arXiv:2304.02281v1 [math.OC] 5 Apr 2023

基于主体模型的流行病模型进行政策设计的多层次优化

扬-亨德里克·尼曼[1,2], 塞缪尔·乌拉姆[1], 莎拉·沃尔夫[1], 娜塔莎·久尔杰瓦茨·康拉德[2],和马丁·魏泽尔[2]

[1]德国柏林自由大学数学与计算机科学系，[2]德国柏林扎use研究所*

2023年3月22日

摘要

流行病学模型不仅可用于预测 COVID-19 等疫情的发展进程，还可用于提出和设计学校停课、工作场所关闭等非药物干预措施。通常，最优策略的设计会产生可由数值算法求解的非线性优化问题。流行病学模型复杂程度各异，从简单的常微分方程组（ODE）到复杂的基于主体的模型（ABM）不等。前者便于快速、直接地进行优化，但在精度、细节和参数化方面有所局限；后者则能细致刻画传播过程，但优化成本极高。我们研究一个典型情境下的策略优化问题，并分别用常微分方程（ODE）和基于主体的模型（ABM）对其建模；回顾数值优化方法，并提出一种异质多层次方法，将高分辨率 ABM 与粗粒度 ODE 模型相结合。文中还通过示例给出数值实验结果，尤其关注收敛速度。

关键词： 基于智能体的模型、多层优化、流行病学建模、干预措施、梯度近似、传播动力学

1 引言

全球 COVID-19 大流行以前所未有的方式凸显了数学建模的必要性：预测感染传播，并评估为应对疫情而采取的各种非药物干预措施所造成的影响，例如关闭学校、实施社交距离规定，

*本研究由德国研究联合会（DFG）根据德国卓越战略资助，项目为 MATH+：柏林数学研究中心（EXC-2046/1，项目 ID：390685689）。电子邮箱：{niemann,natasa.conrad,weiser}@zib.de、sarah.wolf@fu-berlin.de、usamuelsunadh@gmail.com

或限制旅行。这些干预政策的直接成本各不相同，对社会或经济的影响也各有不同；它们在实现不同目标方面的有效性也不尽相同（例如，在特定时间窗口内尽可能减少预期死亡人数或新增感染人数），且会产生各自的负面副作用。政策制定必须考虑许多尚未得到充分定量认识的因素，因此不能仅依赖感染传播的数学模型；不过，基于模型的政策优化可以成为重要的决策支持工具。例如，优化可能会揭示仅凭常识难以想到的政策或政策组合，避免人们认为不可避免的权衡，或带来意想不到的益处。

用于研究流行病的模型范围很广，从基于确定性常微分方程的确定性房室模型（例如著名的Kermack–McKendrick SIR模型，该模型考虑易感者、感染者和康复者的人口比例），到具有空间分辨率的随机基于智能体的模型（ABM） [28, 8, 44],这类模型将感染动态描述为由嵌入共同环境的复杂交互网络中大量智能体之间的离散交互所产生。

每种建模方法都有各自的权衡。一方面，常微分方程模型计算成本低，且易于理解和分析，因此有多种数学方法和工具可供其分析使用。另一方面，作为聚合模型，常微分方程模型对感染动态只能提供粗略而非详细的预测，无法对预测进行不确定性估计，而且政策措施也难以转化为模型参数化的变化。基于随机微分方程（SDE）的模型可以作为量化不确定性的一种手段。然而，这些模型往往仍是房室模型，并具有同样的缺点。

相比之下，复杂的基于主体的模型（ABM）能够表示因地制宜的政策，并分析这些政策在空间维度（如社区、城市、地区）、群体维度（如儿童、学生、劳动者、退休人员）或行业维度（如医疗、教育、零售）上的影响，因此可以提供更为详尽的预测，包括不确定性量化。这使 ABM 成为政策设计的有力工具，尤其适用于复杂环境下的因地制宜政策设计。其主要缺点是，模拟现实的 ABM 计算成本高昂。此外，这类模型本质上具有随机性，因而需要模拟多个乃至大量样本，才能得出可靠结论。也许最重要的是，数学建模（以及由此进行的分析）仍属少数情况（示例见 [24, 23, 4, 14, 22, 33]），而非普遍做法。尽管 ABM 广泛应用于社会学、经济学、地理学等多个科学领域，但研究重点大多仍是计算机模拟。

最优控制旨在为一个动态系统和给定的时间窗口寻找一种控制（通常是随时间变化的函数），使目标函数达到最优，且通常需要满足给定约束。用于求解复杂非线性优化问题的数值方法已相当成熟。利用确定性常微分方程（ODE）疫情模型进行最优控制和稳定性分析，以支持政策设计，已有悠久历史 [46], ，但仍是活跃的研究领域，例如结核病 [31]或 HIV [15]。最近，最优控制已被用于研究 COVID-19。在 [35], 中，研究者采用鲁棒最优控制和多项式混沌展开，在对遵守社交距离和检测策略的情况存在不确定性时，寻找最优疫苗接种策略。在其他研究中，例如 [45, 9, 27], ，研究者使用最优控制分析了不同封锁情景等非药物干预措施的影响。

相比之下，对基于智能体的模型（ABM）进行数学优化面临着重大挑战。优化所需的基本概念（例如导数）并没有明确定义，因为大多数 ABM 中智能体采取的步骤和决策具有离散性。近期提出的一种规避这一问题的思路是内部平滑 [2]。针对不连续期权定价的伴随概念 [16]也可能为未来研究提供方向。然而，迄今为止采用的大多数方法都完全避开了在 ABM 中考虑导数，例如直接对 ABM 应用遗传算法 [40, 29], ，或将优化问题交由另一个近似 ABM 的模型处理。这个模型可以是一个简化的 ABM，例如通过降低底层模型的空间分辨率得到 [36], ，从而再次使用启发式算法进行优化。在大多数情况下，研究者会使用“基于方程”或“系统级”模型，因为已有适用于此类模型的优化方法。此类粗粒度模型的选择依据是类似现象中已有的模型，包括差分方程、常微分方程和偏微分方程。另一种做法是选取简单的函数形式，并根据 ABM 的输出拟合参数（参见 [1] 及其中的参考文献）。随后，将简化模型的最优控制转用于 ABM。

本文采用一种多层方法，以粗层的确定性常微分方程近似细层的原始ABM，并使用著名的传染病SIR模型。多层方法利用对较粗模型进行计算成本更低的优化，从而减少更详细的“细”模型中的优化工作量。然而，本文所采取的视角并非寻找针对COVID-19等传染病的最优干预措施，而是数值优化视角，因为寻找最优干预措施属于政治与社会辩论的议题，我们无意在本文中介入。为最小化给定的（原型性且示例性的）目标，我们考虑导数并沿其进行下降。在（随机）ABM中，由于其固有的不连续性而无法获得精确导数，我们采用有限差分对导数进行数值近似。在本文提出的多层方法中，粗层与细层的结合是迭代进行的：粗层常微分方程模型用于为细层ABM中的下降方向生成试探步。该步随后必须通过接受检验，以确保目标以高置信度实现下降。

本文其余部分安排如下。在第 2 节中，我们介绍三种流行病模型，并探讨它们之间的定量关系。具体而言，我们将经典的 SIR 型常微分方程（ODE）及其对应的、以马尔可夫跳跃过程表示的齐次 ABM 作为示例。作为第三种模型，我们简要介绍由 [18] 开发的、针对特定社区且具有地理参照信息的详细 ABM，作为一种不那么简化、更加贴近现实的示例。第 3 节讨论政策优化，其中我们在一个简单的典型情境下考察政策的定义与实施，以及优化目标的构建。我们简要回顾适用于常微分方程和 ABM 的先进优化算法，并讨论其计算复杂度。随后，我们介绍一种异质多层优化方法，该方法结合精细分辨率的 ABM 和粗粒度的常微分方程近似，以加快收敛。第 4 节通过 SARS-CoV-2 传播动态的数值示例，考察这些算法，尤其是它们在计算效率方面的相对表现。第 5 节讨论尚待解决的问题和未来工作。

2 流行病学模型

本节介绍本文所用流行病模型类型的术语和符号，即第 2.1 节中的确定性常微分方程模型，以及第 2.2 节中的随机 ABM。第 2.3 节讨论这两类模型之间的关系及其一致性。

2.1 确定性常微分方程模型

基于常微分方程的数学模型常用于模拟完全混合人群中的宏观尺度疫情传播，例如城市或国家。这些模型将人群划分为不同的隔室（因此通常称为隔室模型），并且只统计属于各隔室的人口比例。隔室划分可以基于感染状态、人口统计特征，或两者兼有。本文考虑所谓的 SIR 模型 [8]，并将人群分为两个年龄组：成年人和儿童（分别用下标 a 或 c 表示各隔室）。由于不同年龄组的感染率不同，按年龄组划分已被证明有益；例如，[41] 讨论了 SARS-CoV-2 的情况。尚未感染的人属于易感者隔室 $S_\circ$，其中 $\circ \in \{\mathrm{a}, \mathrm{c}\}$。对于 $*$，当感染率为 $r_{*\to\circ}$ 时，$S_\circ$ 中的个体可能被 I_* 中的个体感染，并转入隔室 $I_\circ$。感染由 $S_\circ + I_* \to I_\circ + I_*$ 类型的相互作用引起，这类相互作用称为二阶相互作用，因为其中涉及两个人。该记法源自化学领域，表示两种给定类型的粒子转变为箭头右侧所示的两种新类型粒子。群体 $I_\circ$ 中的个体以速率 $r_\circ$ 康复，并因一阶反应 $I_\circ \to R_\circ$ 转入隔室 $R_\circ$。描述该模型的常微分方程组如下所示。

$$
\begin{aligned}
\dot{S}_\mathrm{a} &= -S_\mathrm{a}\left(r_{\mathrm{a}\to\mathrm{a}} I_\mathrm{a} + r_{\mathrm{c}\to\mathrm{a}} I_\mathrm{c}\right) \\
\dot{S}_\mathrm{c} &= -S_\mathrm{c}\left(r_{\mathrm{c}\to\mathrm{c}} I_\mathrm{c} + r_{\mathrm{a}\to\mathrm{c}} I_\mathrm{a}\right) \\
\dot{I}_\mathrm{a} &= S_\mathrm{a}\left(r_{\mathrm{a}\to\mathrm{a}} I_\mathrm{a} + r_{\mathrm{c}\to\mathrm{a}} I_\mathrm{c}\right) - r_\mathrm{a} I_\mathrm{a} \\
\dot{I}_\mathrm{c} &= S_\mathrm{c}\left(r_{\mathrm{c}\to\mathrm{c}} I_\mathrm{c} + r_{\mathrm{a}\to\mathrm{c}} I_\mathrm{a}\right) - r_\mathrm{c} I_\mathrm{c} \\
\dot{R}_\mathrm{a} &= r_\mathrm{a} I_\mathrm{a} \\
\dot{R}_\mathrm{c} &= r_\mathrm{c} I_\mathrm{c}
\end{aligned}
\tag{1}
$$

显然，各组 $S_\circ + I_\circ + R_\circ$ 的总和随时间保持不变，因此 $R_\circ$ 通常因冗余而省略。如有需要，可根据 $S_\circ$ 和 $I_\circ$ 计算得出：$R_\circ = N_\circ - S_\circ - I_\circ$，其中 $N_\circ$ 表示相应年龄组中个体所占的比例。下文中，如果不区分年龄组，我们将易感个体 $S = S_\mathrm{a} + S_\mathrm{c}$、感染个体 $I = I_\mathrm{a} + I_\mathrm{c}$和康复个体 $R = R_\mathrm{a} + R_\mathrm{c}$的数量分别记为 $S + I + R = 1$。表1所列参数下，常微分方程（1）的数值解如图1 （a）所示。关于这类模型所用数学方法的介绍，读者可参阅 [13]。

注 2.1. 对于规模为 N 的变化人口，感染率 $r_{*\to\circ}$ 由 $r_{*\to\circ} = \bar{r}_{*\circ}/N$ 给出，其中 $\bar{r}_{*\circ}$ 表示（与人口规模无关的）感染率。在文献中，$r_{*\to\circ}$ 有时也称为传播率 或传播

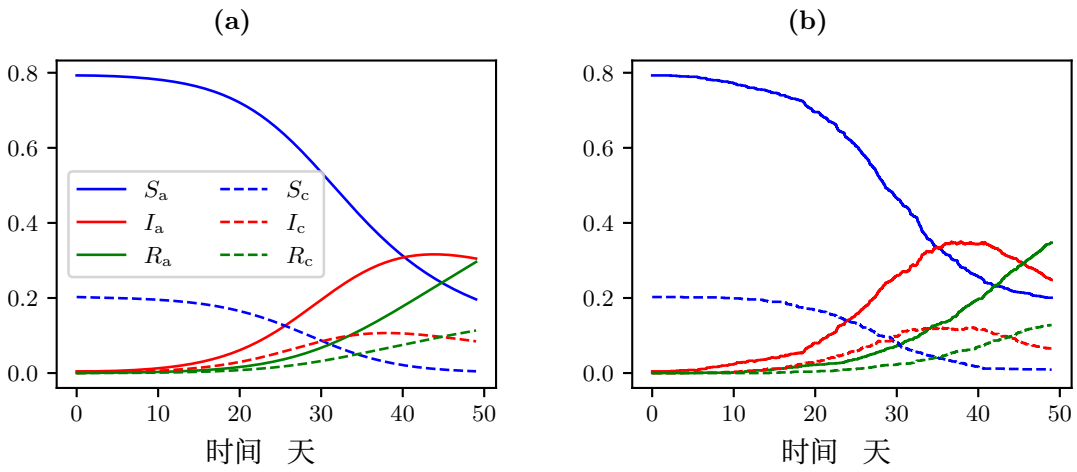


图 1： (a) 常微分方程的数值解 (1)；(b) 在相同初始条件下，GERDA 单次模拟的汇总轨迹，按成年人（实线）和儿童（虚线）划分；参数见表 1。

系数，而 $\bar{r}_{*\circ}$ 称为感染率。为便于阅读，只要上下文足够明确，我们便继续对这两种速率都使用感染率 这一术语。

注 2.2. 存在多种基于微分方程的确定性模型，可用于描述流行病传播，例如在基本 SIR 模型中增加住院等额外舱室的常微分方程模型 [30, 47]，或基于时滞微分方程的模型 [12]。

2.2 随机基于主体的模型

易感者、感染者和康复者的数量及其随时间的变化也可以通过 ABM 计算。通常，群体中的个体不仅具有感染状态，还会被明确表示并根据特征进行描述，例如他们在特定地点的日常活动，以及年龄或性别等其他相关特征。

在模拟中，每当一名受感染智能体与（至少一名）易感智能体相遇时，感染事件便会以给定概率发生。所谓的接触网络 源于智能体相遇的场所，例如工作场所、学校或公共交通。对于每次模拟，在每个时间步 t，通过统计处于各感染状态的智能体数量，得到数值 $S(t)$、 $I(t)$和 $R(t)$。鉴于感染事件的概率性质（以及基于智能体的模型中可能存在的其他要素，例如智能体随机偏离其活动日程），这些数值是随机变量。通常会进行多次模拟，以计算统计矩，尤其是均值和标准差，并在预测感染传播时加以考虑。

2.2.1 示例 1——地理参照人口学智能体模型

作为我们的第一个示例，我们考虑个体化的**地**理**参**考**人**口统计**智**能体模型（GERDA），用于SARS-CoV-2的传播以及COVID-19 [18]的疾病动态。该模型使用详细的位置数据（包括住宅、工作场所、学校和公共场所）以及具有真实日常日程的合成智能体人群，以模拟给定地点中人们之间的接触以及由此产生的概率性感染事件。从这个角度来看，它可以称为异质性基于智能体的模型。受感染智能体的疾病进展借助速率和时间进行了详细建模，例如根据智能体年龄组向确诊、住院、重症监护室（ICU）以及康复或死亡状态的转变。该模型已结合多个城镇的数据使用（例如墨西哥的特波斯特兰（Tepoztlán）、以色列的济赫龙雅各布（Zikhron Ya'akov）、德国的海因斯贝格（Heinsberg））。在本研究中，我们使用针对德国市镇甘格尔特（Gangelt）校准的数据，该地在2020年初发生了一次得到充分研究的COVID-19疫情。基于该模型，已分析了不同类型的药物干预与非药物干预，例如不同的封锁与重新开放情景，或人群中不同的疫苗接种率与策略。更多细节参见 [18]。

我们将 GERDA 计算得出的疾病动态简化为第2.1 节所述的基本 SIR 结构：合并感染智能体的不同子类，并假设所有感染智能体都会康复。此外，智能体按年龄分组，即儿童（0 至 18 岁）和成人（19+）。图 1(b) 展示了 GERDA 单次模拟中，易感、感染和康复的成人与儿童人数随时间变化的汇总轨迹。

2.2.2 示例 2——同质 H/ABM

除了 GERDA，我们还介绍另一种用于模拟传染病传播的 ABM，但其细节层次较粗。我们假设智能体分为成人和儿童两个同质群体，且接触网络是完全连接的，即任何智能体都可能在任意时刻被其他智能体感染。因此，我们称之为同质ABM，并用简写 H/ABM 指代它。同质性使我们只需跟踪各舱室中的智能体数量，因此其评估速度比 GERDA 快几个数量级。我们将 H/ABM 表示为一个马尔可夫跳跃过程，其一阶和二阶反应与常微分方程模型完全相同（1）。为明确体现 ABM 的特征，我们将感染率写作 $r_{*\to\circ}$，其中 $*,\ \circ \in \{\mathrm{a},\ \mathrm{c}\}$，如备注 2.1 所示，人口规模为 N。此外，由于 GERDA 中的智能体可能失去免疫力，我们引入第三种转变 $R_\circ \to S_\circ$，即群体 $R_\circ$ 中的康复个体转入舱室 $S_\circ$ 并再次变为易感者。我们假设这一过程不受年龄组影响，发生率为 $\mu r_\circ$，其中 $\mu \in]0,\ 1[$。因此，H/ABM 表示一个 SIRS 模型。请注意，在本文中，常微分方程模型与 H/ABM 使用相同的参数。

H/ABM 可以使用 Gillespie 随机模拟算法进行模拟， [17], 该算法可在连续时间内构造 H/ABM 的精确实现。此外，假设 $r_{*\to\circ}$ 对于 $N \to \infty$，可以证明，由 H/ABM 给出的 N 缩放马尔可夫跳跃过程会收敛到一个基于频率的过程，该过程可由常微分方程或随机微分方程表示，详情见 [26] 。例如，令$\mu = 0$，当 $N \to \infty$ 时，H/ABM 会收敛到类型为（1）的常微分方程。

2.3 模型一致性

常微分方程模型和 ABM 旨在描述同一现象，只是细节层次不同。虽然 ABM 中的许多参数原则上可以测量或观测，例如人们相遇的频率，但六个常微分方程参数 $r_{*\to\circ}$和 r_*（同样，对于 $*$、$\circ \in \{\mathrm{a}、\mathrm{c}\}$）并不直接对应可测量的物理量。合理的参数化必然要以常微分方程预测与现实相符为基础；这里的“现实”可以指感染者的真实世界数据，也可以指作为参照的另一种模型的预测结果（本研究中为 GERDA）。我们关注后一种情况，因此针对固定的智能体数量 N_0，按照常微分方程与 GERDA 结果之间的 L^2 相似性来拟合参数 $r_{*\to\circ}$ 和 r_*。

最小二乘法导出如下优化问题

$$\min_{r_{*\to\circ},r_*} \int_0^T \left(V_{I,\mathrm{a}}^{-1}(I_{\mathrm{a}}^{\mathrm{ODE}} - I_{\mathrm{a}}^{\mathrm{ABM}})^2 + V_{I,\mathrm{c}}^{-1}(I_{\mathrm{c}}^{\mathrm{ODE}} - I_{\mathrm{c}}^{\mathrm{ABM}})^2 \right) \mathrm{d}t, \tag{2}$$

其中 I_*^{ABM}由于 GERDA 的随机性，通过一组 GERDA 模拟的均值计算得到，而各受感染年龄组的样本方差 $V_{I、*}$ 则作为拟合的权重因子。图 2 展示了使用非线性最小二乘求解器（MATLAB 内置求解器）求解问题（2）得到的结果。GERDA 数据是根据表 1中的参数，通过 1 000 次独立模拟估算得到的。为便于比较 GERDA 与 H/ABM，我们使用问题（2）得到的参数对 H/ABM 进行参数化。

注 2.3。 细心的读者会注意到，图 2 中 GERDA 模型的易感者和感染者智能体轨迹呈波动状，成人年龄组尤为明显。这是因为 GERDA 模型的时间尺度以小时计，且昼夜发生的感染事件数量不同。

3 政策优化

当流行病学模型不仅用于预测感染的传播，还用于设计有利政策时，除可靠模型外还需要三个要素：1）影响模型动态的政策设计空间，例如通过改变参数；2）待最小化的目标；3）优化算法。下文将以上文介绍的模型为例，讨论这些方面。

3.1 政策

众所周知，传染病的传播不仅会受到药物干预（如医疗治疗或疫苗接种）的影响，也会受到非药物干预（如保持社交距离或采取封锁措施以减少个人之间的身体接触）的影响。在本文讨论中，我们考虑两个随时间变化的控制变量 u_{s}，u_{w} :$[0,T] \to [0,1]$，分别作为关闭学校和工作场所，或允许能够居家办公的岗位在家工作的政策示例。更确切地说，$u_{\mathrm{s}}(t)$ 的值表示时间 t 未去上学的儿童比例，即 $u_{\mathrm{s}}(t) = 0$ 表示没有学校关闭的政策，而 $u_{\mathrm{s}}(t) = 1$ 表示所有学校都关闭。类似地，控制变量 $u_{\mathrm{w}}(t)$ 表示关闭的工作场所比例。我们用 $u = [u_{\mathrm{s}}, u_{\mathrm{w}}]^\top$

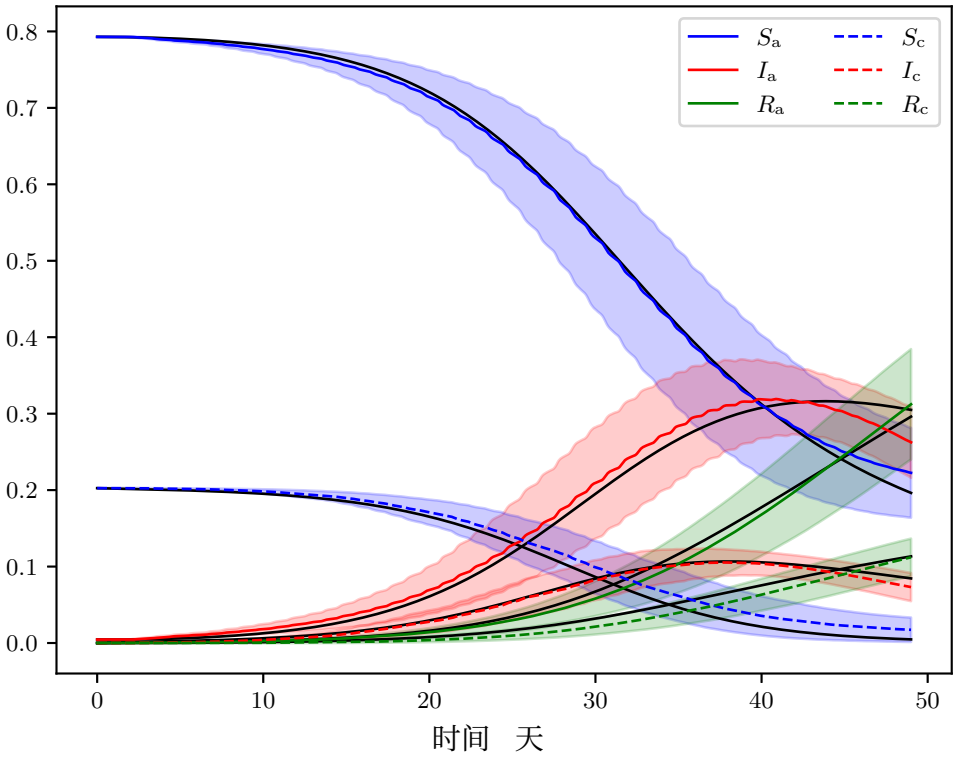


图2： 拟合的常微分方程系统（1）的解（黑色实线）与 GERDA 的期望聚合轨迹（1000 次独立模拟的均值，样本标准差以阴影区域表示）的比较，所用参数见表 1。

表示控制变量的组合。我们假设这些控制变量在时间网格 $0 = t_0 < \ldots < t_m = T$ 上分段恒定，以反映政策变更需要一定时间才能落实，且持续调整政策会使沟通和执行变得复杂。因此，可行的政策集合

$$U = \{u : [0, T] \to [0, 1]^2 \mid \forall i \in \{1, \ldots, m\} : u|_{]t_{i-1}, t_i[} = \text{const}\},$$

维数为 $n_u = 2m$ 的空间与 $[0, 1]^{2m} \subset \mathbb{R}^{n_u}$ 同构，因此任何控制都可以由 n_u 个标量控制值表示。政策通过改变常微分方程（H/ABM）的参数来影响模拟的感染传播；对于 GERDA，则通过改变智能体的日程（例如待在家中而非去上学）来实现。因此，相同的政策必须根据所用模型以不同方式实施。

3.1.1 在常微分方程中实施政策

在第 2.1 节介绍的常微分方程模型中，感染率由病毒和人群的特性决定。此外，我们假设感染率还取决于控制变量u_s 和 u_{wo}。对于同一年龄组 $r_{*\to *}$中的感染率，当 $* \in \{a、c\}$时，我们假设感染后前往工作或学校的人口比例与感染率呈二次关系

事件只有在两个人相遇时才会发生，即，

$$r_{\mathrm{a}\to\mathrm{a}} = r_{\mathrm{aa}}(1-u_{\mathrm{w}})^2, \quad r_{\mathrm{c}\to\mathrm{c}} = r_{\mathrm{cc}}(1-u_{\mathrm{s}})^2.$$

此处，参数 r_{aa} 和 r_{cc} 均独立于政策。二次依赖关系广泛用于描述一般的二阶相互作用 [3]，但对于流行病学建模而言显然过于简单，例如，它忽略了学校和工作场所之外可能发生的感染。同样，我们假设不同年龄组之间的感染率 $r_{*\to\circ}$ 也取决于控制措施，但其影响减半，因为许多此类感染只会发生在家庭内部，即：

$$r_{\mathrm{c}\to\mathrm{a}} = r_{\mathrm{a}\to\mathrm{c}} = r_{\mathrm{ac}}(1-u_{\mathrm{w}}/2)(1-u_{\mathrm{s}}/2).$$

假设恢复率 r_* 独立于控制措施。

注 3.1。由于在建模方面高度相似，H/ABM 的政策实施方式与常微分方程模型类似。例如，使用 $\tilde{r}_{*\circ} := r_{*\circ}N_0$，描述成年人被成年人感染且纳入政策影响的倾向函数为

$$\tilde{r}_{\mathrm{a}\to\mathrm{a}} = \frac{\tilde{r}_{\mathrm{aa}}}{N}(1-u_{\mathrm{w}})^2,$$

其中，N 是 H/ABM 使用的人口规模。倾向函数 $\tilde{r}_{\mathrm{c}\to\mathrm{c}}$ 和$\tilde{r}_{\mathrm{c}\to\mathrm{a}} = \tilde{r}_{\mathrm{a}\to\mathrm{c}}$ 也同理。

3.1.2 在GERDA中实施政策

与常微分方程模型不同，在GERDA模型中，智能体之间的接触被显式建模，政策并不影响感染概率，而是影响这些接触的频率。临时关闭工作场所或要求居家办公，是通过按等于控制值 $u_{\mathrm{w}}(t)$的比例随机选择成年人，并更改其日程安排使其留在家中来实现的。类似地，以比率 $u_{\mathrm{s}}(t)$，儿童留在家中而不去上学。我们假设同一家庭中必须有一名成年人留在家中，以照看13岁以下的儿童。在学校关闭比例较高但工作场所仍开放的情况下，这会导致相关监护人（通常是父母）承担隐性的居家办公义务。这会显著减少智能体之间的互动，进而减少感染并减缓疾病传播。然而，这一效应并未体现在控制变量中，因为它们仅代表政府强制实施的干预措施。

注释 3.2. 提醒一下，本文讨论的干预政策仅用于说明。还可以采取其他政策，例如禁止前往公共场所、佩戴口罩、接触者追踪与隔离，或接种疫苗。

3.2 目标

对于前文介绍的模型和政策，我们定义一个简单的目标，但它仍然引出了有趣的优化问题。我们假设，疫情政策管理的总体目标是在降低感染人数的同时 I

尽量减少干预措施带来的经济和社会成本。下面我们来分析这一假设。

第一个目标体现在健康目标中

$$c_{\mathrm{h}}(u) = \int_{t=0}^{T} (I(t)/N + \exp(10(I(t) - I_{\max})/N))\,\mathrm{d}t,$$

其中受感染智能体的数量 $I(t)$分别通过基于智能体的模型或常微分方程模型隐式依赖于控制 u 。第一项表示感染的负面影响，该影响随感染人数近似线性增长，例如假设需要医疗救治的人数是感染者的固定比例。第二项表示社会影响，一旦医疗系统治疗重症感染者的能力耗尽，该影响便急剧增大。这以感染阈值 $I_{\max}$的形式表述，同样假设固定比例的受感染智能体会病情严重。

两项控制都会产生直接成本，分别解释为居家办公的经济影响 c_{w} 和学校关闭的社会影响 c_{s} 。当居家办公比例接近上限 $u_{\mathrm{w}}^{\max} < 1$时，经济影响变为 $+\infty$ ，这反映了并非所有工作都能停止或在家完成这一事实。因此，我们将第二个目标 c_{w} 定义为

$$c_{\mathrm{w}}(u) = \int_{0}^{T} -\log(u_{\mathrm{w}}^{\max} - u_{\mathrm{w}}(t))\,\mathrm{d}t.$$

我们进一步假设，关闭学校的社会影响与关闭学校的比例的平方成正比，即

$$c_{\mathrm{s}}(u) = \int_{0}^{T} u_{\mathrm{s}}(t)^2\,\mathrm{d}t.$$

将这三个目标按权重 a_{s}， $a_{\mathrm{w}} > 0$ 组合起来，我们定义目标函数

$$J(u) \coloneqq c_{\mathrm{h}}(u) + a_{\mathrm{s}}c_{\mathrm{s}}(u) + a_{\mathrm{w}}c_{\mathrm{w}}(u). \tag{3}$$

请注意，三个项的共同因子不会影响最小化解，因此可以将 c_h 的权重归一化为 1。

如果使用任意时间步进方法求解 SIR 初值问题（1）来计算感染人数，参见例如 [13], ，则可以通过数值积分直接计算目标函数（3）。我们将此称为 J^{ODE}。对于包含随机性的 ABM，感染人数是一个随机过程。每次模拟都会产生不同的感染人数变化轨迹。在这种情况下，我们将（3）称为 J^{ABM}，并将实际目标函数定义为其期望值

$$\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]. \tag{4}$$

为计算（4），一种简单的蒙特卡洛积分方法

$$\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \approx \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n} J^{\mathrm{ABM}}(u)_i =: \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \tag{5}$$

可以使用基于样本 $J^{\mathrm{ABM}}(u)_i$ 的方法。该无偏估计的准确度以其标准差表示为

$$\sigma(\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]) \approx \frac{\sigma_n(J^{\mathrm{ABM}}(u))}{\sqrt{n}} \tag{6}$$

其中样本方差为

$$\sigma_n^2(J^{\mathrm{ABM}}(u)) \approx \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}(J^{\mathrm{ABM}}(u)_i - \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)])^2.$$

众所周知， $\mathcal{O}(n^{-1/2})$ 阶蒙特卡罗方法的收敛速度较慢，因此需要大量昂贵的基于主体的模型（ABM）模拟，才能对目标函数进行可靠评估。控制变量、准蒙特卡罗序列或层次蒙特卡罗方法等方差缩减方法，是减少（6）中的分子，进而降低抽样误差 [6]的常用方法。然而，这些方法具有侵入性，因为它们要求不同随机变量所依赖的联合概率空间，并因此需要对用于抽样的随机数生成器进行精心设计。这对于从零开始设计的复杂ABM而言难以实现，对于现有ABM而言几乎不可能实现。因此，一般来说，只能依赖简单的蒙特卡罗评估（5）。

3.3 常微分方程优化

对于常微分方程模型，政策优化问题

$$\min_{u\in U} J^{\mathrm{ODE}}(u)$$

这是一个经典的最优控制问题，已有多种经过充分研究的数值求解方法，例如参见 [5, 37]。我们将简要介绍一种简单直接的最小化算法，尽管它肯定不是最高效的方法，其总结见算法1。

我们采用带线搜索的投影梯度法，其中 U 是可行控制集，即在我们的情形下，它是 $\mathbb{R}^{n_{\mathrm{u}}}$中的单位立方体。其思路是沿最速下降方向向下迭代，该方向即第 3 行中的负梯度方向 $-\nabla J^{\mathrm{ODE}}(u)$。然而，当 $u_k \in \partial U$时，这一方向可能指向 U 之外。投影会将指向外侧的分量（例如$i \in \{1,\dots,n_{\mathrm{u}}\}$）设为零

$$P_U(x,y)_i = \begin{cases} 0, & (y_i = 0 \wedge x_i < 0) \vee (y_i = 1 \wedge x_i > 0) \\ x_i, & \text{otherwise} \end{cases}$$

从而投影到可行集 U。随后沿搜索方向 s_k 向下迭代，步长为 α；概念上，这是满足以下条件的最大步长：1）满足常数界 $\alpha \le \alpha_0$ 和可行性$\alpha \le \bar{\alpha}(u_k) := \max\{a \mid u_k + a s_k \in U\}$（第 4 行）；2）满足 Armijo 充分下降准则，

$$J^{\mathrm{ODE}}(u_k + \alpha s_k) \le J^{\mathrm{ODE}}(u_k) + \alpha c_1 \nabla J^{\mathrm{ODE}}(u_k) s_k \tag{7}$$

在第5行中。后者确保至少某一比例 $c_1 \in]0,\ 1[$ 的、由目标函数一阶泰勒近似所承诺的下降得以实现。算法1在第6行使用简单的回溯线搜索，即沿给定方向移动的步长从较大值开始，并不断减小（此处为减半），直到目标函数的观测下降被认为足够。因此，它所选择的步长可能比概念上期望的步长最多小两倍。在第3行计算梯度 $\nabla J^{\mathrm{ODE}}(u)$ 的最有效方法是求解与常微分方程系统（1）及 J^{ODE}相关联的伴随方程。将（1）紧凑地写为

$$\dot{y} = f(y,u), \quad y = [S_{\mathrm{a}}, S_{\mathrm{c}}, I_{\mathrm{a}}, I_{\mathrm{c}}]^\top,$$

算法 1： 基本最速下降算法

1 输入 $u_0 \in U$, $\alpha_0 > 0$, $c_1 \in]0,1[$ **2 对** $k = 0,$ **. . . ,** K **执行 3 计算** $s_k = P_U(-\nabla J^{\mathrm{ODE}}(u_k)$ $u_k)$ **4** $\alpha = \min\{\alpha_0, \bar{\alpha}(u_k)\}$ **5 当Armijo条件(7)被违反时执行6** $\alpha = \alpha/2$ **7** $u_{k+1} = u_k + \alpha s_k$ **8 输出** $u^\star = u_K$

此时可以安全地忽略已恢复舱室，相伴方程是一个终端值问题

$$-\dot{\lambda} = f_y(y,u)^\top \lambda + J_y^{\mathrm{ODE}}(y)^\top, \quad \lambda(T) = 0,$$

模拟轨迹 y（即数值近似的常微分方程解）作为数据输入。于是，梯度为

$$\nabla J^{\mathrm{ODE}}(u) = \int_0^T f_u(y,u)^\top \lambda \, \mathrm{d}t.$$

相伴方程可以通过链式法则推导，只需对各项进行一种简单但巧妙的重新排列。更多详情请参阅 [20]。

算法 1在对 J^{ODE}作出较弱的正则性假设时，通常以线性速率收敛到一个驻点（通常是局部极小值）。随着 J^{ODE}的海森矩阵条件数增大（即最大特征值与最小特征值之比），其渐近收敛速度会下降。预条件处理，即将 ∇J^{ODE} 替换为 $B^{-1}\nabla J^{\mathrm{ODE}}$，其中 $B \approx (J^{\mathrm{ODE}})''$ 是海森矩阵的某种近似，可以显著提高收敛速度，但构造有效且计算成本低廉的预条件子 B^{-1} 并非易事。有关详情及更复杂的算法，请参阅非线性优化领域的相关文献 [34]。

3.4 基于智能体的模型优化

求解现实流行病学基于智能体的模型（例如第2.2节所示的模型）的政策优化问题，即

$$\min_{u \in U} \mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)],$$

比求解常微分方程模型的政策优化问题困难得多，主要有三项挑战：

（i）基于智能体的模型复杂得多，涉及数千个智能体，而且通常以更高的时间分辨率模拟智能体的活动；而常微分方程模型通常只表示平均人口，因此省略了基于智能体的模型所能提供的大多数细节（见注2.3）。因此，计算一条基于智能体的模型轨迹要昂贵得多，成本高出几个数量级。

(ii) 基于智能体的模型（ABM）本质上具有随机性，因此需要进行大量相互独立的模拟，才能以足够的精度近似目标函数。

(iii) 由于智能体的决策是离散的，基于智能体的模型（ABM）本质上是不连续的。因此，单条 ABM 轨迹关于控制变量 u 不可微，所以无法直接像 ODE 模型那样高效地计算伴随梯度。

因此，就目前而言，ABM优化必须仅依赖目标函数样本，从带噪声的目标函数评估中推断下降方向。我们在第3.4.1节简要讨论梯度近似，随后在第3.4.2节讨论非精确梯度方法。

3.4.1 梯度近似

为了近似目标函数 $\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]$ 沿方向 $v \in \mathbb{R}^{n_{\mathrm{u}}}$的方向导数，我们使用有限差分

$$\begin{aligned}\nabla\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]^{\top} v &\approx (2h)^{-1}\left(\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u+hv)] - \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u-hv)]\right)\\ &= \frac{1}{2hn}\sum_{i=1}^{n}\left(J^{\mathrm{ABM}}(u+hv)_i - J^{\mathrm{ABM}}(u-hv)_i\right)\\ &=: \nabla_h\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]^{\top} v \end{aligned} \tag{8}$$

对于较小的 $h > 0$。使用 $k = 1, \ldots\ldots, n_{\mathrm{u}}$的单位向量 $v = e_k$，即可得到完整的梯度向量。近似误差的阶为

$$\|\nabla\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)] - \nabla_h\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]\| = \mathcal{O}\left(h^2 + \frac{\sigma}{h\sqrt{n}}\right),$$

这要求谨慎选择阶为 $n = \mathcal{O}(h^{-6})$的样本量 n，以平衡离散化误差与采样误差。使用

$$\nabla_{h,k}J^{\mathrm{ABM}}(u)_i \coloneqq (2h)^{-1}(J^{\mathrm{ABM}}(u+he_k)_i - J^{\mathrm{ABM}}(u-he_k)_i),$$

其中 e_k 是第 k个单位向量，在估计量中

$$(V_n)_{kl} = \frac{1}{n-1}\sum_{i=1}^{n}\left(\nabla_{h,k}J^{\mathrm{ABM}}(u)_i - \nabla_h\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]_k\right)\left(\nabla_{h,l}J^{\mathrm{ABM}}(u)_i - \nabla_h\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]_l\right)$$

对于样本协方差 $V_n \in \mathbb{R}^{n_{\mathrm{u}}\times n_{\mathrm{u}}}$，样本均值标准差

$$\sigma(\nabla_h J^{\mathrm{ABM}}(u)) = \sqrt{\|V_n\|/n},$$

为梯度计算提供后验误差估计。这里，$\|\cdot\|$ 表示 2-范数。近似梯度 $\nabla_h E_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]$, 的相对精度 $\epsilon > 0$，即,

$$\|\nabla\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)] - \nabla_h\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]\| < \epsilon\|\nabla_h\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]\|, \tag{9}$$

若 n 的选取满足 $2\sigma \le \epsilon\|\nabla_h\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]\|$, 则可以以较高的概率确保这一点。若适用，可采用方差缩减方法来降低样本均值的标准差 σ，从而减小抽样误差。例如，相关抽样在计算 $J^{\mathrm{ABM}}(u-hv)_i$ 和 $J^{\mathrm{ABM}}(u+hv)_i$ 在式（8）中的值时使用相同的随机数生成器种子,

这会使这两个值随着 $h \to 0$ 而呈现越来越强的相关性，因此预期误差阶为

$$\|\nabla \mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)] - \nabla_h \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]\| = \mathcal{O}\left(h^2 + 1/\sqrt{n}\right).$$

如果 ABM 实际上实现了这种相关性增强，所需的样本数 n 将显著减少至 $\mathcal{O}(h^{-4})$。此外，如果政策变更 v 仅影响时间 $t_v > 0$之后的政策，那么对应于 $u - hv$和 $u + hv$的轨迹在 $[0, t_v]$ 上重合；若 ABM 具有检查点重启功能，这些轨迹只需模拟一次。

3.4.2 非精确梯度下降

与（确定性的）常微分方程优化不同，在最小化随机 ABM 目标函数时，无法获得精确的最速下降方向（4）。不过，只要能够实现足够的局部下降，即下降条件$g^\top s \le -c_0\|g\|\|s\|$对某个 $c_0 > 0$成立，下降方法仍会像之前一样收敛。这里，我们用 $g := \nabla \mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]$ 表示精确梯度，用 $s := -\nabla_h \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \approx -g$ 表示搜索方向。

计算所得最速下降方向的相对误差 $\epsilon < 1/2$ 足够小，即$\|s+g\| \le \epsilon\|s\|$，可保证 s 是下降方向，因为根据 $\|g\| = \|g+s-s\| \ge (1-\epsilon)\|s\|$，有

$$g^\top s = g^\top(-g + s + g) \le -\|g\|(1-\epsilon)\|s\| + \epsilon\|g\|\|s\| \le -(1-2\epsilon)\|g\|\|s\|.$$

特别地，选择 $\epsilon = 1/4$ 在（9）中可得 $c_0 = 1/2$ 从而保证，相较于精确最速下降，至少获得一半的局部进展。由于 $-s^\top g \le (1+\epsilon)\|s\|^2$ （使用柯西–施瓦茨不等式）可得

$$-(1+\epsilon)c_1\alpha\|s\|^2 \le c_1\alpha s^\top g,$$

Armijo 条件（7）可由以下条件推出

$$\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u + \alpha s)] - \mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \le -(1+\epsilon)c_1\alpha\|s\|^2.$$

When 在以绝对采样误差评估目标时 $e \le 2\sigma$ 如（6）中那样，我们得到

$$\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u + \alpha s)] - \mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \le \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u + \alpha s)] - \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)] + 2e.$$

选择 $e \le \epsilon c_1\alpha\|s\|^2$，如果试探步的接受检验

$$\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u + \alpha s)] - \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \le -(1+3\epsilon)c_1\alpha\|s\|^2 \tag{10}$$

通过，则很有把握满足 Armijo 条件。

算法 2 与精确梯度下降法类似，会收敛到一个驻点，通常是局部极小点。然而，由于计算近似梯度（第 3 行）和进行线搜索（第 5 行）需要大量样本，因此计算成本很高。

注释 3.3。另一种方法是随机梯度下降。与式（8）中先对梯度样本取平均、再进行非精确梯度步不同，它可以通过沿单个样本或少数几个样本的平均值方向采取足够小的步长，隐式地在线完成梯度平均。这称为基于有限差分的随机

算法 2： 基本非精确梯度下降算法

输入 $u_0 \in U$, $\alpha_0 > 0$, $c_1 \in]0,1[$
对于 $k = 0, \ldots, K$ **do**
  以相对精度 $\epsilon < 1/2$ 计算 $s_k = P_U(-\nabla_h \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u_k)], u_k)$
  $\alpha =$ 最小化$\{\alpha_0, \bar{\alpha}(u_k)\}$
  当接受检验 (10) 失败时 **执行**
    $\alpha = \alpha/2$
  $u_{k+1} = u_k + \alpha s_k$
输出 $u^\star = u_k$

算法 3： 基本多层优化

Input $u_0 \in U$, $\rho_0 > 0$
for $k = 0, \ldots, K$ **do**
  compute $s_k = P_U(-\nabla_h \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u_k)], u_k)$ with relative accuracy $\epsilon < 1/2$
  $\rho = \rho_0$
  repeat
    $\delta u_k = \underset{\delta u \in (U - u_k) \cap]-\rho, \rho[^{n_\mathrm{u}}}{\arg\min} J^{\mathrm{ODE}}(u_k + \delta u) - (s_k + \nabla J^{\mathrm{ODE}}(u_k))^\top \delta u$
    $\rho = \rho/2$
  until *acceptance test* (11);
  $u_{k+1} = u_k + \delta u_k$
输出 $u^\star = u_k$

近似或 Kiefer–Wolfowitz 算法 [25], ，其一种变体见补充材料。其收敛速度通常为次线性。已有若干改进方法，例如同时扰动梯度近似 [42] ，将梯度采样的工作量从 $\mathcal{O}(n_\mathrm{u})$ 降至 $\mathcal{O}(1)$。关于改进的随机梯度下降方法综述，请参见 [10, 7]。不过，即使采用这些改进方法，收敛速度仍为次线性，因此需要许多次迭代。

3.5 多层优化

非线性多层或多重网格优化方法，例如 MG/OPT [32]或递归多层信赖域方法（RMTR） [19] ，通过利用较粗模型计算成本低廉的优化过程生成试探步，相较于对细模型进行泰勒近似，能够取得更大进展，同时尊重其内在的非线性结构。对于将 ABM 作为细模型的情况，第 2.1 节所述的匹配良好的常微分方程模型可作为粗模型，其计算成本极低。算法3 实现了一种基本多层优化算法。此处，该算法仅限于两个层级 J^{ABM} 和 J^{ODE}。

与非精确梯度下降算法的两个主要区别在于：使用粗略模型计算试探步，而不是沿负梯度方向移动；并且将试探步限制在由 n_u 维盒 U 确定的可行策略范围内的 l^∞ 信赖域

而不是执行线搜索。对于第 6 行中粗略常微分方程模型的最小化，确定性最速下降算法（算法1）是一种可行的选择。与计算 ABM 梯度相比，求解常微分方程优化问题所需的计算成本可以忽略不计。

为了保证收敛，优化粗模型所建议的步必须使细目标函数产生由 Armijo 型条件（10）所要求的充分下降，且对某个信赖域半径 $\rho > 0$ 成立。更确切地说，接受检验（10）在多层优化方案中被改写为

$$\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u + \delta u_k)] - \mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)] \leq -(1 + 3\epsilon)c_1 \delta u_k^\top s \tag{11}$$

其中 $e \leq \epsilon c_1 \delta u_k^\top s$，需要得到满足。若粗模型是一阶一致的，即其梯度在当前迭代点 u_k 处与细模型梯度重合，则可保证这一点；这通过加入线性校正 $-(s_k + \nabla J^{\mathrm{ODE}}(u_k))^\top \delta u$（见第 6 行）来实现。即便如此，所计算出的步并不必然导致细目标函数 J^{ABM} 下降，因为粗模型与细模型并不相同。回溯线搜索并不能保证解决这一问题，因为在高度非线性问题中，步 δu_k 并不必然是下降方向。相反，粗模型的极小化被限制在当前迭代点 u_k 的邻域内。采用 l^∞ 邻域 $u_k +]-\rho,\ \rho[^{n_u}$并将其与容许区域 U 相交，便得到与此前相同类型的箱约束优化子问题。当 $\rho > 0$ 足够小时，J^{ABM} 的下降由一阶一致性保证。请注意，信赖域半径 ρ 在算法 3 中的选取有意从简。关于更高效的更新策略，参见 [11]。

还需注意，多层算法的每一次迭代，其计算代价大致与非精确梯度下降算法的一次迭代相当。多层方案对优化的加速，只能通过减少达到所需精度所需的迭代次数来实现。在早期迭代阶段，如果粗模型能够很好地刻画细目标的全局非线性结构，并且远优于一阶或二阶泰勒模型，就可以采取大得多——因而也少得多——的步长。在后期阶段，粗模型的 Hessian 充当细模型上最速下降法的预条件子。两个模型 Hessian 的良好一致性可以提高病态问题上的渐近收敛速率，并避免梯度方法应用于一般病态问题时因“之字形”振荡而变慢。

算法 3 可以从两层扩展为真正的递归多层方案：不是用简单的梯度方法求解第 6 行中的粗模型子问题，而是通过最小化某个更粗的模型来求解。然而，由于基于智能体的模型与常微分方程模型在计算代价上存在极大差异，使用更粗的常微分方程模型并不会带来任何收益。相比之下，采用细粒度 ABM、粗粒度 ABM、SDE 模型与常微分方程模型的层次结构是一个有趣的方向，但我们不会在本工作中加以探讨。

4 数值示例

本节展示针对给定示例目标，使用上一节介绍的 ABM 优化技术所得的结果。在第 4.1 节中，我们对模型进行参数化。随后，我们比较多层优化（MLO）算法（算法 3）

表 1： 模型仿真所用的参数。此处，感染率 $r_{*\circ}$ 分别表示常微分方程的与控制无关的参数 $r_{*\circ}$ 和 H/ABM 的与控制无关的参数 $\tilde{r}_{*\circ}$。请注意，GERDA 模型的智能体数量会随着每个新生成的世界而随机变化。

	模型		
参数	GERDA	ODE	H/ABM
时间 T [小时]	1 176	1 176	1 176
智能体数量 N	1 091	–	1 091
初始感染 $I_{\mathrm{a}}(0)$	5	5/1 091	5
初始感染 $I_{\mathrm{c}}(0)$	0	0	0
世界	Gangelt（缩减）	–	–
一般传染性	0.175	–	–
一般互动频率	1	–	–
感染率 r_{aa}	–	1.0252×10^{-12}	1.1185×10^{-9}
感染率 r_{ac}	–	4.8804×10^{-4}	5.3246×10^{-1}
感染率 r_{cc}	–	6.1482×10^{-13}	6.7077×10^{-10}
康复率 r_{a}	–	4.2148×10^{-2}	4.2148×10^{-2}
康复率 r_{c}	–	4.3427×10^{-2}	4.3427×10^{-2}
免疫丧失 μ	–	–	0.2

与非精确梯度下降（IGD）算法（算法 2），并在第 4.2 节和第 4.3 节展示 GERDA 和 H/ABM 示例对应的优化结果。

4.1 参数化

为了将示例锚定在某些经验数量级上，我们考虑了与德国疫情初期相关的数据，因为模型示例聚焦于德国甘格尔特市。在每项实验中，我们考虑七周的时间范围，即 $T = 1\,176$ 小时。我们考虑不同持续时间的分段恒定策略，即控制时间网格大小。

根据 [38], 对柏林、马德里和伦巴第重症监护病房负荷进行分析的研究，疫情第一波期间，柏林感染者中有 6 % 需要重症监护。我们将这一数值作为德国乃至冈格尔特的近似值。德国约有 32 000 张重症监护病床[1], ；若感染者中有 6 % 需要重症监护的人数不超过这一床位数，则允许的感染者人数上限约为 530 000 人，相当于约 8 300 万人口的 0.6 %。由于并非所有重症监护病床都能分配给 COVID-19 患者，毕竟还有其他原因也会使人需要这类病床，因此我们将这一比例下调至 0.5 %。居家办公和居家学习成本的权重与感染人数权重如何取舍，属于社会或政治层面的讨论，我们无意在此展开。鉴于这一

[1]自2020年4月中旬起，重症监护床位必须向中央机构登记。在4月下半月，登记的床位数量大致围绕该数值波动，参见此时间段的每日报告，见 [39]。

表 2： 优化算法中使用的参数。

参数	
下降比例 c_1	0.1
最大信赖域半径 ρ_0	0.5
最大有限差分步长 $h_{\max}$	0.1
准确性 ϵ	0.25
医疗卫生系统的容量阈值 $I_{\max}$	$0.005N$
经济影响阈值 $u_{\mathrm{w}}^{\max}$	0.81
初始 u_0	$0_{n_{\mathrm{u}}}$
权重 $a_{\mathrm{s}} = a_{\mathrm{w}}$	1

问题虽很重要，但超出了本文的范围，我们再次强调，所选目标函数仅用于示例性地展示优化方法的开发。因此，我们给出一个示例，而不采用多准则分析；后者会将权重的选择留给结果的潜在使用者。因此，我们设定 $a_{\mathrm{s}} = a_{\mathrm{w}} = 1$。

对于可在家完成的工作比例上限，我们根据以下考量，选取一个有依据的估计值：$u_{\mathrm{w}}^{\max} = 0.81$。根据 [21], ，办公室工作的比例低于 36.7%，但封锁措施也可能影响非办公室工作，例如销售人员、工业从业者或服务业员工。另一方面，有些工作即使在封锁期间也无法停止或转为居家办公。我们以医疗卫生系统的工作人员（雇员 570 万人）、食品销售从业者（雇员 552,200 人），以及警察和消防部门人员（雇员 170 万人；所有数字均引自 [43]）为例。这些人员总计约 850 万人，约占德国 4,500 万就业人口的 17.5%。为考虑其他未纳入此处的情况，我们将这一比例提高到 19%；这意味着，当无法在工作场所完成的工作比例接近 81% 时，经济成本将急剧上升。

与模型相关的所有参数汇总于表1中，而与优化算法相关的参数汇总于表2中。每种算法均从 $u_0 = 0_{n_{\mathrm{u}}}$开始，其中 $0_{n_{\mathrm{u}}}$ 表示一个长度为 n_{u} 且仅包含零的向量。

4.2 H/ABM 的最优策略

由于 GERDA 的运行时间非常长（使用表1中给定的参数进行单次模拟，在笔记本电脑上约需 30 秒），因此，对于该模型进行详细的数值分析并不合理。因此，下面我们使用第 2.2.2 节中介绍的 H/ABM，该模型的计算成本大幅降低，用于比较多层算法与非精确梯度下降算法。作为终止准则，我们选择 15 次迭代，或目标函数估计值（5）或梯度估计值（8）的样本量 n 超过一百万个样本，两者以先达到者为准。

首先，我们展示算法2 和3 在两种不同情形下计算出的策略：在整个七周时间范围内保持不变的恒定策略，以及每隔 168 小时（即每周）变化一次的分段恒定策略。图3 展示了计算得到的策略，以及对应的 H/ABM 预期时间变化过程，时间范围为

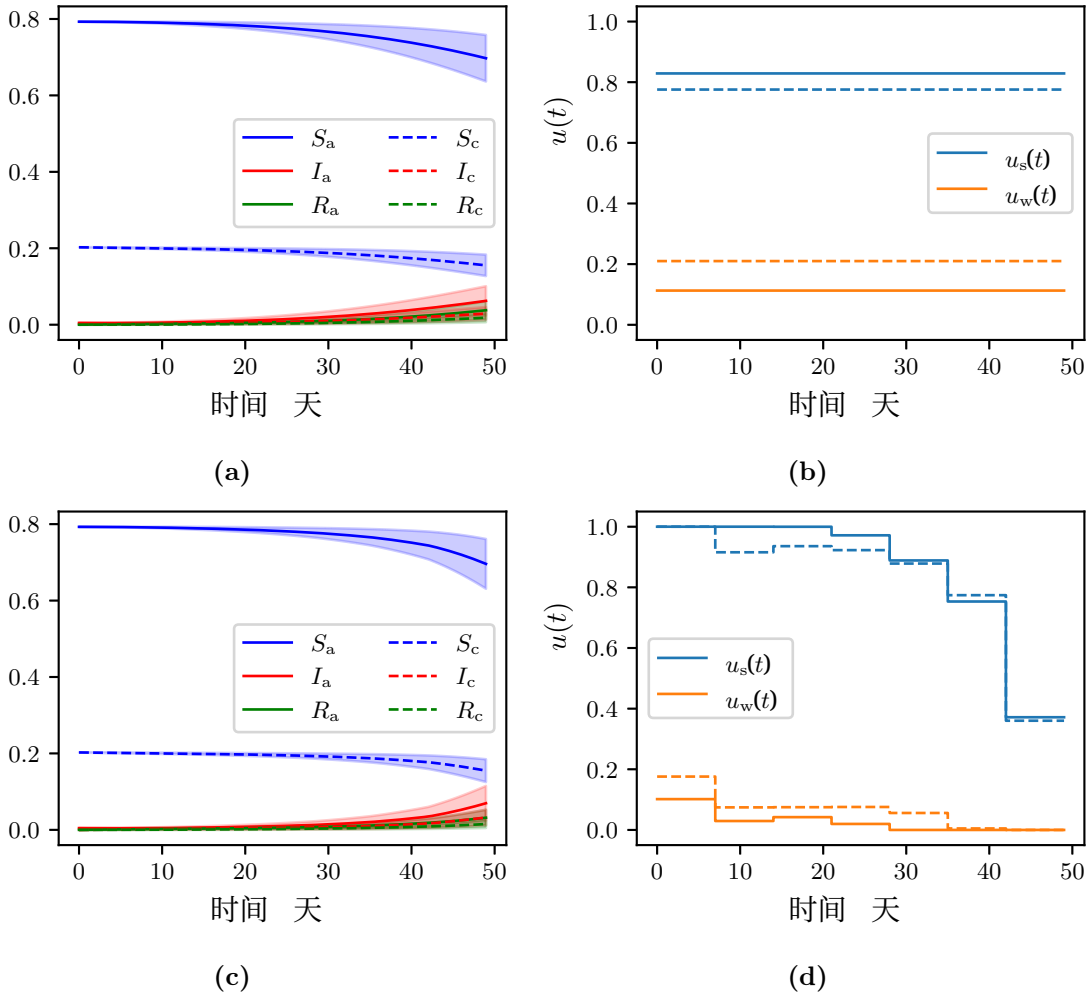
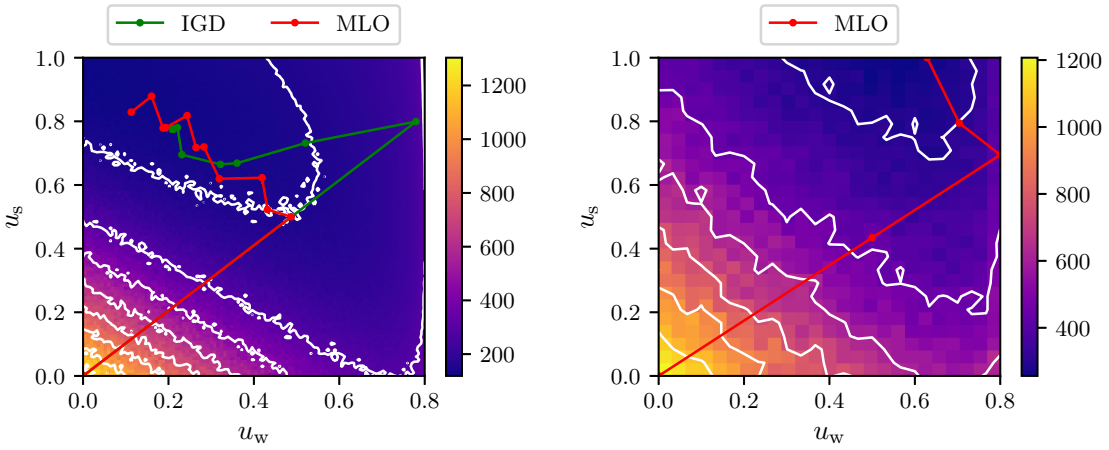


图 3： H/ABM 的期望时间过程，以及使用多层算法计算的相应最优策略（实线）与使用非精确梯度下降算法计算的策略（虚线）的比较，适用于恒定策略和每周变化的策略。

7 周。实线表示多层算法的解，虚线表示非精确梯度下降算法的解。由于两种解在定性上相似，基于连续性，我们预计预期时间变化过程的结果在定性上也相似。无论采用恒定策略还是分段恒定策略，居家教学的比例都相当高，而居家办公的比例则相当低。对于分段恒定策略，第一周后居家办公的比例接近于零，但代价是居家教学比例上升。无论选择哪种策略，H/ABM 的预期时间变化过程几乎完全相同，感染人数仅在模拟接近结束时才开始增加。

接下来，我们来看看两种算法所采用的路径。图4 展示了对 $\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]$ 在 $n = 100$ 和 $u = [u_s, u_w]^\top \in \mathbb{R}^2$下的蒙特卡洛评估，即恒定策略。请注意，这里所做的显式近似仅适用于 $n_u = 2$。对于 $n_u > 2$ 它



(a) (b)

图 4： 蒙特卡洛评估 $\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u)]$，针对 $n = 100$ 和 $u = [u_s, u_w]^\top \in \mathbb{R}^{n_u}$，其中$n_u = 2$，即在整个模拟时间 T 内，策略保持不变；优化路径则由使用多层算法和非精确梯度下降算法计算得到的迭代点 u_k 给出。图 (a) 中的目标函数 J^{ABM} 针对 H/ABM 进行评估，图 (b) 中则针对 GERDA 模型进行评估。对于 $n_u = 2$，可以清楚地看出两个目标函数的极小点不同。

在计算上（以及视觉上）都变得不可行。正如预期，多层算法起初优于非精确梯度下降算法，并朝着 $u^\star$ 的 J^{ABM}极小值采取更有利的步进。这是因为它遵循了 H/ABM 的底层非线性结构，而非精确梯度下降算法无法做到这一点。非精确梯度下降算法的第一步勉强仍在可接受范围内。随着算法继续迭代，两种算法计算得到的目标函数 J^{ABM} 都会下降，但下降速率不同。接近最优解时，相对于 $u^\star$ 的变化变得不那么显著（参见图5）。尤其是非精确梯度下降算法明显减速，几乎没有进展。图6也展示了这一收敛过程。我们将误差定义为

$$\mathrm{err} := |\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u_k)] - \mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u^\star)]|,$$

其中 $u^\star$ 表示 J^{ABM} 的真实极小点，而 u_k 表示当前迭代点。真实极小点$u^\star$ 未知，只能通过近似得到。因此，我们设 $u^\star = u^{\mathrm{MLO}}_{k_{\max}}$，其中 $u^{\mathrm{MLO}}_{k_{\max}}$表示使用多层算法得到的最终迭代点，因为可以证明 J^{ABM}在局部范围内是凸的（参见图4 (a)），且 $u_{k_{\max}} \leq u^{\mathrm{IGD}}_{k_{\max}}$ 成立。图中证实，在两种情况下，多层算法在初期的表现都优于非精确梯度下降算法。在后期，ABM 模拟次数的增加由 e的选择驱动，该参数控制通过高置信度接受检验所需的 n 数量，以估计 $\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u)]$ （参见第 3.4.2 节和3.5节）。图7展示了 ABM 模拟的累积总次数，十分直观地呈现了这一点。图中还显示，两种算法的计算开销增长速度大致相同。

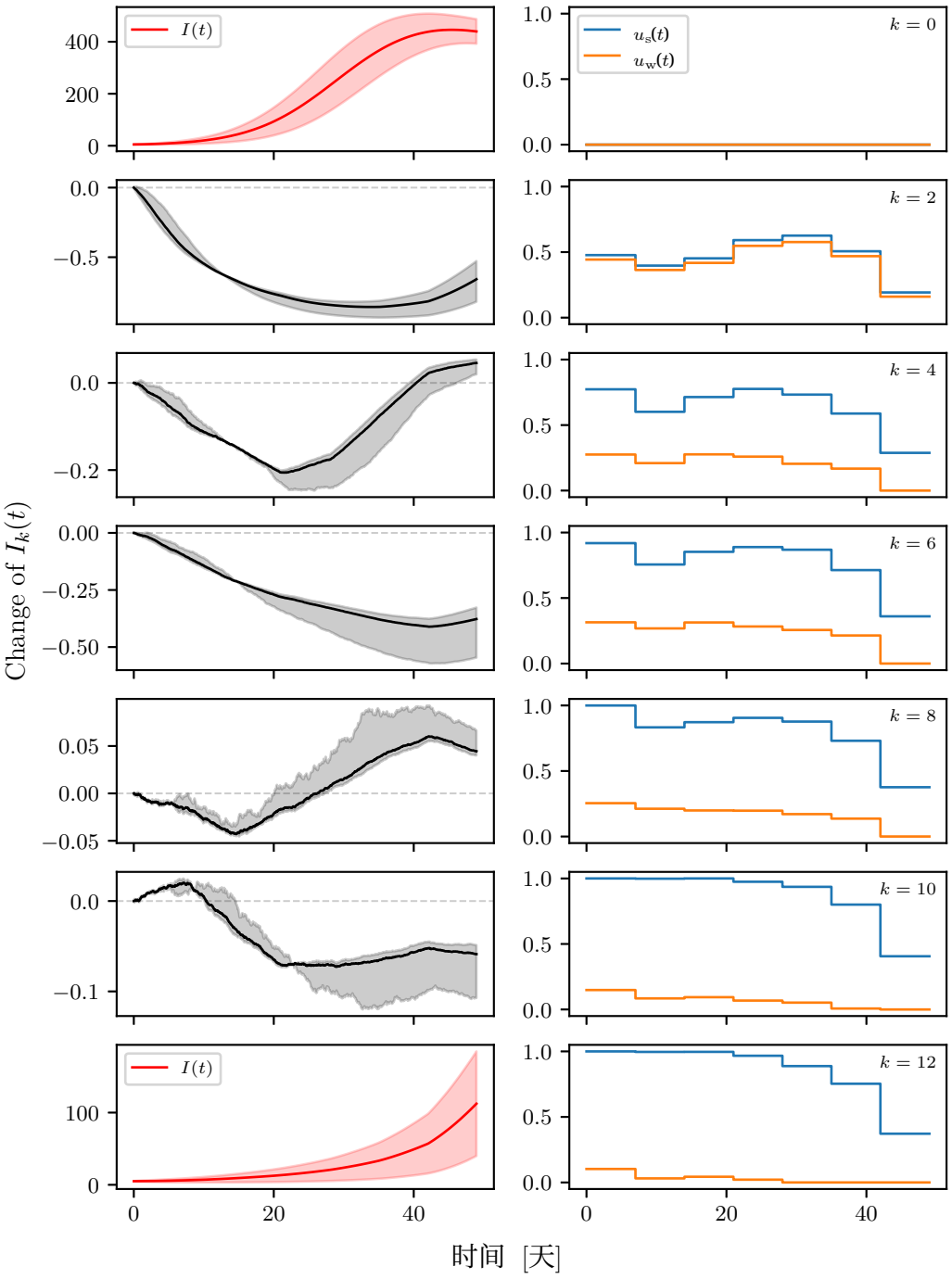


图 5： 在第 k 次迭代时，相应政策下感染智能体数量的期望值（红色/实线）和标准差（红色/阴影区域） $I(t) = I_a(t) + I_c(t)$。相对于第 $k-2$ 次迭代（即前一幅图），期望相对变化（黑色/实线）和标准差（灰色/阴影区域）。数据基于 10 000 次 H/ABM 模拟估算。

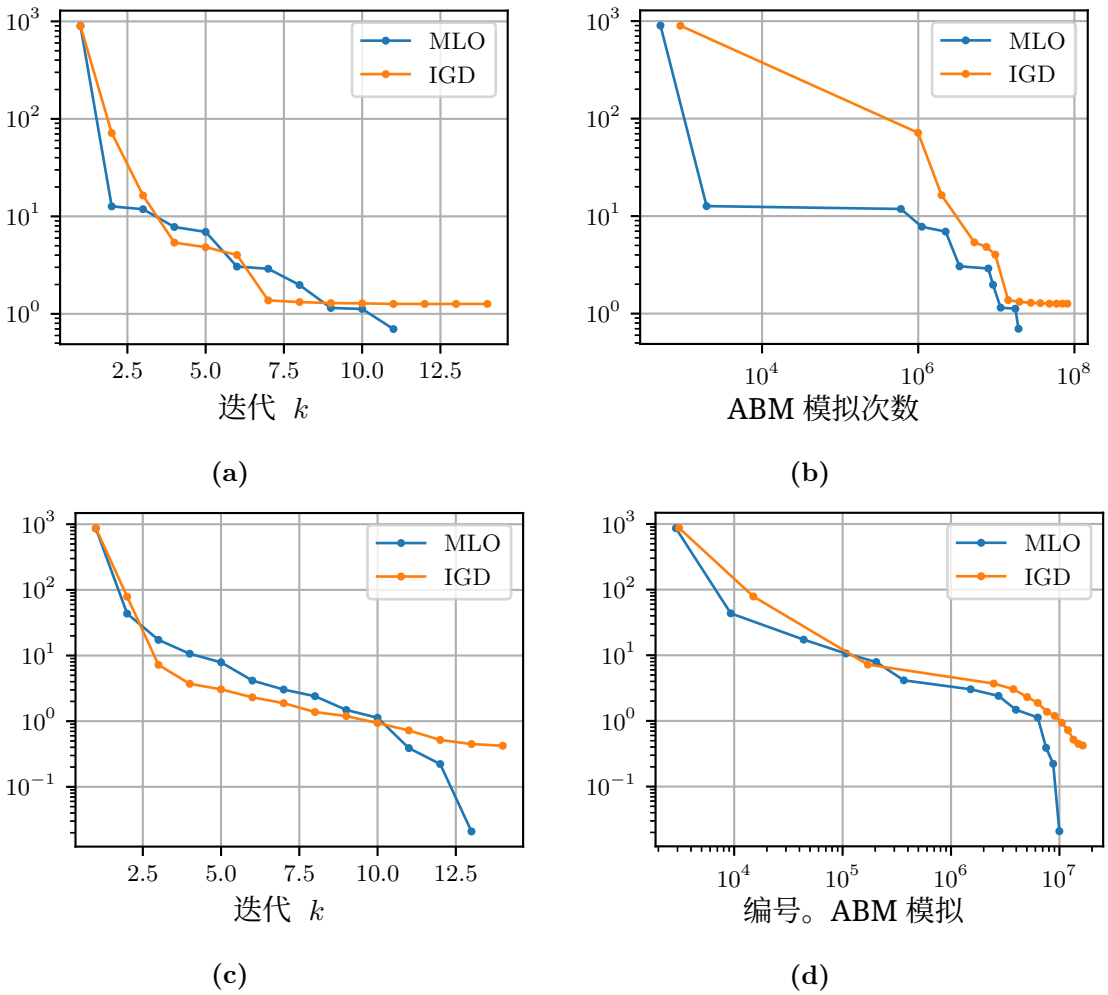


图 6： 恒定策略（a-b）和分段恒定策略（c-d）（即每周变化）下，非精确梯度下降算法与多层级算法相对于迭代次数和 ABM 模拟次数的收敛性。

4.3 GERDA的最优策略

现在我们考虑第2.2.1节介绍的 GERDA 模型。为应对巨大的计算量，我们使用了一个缩减版的 Gangelt 市模型，其中约有 1 000 个智能体。这样，GERDA 中的一个智能体大致相当于现实世界中的 10 个人（截至 2021 年 12 月）。这使我们能够像第3.4 节中那样，在合理的时间内于高性能计算机上计算目标函数和梯度估计值，适用于较大的 n 。

现在，我们展示采用多层优化算法为 GERDA 计算的结果，涵盖相同的两种情景，即恒定策略和每周变化策略。图8展示了两种情景下的最优策略。与 H/ABM 类似，对于 GERDA 而言，恒定策略与分段恒定策略对轨迹的影响差异相当小。然而，尽管对两个模型的参数化进行了适当调整（参见第 2.3 节），我们仍发现两个最小化解 $u^\star_{\mathrm{H/ABM}}$ 和 $u^\star_{\mathrm{GERDA}}$ 并不相同；比

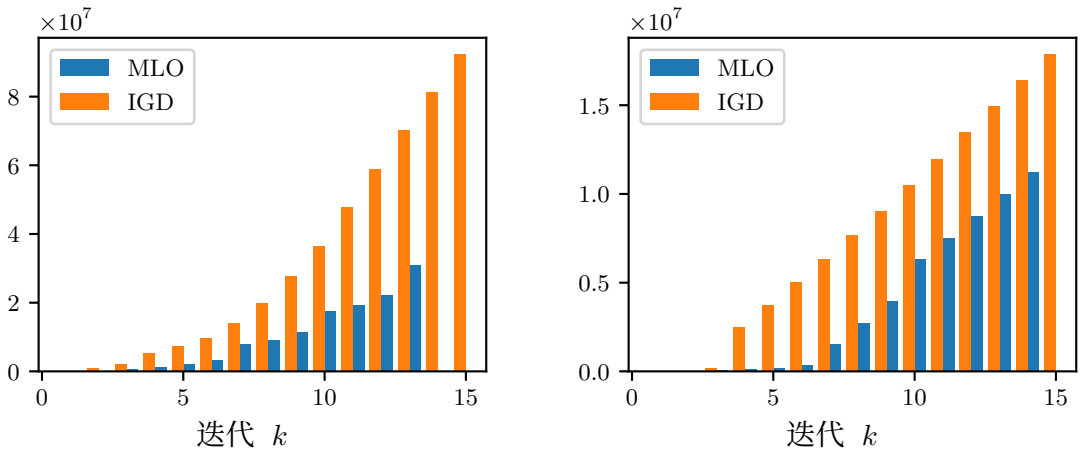


图 7： 采用（a）恒定控制和（b）分段恒定控制（具体而言，即每周变化的控制）时，H/ABM 的 ABM 评估次数。可以清楚地看到，在初始阶段，多层算法在迭代次数方面优于非精确梯度下降算法。随后，两种算法的计算开销以大致相同的速度增长。

较图4 和 8所示的解。更具体地说，在两种情景下，策略$u = [u_{\mathrm{s}}, u_{\mathrm{w}}]^{\top}$ 均更高，尤其是居家办公的比例 u_{w}。值得注意的是，在每周变化的情景下，第二周两项策略都出现了极端跃升，约达 80 个百分点。在 GERDA 中建模的潜伏期导致了这一周的“延迟”以及随后的跃升。在模型中，这使得策略取值较低；而在现实世界中，当感染率处于百分之十几的低两位数水平时，如图 3 所示，H/ABM 模型在最初七天采取严厉封锁，可能会引发公众不满，甚至导致不配合。此后，两项策略都稳步收紧。GERDA 计算出的策略更符合许多政府在 2020 年初实际实施的做法。这表明有必要直接优化细节更丰富的 ABM，因为较粗略的模型——即便是拟合良好的 ABM——似乎也会造成关键信息的丢失。

GERDA 模型计算凸显了需要一种能够快速接近解的高效算法：对于 H/ABM，非精确梯度下降算法是一种可行的选择，但对于 GERDA 则不然。在这里，多层次优化方法效率更高，尽管它在第三次迭代后仍需要大约 120 万次 GERDA 模拟。然而，经过三次迭代后，该方法显著减少了从 $J^{\mathrm{ABM}}(u_0) \approx 1\,189$to $J^{\mathrm{ABM}}(u_3) \approx 157$ 。

在后期阶段，精细模型与粗略模型的海森矩阵的一致性主导渐近收敛。表 3 总结了不同粗略模型作为预条件器时的理论与实验收敛率。对于情形 $n_{\mathrm{u}} = 2$，理论收敛率通过计算条件数 κ 而得出，所计算的是 H 相应模型在整个可行优化域 J^{ABM} 上的目标函数五次二维多项式拟合的海森矩阵 U 。对于情形 $n_{\mathrm{u}} = 4$，我们使用了 J^{ABM} 在 ε-

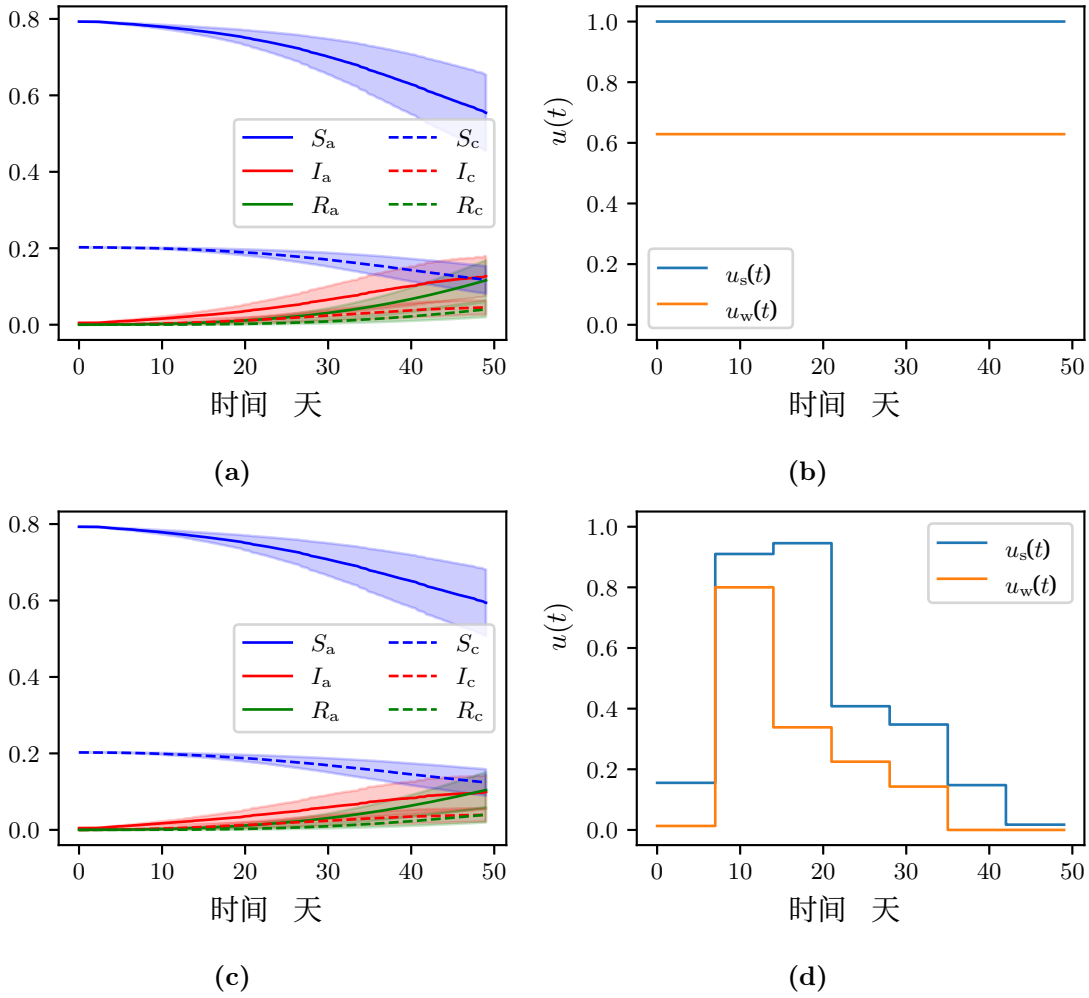


图 8： 使用多层优化算法计算的 GERDA 预期时间过程及相应的最优策略3 适用于固定策略和每周变化策略。请注意，与图中所示的 H/ABM 策略相比， 3 GERDA 的策略提出了严格得多的封锁措施。

环境，围绕 $u^\star$。在所有情形下，预条件问题均能更快收敛。收敛图进一步证实了这些结果（另见图 6 ，适用于 H/ABM）。

5 结论

我们提出了一种异质多层优化方法，将精细层级的 ABM 与粗略层级的常微分方程相结合，用于在疫情政策设计中寻找具有代表性的非药物干预措施。我们将该方法与适用于此优化问题的最先进算法进行了比较。预计多层优化算法在迭代次数方面更快，因为它：(i) 在早期迭代阶段比一阶二阶泰勒模型更好地捕捉非线性结构，见第 3.5 节；(ii) 一个

表 3： 多层优化算法的理论与实验收敛率 3 针对恒定策略，即 $n_{\mathrm{u}} = 2$ 和 $T = 1\,176$，以及 25 天恒定策略，即 $n_{\mathrm{u}} = 4$ 和 $T = 1\,200$。经验收敛率 $\rho_{\mathrm{ODE,\ 细}}$ 分别通过使用常微分方程模型作为粗层模型，并使用 H/ABM 和 GERDA 作为细层模型计算得到。

		细层模型		
		H/ABM	GERDA	H/ABM
维度	n_{u}	2	2	4
条件	$\kappa(H^{-1}_{\mathrm{ODE}} H_{\mathrm{fine}})$	3.0300	116.8909	21.9801
	$\kappa(H^{-1}_{\mathrm{H/ABM}} H_{\mathrm{fine}})$	–	7.0511	–
	$\kappa(H_{\mathrm{fine}})$	35.1841	235.8803	131.8860
收敛速度	ρ_{ODE}	0.5037	0.9830	0.9130
	$\rho_{\mathrm{H/ABM}}$	–	0.7516	–
	ρ_{fine}	0.9447	0.9916	0.9850
实验收敛率	$\rho_{\mathrm{ODE,\ 精细}}$	0.7433	0.1934	0.6854

匹配良好的粗略模型可充当前置条件器，从而减少使梯度方法变慢的“之”字形振荡，见表3。

然而，与非精确梯度下降算法相比，多层优化算法的理论加速在很大程度上被所需样本数量的急剧增加所抵消，因为当前迭代越接近真实极小值，就越需要大量样本才能对下降方向具有高置信度，见图7。这也是非精确梯度下降算法的主要瓶颈。不过，在初始阶段，多层优化算法的优越性显而易见，因为它能够得到在现实世界场景中可能已经足够的解，因为数学最优解未必需要、也无法达到。

此外，我们表明，直接使用ABM得到的最优策略与使用程式化SIR型常微分方程模型或H/ABM得到的最优策略截然不同（见图4或8），这表明要获得良好结果，必须直接使用详细的ABM来设计最优策略。上述优化框架不仅可用于流行病学模型，以寻找最优的药物和非药物干预措施，还可应用于任何能够找到并实施适当且有意义的控制、并具备合适降阶模型的ABM。未来的研究将探讨诸如ABM等随机动力系统的高效梯度近似。

数据可用性

支持本研究结论的数据是根据第2 节所述模型生成的，未使用任何外部数据。算法采用 MATLAB 和 Python 实现，代码可在以下网址获取：`https://github.com/Henningston/MLoptABM`。

References

[1] G. An、B. G. Fitzpatrick、S. Christley、P. Federico、A. Kanarek、R. Miller Neilan、M. Oremland、R. Salinas、R. Laubenbacher 和 S. Lenhart。《生物学中基于主体的模型的优化与控制：一种观点》。数学生物学通报，79：63–87，2017 年。[2] P. Andelfinger。《用于梯度引导仿真优化的可微基于主体仿真》。载于*2021 年 ACM SIGSIM 高级离散仿真原理会议论文集*，SIGSIM-PADS '21，第 27–38 页，美国纽约州纽约市，2021 年。计算机协会。[3] P. Atkins 和 J. de Paula。《*Atkins 物理化学*》。牛津大学出版社，2008 年。[4] S. Banisch、R. Lima 和 T. Araújo。《基于主体的模型与作为马尔可夫链的意见动态》。社会网络，34：549–561，2012 年。[5] J. T. Betts。《使用非线性规划进行最优控制与估计的实用方法》。SIAM，2010 年。[6] Z. Botev 和 A. Ridder。《方差缩减》，第 1–6 页。美国癌症协会，2017 年。[7] L. Bottou、F. E. Curtis 和 J. Nocedal。《大规模机器学习的优化方法》。*SIAM 综述*，60(2)：223–311，2018 年。[8] F. Brauer。《数学流行病学：过去、现在与未来》。传染病建模，2：113–127，2017 年。[9] A. Charpentier、R. Elie、M. Laurière 和 V.-C. Tran。《COVID-19 疫情防控：在检测政策与封控干预之间实现平衡，同时确保重症监护病房的可持续性》。自然现象数学建模，15：57，2020 年 11 月。[10] M. Chau 和 M. C. Fu。《随机逼近概述》。载于 M. C. Fu 编，《仿真优化手册》，第 149–178 页。Springer，2015 年。[11] A. R. Conn、N. I. M. Gould 和 P. L. Toint。《信赖域方法》。SIAM，2000 年。[12] L. Dell' Anna。《可解析的疫情传播延迟模型：以意大利 COVID-19 疫情为例》。科学报告，10，2020 年。[13] P. Deuflhard 和 F. A. Bornemann。《常微分方程科学计算》。应用数学文本丛书，第 42 卷。Springer，纽约，2^{nd} 版，2002 年。[14] N. Djurdjevac Conrad、L. Helfmann、J. Zonker、S. Winkelmann 和 C. Schütte。《古代的人类迁徙与创新传播：一种基于随机主体的仿真方法》。*EPJ 数据科学*，7(1)：24，2018 年。[15] S. Duwal、S. Winkelmann、C. Schütte 和 M. von Kleist。《资源匮乏环境下针对 HIV-1 实施"以治疗促预防"的最优治疗策略》。*PLOS 计算生物学*，11(4)：1–30，2015 年 4 月。

[16] C. P. Fries. 不连续函数（指示函数）（的期望）的随机算法微分。*International Journal of Computer Mathematics*，0(0):1–23，2021。[17] D. T. Gillespie. 数值模拟耦合化学反应随机时间演化的一般方法。*Journal of Computational Physics*，22(4):403–434，1976。[18] B. Goldenbogen, S. O. Adler, O. Bodeit, J. A. H. Wodke, X. Escalera-Fanjul, A. Korman, M. Krantz, L. Bonn, R. Morán-Torres, J. E. L. Haffner, M. Karnetzki, I. Maintz, L. Mallis, H. Prawitz, P. S. Segelitz, M. Seeger, R. Linding, and E. Klipp. 随机社区动态、双峰性或疫苗接种受限条件下的 COVID-19 疫情控制。*Advanced Science*，9(23):2200088，2022。[19] S. Gratton, A. Sartenaer, and P. L. Toint. 多尺度非线性优化的递归信赖域方法。*SIAM Journal on Optimization*，19(1):414–444，2008。[20] A. Griewank and A. Walther. 导数求值：算法微分的原理与技术。SIAM，费城，2008。[21] A. Hammermann and M. Voigtländer. 德国办公室职员。实证经济研究季刊，第47卷，德国经济研究所 IW-Trends 3/2020，2020。[22] L. Helfmann, N. Djurdjevac Conrad, A. Djurdjevac, S. Winkelmann, and C. Schütte. 从相互作用的智能体到基于密度的随机偏微分方程建模。*Communications in Applied Mathematics and Computational Science*，16(1):1–32，2021。[23] F. Hinkelmann, D. Murrugarra, A. S. Jarrah, and R. Laubenbacher. 复杂生物网络智能体模型的数学框架。*Bulletin ofMathematical Biology*，2011。[24] L. R. Izquierdo, S. S. Izquierdo, J. M. Galan, and J. I. Santos. 理解计算机模拟的技术：马尔可夫链分析。*Journal of Artificial Societies and Social Simulation*，12(1)，2009。[25] J. Kiefer and J. Wolfowitz. 回归函数最大值的随机估计。*Annals of Mathematical Statistics*，23(3):462–466，1952。[26] T. G. Kurtz. 密度依赖马尔可夫链的强逼近定理。*Stochastic Processes and their Applications*，6(3):223–240，1978。[27] T. Lazebnik and S. Bunimovich-Mendrazitsky. 混合数学模型中 COVID-19 大流行的标志性特征——对最优工作与学校封锁政策的启示。*Advanced Theory and Simulations*，4(5):2000298，2021。[28] M. Marathe and N. Ramakrishnan. 计算流行病学的最新进展。*IEEE Intelligent Systems*，28(4):96–101，2013。

[29] R. Miikkulainen, O. Francon, E. Meyerson, X. Qiu, D. Sargent, E. Canzani, and B. Hodjat. 从预测到处方：COVID-19 大流行期间非药物干预措施的进化优化。IEEE Transactions on Evolutionary Computation，25(2):386–401，2021。[30] S. Moore, E. M. Hill, L. Dyson, M. J. Tildesley, and M. J. Keeling. 英国 SARS-CoV-2 最优疫苗接种策略建模。PLOS Computational Biology，17(5):1–20，2021年5月。[31] D. Moualeu, M. Weiser, R. Ehrig, and P. Deuflhard. 针对喀麦隆未发现病例结核病模型的最优控制。Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation，20(3):986–1003，2015。[32] S. G. Nash. 离散化优化问题的多重网格方法。Optimization Methods and Software，14(1-2):99–116，2000。[33] J.-H. Niemann, S. Winkelmann, S. Wolf, and C. Schütte. 基于智能体的建模：人口规模限制与长时间尺度。Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science，31(3):033140，2021。[34] J. Nocedal and S. Wright. 数值优化。Springer，2006。[35] A. Olivares and E. Staffetti. 流行病学中舱室模型的稳健最优控制：COVID-19 大流行中的应用。Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation，111:106509，2022。[36] M. Oremland and R. Laubenbacher. 智能体模型的优化：尺度调整方法与启发式算法。Journal of Artificial Societies and Social Simulation，17(2):6，2014。[37] A. V. Rao. 最优控制数值方法综述。Advances in the Astronautical Sciences，135(1):497–528，2009。[38] M. Ritter, D. V. M. Ott, F. Paul, J.-D. Haynes, and K. Ritter. COVID-19：一种用于预测疾病指数增长阶段重症监护病房负荷的简单统计模型。Scientific reports，11(518)，2021。[39]Robert Koch Institut. SARS-CoV-2 与 COVID-19 流行病学概况。https://www.rki.de/DE/Content/InfAZ/N/Neuartiges_Coronavirus/ Situationsberichte/Archiv_2020_tab.html，2020。[40] S. Schutte. 实证智能体模型中的优化与证伪。Journal of Artificial Societies and Social Simulation，13(1):2，2010。[41] J. She, L. Liu, and W. Liu. COVID-19 疫情：儿童疾病特征。Journal of Medical Virology，92(7):747–754，2020。[42] J. C. Spall. 使用同时扰动梯度近似的多变量随机逼近。IEEE Transactions on Automatic Control，37(3):332–341，1992。

[43]德国联邦统计局。按行业划分的雇员。
h
t
t
p
s://
w
w
w.destatis.de/DE/Themen/Arbeit/Arbeitsmarkt/Erwerbstaetigkeit/Tabellen/arbeitnehmer-wirtschaftsbereiche.html，2021 年。[44] M. Tracy、M. Cerdá 和 K. M. Keyes。《公共卫生中的基于智能体建模：当前应用与未来方向》。《公共卫生年度评论》，39：77–94，2018 年。[45] S. Ullah 和 M. Altaf Khan。《利用最优控制分析建模非药物干预对新型冠状病毒传播动态的影响：案例研究》。《混沌、孤子与分形》，139：110075，2020 年。[46] K. Wickwire。《害虫与传染病控制的数学模型：综述》。《理论种群生物学》，11(2)：182–238，1977 年。[47] H. Wulkow、T. O. F. Conrad、N. Djurdjevac Conrad、S. A. Müller、K. Nagel 和 C. Schütte。《预测新冠肺炎传播并优化防控措施协调：从微观模型到宏观模型，再到帕累托前沿》。《*PLOS ONE*》，16(4)：1–29，2021 年 4 月。

补充材料

随机梯度下降

通过沿单个样本或少数样本的平均方向迈出足够小的步长，可以隐式地实时进行梯度平均。这称为基于有限差分的随机逼近或 Kiefer–Wolfowitz 算法 [25]。为便于说明，我们给出算法 4 中所示的一个基础方案，其中 Π_U 表示向可行集 U的投影。对于某个固定的 $c>0$，若步长 c/k 逐渐减小，则迭代几乎必然收敛到局部极小值 u_*。请注意，用于梯度估计的样本数量 $n>1$ （称为小批量）可以加快按迭代次数衡量的收敛速度，但不会减少所需样本数；此外，它还支持对 $\nabla\mathbb{E}[J^{\mathrm{ABM}}(u_k)]$, 进行易于并行化的评估，因此在当前计算机系统上，较大的样本量颇具吸引力。通过对采样误差和离散化误差进行最优平衡，即 $h=\mathcal{O}(k^{-1/6})$，可以获得 $\mathcal{O}(k^{-1/3})$的收敛率。采用算法 4 中的迭代平均等改进方法，可将收敛率提升至 $\mathcal{O}(k^{-1/2})$。尽管如此，即使经过这些改进，收敛速度仍为次线性，因此需要大量样本。

算法 4： 带迭代平均的基本小批量 Kiefer–Wolfowitz 算法

输入 $c>0,\quad u_0\in U,\quad n\geq 1,\quad K\geq 1,\quad p<0,$ $h_0>0$ **对于** $k=0,\ \ldots\ldots,\ K$ **执行** $h_k=k^p h_0$ $u_k=\Pi_U\left(u_{k-1}-\frac{c}{k}\nabla_{h_k}\mathbb{E}_n[J^{\mathrm{ABM}}(u_{k-1})]\right)$ **输出** $u_*=\frac{1}{K}\sum_{k=1}^{K}u_k$