

诺如病毒传播的动力学建模与稳定性分析

陈莉湘, 吕贵臣*

重庆理工大学数学科学学院, 重庆

收稿日期: 2026年7月28日; 录用日期: 2026年8月29日; 发布日期: 2026年9月17日

摘要

本文针对诺如病毒在“人类-贝类-家畜-水源”间的多宿主循环传播特性, 构建了多宿主传染病动力学模型, 刻画了诺如病毒随时间的演化规律。通过计算基本再生数 R_0 , 给出了阈值定理。借助单调动力系统和极限系统理论, 证明了当 $R_0 < 1$ 时, 无病平衡点的全局渐近稳定, 病毒可逐步消亡; 当 $R_0 > 1$ 时, 系统存在唯一全局稳定的地方病平衡点, 病毒持续流行。数据拟合和数值模拟结果进一步验证了模型和所得结论的合理性, 为实现诺如病毒的精准防控提供理论支持。

关键词

诺如病毒, 基本再生数, 单调动力系统理论, 极限系统理论, 全局渐近稳定

Dynamic Modeling and Stability Analysis of Norovirus Transmission

Lixiang Chen, Guichen Lyu*

School of Mathematical Sciences, Chongqing University of Technology, Chongqing

Received: July 28, 2026; accepted: August 29, 2026; published: September 17, 2026

Abstract

In view of the multi-host cyclic transmission of norovirus among humans, shellfish, livestock, and water sources, this paper constructs a dynamical model to characterize the temporal evolution of the virus. By calculating the basic reproduction number, we establish the threshold theorem. Utilizing the theory of monotone dynamical systems and limit systems, we prove that when the basic reproduction number is below unity, the disease-free equilibrium is globally asymptotically stable, indicating that the virus will eventually die out; when it exceeds unity, the system admits a unique globally stable endemic equilibrium, implying that the virus will persist endemically. Numerical

*通讯作者。

simulations and data fitting confirm the model's validity, laying a theoretical foundation for precision prevention and control strategies against norovirus.

Keywords

Norovirus, Basic Reproduction Number, Monotone Dynamical System Theory, Limit System Theory, Global Asymptotic Stability

Copyright © 2026 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

诺如病毒是全球急性胃肠炎散发病例的主要致病原,属于杯状病毒科,具有高度传染性,可导致恶心、呕吐、腹泻、腹痛等症状,病程通常为 2~4 天,多为轻症,但在免疫力低下人群中可能引发严重脱水等并发症。诺如病毒变异很快,对环境的抵抗力也很强,排毒时间长,免疫保护时间却很短。据世界卫生组织估计,全球每年因诺如病毒感染导致约 6.85 亿例病例和 21.9 万人死亡,尤其在学校、医院、养老院、邮轮等封闭或密集场所易暴发病毒,给公共卫生带来巨大挑战[1]-[3]。

为深入研究诺如病毒传播机制,众多学者从不同角度开展工作。针对诺如病毒潜伏期传染性 & 非线性发生率,秦海燕和侯强[4]构建了 SEIR 动力学模型,利用 Lyapunov 函数和几何方法证明平衡点稳定性并数值验证,丰富了病毒传播理论。孙春云等[5]对 2014~2017 年龙岗区诺如病毒感染性腹泻聚集性表达病毒进行了分析,按流行季节描述了其流行病学特征、病原学特征、动力学特征及流行强度。基于 2015~2019 年深圳市福田区学校 53 起诺如病毒感染暴发病毒数据,许玉成等[6]构建 SEIR 动力学模型,以累计罹患率和病毒持续时间为评价指标,评估不同控制措施的效果。韦懿芸、刘锋[7]根据 2019~2020 年海淀区疾控中心诺如病毒感染暴发病毒资料,构建了传播动力学模型,模拟病毒流行趋势,评估隔离及综合措施防控效果。根据 2020 年深圳市龙岗区诺如病毒感染性腹泻暴发病毒资料,俞国龙等[8]建立了 SEIAR 模型,模拟无干预及隔离、停课、呕吐物处置等防控措施效果。针对北京市某社区介水传播的诺如病毒感染病毒,张越等[9]建立了 SEIARW 模型,对阻断水传播、健康宣教、隔离等防控措施进行效果分析。基于滨州某高校诺如病毒病毒数据及病例的临床病理特征,来远为与汪金燕[10]构建了 SEAIQR 模型,以模拟病毒传播过程。

Qura Tul Ain 等[11]建立并分析具有时间免疫和广义发生率的随机 SEIQR 诺如病毒动力学传染模型,证明其正全局解唯一性与灭绝条件,研究遍历性和平衡态分布。Song 等[12]人在随机 SIRWF 模型中引入 Lévy 噪声,研究诺如病毒控制动力学,探究疾病存在与消除条件。通过引入美国气候敏感型诺如病毒感染, Ji 等在文献[13]中于 2025 年建立了 $S_h E_h I_h A_h R_h P S_f I_f$ 模型,构建含间接发病机制的食源性疾病模型,为防控提供依据。Ndendya J.Z.等[14]人在 2025 年构建 SVEIARP 数学模型,探究疫苗接种、治疗和公共卫生教育对诺如病毒疾病动态的影响。

本文在现有诺如病毒传播文献基础上,通过纳入水源中的病毒载量,构建人、贝类、家畜多宿主六仓室 $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 型传染病动力学模型,刻画了多主体间“宿主-环境-宿主”的循环传播规律。本文结构安排如下:第二节建立了 $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 多仓室多宿主模型,验证系统解的正不变性与有界性;第三节计算基本再生数,分析无病平衡点与地方病平衡点的存在性及全局稳定性;第四节进行数据拟合与 PRCC 参数敏感性分析,量化不同因素的重要性;第五节数值模拟验证理论结论;最后总结全文研究成果,为诺如病毒精准防控提供理论依据。

2. $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 型传染病动力学模型

2.1. 模型建立

基于文献[13]和[15], 诺如病毒的传播过程涉及人类、贝类、家畜与水源的多主体循环交互: 病毒可通过人类感染者、受污染贝类或污染水源侵袭人类易感者, 人类感染后会通过排泄向水源释放病毒; 同时, 贝类会因接触污染水源被感染, 其携带的病毒又可通过食用等途径感染人类; 家畜则会因接触污染水源或同类感染者患病, 同样通过排泄污染水源。如此, 诺如病毒在“人类-贝类-家畜-水源”间形成持续的传播循环。

基于这一传播特性, 将参与传播的主体划分为如下六个仓室, 即易感者类(S_h)、感染者类(I_h)、易感贝类(S_f)、感染贝类(I_f)、易感家畜类(S_a)、感染家畜类(I_a)。令 $S_h(t), I_h(t), S_f(t), I_f(t), S_a(t), I_a(t)$ 分别表示 t 时刻各仓室的群体数量; 同时用 $W(t)$ 表示 t 时刻的水源中诺如病毒的浓度。

考虑诺如病毒的实际传播情况, 本文做出如下假设:

- 1) 易感人群 S_h 可通过接触感染者类 I_h 、感染贝类 I_f 和污染水源三类途径感染, 感染速率为 $\beta_h S_h \lambda_h$, 其中 $\lambda_h = I_h + \theta_{hf} I_f + \theta_{hw} W$ 代表综合感染风险; 感染者类 I_h 以恢复率 γ_h 自愈转为易感者, 同时持续以释放率 η_h 向水体排出病毒。
 - 2) 贝类无免疫康复机制, 仅能通过接触污染水源 W 被感染, 感染驱动力为 $\beta_f S_f W$; 染病贝类 I_f 会持续向水体释放病毒(释放率 η_f), 不存在康复转化过程。
 - 3) 家畜仅能依靠自身短期免疫康复, 易感家畜 S_a 接触患病家畜 I_a 或污染水体 W 后被感染, 感染驱动力为 $\beta_a S_a \lambda_a$, $\lambda_a = I_a + \theta_{aw} W$ 为家畜综合感染风险; 患病家畜 I_a 以恢复率 γ_a 恢复易感状态, 并同步向水体释放病毒(释放率 η_a)。
 - 4) 水体病毒仅由人类、贝类、家畜感染者排泄输入, 同时以自然净化率 μ_w 衰减; 受污染水体可反向感染三类宿主, 形成完整传播闭环。
 - 5) 诺如病毒致死案例极少, 模型不纳入病死相关过程。
 - 6) 不考虑病毒变异、免疫逃逸及外部输入病例, 仅刻画系统内各仓室种群与水体病毒的内部动态转化。
- 基于上述假设和诺如病毒传播实际, 建立了诺如病毒动力学的一般模型, 传染病仓室转化图如图 1。

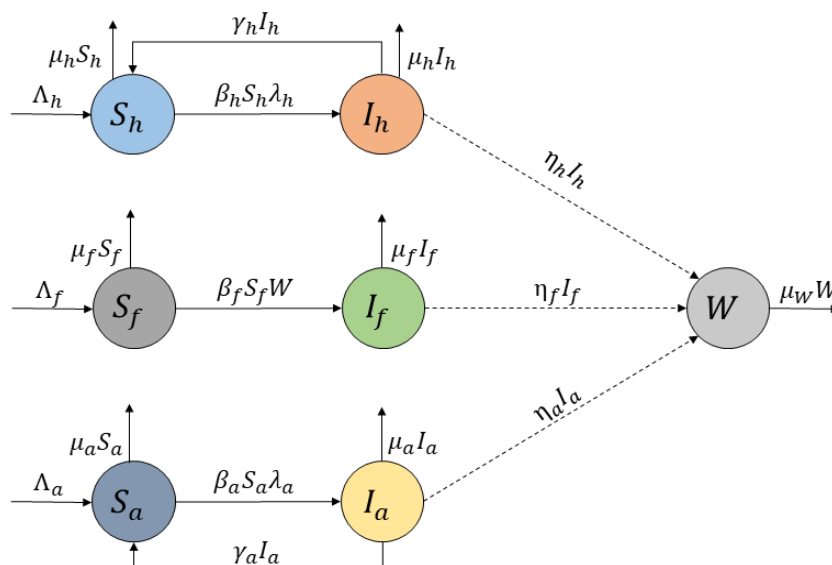


Figure 1. Transformation flow chart of all populations for the $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ model

图 1. $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 模型各类群体转化流程图

图 1 中对应的各参数定义如下表 1, 考虑其生物学意义上, 假设参数都非负。

Table 1. Parameter interpretation of the $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ model

表 1. $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 模型的参数意义

参数	单位	描述
$\Lambda_h, \Lambda_f, \Lambda_a$	个体/天	人类、贝类、家畜的输入率
μ_h, μ_f, μ_a	天 ⁻¹	人类、贝类、家畜自然死亡率
μ_w	天 ⁻¹	污染水源的自然净化率
$\beta_h, \beta_f, \beta_a$	天 ⁻¹	人类、贝类、家畜与感染源的有效接触率
η_h, η_f, η_a	拷贝个体/天	人类、贝类、家畜向水源的病毒释放率
γ_h, γ_a	天 ⁻¹	人类、家畜感染者的恢复率
θ_{hf}	无量纲	人类经贝类感染的相对传播系数
θ_{hw}	无量纲	人类经水源感染的相对传播系数
θ_{aw}	无量纲	家畜经水源感染的相对传播系数

根据传播流程图 1, 我们可以得到由常微分方程控制的 $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 多宿主传染病模型如下:

$$\begin{cases} \frac{dS_h}{dt} = \Lambda_h - \beta_h S_h (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h S_h + \gamma_h I_h \\ \frac{dI_h}{dt} = \beta_h S_h (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h I_h - \gamma_h I_h \\ \frac{dS_f}{dt} = \Lambda_f - \beta_f S_f W - \mu_f S_f \\ \frac{dI_f}{dt} = \beta_f S_f W - \mu_f I_f \\ \frac{dS_a}{dt} = \Lambda_a - \beta_a S_a (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a S_a + \gamma_a I_a \\ \frac{dI_a}{dt} = \beta_a S_a (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a I_a - \gamma_a I_a \\ \frac{dW}{dt} = I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w \end{cases} \quad (1)$$

2.2. 正不变性与解的有界性

令 $x = (S_h(t), I_h(t), S_f(t), I_f(t), S_a(t), I_a(t), W(t))^T$, $f(x) = (f_1(x), f_2(x), f_3(x), f_4(x), f_5(x), f_6(x), f_7(x))^T$, 其中 $f_1(x) = \frac{dS_h}{dt}$, $f_2(x) = \frac{dI_h}{dt}$, $f_3(x) = \frac{dS_f}{dt}$, $f_4(x) = \frac{dI_f}{dt}$, $f_5(x) = \frac{dS_a}{dt}$, $f_6(x) = \frac{dI_a}{dt}$, $f_7(x) = \frac{dW}{dt}$ 。则系统(1)可写成如下向量模式:

$$x' = f(x) \quad (2)$$

定理 2.1 1) 集合 R_7^+ 关于系统(1)是正不变的。

2) 令 $K = \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \eta_a + \frac{\Lambda_f}{\mu_f} \eta_f + \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \eta_h$, 集合

$$\Omega = \left\{ x \in R_7^+ \mid 0 \leq S_h + I_h \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h}, 0 \leq S_f + I_f \leq \frac{\Lambda_f}{\mu_f}, 0 \leq S_a + I_a \leq \frac{\Lambda_a}{\mu_a}, 0 \leq W \leq \frac{K}{\mu_w} \right\}$$

是系统(1)的全局吸引子。

证明: 1) 对任意的 $x \in R_7^+$, 易知

$$\begin{cases} f_1(x)|_{S_h=0} = \Lambda_h + \gamma_h I_h \geq 0 \\ f_2(x)|_{I_h=0} = \beta_h S_h (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw}) \geq 0 \\ f_3(x)|_{S_f=0} = \Lambda_f \geq 0 \\ f_4(x)|_{I_f=0} = \beta_f S_f W \geq 0 \\ f_5(x)|_{S_a=0} = \Lambda_a + \gamma_a I_a \geq 0 \\ f_6(x)|_{I_a=0} = \beta_a S_a \theta_{aw} W \geq 0 \\ f_7(x)|_{W=0} = I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h \geq 0 \end{cases} \quad (3)$$

由 Smith-Waltman 不变性原理[16]有: 对任意的 $x(0) \geq 0$, $x(t) \geq 0$, 所以 R_7^+ 关于系统(1)是正不变的。

2) 令人类宿主总人数 $N_h = S_h + I_h$, 家畜动物种群总数 $N_a = S_a + I_a$, 扇贝等动物种群总数

$$N_f = S_f + I_f.$$

根据系统(1)可得

$$\frac{dN_h(t)}{dt} = \Lambda_h - \mu_h N_h, \frac{dN_f(t)}{dt} = \Lambda_f - \mu_f N_f, \frac{dN_a(t)}{dt} = \Lambda_a - \mu_a N_a$$

故对任意 $t \geq 0$ 有

$$\begin{aligned} N_h(t) &= \frac{\Lambda_h}{\mu_h} + \left(N_h(0) - \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \right) e^{-\mu_h t} \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h}, \\ N_f(t) &= \frac{\Lambda_f}{\mu_f} + \left(N_f(0) - \frac{\Lambda_f}{\mu_f} \right) e^{-\mu_f t} \leq \frac{\Lambda_f}{\mu_f}, \\ N_a(t) &= \frac{\Lambda_a}{\mu_a} + \left(N_a(0) - \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \right) e^{-\mu_a t} \leq \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \end{aligned} \quad (4)$$

因此

$$\lim_{t \rightarrow \infty} N_h(t) = \frac{\Lambda_h}{\mu_h}, \lim_{t \rightarrow \infty} N_f(t) = \frac{\Lambda_f}{\mu_f}, \lim_{t \rightarrow \infty} N_a(t) = \frac{\Lambda_a}{\mu_a}. \quad (5)$$

类似地, 通过考虑系统(1)中的环境池方程, 由(4)我们得到:

$$\frac{dW}{dt} = I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w \leq \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \eta_a + \frac{\Lambda_f}{\mu_f} \eta_f + \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \eta_h - W \mu_w = K - \mu_w W,$$

由文献[17]中的比较定理可知, 对任意 $t \geq 0$ 有

$$W(t) \leq \frac{K}{\mu_w} + \left(W(0) - \frac{K}{\mu_w} \right) e^{-\mu_w t},$$

因此 $\limsup_{t \rightarrow \infty} W(t) \leq \frac{K}{\mu_w}$, 根据(5)可知

$$\limsup_{t \rightarrow \infty} N_h(t) \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h}, \limsup_{t \rightarrow \infty} N_f(t) \leq \frac{\Lambda_f}{\mu_f}, \limsup_{t \rightarrow \infty} N_a(t) \leq \frac{\Lambda_a}{\mu_a}.$$

因此, 集合 Ω 是系统(1)的全局吸引子。

2.3. 基本再生数与平衡点的存在性

当疾病消亡时, 即 $I_h(t) = I_f(t) = I_a(t) = W(t) = 0$ 时, 得到系统(1)始终存在唯一的无病平衡点:

$$P_0 = \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h}, 0, \frac{\Lambda_f}{\mu_f}, 0, \frac{\Lambda_a}{\mu_a}, 0, 0 \right)$$

根据下一代矩阵理论, 我们定义 $u = (I_h, I_f, I_a, W)^T$ 表示染病仓室, 该仓室对应的染病系统为:

$$\begin{cases} I'_h = \beta_h S_h (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h I_h - \gamma_h I_h \\ I'_f = \beta_f S_f W - \mu_f I_f \\ I'_a = \beta_a S_a (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a I_a - \gamma_a I_a \\ W' = I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w \end{cases} \quad (6)$$

定义 $\mathcal{F}$ 为仓室新增感染者的数量, $\mathcal{V}$ 为仓室移除者的数量, 则

$$\mathcal{F}(u) = \begin{bmatrix} \beta_h S_h (\theta_{hf} I_f + \theta_{hw} W + I_h) \\ S_f W \beta_f \\ \beta_a S_a (\theta_{aw} W + I_a) \\ 0 \end{bmatrix}; \mathcal{V}(u) = \begin{bmatrix} \mu_h I_h + \gamma_h I_h \\ \mu_f I_f \\ \mu_a I_a + \gamma_a I_a \\ -I_a \eta_a - I_f \eta_f - I_h \eta_h + W \mu_w \end{bmatrix}$$

进而系统(6)可以改写为

$$u' = \mathcal{F}(u) - \mathcal{V}(u)$$

求得再生矩阵 F, V 为:

$$F = D_x \mathcal{F}(P_0) = \begin{bmatrix} \beta_h \frac{\Lambda_h}{\mu_h} & \beta_h \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \theta_{hf} & 0 & \beta_h \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \theta_{hw} \\ 0 & 0 & 0 & \frac{\Lambda_f}{\mu_f} \beta_f \\ 0 & 0 & \beta_a \frac{\Lambda_a}{\mu_a} & \beta_a \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \theta_{aw} \\ 0 & 0 & 0 & 0 \end{bmatrix}, V = D_x \mathcal{V}(P_0) = \begin{bmatrix} \mu_h + \gamma_h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \mu_f & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \mu_a + \gamma_a & 0 \\ -\eta_h & -\eta_f & -\eta_a & \mu_w \end{bmatrix}$$

按照 Van den Driessche 和 Watmough [18], 可以得到基本再生数 $R_0 = \rho(FV^{-1})$, 其中 ρ 表示矩阵 FV^{-1} 的谱半径。

$$\text{令 } M_1 = F - V = \begin{bmatrix} \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \beta_h - \mu_h - \gamma_h & \beta_h \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \theta_{hf} & 0 & \beta_h \frac{\Lambda_h}{\mu_h} \theta_{hw} \\ 0 & -\mu_f & 0 & \frac{\Lambda_f}{\mu_f} \beta_f \\ 0 & 0 & \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \beta_a - \mu_a - \gamma_a & \beta_a \frac{\Lambda_a}{\mu_a} \theta_{aw} \\ \eta_h & \eta_f & \eta_a & -\mu_w \end{bmatrix}$$

显然, M_1 是不可约的, 具有非负的对角元素, 由[19]中定理 A.5 知, $s(M_1)$ 是 M_1 的一个简单特征值,

且具有正特征向量。进一步, 由[20]中的定理 2 的证明可得出以下结论。

命题 2.1: $R_0 < 1 \Leftrightarrow s(M_1) < 0$, $R_0 > 1 \Leftrightarrow s(M_1) > 0$ 。

借助命题 2.1, 可得如下阈值定理:

定理 2.2: 当 $R_0 < 1$ 时, 无病平衡点 P_0 是局部渐近稳定的; 当 $R_0 > 1$ 时, 无病平衡点 P_0 是不稳定的。

3. 地方病平衡点的稳定性分析

3.1. 极限系统

考虑非自治系统

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x), \quad f: R \times \Omega \subseteq R^n \times R^n \rightarrow R^n \quad (7)$$

和自治系统

$$\frac{dy}{dt} = g(y), \quad g: \Omega \subseteq R^n \rightarrow R^n \quad (8)$$

均满足解的存在唯一性条件, 解的存在区间为 $(s, +\infty)$ 。

定义 3.1 若当 $t \rightarrow +\infty$ 时, $\forall x \in \Omega$, $f(t, x)$ 一致趋向于 $g(x)$, 则称系统(8)为系统(7)的极限系统。

引理 3.1 [21] 如果系统(7)的解是有界的, 并且极限系统(8)的平衡点 y^* 是全局渐近稳定的, 那么系统(7)的任何解 $x(t)$ 满足当 $t \rightarrow +\infty, x(t) \rightarrow y^*$ 。

3.2. 稳定性分析

由定理 2.1 可知: 系统全部解轨道有界, 生物学可行域 Ω 是全局吸引的正不变集。将模型拆分为易感种群子系统与感染-病毒子系统。

因为 $S_h = N_h - I_h, S_f = N_f - I_f, S_a = N_a - I_a$,

$$\begin{cases} I'_h = \beta_h (N_h - I_h) (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h I_h - \gamma_h I_h \\ I'_f = \beta_f (N_f - I_f) W - \mu_f I_f \\ I'_a = \beta_a (N_a - I_a) (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a I_a - \gamma_a I_a \\ W' = I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w \end{cases} \quad (9)$$

结合系统(5), 可得到系统(9)的极限系统:

$$\begin{cases} I'_h = \beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - I_h \right) (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h I_h - \gamma_h I_h \\ I'_f = \beta_f \left(\frac{\Lambda_f}{\mu_f} - I_f \right) W - \mu_f I_f \\ I'_a = \beta_a \left(\frac{\Lambda_a}{\mu_a} - I_a \right) (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a I_a - \gamma_a I_a \\ W' = I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w \end{cases} \quad (10)$$

令 $u(t) = (I_h, I_f, I_a, W)$, $g(u) = (g_1(u), g_2(u), g_3(u), g_4(u))$, 其中

$$\begin{aligned} g_1(u) &= \beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - I_h \right) (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h I_h - \gamma_h I_h, & g_2(u) &= \beta_f \left(\frac{\Lambda_f}{\mu_f} - I_f \right) W - \mu_f I_f \\ g_3(u) &= \beta_a \left(\frac{\Lambda_a}{\mu_a} - I_a \right) (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a I_a - \gamma_a I_a, & g_4(u) &= I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w \end{aligned}$$

易验证 $g(0) = (0, 0, 0, 0)^T$, 即系统(10)存在一个平凡平衡点 $E_0(0, 0, 0, 0)$, 记原点处的雅可比矩阵为 $D_u g(0)$, 计算可得 $D_u g(0) = M_1$, 由命题 2.1 当 $R_0 > 1$ 时, $s(D_u g(0)) > 0$ 。

定理 3.1 若 $s(M_1) \leq 0$, 则 E_0 是全局渐近稳定的。当 $s(M_1) > 0$, 系统(10)存在唯一全局渐近稳定的正平衡点 $P_+ = (I_h^*, I_f^*, I_a^*, W^*)$ 满足 $g(P_+) = 0$ 。

证明: 类似定理 2.1 的证明可得

$$\Omega_+ = \left\{ (I_h, I_f, I_a, W) \in R_7^+ \mid 0 \leq I_h \leq \frac{\Lambda_h}{\mu_h}, 0 \leq I_f \leq \frac{\Lambda_f}{\mu_f}, 0 \leq I_a \leq \frac{\Lambda_a}{\mu_a}, 0 \leq W \leq \frac{K}{\mu_w} \right\}$$

关于系统(10)是正不变的并且是全局吸引子。即对 $\forall u(0) \in R_+^4$, 系统(10)的解最终会进入 Ω_+ , 因此存在 $L > 0$, $\limsup_{t \rightarrow \infty} \|u(t)\| \leq L < +\infty$, 因此系统(10)的解是最终一致有界的。系统(10)的雅可比矩阵为:

$$D_u g(u) = \begin{bmatrix} C_1 & \beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - I_h \right) \theta_{hf} & 0 & \beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - I_h \right) \theta_{hw} \\ 0 & -\beta_f W - \mu_f & 0 & \beta_f \left(\frac{\Lambda_f}{\mu_f} - I_f \right) \\ 0 & 0 & C_2 & \beta_a \left(\frac{\Lambda_a}{\mu_a} - I_a \right) \theta_{aw} \\ \eta_h & \eta_f & \eta_a & -\mu_w \end{bmatrix}$$

其中

$$C_1 = -\beta_h (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) + \beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - I_h \right) - \mu_h - \gamma_h, C_2 = -\beta_a (W \theta_{aw} + I_a) + \beta_a \left(\frac{\Lambda_a}{\mu_a} - I_a \right) - \mu_a - \gamma_a.$$

在区域 Ω_+ 内, 矩阵 $D_u g(u)$ 除对角线外, 其他元素都为非负, 所以系统(10)为合作系统且是不可约的。又对任意的 $\alpha \in (0, 1)$, 有

$$\begin{aligned} g_1(\alpha u) &= \beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - \alpha I_h \right) \left(\alpha I_f \theta_{hf} + \alpha W \theta_{hw} + \alpha I_h \right) - \mu_h \alpha I_h - \gamma_h \alpha I_h \\ &> \alpha \left[\beta_h \left(\frac{\Lambda_h}{\mu_h} - I_h \right) (I_f \theta_{hf} + W \theta_{hw} + I_h) - \mu_h I_h - \gamma_h I_h \right] = \alpha g_1(u) \\ g_2(\alpha u) &= \beta_f \left(\frac{\Lambda_f}{\mu_f} - \alpha I_f \right) \alpha W - \mu_f \alpha I_f \\ &> \alpha \left[\beta_f \left(\frac{\Lambda_f}{\mu_f} - I_f \right) W - \mu_f I_f \right] = \alpha g_2(u) \\ g_3(\alpha u) &= \beta_a \left(\frac{\Lambda_a}{\mu_a} - \alpha I_a \right) (\theta_{aw} \alpha W + \alpha I_a) - \mu_a \alpha I_a - \gamma_a \alpha I_a \\ &> \alpha \left[\beta_a \left(\frac{\Lambda_a}{\mu_a} - I_a \right) (\theta_{aw} W + I_a) - \mu_a I_a - \gamma_a I_a \right] = \alpha g_3(u) \\ g_4(\alpha u) &= \alpha I_a \eta_a + \alpha I_f \eta_f + \alpha I_h \eta_h - \alpha W \mu_w = \alpha [I_a \eta_a + I_f \eta_f + I_h \eta_h - W \mu_w] = \alpha g_4(u) \end{aligned}$$

即对任意的 $\alpha \in (0, 1)$, $g(\alpha u) > \alpha g(u)$, 因此 $g(u)$ 在 Ω_+ 上是强次线性的。

根据[22]中的推论 3.2, 可以得出系统(10)满足

- 1) 当 $s(M_1) \leq 0$, E_0 是全局渐近稳定的。
2) 当 $s(M_1) > 0$, 系统(10)存在唯一正平衡点 $P_+ = (I_h^*, I_f^*, I_a^*, W^*)$ 满足 $g(P_+) = 0$ 且是全局渐近稳定。□

接下来, 我们探讨系统(1)和系统(10)之间平衡点的关系。由命题 2.1 知, 当 $R_0 \leq 1$ 时, $s(M_1) \leq 0$, 此时系统(1)存在唯一的无病平衡点 P_0 。当 $R_0 > 1$ 时, $s(M_1) > 0$, 系统(1)存在唯一地方病平衡点 $P^* = (S_h^*, I_h^*, S_f^*, I_f^*, S_a^*, I_a^*, W^*)$ 满足 $f(P^*) = f(S_h^*, I_h^*, S_f^*, I_f^*, S_a^*, I_a^*, W^*) = 0$ 。

根据定理 3.1 以及(6)可知, 系统(10)是全局渐近稳定的, 由极限系统理论, 结合定理 2.1、定理 2.2、引理 3.1 可得:

定理 3.2 当 $R_0 \leq 1$ 时, 系统(1)存在唯一的全局渐近稳定的无病平衡点 P_0 。当 $R_0 > 1$ 时, P_0 是不稳定的且系统(1)存在唯一的全局渐近稳定的地方病平衡点 P^* 。

4. 数据拟合与敏感性分析

为验证本文提出的 $S_h I_h S_f I_f S_a I_a W$ 模型(1)的合理性, 选取文献[15]中报道的 2014 年长沙市某农村社区诺如病毒传播事件中的数据开展拟合。结合文献[15]给出的新增病例数, 本研究采用累计病例数进行参数估计, 以更直观地反映诺如病毒传播事件的累积规模。

4.1. 数据来源与初始条件

2014 年 11 月 28 日, 长沙市某村庄出现的诺如病毒传播事件[15]。该村共有居民 643 人, 首例病例出现于 11 月 28 日, 随后病例数波动上升, 至 12 月 3 日达到高峰, 12 月 7 日后趋于平缓。文献[15]提供了每日新增病例数, 本研究通过累加获得累计病例数作为拟合目标序列。初始时刻($t_0 = 0$ 对应 11 月 28 日)各状态变量的设定如表 2。

Table 2. Model initial state values
表 2. 模型初始状态值

状态变量	初始值	来源/依据
$S_h(0)$	642	总人口 643 减去 1 例有症状感染者
$I_h(0)$	1	文献[15]报告的首例病例
$I_f(0)$	1	初始无感染贝类
$I_a(0)$	1	初始无感染家畜
$C(0)$	1	初始累计病例数

4.2. 模型结构

为拟合累计病例数规模, 引入累计病例状态变量 $C(t)$, 表示自诺如病毒传播事件暴发至 t 时刻累计报告的有症状感染者总数, 其导数等于人类有症状感染者的新发感染率。这样, 在模型(1)的基础上, 加入如下方程:

$$\frac{dC}{dt} = \beta_h S_h (I_h + \theta_{hf} I_f + \theta_{hw} W) \quad (11)$$

4.3. 目标函数

设 Y_l 表示由新增病例数据累加得到的累计病例观测值($l = 1, 2, \dots, l$), $C(t; \Theta)$ 为模型(1)与(11)预测的累计病例数。待估计的参数向量为:

$$\Theta = (\beta_h, \theta_{hf}, \theta_{hw}, \beta_f, \beta_a, \theta_{aw}, W_0, \Lambda_h, \mu_h, \Lambda_f, \mu_f, \Lambda_a, \mu_a, \eta_f, \eta_a, \gamma_h, \sigma_f, \gamma_a, \eta_h, \mu_w, S_{f_0}, S_{a_0})$$

其中 W_0, S_{f_0}, S_{a_0} 分别为病毒初始浓度、初始易感贝类、初始易感家畜。采用模型预测值与实际观测数据之间的误差平方和作为数据残差项:

$$L_{\text{data}}(\Theta) = \sum_{t=1}^l [Y_t - C(t; \Theta)]^2,$$

其中 $l=14$, 对应 11 月 28 日至 12 月 1 日共 14 个观测时点。通过最小化 $L(\Theta)$ 求得最优参数估计值 $\hat{\Theta}$:

$$\hat{\Theta} = \arg \min_{\Theta} L(\Theta).$$

4.4. 模型验证指标

采用决定系数(R^2)评估模型的拟合优度, 各指标定义如下:

$$R^2 = 1 - \frac{\sum_{t=1}^l (Y_t - \hat{C}_t)^2}{\sum_{t=1}^l (Y_t - \bar{Y})^2}, \text{MAPE} = \frac{100\%}{l} \sum_{t=1}^l \left| \frac{\hat{C}_t - Y_t}{Y_t} \right|.$$

其中 Y_t 为累计病例观测值, $\hat{C}_t$ 为模型拟合值, $\bar{Y}$ 为观测值的均值。 R^2 越接近 1 表明模型解释数据变异的能力越强, MAPE 越小则预测精度越高。

4.5. 参数估计结果与讨论

利用 Matlab 中的 lsqnonlin 函数, 利用表 2 中模型状态变量的初值, 对累计病例数据进行拟合; 拟合参数如表 3, 对应拟合曲线如图 2 所示。

Table 3. Estimated parameters of model (1) and (11)

表 3. 模型(1)和(11)参数估计值

参数	取值	参数	取值	参数	取值
Λ_h	7.3257×10^{-4}	Λ_f	4.2996×10^{-5}	Λ_a	4.2004×10^{-3}
μ_h	4.0098×10^{-3}	μ_f	1.6463×10^{-6}	μ_a	3.7665×10^{-5}
β_h	1.0369×10^{-3}	μ_w	8.0677×10^{-2}	η_h	1.0375
β_a	2.7027×10^{-2}	γ_a	1.5688	η_f	2.3193×10^{-4}
β_f	8.1355×10^{-3}	γ_h	2.2288	η_a	8.4645×10^{-3}
σ_f	7.8082×10^{-1}	θ_{hw}	1.5435×10^{-6}	θ_{aw}	4.7699×10^{-1}
θ_{hf}	9.7209×10^{-1}	W_0	2.0906×10^{-2}	$S_f(0)$	150
$S_a(0)$	543				

通过计算可得, 模型的拟合优度为 $R^2 = 0.998$, 十分接近 1, 表明模型能够解释 99.8% 的数据变异, 整体拟合效果良好。RMSE = 2.8596, MAE = 2.1958, MAPE = 13.57%, RMSE 与 MAE 数值较小, 代表模型预测累计病例与真实观测值之间绝对误差水平较低; MAPE 仅为 13.57%, 相较于同类传染病拟合结果处于较优区间, 证明模型具备良好的预测性能。此外, 结合表 3 中的参数, 我们得到 $R_0 = 2.02$, 与文献[15]在社区模型中估算的基本再生数基本一致, 它说明在无干预条件下, 诺如病毒具备持续传播能力, 能够引发聚集性暴发, 形成地方病。上述指标综合验证了模型结构的合理性和参数估计的有效性。

4.6. PRCC 参数敏感分析

为定量评价各关键参数对基本再生数 R_0 的影响方向与影响强度，采用基于拉丁超立方抽样的偏秩相关系数(PRCC)开展敏感性分析。对模型中全部 19 个流行病学参数，在基准值的[0.5, 1.5]范围内进行扰动，共生成 500 组样本计算 PRCC，结果如图 3 所示。PRCC 的符号代表参数对 R_0 的作用方向，绝对值大小代表参数的敏感程度。

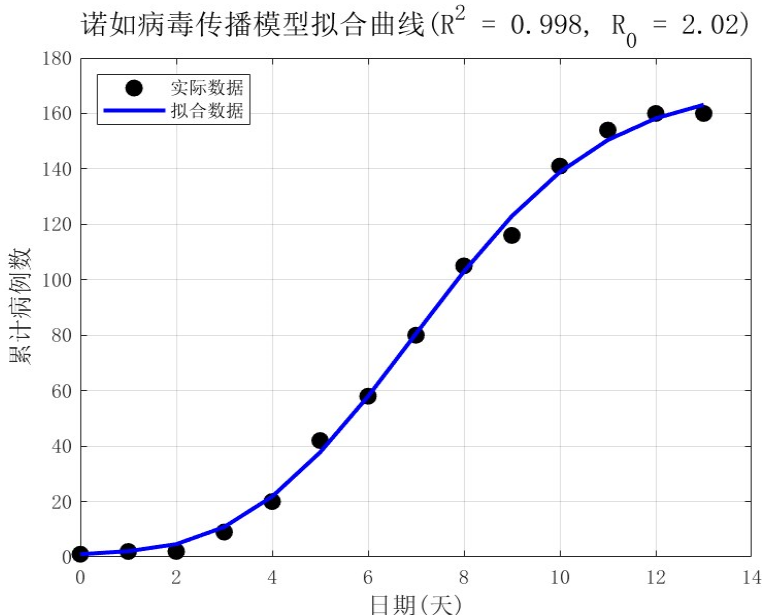


Figure 2. Norovirus outbreak fitting
图 2. 诺如病毒暴发模型拟合

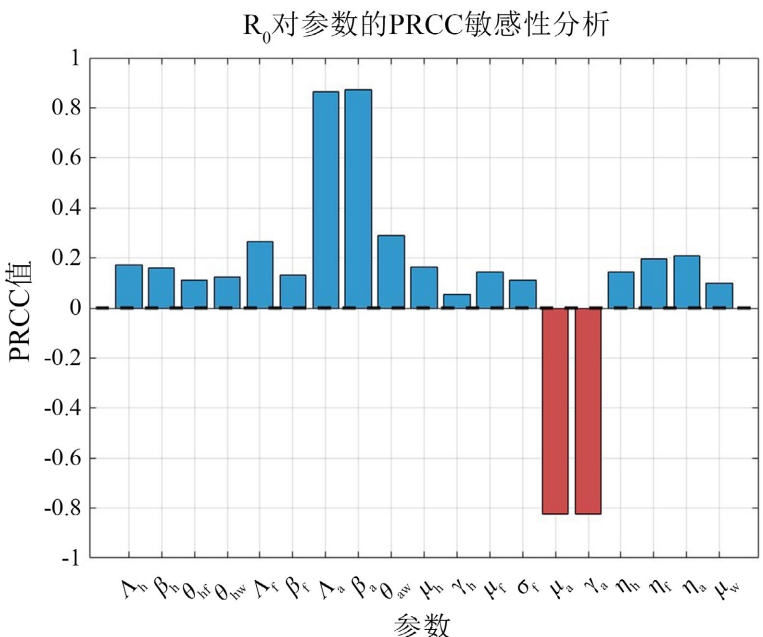


Figure 3. PRCC sensitivity analysis of parameters for R_0
图 3. R_0 对参数的 PRCC 敏感性分析

所有上方柱状图对应的参数均对 R_0 存在正向驱动作用。家畜传播系数 β_a (PRCC = 0.8728) 与家畜种群输入率 Λ_a (PRCC = 0.8637) 拥有最高 PRCC 值, 是影响 R_0 的核心驱动参数, 说明与家畜相关的传播途径对诺如病毒的传播起到了决定性作用。其次, 家畜向水体传播系数 θ_{aw} 、贝类种群输入率 Λ_f 同样表现出较强正向敏感性。与之相比, 人际传播参数 Λ_h 、 β_h 、人-贝类、人-水体交叉传播参数 θ_{hf} 、 θ_{hw} 的 PRCC 数值明显偏低, 意味着人际直接传播对传播潜力的贡献弱于家畜相关传播。下方柱状图对应的参数与 R_0 呈显著负相关。仅有家畜自然死亡率 μ_a (PRCC = -0.8226) 与家畜恢复率 γ_a (PRCC = -0.8244), 二者负向影响强度较高, 说明提高家畜康复速率、降低家畜存活时间能够有效压低基本再生数, 进一步印证家畜宿主在传播系统中的关键地位。人类恢复率 γ_h 无统计学显著敏感性, 说明单纯依靠加快感染者康复、落实人群隔离措施, 对降低整体传播风险的作用有限。

综上, 家畜是决定诺如病毒传播的最大宿主, 防控工作应当优先聚焦家畜源头管控, 降低家畜间传播概率, 强化养殖场粪污无害化处理, 阻断家畜向水环境释放病毒; 同时兼顾贝类媒介管控, 完善水体污染监测。传统以人群干预为核心的防疫手段难以从根本上削弱病毒传播潜力, 需要构建兼顾动物宿主、环境媒介与人的一体化防控体系。

5. 数值模拟

为验证前文理论分析中平衡点稳定性结论的正确性, 本节将采用数值模拟方法对模型(1)的动力学行为进行实证验证。选取两组典型参数值, 分别满足无病平衡点稳定条件 $R_0 < 1$ 与地方病平衡点稳定条件 $R_0 > 1$, 开展对比模拟实验, 具体参数取值如表 4 与表 5 所示。

Table 4. Parameter values for $R_0 < 1$

表 4. $R_0 < 1$ 参数取值

参数	取值	参数	取值	参数	取值
Λ_h	0.5	Λ_f	0.5	Λ_a	0.1
μ_h	0.1	μ_f	0.1	μ_a	0.2
β_h	0.15	μ_w	0.025	η_h	0.008
β_a	0.05	γ_a	0.022	η_f	0.004
β_f	0.01	γ_h	0.02	η_a	0.015
θ_{hf}	0.05	θ_{hw}	0.03	θ_{aw}	0.42

Table 5. Parameter values for $R_0 > 1$

表 5. $R_0 > 1$ 参数取值

参数	取值	参数	取值	参数	取值
Λ_h	20	Λ_f	12	Λ_a	10
μ_h	0.1	μ_f	0.1	μ_a	0.015
β_h	0.005	μ_w	0.025	η_h	0.008
β_a	0.05	γ_a	0.022	η_f	0.004
β_f	0.08	γ_h	0.002	η_a	0.03
θ_{hf}	0.06	θ_{hw}	0.035	θ_{aw}	0.42

由表 4 知, $R_0 \approx 0.7348 < 1$, 对应的解曲线为图 4, 由表 5 知, $R_0 \approx 474.7215 > 1$, 对应的解曲线为图 5。

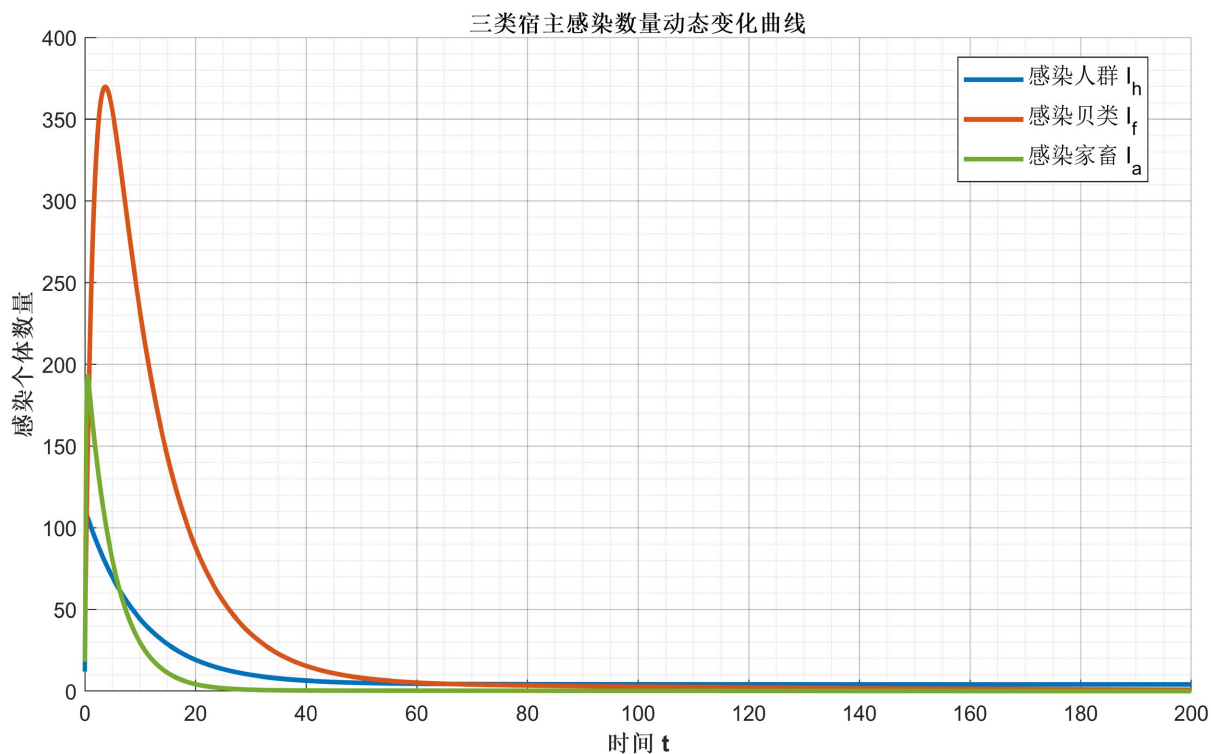


Figure 4. Solution curves at $R_0 \approx 0.7348 < 1$

图 4. $R_0 \approx 0.7348 < 1$ 模型的解曲线

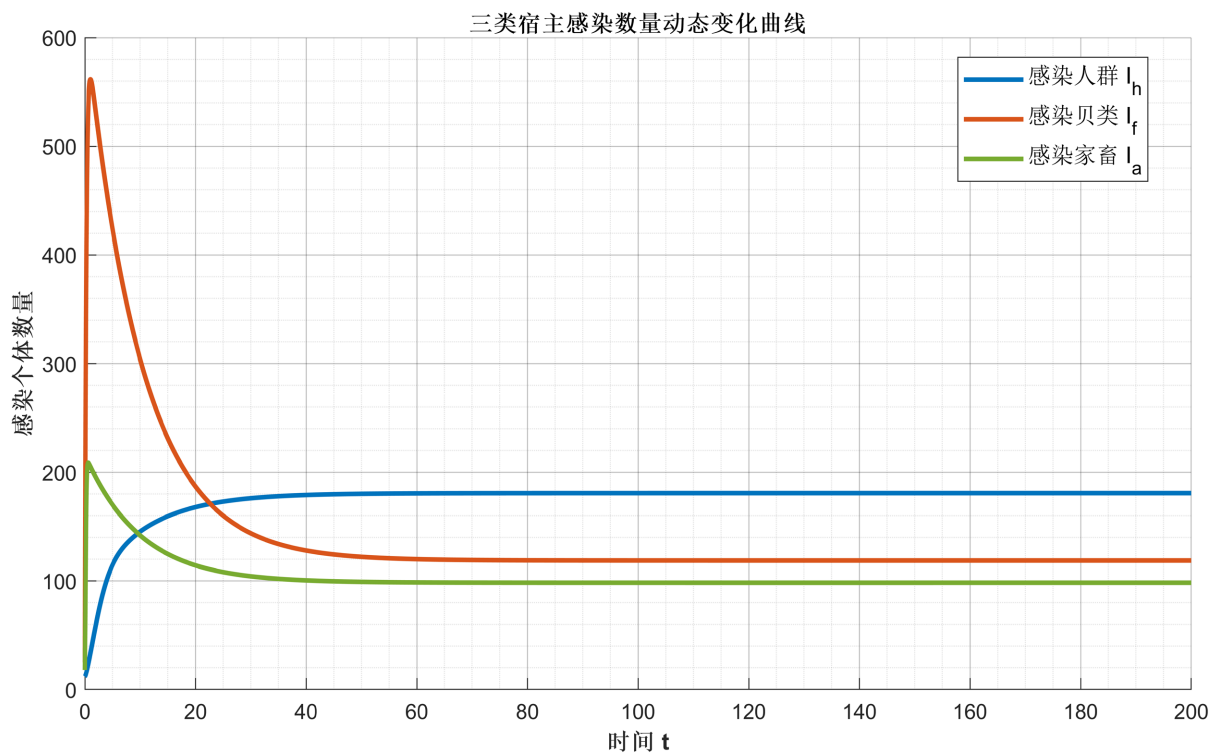


Figure 5. Solution curves at $R_0 \approx 474.7215 > 1$

图 5. $R_0 \approx 474.7215 > 1$ 模型的解曲线

图 4 展示了感染人群、感染贝类与感染家畜数量随时间的变化趋势。可以看出, 随着时间推移, 感染人群、感染贝类与感染家畜的数量均呈现快速衰减的趋势, 最终趋于零, 表明在该组参数下, 疾病能够被有效控制并消除, 无病平衡点是全局渐近稳定的。

图 5 则呈现了各类人群的演化过程。可以观察到, 感染人群、感染贝类与感染家畜的数量在初期均出现不同程度的波动, 随后逐渐趋于一个非零的稳定值, 系统最终收敛于地方病平衡点。这一结果说明, 在该参数组合下, 疾病将长期存在于人群中, 无法被完全清除, 模型存在稳定的地方病平衡点。

对比两组模拟结果可以发现, 参数取值的差异对系统的平衡点类型与长期行为具有决定性影响: 当疾病传播相关参数控制在一定范围内时, 系统可收敛于无病平衡点, 实现疾病的消除; 反之, 当传播强度超过临界值时, 系统将演化为地方病状态, 疾病在人群中持续流行。这一结论也验证了模型理论分析中关于平衡点稳定性的结论, 为后续的防控策略设计提供了数值依据。

6. 结论与局限性

本文聚焦诺如病毒“人类-贝类-家畜-水源”的多主体循环传播特性, 在整合国内外相关研究成果的基础上, 突破传统单一宿主或传播途径的建模局限, 构建了诺如病毒动力学模型, 刻画了各传播主体的状态转化规律。利用下一代矩阵方法计算得到基本再生数 R_0 , 验证了阈值定理: 当 $R_0 < 1$ 时, 系统仅存在全局渐近稳定的无病平衡点, 意味着诺如病毒传播可被有效控制并逐步消亡; 当 $R_0 > 1$ 时, 无病平衡点失稳, 系统存在唯一全局渐近稳定的地方病平衡点, 提示病毒将在群体中形成持续传播。

全局 PRCC 敏感性分析表明, 家畜传播系数 β_a 、家畜种群输入率 Λ_a 对基本再生数具有最强正向驱动作用, 家畜恢复率 γ_a 、家畜自然死亡率 μ_a 表现出显著负向调控效应; 相较之下, 传统关注的人际传播相关参数敏感性偏弱, 人类恢复率甚至不存在统计学显著影响。基于上述结果, 防控策略可以采用分层防控思路, 首先, 优先管控家畜源头, 推进养殖场粪污无害化处理, 减少病毒向水环境输入; 其次, 强化贝类养殖监测与净化管理, 阻断贝类生物富集介导的传播途径; 最后, 对于人群卫生清洁可以作为辅助防控手段。

尽管我们在诺如病毒传播的研究中取得了一定进展, 但模型构建仍存在一定的局限性。具体而言, 模型未考虑人类的免疫波动、时变接触率、季节因素等现实因素。后续我们将引入时变参数、免疫仓室, 结合实际流行病学数据开展参数拟合, 优化模型, 为诺如病毒的预防提供更加有效的理论依据。

基金项目

重庆理工大学研究生教育高质量发展行动计划资助成果(ycx2026245)。

参考文献

- [1] 祝媛钊. 多场景下诺如病毒暴发疫情的传播动力学特征及干预措施效果评估研究[D]: [硕士学位论文]. 厦门: 厦门大学, 2022.
- [2] 汤巧雨, 高玺玉, 宋杨, 等. 2007-2021 年我国诺如病毒急性胃肠炎暴发疫情流行特征及影响因素分析[J]. 中华流行病学杂志, 2023, 44(5): 751-758.
- [3] 史方, 周毅, 刘茂华, 等. 诺如病毒感染的传播动力学研究[J]. 中国国境卫生检疫杂志, 2015, 38(6): 413-418.
- [4] 秦海燕, 侯强. 具有非线性发生率的诺如病毒传播动力学模型分析[J]. 河北科技大学学报, 2021, 42(2): 127-134.
- [5] 孙春云, 谢显清, 刘渠, 等. 深圳市龙岗区诺如病毒感染性腹泻聚集性疫情流行动力特征[J]. 疾病监测, 2019, 34(4): 332-337.
- [6] 许玉成, 周志峰, 赵梦蓝, 等. 深圳市福田区学校诺如病毒感染性疫情经济负担评估和停课措施的卫生经济学评价[J]. 现代预防医学, 2019, 46(17): 3151-3156.
- [7] 韦懿芸, 刘锋. 基于动力学模型的北京市某大学诺如病毒暴发疫情流行趋势和防控效果分析[J]. 传染病信息,

- 2025, 38(1): 76-82.
- [8] 俞国龙, 陈田木, 祝媛钊, 等. 基于动力学模型的诺如病毒性腹泻暴发疫情防控措施效果分析[J]. 疾病监测, 2021, 36(12): 1312-1318.
 - [9] 张越, 毕若萌, 马建新, 等. 基于动力学模型对北京市一起水源性诺如病毒暴发疫情防控措施的效果分析[J]. 疾病监测, 2023, 38(8): 1007-1013.
 - [10] 来远为, 汪金燕. 基于传染病动力学模型的诺如病毒疫情防控措施定量分析[J]. 高师理科学刊, 2024, 44(8): 44-49.
 - [11] Ain, Q.T., Qiang, X., Rao, Y., Shi, X., Kosari, S. and Kou, Z. (2024) Extinction Dynamics and Equilibrium Patterns in Stochastic Epidemic Model for Norovirus: Role of Temporal Immunity and Generalized Incidence Rates. *Fractal and Fractional*, **8**, Article No. 586. <https://doi.org/10.3390/fractalfract8100586>
 - [12] Song, Y., Liu, P. and Din, A. (2024) A Novel Stochastic Model for Human Norovirus Dynamics: Vaccination Impact with Lévy Noise. *Fractal and Fractional*, **8**, Article No. 349. <https://doi.org/10.3390/fractalfract8060349>
 - [13] Ji, J., Ahmed, S. and Wang, H. (2025) A Hybrid Approach to Study and Forecast Climate-Sensitive Norovirus Infections in the USA. *Journal of Theoretical Biology*, **598**, Article ID: 112007. <https://doi.org/10.1016/j.jtbi.2024.112007>
 - [14] Ndendya, J.Z., Mwasunda, J.A. and Mbare, N.S. (2025) Modeling the Effect of Vaccination, Treatment and Public Health Education on the Dynamics of Norovirus Disease. *Modeling Earth Systems and Environment*, **11**, Article No. 150. <https://doi.org/10.1007/s40808-025-02326-x>
 - [15] Chen, T., Gu, H., Leung, R.K., Liu, R., Chen, Q., Wu, Y., *et al.* (2016) Evidence-Based Interventions of Norovirus Outbreaks in China. *BMC Public Health*, **16**, Article No. 1072. <https://doi.org/10.1186/s12889-016-3716-3>
 - [16] Smith, H.L. and Waltman, P. (1995) The Theory of the Chemostat: Dynamics of Microbial Competition. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/cbo9780511530043>
 - [17] 吕贵臣, 陆征一. 高维系统稳定性的几何判据[M]. 北京: 科学出版社, 2019.
 - [18] 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)
 - [19] Kiss, I.Z., Green, D.M. and Kao, R.R. (2006) The Effect of Contact Heterogeneity and Multiple Routes of Transmission on Final Epidemic Size. *Mathematical Biosciences*, **203**, 124-136. <https://doi.org/10.1016/j.mbs.2006.03.002>
 - [20] Ma, Z. and Li, J. (2009) Dynamical Modeling and Analysis of Epidemics. World Scientific.
 - [21] Chavez, C.C., Feng, Z. and Huang, W. (2002) On the Computation of and Its Role on Global Stability. In: Castillo-Chavez, C., Blower, S., van den Driessche, P., Kirschner, D. and Yakubu, A.-A., Eds., *Mathematical Approaches for Emerging and Reemerging Infectious Diseases: An Introduction (Minneapolis, MN, 1999)*, Vol. 125 of *IMA Volumes in Mathematics and Its Applications*, Springer, 229-245.
 - [22] Zhao, X.-Q. and Jing, Z.-J. (1996) Global Asymptotic Behavior in Some Cooperative Systems of Functional Differential Equations. *Canadian Applied Mathematics Quarterly*, **4**, 421-444.