} + \delta N_I \\ \frac{dN_I}{dt} = (1-w)\gamma N_E - \delta N_I - \lambda N_I \\ \frac{dN_R}{dt} = \lambda N_I + kN_H \end{cases} \quad (1)$$

因为疫情中存在不确定性因素, 所以在微分方程中加入随机扰动项^[5], 先将式(1)变换成式(2):

$$\begin{cases} dN_S = -(\alpha\beta\epsilon + \epsilon(1-\beta)\alpha p)N_S(N_E + N_I)/N dt \\ dN_E = (\alpha\beta\epsilon(1-p)N_S(N_E + N_I)/N - wN_E - (1-w)\gamma N_E) dt \\ dN_{S_q} = (\alpha(1-\beta)\epsilon p N_S(N_E + N_I)/N) dt \\ dN_{E_q} = (\alpha\beta\epsilon p N_S(N_E + N_I)/N - wN_{E_q}) dt \\ dN_H = (wN_E + wN_{E_q} + \delta N_I) dt \\ dN_I = ((1-w)\gamma N_E - \delta N_I - \lambda N_I) dt \\ dN_R = (\lambda N_I + kN_H) dt \end{cases} \quad (2)$$

令 $\varphi = \alpha\beta\epsilon(1-P)$, 假设模型中 φ 受到干扰, σ 是布朗运动的强度, $B(t)$ 是标准的布朗运动, 则 $d\tilde{\varphi} = \varphi dt + \sigma dB(t)$, 所以得到:

$$\begin{aligned} dN_E &= (N_S(N_E + N_I)d\tilde{\varphi})/N - wN_E dt - (1-w)\gamma N_E dt \\ dN_E &= (N_S(N_E + N_I)\varphi dt + N_S(N_E + N_I)\sigma dB(t))/N - \\ &\quad wN_E dt - (1-w)\gamma N_E dt \end{aligned}$$

加入扰动项之后的随机微分方程为

$$\begin{cases} dN_S = (-(\alpha\beta\epsilon + \epsilon(1-\beta)\alpha p)N_S(N_E + N_I)/N) dt \\ dN_E = (\alpha\beta\epsilon(1-p)N_S(N_E + N_I)/N - wN_E - (1-w)\gamma N_E) dt + \sigma N_S(N_E + N_I) dB(t)/N \\ dN_{S_q} = (\alpha(1-\beta)\epsilon p N_S(N_E + N_I)/N) dt \\ dN_{E_q} = (\alpha\beta\epsilon p N_S(N_E + N_I)/N - wN_{E_q}) dt \\ dN_H = (wN_E + wN_{E_q} + \delta N_I) dt \\ dN_I = ((1-w)\gamma N_E - \delta N_I - \lambda N_I) dt \\ dN_R = (\lambda N_I + kN_H) dt \end{cases} \quad (3)$$

3 参数求解与赋值

3.1 简化参数求解公式

潜伏者 E 的新增速率是 $\alpha\beta\epsilon(1-P)$, 为了简化计算, 令 $\varphi = \alpha\beta\epsilon(1-P)$, 并且由于社区中 $N = N_S + N_E + N_R$, N_E 和 N_R 的数值相对 N_S 较小, 所以使 $N_S/N_N = 1$, 则 E 人群的每日变化率可以写为

$$\frac{dN_E}{dt} = \varphi(N_E + N_I) - wN_E - (1-w)\gamma N_E$$

潜伏者 E 的数量可以写为

$$N_{E_{i+1}} = N_{E_i} + \varphi(N_{E_i} + N_{I_i}) - wN_{E_i} - (1-w)\gamma N_{E_i}$$

为了便于计算, 认为在严格的防疫措施之下, 感染者 I 一旦发病就会被立马转变为住院患者 H, 不会再对易感染者 S 产生影响, 所以进一步改写为

$$N_{E_{i+1}} = N_{E_i} + \varphi N_{E_i} - wN_{E_i} - (1-w)\gamma N_{E_i}$$

则 φ 的求解公式为

$$\varphi = \frac{N_{E_{i+1}}}{N_{E_i}} - w + (1-w)\gamma - 1 \quad (4)$$

因为潜伏者 E 的数量无法直接得到, 所以使用社区实际核酸筛查的阳性患者数量 Y_i 代替, 潜伏者 E 被筛查出为阳性患者的概率是 w , 并且令 $N_{E_{i+1}} = N_{E_i}\xi$, 则

可以得到 $\xi = \frac{N_{E_{i+1}}}{N_{E_i}} = \frac{Y_{i+1}/w}{Y_i/w}$, 将 ξ 带入式(4), 得到 $\xi = \varphi -$

$w-(1-w)\gamma+1$,最后可以得到 φ 的解为

$$\varphi = \xi + w + (1-w)\gamma - 1 \quad (5)$$

3.2 线性回归求解参数和求解的优化算法

根据每日新增的社区感染人数 Y_i ,使用线性回归^[6]求参数 ξ ,然后用式(5)求解参数 φ 。首先设置初始权重 ξ 和偏重 b , ξ 从均值为 0,标准差是 0.01 的正态分布中随机采样, b 的初始值设为 0,然后建立损失函数,通过计算损失函数的梯度和梯度更新公式,让参数朝着使得损失函数减小的方向更新,并且使用优化算法对求解过程中的梯度算法和学习率优化,最后设置合适的超参数(学习率和参数更新次数)得出拟合最优的权重和偏重。

损失函数为 $L_{oss} = \frac{(Y_i - y_i)^2}{2}$,其中, Y_i 表示第 i 天实际社区新增阳性患者数量, y_i 表示使用权重 ξ 和偏重 b 计算的估计的第 i 天患者人数。

小批量随机梯度下降法挑选一组合适大小的数据计算梯度,使用这个梯度来更新参数,梯度计算公式为

$$g_j = \frac{\partial \sum_{i \in B_j} L_{oss}((x_i, \xi_j, b_j), Y_i)}{|B_j| \partial(\xi, b)_j}$$

x_i 表第 $i-1$ 天社区实际的新增阳性患者人数, g_j 是迭代第 j 次的梯度, B_j 是迭代第 j 次时抽取的数据集的大小。

梯度更新公式为 $(\xi, b)_{j+1} = (\xi, b)_j - \eta_j g_j$, η_j 是迭代第 j 次的学习率。

使用余弦调节器调节学习率,优化循环更新参数的速率,余弦调节器调整学习率公式为

$$\eta_j = \frac{\eta_T + \eta_0}{2} + \frac{\eta_0 - \eta_T}{2} \cos \frac{\pi j}{T}$$

余弦调节器以 T 作为周期,设置学习率初始值 η_0 和最终值 η_T , η_j 表示第 j 次参数更新时所用的学习率。

3.3 参数估计与赋值

表 1 是参数取值,参数 N_E 和 N_I 的数值是 12 月 28 日数量,文献[3]的方法,28 日 N_E 的初始值由 2021-12-29—2022-01-04 社区确诊人数加总,并根据每日实际检测出的阳性人数进行调整。参数 ξ 使用 3.2 节的计算方法,然后利用 2021-12-25—2022-01-06 的社区核酸筛查阳性数据拟合。参数 φ 使用计算式(4)得出。全文数据来源于西安发布官方公众号、西安本地宝(网址:<http://xa.bendibao.com/>)和西安统计局(网址:<http://tjj.xa.gov.cn/>)。

表 1 参数取值

Table 1 Values of parameters

参数	w	φ	ξ	N_E	δ	N_I	γ	σ
数值	0.3	0.12	0.72	300	1	1	$\frac{1}{7}$	0.06

4 两种筛查频率的效果对比

4.1 一天一次核酸筛查和实际筛查清零效果对比

图 3 是一天一次核酸筛查模型的阳性数量和实际数量的对比图,使用 Matlab 作图。使用随机 SEIR 模型(式(3))对疫情仿真,并根据随机 SEIR 模型构造一天一次核酸筛查仿真公式,用 Matlab 求取微分方程精确解,仿真社区核酸筛查的阳性患者数量,公式如下:

$$\begin{cases} dN_E = (\varphi N_S(N_E + N_I) / N - w N_E - (1-w)\gamma N_E) dt + \\ \sigma N_S(N_E + N_I) dB(t) / N \\ dN_A = w N_E dt \end{cases} \quad (6)$$

其中: N_A 表示每日社区核酸筛查发现的核酸阳性患者数量,式(6)中参数使用表 1 的参数数值,并且由于社区中 $N = N_S + N_E + N_R$, N_E 和 N_R 的数值相对 N_S 较小,所以使 $N_S / N = 1$,则式(6)改写为

$$\begin{cases} dN_E = (\varphi(N_E + N_I) - w N_E - (1-w)\gamma N_E) dt + \\ \sigma(N_E + N_I) dB(t) \\ dN_A = w N_E dt \end{cases} \quad (7)$$

图 3 以 2021 年 12 月 29 日作为第一天,从图中可以发现:实际和模型预测的阳性数量基本一致,实际核酸筛查的阳性数量在第 7 日归零,而模型在第 7 日附近数量也在个位数范围内波动,所以随机 SEIR 模型能够较好地模拟疫情变化。

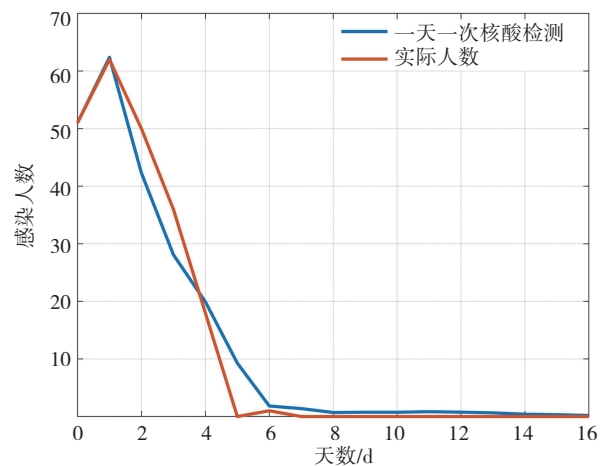


图 3 一天一次核酸筛查和实际筛查的阳性人数对比

Fig. 3 Comparison of the number of positive people between nucleic acid screening once a day and actual screening

4.2 一天一次核酸筛查和三天一次核酸筛查清零效果对比

文章对比一天一次核酸检测和三天一次核酸检测两者的社区(排除隔离区和管控区)核酸阳性清零效果,以 2021 年 12 月 29 日作为第一天,使用 Matlab 作图 4。图 4 一天一次核酸检测阳性数量使用式(7)进行仿真;三天一次核酸由于第一天和第二天不进行核酸筛查,所以使用不需要社区筛查效果的随机 SEIR 模型,模型如下:

$$\begin{cases} dN_S = (-(\alpha\beta\varepsilon + \varepsilon(1-\beta)\alpha p)N_S(N_E + N_I)/N)dt \\ dN_E = (\alpha\beta\varepsilon(1-p)N_S(N_E + N_I)/N - \gamma N_E)dt + \sigma N_S(N_E + N_I)dB(t)/N \\ dN_{S_q} = (\alpha(1-\beta)\varepsilon p N_S(N_E + N_I)/N)dt \\ dN_{E_q} = (\alpha\beta\varepsilon p N_S(N_E + N_I)/N - w N_{E_q})dt \\ dN_H = (w N_{E_q} + \delta N_I)dt \\ dN_I = (\gamma N_E - \delta N_I - \lambda N_I)dt \\ dN_R = (\lambda N_I + k N_H)dt \end{cases}$$

则不进行核酸筛查的阳性患者的计算公式为

$$\begin{cases} dN_E = (\varphi(N_E + N_I) - \gamma N_E)dt + \sigma(N_E + N_I)dB(t) \\ dN_B = 0 \end{cases} \quad (8)$$

其中, N_B 表示社区筛查的阳性数量,因为不进行核酸筛查,所以是 0, 第三日进行核酸检测的计算公式是式(7)。交叉使用式(7)和式(8)对三天一次核酸检测进行仿真。

图 4 中蓝线是一天一次核酸检测的社区筛查每日预计阳性人数,红色的“o”表示三天检测一次的第三天社区筛查阳性人数,因为前两日不进行社区筛查,所以前两日社区筛查阳性是 0。

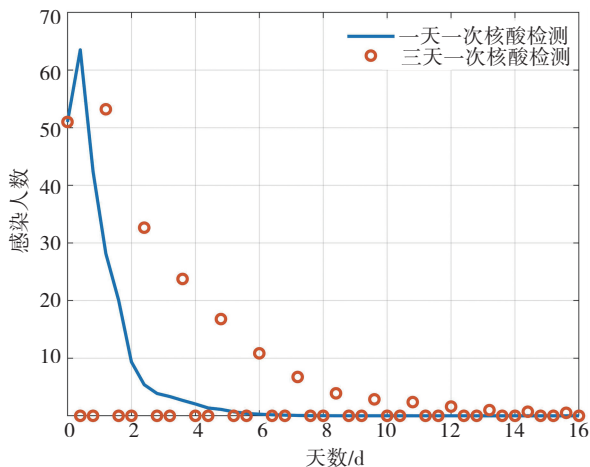


图 4 不同筛查频率社区阳性需要的清零天数

Fig. 4 Number of days required to reduce community nucleic acid positivity to zero for different screening frequencies

从图 4 中观察到:一天一次核酸筛查和三天一次核酸筛查对降低社区核酸阳性率都有帮助,但是一天一次核酸筛查社区阳性数量的降低趋势比三天一次核酸筛查明显很多,并且能在十几天的时间就能够实现社区阳性清零,而三天一次筛查实现社区阳性清零需要 40d 左右,所以一天一次核酸筛查的社区清零效果比三天一次核酸筛查好。

4.3 一天一次核酸筛查和三天一次核酸筛查社区潜伏者 E 数量对比

同时根据两种不同的核酸间隔检测方式,进行社区潜伏感染者人数估计,一天一次核酸筛查使用式(7)对潜伏者 E 的数量仿真;三天一次核酸筛查,在不做核酸筛查的日期里使用式(8),在做核酸筛查的日期使用式(7),用式(7)和式(8)对三天一次核酸筛查进行潜伏者 E 的数量仿真,如图 5。图 5 显示:红线在蓝线的上方,这表明三天一次筛查预计的潜伏者人数要大于一天一次筛查的人数,也即在相同的潜伏者初始值情况下,三天一次核酸筛查将会传染更多的人。观察图 4 和图 5 可以发现:从 2021 年 12 月 29 日开始,一天一次核酸筛查大约用 15d 可以实现社区核酸阳性清零,三天一次核酸筛查则需要大约 40d。

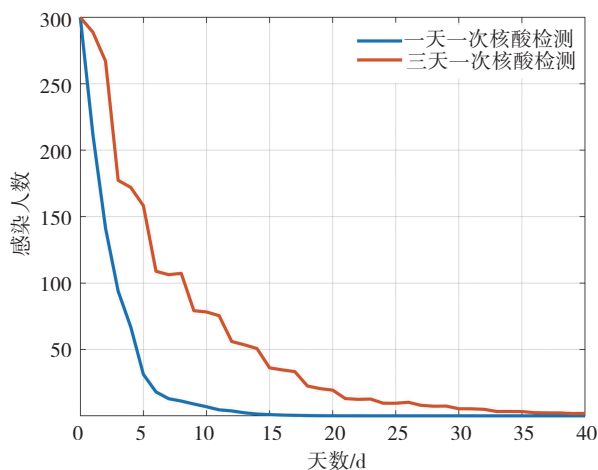


图 5 不同筛查频率潜在者 E 的人数变化

Fig. 5 Variations in the number of latent infected person E with different screening frequencies

5 两种筛查频率的成本比较

西安疫情的成本包含治疗患者的费用 C_1 和全员核酸的检测费用 C_2 等。 $C_1 = N_1 * M_1$, $C_2 = N_2 * M_2$, N_1 是患者人数, N_2 是核酸人数, M_1 是平均治疗费用, M_2 是单人核酸费用。计算两种方式所产生的累计核酸阳性患者,这里的核酸阳性患者由社区筛查发现的阳性

患者和发病者 I 组成(不含隔离管控人群中的阳性患者)。从 29 日开始计算,一天一次检测阳性病患的累计数量是 170 人,三天一次检测阳性病患的累计数量是 573 人,武汉平均治疗一个阳性患者费用为 1.7 万,所以预计第一种筛查方式患者治疗费用是 394.4 万,第二种筛查方式患者的治疗费用是 974.1 万,不过西安患者大部分都是轻症患者,所以实际治疗费用会少。

根据西安发布的公告,从 2021-12-29—2022-01-05,估计一天一次重点区域检测核酸的累计次数为 4 806.19 万次,陕西核酸单人检测费 38 元,则在全是单人检测的情况之下,估计费用是 18.27 亿。公告表明,2021 年 12 月 27 日全市采样 1 231.70 万人,根据模型三天一次检测需要清零的天数,估计三天检测一次需累计采样 14 780.4 万次,计算费用大约是 60.8 亿。

根据上述计算,一天一次检测估计的治疗费用是 394.4 万,核酸检测费用是 18.27 亿;三天一次检测估计的治疗费用是 974.1 万,核酸检测费用是 60.8 亿,可以发现治疗费用和核酸检测费用都是三天一次检测耗费更多,且三天一次检测的社区清零时间也比一天一次检测长,清零时间越长,对正常的经济活动所造成的影响也就更大,经济损失也就越大。

综合考虑,西安的一天一次检测成本更低,社区清零效果也更好。

6 结束语

基于西安疫情,对比一天一次核酸和三天一次核酸的筛查效果,在随机 SEIR 模型中加入核酸筛查效果,采用线性回归基于实际数据拟合参数,使用 Matlab 得到了一天一次核酸和三天一次核酸两者的清零效果图。结果表明:一天一次核酸筛查社区阳性清零大致需要 15d,三天一次核酸筛查阳性患者清零大致需要 40d,所以一天一次核酸筛查的清零效果好,并且对保护民众的健康更加有益。成本的计算结果显示:治疗成本和核酸费用都是一天一次核酸筛查的更低。

参考文献(References):

[1] 曹盛力,冯沛华,时朋朋.修正 SEIR 传染病动力学模型应用于湖北省 2019 冠状病毒病(COVID-19)疫情预测和评估[J].浙江大学学报(医学版),2020,49(2):178—184.
CAO Sheng-li, FENG Pei-hua, SHI Peng-peng. Study on the epidemic development of COVID-19 in Hubei Province by a

modified SEIR model [J]. Journal of Zhejiang University (Medical Sciences), 2020, 49(2): 178—184.

[2] 严阅,陈瑜,刘可伋,等.基于一类时滞动力学系统对新型冠状病毒肺炎疫情的建模和预测[J].中国科学:数学,2020,50(3):385—392.
YAN Yue, CHEN Yu, LIU Ke-ling, et al. Modeling and prediction of novel coronavirus pneumonia epidemic based on a class of time-delay kinetic systems [J]. Science in China: Mathematics, 2020, 50(3): 385—392.

[3] 须成杰,覃开舟.基于 SEIR 模型的新型冠状病毒肺炎疫情影响分析[J].计算机应用与软件,2021,38(12):87—90.
XU Cheng-jie, QIN Kai-zhou. Epidemic analysis of COVID-19 based on SEIR model [J]. Computer Applications and Software, 2021, 38(12): 87—90.

[4] 范如国,王奕博,罗明,等.基于 SEIR 的新冠肺炎传播模型及拐点预测分析[J].电子科技大学学报,2020,49(3):369—374.
FAN Ru-guo, WANG Yi-bo, LUO Ming, et al. SEIR-based COVID-19 transmission model and inflection point prediction analysis [J]. Journal of University of Electronic Science and Technology of China, 2020, 49(3): 369—374.

[5] GRAY A, GREENHALGH D, HU L, et al. A stochastic differential equation SIS epidemic model [J]. Siam J Appl Math, 2011, 71: 876—902.

[6] 阿斯顿·张.动手深度学习[M].北京:人民邮电出版社,2019.
ASTON·ZHANG. Hands-on deep learning [M]. Beijing: People's Post and Telecommunications Press, 2019.

[7] 于振华,黄山阁,杨波,等.SLEIR 新冠肺炎传播动力学模型构建与预测[J].西安交通大学学报,2022(5):1—11.
YU Zhen-hua, HUANG Shan-ge, YANG Bo, et al. SLEIR dynamics model and prediction of COVID-19 [J]. Journal of Xi'an Jiaotong University, 2022(5): 1—11.

[8] 王霞,唐三一,陈勇,等.新型冠状病毒肺炎疫情下武汉及周边地区何时复工:数据驱动的网络模型分析[J].中国科学:数学,2020,50(7):969—978.
WANG Xia, TANG San-yi, CHEN Yong, et al. When will be the resumption of work in Wuhan and its surrounding areas during covid-19 epidemic: a data-driven network modeling analysis [J]. Science in China: Mathematics, 2020, 50(7): 969—978.

[9] WU J T, LEUNG K, LEUNG G M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study [J]. Lancet, 2020, 395(10225): 689—697.

[10] TANG B, WANG X, LI Q, et al. Estimation of the transmission risk of the 2019-nCoV and its implication for public health interventions [J]. Journal of Clinical Medicine, 2020, 9(2): 462—475.