

一类具有疫苗影响的流感模型研究及统计分析

侯 悦

长安大学理学院, 陕西 西安

收稿日期: 2025年3月16日; 录用日期: 2025年4月9日; 发布日期: 2025年4月18日

摘 要

针对一类改进的SVEIR流感传播动力学模型, 探讨了参数估计与拟合方法, 并分析了疫苗接种对流感传播的影响。首先, 假设现有确诊病例数遵循泊松分布, 通过Bootstrap方法生成时间序列样本, 采用马尔可夫链蒙特卡洛(MCMC)算法实现后验分布的高效采样对模型参数进行估计。随后, 为验证模型的有效性, 利用实际流感数据进行检验, 结果表明模型能够较好地捕捉流感的传播动态。进一步, 通过敏感性分析, 评估了疫苗接种率 v 对基本再生数 R_0 和最终感染规模的影响。研究发现, 提高疫苗接种率可显著降低流感的传播风险。

关键词

流感模型, 参数估计, SEIR模型, 疫苗接种, 敏感性分析, MCMC

Research and Statistical Analysis of a Type of Influenza Model with Vaccine Influence

Yue Hou

School of Sciences, Chang'an University, Xi'an Shaanxi

Received: Mar. 16th, 2025; accepted: Apr. 9th, 2025; published: Apr. 18th, 2025

Abstract

For a class of improved SVEIR influenza transmission dynamics model, parameter estimation and fitting methods are discussed, and the impact of vaccination on influenza transmission is analyzed. First, assuming that the number of confirmed cases follows a Poisson distribution, the Bootstrap method is used to generate time series samples, and the Markov Chain Monte Carlo (MCMC) algorithm is used to achieve efficient sampling of the posterior distribution to estimate the model parameters. Subsequently, in order to verify the effectiveness of the model, actual influenza data were used for testing, and the results showed that the model can better capture the transmission

dynamics of influenza. Furthermore, through sensitivity analysis, the impact of vaccination rate v on the basic reproduction number $\mathcal{R}_0$ and the final infection scale was evaluated. The study found that increasing the vaccination rate can significantly reduce the risk of influenza transmission.

Keywords

Influenza Model, Parameter Estimation, SEIR Model, Vaccination, Sensitivity Analysis, MCMC

Copyright © 2025 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

流行性感冒(Influenza) (简称“流感”)是流感病毒引起的对人类健康危害严重的急性呼吸道传染病[1], 呈季节性流行, 是《中华人民共和国传染病防治法》规定的丙类传染病[2]。作为一种传染性强、变异性大的病毒性疾病, 给全球公共卫生带来了显著威胁。每年, 流感都会导致大量的疾病负担和死亡, 人群普遍易感, 尤其是在免疫力较弱的群体中。流感具有明显的季节性流行特点, 冬春季节高发。我国当前正处于流感的季节性流行期, 以甲型 H1N1 亚型为主[2]。因此, 流感病毒的高变异性使得流感控制依赖于精确的数学模型和统计分析。

近年来, 基于流行病学数据的流感传播模型逐渐成为流感动态研究和疫苗效果评估的重要工具。这些模型通常采用微分方程描述流感病毒在人群中的传播过程, 并通过参数估计和拟合分析揭示流感流行的规律及疫苗的防控效力。众多学者从流感病毒的基因结构、疫苗研发、抗病毒药物、流行病学特征、监测预警系统等多个角度展开研究, 并取得了一系列重要进展[3]-[6]。Bedada [3]提出了 SEISINR 数学模型, 用于描述流感在人群中的传播。该模型结合了免疫状态和不同感染阶段的动力学。尽管模型能够较好地描述流感的传播, 但未充分考虑流感病毒变异对传播模式的影响。Ho [4]通过常微分方程构建数学模型, 评估了疫苗策略的效果。研究发现, 随着疫苗效力的提高, 达到群体免疫所需的疫苗接种率会降低。Handel [5]综述了流感 A 病毒的数学建模, 重点关注病毒动力学、免疫反应及非传染性病毒颗粒等因素。该文回顾了流感传播建模的研究进展, 但没有深入探讨如何结合实际疫苗接种数据对模型进行优化。Bakhsh [6]通过深度神经网络(DNN)对流感模型进行了优化, 解决了传统微分方程模型的非线性问题。但未结合疫苗接种策略, 在疫苗接种优化方面的研究不足。

现有文献中的流感模型多基于病毒传播动力学, 但缺乏对疫苗接种策略的深入分析, 尤其是在考虑不同免疫群体、疫苗覆盖率和免疫衰退等因素时。同时, 大多数研究没有结合真实数据, 导致模型的预测能力存在较大偏差。鉴于此, 本文考虑疫苗接种对流感传播的影响, 并基于真实数据构建了一类具有疫苗影响的流感模型。

2. 数据来源

本文数据来源于中国疾病预防控制中心的流感监测数据[7], 数据包括 2024 年 3 月 17 日~2024 年 10 月 20 日中国累计确诊病例数和现有确诊病例数(见图 1)。

3. 模型构建及动力学分析

总人口被分为: 易感者、接种疫苗者、暴露者、感染者和恢复者, 在时间 t 时的大小分别用 $S(t)$ 、

$V(t)$ 、 $E(t)$ 、 $I(t)$ 和 $R(t)$ 表示；我们假设所有参数均为正值。各仓室状态之间的转换和交互的示意图(见图 2)，仓室状态和参数的传染病学意义总结在表 1 中。

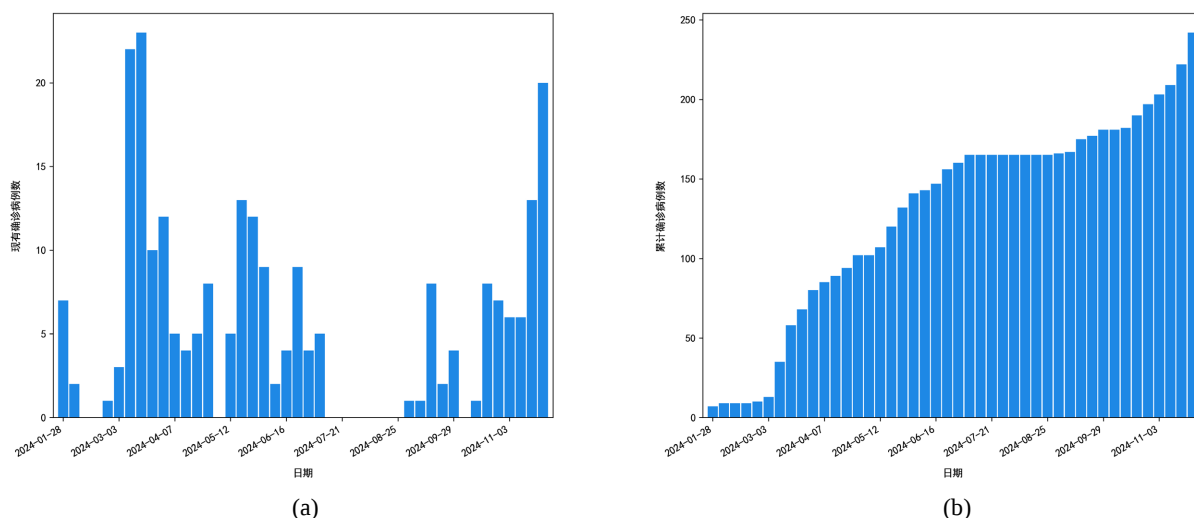


Figure 1. Number of existing and cumulative confirmed cases in China from March 17, 2024, to October 20, 2024
图 1. 2024 年 3 月 17 日~2024 年 10 月 20 日中国现有确诊病例数和累计确诊病例数

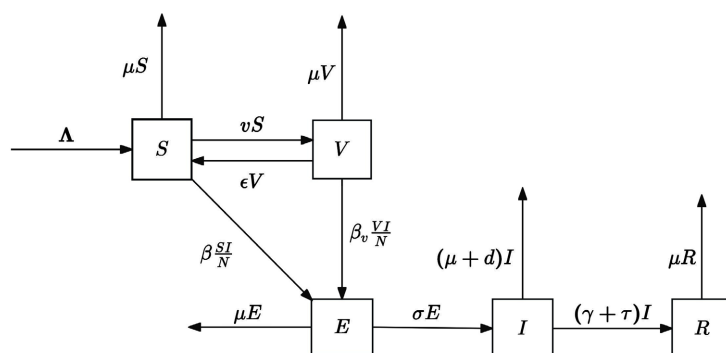


Figure 2. Schematic diagram illustrating transitions and interactions between different compartmental states in influenza transmission
图 2. 流感传播各仓室状态之间的转换和交互的示意图

根据图 2 中的各类状态的转移图，该模型由下列常微分方程组描述：

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \Lambda - \beta \frac{SI}{N} - vS + \epsilon V - \mu S \\ \frac{dV}{dt} = vS - \beta_v \frac{VI}{N} - \epsilon V - \mu V \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} + \beta_v \frac{VI}{N} - \sigma E - \mu E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - (\gamma + \tau)I - (\mu + d)I \\ \frac{dR}{dt} = (\gamma + \tau)I - \mu R \end{cases} \quad (1)$$

研究模型的动力学性质首先要确定平衡点，而模型中存在疾病消亡的无病平衡点

$$P^0 = \left(\frac{\Lambda(\varepsilon + \mu)}{\mu(\varepsilon + \mu) + v\mu}, \frac{v\Lambda}{\mu(\varepsilon + \mu) + v\mu}, 0, 0, 0 \right) \quad (2)$$

根据文献[8]中再生矩阵方法,可以得到模型的基本再生数。详细地,

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} 0 & \beta \frac{S_0}{N} + \beta_v \frac{V_0}{N} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}, \quad \mathcal{V} = \begin{pmatrix} \sigma + \mu & 0 \\ -\sigma & \gamma + \tau + \mu + d \end{pmatrix}$$

进一步,得到

$$\mathcal{FV}^{-1} = \frac{1}{(\sigma + \mu)(\gamma + \tau + \mu + d)} \begin{pmatrix} 0 & \left(\beta \frac{S_0}{N} + \beta_v \frac{V_0}{N} \right)(\sigma + \mu) \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \quad (3)$$

故,

$$\mathfrak{R}_0 = \rho(\mathcal{FV}^{-1}) = \frac{\Lambda \sigma (\beta(\varepsilon + \mu) + v\beta_v)}{N(\mu(\varepsilon + \mu) + v\mu)(\sigma + \mu)(\gamma + \tau + \mu + d)} \quad (4)$$

同时由[8]中定理 2 可得无病平衡点 P^0 的局部稳定性。

根据定理 2 可知,系统(1)的基本再生数 $\mathfrak{R}_0$ 是决定流感流行和消亡的阈值条件。若希望控制流感的流行可以通过相应的防控措施将基本再生数 $\mathfrak{R}_0$ 降到 1 以下即可。下面结合系统(3)提供的模型进行参数估计与数据拟合分析,进一步揭示全国流感病的流行趋势。

4. 参数估计与敏感性分析

假设观测数据服从泊松分布,通过从参数向量的后验分布 $\omega | y = \{\beta, v, \tau, \beta_v, \sigma\} | y$ 中采样来校准模型,其中,后验分布为:

$$f_{\omega|y}(\Omega | y) = \prod_T L(Y(T) | \omega) f_{\Omega}(\omega) \quad (5)$$

先验密度 $f_{\Omega}(\omega)$ 是六个单变量先验的联合概率密度函数。由于均匀分布是一种无信息先验分布。故本文假定变量 $\beta, v, \tau, \beta_v, \sigma \sim U(0, 1)$ 。在参数估计中,我们通过 python 软件共执行了 50,000 次迭代以生成参数的时间序列数据的样本集。为确保样本的独立性和代表性,将前 20,000 个样本视为 burn-in 期并予以舍弃,以减少初始条件对后续抽样的潜在影响。剩余的 30,000 个样本用于计算待估参数值,如图 3 所示。这一过程旨在确保从 MCMC 过程中获得的样本更好地反映参数的后验分布。具体参数估计值见表 1。

最佳的拟合结果如图 4 所示,将 2024 年 3 月 17 日~2024 年 9 月 1 日数据作为训练数据用于拟合模型,如图 4(a)所示,我们可以发现,该拟合值可以很好地描述疾病的传播趋势。同时将 2024 年 9 月 8 日~2024 年 10 月 20 日数据作为测试数据,评估了模型的真实性能,如图 4(b)所示。生成拟合 95%置信区间。结果如图 4(c)所示,我们可以看出拟合值是落在置信区间内的,进一步说明了该模型的可信度。

偏秩相关系数(PRCC)的分析显示,见图 5。模型参数与响应变量 $\mathfrak{R}_0$ 之间存在不同程度的关联。尤其值得注意的是,参数 v 表现出强烈的负相关性(PRCC = -0.87),这说明接种疫苗对病毒的有效传染率会起到很大的作用。同时地,参数 β 、 β_v 、 ε 呈现出强烈的正相关性。相对而言,参数 γ 和 τ 的 PRCC 值接近零,且其 P 值(分别为-0.06 和-0.05)未达到统计学显著性水平,表明在多变量背景下它们与响应变量的关联不具统计学意义。因此,要想让感染患者减少,就需要扩大疫苗的接种率,而且还要提高人们自身的保护意识。下面分别分析增大易感人群与感染者的接触率及疫苗接种率对感染者数目的影响情况,

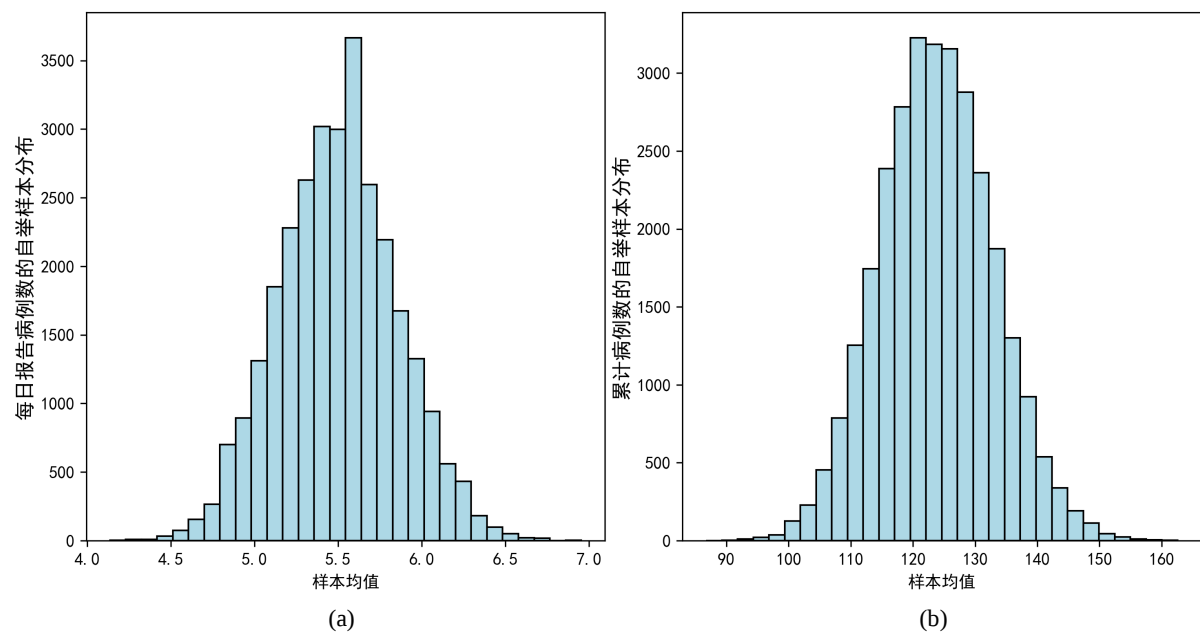
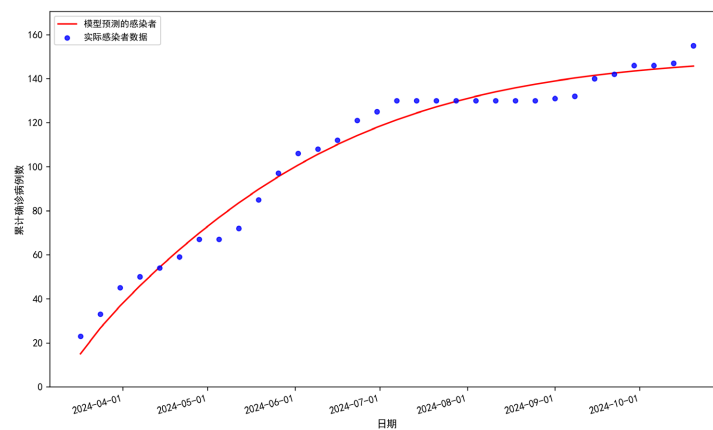
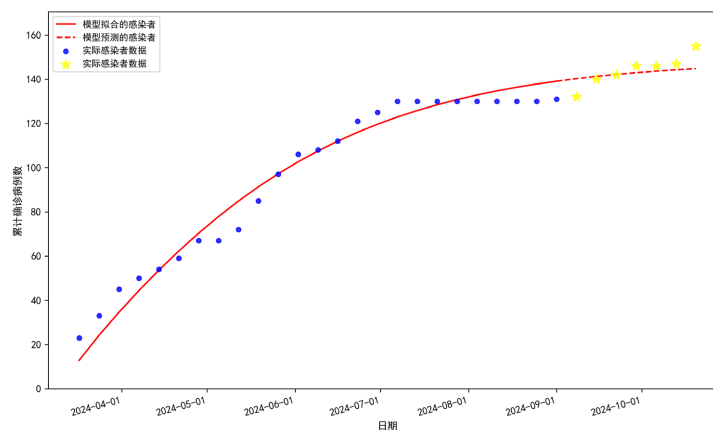


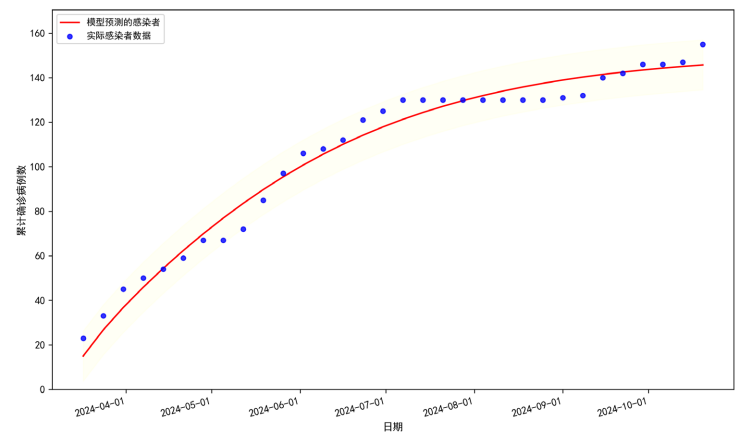
Figure 3. Sampling plot
图 3. 抽样图



(a) 累计确诊病例数拟合图



(b) 累计确诊病例数的拟合验证对比图



(c) 累计确诊病例数的 95%置信区间

Figure 4. Model fitting under optimal parameters and the corresponding 95% confidence interval

图 4. 基于最优参数下，模型拟合情况及对应的 95%的置信区间

Table 1. Parameter values and sources of the model
表 1. 模型的参数值及来源

参数	定义	均值	数据来源
β	感染者接触易感者的传播率	0.2808	参数估计
ν	疫苗接种率	0.0923	参数估计
β_v	感染者接触疫苗接种者的传染率	0.1000	参数估计
Λ	人口出生率	0.0677	文献[9]
μ	自然死亡率	0.0737	文献[9]
d	因病死亡率	0.237	参数估计
σ	暴露者转为感染者的速率	0.5000	参数估计
τ	治疗率	0.1506	参数估计
ε	疫苗失效率	1	参数估计
γ	自然康复率	0.1000	参数估计

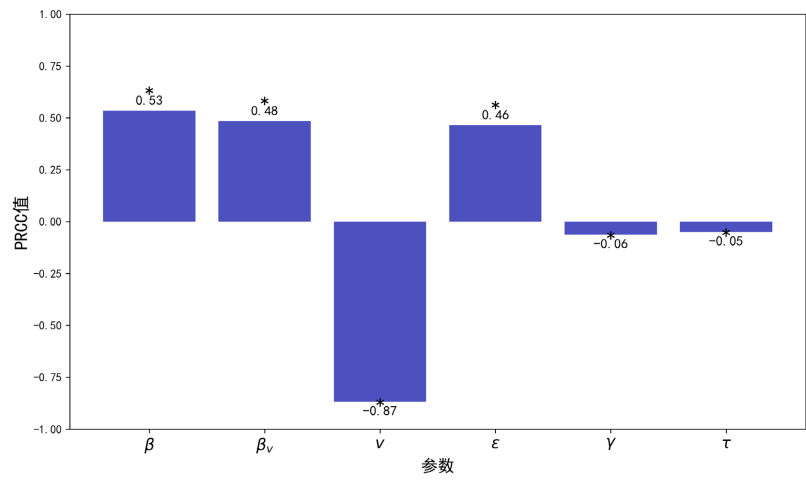


Figure 5. Dependence of the basic reproduction number on key parameters and results of partial rank correlation coefficient (PRCC)

图 5. 基本再生数对重要参数的依赖性和偏秩相关系数(PRCC)结果

见图 6。由图 6(a)结果可以看出,在相同的时间点,如果疫苗接种率达到 0.5 左右时,累计感染的人数会发生大幅度减少,同时,图 6(b)表明,随着接触率的增高,累计感染的人数呈现大幅度上升趋势。因此,在实际疫情防控中,我们不仅要提高疫苗接种的覆盖率和疫苗免疫效果,而且还需要政府的严格管控措施,特别是提高群众的自我防护意识,感染者要尽量做到不出门,不串门,减少与易感者的接触,进而降低有效传播率,更好地控制病毒的传播。

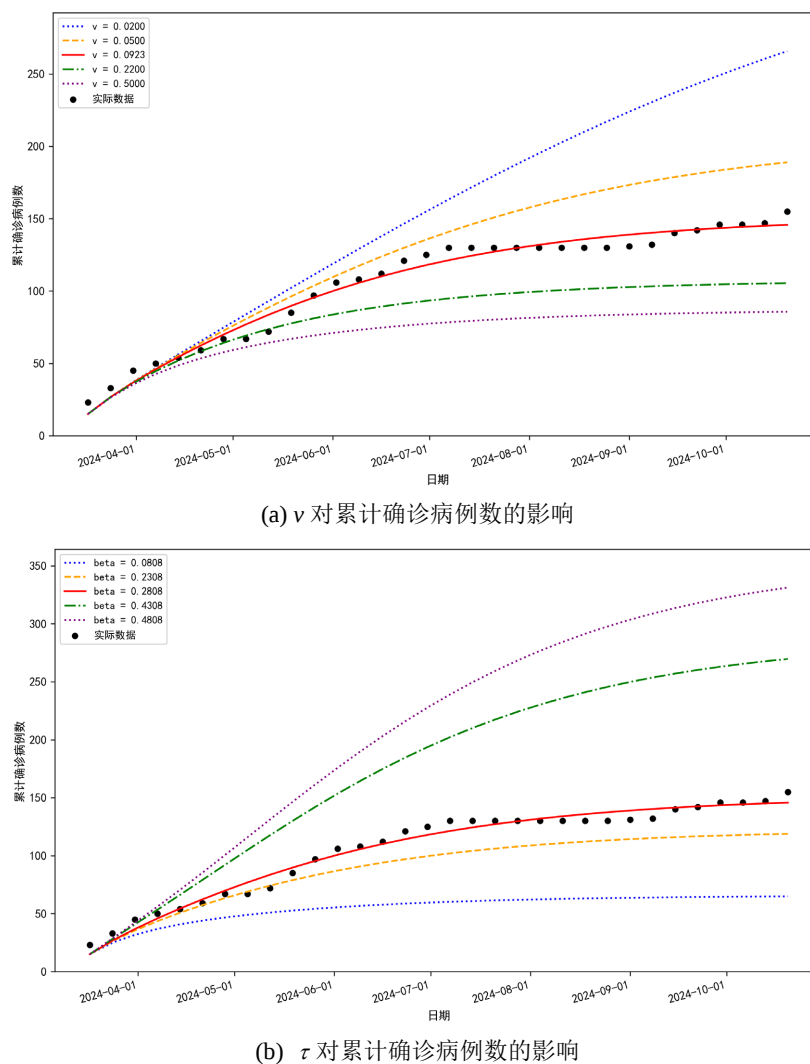


Figure 6. Sensitivity analysis of key parameters

图 6. 重要参数的敏感性分析

5. 总结

本文基于 SVEIR 流感模型,深入研究了疫苗接种对流感传播的影响,并通过马尔可夫链蒙特卡洛 (MCMC)算法对模型参数进行了估计和拟合分析。通过对中国 2024 年流感数据的应用,结果表明,模型能够较好地反映流感的传播动态。研究发现,提高疫苗接种率显著降低了流感传播的基本再生数,并对流感疫情的最终规模产生积极影响。

在进行敏感性分析时,模型参数之间的相关性分析显示,疫苗接种率对流感传播的控制具有重要作

用, 接种率的提高可以有效减少感染者数。同时, 易感者与感染者的接触率增加则会导致感染者数量的显著上升。因此, 建议在实际防控过程中, 采取多方面的措施, 除了加强疫苗接种覆盖率, 还需严格限制感染者与易感者的接触, 提升公众防护意识。

然而, 本文的研究也存在一定的局限性。例如, 未考虑气候变化、人口流动等因素对流感传播的潜在影响, 且对疫苗接种率提升后的长期影响缺乏进一步的研究。在未来的研究中, 可以结合更广泛的数据进行验证, 并考虑外部因素对模型的影响, 以增强模型的预测能力。

总的来说, 本文为流感的防控提供了数学模型的支持, 并通过数据分析和模型拟合, 预测了流感疫情的发展趋势。为制定有效的防控策略提供了理论依据, 特别是在疫苗接种和公共健康干预措施的规划上。

参考文献

- [1] 中国疾病预防控制中心. 中国疾病预防控制中心发布《中国流感疫苗预防接种技术指南(2023-2024)》[EB/OL]. https://www.chinacdc.cn/jkbp/mygh/myfw/202408/t20240824_295556.html, 2023-09-05.
- [2] 国家疾病预防控制中心. 流感疫苗接种有关知识问答[EB/OL]. https://www.ndcpa.gov.cn/jbkzzx/c100040/common/content/content_188224447111598080.html, 2025-01-23.
- [3] Bedada, T.D., Lemma, M.N. and Koya, P. (2015) Mathematical Modeling and Simulation Study of Influenza Diseases. *Journal of Multidisciplinary Engineering Science and Technology*, **2**, 3263-3269.
- [4] Ho, S.H., He, D. and Eftimie, R. (2019) Mathematical Models of Transmission Dynamics and Vaccine Strategies in Hong Kong during the 2017-2018 Winter Influenza Season. *Journal of Theoretical Biology*, **476**, 74-94. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2019.05.013>
- [5] Rvachev, L.A. and Longini, I.M. (1985) A Mathematical Model for the Global Spread of Influenza. *Mathematical Biosciences*, **75**, 3-22. [https://doi.org/10.1016/0025-5564\(85\)90064-1](https://doi.org/10.1016/0025-5564(85)90064-1)
- [6] Bakhsh, A.A. (2024) A Deep Neural Network Process for the Influenza Disease Nonlinear Mathematical Model. *Inter-ciencia*, **35**, 2-19. <https://doi.org/10.59671/wncz5>
- [7] 中国疾病预防控制中心. 流感监测周报[EB/OL]. https://www.chinacdc.cn/jksj/jksj04_14249/, 2025-02-19.
- [8] van den Driessche, P. and Watmough, J. (2002) Reproduction Numbers and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Disease Transmission. *Mathematical Biosciences*, **180**, 29-48. [https://doi.org/10.1016/s0025-5564\(02\)00108-6](https://doi.org/10.1016/s0025-5564(02)00108-6)
- [9] 国家统计局. 正确解读总人口数据[EB/OL]. https://www.stats.gov.cn/zs/tjws/zytjzbqs/zrk/202412/t20241220_1957804.html, 2024-12-30.