

基于催化模型和 SEIR 模型对乙肝病毒传染建立的数学模型

摘要

乙型病毒性肝炎（简称乙肝）是我国的主要传染病之一，是一种病毒性传染病，引起肝脏损害，造成急性和慢性疾病。目前我国主要的预防措施是：新生儿乙肝疫苗预防接种。接种乙肝疫苗后约 85%左右的人群将获得终身免疫力，不会再被乙肝病毒感染。此外，目前我国主要的治疗措施是：抗病毒治疗。经过治疗后，有一定几率可以痊愈。基于此，我们对乙肝病毒传播建立模型并进行分析。

针对本题中第一问的要求，我们认为感染力即年新感染率。利用简单催化模型对 1992 年新感染率与年龄进行拟合，但效果不好。因此，我们将感染率与年龄相联系，建立了优化的催化模型，对年新感染率与年龄进行拟合得到关系式： $y = -0.073345(1 - e^{0.0001485t+0.19088\ln(1+t)+1.59027})$ 。

针对本题中第二问的要求，需要建立 SEIR 传染病模型，并进行分析。但是由于仅有三年的数据，我们对其进行拉格朗日插值处理。并通过递推公式拟合，确定了各个年龄段的阴转率，并建立阴转率与年龄关系模型： $y = 0.20176(1 - e^{-0.01584t+0.19088\ln(1+t)+1.59027})$ 。

针对本题中第三问的要求，依旧建立 SEIR 模型，并进行优化，引入死亡者的模型，对阳性率进行预测。

针对本题中第四问的要求，对 SEIR 模型进行优化，考虑引入疫苗接种对 SEIR 的模型影响，对阳性率进行预测。并与未接种疫苗做对比，与新生儿疫苗接种率进行相关性分析，其存在中等相关程度。

针对本题中第五问的要求，对 SEIR 模型进行优化，考虑就诊与治疗的影响。将治愈率进行改进，部分患者治愈率提高，对阳性率进行预测。

关键词：简单催化模型 拉格朗日插值法 SEIR 模型 非线性拟合 递推公式拟合

一 问题重述

1.1 问题背景

乙型病毒性肝炎（简称乙肝）是我国的主要传染病之一，是一种病毒性传染病，引起肝脏损害，造成急性和慢性疾病。病毒的是通过接触受感染的血液或其他体液而传染，而不是日常接触。儿童早期感染后，约有 25%在成年时会发展成为慢性感染，并最终死于肝癌或肝硬化。[1]乙肝严重危害我国人民健康、阻碍社会发展、给国家造成了巨大的疾病负担。乙肝的防治仍然是一个严重的公共卫生问题，也是一个需要优先解决的重大健康问题。

但是，对于乙肝的防治并非无解。目前我国主要的预防措施是：新生儿乙肝疫苗预防接种。另外，也有部分青少年和成人补充接种乙肝疫苗。接种乙肝疫苗后约 85%左右的人群将获得终身免疫力，不会再被乙肝病毒感染。此外，目前我国主要的治疗措施是：抗病毒治疗。经过治疗后，有一定几率可以痊愈。

二 问题分析

2.1 问题的分析

根据题目的背景，题目要求建立数学模型解决以下五个问题：

Question1:

利用催化模型，估计 1992 年我国乙肝病毒的感染力，即乙肝病毒年新感染率与年龄的关系。

Question2:

构建具有年龄结构的乙肝传播动力学模型，估计我国乙肝表面抗原（HBsAg）慢性携带者的年阴转率与年龄的关系。

Question3:

进一步预测我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率与时间的关系，预测什么时间我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率将降到 2%以下。

Question4:

定量评价新生儿预防接种乙肝疫苗对我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率流行趋势的影响，即新生儿接种率与乙肝抗原阳性率的相关性。

Question5:

估计扩大检测和治疗范围对我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率流行趋势的影响，讨论最佳检测和治疗方案。

三 模型基本假设与合理性说明

假设一： 病毒的感染力，即年新增阳性率，对于不同年龄的人有区别，但不随时间的变化而变化。

假设二： 所有人在未注射疫苗、未接触过病毒的情况下都是易感人群。

假设三： 假设年龄分布为均匀分布，取年龄段中点进行计算。

四 符号说明

表 1 符号说明

符号	基本说明
w	年新增感染率
k	引入修正系数
S	易感人群数
E	潜伏人群数
I	感染人群数
R	康复者数量（含有抗体）
N	总人群数
r	接触感染者数量
C, β	病毒传播系数
γ	阴转率

σ	病毒感染系数
D	死亡人群
H,F, θ ϵ	接种疫苗阳性率
Q	未接种疫苗感染人数
T	时间
ϵ	死亡率
θ	新生儿接种疫苗率
ϵ	接种疫苗有效率
δ	新生儿出生率

五 基于简单催化模型的建立——问题一

5.1 建模思路

假设易感人群为 100%，在任意 t 时刻，有 y 为感染者，则剩余 (1-y) 为易感人群，这些易感人群以年新感染率 r 为频率，继续变为感染者。

可以用如下公式表示：

$$\frac{dy}{dt} = w(1 - y) \quad (1)$$

边界条件 t=0, y=0.

由于实际情况中，病毒不可能感染全部的人，其一定是一个小于 1 的数，故，引入一个系数 k，实际解得微分方程为：

$$y = k(1 - e^{-wt}) \quad (2)$$

公式(2)即为简单催化模型。

5.2 建模准备

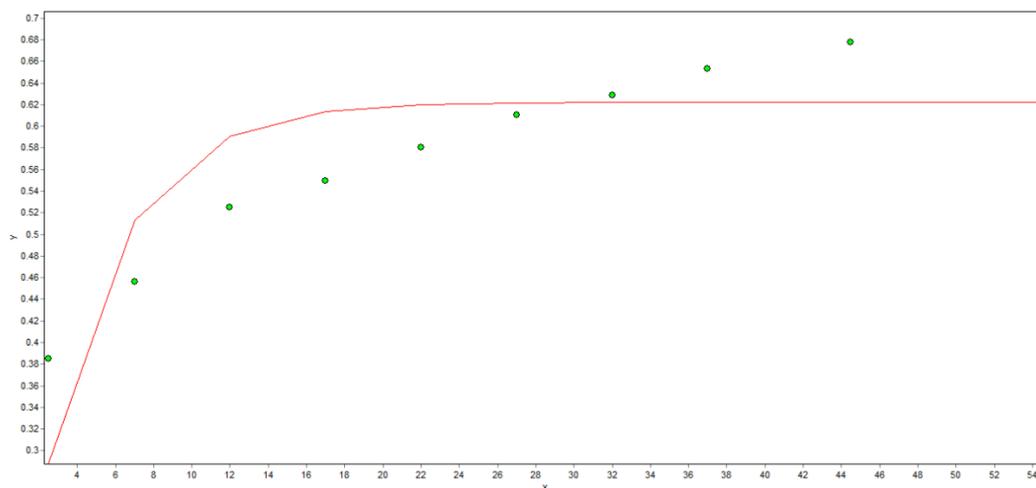
5.2.1 关键问题的转化

病毒的感染力实际上即易感人群接触病毒之后被感染的概率。当易感人群接触病毒之后，其 HBsAg（乙肝病毒表面抗原）呈阳性，感染病毒之后其 HBV 病毒量也呈阳性。故，所给数据中 HBV（+）即我国 1992 年各个年龄段的病毒

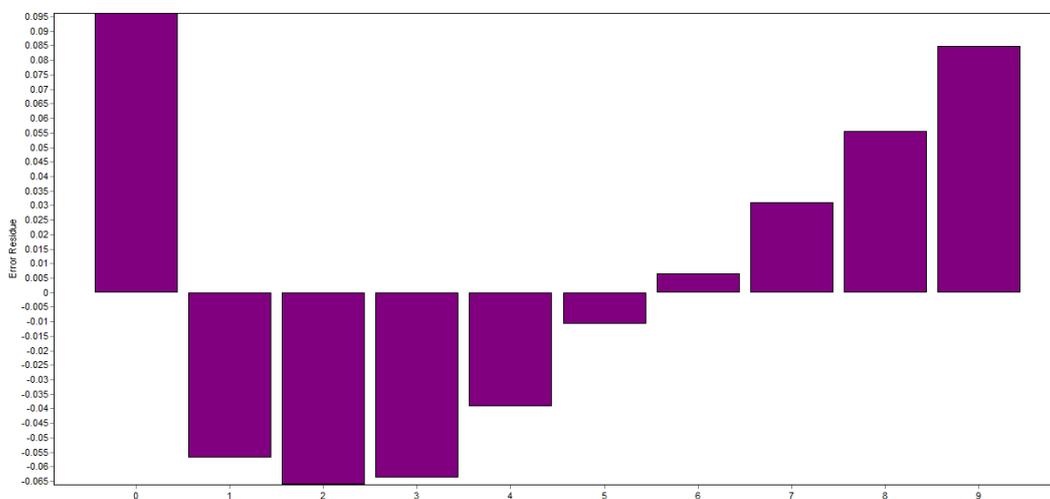
感染力。

即在催化模型中变量 y 即为 HBV 病毒阳性率, t 为年龄阶段, 需要根据所给数据对 $y-t$ 进行拟合。

5.2.3 简单催化模型的计算结果



(a)



(b)

图 1 (a)简单催化模型计算结果 (b)简单催化模型误差残差图

从图中可以看出, 简单催化模型计算结果与实际出入较大, 从实际输出结果及拟合优度检验来看, 相关系数平方仅有 0.68108, 因此, 需要对此模型进行优化。

表 2 简单催化模型计算结果输出及拟合优度检验

计算输出	
迭代数	24
均方差	0.5822
残差平方和	0.03897
相关系数	0.82528
相关系数平方 (R^2)	0.68108
决定系数	0.63107
F 统计	21.6279
参数	最佳估算
k	0.62177
r	0.24920

5.3 建立优化过的简单催化模型模型

在上述模型建立过程中，我们认为 w ，即年新增感染率，与年龄无关是一个定值。但在实际临床中，由于抵抗力的不同， w 与年龄是具有相关性的，即：

$$w = f(t), \quad \frac{dy}{dt} = kf(t)(1 - y). \quad (3)$$

下面用一些常用函数给出改进后的催化模型：

表 3 改进后催化模型

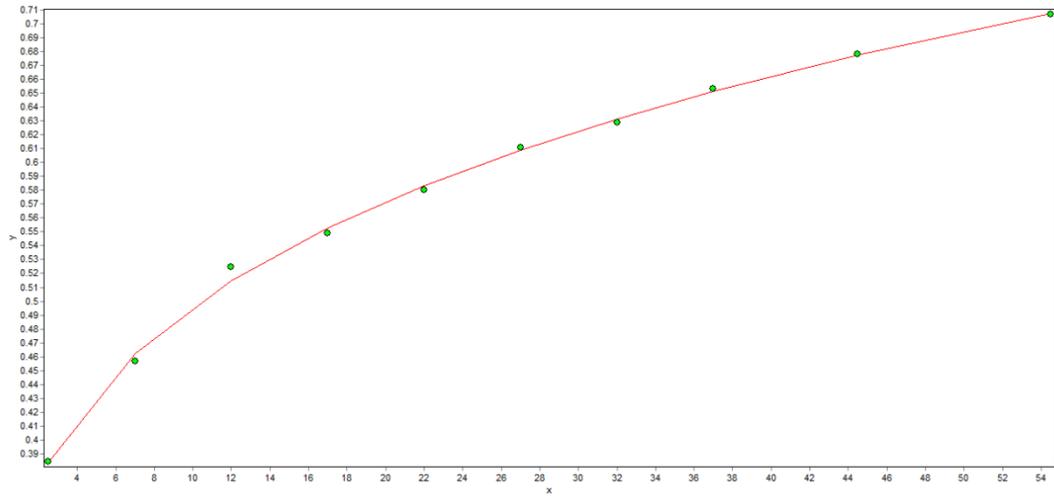
序号	$f(t)$	$y(t)$
1	$f(t) = at + b$	$y = k(1 - e^{mx^2+nx+p})$
2	$f(t) = a + \frac{b}{1+t}$	$y = k(1 - e^{mt+n\ln(1+t)+p})$
3	$f(t) = ae^{bt}$	$y = k(1 - e^{m(1-e^{nt})})$

5.3.1 改进后催化模型的求解

表 4 改进后催化模型求解

序号	R^2
1	0.993994
2	0.998133
3	0.618072

利用 1stopt 软件进行数据拟合后，比较三种模型，发现当年龄与年新增感
染率呈双曲关系是，符合度最好。



(a)



(b)

图 2 (a)双曲催化模型拟合结果 (b)双曲催化模型误差残差图

可以看到，双曲线关系型改进催化模型对数据的符合度高，拟合效果较好，

下面是输出参数：

表 5 双曲线型优化催化模型计算结果输出及拟合优度检验

计算输出	
迭代数	31
均方差	0.004136
残差平方和	0.000171
相关系数	0.999066

相关系数平方 (R^2)	0.998133
决定系数	0.998133
F 统计	1071.5278

参数	最佳估算
k	-0.073345
m	0.0001485
n	0.19088
p	1.59027

5.3.2 结果分析

经过对简单催化模型的改进之后，双曲线关系型改进催化模型对数据的符合度高，拟合效果较好，因此，1992 年我国乙肝病毒感染力与年龄关系曲线为：

$$y = -0.073345(1 - e^{0.0001485t+0.19088\ln(1+t)+1.59027}) \quad (4)$$

六 基于 SEIR 模型求解阴转率——问题二

6.1 建模思路

传染病中人群分类：



图 3 SEIR 模型人群分类

SEIR 模型是传染病模型的一种，一般将传染病流行范围内的人群分为以下几类：

- (1) S 类，易感者 (Susceptible)，指未得病者，但缺乏免疫能力，与感染者接触后容易受到感染；

(2) E 类，暴露者 (Exposed)，指接触过感染者，但暂无能力传染给其他人的，对潜伏期长的传染病适用，在本模型中即为 HBsAg(+) 的人群；

(3) I 类，感病者 (Infectious)，指染上传染病的人，可以传播给 S 类成员，将其变为 E 类或 I 类成员，本模型中指 HBV(+) 的人群；

(4) R 类，康复者 (Recovered)，指被隔离或因病愈而具有免疫力的人。如免疫期有限，R 类成员可以重新变为 S 类。

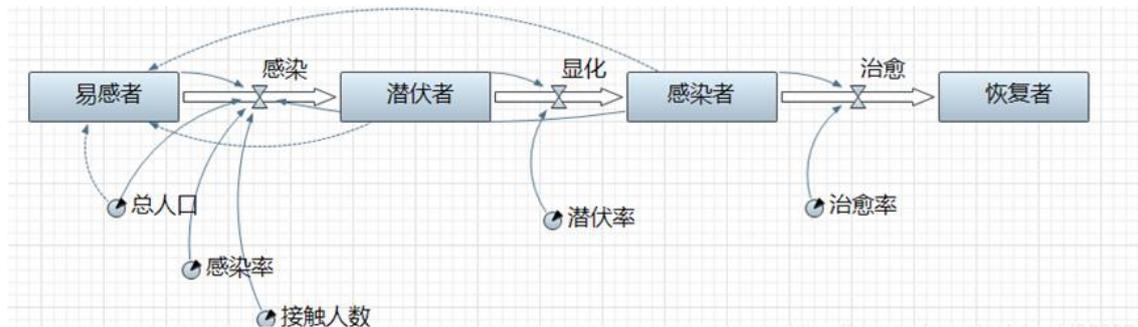


图 4 SEIR 模型转移图

根据 SEIR 模型，用下列非线性常微分方程来描述病毒在群体内的传播：

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{r\beta IS}{N} \\ \frac{dE}{dt} = \frac{r\beta IS}{N} - \sigma E \\ \frac{dI}{dt} = \sigma E - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} \quad (5)$$

该微分方程组可以写成递推公式的形式：

$$\begin{cases} S_n = S_{n-1} - \frac{r\beta I_{n-1} S_{n-1}}{N} \\ E_n = E_{n-1} + \frac{r\beta I_{n-1} S_{n-1}}{N} - \sigma E_{n-1} \\ I_n = I_{n-1} + \sigma E_{n-1} - \gamma I_{n-1} \\ R_n = R_{n-1} + \gamma I_{n-1} \end{cases} \quad (6)$$

6.2.1 关键问题的转化

在这个模型中，我们要求得的为阴转率 γ ，在第一问中我们已经求得了 1992 年的 σ ，即 w 可以近似用 w 来代替 σ 进行求解。

6.2.2 数据预处理

通过对 1992 年，2006 年以及 2014 年的 HBsAg(+)进行拉格朗日插值处理，可以求得不同年份下的，不同年龄段的 E 和 I 的人数。

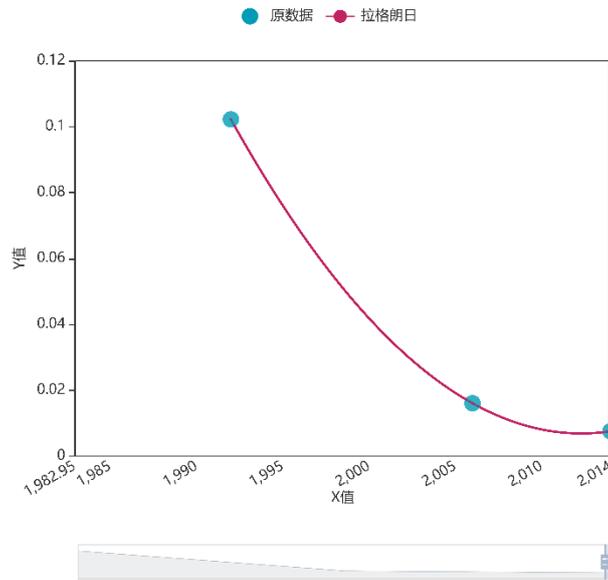


图 5 插值效果图

6.2.3 结果

根据(6)中第三个递推公式进行拟合，可以求得不同年龄段下的阴转率，然后再对阴转率和年龄进行拟合。

表 6 不同年龄段的阴转率

年龄段	γ
1-4	0.1596
5-9	0.1497
10-14	0.1087
15-19	0.09765
20-24	0.09544
25-29	0.08762
30-34	0.08543
35-39	0.08223
40-49	0.07998
50-59	0.07843
Average	0.102478

可以明显看出阴转率随年龄增大而增大，平均年阴转率为 0.102478。对上述数据进行拟合：

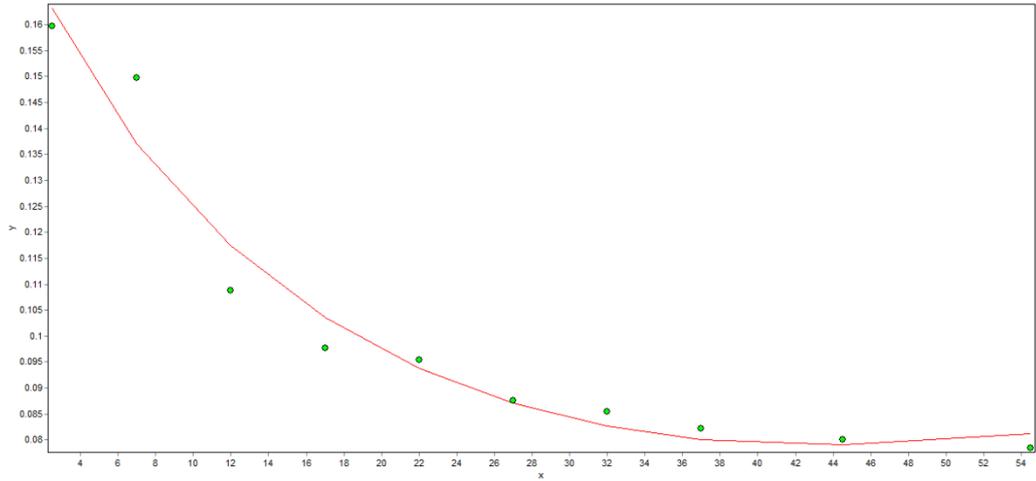


图 6 阴转率与年龄拟合图

6.6 结果分析及检验

平均阴转率经计算为 0.102478，与文献值 8%-10%较为接近。对于阴转率与年龄的函数关系式如下：

$$y = 0.20176(1 - e^{-0.01584t + 0.19088\ln(1+t) + 1.59027}) \quad (7)$$

表 7 年阴转率与年龄计算结果输出及拟合优度检验

计算输出	
迭代数	26
均方差	0.005529
残差平方和	0.000306
相关系数	0.979706
相关系数平方 (R^2)	0.959825
决定系数	0.959825
F 统计	49.78181
参数	最佳估算
k	0.20176
m	-0.01584
n	0.70978
p	-2.50196

七 基于 SEIR 的优化改进模型——问题三

7.1 建模思路

为预测我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率的流行趋势及阳性率下降至 2% 以下所需时间，我们将采用 SEIR 模型，建立乙肝病毒在群体中传播时，Susceptible(易感者)，Exposed(潜伏者)，Infected(感染者)，Removed(康复者)四类群体的人口数量随时间变化的关系。

7.2 建模准备

7.2.1 关键问题的转化

问题（3）要求利用问题（2）的模型和估计的参数等，进一步预测我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率的流行趋势，并预测我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率将降到 2% 以下的时间。则我们将我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率转化为数学表达式： $\frac{E+I}{N}$ （即潜伏者人数和感染者人数相加后，除以总人数）。

7.2.2 数据预处理

通过题目中给的 1992 年的总测试和 HBsAg（+）人数及 HBsAg（+）和 HBV（+）的比率，计算出 Infected(感染者)为 3549 人，Exposed(潜伏者)为 2449 人。

7.3 建立 SEIR 模型

7.3.1 决策变量的确定

记易感者人数为 S_i ，记潜伏者人数为 E_i ，记感染者人数为 I_i ，记康复者人数为 R_i ，记时间为 T ，记接种疫苗的为 F ，其中 i 表示第 i 天 ($i=1,2,3,\dots$)。

7.3.2 目标函数的确定

由于题目要求给出对于我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率的流行趋势的

预测和我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率将降到 2%以下的时间的预测。所以需要求得 Exposed(潜伏者), Infected(感染者)的人数。

根据 SEIR 模型, 用下列递推公式来描述病毒在群体内的传播。

$$\begin{cases} S_n = S_{n-1} - \frac{r\beta I_{n-1} S_{n-1}}{N} \\ E_n = E_{n-1} + \frac{r\beta I_{n-1} S_{n-1}}{N} - \sigma E_{n-1} \\ I_n = I_{n-1} + \sigma E_{n-1} - \gamma I_{n-1} \\ R_n = R_{n-1} + \gamma I_{n-1} \\ D_n = D_{n-1} + \varepsilon I_{n-1} \end{cases} \quad (8)$$

7.3.3 关键要素的确定

关键要素一：易感者与患病者有效接触即变为暴露者，暴露者经过平均潜伏期后成为患病者，患病者可被治愈成为康复者，康复者终身免疫不再易感。

关键要素二：以一天作为模型的最小时间单元。

关键要素三：总人数为 N，不考虑人口的出生与死亡，迁入与迁出，此总人数不变。

7.4 计算步骤

Step 1:根据 1992 年所给数据, 设置 S(易感染者)、E (潜伏者)、I (传染者)、R (治愈者) D (死亡者) 以及感染率、死亡率、康复率等变量参数

Step 2:进行 for 循环, 在 if-else 判断 (判断阳性率是否小于 2%) 的基础上, 在 else 内进行 SEIR 模型迭代

Step 3:为求出阳性率小于 2%的时间, 设置一变量 n, 当 SEIR 迭代一次时, n 也随之增加一次,n 即为天数

Step 4:程序进行运行, 当阳性率小于 2%时, 循环结束, 将 n 赋值于 m

Step 5:n/365,利用取整函数 ceil(),计算阳性率降到 2%时的年份。

7.5 计算结果

由 matlab 运行计算可得, 在第 6254 天, 即 2010 年时, 阳性率可达到 2%以下。

7.6 结果分析及检验

由题目所给 1992 年, 2006, 2014, 初步判断 2010 年阳性率降到 2%合理, 跟据国家统计局及其他机构文献统计的数据, 我们所算得在 2010 年 HBsAg 阳性率降低到 2%以下得结果正确且合理。

八 基于 SEIR 的优化改进模型——问题四

8.1 建模思路

为定量评价新生儿预防接种乙肝疫苗对我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率流行趋势的影响, 我们将采用 SEIR 模型, 建立乙肝病毒在群体中传播时, Susceptible(易感者), Exposed(潜伏者), Infected(感染者), Removed(康复者)四类群体的人口数量随时间变化的关系。

8.2 建模型准备

8.2.1 关键问题的转化

问题 (4) 要求利用附录 2 等数据, 评价新生儿预防接种乙肝疫苗对我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率流行趋势的影响。则我们将我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率转化为数学表达式: (即潜伏者人数和感染者人数相加后, 除以总人数)。

8.2.2 数据预处理

通过题目中给的 1992 年的总测试和 HBsAg (+) 人数及 HBsAg (+) 和 HBV(+)的比率, 计算出 Infected(感染者)为 3549 人, Exposed(潜伏者)为 2449 人。

8.3 建立 SEIR 模型

8.3.1 决策变量的确定

记接种疫苗易感者人数为 S_i , 记接种疫苗潜伏者人数为 E_i , 记接种疫苗感

染者人数为 I_i ，记接种疫苗康复者人数为 R_i ，记接种疫苗死亡患者人数为 R_i ，记接种疫苗的阳性率为 F ，记未接种疫苗易感者人数为 Q_i ，记未接种疫苗潜伏者人数为 W_i ，记未接种疫苗感染者人数为 O_i ，记未接种疫苗康复者人数为 P_i ，记未接种疫苗死亡患者人数为 V_i ，记未接种疫苗的阳性率为 C ，记时间为 T ，其中 i 表示第 i 天 ($i=1,2,3,\dots$)。

8.3.2 目标函数的确定

由于题目要求给出对于我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率的流行趋势的预测和我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率将降到 2% 以下的时间的预测。所以需要求得 Exposed(潜伏者), Infected(感染者) 的人数。

根据 SEIR 模型，用下列非线性常微分方程来描述病毒在群体内的传播。

$$\begin{cases} S_n = S_{n-1} - \frac{r\beta I_{n-1} S_{n-1}}{N} - \epsilon\theta\delta N \\ E_n = E_{n-1} + \frac{r\beta I_{n-1} S_{n-1}}{N} - \sigma E_{n-1} \\ I_n = I_{n-1} + \sigma E_{n-1} - \gamma I_{n-1} \\ R_n = R_{n-1} + \gamma I_{n-1} + (1 - \epsilon\theta)\delta N \\ D_n = D_{n-1} + \epsilon I_{n-1} \\ N_n = (1 + \delta)N_{n-1} \end{cases} \quad (9)$$

8.3.3 关键要素的确定

关键要素一： 易感者与患病者有效接触即变为暴露者，暴露者经过平均潜伏期后成为患病者，患病者可被治愈成为康复者，康复者终身免疫不再易感。

关键要素二： 以一天作为模型的最小时间单元。

关键要素三： 总人数为 N ，不考虑人口的出生与死亡，迁入与迁出，此总人数不变。

关键要素四： 每年的接种率及疫苗有效率。

8.4 计算步骤

Step 1:根据 1992 年所给数据, 设置 S(易感染者)、E (潜伏者)、I (传染者)、R (治愈者) D (死亡者) 以及感染率、死亡率、康复率等变量参数, 定义年接种率矩阵 J]。

Step 2:进行 for 循环, 在 if-else 判断 (判断阳性率是否小于 2%) 的基础上, 在 else 内进行 SEIR 模型迭代,在 SEIR 迭代中将接种人数从易感者中剔除。

Step 3:为求出阳性率小于 2%的时间, 设置一变量 n, 当 SEIR 迭代一次时, n 也随之增加一次,n 即为天数。

Step 4:程序进行运行, 当阳性率小于 2%时, 循环结束, 将 n 赋值于 m

Step 5:将未接种时阳性率随时间变化图像与接种时阳性率随时间关系图像画在同一图像中进行比较分析。

Step 6:对阳性率与疫苗接种率进行皮尔逊相关系数分析。

8.5 计算结果

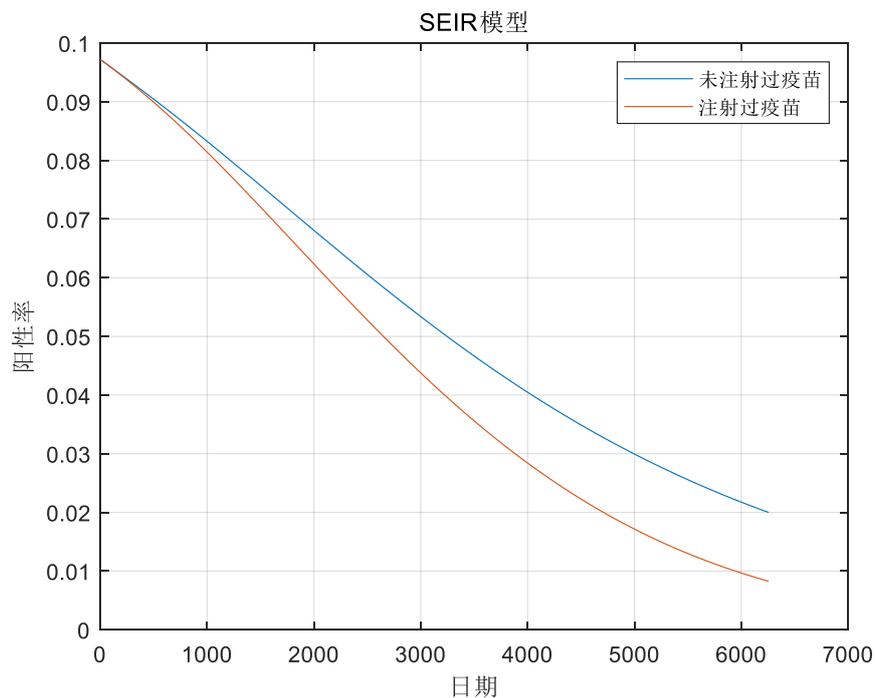


图 7 阳性率与时间关系图

表8 相关性量化分析

		接种率	阳性率
接种率	皮尔逊相关性	1	-.417
	Sig. (双尾)		.067
	个案数	20	20
阳性率	皮尔逊相关性	-.417	1
	Sig. (双尾)	.067	
	个案数	20	20

由图知，阳性率与疫苗接种率存在中等程度相关。

8.6 结果分析及检验

根据图形可知疫苗接种可以显著的控制乙肝的流行；各时间得量化比较可以由图像中得出，易知疫苗接种可以有效抑制乙肝病毒的流行。

根据相关学者对疫苗效果的研究以及对统计数据的研究，我们得出的结果合理且正确。

九 基于 SEIR 优化改进的模型——问题五

9.1 建模思路

为估计扩大检测和治疗范围对我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率流行趋势的影响，我们将采用 SEIR 模型，建立乙肝病毒在群体中传播时，Susceptible(易感者)，Exposed(潜伏者)，Infected(感染者)，Removed(康复者)四类群体的人口数量随时间变化的关系。

9.2 建模准备

9.2.1 关键问题的转化

问题（5）要求相关调查数据，估计扩大检测和治疗范围对我国乙肝表面抗原（HBsAg）阳性率流行趋势的影响，则我们将我国乙肝表面抗原（HBsAg）

阳性率转化为数学表达式：（即潜伏者人数和感染者人数相加后，除以总人数）。

9.2.2 数据预处理

通过题目中给的 1992 年的总测试和 HBsAg (+) 人数及 HBsAg (+) 和 HBV(+) 的比率，计算出 Infected(感染者)为 3549 人，Exposed(潜伏者)为 2449 人。

9.3 建立 SEIR 模型

9.3.1 决策变量的确定

记接种疫苗易感者人数为 S_i ，记接种疫苗潜伏者人数为 E_i ，记接种疫苗感染者人数为 I_i ，记接种疫苗康复者人数为 R_i ，记接种疫苗死亡患者人数为 R_i ，记接种疫苗的阳性率为 F ，记未接种疫苗易感者人数为 Q_i ，记未接种疫苗潜伏者人数为 W_i ，记未接种疫苗感染者人数为 O_i ，记未接种疫苗康复者人数为 P_i ，记未接种疫苗死亡患者人数为 V_i ，记未接种疫苗的阳性率为 C ，记计我国慢性乙肝病人检测和治疗范围覆盖率时，易感者人数为 S_i ，记计我国慢性乙肝病人检测和治疗范围覆盖率时，潜伏者人数为 E_i ，记计我国慢性乙肝病人检测和治疗范围覆盖率时，患病人数为 i_i ，记计我国慢性乙肝病人检测和治疗范围覆盖率时，康复人数为 r_i ，记计我国慢性乙肝病人检测和治疗范围覆盖率时，死亡人数为 d_i ，记计我国慢性乙肝病人检测和治疗范围覆盖率时，阳性率为 H ，所记时间为 T ，其中 i 表示第 i 天 ($i=1,2,3,\dots$)。

9.3.2 目标函数的确定

由于题目要求给出对于我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率的流行趋势的预测和我国乙肝表面抗原 (HBsAg) 阳性率将降到 2% 以下的时间的预测。所以

需要求得 Exposed(潜伏者), Infected(感染者)的人数。

根据 SEIR 模型, 用下列非线性常微分方程来描述病毒在群体内的传播。

$$\begin{cases} S_n = S_{n-1} - \frac{r\beta I_{n-1}S_{n-1}}{N} - \epsilon\theta\delta N \\ E_n = E_{n-1} + \frac{r\beta I_{n-1}S_{n-1}}{N} - \sigma E_{n-1} \\ I_n = I_{n-1} + \sigma E_{n-1} - \gamma[6\mu + (1 - \mu)]I_{n-1} \\ R_n = R_{n-1} + \gamma[6\mu + (1 - \mu)]I_{n-1} + (1 - \epsilon\theta)\delta N \\ D_n = D_{n-1} + \epsilon I_{n-1} \\ N_n = (1 + \delta)N_{n-1} \end{cases} \quad (10)$$

9.3.3 关键要素的确定

关键要素一： 易感者与患病者有效接触即变为暴露者, 暴露者经过平均潜伏期后成为患病者, 患病者可被治愈成为康复者, 康复者终身免疫不再易感。

关键要素二： 以一天作为模型的最小时间单元。

关键要素三： 总人数为 N , 不考虑人口的出生与死亡, 迁入与迁出, 此总人数不变。

关键要素四： 每年的接种率

关键要素五： 接受抗病毒治疗的慢性乙肝病人其阴转率是没有接受治疗病人的 6 倍且目前我国慢性乙肝病人检测和治疗的覆盖率是 12.5%。

9.4 计算步骤

Step 1:根据 1992 年所给数据, 设置 S (易感染者)、 E (潜伏者)、 I (传染者)、 R (治愈者)、 D (死亡者) 以及感染率、死亡率、康复率等变量参数,定义年接种率矩阵 J 。

Step 2:进行 for 循环, 在 if-else 判断 (判断阳性率是否小于 2%) 的基础上, 在 else 内进行 SEIR 模型迭代,在 SEIR 迭代中将接种人数从易感者中剔除, 在康复人数中加上 12.5% 的六倍治愈率患者, 87.5% 的正常康复患者, 并在患者中剔除

Step 3:为求出阳性率小于 2% 的时间, 设置一变量 n , 当 SEIR 迭代一次时, n 也随之增加一次, n 即为天数。

Step 4:程序进行运行, 当阳性率小于 2% 时, 循环结束, 将 n 赋值于 m 。

Step 5: 将未接种时阳性率随时间变化图像、接种时阳性率随时间关系图像与在进行接种和进行检验治疗后的人群阳性率画在同一图像中进行比较分析。

9.5 计算结果

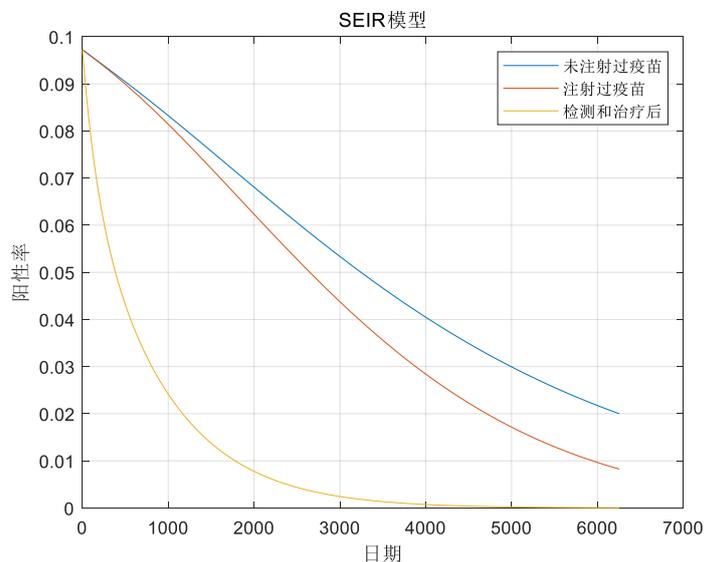


图8 考虑检测与治疗后的阳性率与时间关系图

9.6 结果分析及检验

由图可知进行检测和治疗后乙肝的流行得到非常有效的控制，符合人的一般认知，查证相关资料后，可知我们的结果合理且正确。

由此可知，我们尽可能的扩大检测范围，并及时对乙肝患者进行抗病毒治疗。

十 模型评价及推广

10.1 模型优点

1. SEIR 模型适用于通过病毒传播，患者康复后对原病毒免疫的疾病，传染病动力学模型侧重于疾病传播机理的研究，能够反映疾病传播的内在规律。
2. 模型与实际紧密联系，模型更贴近实际，通用性、推广性较强。
3. 算法严谨，模型考虑全面，仿真结果合理性较强。

4.可操作性强，适用范围广，模型比较精准，可信度较高，构思具有独特之处。

10.2 模型缺点

1.宏观动力学模型的预测结果对参数取值较为敏感，难以反映在疫情发展过程中控制、隔离、防护等措施带来的影响，也难以体现人群中的个体性差异。

2.很多因素没有考虑到，如人口的出生与死亡，迁入和迁出等。还有更细致的因素，如人群流动速度、易感人群的年龄分布、不同人群对疾病的易感性，患病者的症状轻重，人口密度，医疗卫生程度，检验检疫手段，政府重视程度，人群心理因素等。这些因素都对暴露数、发病率、治愈率、传染期长度有着直接或间接的影响。

参考文献：

[1] 中国疾病预防控制中心.乙型肝炎[OL]. <https://mip.keoaeic.org/featured/2630.html>, 2013-01-06

十一 附录

附录一：

1stort 对数据进行非线性拟合

```
Parameter k,a,b,c;  
Variable x,y;  
Function y=k*(1-exp(a*x+ln(x+1)* b+c));  
Data;  
x=[2.5,7,12,17,22,27,32,37,44.5,54.5];  
y=[0.3847,0.4565,0.5247,0.5493,0.5804,0.6107,0.6285,0.6532,0.6778,0.7069];
```

附录二：

1stort 对数据进行递推公式拟合

```
Parameter r;  
Variable x,y;  
StartProgram [Pascal];  
Procedure MainModel;  
var i: integer;  
    y0: double;  
Begin  
    y0 := 0.1;  
    for i := 0 to DataLength - 1 do begin  
        y[i] := 0.3847*x[i]+(1-r)*y0;  
        y0 := y[i];  
    end;  
End;  
EndProgram;  
Data;
```

附录三：

MATLAB 对阳性率随时间变化进行模拟

```
%SEIR 模型求解  
clear;clc;  
%参数设置  
N = 61702;%人口数  
I = 3549;%传染者  
R = 0;%康复者  
D = 0;%死亡患者数量  
E = 2449;%潜伏者  
S = N-I;%易感染者  
a = 20;%感染者平均接触人数  
b = 0.03/365;%感染率
```

```

h = a*b;%感染系数（以 SARS 为准）
i = 0.6/365;%潜伏者患病概率
r = 0.03/365;%康复概率
k = 0.0017;%死亡概率
J=[0.3426,0.3810,0.3965,0.4519,0.5591,0.5677,0.6119,0.7662,0.8
295,0.8428,0.8772,0.9237,0.9342,0.9840,0.9842,0.9843,0.9847,0.
9860,0.9910,0.9967,0.9967,0.9967]
%SEIR 模型求解

n=0;
for idx =1:10000
    if (E(idx)+I(idx))/N<=0.02
        break;
    else
        S(idx+1)=S(idx)-h*I(idx)*S(idx)/N-
10.48/1000/365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;%易感人数迭代
        E(idx+1)=E(idx)+h*S(idx)*I(idx)/N-i*E(idx);%潜伏者人数迭代
        I(idx+1)=I(idx)+i*E(idx)-(r+k)*I(idx);%患病人数迭代
        R(idx+1)=R(idx)+r*I(idx);%康复人数迭代
        D(idx+1)=D(idx)+k*I(idx);%死亡患者人数迭代
        n=n+1
    end
end
m=ceil(n/365)+1992

```

附录四：

MATLAB 对考虑疫苗接种阳性率随时间变化进行模拟

```

%SEIR 模型求解
clear;clc;
%参数设置
N = 61702;%人口数
I = 3549;%传染者
R = 0;%康复者
D = 0;%死亡患者数量
E = 2449;%潜伏者
S = N-I;%易感染者
a = 20;%感染者平均接触人数
b = 0.03/365;%感染率
h = a*b;%感染系数（以 SARS 为准）
i = 0.6/365;%潜伏者患病概率
r = 0.03/365;%康复概率
k = 0.0017;%死亡概率
J=[0.3426,0.3810,0.3965,0.4519,0.5591,0.5677,0.6119,0.7662,0.8
295,0.8428,0.8772,0.9237,0.9342,0.9840,0.9842,0.9843,0.9847,0.
9860,0.9910,0.9967,0.9967,0.9967]
%SEIR 模型求解

```

```

n=0;
for idx =1:10000
    if (E(idx)+I(idx))/N<=0.02
        break;
    else
        S(idx+1)=S(idx)-h*I(idx)*S(idx)/N-
10.48/1000/365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;%易感人数迭代
        E(idx+1)=E(idx)+h*S(idx)*I(idx)/N-i*E(idx);%潜伏者人数迭代
        I(idx+1)=I(idx)+i*E(idx)-(r+k)*I(idx);%患病人数迭代
        R(idx+1)=R(idx)+r*I(idx);%康复人数迭代
        D(idx+1)=D(idx)+k*I(idx);%死亡患者人数迭代
        n=n+1
    end
end
m=ceil(n/365)+1992
T = 1:n+1;
for idx =1:length(T)-1
    S(idx+1)=S(idx)-h*I(idx)*S(idx)/N-
10.48/1000*365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;%易感人数迭代
    E(idx+1)=E(idx)+h*S(idx)*I(idx)/N-i*E(idx);%潜伏者人数迭代
    I(idx+1)=I(idx)+i*E(idx)-(r+k)*I(idx);%患病人数迭代

R(idx+1)=R(idx)+r*I(idx)+10.48/1000*365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;
%康复人数迭代
    D(idx+1)=D(idx)+k*I(idx);%死亡患者人数迭代
    F=(E+I)/N;
end
T = 1:n+1;
O = 3549;%传染者
P = 0;%康复者
V = 0;%死亡患者数量
W = 2449;%潜伏者
Q = N-I;%易感染者
for idx =1:length(T)-1
    Q(idx+1)=Q(idx)-h*O(idx)*Q(idx)/N;%易感人数迭代
    W(idx+1)=W(idx)+h*Q(idx)*O(idx)/N-i*W(idx);%潜伏者人数迭代
    O(idx+1)=O(idx)+i*W(idx)-(r+k)*O(idx);%患病人数迭代
    P(idx+1)=P(idx)+r*O(idx);%康复人数迭代
    V(idx+1)=V(idx)+k*O(idx);%死亡患者人数迭代
    C=(W+O)/N;
end
plot(T,C,T,F);
grid on;
xlabel('日期');
ylabel('阳性率');
legend('未注射过疫苗','注射过疫苗');

```

```
title('SEIR 模型');
```

附录五:

MATLAB 对考虑疫苗接种及治疗情况下阳性率随时间变化进行模拟

```
%SEIR 模型求解
clear;clc;
%参数设置
N = 61702;%人口数
I = 3549;%传染者
R = 0;%康复者
D = 0;%死亡患者数量
E = 2449;%潜伏者
S = N-I;%易感染者
a = 20;%感染者平均接触人数
b = 0.03/365;%感染率
h = a*b;%感染系数(以 SARS 为准)
i = 0.6/365;%潜伏者患病概率
r = 0.03/365;%康复概率
k = 0.0017;%死亡概率
J=[0.3426,0.3810,0.3965,0.4519,0.5591,0.5677,0.6119,0.7662,0.8
295,0.8428,0.8772,0.9237,0.9342,0.9840,0.9842,0.9843,0.9847,0.
9860,0.9910,0.9967,0.9967,0.9967]
%SEIR 模型求解

n=0;
for idx =1:10000
    if (E(idx)+I(idx))/N<=0.02
        break;
    else
        S(idx+1)=S(idx)-h*I(idx)*S(idx)/N-
10.48/1000/365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;%易感人数迭代
        E(idx+1)=E(idx)+h*S(idx)*I(idx)/N-i*E(idx);%潜伏者人数迭代
        I(idx+1)=I(idx)+i*E(idx)-(r+k)*I(idx);%患病人数迭代
        R(idx+1)=R(idx)+r*I(idx);%康复人数迭代
        D(idx+1)=D(idx)+k*I(idx);%死亡患者人数迭代
        n=n+1
    end
end
m=ceil(n/365)+1992
T = 1:n+1;
for idx =1:length(T)-1
    S(idx+1)=S(idx)-h*I(idx)*S(idx)/N-
10.48/1000*365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;%易感人数迭代
    E(idx+1)=E(idx)+h*S(idx)*I(idx)/N-i*E(idx);%潜伏者人数迭代
    I(idx+1)=I(idx)+i*E(idx)-(r+k)*I(idx);%患病人数迭代
```

```

R(idx+1)=R(idx)+r*I(idx)+10.48/1000*365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;
%康复人数迭代
    D(idx+1)=D(idx)+k*I(idx);%死亡患者人数迭代
    F=(E+I)/N;
end
T = 1:n+1;
O = 3549;%传染者
P = 0;%康复者
V = 0;%死亡患者数量
W = 2449;%潜伏者
Q = N-I;%易感染者
for idx =1:length(T)-1
    Q(idx+1)=Q(idx)-h*O(idx)*Q(idx)/N;%易感人数迭代
    W(idx+1)=W(idx)+h*Q(idx)*O(idx)/N-i*W(idx);%潜伏者人数迭代
    O(idx+1)=O(idx)+i*W(idx)-(r+k)*O(idx);%患病人数迭代
    P(idx+1)=P(idx)+r*O(idx);%康复人数迭代
    V(idx+1)=V(idx)+k*O(idx);%死亡患者人数迭代
    C=(W+O)/N;
end
ii = 3549;%传染者
rr = 0;%康复者
d = 0;%死亡患者数量
e = 2449;%潜伏者
s = N-I;%易感染者
T = 1:n+1;
for idx =1:length(T)-1
    s(idx+1)=s(idx)-h*ii(idx)*s(idx)/N-
10.48/1000*365*J(ceil(n/365)+1)*0.85;%易感人数迭代
    e(idx+1)=e(idx)+h*s(idx)*ii(idx)/N-i*e(idx);%潜伏者人数迭代
    ii(idx+1)=ii(idx)+i*e(idx)-(r+k)*ii(idx)-
r*ii(idx)*0.875*365+6*r*ii(idx)*0.125*365;%患病人数迭代

rr(idx+1)=rr(idx)+r*ii(idx)+10.48/1000*365*J(ceil(n/365)+1)*0.
85+r*ii(idx)*0.875*365+6*r*ii(idx)*0.125*365;%康复人数迭代
    d(idx+1)=d(idx)+k*ii(idx);%死亡患者人数迭代

```