

# Dynamics of Epidemic Model Driven by Lévy Noise



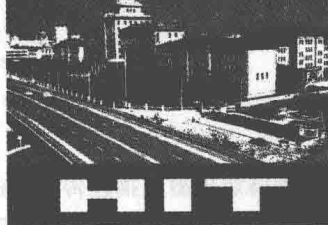
数学·统计学系列

# Lévy 噪音驱动的 传染病模型的动力学行为

张向华 著



哈尔滨工业大学出版社  
HARBIN INSTITUTE OF TECHNOLOGY PRESS



数学·统计学系列

Dynamics of Epidemic Model Driven by Lévy Noise  
Lévy 噪音驱动的  
传染病模型的动力学行为

● 张向华 著



哈尔滨工业大学出版社  
HARBIN INSTITUTE OF TECHNOLOGY PRESS

## 内容简介

传染病模型是描述传染病的传播过程,分析受感染人数的变化规律,预报传染病高潮到来的时刻,预防传染病蔓延的手段之一。本书主要应用 Lyapunov 方法,带跳的 Itô 公式等随机分析的知识,研究了几类带 Lévy 噪音的随机传染病模型。

本书适合对随机微分方程感兴趣的研究生同学和教师,也适用于相关领域(如生物学,传染病的防治等)的教师与科研人员参考。

### 图书在版编目(CIP)数据

Lévy 噪音驱动的传染病模型的动力学行为/张向华  
著. —哈尔滨:哈尔滨工业大学出版社,2016.5

ISBN 978-7-5603-5925-0

I. ①L… II. ①张… III. ①传染病学-研究  
IV. ①R51

中国版本图书馆 CIP 数据核字(2016)第 062172 号

策划编辑 刘培杰 张永芹

责任编辑 张永芹 李欣

封面设计 孙茵艾

出版发行 哈尔滨工业大学出版社

社址 哈尔滨市南岗区复华四道街 10 号 邮编 150006

传真 0451-86414749

网址 <http://hitpress.hit.edu.cn>

印刷 哈尔滨市工大节能印刷厂

开本 787mm×1092mm 1/16 印张 9.5 字数 178 千字

版次 2016 年 5 月第 1 版 2016 年 5 月第 1 次印刷

书号 ISBN 978-7-5603-5925-0

定价 48.00 元

---

(如因印装质量问题影响阅读,我社负责调换)

# 前 言

以数学模型作为主要工具研究生物学和生态学的问题，能使人们更加全面、深刻、系统的认识和研究生物的发展和变化规律。进而使生物数学和数学生态学这种数学与生物学的交叉学科得到了长足的发展。刚开始的时候，人们总假设生物种群数量足够大，再基于大数定律，系统的行为呈现出比较平稳的统计学规律，把系统近似的看成确定性的，进而建立起了确定性模型。好处是使问题大大简化，方便研究。但是在现实中随机因素的干扰无处不在，而且有些干扰是不能忽略的，特别是对系统干扰比较大的随机因素。比如说飓风、地震、海啸、赤潮等对环境和生物种群的影响。据我所知，目前国内外研究这方面的专著还非常少。本书也只是就生物数学的一个方面介绍一下本人的一些工作。

人们一直都很重视传染病的预防与控制，因为它一旦失控，轻则危及人的生命，重则影响种族延续和国家的存亡。传染病的防控不仅是公共卫生问题，更是公共安全问题，不仅应该从医学角度研究，还要从疾病传播规律角度入手来预防和控制其传播。目前，对像 SARS、埃博拉、禽流感等具高致病性的特大型传染病，人们还缺乏对其的认识和了解，找不到能有效对抗此类疾病的药物。在这种情况下，研究其传播规律，通过人为干预来切断疾病的传播途径就显得尤为重要。通过建立数学模型来研究此类疾病的传播规律不失为一个行之有效的办法。

为了更加准确地刻画具有危害性大、传播速度快、对种群生态系统破坏严重等特点的疾病的传播规律，本书采用了带有 Lévy 跳噪音的随机模型。具体研究工作如下：

本书主要应用 Lyapunov 方法，带跳的 Itô 公式等随机分析的知识研究了有几类带 Lévy 跳噪音的随机传染病模型。用它们描述那种具有危害性大、传播速度快、对种群生态系统破坏严重等特点的大型疫病的传播规律，并得出几类疾病传播的动力学性质，这些模型有很好的应用价值。本书的研究内容分为五章：

1. 第1章为预备知识，共分三个部分。分别介绍了研究背景、研究现状和阅读本书所需的预备知识。

2. 第2章研究带 Lévy 跳的 SIR 模型。在这一章通过两种干扰方式得到两

个不同的随机模型，利用随机分析的知识 and Lyapunov 方法对这两个模型进行分析。首先证明第一个模型解过程的全局正性，并在此基础上进一步证明带 Lévy 跳系统的解过程在均值意义下的稳定性。找到在随机干扰不太大的情况下，随机带跳的 SIR 系统的解轨道与其确定性系统之间的关系。然后结合数值模拟给出实际背景的解释。其次，在  $R_0 > 1$  情况下，研究在另外一种干扰方式下系统平衡点的随机稳定性。

3. 第3章研究带 Lévy 跳的随机 SEIR 模型。为了更加准确地刻画由医疗事故等原因所引起的带有潜伏期的疾病的大范围传播问题，本章采取两种方式对确定性系统进行干扰。在第一种随机扰动下，利用 Lyapunov 函数和带跳的 Itô 公式证明该系统正解的全局性和在时间平均意义下解的稳定性。找到带有 Lévy 跳的 SEIR 模型与其对应的确定性模型的关系，给出传染病灭绝和持续传播的充分条件。在另一种扰动下，利用随机分析的知识 and Lyapunov 方法证明该系统的正平衡点是随机稳定的，给出了传染病持续传播的充分条件。并通过数值仿真进一步验证定理的结论。

4. 在第4章中研究了 Lévy 噪音驱动的艾滋病传播模型。用它描述由吸毒、医疗事故等原因所造成的艾滋病大范围传播的问题。模型根据患者的个体差异对被感染人群进行分类。利用 Lyapunov 函数和 Itô 公式等工具分析由确定性模型成比例的加入 Lévy 噪音干扰后所得到的模型。证明了在这种扰动方式下系统解的全局正性；在此基础上证明其正解在时间平均意义下的稳定性。给出在随机干扰强度不太大的情况下，艾滋病灭绝和持续传播的条件。另外，通过围绕原系统的流行病平衡点加入 Lévy 跳干扰，从而得到另一个模型，通过分析找到流行病平衡点随机稳定的充分条件，并给出数值仿真。

5. 在第5章研究了大型网络病毒的传播问题，提出了随机带跳的 SIRS 网络病毒传播模型，用来研究传播速度快、影响范围广、造成的损失大等特点的网络病毒传播。依然是通过两种方式的干扰来得到随机模型，在第一种干扰下得到了其解过程的全局正性，并在此基础上进一步证明带 Lévy 跳系统的解过程在均值意义下的稳定性。并且在  $R_0 > 1$  情况下，研究了另外一种干扰方式下系统平衡点的随机稳定性。

最后，感谢我的导师王克先生在本书编写时的悉心指导和无私帮助。还要感谢李文学、吕敬亮、刘蒙、邹晓玲、邱宏、吴瑞华、张新红和张春梅、秦文娣、郭英等老师对本书的支持和帮助。感谢黑龙江省自然科学基金(A201420)对本书的支持。感谢哈尔滨工业大学出版社对本书的支持。

限于作者的水平，书中的纰漏和不足之处在所难免，恳请读者和专家们不吝赐教。

张向华

2016年1月

## 目 录

第 1 章 预备知识.....	1
1.1 研究背景.....	1
1.2 研究现状.....	5
1.3 预备知识.....	15
第 2 章 带 Lévy 跳的随机 SIR 模型.....	20
2.1 引言.....	20
2.2 系统解的全局正性.....	21
2.3 系统的解在原系统无病平衡点附近的性质.....	25
2.4 系统的解在原系统流行病平衡点附近的性质.....	31
2.5 带 Lévy 跳的随机 SIR 系统的随机稳定性.....	38
2.6 本章小结.....	42
第 3 章 带 Lévy 跳的随机 SEIR 模型.....	44
3.1 引言.....	44
3.2 第一种扰动方式下系统的动力学行为.....	46
3.2.1 系统解的全局正性.....	46
3.2.2 系统的解过程在原系统无病平衡点附近的渐近性质.....	49
3.2.3 系统的解过程在原系统流行病平衡点附近的渐近性质.....	56
3.3 第二种扰动方式下系统的动力学性质.....	61
3.4 本章小结.....	66
第 4 章 Lévy 噪音驱动的艾滋病模型.....	68
4.1 引言.....	68
4.2 第一种扰动方式下模型的性质.....	71
4.2.1 系统解的全局正性.....	71
4.2.2 系统的解过程在原系统无病平衡点附近的长时间行为.....	75

4.2.3 系统的解过程在原系统流行病平衡点附近的长时间行为 .....	81
4.3 第二种扰动方式下带 Lévy 跳系统的稳定性.....	91
4.4 本章小结.....	97
<b>第 5 章 Lévy 噪音驱动的 SIRS 网络病毒模型.....</b>	<b>98</b>
5.1 引言.....	98
5.2 系统 (5-1) 的性质 .....	100
5.2.1 随机带跳的系统 (5-1) 解的全局正性.....	100
5.2.2 在确定性系统的无病平衡点附近的动力学性质.....	100
5.2.3 确定性系统的流行病平衡点附近的动力学性质.....	104
5.3 系统 (5-2) 的动力学性质.....	108
5.4 本章小结.....	112
<b>参考文献 .....</b>	<b>113</b>



# 第1章 预备知识

## 1.1 研究背景

种群生态学是研究一定条件下的种群或群落的数量、动态以及和环境之间关系的学科。研究种群生态学方法和手段有很多，其中通过实验观测，建立数学模型来研究种群的性质、预测种群的将来就是其最为重要的研究手法之一。它是从研究人口统计学开始的。Lotka-Volterra模型（1925年）的建立标志着种群生态学进入了快速发展的阶段。流行病学就是其重要的组成部分之一。把传染病比作人类的天敌是一点也不为过的，对于人类来说，每次传染病的暴发都会酿成巨大的灾祸，它给人们带来的痛苦远远大于世界大战的影响。例如下面谈到的几种疾病。

14世纪欧洲大约有一半的人死于鼠疫，在鼠疫流行的高峰期每日有一万多人死亡。在16世纪，美洲大陆上大约有1亿左右的印第安人居住，但由于天花的暴发，在一百年内，土著人的人口骤减为五百多万。此外，还有1918年流感，短短几个月就导致了2000万人死亡，这场瘟疫蔓延全球，一年内死亡人数超过7000万。肺结核也是长期困扰人类的重大疾病之一，甚至可以在木乃伊里找到肺结核病菌的存在证据。肺结核于17到19世纪在欧洲和美洲大流行，导致了大约九分之一的人口死于此疾病。即便是在医学昌明的今天，每年感染这种疾病的人仍然在700万以上，死亡率高达百分之二十五。类似于肺结核这么悠久的传染病还有霍乱。霍乱是随人类的商业活动蔓延开来的，先后六次在中国、日本以及欧洲等许多国家大暴发，致使几百万人丧命。霍乱之所以流行的主要原因之一是水的严重污染导致的。随着人类卫生和医疗条件的改善，霍乱终于被消灭了。但是在20世纪60年代又有一种新型霍乱在全球范围内暴发。直至20世纪90年代，已经有30多万人感染过这种新型霍乱，4000多名患者死亡。疟疾俗称“打摆子”，是一种常见的传染病。在中外很多医书和古籍上都记载了疟

疾惊人的破坏力。疟疾是通过蚊虫的叮咬传染给人类的，所以在野外工作或是卫生条件差的地方比较容易流行。20世纪初，美国政府修建巴拿马运河之时，在所有的 26 000 名工人之中有 21 000 人感染了此病。特别是在战争时期疟疾更容易暴发。美国南北战争时期曾经有一百三十多万人感染过疟疾，死亡人数数以万计。在两次世界大战期间，各参战国因患疟疾死亡士兵也是不计其数，仅美国在南太平洋的部队就有六十多万士兵死亡。二战后，美国一直想彻底根除疟疾。他们通过大规模的杀蚊，全民预防蚊虫滋生。随后美国人宣布，他们已经成功根除了疟疾。随之的行动是消灭全世界的疟疾。但是，由于抗药性蚊虫的出现，人类的努力宣告失败。时至今日，全球很多地方的人们依然饱受疟疾之苦，还有一些国家和地区也没有参加到清除疟疾的行动之中，尤其是居住在非洲撒哈拉沙漠以南的广大区域的人们，每年都有数以亿计的人感染疟疾，而死亡人数也是高达百万之众。即便是像美国这样发达的国家，每年仍有数千人感染此病，同时也有少数患者死亡。在 20 世纪中后期又有一种新的致命性疾病把人类推向了另一场灾难，它的名字就是艾滋病，又名“获得性免疫缺陷综合症”。艾滋病病毒主要是通过血液、体液等互相传播的。因此，性交、输血、共用某些医疗器械（被污染过的）等都可能感染上艾滋病。特别是在不发达国家就更为严重，现在已经有近 3 000 万人因患艾滋病而丧失生命。到目前为止，全世界尚有大约 3 500 万的 HIV 携带者。由于 AIDS 的潜伏期很长，一般在几年内都不会发病，而他本人也很有可能并不知道自己是 HIV 携带者，就这样在大家都不知情的情况下使得 AIDS 得以不停的传播。仅 2007 年一年，全球就有 200 多万因感染艾滋病而死去的人。时至今日我们还没有一种能够有效治愈 AIDS 的药物，所以目前还只能依靠开展关于 AIDS 的宣传和教育活动，来减缓 AIDS 传播。从 2008 年 UNAIDS 发布的 AIDS 疫情报告来看，AIDS 的新发感染病例从 2001 年的 300 万直降至 2007 年的 270 万，但是 AIDS 的新发感染率在中、俄、德、英、澳等国家还在上升。全世界目前感染 AIDS 的人数已经超过 3 300 万，平均每天增加 7 500 例，这说明 AIDS 仍然在全球范围内蔓延。除此之外，还有麻风、黄热病、斑疹伤寒、白喉、梅毒、脊髓灰质炎、狂犬病等数十种疾病都长期困扰着

人类，严重威胁到人类的健康。

中华民族从古至今也饱尝过各种瘟疫之苦，以往血的教训让我们铭记于心。因此，现在党和政府对传染病的防治工作是高度重视的，对各类传染病，特别是危害大、影响面广的传染病进行监控，采取各种预防措施和治疗方法，如接种育苗，宣传教育、开发新药、研究新的治疗方法等。这使得很多自古以来人们谈之色变的传染病相继灭绝或是濒临灭绝。在政府和人民共同努力下，人们终于得到了期盼已久的安宁。可是好景不长，随着经济全球化进程的不断推进，世界各地往来人员越来越频繁，给人们创造巨大财富的同时也使气候、环境、生态资源等遭到严重破坏。这些为传染病的传播提供了有利的条件，一些濒临灭绝的传染病再次抬头并开始肆虐，同时还有一些新发和变异的传染病也不断蔓延。在世界卫生组织的《1996年世界卫生报告》中指出：“我们正处于一场传染性疾病全球危机的边缘，没有哪一个国家可以免受其害，也没有哪一个国家可以对此高枕无忧。”

2001之后，正当人们为全球经济的飞速发展而欢呼雀跃之时，一场巨大的灾祸正悄无声息的向人类走来。随着2002年11月第一例SARS患者在我国被确诊，在不到半年的时间里疫情已经蔓延到全球的30多个国家和地区，波及之广，影响之大，令人难以想象。所幸之事是在全世界人民的共同努力下，最终控制了疫情，在8096患者之中仅有774死亡，其他人全部脱离了危险。人类还没有完全从SARS的阴影中走出来时又有一场席卷全球的灾难降临了人间——H5N1型高致病性禽流感。由于是人类与人类、禽类与禽类、人类与禽类之间的交叉传染，不像SARS那样只需把病患隔离就可以了，尤其是候鸟迁徙之时短则几千公里，多则上万公里，实在难以控制。而且这种病毒还在不断变异，相继出现了H7N1，H9N2，H7N9等形式的禽流感病毒，其中以H7N9最为严重，同时重创了人畜两界，给我们带来了巨大的损失。

由此可见，不论是古代还是现代传染病的预防与控制问题一直都是举世瞩目的公共卫生问题和公共安全问题，一旦失控就会危及到全世界人们生命安全，同时也会给国家和人民造成巨大的经济损失。特别是对新发的

传染病缺乏认识，很难提出及时有效的措施进行应对，容易引起公众的恐慌和造成社会动荡。进入21世纪以来，我国相继出台了《中华人民共和国突发事件应对法》《国家突发公共事件总体应急预案》《中华人民共和国传染病防治法》《中华人民共和国传染病防治法实施办法》和《突发公共卫生事件应急条例》等一系列政策法规。使得我们在应对突发性公共安全和公共卫生事件有法可依、有据可循，这样政府和各个事业团体能够有的放矢的应对紧急事件，提高他们应对的效率和能力。

传染病特别是类似于 SARS、禽流感这样具有高致病性的传染病是典型的突发性公共卫生事件，如果不及时采取应对措施就会给患者的生命带来极大的危害；不仅如此，它可以在人群之中、人畜之间或是动物之间快速的相互传播，引起大流行。一旦暴发，局面就会难以控制，严重危害人类生命和财产安全，还会危及到社会和经济的发展，甚至是破坏社会的正常运行，造成巨大危害。应该如何控制疫情的传播，如何治愈疾病，如何避免疫情反复暴发？这一系列的问题都摆在了全世界各国人民的面前。

从传染病出现到传播需要病因、宿主和环境三个基本要素。要想了解传染病的传播规律必须弄清以下两个问题：一个是病因与宿主之间的关系，当然还有病毒（病菌）、宿主所处的自然环境，这属于自然层面的原因；另一个是社会层面原因，即宿主的社会关系如何，处于何种社会地位、日常生活方式怎样，当然还会与宿主所处的社会环境有关，其中包括政策法规等方面的因素。因此，研究传染病的传播就是在研究一个复杂大系统问题。显然只从医学角度入手，从细胞到基因排列的研究，进而得到治疗方法和疫苗是不够的。因为它的滞后性太长，诸如关于 AIDS、禽流感等的研究，至今也没有什么有效的方法。所以不能只从医学角度研究传染病的传播，我们还需要研究传染病的传播规律，这样才能在疫情暴发之时，及时有效的提出防控措施。这就需要对传染病传播的动力学进行定量的理论分析，利用数学模型来研究传染病的传播规律是一个切实可行的方法。

早在20世纪研究种群生态学之时，就已经有很多人将微积分方程方面的一些新理论、新方法应用于其中，并取得了举世瞩目的成绩。2004年，Stewart 在《Science》中发表“科学的下一个浪潮——生物数学”的文章，

指出在 21 世纪生物数学是最有发展潜力的学科之一。

一般情况下人们在建立数学模型研究生物学问题时，总是假设种群的数量很大，基于大数定律，种群系统会出现一个相对稳定的出生率和死亡率，呈现出一个平稳的统计学规律。这样得到的模型都是确定性的，优点是能把复杂系统简单化，有利于进行理论研究和分析，同时也符合人们认识事物的规律性；缺点是当外界干扰较大时，种群数目可能会明显减少，大数定律不再适用，确定性模型也就不再准确了。比如在 2003 年 SARS 暴发之后，为了进一步研究该病的传播规律，Lipsitch 和 Riley 等人在《Science》上分别发表了两篇利用数学模型研究 SARS 的论文，但却由于基本再生数与实际值偏差太大，而导致结果很不理想。这主要是因为受到了很多随机因素的影响。其实随机干扰是广泛的存在于现实世界之中的，只不过有时的干扰太小，使得它不足以影响整个系统发生变化，所以常常被人们所忽略。但在大多数时候是不能不考虑随机干扰的影响的，就像疾病传播过程中的时间、气候、空间、环境等不确定因素。特别是当环境噪音很大时，像地震、海啸、飓风、瘟疫等大规模自然灾害，如果忽略掉了随机噪音就会使模型不准确，甚至是出现错误。所以为了能够更加客观的描述现实世界和事物，就必须把随机因素考虑进去。基于这样的背景，本文提出了带有随机跳干扰和白噪音干扰的传染病模型，研究传染病大规模传播规律，为传染病的防控工作提供一些理论依据。

## 1.2 研究现状

关于随机种群模型的研究早在 20 世纪 60 年代就开始了，近些年来已经有一些学者把随机因素引入到确定性模型中，进而研究环境噪声对于生物种群模型性质的影响。在六七十年代，Arnold, Ludwig, Cohen 等人就曾经提出环境噪声对系统是有影响的，它可以使原本稳定的系统变得不再稳定，也可以使系统不再存在平稳解。

进入 21 世纪以来，随机生物数学得到了空前的发展。刘蒙和王克等人对随机的以及带跳的随机 Logistic 模型和 Lotka-Volterra 模型进行了讨论，

并且得到了相应的动力学性质。他们还带跳的捕食者-食饵系统进行了初步的讨论。同时也讨论了随机互惠模型和种群在环境污染情况下的持久性与灭绝性的阈值等性质。

2014 年, 邹晓玲、吕敬亮等人先后研究了随机环境下保护区模型, 带有转移的 Logistic 模型的最优捕获问题, 由 Lévy 过程驱动的 Logistic 模型的动力学行为, 随机种群的人口模型评价和关于带跳跃的随机模型的数值模拟等, 他们不但在理论方面做出了贡献, 而且为带跳的随机模型的数值模拟提供了理论依据。

在 2013 和 2014 年, 张新红和王克分别讨论了由 Lévy 噪音驱动的 Gilpin-Ayala 模型和随机带跳的 Gilpin-Ayala 互惠模型, 得到了种群灭绝和持久的充分条件。蒋达清和夏裴炎通过研究非自治随机互惠系统, 得到了该系统的持久性和非持久性。

2014 年, 吴瑞华、邹晓玲等人讨论了带跳的随机 Logistic 系统和有三种噪声同时驱动的 Logistic 系统, 得到了种群灭绝和持久的充分条件。

2013 年, 李文学、王克等人研究了带有无穷时滞随机沃尔泰拉积分微分方程并得到了相应的导数公式。

在 2013 和 2014 年, 张春梅、李文学等人分别应用图论和 Lyapunov 方法讨论了带有马尔可夫转换的随机 Cohen-Grossberg 神经网络的有界性, 随机时滞耦合控制系统的有界性和稳定性条件。

以上是国内外关于随机生物数学方面近期的一些著作, 下面介绍国内外有关流行病模型的发展概况。

从 Kermack 和 McKendrick 在 1927 年共同创立了 SIR 流行病模型

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\alpha S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \alpha S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{cases} \quad (1-1)$$

开始, 关于传染病的动力学研究就进入了定量分析的时代。随着问题深入, 人们开始研究一些由 SIR 模型演化而来的模型, 如模型

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \Lambda - \beta S(t)I(t) - \mu S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - (\mu + \varepsilon + \gamma)I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) - \mu R(t) \end{cases} \quad (1-2)$$

人们得到了该模型解的全局性质。吴建华和 Chalub, Fabio, Souza 以及张太雷、滕志东指出了 SIRS 模型

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = N - \mu S(t) - \beta S(t)I(t) + \delta R(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - (\mu + \gamma)I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) - (\mu + \delta)R(t) \end{cases} \quad (1-3)$$

的稳定性,持久性和灭绝性。此外,张太雷、滕志东等人讨论了具时滞的 SIRS 模型的动力学行为。Nakata, Yukihiro, Kuniya, Toshikazu 研究了周期环境下 SEIRS 模型的渐近稳定性。

Huang, Liu, Takeuchi 在 2012 年利用 Lyapunov 函数讨论了带年龄结构的艾滋病毒传播模型

$$\begin{cases} \frac{dT(t)}{dt} = s - dI(t) - kT(t)V(t) \\ \frac{\partial i(a,t)}{\partial t} + \frac{\partial i(a,t)}{\partial a} = -\delta(a)i(a,t) \\ \frac{dV(t)}{dt} = \int_0^\infty p(a)i(a,t)a - cV(t) \\ i(0,t) = kT(t)V(t) \\ T(0) = T_0 \\ i(a,t) = i_s(a) \\ V(0) = V_s \end{cases} \quad (1-4)$$

的全局稳定性。

Guo, Li, Shuai 等人证明了多群体的 SIR 模型

$$\begin{cases} \frac{dS_k(t)}{dt} = \Lambda_k - \sum_{j=1}^n \beta_{kj} S_k(t) I_j(t) - d_k^s S_k(t) \\ \frac{dI_k(t)}{dt} = \sum_{j=1}^n \beta_{kj} S_k(t) I_j(t) - (d_k^I + \varepsilon_k + \gamma_k) I_k(t) \\ \frac{dR_k(t)}{dt} = \gamma_k I_k(t) - d_k^R R_k(t) \end{cases} \quad (1-5)$$

的无病平衡点和地方病平衡点的全局稳定性。

Georgescu 和 Zhang 给出来更一般的模型 (1-6) 的无病平衡点和地方病平衡点的稳定性条件

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = n(S) - c(S)f(I) \\ \frac{dI(t)}{dt} = c(S)f(I) - c_1\varphi(I) + k_1\gamma(R) \\ \frac{dR(t)}{dt} = c_2\varphi(I) - k_2\gamma(R) \end{cases} \quad (1-6)$$

2012 年, Sahu, Dhar 对临时免疫的饱和发病率的 SVEIS 模型进行了分析, 并且得到了一些稳定性的结果。次年, 原三领和李学志等得到了接种疫苗的 SVIR 模型的全局稳定性

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = \Lambda - \beta S(t)I(t) - (\mu + \psi)S(t) + \gamma I(t) + T(I(t)) \\ \quad + \int_0^\infty \alpha(\theta)v(\theta, t)d\theta \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - (\mu + \gamma)I(t) - T(I(t)) \\ \frac{\partial v(\theta, t)}{\partial t} + \frac{\partial v(\theta, t)}{\partial \theta} = -(\alpha(\theta) + \mu)v(\theta, t) \\ v(0, t) = \psi S(t) \\ S(0) = S_0 \\ I(0) = I_0 \\ v(\theta, 0) = v(\theta) \in L_+^1(0, +\infty) \end{cases} \quad (1-7)$$

Li, Wang 研究了模型 (1-8), 得到了体内抗逆转录病毒治疗艾滋病感染数学模型的向后分支。他们研究了艾滋病毒模型的全局动力学性质, 以及模型在不同参数干扰下的分支

$$\begin{cases} \dot{T} = s - \alpha T + \tau_1 T \left(1 - \frac{T+T^*}{T_m}\right) - KVT \\ \dot{T}^* = \alpha KVT - \beta T^* + \tau_2 T^* \left(1 - \frac{T+T^*}{T_m}\right) \\ \dot{V} = N\beta T^* - \epsilon V \end{cases} \quad (1-8)$$

2013 年, Denphedtnong 和 Chinviriyasit 研究了模型 (1-9), 得到了两个区域之间传染病灭绝的阈值。文章指出交通因素可以影响疾病的暴发, 建立并分析了两个区域的 SEIRS 流行病模型, 找到了流行病学阈值。如果基本再生数小于 1, 则无病平衡点是局部渐近稳定的。因此, 疾病可以从该地区根除。如果基本再生数大于 1, 则存在一个地方病平衡点是局部渐近稳定的。这意味着这种疾病将持续下去, 结果表明, 地区之间的交通将会改变



传染病动力学性质, 它在每个孤立的地区将会灭绝的传染病重新持续下去

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_1}{dt} = a - bS_1 - \frac{\beta S_1 I_1}{N_1} + \alpha_2 R_1 - \alpha_1 S_1 + \alpha_1 S_2 - \frac{\gamma \alpha_1 S_2 I_2}{N_2} \\ \frac{dE_1}{dt} = \frac{\beta S_1 I_1}{N_1} - (b + c + \alpha_1) E_1 + \alpha_1 E_2 + \frac{\gamma \alpha_1 S_2 I_2}{N_2} \\ \frac{dI_1}{dt} = CE_1 - (e + d + \alpha_1) I_1 + \alpha_1 I_2 \\ \frac{dR_1}{dt} = dI_1 - (b + \alpha_1 + \alpha_2) R_1 + \alpha_1 R_2 \\ \frac{dS_2}{dt} = a - bS_2 - \frac{\beta S_2 I_2}{N_2} + \alpha_2 R_2 - \alpha_1 S_2 + \alpha_1 S_1 - \frac{\gamma \alpha_1 S_1 I_1}{N_1} \\ \frac{dE_2}{dt} = \frac{\beta S_2 I_2}{N_2} - (b + c + \alpha_1) E_2 + \alpha_1 E_1 + \frac{\gamma \alpha_1 S_1 I_1}{N_1} \\ \frac{dI_2}{dt} = CE_2 - (e + d + \alpha_1) I_2 + \alpha_1 I_1 \\ \frac{dR_2}{dt} = dI_2 - (b + \alpha_1 + \alpha_2) R_2 + \alpha_1 R_1 \end{array} \right. \quad (1-9)$$

2014年, 薛亚奎、刘茂省等讨论了多群体 SEI 模型 (1-10) 的全局稳定性

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_i}{dt} = \gamma_i B - \mu_i S_i - \lambda_i S_i, \quad i = 1, 2, \dots, n \\ \frac{dE_j}{dt} = \sum_i^n q_{ij} \lambda_i S_i - d_j E_j + \gamma_j E_j, \quad j = 1, 2, \dots, n \\ \frac{dI_j}{dt} = \gamma_j E_j - k_j I_j \end{array} \right. \quad (1-10)$$

Safi, Gumel 等人于 2011 年和 2013 年先后研究了具时滞的隔离模型和带处理的有年龄结构 SEIR 流行病模型的动力学性质。

Blyuss, Lashari 等人先后对疟疾传染病模型的稳定性, 分支等进行了研究。Lashari 和 Zaman 在 2012 年讨论了基孔肯雅病的预防、治疗和最优控制问题。2014 年, Kupferschmidt 提出了用埃博拉传染病模型评估埃博拉病毒的传播与控制问题, 并给出了建立模型的方法。

以上所提到的各个模型是近年关于确定性传染病模型的最新研究, 这些专家和学者对传染病的研究为人类抵御和控制疾病做出了不可磨灭的贡献。但他们在建立传染病模型时都是基于大数定律, 从而忽略了随机因素。这样做的确把问题简化了, 为研究带来了方便。但是在现实中疾病的传播是具有极大随机性的, 这就导致了在很多情况下确定性模型在反应实际情况时不够准确, 所以需要建立带有随机干扰的模型来进一步研究疾病的传播问题。近年, 国内外有很多学者开始关注带有随机干扰的传染病模型, 而且取得了较好的成果。