

高致病性禽流感 SI 传播模型研究

李艳丽, 周洁萍, 方立群, 龚建华 (中国科学院遥感应用研究所, 北京 100101)

摘要 [目的]分析影响高致病性禽流感传播的主要因素。[方法]将家禽养殖场分为未感染和已感染2类, 流动禽鸟分为易感者和具有传染性者2类, 在此基础上, 建立SI传播模型。[结果] n_0 (初始流动禽鸟感染数)、 λ (鸟-家禽养殖场的传染率) 和 μ (鸟-鸟传染率) 3个因子对禽流感的传播速度起着重要作用。[结论]控制流动禽鸟的发病数量、减少病鸟与家禽的直接的或间接接触和给家禽注射疫苗是控制高致病性禽流感疫情的有效措施。

关键词 高致病性禽流感; SI模型; 家禽养殖场; 候鸟; 控制措施

中图分类号 S858.3 文献标识码 A 文章编号 0517-6611(2009)28-13603-03

Study on SI Transmission Model of Highly Pathogenic Avian Influenza

LI Yan-li et al (Institute of Remote Sensing Applications, Chinese Academy of Sciences, Beijing 100101)

Abstract [Objective] The purpose was to analyze the main influencing factors of highly pathogenic avian influenza. [Method] All poultry farm could be divided into two types: susceptible group and infected group, and all free birds (traditional poultry and wild birds) could be divided into two types: susceptible group and infectious group, on this basis, SI transmission model was established. [Result] n_0 (the initial number of infectious free birds), λ (the infectious rate between free birds and poultry farm) and μ (the infectious rate between free birds) were played an important role in the propagation velocity of propagation velocity. [Conclusion] controlling the quantity of infectious free birds, reducing the direct or indirect contact between infectious birds and poultry, and injecting the vaccine were effective measures.

Key words Highly pathogenic avian influenza (HPAI); SI model; Poultry farm; Migrants; Control measures

禽流感是禽鸟中由A型流感病毒引起的一种传染病, 该病在全球范围发生。1878年首次在意大利发现高致病性禽流感, 该病能够突然发生严重疾病, 迅速蔓延, 病死率在48h内可达到100%, 被称为鸡瘟。禽流感被发现100多年来, 人类并没有掌握特异的预防和治疗方法, 仅能以消毒、隔离、大量宰杀家禽的方法防止其蔓延。高致病性禽流感不仅给农业带来巨大的经济损失, 还可能引发人流感大流行, 目前已陆续发生人感染高致病性禽流感疫情。1997年, 在香港首次出现人感染H5N1型高致病性禽流感病例, 该病导致12人发病, 6人死亡。根据世界卫生组织的统计, 截止2009年3月23日, 全球共有15个国家和地区的412人感染此病, 其中256人死亡, 病死率达63%, 中国已有38人发病, 其中25人死亡。进入2007年以来, 禽流感在亚洲、欧洲、非洲的多个国家和地区呈现卷土重来之势^[1], 如今, 在亚洲, 非洲, 欧洲和中东地区, 大约62个国家报告了家禽或野生鸟类发生H5N1型高致病性禽流感疫情。因此, 对禽流感的防控研究已经刻不容缓。

科学家发现, 一些迁徙水鸟可能在长距离飞行中将病毒传给其飞行沿途地区的禽类, 在2005年4月底, 中国青海湖自然保护区发生的6000多只候鸟感染高致病性禽流感病毒死亡, 这一猜想得到进一步加强^[2]。如今, 越来越多的研究均证明候鸟与禽流感的暴发有着不可分割的联系^[3]。另外, 随着全球化的加速, 一定程度上也加剧了禽流感传播的风险, 野生鸟类的走私、家禽的贸易在病毒的传播中同样占有不可忽视的地位, 对疾病扩散的影响甚至可能超过候鸟^[4]。目前, 对于动物间禽流感的传播模型研究主要基于以下3类。①基于SI/SIR的确定性模型^[5-7]; ②动力系统模型; ③

基于统计、随机过程、时间序列等对数据进行分析的统计学模型。在目前的确定性模型研究中, 大多考虑禽鸟的潜伏期, 如发病死亡之后退出系统的SIR模型和考虑免疫状况的SIR模型^[8-9]。这些模型基本都是以单只的家禽或者野鸟作为个体来研究, 以染病的禽鸟数量来量化疫情规模。实际上, 一旦发现有家禽患病, 则会人为的捕杀销毁养殖场内所有接触的家禽, 所以用养殖场作为个体, 比单只家禽作为个体来衡量疫情的发展更加合理。同时, 已有研究证实, 病死的野鸟仍然携带病毒, 在自然环境中还可能将病毒传染给别的野鸟, 而且, 病死家禽也可能在贸易过程中感染别的家禽。因此, 笔者考虑禽鸟病死后仍具备传播高致病性禽流感的能力, 以所有家禽养殖场、候鸟以及市场上流通的禽鸟为研究对象, 建立高致病性禽流感SI传播模型, 对高致病性禽流感的传播风险进行预测。

1 高致病性禽流感 SI 传播模型

(1) 家禽养殖场总数一定, 在感染禽鸟的作用下, 部分家禽被感染, 对于任意一个家禽养殖场, 只要有1只家禽感染禽流感, 则很快就会在整个家禽养殖场蔓延开来。该研究以1次疫情中被感染的家禽养殖场数量来衡量疫情, 假设 t 时刻, 易感家禽养殖场的数量为 $S(t)$, 被感染的家禽养殖场数量为 $I(t)$ 。

(2) 假设家禽养殖场发生的禽流感疫情主要通过野鸟和家禽的贸易引起。该研究将家禽养殖场之外的家禽和野鸟作为传染源, 考虑到很多鸟类在死亡之后仍然具有感染性, 将所有具有流动性的家禽和野鸟作为一个整体, 分为易感者 $m(t)$ 和具有传染性者 $n(t)$ 2类, 被感染的鸟发病死亡之后, 仍带有传染性, 可以传染给别的鸟和家禽。

(3) 具有传染性的鸟每天感染1个家禽养殖场的平均概率为 λ 。

(4) 具有传染性的鸟平均每天感染1只流动禽鸟的概率为 μ 。

(5) 模型中, 令所有流通禽鸟的总数量为1, 所有家禽养

基金项目 国家科技重大专项(2008ZX10004-012); 国家自然科学基金(40871181); 国家863项目(2007AA122240); 北京市自然科学基金重点项目(7061005)。

作者简介 李艳丽(1982-), 女, 湖北钟祥人, 硕士研究生, 研究方向: 虚拟地理环境, 公共卫生等。

收稿日期 2009-05-23

殖场的数量为 c , 即 $c = \text{家禽养殖场总的数量} / \text{流动禽鸟的总数量}$ 。初始被感染家禽养殖场比例为 C_0 , 初始流动禽鸟感染数为 n_0 。

基于以上假设, 建立 SI 传播模型:

$$\begin{cases} S(t) + I(t) = c \\ \frac{\partial I}{\partial t} = n\lambda S(t) \end{cases}$$

对此微分方程求解, 可得每天被感染的家禽养殖场总数为

$$I(t) = e^{-n\lambda ct} (c + \int cn\lambda \cdot e^{n\lambda ct} dt) \quad (1)$$

对于流动的禽鸟, 有:

$$\begin{cases} m(t) + n(t) = 1 \\ \frac{\partial n}{\partial t} = m\mu n \end{cases}$$

对此微分方程求解, 得每天被感染的流动禽鸟总数为

$$n = \frac{1}{1 + (\frac{1}{n_0} - 1)e^{-\mu t}} \quad (2)$$

综合(1), (2)两式, 可得被感染家禽养殖场的数量与初始感染禽鸟数量以及时间的关系为:

$$I(t) = c - \frac{(c - I_0)}{(n_0 e^{\mu t} + 1 - n_0)^{\lambda/\mu}} \quad (3)$$

则每天被感染的家禽养殖场数占总家禽养殖场数的百分比为

$$C_0 = \frac{I(t)}{c} = 1 - \frac{1 - \frac{I_0}{c}}{(n_0 e^{\mu t} + 1 - n_0)^{\lambda/\mu}} \quad (4)$$

家禽养殖场感染率达到 50% 所需要的时间为:

$$t = \frac{1}{\mu} \ln \left(\frac{(2 - 2I_0/c)\mu/\lambda - 1 + n_0}{n_0} \right) \quad (5)$$

当 $t \rightarrow \infty$ 时, $I(t)/c = 1$, 即所有家禽养殖场都会被感染, 也就是说, 在不采取控制措施的情况下, 最终所有家禽养殖场都会被病毒感染。在绝对控制之下, 即 $\lambda = 0$ 时, 切断流动禽鸟与家禽的传播途径, 禁止家禽贸易, 野鸟贸易, I 维持在 I_0 , 疫情不会扩散。

2 结果与分析

在固定其他量的情况下, 分别讨论 n_0 、 C_0 、 λ 、 μ 对传播的影响。在固定变量的时候, 取 $C_0 = 0.001$, $n_0 = 0.001$, $\lambda = 0.1$, $\mu = 0.1$, 研究 3 个月内的疫情变化和发展趋势。

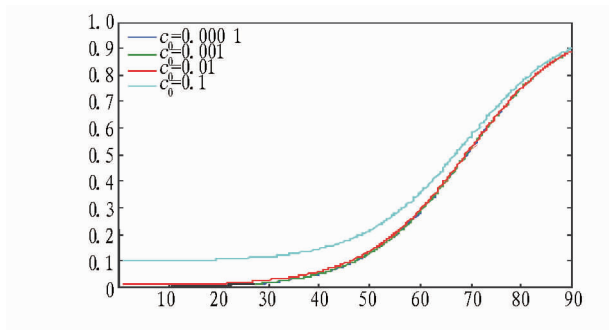


图 1 n_0, λ, μ 不变时, C_0 与 $I(t)$ 在 3 个月内随时间的变化

Fig. 1 When n_0, λ and μ are constant, the relationship between C_0 and $I(t)$

从图 1 中 C_0 与 $I(t)$ 的函数曲线可以清晰的看出, C_0 的取值对于疫情的发展传播趋势所产生的影响微乎其微, 对疾

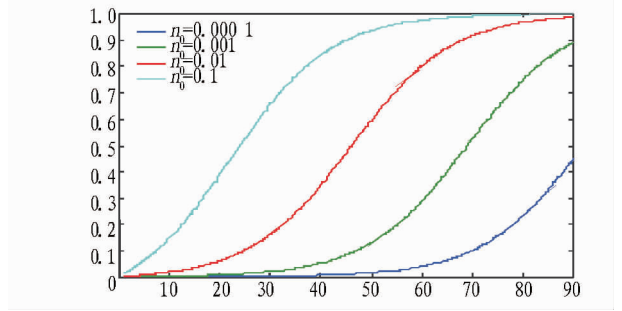


图 2 在 C_0, λ, μ 不变的情况下, n_0 与 $I(t)$ 在 3 个月内随时间的变化

Fig. 2 When C_0, λ and μ are constant, the relationship between n_0 and $I(t)$

病的扩散速度影响也不大。由于整个家禽养殖场作为个体, 家禽养殖场内直接感染是通过流动的禽鸟, 而不是别的被感染的家禽养殖场, 所以被感染的家禽养殖场的多少不会影响到疾病扩散的速度。即病毒蔓延的速度不会随着被感染的家禽养殖场数的增加而增加。

由图 2 可知, 随着 n_0 的增加, $I(t)$ 明显增加。这说明: 在疾病传播过程中, 初始携病的流动禽鸟对病毒的传播速度也有不可忽视的影响, 随着疫情的发展, 被感染携病的野鸟越来越多, 则扩散的速度会加快。

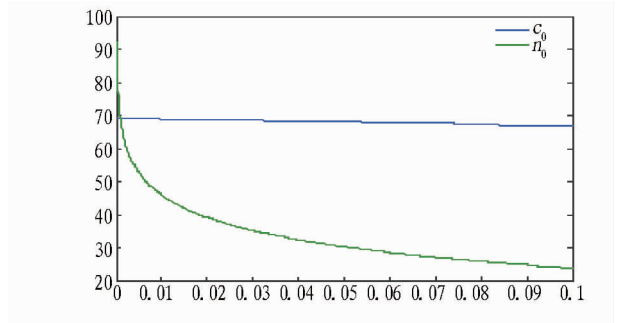


图 3 λ, μ, C_0 不变, n_0 与 t 的关系, 以及 λ, μ, n_0 不变, C_0 与 t 的关系

Fig. 3 When C_0, λ and μ are constant, the relationship between n_0 and t and when n_0, λ and μ are constant, the relationship between C_0 and t

由图 3 可以直观的看到病鸟数量对传播速度影响的大小。在初期, 就是 n_0 很小 (< 0.01) 时, t 对 n_0 的变化很敏感, 随着 n_0 的增加, 传播速度急剧加快, 但在 n_0 比较大的时候, t 随着 n_0 的变化趋于缓慢。

从经典的 SIR 模型中, 我们可以知道平均传染率对疾病传播有着非常重要的作用, 病例与传染率一般呈指数关系变化。

从图 4、图 5 可以看出, λ 对疾病扩散的影响与 μ 对疾病扩散的影响相似, 随着 λ 的增加, 疾病扩散的速度明显增加, 但是增速慢慢减小。即 λ 从 0.1 增加到 0.2 时, 对疾病扩散速度的影响要大于从 0.2 增加到 0.3。

由图 6 可以看出, 随着 λ 与 μ 的增加, 疾病传播达到 50% 的时间快速缩短, 而且, μ 对传播时间的影响要大大多于 λ 。如 μ 从 0.1 增加到 0.5 时, 时间从 70 d 缩短到 20 d, 而 λ 从 0.1 增加到 0.5 时, 时间从 70 d 缩短到 50 d 左右。也就是

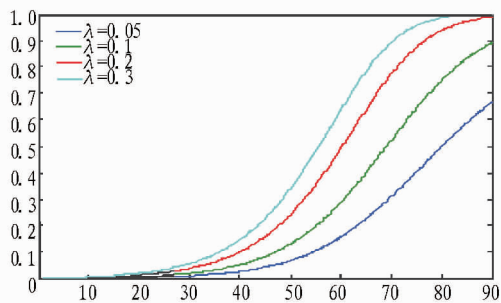


图 4 $C_0 = 0.001, \mu = 0.1$, λ 分别取值为 0.05, 0.1, 0.2, 0.3 时疾病扩散速度

Fig. 4 When $c_0 = 0.001, \mu = 0.1$, the relationship between λ and $I(t)$

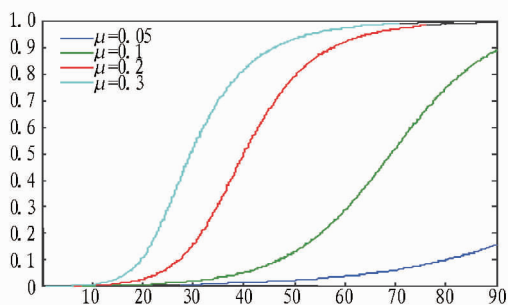


图 5 当 $\lambda = 0.1, \mu$ 分别取值 0.05, 0.1, 0.2, 0.3 时的发病率

Fig. 5 When $\lambda = 0.1$, the relationship between μ and $I(t)$

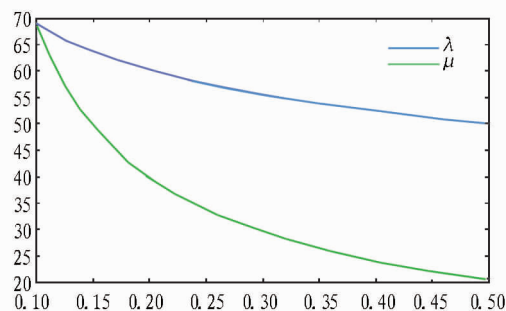


图 6 C_0, n_0 不变, 感染家禽养殖场比率达到 0.5 时, 所需的天数与 λ, μ 的关系

Fig. 6 When c_0, n_0 are constant, the relationship between λ and t and the relationship between μ and t

说, μ 的变化对疫情的发展起着更加重要的作用。

3 结论与讨论

笔者对禽流感在家禽养殖场的传播构建了 SI 模型, 对于影响疫情传播的各个因子做了定性及定量的分析, 结果表明: n_0 (初始流动禽鸟感染数)、 λ (鸟-家禽养殖场的传染率) 和 μ (鸟-鸟传染率) 这 3 个因子对禽流感的扩散速度有着非常重要的作用。当 n_0 很小的时候, 随着 n_0 的增加, 传播速度急剧加快, 所以, 早发现情况, 早采取措施, 有利于控制疫情。 λ 与病鸟和家禽养殖场内家禽的有效接触、家禽的易感性有关, 随着 λ 的增加, 疾病扩散的速度明显增加, 但是增速慢慢减小, 我们可以通过减少病鸟与家禽的接触和给家禽注射疫苗来降低 λ 的值, 从而达到降低禽流感传播速度、控

制疫情发展的目的。 μ 对疾病扩散的影响与 λ 相似, 并且其传播时间比 λ 更短。因此, 要控制鸟-鸟传染率 μ , 应从流动病鸟禽之间的有效接触和易感性 2 个方面来考虑。

根据以上研究结果, 我们可以得出, 要控制疫情的发展, 可以从初始流动禽鸟的感染率, 鸟-家禽养殖场传播率和鸟-鸟传染率 3 个方面入手。流动禽鸟包含贸易家禽、走私野鸟和野生鸟类 3 大类。但野生鸟类的迁徙运动是很难控制的, 如果人为控制, 反而可能会影响生态平衡带来更大的损害, 所以在这个方面, 应该把力量集中在规范家禽贸易市场, 控制野鸟的走私上。禽类的排毒感染基本都是从泄殖腔-口腔途径, 且鸡鸭鹅等禽类均能从泄殖腔中排出病毒^[10], 在野生携病鸟类的排泄物中均有病毒发现。禽流感病毒在室温条件下, 可以在表面存活几个星期。因此, 要减少禽鸟之间的有效传播, 除了尽量控制禽鸟之间的直接接触之外, 还得防止间接接触, 如病鸟排泄物遗留在家禽养殖场、家禽在此环境下就有可能被感染。所以对家禽的养殖环境、贸易环境都应该严格消毒。购置回来的家禽应该隔离消毒, 观察无症状之后再混养; 不同批次的家禽尽量分开养殖, 相互之间独立封闭, 防止患病家禽携带的病毒迅速在整个农场蔓延; 贸易运输中的家禽, 应用封闭式装载运输工具, 防止运输途中, 家禽排泄物散落在路上, 引发疾病的扩散; 有条件的情况下, 还可给家禽注射疫苗, 增加其抵抗力; 此外, 政府机构还应该加大禽流感的宣传, 让人们都了解禽流感, 响应政府号召, 配合防疫人员, 做好病禽的处理以及农舍的消毒工作, 停止走私野生鸟类, 积极参与配合禽流感的控制工作。

目前, 候鸟等野鸟对禽流感影响的研究尚处于起步阶段, 具体传播机理还不十分清楚, 只有家禽的贸易在政府控制范围之内, 野生鸟类的贸易在一般黑市中较难控制。该模型中将流动鸟类之间的病毒传播分为 2 类, 事实上, 发病鸟类死亡后, 其病毒存活时间, 传染性都随着环境气候的不同而不同, 因此, 下一步的研究将基于环境气候等因素建立 SIR 模型。

参考文献

- [1] 世界卫生组织. 禽流感相关知识问答 [EB/OL]. (2008-10-23) <http://www.boiyar.cn/article/2008/10/23/187563.shtml>.
- [2] 孙根年, 杨欢欢. 基于 Internet 与 GIS 的全球禽流感时空动态分析 [J]. 地理与地理信息科学, 2006, 22(6): 24-29.
- [3] JOHN P TRACEY, RUPERT WOODS, DAVID ROSHIER, et al. The role of wild birds in the transmission of avian influenza for Australia: an ecological perspective [J]. EMU, 2004; 104: 109-124.
- [4] SIMS L D, DOMENECH J, BENIGNO C, et al. Origin and evolution of highly pathogenic H5N1 avian influenza in Asia [J]. Vet Rec, 2005, 157: 159-164.
- [5] SHINGO IWAMI A, YASUHIRO TAKEUCHI. Avian-human influenza epidemic model [J]. Mathematical Biosciences, 2007, 207: 1-25.
- [6] DHANANJAI M RAO, ATEXANDER CHERNAKHOVSKY, VICTORIA RAO. Modeling and analysis of global epidemiology of avian influenza [J]. Environmental Modelling & Software, 2009, 24: 124-134.
- [7] 姜启源. 数学模型 [M]. 2 版北京: 高等教育出版社, 2002.
- [8] 梁瑞华. 高致病性禽流感传播机理的 SEID 模型构建及应用 [J]. 信阳师范学院学报: 自然科学版, 2007, 20(3): 262-265.
- [9] 崔尚金, 于康震, 毕可东. 禽流感免疫与流行的生物数学模型初析 [J]. 中国预防兽医学报, 2000, 22(1): 73-74.
- [10] 王桂荣, 赵立红, 乔建. 禽流感病毒 H5N1 动物致病模型的研究 [J]. 实验动物科学与管理, 2005, 22(4): 40-42.