

· 疾病诊断与流行病学评估模型 ·

基于新型数学和统计模型的新冠肺炎发生和发展规律的研究成果回顾与展望

尤 翀¹ 张云俊² 张 原³ 周晓华^{1,2*}

1. 北京大学 北京国际数学研究中心, 北京 100871
2. 北京大学 公共卫生学院生物统计系, 北京 100871
3. 北京大学 数学科学学院, 北京 100871

[摘要] 新型冠状病毒肺炎大流行已步入了第三个年头,如何科学、高效地开展和实施防控仍是我们亟待解决的现实问题。在国家自然科学基金专项项目的支持下,周晓华团队综合利用流行病学数据、病毒基因数据、交通流量数据等各种信息,从统计模型和数学模型相结合的角度对新型冠状病毒肺炎疫情的发生和发展过程进行深入研究,聚焦于新型冠状病毒的传播特征以及发展规律,重点感染区域的感染人数,中国及海外疫情发展、控制时间、防疫政策以及疫苗分配方法等关键问题,为我国的科学防疫提供有效的理论支持。

[关键词] 新冠疫情;动力学模型;潜伏期;再生数;超级传播时间;疫苗接种策略

2020年伊始,突如其来的新冠肺炎疫情在全球范围肆虐,截至2022年8月8日,全球总感染人数已超5.8亿,总死亡人数640万。面对持续的疫情,我们该如何控制疫情?如何对疫情进行早期预警?针对不同毒株该采取什么样的防疫政策?

实际上,人类与传染病的斗争从古至今一直都在进行。从古老的黑死病到近代的艾滋病,从甲型流感疫情到非典疫情,可以说人类社会的发展史就是一部与传染疾病作斗争的历史。每一次的传染病疫情都会给全球的发展造成巨大的冲击。而数学和统计模型因为其定量化、科学化的优点和精确性、可靠性的特质,很早就被用来研究传染病的传播过程。1854年英国医生John Snow通过绘制英国伦敦的霍乱地图,发现了病毒来自于被污染的水泵。通过隔离病毒,成功地解除了霍乱疫情^[1]。1927年苏格兰流行病学家Kermack和McKendrick提出了传染病传播过程的数学模型—SIR(Susceptibles, Infectives, Recovered)模型^[2]。该模型被广泛应用于各种传染病的建模分析中,很多研究团队都以SIR



周晓华 北京大学讲席教授,北京大学公共卫生学院生物统计系主任,北京大学北京国际数学研究中心生物统计和生物信息研究室主任。主要研究方向为诊断医学的统计方法、因果推断、新兴传染病的数学和统计建模,脑科学的统计方法,发表相关领域SCI论文270多篇。主持多项国家级项目,包括科学技术部重点研发计划项目,国家自然科学基金重点专项,国家自然科学基金面上项目。获得美国联邦政府退伍军人事务部研究生涯科学家奖(Research Career Scientist Award)、国际贝叶斯学会颁发的Mitchell奖、2015年中国科学数学杂志的优秀论文奖。



尤翀 北京大学北京国际数学研究中心特聘副研究员。主要研究方向为变分贝叶斯、模型选择、混合模型、孟德尔随机化。作为研究骨干参与“基于新型数学和统计模型的新型冠状病毒发生和发展规律的研究”项目,发表新冠肺炎疫情相关论文11篇。

模型为基础给出了此次新冠疫情发展趋势的分析和预测^[3-5]。

收稿日期:2022-05-23;修回日期:2022-07-20

* 通信作者,Email:azhou@math.pku.edu.cn

本文受到国家自然科学基金项目(82041023)的资助

近年来,传染病的传播机制更加复杂,研究者们综合利用数学和统计模型,基于多种信息对传染病的发生和发展机制进行精确地建模分析^[6-13]。在2013年爆发的非洲埃博拉疫情中,研究者基于病毒基因数据进行建模分析,揭示了病毒跨地理区域传播的机制^[10]。在2016年美洲寨卡病毒疫情中,研究者基于地理信息和病毒基因信息,准确地定位了寨卡病毒的发源地,并揭示了病毒在地理分布上的规律^[11]。此外,在慢性传播的艾滋病疫情中研究者利用带有空间网络结构的病毒扩散模型,阐明了艾滋病病毒在全球范围内的时空传播关系^[12]。

除此之外,研究者们基于数学和统计模型的研究结果,提出了一些阻止疾病传播的新举措。例如,研究者发现西非葬礼成埃博拉“超级传播事件”,集中精力隔离症状最严重的埃博拉病例将大幅度降低传染^[14, 15]。另一项研究使用实时航空公司数据预测出对特定旅行者进行筛查能够最有效地防止埃博拉病毒在海外扩散^[16]。但是,基于数学和统计模型对干预措施进行效果评估的研究结果不多。特别是对一些常见的干预措施(如密接追踪等)在实际情况下的使用效果,没有形成一致的有效评估方法^[17, 18]。

数学和统计模型的研究成果对各国政府和世界卫生组织应对传染病疫情的决策提供了充分且可靠的依据^[13]。同时,各国政府也积极开发基于数学和统计模型的疾病预测和分析系统^[19, 20]。例如,2019年1月,美国疾病控制与预防中心(Centers for Disease Control and Prevention, CDC)宣布将斥资1750万美元建立一个卓越流感预测中心(The Delphi National Center of Excellence for Influenza Forecasting)的网络,每个中心的任务将是提高实时预测的准确性和沟通能力,并改善季节性流感预防和控制措施的实施^[19]。

这些来自理论研究和实践工作的成功经验表明,综合利用数学和统计模型,基于多种数据信息来进行量化、科学化地防控,是我们与传染病作斗争的重要武器。北京大学周晓华团队综合利用流行病学数据、病毒基因数据、交通流量数据等各种信息,从统计模型和数学模型相结合的角度对本次新冠疫情的发生和发展过程进行深入研究并获得了国家自然科学基金委员会新冠疫情专项的资助。接下来,我们将对相关成果作具体阐述。

1 关于新冠疫情发生和发展规律的研究内容和成果

周晓华团队(以下简称“团队”)聚焦于新冠病毒的传播特征以及发展规律、重点感染区域的感染人数、中国及海外疫情发展、控制时间以及疫苗分配方法等关键问题,开展创新性的数学和统计模型,并获得丰硕的成果。

1.1 新冠病毒潜伏期、隔代时间、再生数估计

团队在新冠疫情爆发初期对新冠病毒的潜伏期、隔代时间、再生数^[21-23]等特征进行了估计。潜伏期是指从被感染到表现出疾病最初症状的间隔时间,是最重要的传染病特征之一。然而,由于新冠疫情的突发性和流调的复杂性,我们在疫情早期缺乏对新冠病毒潜伏期的可靠估计。早期的针对新冠疫情的4~5天的潜伏期估计值是基于可能受患者的记忆或判断偏差影响的自我报告且数据样本量较小^[24, 25]。团队创新性地采用了概率论中的更新过程理论,挑选出2020年1月在武汉被感染并在潜伏期中离开武汉的人作为样本,并将他们的感染时间至离开武汉时间的间隔视为向前时间(Forward Time),将他们离开武汉时间至症状出现时间的间隔视为向后时间(Backward Time),通过可观测的向后时间的分布估计潜伏期(潜伏期为整个更新过程的时间,即向前时间和向后时间的总和)分布^[21]。该方法通过减少回忆偏倚(Recall Bias),并充分利用丰富的现成数据(1084例已知有中国武汉旅游或居住史的新冠确诊病例,无需调查具体感染时间),提高了估计的准确性。团队估计2020年初的新冠病毒潜伏期中位数为7.76天(95% CI为7.02~8.53),第九百分位为14.28天(95% CI为13.64~14.90)。考虑到有一小部分患者在离开武汉的途中感染的可能性,潜伏期超过14天的估计概率在5%~10%之间。该方法避免了受患者记忆或判断偏差的影响,且涉及的患者样本量远远高于当时其他任何此类研究的样本量。同时团队得到的潜伏期估计量与2020年疫情爆发初期发表的其他文献中得到的潜伏期估计值有显著区别,为各国卫生当局提供了一个可能更准确的潜伏期估计,可以为采取隔离等遏制措施和调查疾病传播的研究提供指导。此外,团队通过潜伏期、系列间隔(Serial Interval)以及卷积法,提出了针对不同的病毒传播特点的隔代时间(Generation Time)估计新方法^[22],该估计方法具有良好的统计性质。

1.2 新冠病毒的动力学传播模型

团队提出(改进)了4个(其中2个已发表,2个还在期刊审评中)适用于不同城市和时期、符合新冠疫情传播机制及防疫措施特点的随机动力学模型,解释了COVID-19独特的传播动态,充分考虑到潜伏期的传染性、无症状感染者和医学追踪以及不同时间点防控措施对于疫情的影响,克服传统动力学模型的不足^[26, 27]。此外,团队改进了全球流行病与流动模型(GLEAM),通过在流行病学建模和统计推断中引进疾病传播率的时空异质性、以及其关于不同地域之间的相关性,使得改进后的GLEAM模型不仅可以适用于传统上单点爆发—扩散的场景,更可以运用于新冠疫情全球大流行多地区社区传播的现实情况,在中国和欧洲的模拟数据和真实数据的实验表明,该模型在预测新确诊病例方面比其他模型具有更高的准确性。通过提出的动力学模型,本团队(1)有效地评估了我国实施干预措施效果;(2)精准预测了国外疫情发生和发展趋势;(3)结合输入病例的信息和当前国际疫情防控和中国边境疫情控制政策,预测如果不对境外航班采取限制措施,输入病例将造成极高的风险;(4)揭示了2020年初武汉疫情中出现的隐蔽传播现象,并发现在大规模疫情爆发得到控制后,有必要在一段时期内坚持防控政策,或在解除相应防控之前进行至少一轮全面核酸检测;(5)有效预测了新冠疫情全球大流行多地区、社区传播的现实情况。

此外,团队与中国疾病预防控制中心以及湖北省疾病预防控制中心合作,利用2020年宜昌疫情的个体数据,研究家庭感染在新冠疫情传播中的作用和异质性。利用Erdős - Rényi随机图连通分支增长算法,建立了反映传播机制的随机动力学模型。该研究发现家庭传播具有异质性,且在当地管控措施实施之前,家庭传播占比约为25.1%(12.9%~41.4%);而在更加严格的社会管控措施实施之后,家庭传播占比更是提升到38.5%(22.7%~54.4%)。同时,团队发现对于新冠患者家庭成员的排查和集中隔离有效降低了超过50%的感染,并使得疫情结束的时间提前了2个月以上。

1.3 防疫政策相关建议

团队通过数学模型对我国抗疫清零防疫相关政策提出建议并获得广泛关注^[28]。利用美国、英国、西班牙、法国和以色列2021年夏秋疫情、疫苗接种情况,结合我国同一时期扬州疫情重症规模数据,并利用人口密度以及年龄结构信息加以修正,团队评

估了如果中国采取与这些国家相同的防疫策略的潜在结果。该研究揭示了在2021年夏秋的病毒变异特性和人群免疫水平下,一旦我国采取了上述参考国家的防疫政策,即便在高度乐观保守的估计下,我国每日新增确诊病例将达到数十万例,每日新增重症也将接近万例。这一估计不仅揭示了大规模暴发的真实可能性,也预示了其将给医疗系统带来难以承受的负担。此项工作产生了较大的社会影响,共有370多家重要媒体参与报道本项工作,国内媒体有人民日报、人民政协网、光明网、央视网、中国青年网、南方都市报、观察者网、凤凰网、浙江日报、澎湃新闻、今日头条等;国际媒体有英国路透社、美国有线电视新闻网、英国每日邮报、英国世界新闻报、美国彭博社、美国新闻周刊、美国新闻和世界报道、意大利24小时太阳报、新西兰先驱报、新加坡海峡时报、日本时报、印度时报、以色列耶路撒冷邮报、印度尼西亚雅加达邮报、英国卫报、美国合众国际社等。

此外,团队还基于分段马氏过程的个体模型(Agent-Based-Model),评估大规模体育赛事下对于比赛相关人员核酸检测的最优策略^[29]。研究发现,在6000人参与赛事的情况下,对于全赛事相关人员每人每天进行一次核酸检测,并对于出现阳性病例的代表队,在检出阳性14天内每天额外追加一次核酸检测的方案可以较好地控制赛事内疫情传播和外溢的风险,并在全部18种备选方案内达到最优的费效比。

1.4 新冠病毒疫苗的分配政策

基于我国人口学特征、人群接触模式、人群免疫水平、新冠肺炎基本再生数、代际间隔和疾病负担等关键流行病学参数,结合我国新冠疫苗的效力、产能和接种服务能力、免疫程序以及接种意愿等参数,团队与同行合作构建了群体水平的随机SIR传播动力学模型和优化模型相耦合的新冠疫苗动态分配模型^[30]。在此项工作中,针对不同规模的新冠肺炎疫情和每天疫苗接种量等情景,团队分别以最小化五个健康结局指标(包括感染人数、有症状病例数、住院人数、入住重症监护病房人数和死亡人数)为目标,利用提出的新冠疫苗动态分配模型确定了我国新冠疫苗最优时变优先接种策略(包括不同年龄组的每天疫苗接种顺序和接种量)以及相应的健康效益。研究表明依据疫情发展而动态调整的新冠疫苗优先策略可以同时显著降低多个结局目标(包括感染人数和死亡人数等)。相较于全人群随机接种策

略而言,动态优化策略在多种不同场景下能保持明显优势,但在一些情况下(当疫苗接种远先于疫情爆发或日接种能力很高(我国现行的疫苗接种场景)),全人群随机接种策略或可与动态优化策略表现持平。

1.5 鉴定“冷冻”病毒是导致我国数次散发疫情的原因

2020年6月北京新发地疫情的成因一直没有完整的答案。虽然流行病学调查结果确定了疫情是受污染的冷冻产品引发的,但是,并没有确定冷冻产品的污染过程。一种可能是在国外受污染,并通过冷链运输至国内后引起病毒传播;另一种可能是无症状或核酸检测假阴性的国际旅行者将病毒带入新发地市场,进而在市场内污染了冷冻食品。这两个假设之间的主要区别之一是病毒是否经历过一段时间的冷冻,使得病毒的进化出现停滞。团队开发了基于贝叶斯因子的枝端时间测定法,并将它应用于新发地疫情采集的新冠病毒序列数据上^[31]。首先该项目研究结果显示,与同时期国际流行毒株相比,新发地 SARS-CoV-2 序列包含的单核苷酸变异(Single Nucleotide Variants, SNVs)的数量显著偏少($P=0.047$);其次新发地序列的计算年龄显著早于其记录的采集日期(贝氏因子(Bayes factor) >10),而随机选择的对照序列没有这样的特征(Bayes factor <10)。我们的结果表明新发地 SARS-CoV-2 序列在进化上呈现明显的“停滞”的特征,从而为新发地病毒是在国外受到污染,并经过进口冷冻食品输入国内这一结论提供了新的分子流行病学证据。此外,本研究提出的分子流病分析方法将有助于解析其他由冷冻病毒引起的新冠病毒爆发事件的成因和机制。

1.6 新冠病毒传播异质性和超级传播者研究

自新冠肺炎疫情发生以来,对于病毒传播过程中的超级传播事件和传播异质性还缺乏严谨的研究。团队密切追踪 2020 年天津市 135 名感染者的流行病学数据,将病例分为 43 个传播链,利用分支过程理论和统计学中的期望最大算法(EM 算法)相结合,分析病毒传播特征,并首次给出了适用于中国本土新冠病毒疫情的超级传播者的确定标准,确定了在天津疫情中发生的超级传播事件^[32]。此外,依据模拟实验结果证实,政府实施的一系列强有力的隔离措施对于存在超级传播者的疫情控制依然有效。本研究的结果,对于识别和控制超级传播事件至关重要,建议各国相关部门采取有针对性的措施

来遏制疫情的进一步蔓延。

2 总 结

新冠大流行的两年多来,全球范围内大规模感染仍然此起彼伏,新增重症人数、死亡人数也仍处于高位,疫情态势复杂多变,是近几十年来最为严峻的公共卫生危机。尤其是新毒株不断地产生,其中的几个变种迅速演变为全球主要流行株,具有极高的传染性和免疫逃逸能力,其潜伏时间、无症状比例等特征也有较大的变化。这些变异毒株无疑增加了新冠疫情的不确定性,对非药物干预措施的制定、阳性感染者的检测方法、疫苗的开发与加强接种策略、特效药的配给等都带来一系列新的挑战。

数学和统计方法在新冠防疫上扮演着至关重要的作用,然而如果没有正确地建立数学和统计模型假设、错误理解模型含义,抑或是简单粗暴地使用既往数学统计方法,将会使模型的可靠性和参数估计的有效性大打折扣,不仅无法科学地获取最佳防疫政策,还会使疫情带来更大的灾难。

中国的防控理念一直是人民至上、生命至上,坚持科学精准、动态清零,在过去的两年多来取得了全球瞩目的伟大成就,这得益于在习近平总书记领导下的社会各界的通力合作。在复杂多变的新疫情形势下,我国的抗疫防疫工作任重而道远,这需要本着尊重科学、发挥社会主义制度优势的态度去及时动态调整防疫策略,因此也给学术界提出了更高的要求。周晓华团队将继续攻关重大公共卫生问题,开发先进的数学和统计方法,对数据和理论进行结合,进一步对防疫政策进行因果性评估,为我国的科学防疫提供有效的理论支持。

参 考 文 献

- [1] Johnson S. The ghost map: a street, an epidemic and the hidden power of urban networks. The United Kingdom: Penguin Books Ltd, 2008.
- [2] Kermack WO, McKendrick AG. Contributions to the mathematical theory of epidemics—I. Bulletin of Mathematical Biology, 1991, 53(1/2): 33—55.
- [3] Wu JT, Leung K, Leung GM. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study. The Lancet, 2020, 395(10225): 689—697.
- [4] Tang B, Wang X, Li Q, et al. Estimation of the transmission risk of the 2019-nCoV and its implication for public health interventions. Journal of Clinical Medicine, 2020, 9(2): 462.

- [5] Read JM, Bridgen JRE, Cummings DAT, et al. Novel coronavirus 2019-nCoV (COVID-19): early estimation of epidemiological parameters and epidemic size estimates. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London Series B, Biological Sciences*, 2021, 376(1829): 20200265.
- [6] Chretien JP, Riley S, George DB. Mathematical modeling of the west Africa Ebola epidemic. *eLife*, 2015, 4: e09186.
- [7] Redding DW, Atkinson PM, Cunningham AA, et al. Impacts of environmental and socio-economic factors on emergence and epidemic potential of Ebola in Africa. *Nature Communications*, 2019, 10: 4531.
- [8] Yang SH, Santillana M, Kou SC. Accurate estimation of influenza epidemics using Google search data via ARGO. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2015, 112(47): 14473—14478.
- [9] Lu FS, Hattab MW, Clemente CL, et al. Improved state-level influenza nowcasting in the United States leveraging Internet-based data and network approaches. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 147.
- [10] Dudas G, Carvalho LM, Bedford T, et al. Virus genomes reveal factors that spread and sustained the Ebola epidemic. *Nature*, 2017, 544(7650): 309—315.
- [11] Faria NR, Quick J, Claro IM, et al. Establishment and cryptic transmission of Zika virus in Brazil and the Americas. *Nature*, 2017, 546(7658): 406—410.
- [12] Wertheim JO, Leigh Brown AJ, Hepler NL, et al. The global transmission network of HIV-1. *The Journal of Infectious Diseases*, 2014, 209(2): 304—313.
- [13] Robinson R. ebola in West Africa: a global challenge and public health threat. (2014-09-16)/[2022-07-25]. <https://www.help.senate.gov/imo/media/doc/Robinson.pdf>.
- [14] Faye O, Boëlle PY, Heleze E, et al. Chains of transmission and control of Ebola virus disease in Conakry, Guinea, in 2014: an observational study. *The Lancet Infectious Diseases*, 2015, 15(3): 320—326.
- [15] Althaus CL. Ebola superspreading. *The Lancet Infectious Diseases*, 2015, 15(5): 507—508.
- [16] Read JM, Diggle PJ, Chirombo J, et al. Effectiveness of screening for Ebola at airports. *Lancet (London, England)*, 2015, 385(9962): 23—24.
- [17] Luca G, Kerckhove KV, Coletti P, et al. The impact of regular school closure on seasonal influenza epidemics: a data-driven spatial transmission model for Belgium. *BMC Infectious Diseases*, 2018, 18(1): 29.
- [18] Fumanelli L, Ajelli M, Merler S, et al. Model-based comprehensive analysis of school closure policies for mitigating influenza epidemics and pandemics. *PLoS Computational Biology*, 2016, 12(1): e1004681.
- [19] Schmidt C. Real-time flu tracking. *Nature*, 2019, 573(7774): S58—S59.
- [20] Su K, Xu L, Li GQ, et al. Forecasting influenza activity using self-adaptive AI model and multi-source data in Chongqing, China. *EBioMedicine*, 2019, 47: 284—292.
- [21] Qin J, You C, Lin QS, et al. Estimation of incubation period distribution of COVID-19 using disease onset forward time: a novel cross-sectional and forward follow-up study. *Science Advances*, 2020, 6(33): eabc1202.
- [22] Deng YH, You C, Liu YK, et al. Estimation of incubation period and generation time based on observed length-biased epidemic cohort with censoring for COVID-19 outbreak in China. *Biometrics*, 2021, 77(3): 929—941.
- [23] You C, Deng YH, Hu WJ, et al. Estimation of the time-varying reproduction number of COVID-19 outbreak in China. *International Journal of Hygiene and Environmental Health*, 2020, 228: 113555.
- [24] Li Q, Guan XH, Wu P, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia. *The New England Journal of Medicine*, 2020, 382(13): 1199—1207.
- [25] Zhang JJ, Litvinova M, Wang W, et al. Evolving epidemiology and transmission dynamics of coronavirus disease 2019 outside Hubei Province, China: a descriptive and modelling study. *The Lancet Infectious Diseases*, 2020, 20(7): 793—802.
- [26] Zhang Y, You C, Cai ZH, et al. Prediction of the COVID-19 outbreak in China based on a new stochastic dynamic model. *Scientific Reports*, 2020, 10: 21522.
- [27] You C, Gai X, Zhang Y, et al. Determining the covertness of COVID-19 - Wuhan, China, 2020. *China CDC Weekly*, 2021, 3(8): 170—173.
- [28] Zhang Y, You C, Gai X, et al. On coexistence with COVID-19: estimations and perspectives. *China CDC Weekly*, 2021, 3(50): 1057—1061.
- [29] Wang XC, Cai YR, Zhang B, et al. Cost-effectiveness analysis on COVID-19 surveillance strategy of large-scale sports competition. *Infectious Diseases of Poverty*, 2022, 11(1): 32.
- [30] Han SS, Cai J, Yang J, et al. Time-varying optimization of COVID-19 vaccine prioritization in the context of limited vaccination capacity. *Nature Communications*, 2021, 12: 4673.
- [31] Li Y, Zhang YJ, Liang MF, et al. Lack of evolutionary changes identified in SARS-CoV-2 for the re-emerging outbreak of COVID-19 in Beijing, China. *Biosafety and Health*, 2022, 4(1): 1—5.
- [32] Zhang YJ, Li YY, Wang L, et al. Evaluating transmission heterogeneity and super-spreading event of COVID-19 in a metropolis of China. *International Journal of Environmental Research and Public Health*, 2020, 17(10): 3705.

A Study on the Outbreak and Pattern of Development of COVID-19 Pandemic Based on New Mathematical and Statistical Models

Chong You¹ Yunjun Zhang² Yuan Zhang³ Xiaohua Zhou^{1, 2*}

1. *Beijing International Center for Mathematical Research, Peking University, Beijing 100871*

2. *Department of Biostatistics, School of Public Health, Peking University, Beijing 100871*

3. *School of Mathematical Sciences, Peking University, Beijing 100871*

Abstract While the COVID-19 pandemic has entered its third year, how and what level of prevention and control should be implemented accurately, scientifically, and efficiently at each episode of the epidemic remains an urgent problem to be solved. With the support of the National Natural Science Foundation of China, Professor Xiao-Hua Zhou's team has utilized various information, including epidemiological data, virus genetic data, and traffic flow data to conduct in-depth research on the occurrence and development of the COVID-19 epidemic from the perspective of statistical and mathematical models. The focus was on the unique characteristics and the development mechanism of COVID-19, the infection/death counts in China and overseas, control time, prevention and control measure evaluation and vaccine distribution strategies, and others, and hence to provide effective theoretical support for prevention policies in China.

Keywords COVID-19 pandemic; dynamic model; incubation period; reproductive number; super spreader event; vaccination strategies

(责任编辑 姜钧译)

* Corresponding Author, Email: azhou@math.pku.edu.cn