

# 冠状病毒 SARS-CoV-2、SARS-CoV 和 MERS-CoV 的传染动力学分析



梁凯豪<sup>1</sup>, 张文峰<sup>2\*</sup>, 张小花<sup>2</sup>, 吴卓葵<sup>2</sup>, 刘芹<sup>2</sup>, 张超龙<sup>2</sup>, 李梓龙<sup>3</sup>

(1. 仲恺农业工程学院计算科学学院 广州 510225; 2. 仲恺农业工程学院自动化学院 广州 510225;

3. 仲恺农业工程学院经贸学院 广州 510225)

**【摘要】**为了分析比较 COVID-19、SARS 和 MERS 这三种传染性疾病的传染动力学, 该文通过传染病增长率和传染抑制常数, 建立了传染病的传播增长模型, 然后通过非线性拟合得到 SARS-CoV-2、SARS-CoV 和 MERS-CoV 这三种冠状病毒传播增长模型的参数。分析表明, SARS-CoV-2 的增长率约为 SARS-CoV 和 MERS-CoV 病毒的两倍, SARS-CoV-2 的倍增周期为 2~3 天。湖北的传染抑制常数比其他地区低两个数量级, 与湖北地区的现状吻合。

**关键词** 冠状病毒; COVID-19; 动力学; MERS; SARS

中图分类号 TP391; R181.2 文献标志码 A doi:10.12178/1001-0548.2020067

## Analysis of Spread Dynamics of Coronavirus SARS-CoV-2, SARS-CoV and MERS-CoV

LIANG Kai-hao<sup>1</sup>, ZHANG Wen-feng<sup>2\*</sup>, ZHANG Xiao-hua<sup>2</sup>, WU Zhuo-kui<sup>2</sup>, LIU Qin<sup>2</sup>,  
ZHANG Chao-long<sup>2</sup>, and LI Zi-long<sup>3</sup>

(1. College of Computational Science, Zhongkai University of Agriculture and Engineering Guangzhou 510225; 2. College of Automation, Zhongkai

University of Agriculture and Engineering Guangzhou 510225; 3. College of Economic and Trade, Zhongkai

University of Agriculture and Engineering Guangzhou 510225)

**Abstract** The purpose of this paper is to reveal the spread dynamics of COVID-19, SARS and MERS. Based on the growth rate and infection inhibition constant of infectious diseases, the propagation growth model of infectious diseases is established, and then the parameters of the propagation growth model of three coronavirus, SARS-CoV-2, SARS-CoV and MERS-CoV, are obtained by nonlinear fitting. The analysis shows that the growth rate of SARS-CoV-2 is about twice that of SARS-CoV and MERS-CoV, and the doubling period of SARS-CoV-2 is two to three days. The infection inhibition constant in Hubei province is two orders of magnitude lower than that in other areas, which is consistent with the situation in Hubei.

**Key words** Coronavirus; COVID - 19; dynamics; MERS; SARS

新型冠状病毒 SARS-CoV-2 是一种与 SARS-CoV 和 MERS-CoV 病毒类似的冠状病毒。SARS 疫情在 2002~2003 年对世界多个国家地区造成严重影响。MERS-CoV 病毒于 2012 年在沙特出现, 疫情主要发生在中东国家和韩国, 其他国家地区偶有发生。

SARS 和 MERS 的动力学研究已有一些进展。目前对流行病传染动力学研究的数学模型主要有确

定性模型和随机模型。文献 [1] 得到 SARS 的平均潜伏期约为 6.4 天, 从出现临床症状到入院的时间在 3~5 天。在病死率方面, 60 岁以下的患者的病死率为 13.2%, 而 60 岁以上患者的病死率为 43.3%。潜伏期和病死率会影响 SARS 的病例变化。文献 [2] 研究得出在未采取控制措施的情况下, 一个传染性非典型肺炎病例会感染约 2~3 个继发病例, 采取有力的公共卫生措施能降低疫情规

收稿日期: 2020-02-20; 修回日期: 2020-03-24; 网络首发日期: 2020-04-07

基金项目: 广东省自然科学基金(2018A0303130136); 广东省科技计划(2015A030402008, 2015A070704059); 广东省教育厅育苗工程(2012WYM\_0081); 广东省乡村振兴战略专项省级资金(粤财农[2018]125号)

作者简介: 梁凯豪(1983-), 男, 博士, 主要从事压缩感知、数学建模、农业金融等方面的研究。

通信作者: 张文峰, E-mail: zhwf999@163.com

模。文献 [3] 对香港 SARS 疫情进行分析, 发现 SARS 疫情的特征包括单独的超级传播事件 (SSEs) 和持续的社区传播。在疫情初期, 平均每个病例产生 2.7 次继发性感染, 其中很大一部分来自医院传播。传播率在流行期间下降, 主要是由于人口接触率下降和医院感染控制得到改善。文献 [4] 建立了 SARS 流行病的数学模型, 计算出模型参数, 分析了 SARS 流行特征, 并对疫情发展进行了预测。文献 [5] 利用部分国家、地区及中国内地部分城市的数据, 通过 Logistic 确定型增长模型进行拟合, 揭示了各个地区 SARS 传染力不均匀的现象以及防控措施上的差异。文献 [6] 建立了带有潜伏期及终身免疫的 SARS 流行病的 SEIR 动力学模型, 对模型中的参数进行了参数辨识, 得到了一个 SARS 流行病的控制区域。文献 [7] 建立了带有潜伏期及终身免疫的 SARS 流行病 SEIR 模型及参数辨识系统, 论证了该类控制模型的主要数学性质以及系统的流不变性和弱不变性。文献 [8] 研究了埃博拉流行病的传染动力学模型及其参数辨识问题, 构建了埃博拉流行病的离散 logistic 动力学模型, 给出了参数辨识优化问题。文献 [9] 研究了多关系网络上的流行病传播动力学问题, 提出一种双关系网络模型 (工作-朋友关系网), 研究了多关系对流行病传播动力学行为的影响和复杂网络上流行病传播动力学的爆发阈值<sup>[10]</sup>, 梳理总结了 SIS 和 SIR 模型爆发阈值的异同。文献 [11] 研究了 MERS 在组织间公共卫生应急管理网络的动态发展, 绘制了 MERS 爆发期间的沟通和响应网络模式。文献 [12] 研究了 2015 年韩国中东呼吸综合征 (MERS) 疫情异质性传播动态的决定因素, 利用传播树识别超级传播者, 估计不同类型宿主的再生产数, 即单个主病例产生的平均继发病例数。文献 [13] 为了识别复杂网络中的超级传播者, 提出了一种融合指数-扩展影响相关中心度, 通过提取和综合传统中心度指标和扩展影响拓扑特征信息来识别节点的影响。经典的 SIR (易感染-恢复) 模型描述了感染的传播过程。人们对流行病的反应影响传播, 因此许多研究也考虑了信息传播。文献 [14] 分析了信息传播的操作如何影响受感染的个体以及流行病的传播条件, 并基于社区规模和个人意识可能对感染率有影响的假设, 提出了一个 SIR-A (易感-恢复-活动) 模型, 将感染和信息传播映射到双层网络。文献 [15] 使用复杂网络的演化博弈模型研究了流行病传播过程, 通过假设个人在疾病传播过程中将自己的收益与相

邻个体的收益进行比较来选择策略, 使用 4 种不同的仿真原则来更新策略, 分析了违反直觉的现象, 发现不同的仿真原则会影响违反直觉的现象的范围和严重性。文献 [16] 通过独立传播者参与的流行病 SIS (易感-感染-易感) 调查, 解释了在发生扩散动力学的复杂系统中, 通常具有许多潜在关系可以促进传染病的传播过程。文献 [17] 研究人类行为和接触异质性对传染病传播的影响, 在考虑与他人潜在接触次数不同的个体的不同恐惧程度基础上, 提出了具有一般反馈机制的基于网络的 SIRS 流行病模型。文献 [18] 提出了一种基于复杂网络中的部分免疫和免疫无效性的新型病毒传播模型, 即易感性-感染性-易感性-恢复性-易感性, 并基于均值场理论研究了该模型在统一网络和无标度网络中的流行动力学行为。对于复杂网络中的传染动力过程, 可以从社会人口数据中模拟感染传播过程<sup>[19]</sup>, 此外, 关键节点识别和共同进化传播机制在流行病传播的控制中至关重要<sup>[20-21]</sup>。文献 [22] 基于复杂网络理论建立了带有潜伏期的 2019-nCoV 流行病 SEIR 动力学模型, 对疫情拐点进行了预测。以上工作从确定性模型、随机性模型、复杂网络传播动力学等方面研究了 SARS-CoV 和 MERS-CoV 的传播规律, 但是对于 SARS-CoV-2 的传播研究仍然不够。

目前, COVID-19 作为一种新型传染病, 其传播机制尚不明确。虽然, SARS-CoV-2 与 SARS-CoV 和 MERS-CoV 同为冠状病毒, 但是其传染特性与后两者有何区别, 仍然有很多问题需要研究。

## 1 传播过程建模

### 1.1 模型假设

对传染病感染人数进行研究分析, 假设  $t$  时刻的感染人数为  $N(t)$ 。在新型冠状病毒发生初期, 人们对病原体、传播途径等方面缺乏充分认识, 导致对传染病的防控不够重视, 在新型冠状病毒发生初期感染人数的增长率可以看做常数  $r_0$ 。但当感染病例达到一定数量时, 感染人数的增长率随着感染人数  $N$  的增加而减少, 增长率函数  $r(N)$  为  $N$  的单调递减函数。简单起见, 不妨假设增长率为感染人数的线性函数,  $r(N) = r_0 - sN$  表示人们没有采取任何措施并且任由病毒随意传播的增长率,  $s$  为传染抑制常数, 反映人们所采取的防控措施对传染病的抑制效果。 $s$  越大, 表示人们所采取的防控措施效果越明显。假设在病毒传染力和防控措施的共同作用下, 感染的最大人数为  $N_{\max}$ , 即可以得到当  $N = N_{\max}$

时, 增长率  $r(N_{\max}) = 0$ 。此时, 可以得到传染抑制常数  $s = r_0/N_{\max}$ 。

## 1.2 模型建立

根据模型假设, 在连续模型下, 单位时间  $\Delta t$  内增加的感染者人数  $\Delta N$  可以表示为增长率  $r(N)$  与  $N$  的乘积, 并且  $t_0$  时刻的感染人数为  $N_0$ , 因此可以得到感染人数微分方程的初值问题:

$$\begin{cases} \frac{dN}{dt} = r_0 \left(1 - \frac{N}{N_{\max}}\right) N \\ N(t_0) = N_0 \end{cases} \quad (1)$$

式中, 等式第一项  $r_0 N$  表示在无防控措施情况下传染病的自然流行趋势; 第二项  $-r_0 N^2/N_{\max}$  表示防控措施对传染病流行产生的效果。在传染病流行初期, 由于缺乏有力的传染病防控措施, 疫情的发展规律主要受病毒本身的传染特性影响, 第一项起到主导作用, 这时可以认为  $-r_0 N^2/N_{\max} = 0$ , 此时微分方程的解为:

$$N = N_0 e^{r_0(t-t_0)} \quad (2)$$

这说明在无人为干预的情况下任病毒随意传播, 感染者人数呈多代指数级增长。在传染病爆发期, 第二项的作用开始逐渐占据主导地位, 新增发病人数逐渐减少并趋向于零, 传染病得到控制。

式 (1) 是一个可分离变量的微分方程初值问题, 可以解得:

$$N(t) = \frac{N_{\max}}{1 + \left(\frac{N_{\max}}{N_0} - 1\right) e^{-r_0(t-t_0)}} \quad (3)$$

可得  $N(t)$  的二阶导数为:

$$\frac{d^2 N}{dt^2} = r_0^2 \left(1 - \frac{N}{N_{\max}}\right) \left(1 - \frac{2N}{N_{\max}}\right) N \quad (4)$$

根据式 (3) 和式 (4) 可以得到感染人数的两个规律:

1)  $\lim_{t \rightarrow +\infty} N(t) = N_{\max}$ , 这说明无论在  $t_0$  时刻感染人数的初始值  $N_0$  如何, 感染人数的极限总是  $N_{\max}$ ;

2) 由  $N(t)$  的二阶导数可以知道, 感染者变化率  $dN/dt$  在  $N = N_{\max}/2$  时取得最大值, 即感染者人数达到极限值一半时是加速增长时期。这一点之后, 新增感染人数会逐渐变小, 并最终变为零。因此, 在  $N = N_{\max}/2$  所对应的时刻可以称之为新增感染人数的拐点。

## 1.3 倍增周期的计算

传染病所感染的人数从  $N$  变化到  $2N$  的时间跨度

称之为倍增周期。如果在无人为干预的情况下, 根据式 (2), 可以得到倍增周期  $T_0 = \ln 2/r_0$ 。倍增周期  $T_0$  仅依赖于无人为干预的感染人数增长率  $r_0$ 。

在采取防护措施等人为因素干预下, 倍增周期将不仅仅依赖于增长率  $r_0$ 。由式 (3) 可以得到  $N(t)$  的反函数:

$$t = \frac{1}{-r_0} \ln \left( \frac{N_{\max} - N}{N} \frac{N_{\max} - N_0}{N_0} \right) + t_0 \quad (5)$$

假设  $t_1$  时刻的感染人数为  $N$ ,  $t_2$  时刻的感染人数为  $2N$ , 则可以得到倍增周期:

$$T = t_2 - t_1 = \frac{1}{-r_0} \ln \left[ \frac{N_{\max} - 2N}{2(N_{\max} - N)} \right] \quad (6)$$

式中, 函数  $T$  是关于感染人数  $N$  的函数, 且要求  $N_{\max} - 2N > 0$ , 其导数为:

$$\frac{dT}{dN} = \frac{N_{\max}}{r_0(N_{\max} - N)(N_{\max} - 2N)} \quad (7)$$

可知  $T$  为单调递增函数, 当  $N \rightarrow 0$  时,  $T \rightarrow T_0$ , 而当  $N \rightarrow N_{\max}/2$  时,  $T \rightarrow \infty$ 。这说明, 当出现拐点时, 感染人数的倍增现象则不再出现。

## 2 数据及数学方法

本文采用的数据均来自世界卫生组织 (WHO) (<http://www.who.int>) 和国家卫生健康委员会官方网站 (<http://www.nhc.gov.cn/>)。国家卫生健康委员会自 2020 年 1 月 20 日起公布新型冠状病毒 SARS-CoV-2 的确诊病例和新增确诊病例数据, 本文选择 SARS-CoV-2 的数据起止日期为 2020 年 1 月 20 日-2020 年 2 月 16 日, 选取的地区分别是湖北 (HB)、广东 (GD)、浙江 (ZJ)、河南 (HN)。SARS-CoV 病毒确诊病例数据选择的起止日期为 2003 年 4 月 21 日-2003 年 6 月 30 日, 选取的国家地区分别是全国 (Nat)(不包括香港、澳门和台湾地区)、广东 (GD)、北京 (BJ)、香港 (HK)。图 1 给出了沙特阿拉伯从 2012 年第 12 周~2019 年第 24 周的每周 MERS-CoV 感染人数的柱状图。可见, 沙特阿拉伯经历了 4 次明显的 MERS 疫情爆发, 分别是 2014 年第 7 周~第 23 周、2015 年第 1 周~第 12 周、2015 年第 15 周~第 26 周、2015 年第 28 周~第 39 周, 这 4 个爆发周期分别记为 C#1、C#2、C#3、C#4。选取这 4 个周期的 MERS 发生病例进行分析。本文应用 1stOpt 软件进行方程拟合, 拟合过程采用 Levenberg-Marquardt 优化算法。

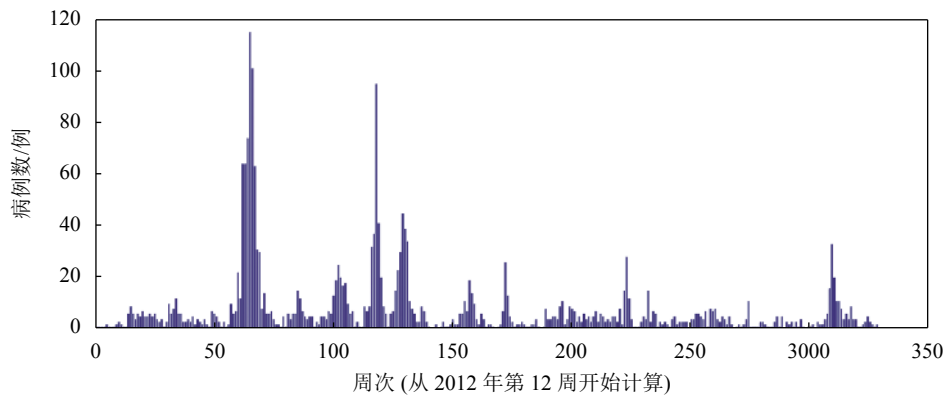


图 1 沙特阿拉伯的 MERS 病例

### 3 参数的分析讨论

#### 3.1 拟合结果

利用式(3)的模型对 COVID-19、SARS 和 MERS 在各个地区发生的病例数进行拟合, 拟合效果显著。表 1 给出了拟合的结果, 其中相关系数是度量所研究变量之间线性相关的程度, 其取值范围是  $0 \sim 1$ , 越接近 1 表示变量之间的相关程度越高; 决定系数定义为回归方程中因变量的已解释离差与总变差的比值, 反映回归方程的因变量变化可靠程

度, 其取值范围也是  $0 \sim 1$ , 越接近 1 表示方程拟合效果越好。从相关系数和决定系数看, 他们的最小值分别是 0.982 2 和 0.964 7。除了湖北的 COVID-19 病例数外,  $N_{\max}$  与真实病例数都相当接近, 平均相对误差的绝对值在 0.03% 以下。湖北的 COVID-19 的真实病例数 59 989 例是截至 2020 年 2 月 18 日的确诊累计病例, 目前在湖北的确诊新增病例仍然在每日 1 000~2 000 例之间, 预测疫情结束之后, 湖北的确诊累计病例将达 7 万多例。

表 1 拟合结果

肺炎	地区	相关系数( $R$ )	决定系数(DC)	增长率 $r_0$	传染抑制常数 $s(\times 10^{-4})$	$N_{\max}$ 拟合值/例	真实病例数/例	平均相对误差/%
COVID-19	HB	0.994 8	0.989 6	0.211	0.027	78 920.010	59 989	31.56
	GD	0.999 4	0.998 7	0.298	2.270	1 314.416	1 328	-1.02
	ZJ	0.998 4	0.996 4	0.343	2.957	1 159.926	1 172	-1.03
	HN	0.999 3	0.998 4	0.293	2.344	1 249.659	1 257	-0.58
	Nat	0.998 4	0.996 7	0.148	0.276	5 355.991	5 327	0.54
SARS	GD	0.982 2	0.964 7	0.107	0.703	1 516.151	1 512	0.27
	BJ	0.999 7	0.999 4	0.176	0.697	2 520.522	2 521	-0.02
	HK	0.998 6	0.997 2	0.085	0.482	1 755.788	1 755	0.04
	C#1	0.999 6	0.999 2	0.091	1.434	632.762	629	0.60
MERS	C#2	0.999 7	0.999 4	0.079	4.899	161.823	157	3.07
	C#3	0.998 1	0.995 7	0.148	5.482	269.475	267	0.93
	C#4	0.999 7	0.999 4	0.108	4.736	228.499	227	0.66

对于 COVID-19, 选取了疫情较为严重的 4 个省份进行模型拟合, 分别是湖北、广东、浙江、河南。湖北在 2020 年 2 月 13 日统计确诊病例时, 统计方式发生改变, 将 SARS-CoV-2 核酸检测确诊改为临床确诊, 导致确诊病例出现跳跃性递增。2 月 13 日当天湖北新增确诊病例 14 840。因此在图 2 中, 累计病例在 2020 年 2 月 13 日有一个跳跃过程。总体来说, 4 个省份的模型拟合效果都较好。

SARS 病例在中国各省份发生的情况与 COVID-19

不同。截至 2020 年 2 月 18 日, 中国内地(不包括香港、澳门和台湾地区)累计发生 COVID-19 共 72 436 例, 其中湖北 59 989 例, 湖北的累计病例占据了内地病例的绝大部分。2003 年, SARS 在中国多个主要省份均有发生, 疫情较为严重的几个主要省份所发生的病例数量之间并没有明显的差异。因此, 在地区病例数上, 选取了中国内地(不包括香港、澳门和台湾地区)的病例数以及广东、北京、香港这几个地区的病例数。拟合结果如图 3 所示, 拟合效果较好。

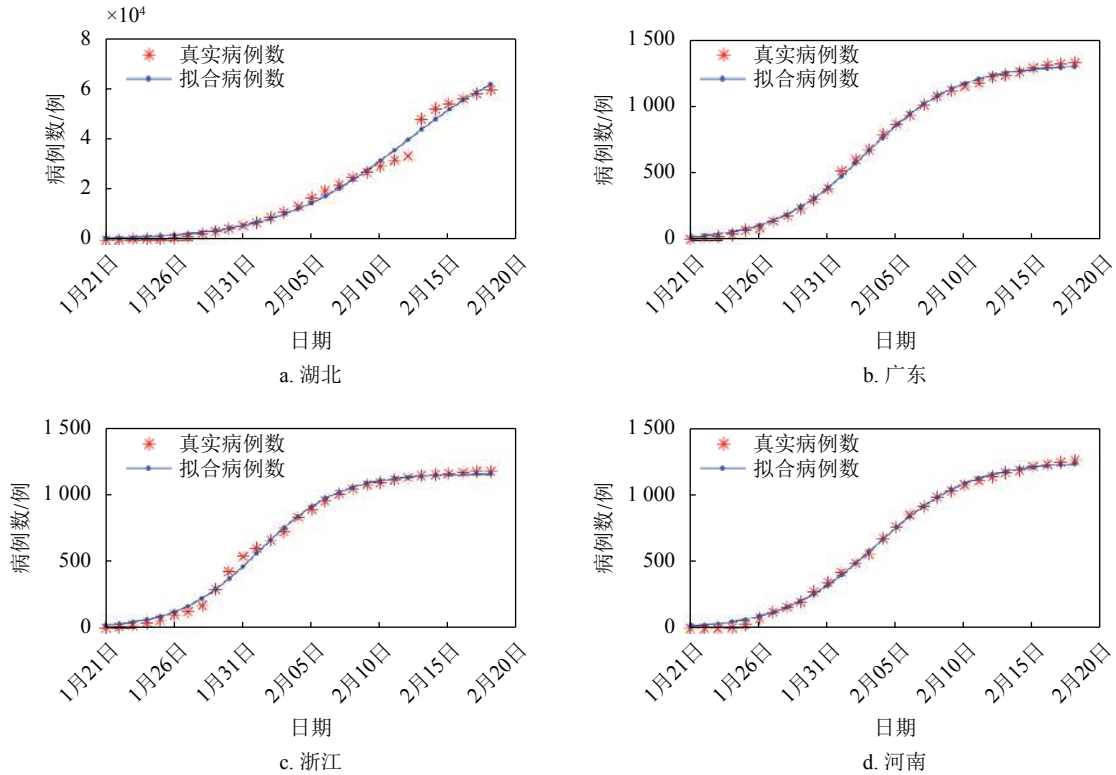


图2 2020年 COVID-19 的真实病例数和拟合病例数

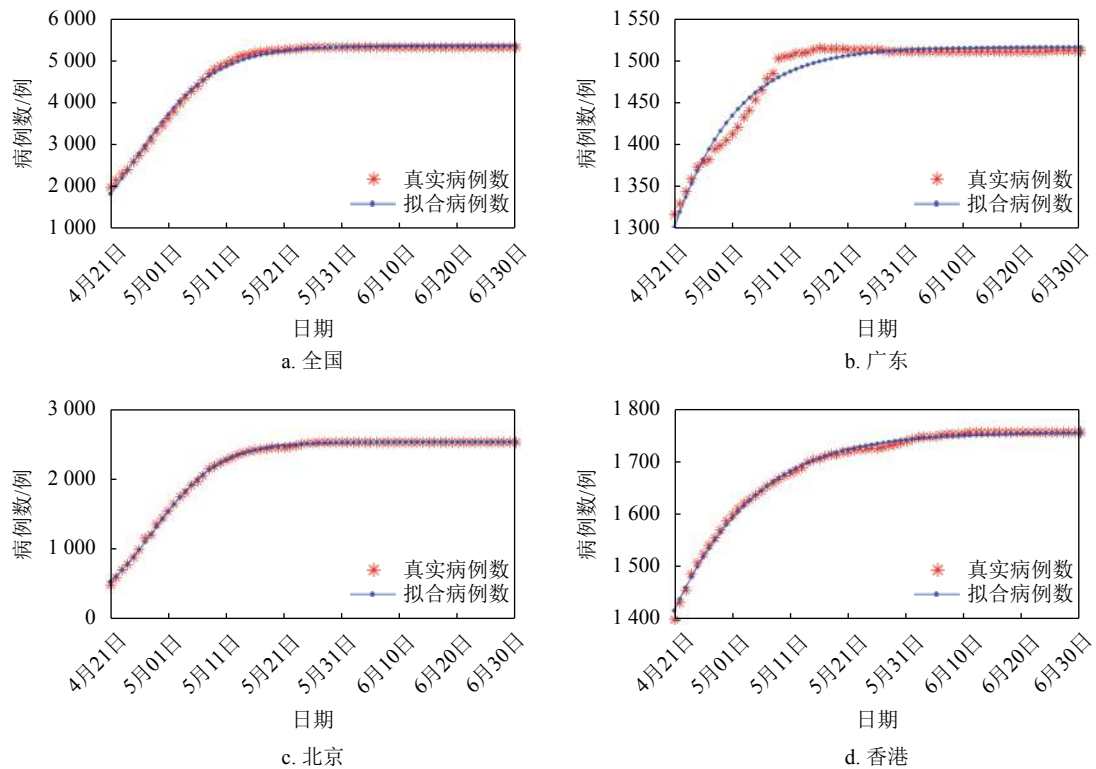


图3 2003年 SARS 的真实病例数和拟合病例数

对于 MERS, 沙特阿拉伯经历了 4 次明显的 MERS 疫情爆发周期。对这 4 个周期的 MERS 病例的模型拟合如图 4 所示。这 4 个周期的平均相对误差最大的是第 2 个周期, 为 3.07%, 总体拟合效

果较好。

### 3.2 增长率和倍增周期

增长率  $r_0$  主要反映传染病自然传染的能力, 它受多个因素的影响, 包括病毒本身的传染性强弱、

人口流动情况和民众的卫生素质。人口密度虽然也会影响传染病的传播,但对传播的影响并不十分明显。对于 SARS-CoV-2 的增长率 $r_0$ ,由表 1 可知,湖北、广东、浙江、河南 4 个地区的增长率介于 0.2~0.35 之间,平均值为 0.286,相互之间的差异并不十分明显。就 SARS-CoV 来说,北京的增长率约为香港的两倍。这可能与北京的人口基数较大、人口流动较快有关。MERS-CoV 病毒在沙特

发生的 4 个周期的增长率相差不明显,平均值为 0.106。将 3 种冠状病毒的传播能力进行比较发现,SARS-CoV-2 的增长率明显比 SARS-CoV 和 MERS-CoV 的增长率大得多。SARS-CoV-2 的增长率约为 SARS-CoV 增长率的 2 倍,说明 SARS-CoV-2 的传染力比 SARS-CoV 要大的多。这就解释了在中国 COVID-19 疫情比 2003 年的 SARS 疫情病例增长快得多的原因。

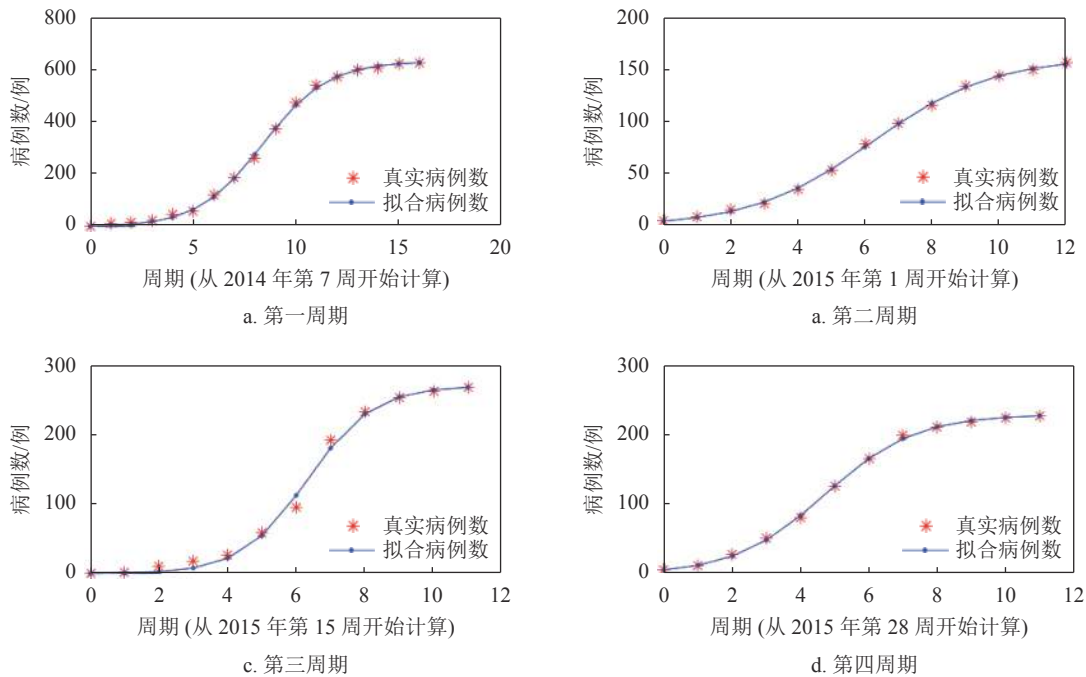


图 4 MERS 四个爆发周期的真实病例数和拟合病例数

倍增周期与增长率的倒数有关, SARS-CoV 和 MERS-CoV 的倍增周期相当,都是 5~10 天,而 SARS-CoV-2 的倍增周期只有 2~3 天,与文献 [23] 的分析吻合,在指数增长作用之下, SARS-CoV-2 的患病人数会迅速增加。

### 3.3 传染抑制常数

传染抑制常数 $s$ 与一些人为干预因素有关,主要包括将染病者与正常人隔离,将确诊病例与疑似病例隔离,民众对传染病的重视程度,对疾病流行区的清洁消毒。这些人为干预措施与疫情发生后当地政府、医疗机构所采取的措施有密切关系,反映政府管理部门和医疗卫生部门对疫情的应急管理能力。原则上来说,疫苗也属于人为干预因素之一,但是这 3 种冠状病毒目前都没有疫苗。传染抑制常数 $s$ 越大,则反映所采取的人为干预措施越及时有效,疫情越容易在短时间内被控制。反之,则表示疫情越容易失控。

3 种冠状病毒 SARS-CoV-2、SARS-CoV 和 MERS-CoV 的传染抑制常数表现出显著差异,见表 1。对于 SARS-CoV,全内地、广东、北京、香港的差异不大,都在一个数量级 $10^{-5}$ ,广东和北京相当,约为全国总体情况的两倍。MERS-CoV 的传染抑制常数比 SARS-CoV 高一个数量级,为 $10^{-4}$ ,第一至第四周期几乎是逐渐递增,这说明沙特在 MERS 疫情后续爆发周期采取了更强的应急干预措施,阻断 MERS-CoV 病毒传染。在广东、浙江、河南, SARS-CoV-2 的传染抑制常数与 MERS-CoV 同一个数量级。但是,在湖北, SARS-CoV-2 的传染抑制常数为 $2.7 \times 10^{-6}$ ,比广东、浙江和河南低两个数量级。这就解释了 COVID-19 在湖北失控的原因。当然,广东、浙江和河南的传染抑制常数比湖北高的多,也得益于湖北所采取的强有力的“封城”措施。2020 年初,广东、浙江和河南也较早启动突发公共卫生事件一

级响应, 使得政府管理部门、卫生管理部门和民众都采取了较为积极的应对措施。中国绝大部分省市最后都启动突发公共卫生事件一级响应, 要求民众在家隔离、外出戴口罩, 提高个人卫生要求。而针对湖北省内来说, 由于染病者众多, 早期而言, 湖北的医疗机构应付不暇, 医院的病床、设备、药品、口罩、防护服等物资严重不足, 导致染病者不能有效隔离, 因此导致湖北的传染抑制常数显著偏高。

## 4 结束语

本文建立了传染病的动力学数学模型, 分别利用该模型分析了 SARS-CoV-2、SARS-CoV 和 MERS-CoV 的流行特点。传染病增长率决定了传染病初期的流行程度, 而传染抑制常数取决于各地采取的防控措施。3 种冠状病毒动力学模型的参数分析合理解析了 3 种冠状病毒传播的特点以及疫情爆发过程中各地所采取的措施。SARS-CoV-2 的增长率比 SARS-CoV 和 MERS-CoV 的增长率大得多, 倍增周期约为 SARS-CoV 和 MERS-CoV 的 1/2。在湖北, SARS-CoV-2 的传染抑制常数比其他地区低两个数量级, 使得湖北地区的疫情比其他地区严重得多。

## 参 考 文 献

- [1] DONNELLY C A, GHANI A, LEUNG G, et al. Epidemiological determinants of spread of causal agent of severe acute respiratory syndrome in Hong Kong[J]. *Lancet*, 2003, 361(9371): 1761-1766.
- [2] LIPSITCH M, TED C, BEN C, et al. Transmission dynamics and control of severe acute respiratory syndrome[J]. *Science*, 2003, 300: 1966-1970.
- [3] RILEY S, CHRISTOPHE F, DONNELLY C A, et al. Transmission dynamics of the etiological agent of SARS in Hong Kong: Impact of public health interventions[J]. *Science*, 2003, 300: 1961-1966.
- [4] 姚玉华, 孙丽华. SARS 流行病传染动力学模型[J]. *数学的实践与认识*, 2004, 34(3): 1-5.  
YAO Yu-hua, SUN Li. Dynamics model of infection of SARS epidemic[J]. *Journal of Mathematics in Practice and Theory*, 2004, 34(3): 1-5.
- [5] 李铮, 陈曦, 滕虎, 等. SARS 流行病传染动力学研究[J]. *生物化学与生物物理进展*, 2004, 31(2): 167-171.  
LI Zheng, CHEN Xi, TENG Hu, et al. Infectious kinetics of SARS epidemic[J]. *Progress in Biochemistry and Biophysics*, 2004, 31(2): 167-171.
- [6] 徐恭贤, 冯恩民, 王宗涛, 等. SARS 流行病的 SEIR 动力学模型及其参数辨识[J]. *黑龙江大学自然科学学报*, 2005, 22(4): 459-467.  
XU Gong-xian, FENG En-ming, WANG Zong-tao, et al. SEIR dynamic model of SARS epidemic and its parameter identification[J]. *Journal of Natural Science of Heilongjiang University*, 2005, 22(4): 459-467.
- [7] 谭欣欣, 冯恩民, 徐恭贤, 等. SARS 流行病动力学建模及其参数控制系统的研究[J]. *工程数学学报*, 2003, 20(8): 39-44.  
TAN Xin-xin, FENG En-ming, XU Gong-xian, et al. SARS Epidemic modeling and the study on its parameter control system[J]. *Chinese Journal of Engineering Mathematics*, 2003, 20(8): 39-44.
- [8] 曹亚丹, 魏顺行, 徐恭贤. 埃博拉流行病的离散 logistic 动力学模型及其参数辨识[J]. *渤海大学学报(自然科学版)*, 2019, 40(3): 257-262.  
CAO Ya-zhou, WEI Shun-xing, XU Gong-xian. Discrete logistic dynamic model and its parameter identification for the Ebola epidemic[J]. *Journal of Bohai University (Natural Science Edition)*, 2019, 40(3): 257-262.
- [9] 李睿琪, 唐明, 许伯铭. 多关系网络上的流行病传播动力学研究[J]. *物理学报*, 2013, 62(16): 504-510.  
LI Rui-qi, TANG Ming, XU Bo-min. Epidemic spreading on multi-relational networks[J]. *Acta Physica Sinica*, 2013, 62(16): 504-510.
- [10] 李睿琪, 王伟, 舒盼盼, 等. 复杂网络上流行病传播动力学的爆发阈值解析综述[J]. *复杂系统与复杂性科学*, 2016, 13(1): 1-39.  
LI Rui-qi, WANG Wei, SHU Pan-pan, et al. Review of threshold theoretical analysis about epidemic spreading dynamics on complex networks[J]. *Complex Systems and Complexity Science*, 2016, 13(1): 1-39.
- [11] KIM K, JUNG K. Dynamics of inter organizational Public health emergency management networks: Following the 2015 MERS response in South Korea[J]. *Asia-Pacific Journal of Public Health*, 2018, 30(3): 893-931.
- [12] NISHIURA H, ENDO A, SAITOH M, et al. Identifying determinants of heterogeneous transmission dynamics of the Middle East respiratory syndrome (MERS) outbreak in the Republic of Korea, 2015: A retrospective epidemiological analysis[J]. *BMJ Open*, 2016, 6(2): 1012-1033.
- [13] CHEN X, TAN M, ZHAO J, et al. Identifying influential nodes in complex networks based on a spreading influence related centrality[J]. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2019, 22(5): 536-557.
- [14] LU Y, LIU J. The impact of information dissemination strategies to epidemic spreading on complex networks[J]. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2019, 21(3): 379-396.
- [15] NING Y, LIU X, CHENG H, et al. Effects of social network structures and behavioral responses on the spread of infectious diseases[J]. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2020, 1(2): 38-57.
- [16] DING Q, LI W, HU X, et al. The SIS diffusion process in complex networks with independent spreaders[J]. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2019, 16(5): 1102-1136.
- [17] HUANG S, CHEN F, ZHANG Y. Global analysis of epidemic spreading with a general feedback mechanism on

- complex networks[J]. *Advances in Difference Equations*, 2019(1): 1-20.
- [18] ZHANG X, WU J, ZHAO P, et al. Epidemic spreading on a complex network with partial immunization[J]. *Soft Computing*, 2018, 22(14): 4525-4533.
- [19] LIU Q, AJELLI M, ALETA A, et al. Measurability of the epidemic reproduction number in data-driven contact networks[J]. *PNAS*, 2018, 115(50): 12680-12685.
- [20] LU L, CHEN D, REN X, et al. Vital nodes identification in complex networks[J]. *Physics Reports*, 2016, 650(1): 1-63.
- [21] WANG W, LIU Q, LIANG J, et al. Coevolution spreading in complex networks[J]. *Physics Reports*, 2019, 820(1): 1-51.
- [22] 范如国, 王奕博, 罗明, 等. 基于 SEIR 的新型肺炎传播模型及拐点预测分析[J]. 电子科技大学学报, 2020, DOI: 10.12178/1001-0548.2020029.
- FAN Ru-guo, WANG Yi-bo, LUO Ming, et al. SEIR-based novel pneumonia transmission model and inflection point prediction analysis[J]. *Journal of University of Electronic Science and Technology of China*, 2020, DOI: 10.12178/1001-0548.2020029.
- [23] 杨政, 原子霞, 贾祖瑶. 基于迁徙数据估计武汉感染新型冠状病毒的人员数量[J]. 电子科技大学学报, 2020, DOI: 10.12178/1001-0548.2020030.
- YANG Zheng, YUAN Zi-xia, JIA Zu-yao. Estimating the number of people infected with COVID-19 in Wuhan based on migration data[J]. *Journal of University of Electronic Science and Technology of China*, 2020, DOI: 10.12178/1001-0548.2020030.

编辑 叶芳