arXiv:2304.11934v2 [econ.TH] 9 Aug 2024

同质性与感染：静态效应与动态效应*

Matteo Bizzarri†、Fabrizio Panebianco‡、Paolo Pin§

我们分析了同质性对两个免疫接种率不同的代理人群体之间有害状态扩散的影响。同质性对稳态感染水平的影响截然不同（即当同质性较低时，稳态感染水平随同质性增加而上升，而当同质性较高时则随之下降），对稳态偏离所产生的累计感染人数的影响也不同（相反，当同质性较低时，累计感染人数随同质性增加而下降，而当同质性较高时则随之上升）。如果免疫接种率是内生的，同质性对两个群体的影响方向相反。然而，如果免疫接种是由感染风险或同伴压力驱动的，群体层面的影响符号则相反。如果动机因群体而异，同质性可能对两个群体都有害。

JEL分类代码：D62外部性 – **D85** 网络形成与分析：理论 – **I12** 健康行为

关键词： 同质性；扩散；流行病；疫苗接种；SIS型模型。

*我们感谢安特卫普大学、博洛尼亚大学、牛津大学、巴黎经济学院第二届EAYE会议、博科尼大学和都灵理工大学的研讨会参与者。我们还要感谢 Daniele Cassese、Satoshi Fukuda、Andrea Galeotti、Melika Liporace、Matthew Jackson、Alessia Melegaro、Luca Merlino、Dunia Lopez–Pintado、Davide Taglialatela 和 Fernando Vega–Redondo 提出的宝贵意见和建议。Fabrizio Panebianco 感谢西班牙经济与竞争力部项目 ECO2107-87245-R 的资助。Paolo Pin 感谢意大利教育部国家重大利益项目（PRIN）资助项目 2017ELHNNJ、P20228SXNF 和 2022389MRW，以及托斯卡纳大区 Spin.Ge.Vac.S. 项目的资助。本手稿的早期版本曾以《具有同质性、疫苗接种选择和伪科学态度的流行病动态过程》为题流传。

†费德里科二世大学`和 CSEF，那不勒斯，意大利。 matteo.bizzarri@unina.it

‡经济与金融系，圣心天主教大学`，米兰，意大利。 fab-rizio.panebianco@unicatt.it§ 经济与统计系，锡耶纳大学`，以及 BIDSA，博科尼大学`，米兰，意大利。 paolo.pin@unisi.it

1 引言

众所周知，社会网络中的扩散过程会受到不同群体之间同质性的关键影响，即某一群体成员相互互动的倾向高于跨群体互动的倾向。在本文中，我们旨在说明，同质性可能对长期稳态和扩散动态过程产生截然不同的影响。具体而言，我们研究的是在免疫措施可用的情况下，有害状态在一个群体中的传播。我们可以将有害状态理解为一种传染病、一种有害行为（例如烟草使用，正如 Galeotti 和 Rogers， 2013[1]），或一种其信念可能有害的谣言（正如 Merlino 等人，2023年）。下文中，为简便起见，我们使用疾病传播这一术语，并将免疫称为疫苗接种。

我们研究一个具有两个异质代理人群体的简化环境：其中一个群体的疫苗接种率较高，另一个群体的疫苗接种率较低；我们关注感染存在非零稳定稳态的情形。在时刻 0，感染者数量受到一次随机冲击（我们有时将其称为暴发），从而引发动态调整。此后，系统重新收敛至稳定稳态。

我们分析同质性对两个指标的影响：稳态感染数量，以及一次暴发期间产生的累计感染者人期数量（为简便起见，我们将其称为“累计感染”）。我们的主要贡献有两点：首先，我们表明，同质性增加对稳态感染水平的影响，可能与其对累计感染的影响完全相反。其次，我们表明，同质性对疫苗接种率的影响取决于感染动机是经典的“理性”成本收益分析，还是取决于同伴压力，因此二者的影响方向相反（文献部分回顾的近期证据强调，同伴压力是一个重要因素）。

众所周知，社会网络具有很高程度的同质性，

[1]在烟草使用的例子中，免疫“被解释为一种避免吸烟诱惑的承诺”（Galeotti 和 Rogers, 2013）。

而同质性是显著影响扩散和传染的网络特征之一（例如参见Jackson，2008）。此外，当政策制定者必须实施某些政策（例如影响疫苗接种率的政策）时，这些政策反过来也可能影响同质性。例如，有大量证据表明，在美国，私立学校和特许学校中未接种疫苗的儿童比例较高，这主要是因为有更多家庭选择宗教或哲学豁免（讨论及参考文献见第4.2节）。另一个例子着眼于烟草使用的解释：吸烟者可能更愿意待在允许吸烟或设有吸烟区域的场所，例如某些类型的酒吧或俱乐部。同样，烟草规定的执行方式不同，也可能导致具有相似免疫（承诺）水平的人之间的互动同质性增加。

为刻画有害状态的扩散，我们采用 SIS（“易感者—感染者—易感者”）模型，遵循Galeotti 和 Rogers (2013)以及Jack-son (2008）的做法。该网络是一个简化模型，由两个群体组成，两者的疫苗接种率存在异质性。疫苗接种完全有效，且不会随时间调整。在基本模型中，疫苗接种率是外生的。之后，我们将疫苗接种率内生化，并通过假设某一群体中的个体认为疫苗接种成本较高，来从微观层面解释群体间的差异。基于此，我们将两个群体分别称为“接种疫苗者”和“反疫苗者”。[2] 两个群体之间接触的同质性由参数 $h \in [0,1]$刻画，该参数表示人们只与同一群体中的其他人接触的比例，其余接触则来自从总体中随机抽取的一部分个体。为便于分析，我们聚焦于稳态附近动态过程的线性近似。

在主要分析中，我们采用 SIS 模型，因为它是最易于处理的扩散模型之一，并且经常被用于经济理论中

[2]事实上，第 2 节的主要结果（针对外生疫苗接种率）仅取决于各群体易感者数量存在差异，而与这种差异是否源于疫苗接种无关（尽管疫苗接种是一个自然的例子）。例如，这种差异可能代表不同年龄或族裔群体之间传染性的差异：我们关于同质性影响的结果仍然相同。

用于描述典型化的扩散过程（Galeotti 和 Rogers，2013、Jackson 和 L´opez-Pintado，2013以及其他学者）。然而，在附录 A中，我们展示了在 SIR 模型（“易感者—感染者—移除者”）设定下，主要结论依然稳健。在该模型中，康复个体具有免疫力；我们还刻画了同质性如何影响累计感染。主要结论，即同质性增加对稳态感染的影响可能与其对累计感染的影响大不相同，同样可直接推广至 SIR 模型：事实上，在 SIR 模型中，稳态感染为零，因此同质性不会对稳态产生影响。然而，同质性会影响动态过程，因此自然会对累计感染产生影响。所以，主要结论在 SIR 模型中同样成立。

我们考虑偏离稳态的幅度，该幅度具有随机性且均值为零。我们研究同质性对两种感染度量的影响：一种是静态的，即稳态感染；另一种与动态相关，取决于偏离稳态的幅度，是由暴发导致的每期感染数的贴现总和，我们称之为累计感染。这种累计感染度量可以看作近期文献中使用的各种功利主义福利函数的简化形式。这些例子都与这样一种观点有关：每个时期的每次感染都有代价，而这些代价必须加总；其中最为相似的是Rowthorn 和 Toxvaerd (2012）、Farboodi 等人 (2021年）以及 Toxvaerd 和 Rowthorn (2022年）。备注 1 中对此类例子进行了详细讨论。[3] 累计感染的一个关键特征是，与感染的稳态水平不同，它包含有关流行病随时间演变的方式、持续时间以及贴现率的信息。如果感染数固定在稳态水平，那么这个贴现总和就等于稳态患病率。然而，在暴发期间，当感染水平随时间变化时，这两个量可能大不相同。

在主要结果中，我们不采用特定的效用解释，因为 e

[3]此外，正如我们在第3.2节所讨论的，这一动态成分可以被理解为由两个群体构成的网络中每个群体的 Bonacich (1987) 中心性，其中群体之间连接的强度取决于可能传播的感染数量。

我们的观点是描述性的：我们的第一个主要贡献是表明，同质性对感染的影响在稳态和累计感染方面可能相反。然而，在第4.1.1 节中引入个体偏好以将疫苗接种选择内生化时，我们展示了如何通过在功利主义福利函数中加入必须通过统一税筹集资金的医疗保健成本，使福利同时取决于感染的稳态水平和累计感染。[4]

具体而言，我们发现，对于较低的同质性，稳态总感染水平会增加 h ，而对于较高的同质性则会降低 h （命题 2）。相反，累计感染呈现相反的变化：对于较低的同质性，累计感染会降低 h ，而对于 h 较高的同质性则会增加（命题3）。这一结果背后的关键直觉如下。在稳态下，同质性的变化会直接导致接种疫苗较少的群体中的感染增加，因为该群体更经常与未接种疫苗的人接触；出于对称的原因，另一个群体中的感染则会减少。此外，由于稳态水平对动态过程的影响，还会产生间接效应。这些间接效应的关键决定因素是（i）一个（负向的）规模效应：较高的感染会减少易感者数量，进而减少未来的感染；以及（ii）一个（正向的）传染效应：较高的感染会增加未来的感染，从而提高传染概率。当同质性较低时，规模效应具有对称性，因此同质性影响的符号由传染效应决定，并且为正；另一方面，当同质性较高时，传染效应具有对称性，因此其符号由规模效应决定，并且为负。

同质性对暴发所致累计感染人数的影响，也可以分解为直接效应和间接效应。首先，同质性会直接影响动态过程，我们将在第3.2节通过两步示例对此进行探讨。具体而言，同质性水平会影响两群体新增感染数量差值的符号：这与同质性对稳态水平的直接效应方向相反，因此当 h 较大时，行为也会反转。此外，同质性会降低收敛速度

[4]感谢匿名审稿人提出这一解读。

系统的速率（命题 4）：直观而言，这表明同质性会延长流行病持续时间，从而增加累计感染人数。其次，稳态水平的变化会产生间接效应：稳态水平越高，可被感染的易感个体就越少，因此疫情暴发规模越小。因此，由疫情暴发导致的累计感染人数会随着稳态水平的提高而减少。

为研究同质性发生变化时疫苗接种率随之调整所产生的影响，我们探讨了这样一种模型：个体需要在异质的疫苗接种成本与其感知到的疫苗接种益处之间进行权衡。此外，我们假设两个群体之间的差异仅在于（可能存在的）规模差异，以及对实际疫苗接种成本的判断不同；反疫苗者认为这一成本更高。这种差异可以被视为心理成本、纯粹的错误，或任何可能导致感知成本不同的现象：我们不对其成因作出判断，因为我们的目的是研究其后果。[5]

我们探讨疫苗接种动机的两种不同可能性：出于避免感染风险的疫苗接种，以及出于同伴压力的疫苗接种。在前一种情况下，个体将疫苗接种的收益评估为感染率的负值：即未患病时效用的增加。在后一种情况下，如果其邻域中有许多个体接种了疫苗，个体便会通过同伴效应渠道从疫苗接种中获得较高收益。成本收益模型是经典模型，是对 Galeotti 和 Rogers (2013) 所研究模型的一种变体。我们探讨同伴效应模型，是因为人们普遍认为同伴会影响决策，尤其是与健康和保险相关的决策，例如社会保险的使用（Markussen 和 Røed，2015年）、月经杯的采用（Oster 和 Thornton，2012）、HIV 检测（Godlonton 和 Thornton，2012），以及退休计划选择（Duflo

[5]近年来，许多人要么断然拒绝任何疫苗接种方案，要么减少（或推迟）规定的疫苗接种。过去几十年来，这一现象愈发明显，在西欧和美国尤其如此。一般性的跨国比较参见 Larson 等人（2016），美国的相关研究参见 Phadke 等人（2016），欧洲多个国家麻疹相关研究参见 Funk（2017年）。正文中的模型旨在刻画的并非那些永远不会接种疫苗的极端者，而是更普遍的疫苗犹豫现象；这种现象更为普遍，因此也可能更危险（Trentini 等人，2017年）。

和 Saez，2003年）。一些近期论文发现了同伴效应在疫苗接种决策中发挥作用的直接证据（系统综述见 Hoffmann 等，2019 ）。我们将在第 4.2 节进一步综述实证证据。现实中的决策很可能同时涉及同伴效应和成本收益计算，因此，为了说明这些机制，应将这两种情况视为两个极端案例，即只有两个组成部分中的一个是可见的。

我们的第二项主要贡献是表明，同质性对两种疫苗接种模型中的疫苗接种率产生相反的影响。事实上，如果接种是由感染风险驱动的，那么同质性增强会提高反疫苗者的风险，进而促使他们更多接种疫苗；而接种疫苗者的接种率则会下降（命题5）。相反，如果接种是由同伴压力驱动的，那么作用机制正好相反：同质性增强会加大接种率较高的群体（即接种疫苗者群体）中的同伴压力，从而提高接种疫苗者的接种率，并降低反疫苗者的接种率（命题7）。在一种混合模型中，同质性对接种最为不利：接种疫苗者依据感染风险决定是否接种，而反疫苗者则依据同伴压力决定是否接种。在这种情况下，同质性无疑会降低接种疫苗者和反疫苗者的接种率，前者是因为风险下降，后者则是因为同伴压力减弱。

此外，即使在内生疫苗接种模型中，对于同质性的极端取值，稳态和累计感染指标可能呈现相反行为这一基本见解依然成立。在理性模型中，只要疫苗接种成本足够高，这一结论便成立（命题6）。在基于同伴效应的模型中，这一结论始终成立（命题7）。这主要是因为疫苗接种率会朝相反方向调整，因此额外效应不会过强。

相关文献

我们的研究为三类文献作出了贡献：经济学中的流行病文献、网络中的传染与扩散文献，以及关于

策略性免疫的文献。

我们对经济学中的流行病文献的贡献，首先在于研究同质性如何影响感染；更广泛地说，我们强调，用于评估流行病福利影响的不同风险偏好和时间偏好，可能会对稳态和累计感染赋予不同权重。我们对感染的累计度量，可以视为近期文献中若干功利主义福利函数的简化形式；其中最相近的是 Rowthorn 和 Toxvaerd (2012）、Farboodi 等人(2021年）以及 Toxvaerd 和 Rowthorn(2022年）。其他论文采用了更丰富的模型，研究经济活动与死亡之间的权衡（两者在我们的模型中均未涉及）：Acemoglu 等人 (2021年）、Brotherhood 等人 (2021年）、Bognanni 等人(2020）。这些论文都没有考虑社会网络的影响。Bisin 和 Gottardi(2021年）考察了健康与经济权衡，但没有考虑动态过程或同质性。跨国网络的结构在Chandrasekhar 等人 (2021年）中得到考察；该文还将规划者的目标设定为最小化其所称的“感染者—人—期数”数量，这一指标类似于累计感染。这些论文均未研究互动的同质性。

我们对传染相关文献的贡献在于强调：当关注随时间变化的累计感染人数，而非稳态时，互动的同质性所产生的影响可能截然不同。与本文最接近、且我们据此调整基本设定的论文是 Galeotti 和 Rogers（2013）。该论文首次深入研究了同质性对感染率的影响。然而，作者关注的是感染的稳态水平，而非我们所关注的动态指标累计感染。众所周知，同质性可以促进疾病传播，例如 Jackson 和 L´opez-Pintado （2013）对此进行了说明。然而，他们没有研究同质性对稳态水平或动态累计感染的影响。 Izquierdo 等人（2018）以及Burgio 等人 （2022年）研究了稳态，并发现同质性具有与我们的结果相似的非单调影响，但他们没有研究动态累计感染。另一类文献认为，动态过程的整个时间演化

超越稳态同样十分重要，并研究了偏离标准平均场近似的情况，以允许随机波动的存在，例如 Nakamura 和 Martinez （2019）以及 Esen 等人 （2022年）。这些论文没有研究同质性的影响。

我们对策略性免疫模型文献的贡献在于指出：如果疫苗接种是为了避免感染风险，还是出于同伴压力，同质性对群体层面疫苗接种的影响可能恰恰相反。我们关于由感染风险驱动的接种模型与Galeotti 和 Rogers (2013)类似。然而，Galeotti 和 Rogers (2013)中的内生疫苗接种模型假设疫苗接种成本同质，因此两个群体的接种情况对称；而我们采用异质的疫苗接种成本，正是为了从微观层面解释并研究不同的疫苗接种率。Goyal 和 Vigier (2015)研究了互动内生水平与疫苗接种之间的相互作用，同样是在稳态下。接种疫苗者在同质性增加时倾向于减少接种，这与`as 和 Vohra (2020)研究的风险补偿效应相似；该研究表明，部分有效的疫苗接种可能降低福利。同样，我们关注的重点是静态—动态权衡。Chen 和 Toxvaerd(2014)指出，市场机制会导致疫苗接种水平低于有效水平。这些论文都没有探讨由同伴压力驱动的疫苗接种。[6]

本文的结构如下。下一节介绍模型。第 3 节展示所有选择均为外生时机械模型的主要结果。第 4节探讨内生疫苗接种率下结果的稳健性。在第 4.2 节中，我们通过考虑疫苗接种选择受同伴压力驱动的情形，对模型进行了扩展。我们在第 5节总结全文。在 附录 A 中，我们研究了该设置如何应用于 SIR模型。在 附录 B中，我们讨论最优疫苗接种率。最后，在 附录 C 中，我们证明了本文的形式化结果。

[6]应用物理学领域也有一批近期文献，研究疾病与疫苗接种选择同时扩散的模型。关于这一主题，请参阅Wang 等人(2015年），以及Alvarez-Zuzek 等人(2017年）和Vel´asquez-Rojas 与 Vazquez(2017年）的较新分析。

2 模型

我们考虑一个带有疫苗接种、包含两个代理人群体的简单 SIS 模型，其设置类似于 Galeotti 和 Rogers (2013)。

我们的社会由质量为1的连续统代理人组成，并外生地划分为两个群体。每个群体中的个体都具有各自对疫苗接种的态度。具体而言，按照一种常用的术语，我们将两个群体分别标记为 a，即反疫苗者，以及 v，即接种疫苗者。因此，两个群体的集合为 $G := \{a, v\}$，其中 $g \in G$ 表示一般群体。令 $q \in [0, 1]$ 表示社会中反疫苗者所占的比例，令 $1 - q$ 表示接种疫苗者所占的比例。

两个群体中的人彼此接触时带有同质性偏好。我们通过假设两个群体中的任一个个体以概率h 只与其自身群体中的某人接触，并以概率 $1 - h$ 与从整个社会中随机抽取的其他人接触，来对此进行建模。[7] 这意味着，反疫苗者彼此接触的比率为 $\tilde{q}_a := h + (1 - h)q$，而接种疫苗者彼此接触的比率为 $\tilde{q}_v := h + (1 - h)(1 - q)$。注意，$h$ 对两个群体而言相同，但如果 $q \neq 1/2$ 和 $h < 1$，那么 $\tilde{q}_a \neq \tilde{q}_v$。

对于每个 $g \in G$，令 $x_g \in [0, 1]$ 表示群体g 中接种疫苗以预防我们所研究的一般疾病的个体比例。自然地，不失一般性地假设 $x_a < x_v$；事实上，至此这已是区分这两个群体的唯一差异。接种疫苗的总人数（或平均疫苗接种率）为 $x = qx_a + (1 - q)x_v$。我们先将 x_a 和x_v 视为外生参数，之后再将它们内生化。为使问题不至于平凡，我们假设 $x_g \in (0,1)$。同样，ρ_g 和 S_g分别表示群体 g中的感染者比例和易感者比例。接种疫苗的总人数记为 $\rho = q\rho_a + (1 - q)\rho_v$。如有可能产生歧义，稳态变量用 SS 上标表示，因此稳态下的感染总数记为 ρ^{SS}。我们省略

[7] h 是同质性交配指数，定义见Coleman（1958年）、Marsden （1987）、McPherson 等人（2001）以及Currarini 等人（2009年）。它可以解释为个体与其群体中的人进行互动所花费的时间比例，而在剩余时间内，他们会与随机均匀遇到的人进行互动。

只要上下文足以表明使用的是稳态值，就省略 SS 上标。令 μ 为该疾病的恢复率，其传染性则归一化为 1。

我们将关注上述系统的稳定稳态，以及相对于稳态的随机零均值偏差。在时间 0，随机变量 $d\rho_0 = (d\rho_{0,\ a}, d\rho_{0,\ v})$ 实现了，用以衡量这种偏差，其中 $\mathbb{E}\mathrm{d}\rho_{0,\ a} = \mathbb{E}\mathrm{d}\rho_{0,\ v} = 0$。为简单起见，我们假设两个群体的偏差对称：$d\rho_{0,\ a} = d\rho_{0,\ v} = d\rho_0$。这已足以说明同质性对稳态的影响与对动态过程的影响之间的差异，而这正是我们的目标；因此，我们采用这一简化假设。

2.1 动力系统

将流行病的演变设定为连续时间后，我们研究各群体中感染者所占的比例。

系统的微分方程如下：

$$\begin{aligned}\dot{\rho}^a &= F_a(\rho_a, \rho_v) = S_a\Big(\tilde{q}_a\rho_a + (1-\tilde{q}_a)\rho_v\Big) - \rho_a\mu;\\ \dot{\rho}^v &= F_v(\rho_a, \rho_v) = S_v\Big(\tilde{q}_v\rho_v + (1-\tilde{q}_v)\rho_a\Big) - \rho_v\mu.\end{aligned} \tag{1}$$

其中，$S_g = \left(1-\rho^g - x^g\right) \in [0,1]$ 是既未接种疫苗也未感染、因而易受其他感染者感染的个体所占比例。此外，反疫苗者和接种疫苗者接触到的感染者比例分别为 $\tilde{\rho}_a := \Big(\tilde{q}_a\rho_a + (1-\tilde{q}_a)\rho_v\Big)$ 和 $\tilde{\rho}_v := \Big(\tilde{q}_v\rho_v + (1-\tilde{q}_v)\rho_a\Big)$。最后，$\rho_a\mu$ 和 $\rho_v\mu$ 分别表示各群体中的康复个体。

首先，在下面的命题中，我们利用 Lajmanovich 和 Yorke (1976) 中的经典结果（另见 Galeotti 和 Rogers，2013 中的观察 1），刻画稳态的一些性质。

命题 1（同质性与地方性疾病）。 系统 (1) 总是存在唯一的稳定稳态。对于每个 $h \in [0,1]$，都存在一个 $\hat{}\mu(h) > 0$使得：*(i)* 若 $\mu < \hat{}\mu(h)$，则稳定稳态位于内部：$\rho_a^{SS} > 0$，$\rho_v^{SS} > 0$，

同时，在(0,0)中还存在另一个（不稳定的）稳态；而 ***(ii)*** 若 $\mu \geq \hat{\mu}(h)$，则唯一的稳态为 $\rho^{SS} = (0,0)$，且全局渐近稳定。

证明的正式内容见附录 C，后续其他结果的证明也同样如此。从现在开始，在全文中我们聚焦于内部稳态；为确保该稳态对所有 h 都存在，我们假设 $\mu <$ 最小值$_h \hat{\mu}(h) = 1 - x$，并将 $x = qx_a + (1-q)x_v$ 记为总疫苗接种率。

为便于分析，下面我们将稳态之外的疫情暴发动态过程近似为偏离稳态的线性化动态过程 $\mathrm{d}\rho_{i,t} = \rho_{i,t} - \rho_i^{SS}$，其中 $i = a, v$。

定义 1（动态）。我们将函数$\mathrm{d}\rho_{a,t}$、$\mathrm{d}\rho_{v,t}$ 定义为满足以下条件的时间演化：

$$\begin{pmatrix} \dot{\mathrm{d}\rho}_{a,t} \\ \dot{\mathrm{d}\rho}_{v,t} \end{pmatrix} = J \begin{pmatrix} \mathrm{d}\rho_{t,a} \\ \mathrm{d}\rho_{t,v} \end{pmatrix}, \quad \mathrm{d}\rho_0 = \begin{pmatrix} \mathrm{d}\rho_{0,a} \\ \mathrm{d}\rho_{0,v} \end{pmatrix}, \tag{2}$$

其中

$$J = \begin{pmatrix} -\tilde{\rho}_a^{SS} - \mu + S_a^{SS}\tilde{q}_a & (1 - S_a^{SS})\tilde{q}_a \\ (1 - S_v)\tilde{q}_v & -\tilde{\rho}_v^{SS} - \mu + S_v^{SS}\tilde{q}_v \end{pmatrix}$$

是(1) 在稳态处计算得到的雅可比矩阵，而 $(\mathrm{d}\rho_{0,a}, \mathrm{d}\rho_{0,v})'$是疫情暴发的初始规模。

Moreover, we denote: $\mathrm{d}\rho_t = q\mathrm{d}\rho_{a,t} + (1-q)\mathrm{d}\rho_{v,t}$.

如果 $\mu < \hat{\mu}$，稳态是稳定的，这意味着 J 具有负的对角元素。我们将 J 的行列式记为 $|J|$，并注意到它为正。此外，$\hat{\mu}(h)$（在附录 C 中明确推导）随 h增加而增加。这凸显了 h 在比较静态分析中的第一个重要作用：如果 h 增加，那么一种此前并非地方性流行病的疾病（因为 $\mu > \hat{\mu}(h)$）可能会随着 $\hat{\mu}(h)$随 h增加而变成地方性流行病，从而逆转该不等式。事实上，更高的同质性抵消了恢复率 μ 对流行病暴发的负面影响（另见 Jackson 和 L´opez-Pintado，2013 年的讨论）。

2.2 累计感染

假设我们关心的不是稳态下的感染者数量，而是由流行病产生的感染者—人—时期总数，正如 Chandrasekhar 等人，2021年所称。例如，如果每次感染都会给医疗卫生系统带来成本，那么这一总数就对应于流行病期间医疗保健的总货币成本。

本节将对这一概念进行精确定义。一个关键的简化之处在于，根据构造，$\mathrm{d}\rho_{t,a}$ 和 $\mathrm{d}\rho_{t,v}$ 的动态过程关于 $\mathrm{d}\rho_0$呈线性。因此，随时间推移的累计感染总人数也关于 $\mathrm{d}\rho_0$呈线性。

定义 2（累计感染）。将 CI 定义为：由偏离稳态、幅度为$\mathrm{d}\rho_0 =$（$d\rho_0$、$d\rho_0$）所导致的（标准化）累计感染人数，并以贴现率 r进行贴现：

$$\begin{aligned}\tilde{CI} &:= r\left(q\int_0^\infty e^{-rt}(\rho_a^{SS}+\mathrm{d}\rho_{a,t})\mathrm{d}t+(1-q)\int_0^\infty e^{-rt}(\rho_v^{SS}+\mathrm{d}\rho_{v,t})\mathrm{d}t\right)\\ &= \rho^{SS}+r\int_0^\infty e^{-rt}\mathrm{d}\rho_t\mathrm{d}t\end{aligned}$$

此外，得益于 $\mathrm{d}\rho_t$的线性性质，将 CI 定义为满足以下条件的系数：

$$\tilde{CI}(\overline{d\rho_0}) = \rho^{SS} + CI\overline{d\rho_0} \tag{3}$$

由于稳态中的感染者人数与偏离稳态所导致的累计感染人数是两个不同的量，而且政策制定者可能都关心这两者，因此下文将分别分析同质性对这两个指标的影响：稳态感染水平 ρ和累计感染 CI。这两项统计数据可能与所研究的问题相关，但同质性对它们的影响截然不同。

3 稳态与累计感染

本节开始分析模型中纯粹的流行病部分，并将疫苗接种率 x_a 和 x_v 视为外生变量。请记住，在这种情况下，两个群体之间唯一的区别是 $x_a < x_v$。为简化记号，在不致产生歧义时，下文将稳态变量上的上标 SS 省略。

3.1 稳态下的同质性

首先，我们探讨稳态下同质性的影响。同质性会增加同一群体个体之间的社会接触：因此，同质性的增加 h 会增加反疫苗者与未接种疫苗者接触的数量，从而提高稳态感染水平。对于接种疫苗者而言，情况则相反。这些效应之间如何达到平衡？下一个命题给出了答案。

命题2 (稳态下的同质性**)**。 在内部稳态下，当同质性足够低时，总感染量 ρ 随之增加；当同质性足够高时，则随之减少。[8]

群体层面的感染率结果背后的直觉如下。同质性的增加会产生直接效应，这是由群体之间接触率的变化所导致的；同时也会产生间接效应，这是由稳态发生变化所导致的。直接效应源于同质性改变了感染概率：

$$\begin{aligned} \partial_h \tilde{\rho}_a &= (1-q)\Delta\rho; \\ \partial_h \tilde{\rho}_v &= -q\Delta\rho. \end{aligned} \tag{4}$$

Th它们符号相反：反疫苗者彼此接触得更频繁 s

[8]为完整起见，我们可以证明，在假设$\mu < (1-x)^2/(1-x_a)$成立的情况下，它只有一个最大值。

因此，在其他条件不变的情况下，他们的感染概率会上升。接种疫苗者的情况则相反。

间接效应源于各感染水平对动态增量 $\dot{\rho}_a = F_a(\rho_a, \rho_v)$ 和 $\dot{\rho}_v = F_v(\rho_a, \rho_v)$ 的影响。它们可以分解如下：

$$
\begin{aligned}
\mathrm{d}F_a =& \partial_{\rho_a}(S_a\tilde{\rho}_a)\mathrm{d}\rho_a + \partial_{\rho_v}(S_a\tilde{\rho}_a)\mathrm{d}\rho_v \\
=& (\underbrace{-\mu}_{\substack{\text{recovery}\\\text{effect}}} - \underbrace{\tilde{\rho}_a}_{\substack{\text{size}\\\text{effect}}} + \underbrace{\tilde{q}S_a}_{\substack{\text{contagion}\\\text{effect}}})d\rho_a + \underbrace{(1-\tilde{q})S_a}_{\substack{\text{contagion}\\\text{effect}}} d\rho_v; \\
\mathrm{d}F_v =& (\underbrace{-\mu}_{\text{recovery}} - \underbrace{\tilde{\rho}_v}_{\text{size}} + \underbrace{\tilde{q}_v S_v}_{\text{contagion}})d\rho_a + \underbrace{(1-\tilde{q}_v)S_v}_{\text{contagion}} d\rho_v.
\end{aligned} \tag{5}
$$

例如，对于群体 a，稳态水平 ρ_a 的上升会对群体 a产生以下影响：(i) 康复增加，(ii) 易感个体群体减少（规模效应），以及 (iii) 感染概率增加（传染效应）。康复效应是恒定的，并且在各群体之间对称。由于感染增量来自易感个体数量与感染概率的乘积，这两种效应分别与另一因素的水平成正比（依据莱布尼茨求导法则）。规模效应，即易感个体群体的减少，与感染概率 $\tilde{\rho}_a$ 成正比，因此在反疫苗者群体中更强。规模效应始终为负。最后是传染效应，它源于感染者相遇概率的上升。该效应为正，其大小取决于 q；但对于 $q = 1/2$，它与易感个体所占比例成正比，因此这一效应在反疫苗者群体中再次更强。考虑群体 a，康复效应和规模效应仅在自身稳态水平 ρ_a 发生变化时出现，而传染效应则既会在自身稳态 ρ_a 变化时出现，也会在另一群体的稳态 ρ_v 变化时出现。

间接效应的符号始终与直接效应相反，因此总体结果的符号并不确定。上述结果表明，间接效应从未强到足以抵消群体

a中的直接效应，因此 ρ_a 始终随$\rho_{0,\ a}$增加。然而，在群体 v中，导数可能取正也可能取负：直接效应占主导时为负，否则为正。由于跨组传染属于间接效应的一部分，当 h 较大时，意味着两个群体几乎彼此分离，直接效应占主导，因此 ρ_v 随$\rho_{0,\ a}$ 减少。相反，当 h较小时，间接效应可能强于直接效应，导致 ρ_v 随$\rho_{0,\ a}$增加。当恢复率 μ 足够高时，就会出现这种情况，从而使传染效应成为感染更重要的驱动因素。[9]

注意，同质性对总感染人数的影响也源于这类直接效应与间接效应之间的平衡。式（5）中的导数表达式反映了稳态变化是式（4）中直接效应的组合，并按动态过程对稳态变化的响应加权，从而使动态过程保持静止。

总之， $\partial_h \rho$ 的符号由以下因素决定

$$S_a(\tilde{\rho}_v + \mu) - S_v(\tilde{\rho}_a + \mu)$$

这表示传染效应的强度（其大小与 S_a 和 S_v成正比）与规模效应（其大小分别为 $\tilde{\rho}_a$ 和 $\tilde{\rho}_v$）之间的平衡。

当同质性 h 较低时，感染概率相同 $\tilde{\rho}_a \sim \tilde{\rho}_v$，因此与之成正比的规模效应无关紧要：此时正向的传染效应占主导，所以感染人数随 h增加。相反，当同质性较高时，两个群体中的易感个体数量相同， S_a， $S_v \to \mu$，因此传染效应无关紧要，结果由负向的规模效应决定：所以同质性会减少总感染人数。[10]

[9]请注意，只有当两种感染率都未达到边界解时，这一推理才成立：例如，如果 $x_v = 1$，使得所有接种疫苗者都已接种疫苗，那么 $\rho_v = 0$ 为常数，不会发生变化；在这种情况下，唯一相关的导数是：

$$\partial_h \rho_a = \partial_h \rho = -\frac{S_a(1-q)\Delta\rho}{J_{11}} > 0$$

[10]有人可能会想知道，为什么人口规模 q 对结果影响甚微。请注意，

3.2 累计感染

现在，我们分析在明确对感染动态建模后，结果会如何变化。首先可以注意到，累计感染与Bonacich中心性密切相关：

$$\begin{pmatrix}\tilde{C}I_a\\ \tilde{C}I_v\end{pmatrix} = r\int_0^\infty e^{(-rI+J)t}\mathrm{d}\rho_0\mathrm{d}t = (I-1/rJ)^{-1}\mathrm{d}\rho_0.$$

我们可以看到，两个群体中累计感染人数构成的向量，等于由雅可比矩阵 J 定义的加权网络中各群体的 Bonacich 中心性。这个表达式有助于计算累计感染。通过考察相应的离散时间动态过程，可以更好地理解其直觉，该动态过程满足：

$$\begin{pmatrix}\mathrm{d}\rho_{a,t+1}\\ \mathrm{d}\rho_{v,t+1}\end{pmatrix} = J\begin{pmatrix}d\rho_{a,t}\\ d\rho_{v,t}\end{pmatrix}. \tag{6}$$

在这种情况下，累计感染量就是

$$\sum_t r^{-t}J^t\mathrm{d}\rho_0 = (I-1/rJ)^{-1}\mathrm{d}\rho_0.$$

每一步时间迭代都会增加一定数量的感染人数，其数量与上述加权连接网络中的直接和间接连接成正比，直至第 t 步。所有直接和间接折现连接的总和，就是随时间累积的总感染量，并且等于 Bonacich中心性。当步长趋近于零时，即可得到连续时间下的结果。

下一个命题是本节的主要结果，表明 CI相对于 ρ^{SS}呈现相反的行为。

感染概率的边际变化（因此 $\partial_h\rho_a$ 和 $\partial_h\rho_v$ 也会变化）取决于其他群体中的人口比例：这表示 h 每增加一个单位时，接触人数的变化量。因此，在计算总感染量时，可以将人口比例提取出来，因为每一项都乘以 $q(1-q)$，而其余部分不再重要。

命题3。 同质性 h 对 CI的影响，$\mathrm{d}_h CI$，在 h足够低时为正，在 h足够高时为负。

这种差异的原因是什么？总效应可以分解为 h 对动态过程的直接效应，以及由于h 也会影响稳态水平而产生的间接效应:

$$\mathrm{d}_h CI = \underbrace{\partial_h CI}_{\text{direct effect}} + \underbrace{\partial_{\rho_a} CI \partial_h \rho_a + \partial_{\rho_v} CI \partial_h \rho_v}_{\text{indirect effect}}.$$

在上述命题的证明中，我们说明，直接效应 $\partial_h CI$在 h 足够高时为正，而间接效应的符号恰好与命题2中稳态效应的符号相反。下文将尝试分别阐释这两种效应。

直觉：直接效应 为了更好地理解 h 对累计感染的直接效应背后的直觉，我们再次转向近似离散动力学（6）。我们来分析动态过程的一个简单两步离散版本。在 $t = 1$ 时，我们有:

$$\begin{aligned} d\rho_{a,1} &= (-\tilde{\rho_a} - \mu + \tilde{q}_a S_a)\overline{d\rho_0} + (1 - \tilde{q}_a) S_a \overline{d\rho_0}, \\ \mathrm{d}\rho_{a,1} &= (-\tilde{\rho_v} - \mu + \tilde{q}_v S_a)\overline{d\rho_0} + (1 - \tilde{q}_v) S_v \overline{d\rho_0}. \end{aligned}$$

与稳态总感染量之间的差值为:

$$d\rho_1 = (-\rho^{SS} - \mu + q S_a + (1 - q) S_v)\overline{d\rho_0} = (-2\rho^{SS} - \mu + 1 - x)\overline{d\rho_0},$$

因此我们可以看出，这与同质性 h无关。两个群体具有相同的初始偏差 $d\rho_0$，这意味着只有平均效应才重要：传染效应项的平均值等于易感个体的平均（总）数量，而规模效应的平均值等于感染总数。因此，经过一个时期后，只有总体层面统计量才重要。

然而，这两个偏差 $d\rho_{a,\ 1}$ 和 $d\rho_{v,\ 1}$ 并不相同。在经过一个 e

时期后，群体间感染的差距 $d\rho_{1,\ a} - d\rho_{1,\ v} = \Delta \mathrm{d}\rho$ 为：

$$\Delta \mathrm{d}\rho_1 = (\Delta S - h\Delta\rho^{SS})\overline{d\rho_0},$$

这再次取决于此前讨论的规模效应和传染效应。与（2）中的导数类似，这两种效应对反疫苗者的影响都更强，因此，如果 h 较低，由于规模效应是对称的，传染效应占主导，差距为正；当 h 较高时，情况则相反。这些效应类似于同质性影响稳态感染的作用机制。

要计算第 2 期的总感染人数，我们可以将新增的感染率变化分解为相对于感染者平均人数的偏差：$d\rho_{a,\ 1} = d\rho_1 + (1-q)\Delta \mathrm{d}\rho_1$ 和 $\mathrm{d}\rho_{v,\ 1} = d\rho_1 - q\Delta \mathrm{d}\rho_1$。然后，我们可以将第 2 期新增的总感染人数表示为：

$$d\rho_2 = -\mathrm{d}\rho_1^2 + q(1-q)h(\Delta S - \Delta\rho^{SS})\Delta \mathrm{d}\rho_1. \tag{7}$$

根据线性性质，我们得到两个可加项：一个源自平均部分 $\mathrm{d}\rho_1$，另一个源自偏差，与 $\Delta \mathrm{d}\rho_1$ 成正比。第一项的计算方式与从齐次初始偏差出发时第 1 期总感染量的计算类似：因此，在给定稳态感染的条件下，它也独立于同质性。

第二项至关重要，其中包含同质性对第 2 期总感染人数的影响，条件是稳态值。 h我们再次看到，这取决于规模（$\Delta\rho^{SS}$）和传染（ΔS效应之间的权衡。然而，重要的是，该效应的符号还取决于上一期的增量，而增量的符号本身又取决于h。具体而言，当 h 较大且规模效应占主导时，差值 $\Delta \mathrm{d}\rho_1$ 为负，因此总体符号为正，这与我们在稳态下得到的结论相反。[11] 原因在于，正如方程（7）所述，

[11]相反，如果 h 较小，差值 $\Delta \mathrm{d}\rho_1$ 为正，而项 $\Delta S - \Delta\rho^{SS}$ 的符号不确定：对于 $h = 0$，当且仅当 $\mu > (1-x)/2$时，它为正。这是因为，当 μ 较大时，传染效应比既往感染更重要。

同质性不仅改变稳态水平，也会改变动态过程的中间步骤。

该例说明了静态效应与动态效应之间差异的短期直觉，而上述命题则从无限时间的角度对其进行了形式化证明。下一段将展示，通过分析收敛率的行为（以绝对值最小的特征值来衡量），我们如何获得类似的长期直觉。

直觉：间接效应 为了理解CI 与稳态下感染者占比 ρ^{SS}之间的直观联系，首先关注群体完全分离的情形，即 $h = 1$，是很有帮助的。在这种情况下，每个群体都遵循一个独立的标准易感者-感染者-易感者方程（我们报告 a 群体的方程）：[12]

$$\dot{\rho}_a = S_a\rho_a - \mu\rho_a = (1 - \rho_a - x_a)\rho_a - \mu\rho_a.$$

这一过程的线性化表示为：

$$\dot{d\rho}_a = -\rho_a^{SS} d\rho_a \Longrightarrow \mathrm{d}\rho_a(t) = e^{-\rho_a^{SS}t}\rho_0$$

因此我们可以解析地计算：$CI = {}^{r}\mathrm{d}_{\rho_a^{SS}+r}^{\rho_0}$：累计感染与稳态感染成反比。其直觉是，稳态感染越高，易感个体越少，因此偏离稳态的程度越小，系统也就越快回到稳态。

如果 $h \neq 1$，动态过程便是成对的，清晰的解析反比例关系也随之消失。不过，为了阐明该机制背后的动态直觉，在下一段中我们将说明，遵循类似的直觉，动态过程的收敛率（以 J 的最小特征值衡量）为

[12]对于 $h = 0$也可以得到类似的结果，因为在这种情况下，我们可以对两个方程取平均值，直接得到总感染量 ρ 的演化方程：

$$\dot{\rho} = (1 - \rho - x)\rho - \mu\rho.$$

稳态水平越高，该值越低。

收敛率 为了将前两段讨论的直觉形式化，我们考虑以下经典定义（参见，例如 Gabaix等人，2016）。

定义3（收敛率）。 系统偏离规模为$\mathrm{d}\rho_0$ 后的收敛率为

$$CR = -\lim_{t\to\infty} \frac{\log\|e^{tA}\mathrm{d}\rho_0\|}{t}.$$

线性系统的一个经典性质是，收敛速度可以通过特征值来衡量：我们将形式化地证明这里同样如此。此外，我们将形式化地证明，收敛速度随着两个稳态水平 ρ_a^{SS}和 ρ_v^{SS}的增加而降低。这进一步揭示了命题3中间接效应背后的机制。此外，我们还将证明，与Golub和Jackson （2012）类似，在这一情境下，同质性也会降低收敛率，至少当 h 和 μ 较大时如此：这也为命题3中的直接效应提供了长期直觉。

命题4。 收敛速度等于矩阵 $J - rI$ 的模最小特征值的绝对值：

$$CR = \lambda_2$$

当 $h \to 1$、 CR 随 h 增加而增加。当 $h \to 0$、 CR 增加当且仅当 $\mu > \frac{1-x}{2}$ 。此外，CR 随 ρ_a^{SS} 和 ρ_v^{SS} 的增加而降低。

4 疫苗接种选择：感染风险与同伴效应

迄今为止，我们的模型并未对个体偏好作出任何假设。然而，现实中，疫苗接种选择由个体作出；若考虑到疫苗接种是内生的，

人群中接种疫苗的个体比例本身可能取决于同质性。因此，探究个体如何决定是否接种疫苗或许很重要。要将疫苗接种选择内生化，我们需要仔细界定接种疫苗的动机。鉴于引言中描述的动机，我们探讨两种替代方案：第一种是标准模型（Galeotti 和 Rogers，2013的一种变体），其中个体能够正确预期均衡感染概率；另一种模型中，个体的选择由同伴效应驱动。

4.1 基于理性选择的疫苗接种

4.1.1 偏好

个体可能会支付一定成本进行疫苗接种，也可能不接种疫苗并承担感染的风险。我们假设，个体在流行病实际发生之前，即事前做出疫苗接种决策，并且无法在扩散过程中更新其决策。[13] 疫苗接种具有完全的有效性。为了进行描述性分析，我们假设反疫苗者的成本比接种疫苗者高一个统一的数值 d，以此从微观层面解释疫苗接种率的差异。然而，由于我们关注的是同质性对感染的影响，因此不进一步探究这种不同成本评估背后的动机。因此，我们假设接种疫苗者的疫苗接种成本为 $c^v \sim U[0,1/k]$，而反疫苗者的疫苗接种成本为 $c^a \sim U[d/k, 1/k+d/k]$。 k 是反映人群中疫苗接种成本分布的参数：较高的 k 意味着疫苗接种成本通常较低，而较低的 k 意味着疫苗接种成本较高。[14]

接种带来的益处会与感染带来的负效用进行权衡 .

[13]一般来说，个体可能会认为推迟疫苗接种是最优选择，原因有二：先了解偏离稳态 $d\rho_0$的冲击大小，或者将支付一次性疫苗接种成本所带来的效用损失推迟到未来， $-re^{-rt}c$。然而，如果允许个体拥有完全的灵活性，模型就会变得难以处理，因为个体会在不同时间接种疫苗，而且我们必须额外追踪两个微分方程，以描述 $x_a(t)$和 $x_v(t)$的演变。因此，为了使问题易于处理，我们简化问题，假设个体只能在流行病开始前接种疫苗。[14]如果我们将认知差异归因于患病成本，模型也不会发生显著变化；但我们仍采用第一种解释，因为这样计算更简洁。

关注群体 a 中的个体 i，记作 $i \in a$。我们将其感染状态$I_{i,\ a,\ t} \in \{0,1\}$ 定义为：如果该个体已感染，则取值为 1，否则为 0；对于$i \in v$，定义方式 аналогously。群体 g 中个体 i 的期望效用为：

$$U_{i,g} = \begin{cases} -r\mathbb{E}\int_0^{+\infty} I_{i,g,t}dt & \text{if } i \text{ non vaccinated} \\ -c_i & \text{o.w.} \end{cases}$$

由于 $I_{i,g,t}$ 有界且期望有限，我们可以将期望移入积分号内，因此：

$$\mathbb{E}\int_0^{+\infty} e^{-rt} I_{i,g,t}dt = \int_0^{+\infty} e^{-rt}\mathbb{E}(I_{i,g,t})dt$$

以初始偏差 $d\rho_0$的实现为条件，变量 ($I_{i,a,t}$,$I_{i,v,t}$) 构成一个连续时间马尔可夫链。按照 Pastor-Satorras 等人(2015)，期望的时间演化 $\mathbb{E}(I_{i,g,t} \mid d\rho_0)$ 满足：

$$\frac{d}{dt}\mathbb{E}(I_{i,a,t} \mid d\rho_0) = (1 - \mathbb{E}(I_{i,a,t} \mid d\rho_0))\tilde{\rho}_{a,t} - \mu\mathbb{E}(I_{i,a,t} \mid d\rho_0) \tag{8}$$

$$\frac{d}{dt}\mathbb{E}(I_{i,v,t} \mid d\rho_0) = (1 - \mathbb{E}(I_{i,v,t} \mid d\rho_0))\tilde{\rho}_{v,t} - \mu\mathbb{E}(I_{i,v,t} \mid d\rho_0) \tag{9}$$

这与 $\left(\begin{array}{cc} \rho_{a,\ t} & \rho_{v,\ t} \\ 1 - x_a & 1 - x_v \end{array}\right)$ 满足的方程完全相同；根据解的唯一性，必有：

$$\mathbb{E}(I_{i,a,t} \mid d\rho_0) = \frac{\rho_{a,t}}{1 - x_a}, \quad \mathbb{E}(I_{i,v,t} \mid d\rho_0) = \frac{\rho_{v,t}}{1 - x_v}$$

此外，利用线性化，我们得到 $\mathbb{E}\rho_{a,t} = \rho_a^{SS}$和$\mathbb{E}\rho_{v,t} = \rho_v^{SS}$。因此，事前期望效用为：

$$U_{i,g} = \begin{cases} -\dfrac{\rho_g^{SS}}{1 - x_g} & \text{if } i \text{ non vaccinated} \\ -c_i & \text{o.w.} \end{cases}$$

Sin由于存在一个个体连续统，每个个体都将人口中接种疫苗者所占的比例视为给定值。f

正如 Galeotti 和 Rogers (2013) 所述，在决定是否接种疫苗时，个体会比较处于感染状态的时间比例与疫苗接种成本。不同之处在于，我们假设个体之间的疫苗接种成本存在异质性。因此，群体 i 中的个体 a 当且仅当 $c_i < \rho_a$ 时才会接种疫苗。在内部解存在的条件下，群体 a 中接种疫苗的个体比例因此为 $x_a = k\dfrac{\rho_a}{1-x_a} - d$。类似地，$x_v = k\dfrac{\rho_v}{1-x_v}$ 对于接种疫苗者也是如此。

备注 1. 功利主义福利

根据刚才定义的个体偏好，功利主义福利为：

$$\begin{aligned} W &= q\int U_{i,a}di + (1-q)\int U_{i,v}di \\ &= -q\left(\int_{d/k}^{x_a/k} kcd + \int_{x_a/k}^{(1+d)/k} k\frac{\rho_a}{1-x_a}dc\right) \\ &\quad -(1-q)\left(\int_{0}^{x_v/k} kcdc + \int_{x_v/k}^{1/k} k\frac{\rho_v}{1-x_v}dc\right) \\ &= -q\frac{1}{2k}\left(x_a^2 - d^2\right) + \frac{d\rho_a}{1-x_a} - (1-q)\frac{x_v^2}{2k} - q\rho_a^{SS} - (1-q)\rho_v^{SS} \end{aligned}$$

现在，在分散均衡 $x_a = k\dfrac{\rho_a}{1-x_a} - d$ 中，我们可以利用这一点将上式改写为：

$$W = -\frac{1}{2}\left(q(x_a+d)^2 + (1-q)x_v^2\right) - \rho^{SS}$$

计入医疗保健成本的功利主义福利

现在，假设每例超过稳态水平的感染会给医疗保健系统带来 b' 的成本。这可以这样理解：医疗保健系统已做好应对相当于稳态ρ^{SS}数量感染者的准备，但新增感染会造成医疗保健系统拥堵方面的成本：[15] 例如，因为需要扩充额外容量

[15]感谢一位匿名审稿人提出这一解释。

包括人员、设备和医院空间方面的额外容量。这正是 *COVID-19*大流行期间发生的情况。这些额外的医疗保健成本必须通过税收筹资。因此，政府必须筹集相当于 $b'\mathbb{E}\left(d\rho_0 \mid d\rho_0 \geq 0\right) CI$ 的金额，并通过对所有个体统一征收的总额税 t 来筹集这笔资金：因此，这不会影响个人的疫苗接种决策。这样，总体福利将变为：

$$W^{congestion} = -\frac{1}{2}\left(q(x_a+d)^2 + (1-q)x_v^2\right) - \rho^{SS} - bCI \tag{10}$$

其中我们定义了 $b := b'\overline{\mathbb{E}\left(d\rho_0 \mid d\rho_0 \geq 0\right)}$，根据定义该值为正。

这说明了总福利为何同时取决于稳态感染水平和累计感染的一种简单解释。

以下引理保证了内部疫苗接种均衡的存在性和唯一性。

引理 1。 如果 d 和 k 足够小（详细条件见附录中的证明），则方程：

$$\begin{cases} x_a &= k\dfrac{\rho_a^{SS}}{1-x_a} - d \\ x_v &= k\dfrac{\rho_v^{SS}}{1-x_v} \end{cases} \tag{11}$$

在解为内部解且满足 $x_a^* \leq x_v^*$ 时，定义了一个唯一的均衡 $\left(x_a^*、\ x_v^*\right)$。

引理1 的证明使用了全局隐函数定理的一个版本。

4.1.2 同质性对疫苗接种率的影响

现在，我们研究同质性的变化对x_a^* 和x_v^*的均衡值有何影响。

命题5。 在具有内生疫苗接种的模型中，当疫苗接种率存在内部解时，如果 $\mu < (1-x)^2/(1-x_a)$，同质性对

两个群体的疫苗接种率产生相反的影响： x_a^* 随 h增加，而 x_v^*随 h减少。

比较静态背后的机制是，随着 h 增加，接种疫苗者较多的群体（接种疫苗者）受到的感染保护更强，因此感染的预期成本 $k\rho_v$ 降低，结果是接种疫苗者中接种疫苗的比例变小： x_v 随 h增加而降低。反疫苗者则相反。

4.1.3 同质性对稳态和累计感染的影响

我们已经看到，同质性对两个群体中接种疫苗个体的比例产生相反的影响。现在我们研究这些影响在总体感染水平上的平衡。下一个命题表明，至少当 k和 d 足够小时，相对于同质性的导数符号与外生疫苗接种率模型中的相同。这表明，同质性可能对稳态或整个动态过程产生非常不同影响这一洞见是稳健的，并不会在我们将疫苗接种率内生化后消失。

命题6。 如果 d 和 k 足够小，则有：

1. 当 $h \to 0$ 趋于极限时，稳态感染 ρ 增加；当 $h \to 1$ 趋于极限时，稳态感染 ρ 减少；*2.* 当 $h \to 0$ 趋于极限时，累计感染 CI 减少；当 $h \to 1$ 趋于极限时，累计感染 CI 增加。

4.2 同伴压力驱动的疫苗接种

本节探讨一种替代情景：疫苗接种决策并非由对感染风险的正确评估所驱动。相反，我们考虑这样一类个体：他们不了解感染风险，或根本不考虑感染风险，而是纯粹受同伴压力驱使而接种疫苗：如果他们接触的个体中有足够比例已接种疫苗，他们就会接种

疫苗。在这种疫苗接种模型下，我们证明，如果同质性足够高，就没有人会接种疫苗，因此，与基于感染风险决定是否接种疫苗的情形相比，感染率会更高。此外，疫苗接种率随同质性变化的规律，与基于感染风险决定是否接种疫苗时恰好相反： x_a 在 h中递减，而 x_v 在 h中递增。这是因为在这种情况下，个体对风险并不敏感；同质性提高往往会增强接种疫苗者接种疫苗所面临的同伴压力，同时减弱反疫苗者所面临的同伴压力。尽管存在这些差异，我们证明，在这一替代框架下，对于 $h \to 1$，稳态感染和累计感染随同质性变化所呈现的定性规律，与我们在基准框架中所展示的相同。

4.2.1 疫苗接种中的同伴效应为何存在?

近年来，许多论文发现了疫苗接种选择中存在同伴效应的证据。Rao 等人 (2017年) 利用将学生随机分配到宿舍的做法，估计同伴对流感疫苗接种决策的影响，并发现这种影响显著。Hoffmann 等人(2019) 研究了将工人随机分配到工作日或周末班次的做法，并发现同伴会影响疫苗接种决策。他们认为，这种影响源于人们希望遵循群体社会规范。在一项随机对照试验中，Sato 和 Takasaki (2019) 发现，在尼日利亚，破伤风疫苗接种的接受情况存在同伴效应。Ibuka 等人 (2018) 对在线调查数据进行了实证分析，发现疫苗接种决策中存在正向同伴效应的证据。

更一般地说，有间接证据表明，健康行为在社交网络中呈现聚集现象：Christakis和Fowler(2007年）（肥胖），Sorensen(2006）（健康计划选择）。一个备受关注的现象是，家长因宗教理由申请的疫苗接种豁免，往往集中在某些类型的学校，例如施泰纳和华德福学校，在这些学校中，豁免者占学生总数的很大比例。医学研究人员对此现象进行了大量讨论：Ernst和Jacobs (2012）、May和Silverman(2003年）、Muscat(2011）、Zier和Bradford (2020）。Silverman和Yang(2019）记录了加利福尼亚州的这一现象。

近期证据显示，类似趋势也出现在意大利，并且被认为是2019年4月曼哈顿麻疹疫情的原因之一（关于这一点，参见Mashinini等人，2020，以及Shaw等人，2014较早的讨论）。有理由认为，这些规定较为宽松的学校吸引了对疫苗接种更加怀疑的家长。例如，Sobo(2015）指出，学校社区规范会对就读施泰纳学校的儿童家庭的疫苗怀疑态度产生重要影响。

Edge等人 (2019) 记录到，曼彻斯特医院医生的社会联系网络中的疫苗接种模式与网络中的邻近程度相关。疫苗接种行为的地理聚集是另一个表明同伴效应发挥作用的事实：Lieu等人 (2015) 表明，对疫苗犹豫的人群彼此交流的可能性高于与其他人交流的可能性。Cullen等人(2023年) 发现，医疗保健提供者能够影响患者社会网络中的疫苗接种决策。

另一类文献研究与疫苗接种相关的个体决策，指出人们的行为往往并非简单的成本收益计算。在许多情况下，提供更多信息并不会改变对疫苗犹豫的人群的想法（参见Nyhan等人，2013，2014和Nyhan和Reifler，2015）。

4.2.2 形式模型

两个群体中的个体具有异质的疫苗接种成本，其分布遵循第4节中的相同假设。关键区别在于对接种疫苗所带来健康影响的评估。与第4节中评估与平均感染率相关的效用损失不同，个体评估来自其他个体疫苗接种决策的同伴压力。具体而言，个体会将疫苗接种成本与一个同伴压力项进行比较，该项等于其邻域内感染者的平均数量。

具体而言，群体 a 中成本为异质的 c 个体在满足 $c < \tilde{q}_a x_a + (1 - \tilde{q}_a) x_v$ 时接种疫苗；相应地，群体 v中的个体在满足 $c < (1 - \tilde{q}_v) x_a + \tilde{q}_v x_v$时接种疫苗。因此，内部解下的疫苗接种率定义如下：

by:

$$\begin{aligned} x_a =& k(\tilde{q}_a x_a + (1-\tilde{q}_a)x_v) - d, \\ x_v =& k(\tilde{q}_v x_v + (1-\tilde{q}_v)x_a). \end{aligned} \tag{12}$$

当 h 不太大时，这些方程有如下内部解：

$$x_a = \frac{d(1-k(1-(1-h)q))}{(k-1)(1-hk)}, \quad x_v = \frac{d(1-h)kq}{(k-1)(1-hk)}.$$

而对于 h 足够高时，同伴效应也会足够强，以至于要么无人接种疫苗，要么所有人都接种疫苗。具体而言，这意味着，对于 $h \to 1$，我们有 $\partial_h x_a = \partial_h x_v = 0$。因此，对于 $h \to 1$，当 h的接种是外生时，其影响与接种是内生时完全相同，因此第3 节的结果适用。

内部解关于同质性的导数为：

$$\partial_h x_a = -\frac{dk(1-q)}{(hk-1)^2}, \quad \partial_h x_v = \frac{dkq}{(hk-1)^2},$$

显然，这些导数的符号与第4节理性模型中相应导数的符号相反。原因在于，在这里，同质性会放大各群体内部的同伴效应。在 a 群体中，接种疫苗的个人较少，同质性增强会减弱接种疫苗的同伴压力，从而降低感染水平。这与理性模型中同质性的作用截然相反：在那里，同质性会放大来自同一群体个人的感染风险，导致 a 群体的接种率上升。相反的情况则发生在 v 群体中。

下一个命题刻画了所有的接种均衡，并将上述讨论的结果形式化。

命题7。 在同伴压力诱导的疫苗接种模型中：

1. 不接种疫苗（$x_a^* = x_v^* = 0$）始终是一个均衡。此外，当 $k > 1$、$h < 1 - \frac{k-1}{kq}$ 和 $d < \frac{(k-1)(1-hk)kq(1-h)}{(hk-1)^2}$ 时，~~还存在一个内部均衡（完~~整的刻画可见附录中的证明

C.3.1).

2. 在使疫苗接种率处于内部解的 h 范围内， $\partial_h x_a < 0$ 和 $\partial_h x_v > 0$。

3. 对于 $h \to 1$，我们有 $d_h CI > 0$，且 $d_h \rho^{SS} < 0$，如命题 *6*所示。

4.2.3 混合模型

最后，从规划者的角度来看，作为一种最坏情形，我们考虑一个动机混合的模型。具体而言，我们考虑这样一种情况：反疫苗者不正确评估风险，而是依赖同伴压力；相比之下，接种疫苗者则更倾向于准确评估风险。这一例子与实证证据相符：反疫苗态度更容易在在线社交网络中扩散（例如，见 Puri 等人，2020）。在这些假设下，同质性的影响可能最为负面。事实上，对于某些参数取值，同质性增加会明确降低 两个群体的疫苗接种率：接种疫苗者因感知到的风险较低而减少接种，反疫苗者则因同伴压力而减少接种。具体而言，假设：

$$\begin{cases} x_a &= k(\tilde{q}_a x_a + (1-\tilde{q}_a)x_v) - d, \\ x_v &= k\rho_v. \end{cases}$$

事实上，得益于隐函数定理，疫苗接种率的导数如下：

$$\begin{pmatrix} \partial_h x_a \\ \partial_h x_v \end{pmatrix} = -\frac{1}{det} \begin{pmatrix} -(1-k\partial_{x_v}\rho_v)k(1-h)\Delta x - k^2(1-\tilde{q}_a)\partial_h \rho_v \\ -k^2 \partial_{x_a}\rho_v (1-h)\Delta x - (1-k\tilde{q}_a)k\partial_h \rho_v \end{pmatrix}$$

其中 $det = (1-k\partial_{x_v}\rho_v)(1-k\tilde{q}_a) - k^2(1-\tilde{q}_a)\partial_{x_a}\rho_v$。如果 $1 > k\tilde{q}_a$，由于 $\partial_{x_v}\rho_v < 0$和 $\partial_{x_a}\rho_v < 0$，我们有 $det > 0$。此外，由于 $\partial_h \rho_v < 0$，可得 $\partial_h x_v < 0$。最后，如果 Δx 足够小，我们还有 $\partial_h x_a < 0$。

因此，我们得出结论：当同质性评价成本较高的群体中，同伴压力是推动疫苗接种的因素时，而在另一个群体中，推动因素则是对

感染的恐惧时，对于某些参数值，同质性明确会降低两个群体中的均衡接种率。

5 结论

疫苗怀疑问题错综复杂，需要从心理、医学和社会层面等多个视角加以分析。我们的研究考察了在一个由“接种疫苗者”和“反疫苗者”组成的人群中，同质性对感染动态的影响。我们的主要发现可概括如下。

首先，我们证明，同质性对感染动态的影响颇为复杂。具体而言，直观来看，同质性对稳态感染水平呈倒 U 形影响，但对累计感染数量呈 U 形影响。这一发现凸显了在评估同质性在疾病传播中的作用时，同时考量静态效应和动态效应的重要性。

其次，我们探讨内生疫苗接种率与外生疫苗接种率之间的差异。当疫苗接种率为内生时，同质性对两个群体的影响各不相同。对于反疫苗者，同质性增强会减轻接种疫苗的同伴压力，从而降低该群体内部的感染水平。相反，对于接种疫苗者，同质性会因同伴压力增大而提高疫苗接种率，进而通过提升疫苗接种水平，降低总体感染率。

第三，我们研究疫苗接种决策受到同伴压力影响，而非基于对感染风险进行理性评估的情形。我们的结果表明，高水平的同质性可能导致两个群体的疫苗接种率均下降。接种疫苗者可能会认为风险较低，而反疫苗者则受到同伴压力的影响，二者共同导致疫苗接种率降低。

最后，尽管我们的研究发现为理解同质性与疫苗接种行为之间的相互作用提供了宝贵见解，但也凸显了制定有效公共卫生策略时可能面临的挑战。例如，旨在减少与反疫苗者接触的政策可能会无意中延长暴

发，并加剧感染率，具体取决于政策规划者的时间偏好。然而，这一点需要结合更广泛的流行病学和社会因素加以审慎考量。

通过 addressing 这些问题，我们希望更清晰地理解同质性对疫苗接种行为和感染动态所产生的细微影响，从而为制定更有效的公共卫生策略提供参考。

附录 A SIR模型分析

在本节中，我们研究由 SIR模型 描述的扩散过程，并刻画累计感染如何取决于同质性。之所以这样做，是因为 SIR模型 是用于描述病毒性疾病的主流模型，例如 COVID-19，因此这扩大了我们研究结果的适用范围，使其不再局限于 SIS 模型能够良好描述的情境。

在 SIR模型中，稳态感染水平始终为零，因此不受同质性影响。然而，累计感染取决于动态过程的发展，并受同质性影响：因此，我们关于稳态与累计感染之间差异的主要见解同样适用于 SIR模型。下文将进一步阐述这一论断，并在一个使问题更易处理的参数假设 μ 下，分析刻画同质性对累计感染的影响。我们指出，这一结果并不依赖于对稳态附近动态过程的任何线性近似。[16]

首先，我们定义模型。关键假设是，康复个体不会再感染疾病，而是具有免疫力。因此，他们的行为类似于接种疫苗的个体。我们将两个群体中康复个体与接种疫苗的个体之和分别记为 R_a 和 R_v。在本节中，我们将讨论范围限定在外生疫苗接种的情形，并保留疫苗接种率不随时间变化这一假设。因此，疫苗接种率 x_a和 x_v 代表移除个体的初始比例：个体感染并康复后，会有更多个体成为移除个体。描述该

[16]事实上，这一近似不适用于 SIR模型，因为稳态不是双曲的，也就是说，它们具有零特征值，因此线性化定理不成立（参见Brauer 等人，2012，以及 Meiss，2007）。

SIR模型的方程如下。

$$\begin{aligned}\dot{\rho}_a &= \tilde{\rho}_a(1 - R_a - \rho_a) - \mu\rho_a \\ \dot{R}_a &= \mu\rho_a \\ \dot{\rho}_v &= \tilde{\rho}_v(1 - R_v - \rho_v) - \mu\rho_v \\ \dot{R}_v &= \mu\rho_v \end{aligned} \tag{a}$$

初始条件为：$R_a(0) = x_a$，$R_v(0) = x_v$，$\rho_a(0) = \rho_{v,\,0} = d\rho_{0}$。

首先，我们注意到，在这种情况下，累计感染在长期稳态下等于康复者人数：

$$CI = q\int_0^\infty \rho_{a,t}dt + (1-q)\int_0^\infty \rho_{v,t}dt = \frac{1}{\mu}(qR_a^{SS} + (1-q)R_v^{SS}) = \frac{1}{\mu}R$$

其中，$R = qR_a^{SS} + (1-q)R_v^{SS}$表示稳态下的康复者总数。由于长期稳态为零，因此这里无需进行贴现。

形式化结果如下。我们作出简化假设 $\mu > 1 - x_a$ 因为该假设使证明中的一些步骤在解析上更易处理。[17] 我们注意到，该结果并不依赖于稳态附近动态过程的任何线性近似。

命题A。 在*SIR*模型中(a)，假设 $x_v > x_a$ 且 $\mu > 1 - x_a$。则 CI 关于 h 递增，当且仅当 $R_v^{SS} > R_a^{SS}$。

特别地，当 h 接近 *0*，或 h 接近 *1* 且 μ足够大时，该条件得到满足。

证明。 为推导该结果，我们采用 Pastor-Satorras 和 Vespignani （2001）的方法，该方法可以写出一个隐式方程组，用于确定流行病结束时的康复者数量。

首先，让我们求解易感个体的方程：

[17]请注意，在这里我们无需作出任何假设来确保存在内部稳定稳态，因为对于任意 μ，每个稳态下的感染都为零。

$$\dot{S}_a = -\tilde{\rho}_a S_a$$
$$S_a(0) = 1 - x_a - \overline{d\rho}_0$$

在接下来的计算中，我们假设 $d\rho_0 \to 0$，以简化符号表示。这不会产生实质影响（对于 CI 的公式，只需重新定义疫苗接种率即可）。

对该方程积分，可得：$S_a(t) = (1 - x_a)e^{-\int_0^t \tilde{\rho}_a(s)ds}$。

现在，解出方程中的 $\dot{R}_a$，可得：$R_a = x_a + \mu \int_0^t \rho_a(s)ds$，因此可以写成：

$$\begin{aligned}\int_0^t \tilde{\rho}_a(s)ds &= \tilde{q}_a \int_0^t \rho_a(s)ds + (1 - \tilde{q}_a) \int_0^t \rho_v(s)ds \\ &= \frac{1}{\mu}\left(\tilde{q}_a \left(R_a(t) - x_a\right) + (1 - \tilde{q}_a)\left(R_v(t) - x_v\right)\right) \\ &= \frac{1}{\mu}\left(\tilde{R}_a(t) - \tilde{x}_a\right)\end{aligned}$$

其中：

$$\tilde{R}_a(t) = \tilde{q}_a R_a(s) + (1 - \tilde{q}_a)R_v(s)$$

求导：

$$\begin{aligned}\frac{d\tilde{R}_a(t)}{dt} &= \tilde{\rho}_a(t) \\ &= \tilde{q}_a(1 - R_a - S_a) + (1 - \tilde{q}_a)(1 - R_v - S_v) \\ &= 1 - \tilde{R}_a(t) - \tilde{q}_a(1 - x_a)e^{-\frac{1}{\mu}\left(\tilde{R}_a(t) - \tilde{x}_a\right)} - (1 - \tilde{q}_a)(1 - x_v)e^{-\frac{1}{\mu}\left(\tilde{R}_v(t) - \tilde{x}_v\right)}\end{aligned}$$

$\tilde{}$，对于 R_v 也同理。

现在，我们利用以下事实：$CI_a = \frac{1}{\mu}(R_a - x_a)$、$CI_v = \frac{1}{\mu}(R_v - x_v)$，并且 $\tilde{}$ 定义 $\tilde{CI}_a = \tilde{q}_a CI_a + (1 - \tilde{q}_a)CI_v$、$\tilde{CI}_v = (1 - \tilde{q}_v)CI_a + \tilde{q}_v CI_v$。长期来看，我们知道 $\tilde{\rho}_a(t) \to 0$，因此得到：

$$\tilde{R}_a = 1 - \tilde{q}_a(1 - x_a)e^{-\tilde{CI}_a} - (1 - \tilde{q}_a)(1 - x_v)e^{-\tilde{CI}_v}$$
$$\tilde{R}_v = 1 - \tilde{q}_v(1 - x_v)e^{-\tilde{CI}_v} - (1 - \tilde{q}_v)(1 - x_a)e^{-\tilde{CI}_a}$$

Now:

$$\begin{pmatrix} \tilde{R}_a \\ \tilde{R}_v \end{pmatrix} = Q \begin{pmatrix} R_a \\ R_v \end{pmatrix}$$

定义

$$Q = \begin{pmatrix} \tilde{q}_a & 1-\tilde{q}_a \\ 1-\tilde{q}_v & \tilde{q}_v \end{pmatrix},$$

接触网络的邻接矩阵。

因此，我们可以将上述公式改写为：

$$\begin{pmatrix} R_a \\ R_v \end{pmatrix} = Q^{-1} \left(\mathbf{1} - Q \begin{pmatrix} (1-x_a)e^{-\tilde{C}I_a} \\ (1-x_v)e^{-\tilde{C}I_v} \end{pmatrix} \right) = \left(\mathbf{1} - \begin{pmatrix} (1-x_a)e^{-\tilde{C}I_a} \\ (1-x_v)e^{-\tilde{C}I_v} \end{pmatrix} \right)$$

其中 $\mathbf{1}$ 是一个全一向量，并且由于 $Q^{-1}\mathbf{1} = \mathbf{1}$，因为所有幂仍然保持行随机。这种方法大大简化了分析。

因此，我们得到隐式定义累计感染人数的方程：

$$\begin{aligned} F_a &= -CI_a + \frac{(1-x_a)}{\mu}\left(1 - e^{-\tilde{C}I_a}\right) = 0 \\ F_v &= -CI_v + \frac{(1-x_v)}{\mu}\left(1 - e^{-\tilde{C}I_v}\right) = 0 \end{aligned}$$

现在让我们计算导数。

$$\begin{aligned} J_{CI}F &= -I + \frac{1}{\mu}\begin{pmatrix} (1-x_a)e^{-\tilde{C}I_a}\tilde{q}_a & (1-x_a)e^{-\tilde{C}I_a}(1-\tilde{q}_a) \\ (1-x_v)e^{-\tilde{C}I_v}(1-\tilde{q}_v) & (1-x_v)e^{-\tilde{C}I_v}\tilde{q}_v \end{pmatrix} \\ &= -I + EQ, \end{aligned}$$

定义

$$E = \begin{pmatrix} \frac{1}{\mu}(1-x_a)e^{-\tilde{C}I_a} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu}(1-x_v)e^{-\tilde{C}I_v} \end{pmatrix}.$$

进一步定义 $\Delta CI = CI_a - CI_v$，可得：

$$J_h F = -\frac{1}{\mu}\begin{pmatrix}(1-x_a)e^{-\tilde{CI}_a}\left((1-q)(-\Delta CI)\right)\\(1-x_v)e^{-\tilde{CI}_v}q(\Delta CI)\end{pmatrix}$$
$$= E\begin{pmatrix}1-q\\-q\end{pmatrix}\Delta CI = E\begin{pmatrix}1-q\\-q\end{pmatrix}\Delta CI$$

因此，所关注的对象是：

$$\partial_h CI = (I-EQ)^{-1}E\begin{pmatrix}1-q\\-q\end{pmatrix}\Delta CI = (E^{-1}-Q)^{-1}\begin{pmatrix}1-q\\-q\end{pmatrix}\Delta CI$$

第一个表达式更好地突出了与中心性的联系，第二个表达式则更为简洁。根据构造，逆矩阵的元素为正，其特征值的实部为正，因此行列式为正。关键在于两个直接效应之间的权衡。根据我们关于 μ 的假设，该矩阵是一个 M-矩阵（即非对角元为非正，且特征值的实部为非负），因此它是可逆的，并且行列式为正。

通过直接计算可得：

$$\partial_h CI = \mu\frac{q(1-q)}{det(E^{-1}-Q)}\left(\frac{e^{\tilde{CI}_v}}{1-x_v}-\frac{e^{\tilde{CI}_a}}{1-x_a}\right)\Delta CI$$

由稳态方程可得：

$$\frac{e^{\tilde{R}_v}}{1-x_v}-\frac{e^{\tilde{R}_a}}{1-x_a} = \frac{1}{1-R_v}-\frac{1}{1-R_a}$$

当 $R_v > R_a$ 时，该值为正。在下一段中，我们证明 $\Delta CI > 0$。因此，累计感染关于同质性的导数为正，当且仅当 $R_v > R_a$。

证明 $\Delta CI > 0$。

ΔCI的符号是什么？重点关注 $h \to 0$。在这种情况下， $CI_a - CI_v =$

$\frac{(x_v - x_a)}{\mu}\left(1 - e^{-CI}\right) > 0$. So, for $h \to 0$, $CI_a > CI_v$.

我们可以解析地计算每个群体的累计感染导数，并得到：

$$\partial_h CI_a = \frac{\mu^2(1-q)(1-E_1^{-1})}{det((\mu E^{-1} - Q)^{-1})}\Delta CI \quad \partial_h CI_v = -\frac{\mu^2 q(1-E_2^{-1})}{det(E^{-1} - Q)}\Delta CI$$

其中， E_1 和 E_2 是矩阵 E的对角元素，且二者都小于 1。因此我们得到：

$$\partial_h \Delta CI = \frac{\mu((1-q)(1-E_1^{-1}) + q(1-E_2^{-1}))}{det(E^{-1} - Q)}\Delta CI$$

该表达式的符号与 ΔCI相同。因此，至少对于 $h \to 0$，$\partial_h \Delta CI > 0$。

现在反设，对于某个 h ，有 $\Delta CI < 0$。由于$\partial_h \Delta CI(0) > 0$，根据连续性，必定存在一个值 $h > h$ ，使得 $\partial_h \Delta CI(h) = 0$，且对于 $h < h$， $\partial_h \Delta C\bar{I}(h) > 0$ 。此外，我们可以将 $\Delta \bar{CI}(h)$表示为：

$$\Delta CI(\bar{h}) = \Delta CI(0) + \int_0^{\bar{h}} \partial_h \Delta CI(s) ds > 0$$

因为 $\Delta CI(0) > 0$，且在上述假设下积分为正。根据 ΔCI的导数表达式，由于 $\Delta CI(h) > 0$，可得$\partial_h \Delta CI(h) > 0$，这与假设 $\partial_h \Delta C\bar{I}(h) = 0$矛盾。因此，对所有 $\bar{h}$，导数都必须为正，进而对于所有 h ，必有$\Delta CI > 0$。

何时满足 $R_v > R_a$？

要检查这一条件何时得到满足，考虑 $h \to 0$ 的极限。在 ~ ~这一极限下， $CI_a = CI_v = CI$。将康复者对应的方程相减，可得：
$R_v - R_a = \Delta x(1 - e^{-CI}) > 0$，因此累计感染正在增加。

对于 $h \to 1$ ，康复者则满足：

$$R_a = 1 - (1 - x_a)e^{-CI_a}$$
$$R_v = 1 - (1 - x_v)e^{-CI_v}$$

将方程相除：

$$\frac{1-x_a}{1-x_v} = \frac{1-R_a}{1-R_v} e^{CI_a - CI_v} = \frac{1-R_a}{1-R_v} e^{\frac{1}{\mu}(R_a - R_v)} e^{\frac{1}{\mu}(x_v - x_a)}$$

现在，如果 μ 变得非常大，指数项就会趋近于 1，因此康复者人数将接近疫苗接种率：所以 $R_v > R_a$。

□

附录 B 最优疫苗接种率

在本节中，我们将探讨规划者为实现第 4.1.1 节所定义的福利最大化而会选择的最优疫苗接种率，并将其与第 4 节疫苗接种模型中的分散均衡进行比较。

在我们的模型中，低效率有两个来源。第一个是经典问题：个体接种疫苗时，不会将自身决策对降低其他个体感染风险所带来的益处纳入考量。第二个来源是反疫苗偏见，它导致他们高估疫苗接种成本 d。关键的简化在于，从规划者的角度来看，两个群体的人在事前完全相同，因此规划者会将社会视为一个单一群体。因此，唯一需要决定的变量是疫苗接种总水平 x。此外，从规划者的角度来看，预期感染带来的效用损失对两个群体而言均为 $\rho^{SS}(1-x)$。

由于个体具有异质性，一个问题是：为实现最优，应为哪些个体接种疫苗。个体的差异仅体现在疫苗接种成本上，而感染带来的负效用仅取决于接种疫苗的个人总比例 x。因此，对于给定的接种疫苗个人比例 x，最优政策显然是为所有疫苗接种成本较低的个体接种疫苗，直至达到产生 x 总接种人数的阈值。该阈值为 x/k。基于上述讨论，这里的福利表达式

变为：

$$W = -\int_0^{x/k} kcdc - \int_{x/k}^{1/k} k\frac{\rho^{ss}}{1-x}dc$$
$$= -\frac{1}{2}x^2/k - \rho^{ss} \tag{b}$$

如果各群体是同质的，动态过程会大幅简化，稳态变为：

$$\rho^{SS} = \begin{cases} 1-x-\mu & x \leq 1-\mu \\ 0 & x > 1-\mu \end{cases}$$

因此，有效的疫苗接种水平 x 是表达式（b）的最大化者，同时考虑稳态如何取决于 x。很容易验证，福利表达式是凹函数，其唯一解为：

$$x^* = \min\{k, 1-\mu\}$$

这是因为如果 $x^* > 1-\mu$，稳态下不存在感染，在此之后继续为个体接种疫苗并非最优。

我们将这些结果总结为以下命题。

命题 B。 有效的疫苗接种水平满足：

$$x^* = \min\{k, 1-\mu\}$$

此外，最优水平高于分散均衡中的疫苗接种水平，即： $x^* > x$。

证明。 福利是凹函数。 $x < 1-\mu$ 的一级条件为 $x^* = k$。对于$x > 1-\mu$，导数始终为负，因此 x^* 不能高于$1-\mu$。所以，最优值必定是$\min\{k, 1-\mu\}$。

在理性主体的分散均衡中，我们有：

$$x = k\frac{\rho}{1-x} = k\frac{1-x-\mu}{1-x} < k,$$

因此，我们得出结论 $x^* > x_\circ$

□

附录 C 证明

C.1 第2节的证明

命题1 （第11页）的证明

证明。 动力系统的雅可比矩阵为：

$$J = \begin{pmatrix} -\mu - \tilde{\rho}_a + \tilde{q}_a S_a & (1-\tilde{q}_a)S_a \\ (1-\tilde{q}_v)S_v & -\mu - \tilde{\rho}_v + \tilde{q}_v S_v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A & B \\ C & D \end{pmatrix}$$

下文中，为简便起见，我们将雅可比矩阵的各项记为 A，B，C，$D_\circ$

定义：

$$\lambda_1 = -\frac{1}{2}\left(A + D - \sqrt{(A-D)^2 + 4BC}\right)$$
$$\lambda_2 = -\frac{1}{2}\left(A + D + \sqrt{(A-D)^2 + 4BC}\right)$$

可以验证，$-\lambda_1$ 和 $-\lambda_2$ 是矩阵J 的两个特征值（为方便后续公式，我们将这些量定义为带负号的形式）。由于 $BC \geq 0$，可知这些特征值为实数且互不相同；从表达式还可得出 $\lambda_1 \geq \lambda_{2\circ}$

现在来看在点 (0，0) 处计算得到的雅可比矩阵：

$$J^0 = \begin{pmatrix} -\mu + \tilde{q}_a(1-x_a) & (1-\tilde{q}_a)(1-x_a) \\ (1-\tilde{q}_v)(1-x_v) & -\mu + \tilde{q}_v(1-x_v) \end{pmatrix}$$

并将对应的特征值记为 $-\lambda_1^0$ 和 $-\lambda_{2\circ}^0$

根据 Lajmanovich 和 Yorke (1976) 关于系统（1）的定理 3.1，有两种可能：如果$\lambda_2^0 \geq 0$ （因此两个特征值均为负），那么系统只有零稳态，且该稳态是渐近稳定的。反之，如果$\lambda_2^0 < 0$，那么还存在唯一的内部稳态，并且该稳态对于任意初始条件都是渐近

稳定的（ρ_a，ρ_v）$\neq$（0，0）。

利用上述表达式，条件 $\lambda_2^0 < 0$ 等价于 $\mu < \hat{\mu}(h) := \frac{1}{2}(T+\Delta) \in [0,1]$，其中 $T := \tilde{q}_a(1-x_a) + \tilde{q}_v(1-x_v)$，且 $\Delta := \sqrt{T^2 - 4h(1-x_a)(1-x_v)}$。注意，这关于 h递增。因此，$\min_h \hat{\mu} = \hat{\mu}(0) = 1 - x$。

□

C.2 第3节的证明

命题2 （第14页）的证明

我们首先需要建立一些有用的关系。

引理 A. 假设 $x_a \leq x_v$。在内部稳态下，我们有 $\rho_a \geq \tilde{\rho}_a \geq \tilde{\rho}_v \geq \rho_v$，$S_a > S_v$，以及 $x_v - x_a \geq \rho_a - \rho_v$。此外，$\tilde{\rho}_a - \tilde{\rho}_v = h(\rho_a - \rho_v)$，且雅可比矩阵的对角元素 A和 D均为负。

如果 $h \to 1$，则有 $\rho_a^{SS} \to 1 - x_a - \mu$、$\rho_v^{SS} \to 1 - x_v - \mu$、$\hat{\mu} \to 1 - x_a$、$S_a \to \mu$以及 $S_v \to \mu$。

如果 $h \to 0$，则有 $\rho_a^{SS} \to (1-x_a)(1-x-\mu)/(1-x)$、$\rho_v^{SS} \to (1-x_v)(1-x-\mu)/(1-x)$，以及 $\hat{\mu} \to 1-x$，其中 $x = x_a q_a + x_v(1-q_a)$ 是平均接种人数。此外，$S_a \to \frac{1-x_a}{1-x}\mu$、$S_v \to \frac{1-x_v}{1-x}\mu$。

证明。 在内部稳态下：

$$\frac{S_a}{S_v} = \frac{(1-\tilde{q}_v)\frac{\rho_a}{\rho_v} + \tilde{q}_v}{(1-\tilde{q}_a)\frac{\rho_v}{\rho_a} + \tilde{q}_a}$$

如果 $\rho_a < \rho_v$ 且 $x_a < x_v$，则 $S_a > S_v$，但上述分数意味着 $S_v > S_a$，这与之矛盾。因此 $\rho_a > \rho_v$。由恒等式 $\tilde{\rho}_a - \tilde{\rho}_v = h(\rho_a - \rho_v)$ 可得 $\tilde{\rho}_a > \tilde{\rho}_v$，并且由于它们是平均值，$\rho_a \geq \tilde{\rho}_a \geq \tilde{\rho}_v \geq \rho_v$。最后：

$$S_a > S_a\frac{\tilde{\rho}_a}{\rho_a} = S_v\frac{\tilde{\rho}_v}{\rho_v} > S_v$$

对于 $h \to 0$ 和 $h \to 1$ 的极限分别由求解相应情形下的系统1，以及根据微分方程解关于参数的连续性得到。

最后，如果 $\mu < \hat{\mu}(h)$，则在内部稳态下计算得到的 J 的对角元素均为负。根据稳定性，我们知道 $A + D = -\lambda_1 - \lambda_2 < 0$，因此其中至少一个必须为负；此外，由于 B 和 C均为非负数，且行列式必须为正：$AD - BC > 0 \implies AD > 0$：所以 A 和 D 均为负数。

□

现在我们准备好证明命题 2。

证明。 利用隐函数定理，我们可以计算稳态下感染率的导数：

$$\partial_h F_a = (1-q) S_a \Delta\rho$$
$$\partial_h F_v = -q S_v \Delta\rho$$

$$\partial_h \rho_a = -\frac{S_a(1-q)\Delta\rho}{|J|}(S_v - \tilde{\rho}_v - \mu)$$
$$\partial_h \rho_v = \frac{S_v q \Delta\rho}{|J|}(S_a - \tilde{\rho}_a - \mu)$$

此外，$S_v - \tilde{\rho}_v - \mu = S_v - \tilde{\rho}_v - S_v \frac{\rho_v}{\rho_v} < 0$由于 $\tilde{\rho}_v > \rho_v$，因此可知 ρ_a始终随 h递增。由稳态方程（$1 - x_a - \rho_a$）$\tilde{\rho}_a / \rho_a = \mu$可知，$\tilde{\rho}_a$ 也随之递增。

关于 ρ_v 的导数，如果 $h \to 0$，则 $S_a - \tilde{\rho}_a - \mu = \mu \frac{1-x_a}{1-x} - (1 - x)$。当且仅当 $\mu < (1-x)^2/(1-x_a)$ 时，该导数为负。同样，如果 $h \to 1$，$S_a - \tilde{\rho}_a - \mu = S_a - \rho_a - S_a \frac{\rho_a}{\rho_a} = S_a - \rho_a - S_a < 0$。此外，根据此前关于 ρ_a 和 $\tilde{\rho}_a$的结论，我们得到 $\partial_h \rho_v$ 只能有一个零点（因为$S_a - \tilde{\rho}_a$ 在递减）：因此 ρ_v 要么递减，要么呈单峰形且只有一个最大值。由稳态方程（$1 - x_v - \rho_v$）再次可知，当且仅当 ρ_v 递增时，$\tilde{\rho}_v$ 才递增。

总感染量为：

$$\begin{aligned}\partial_h \rho &= \frac{q(1-q)\Delta\rho}{|J|}(-S_a(S_v - \tilde{\rho}_v - \mu) + S_v(S_a - \tilde{\rho}_a - \mu)) \\ &= \frac{q(1-q)\Delta\rho}{|J|}(S_a(\tilde{\rho}_v + \mu) - S_v(\tilde{\rho}_a + \mu))\end{aligned}$$

如果 $h=0$ 我们得到： $\partial_h \rho \propto (\Delta x - \Delta\rho)(\mu+\rho) > 0$，而对于 $h=1$ 我们得到（因为$S_a = S_v = \mu$）：

$$\partial_h \rho \propto -\Delta\rho\mu < 0$$

此外，如果 $\mu < (1-x)^2/(1-x_a)$，导数单调递减，因此总感染量是凹函数。

此外，在 $h \to 1$ 的极限下：

$$\partial_h \rho_a \to -\frac{\mu(1-q)\Delta x}{\rho_a \rho_v}(-\rho_v)$$
$$\partial_h \rho_v = \frac{\mu q \Delta x}{\rho_a \rho_v}(-\rho_a)$$

在 $h \to 0$ 的极限下：

$$\partial_h \rho_a = -\frac{S_a(1-q)\Delta\rho}{|J|}(S_v - \rho - \mu)$$
$$\partial_h \rho_v = \frac{S_v q \Delta\rho}{|J|}(S_a - \rho - \mu)$$

疫苗接种率的行为如下：

$$\partial_{x_a} F_a = -\tilde{\rho}_a \qquad \partial_{x_a} F_v = 0$$
$$\partial_{x_a} \rho_a = -\frac{1}{|J|}(-J_{22}\tilde{\rho}_a) < 0 \qquad \partial_{x_a} \rho_v = -\frac{1}{|J|}(J_{21}\tilde{\rho}_a) < 0$$

因此，所有感染率都随 x_a 增加而降低，对于关于 x_v 的导数也同样如此。

□

命题的证明3 (第 18页)

我们需要以下引理。

引理B. 将群体层面累积感染值的向量记为 $\vec{CI} = (CI_a, CI_v)$。累积感染关于参数的导数为：

eter y 可表示为:

$$\partial_y \vec{CI} = (q, 1-q)'(rI - J)^{-1}\partial_y J(rI - J)^{-1}d\rho_0$$

证明。 累计感染人数向量 $\vec{CI} = (CI_a, CI_v)$ 是以下方程的解:

$$r\vec{CI} = d\rho_0 + J\vec{CI}$$

其中， $\partial_y J$ 是 J的逐元素导数。对其求导并求解，得到:

$$\partial_y \vec{CI} = (rI - J)^{-1}\partial_y J(rI - J)^{-1}d\rho_0$$

由于 $rI - J$ 是一个***M*矩阵** （即非对角元非正且特征值实部非负），其逆矩阵的元素均为正。

□

现在我们可以证明该命题。

证明。 为简便起见，记$d\rho_0 = d\rho_{0,a} = d\rho_{0,v}$。 全导数为 $d_h CI = \partial_h CI + \partial_{\rho_a} CI\partial_h \rho_a + \partial_{\rho_v} CI\partial_h \rho_v$。

现在，由于:

$$\partial_h J = \begin{pmatrix} -(1-q)\Delta\rho & 0 \\ 0 & q\Delta\rho \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} S_a & 0 \\ 0 & S_v \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1-q & -(1-q) \\ -q & q \end{pmatrix}$$

利用引理，我们可以明确计算出 $h = 0$ 或 $h = 1$ 的导数，并利用 $\mu < 1 - x$ 得到如下结果。

$$\partial_h CI^{\text{out}} \mid_{h=1} = -\frac{(1-q)q\rho_0(x_a - x_v)^2(-2r + \mu + x_a + x_v - 2)}{(-r + \mu + x_a - 1)^2(-r + \mu + x_v - 1)^2} > 0$$

$$\begin{aligned} &\partial_h CI^{\text{out}} \mid_{h=0} \\ =& -\frac{\mu(1-q)q\mathrm{d}\rho_0(x_a - x_v)^2(2\mu + q(x_a - x_v) + x_v - 1)}{(1-x)^2(-r - 1 + x)(1 - x - \mu + r)^2} > 0 \\ \iff& \mu > \frac{1-x}{2} \end{aligned}$$

因为分母 $-r+q(x_a-x_v)+x_v-1$ 为负。

此外，雅可比矩阵关于感染率的导数为:

$$\partial_{\rho_a} J = \begin{pmatrix} -2\tilde{q}_a & -(1-\tilde{q}_a) \\ 0 & -(1-\tilde{q}_v) \end{pmatrix} \quad \partial_{\rho_v} J = \begin{pmatrix} -(1-\tilde{q}_a) & 0 \\ -(1-\tilde{q}_v) & -2\tilde{q}_v \end{pmatrix}$$

因此，我们得出结论：两者累计感染人数关于感染率的导数为负。特别地，对于 $h=0$ 或 $h=1$，我们可以明确写出总累积感染关于感染率的导数:

$$\begin{aligned} \partial_{\rho_a} CI \mid_{h=1} &= -((2q\mathrm{d}\rho_0)/(-1+x_a-r+\mu)^2)\rho_0 \\ \partial_{\rho_v} CI \mid_{h=1} &= -(2(1-q)\mathrm{d}\rho_0)/(-1+x_v-r+\mu)^2\rho_0 \\ \partial_{\rho_a} CI \mid_{h=0} &= -\frac{2q\mathrm{d}\rho_0}{(-r+\mu+q(x_a-x_v)+x_v-1)^2} \\ \partial_{\rho_v} CI \mid_{h=0} &= -\frac{2(1-q)\mathrm{d}\rho_0}{(-r+\mu+q(x_a-x_v)+x_v-1)^2} \end{aligned}$$

我们得出，对于 $h\to 0$，$(\partial_{\rho_a} CI,\ \partial_{\rho_v} CI) \propto -(q,\ 1-q)$，因此:

$$\partial_{\rho_a} CI \partial_h \rho_a \mid_{h=0} + \partial_{\rho_v} CI \partial_h \rho_a \mid_{h=0} \propto -\partial_h \rho,$$

因此，间接效应为负。相反，直接效应取决于 μ: 对于$\mu < \frac{1-x}{2}$，它们具有相同的符号，且导数为负。对于 $\mu > \frac{1-x}{2}$，利用上述结果，我们可以计算总效应，即:

$$\begin{aligned} &\partial_h CI^{\text{out}} \mid_{h=0} + \partial_{\rho_a} CI \partial_h \rho_a \mid_{h=0} + \partial_{\rho_v} CI \partial_h \rho_a \mid_{h=0} \\ &= \frac{\mu(1-q)q\mathrm{d}\rho_0 \Delta x^2(-2r+2\mu-3(1-x)}{(1-x)^2(r+(1-x))(-r+\mu-(1-x))^2} \end{aligned}$$

由于其与 $-2r+2\mu-3(1-x) < -2r-(1-x) < 0$ 具有相同的符号，因为$\mu < 1-x_\circ$ 因此，间接效应占主导。

相反，对于 h high，由于$\frac{\partial \rho_v}{\partial h} < 0$，我们知道该项:

$$-\frac{2d\rho_0}{(1-x_v-\mu+r)^2}\frac{\partial \rho_v}{\partial h}$$

为正。因此，它必定大于 $-\frac{2d\rho_0}{(1-x_a-\mu+r)^2}\frac{\partial\rho_v}{\partial h}$，因为分母更小。

所以以下结论成立：

$$\begin{aligned}\frac{\partial CI}{\partial \rho_a}\frac{\partial \rho_a}{\partial h}+\frac{\partial CI}{\partial \rho_v}\frac{\partial \rho_v}{\partial h} &= -\frac{2qd\rho_0}{(1-x_a-\mu+r)^2}\frac{\partial \rho_a}{\partial h}-\frac{2(1-q)d\rho_0}{(1-x_v-\mu+r)^2}\frac{\partial \rho_v}{\partial h}\\ &> -\frac{2d\rho_0}{(1-x_a-\mu+r)}\left(q\frac{\partial \rho_a}{\partial h}+(1-q)\frac{\partial \rho_v}{\partial h}\right)\\ &= -\frac{2d\rho_0}{(1-x_a-\mu+r)^2}\frac{\partial \rho}{\partial h}>0\end{aligned}$$

因为我们知道，对于 $h\to 1$，$\frac{\partial\rho}{\partial h}<0$。因此，对于 h 较高的情况，直接效应和间接效应均为正。 □

命题证明4 （第 21页）

证明。利用 Bernstein和 So(1993) 中的结果，我们可以将矩阵指数表示为特征值的函数，并直接计算极限：

$$-\lim_{t\to\infty}\frac{\log\|e^{tA}\mathrm{d}\rho_0\|}{t}=\lambda_2-\lim_{t\to\infty}\frac{\log\|\left(\frac{\lambda_1-\lambda_2e^{-(\lambda_1-\lambda_2)t}}{\lambda_1-\lambda_2}I+\frac{1-e^{(\lambda_1-\lambda_2)t}}{\lambda_1-\lambda_2}A\right)\mathrm{d}\rho_0\|}{t}$$

$$=\lambda_2-\lim_{t\to\infty}\frac{\log\|(\lambda_1-\lambda_2e^{-(\lambda_1-\lambda_2)t})\mathrm{d}\rho_0+(1-e^{-(\lambda_1-\lambda_2)t})A\mathrm{d}\rho_0\|}{t}=\lambda_2$$

关于 λ_2 作为 h的函数时的行为，我们使用关于特征值扰动的一条标准结果（Demmel，1997，定理 4.4）。具体来说，如果 λ 是 $J-rI$的单特征值：

$$\partial_h\lambda=\frac{v'\partial(J-rI)u}{v'u}$$

其中，v 是相对于 λ 的左特征向量，u 是右特征向量。

在我们的情形中，两个特征值都是单特征值，因此我们可以显式求出 e

特征向量。对于 $\lambda = -\lambda_2$，我们得到：

$$u = \left(\frac{2B}{\sqrt{(A-D)^2 + 4BC} - (A-D)}, 1 \right)$$
$$v = \left(\frac{2C}{\sqrt{(A-D)^2 + 4BC} - (A-D)}, 1 \right)$$

并且它们的分量均为正，因此 $v'u > 0$：所以，导数的符号由分子决定。根据前一命题的结果，$\partial_{\rho_a} J$ 和 $\partial_{\rho_v} J$ 的元素均为负数，因此导数 $\partial_{\rho_a} \lambda_2$和 $\partial_{\rho_a} \lambda_2$ 均为负。

此外，当 $h \to 1$时，两个特征向量都收敛于 (0，1)。因此，在 $h \to 1$ 的极限下，我们得到：

$$\partial_h \lambda_2 = -\partial D = -q\Delta\rho - qS_v < 0$$

因此，对于足够大的 h，收敛速度随 h增加而提高。相反，当 $h \to 0$时，特征向量收敛于 $(q, \ 1-q)$ 和 $(1-x_a, \ 1-x_v)$，且导数变为：

$$\partial_h \lambda \mid_{h \to 0} = -\frac{(1-q)q(1-x-2\mu)\Delta x^2}{(1-x)^2}$$

也就是说，当且仅当 $\mu > \frac{1-x}{2}$ 时，它为正。 □

C.3 第4节的证明

对于本节的证明，我们将定义 $\theta_a = \frac{\rho_a}{1-x_a}$ 和 $\theta_v = \frac{\rho_v}{1-x_v}$。利用这一参数化，我们可以将系统（1）重写为：

$$\begin{aligned} \dot{\theta}_a &= (1-\theta_a)\tilde{\rho}_a - \mu\theta_a \\ \dot{\theta}_v &= (1-\theta_v)\tilde{\rho}_v - \mu\theta_v \end{aligned} \tag{c}$$

此外，我们还需要以下引理。

引理 C。 系统（c）具有与系统（1）相同的稳定性性质 .
导数 $\partial_{x_a}\theta_a$、 $\partial_{x_v}\theta_a$、 $\partial_{x_v}\theta_v$、 $\partial_{x_v}\theta_a$ 均为负。

证明。两个系统通过坐标变换相关联：$(\rho_a, t, \rho_v, t) = \Theta(\theta_a, t, \theta_v, t)$，其中函数 Θ 将 $(\theta_a, t, \theta_v, t)$ 映射为 $((1-x_a)\theta_a, t, (1-x_v)\theta_v, t)$。由于它可微且具有可微逆函数，对于 $x_a, x_v \in (0, 1)$，两个系统光滑等价，因此它们具有相同的稳态，并且所有稳态都具有相同的特征值（Meiss（2007年），第4章）。由此可知，在相同假设下，内部稳态是渐近稳定的。

现在我们计算雅可比矩阵。

$$J_\theta F = \begin{pmatrix} \tilde{q}_a(1-2\theta_a)(1-x_a) - (1-\tilde{q}_a)\theta_v(1-x_v) - \mu, & (1-\tilde{q}_a)(1-\theta_a)(1-x_v) \\ (1-\tilde{q}_v)(1-\theta_v)(1-x_a), & \tilde{q}_v(1-2\theta_v)(1-x_v) - (1-\tilde{q}_v)\theta_a(1-x_a) - \mu \end{pmatrix}$$

由于两个系统光滑等价，在内部稳态处，该矩阵必须具有负特征值，因此是可逆的。由此可知，它具有正行列式和负迹。此外，正如引理A的证明中所述，由于非对角元素为正，对角元素必然均为负。因此，逆矩阵 $J_\theta F^{-1}$ 的所有元素均为负。

$$J_x F = \begin{pmatrix} -(1-\theta_a)\theta_a\tilde{q}_a & -(1-\theta_a)\theta_v(1-\tilde{q}_a) \\ -(1-\theta_v)\theta_a(1-\tilde{q}_v) & -(1-\theta_v)\theta_v\tilde{q}_v \end{pmatrix}$$

关于疫苗接种率的导数汇总于以下矩阵中：

$$\partial_x\theta = -J_\theta F^{-1} J_x F$$

由于矩阵 $J_\theta F^{-1}$ 和 $J_x F$ 的所有元素均为负数，因此可知 $\partial_x\theta = -J_\theta F^{-1} J_x F$ 的所有元素均为负数，这正是我们要证明的结论。

□

引理的证明1 （第 25页）

证明。 定义隐式方程组：

$$x_a = k\theta_a - d$$
$$x_v = k\theta_v$$

并定义向量函数 Φ 如下：

$$\Phi_a(x_a, x_v, \theta_a, \theta_v) = x_a - k\theta_a + d$$
$$\Phi_v = x_v - k\theta_v$$

为证明内部解的存在性，我们使用 Poincar´e-Miranda 定理（Kulpa（1997））。必须满足的条件如下：

$$\Phi_a(0, x_v) = -k\theta_a + d \leq 0$$
$$\Phi_a(1, x_v) = 1 - k\theta_a + d \geq 0$$
$$\Phi_v(x_a, 0) = -k\theta_v \leq 0$$
$$\Phi_v(x_a, 1) = 1 - k\theta_v \geq 0$$

只要满足这些条件，解就是内部解。

只需在 θ_a 的最小值处检验第一项，该最小值在 $x_v = 1$ 时取得。在这种情况下，可以显式求解 θ_a，得到： $\theta_a = 1 - \frac{\mu}{\tilde{q}_a}$，此时 μ 的上界为 $\hat{\mu} = \overline{\tilde{q}_a}$，因此始终可行。所以条件为： $d \leq k\left(1 - \frac{\mu}{\tilde{q}_a}\right)$。第二项和第四项需要在 θ_a 和 θ_v 的最大值处检验，它们分别在 $x_v = 1$ 和 $x_a = 1$ 时取得。可以显式计算：

$$\frac{(1-h)q\tilde{q}_a + h\mu}{(1-h)q(\tilde{q}_a - \mu)} > k$$
$$(1+d)\frac{(1-h)(1-q)\tilde{q}_v + h\mu}{(1-h)(1-q)(\tilde{q}_v - \mu)} > k$$

第二项和 $d \leq k\left(1-\frac{\mu}{\tilde{q}_a}\right)$ 仅在以下条件下可行:

$$k\left(1-\frac{\mu}{\tilde{q}_a}\right) > k\frac{(1-h)(1-q)(\tilde{q}_v-\mu)}{(1-h)(1-q)\tilde{q}_v+h\mu}-1$$

只要 k 足够小，该条件就能得到满足。因此，我们得到两个上界: $d \leq d$ 和 $k \leq k$。

现在我们证明唯一性。该系统的雅可比矩阵为:

$$J_x\Phi = \begin{pmatrix} 1-k\partial_{x_a}\theta_a & -k\partial_{x_v}\theta_a \\ -k\partial_{x_a}\theta_v & 1-k\partial_{x_v}\theta_v \end{pmatrix}$$

根据引理 C中计算出的符号，该矩阵具有正的对角元素和负的非对角元素。

我们需要研究行列式的符号:

$$detJ_x\Phi = 1-k\partial_{x_a}\theta_a - k\partial_{x_v}\theta_v + k^2\left(\partial_{x_a}\theta_a\partial_{x_v}\theta_v - \partial_{x_v}\theta_a\partial_{x_a}\theta_v\right)$$

现在，项

$$\partial_{x_a}\theta_a\partial_{x_v}\theta_v - \partial_{x_v}\theta_a\partial_{x_a}\theta_v$$

是矩阵 $\partial_x\theta$ 的行列式，根据隐函数定理，它等于:

$$\begin{pmatrix} \partial_{x_a}\theta_a & \partial_{x_v}\theta_a \\ \partial_{x_a}\theta_v & \partial_{x_v}\theta_v \end{pmatrix} = -J_\theta F^{-1}J_x F$$

So:

$$\partial_{x_a}\theta_a\partial_{x_v}\theta_v - \partial_{x_v}\theta_a\partial_{x_a}\theta_v = detJ_\theta F^{-1}det(-J_x F)$$

根据系统稳定性，第一个行列式为正；第二个为:

$$\begin{aligned} det(-J_x F) &= detJ_x F = \theta_a\theta_v(1-\theta_a)(1-\theta_v)(\tilde{q}_a\tilde{q}_v-(1-\tilde{q}_a)(1-\tilde{q}_v)) \\ &= \theta_a\theta_v(1-\theta_a)(1-\theta_v)h \geq 0 \end{aligned}$$

因此， J_x 的行列式为正，特别地，矩阵是可逆的，所以系统在局部存在解。此外，行列式为

正，因此矩阵是正定的，所以根据Gale 和 Nikaido(1965) 的全局隐函数定理，解是唯一的且在全局成立。

此外，如果 $x_a^* \geq x_v^*$ 由引理A 可得 $\rho_a \leq \rho_v$ 这意味着$x_a^* \leq x_v^*$，这与事实矛盾；因此 $x_a^* < x_v^*$。 □

命题5的证明 C.3.1

证明。我们使用隐函数定理。 Φ 关于同质性的导数为：

$$J_h\Phi = \begin{pmatrix} -k\partial_h\theta_a \\ -k\partial_h\theta_v \end{pmatrix}$$

因此，疫苗接种率的导数为：

$$\partial_h x = -J_x\Phi^{-1}J_h\Phi = \frac{1}{detJ_h\Phi}\begin{pmatrix} 1-k\partial_{x_v}\theta_v & k\partial_{x_v}\theta_a \\ k\partial_{x_a}\theta_v & 1-k\partial_{x_a}\theta_a \end{pmatrix}\begin{pmatrix} k\partial_h\theta_a \\ k\partial_h\theta_v \end{pmatrix}$$

现在， $detJ_h\Phi > 0$。此外，如果 $\mu < (1-x)^2/(1-x_a)$，则 $\partial_h\theta_a = \frac{1}{1-x_a}\partial_h\rho_a > 0$ 和 $\partial_h\theta_v = \frac{1}{1-x_v}\partial_h\rho_v <$为 0。因此，如果 $\mu < (1-x)^2/(1-x_a)$，我们有$\partial_h x_a > 0$ 和 $\partial_h x_v < 0$。 □

命题6 （第26页）

证明。 **第 1 部分：稳态**

正如引理 1的证明中所阐明的，要得到内部解，必须满足条件 $d \leq d$ 和 $k \leq k$ 。此外， d 在 k趋于零时也趋于零。因此，接下来在令 k 和 d 趋于零时，我们始终假设满足内部解的条件。

首先考虑极限 $h \to 1$。疫苗接种率的导数 s

变为:

$$\partial_h x = \frac{1}{detJ_x\Phi}\begin{pmatrix} 1+k\dfrac{\mu}{(1-x_a)^2} & 0 \\ 0 & 1+k\dfrac{\mu}{(1-x_v)^2}\end{pmatrix}\begin{pmatrix} k\partial_h\rho_a\dfrac{1}{1-x_a} \\ k\partial_h\rho_v\dfrac{1}{1-x_v}\end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} k\left(1+k\dfrac{\mu}{(1-x_v)^2}\right)^{-1}\dfrac{1}{1-x_a}\partial_h\rho_a \\ k\left(1+k\dfrac{\mu}{(1-x_a)^2}\right)^{-1}\dfrac{1}{1-x_v}\partial_h\rho_v\end{pmatrix}$$

其中 $J_x\Phi = \begin{pmatrix} 1+k\dfrac{\mu}{(1-x_a)^2}\end{pmatrix}\begin{pmatrix} 1+k\dfrac{\mu}{(1-x_v)^2}\end{pmatrix}$。因此我们得到:

$$q\partial_h x_a + (1-q)\partial_h x_v > k\left(1+k\frac{\mu}{(1-x_a)^2}\right)^{-1}\frac{1}{1-x_v}\partial_h\rho$$

因此，全导数满足:

$$d_h\rho < \partial_h\rho\left(1-\frac{k\dfrac{1}{1-x_v}}{1+k\dfrac{\mu}{(1-x_a)^2}}\right)$$

具有内部解的 d 的最小水平为 $d > k/(1-\mu)$。当 $d \to k/(1-\mu)$ 和 $k \to 0$ 取极限时，项 $\dfrac{k\dfrac{1}{1-x_v}}{1+k\dfrac{\mu}{(1-x_a)^2}}$ 趋于零，因此导数与 $\partial_h\rho$ 同号。

现在关注极限 $h \to 0$。

在此极限下，疫苗接种率的导数为：

$$\begin{aligned}\partial_h x &= \frac{1}{1+\frac{k\mu}{(1-x)^2}}\begin{pmatrix}1+k\frac{(1-q)\mu}{(1-x)^2} & -k\frac{(1-q)\mu}{(1-x)^2}\\ -k\frac{q\mu}{(1-x)^2} & 1+k\frac{q\mu}{(1-x)^2}\end{pmatrix}\begin{pmatrix}k\partial_h\rho_a\frac{1}{1-x_a}\\ k\partial_h\rho_v\frac{1}{1-x_v}\end{pmatrix}\\ &= \frac{1}{1+\frac{k\mu}{(1-x)^2}}\begin{pmatrix}k\partial_h\rho_a\frac{1}{1-x_a}+k^2\frac{(1-q)\mu}{(1-x)^2}\left(\partial_h\rho_a\frac{1}{1-x_a}-\partial_h\rho_v\frac{1}{1-x_v}\right)\\ k\partial_h\rho_v\frac{1}{1-x_v}+k^2\frac{q\mu}{(1-x)^2}\left(\partial_h\rho_v\frac{1}{1-x_v}-\partial_h\rho_a\frac{1}{1-x_a}\right)\end{pmatrix}\end{aligned}$$

聚合后，我们可以进行简化：

$$q\partial_h x_a+(1-q)\partial_h x_v = \frac{k}{1+\frac{k\mu}{(1-x)^2}}\left(q\partial_h\rho_a\frac{1}{1-x_a}+(1-q)\partial_h\rho_v\frac{1}{1-x_v}\right)$$

我们可以通过解析方法计算：

$$q\partial_h\rho_a\frac{1}{1-x_a}+(1-q)\partial_h\rho_v\frac{1}{1-x_v}=\frac{\mu^2(1-q)q(x_v-x_a)^2}{1-x)^4}$$

因此，全导数为：

$$\begin{aligned}d_h\rho =&\partial_h\rho-(q\partial_h x_a+(1-q)\partial_h x_v)\\ =&\frac{\mu^2(1-q)q(x_v-x_a)^2}{1-x)^2}\left(\frac{1}{(1-x)^2}-\frac{k}{1+\frac{k\mu}{(1-x)^2}}\right)\end{aligned}$$

同样地，当 $d\to d$ 和 $k\to 0$趋于极限时，我们得到第二项消失，且导数为正。

第2部分：累计感染

关注 $h\to 1$的极限。

请记住，在这个极限中，我们有 $\partial_{x_a}\rho_a=-1$、 $\partial_{x_v}\rho_a=0$，对于 ρ_v 也同样如此。因此：

$$d_{x_a}=CI\partial_{x_a}CI-\partial_{\rho_a}CI=\frac{q}{(1-x_a-\mu+r)^2}$$

$$d_{x_v} = CI\partial_{x_v}CI - \partial_{\rho_v}CI = \frac{1-q}{(1-x_v-\mu+r)^2}$$

此外，请注意，由于 $\partial_h\rho_a > 0$:

$$\partial_h x_a = \frac{k\frac{1}{1-x_a}}{1+k\frac{\mu}{(1-x_v)^2}}\partial_h\rho_a > \frac{k\frac{1}{1-x_v}}{1+k\frac{\mu}{(1-x_a)^2}}\partial_h\rho_a$$

据此，间接效应为:

$$\begin{aligned}
&d_{x_a}CI\partial_h x_a + d_{x_v}CI\partial_h x_v \\
&= \left(\partial_{x_a}CI - \partial_{\rho_a}CI\right)\partial_h x_a + \left(\partial_{x_v}CI - \partial_{\rho_v}CI\right)\partial_h x_v \\
&= \frac{q}{(1-x_a-\mu+r)^2}\partial_h x_a \frac{1-q}{(1-x_v-\mu+r)^2}\partial_h x_v \\
&> k\frac{\frac{1}{1-x_v}}{1+k\frac{\mu}{(1-x_a)^2}}\left(\frac{q}{(1-x_a-\mu+r)^2}\partial_h\rho_a + \frac{1-q}{(1-x_v-\mu+r)^2}\partial_h\rho_v\right)
\end{aligned}$$

利用命题3证明中的结果，我们得到总效应满足:

$$d_h CI > \left(-\frac{2}{(1-x_a-\mu+r)^2} + \frac{1}{(1-x_v-\mu+r)^2}\frac{k\frac{1}{1-x_v}}{1+k\frac{\mu}{(1-x_a)^2}}\right)\partial_h\rho$$

现在对 $k \to d/(1-\mu) = 0$ 和 $d \to 0$ 取极限，我们得到第二项消失，且导数为正。

现在关注 $h \to 0$。

$$d_{x_a}CI = CI\partial_{x_a}CI - \partial_{\rho_a}CI = \frac{q}{(-r+\mu+x-1)^2}$$

$$d_{x_v}CI = CI\partial_{x_v}CI - \partial_{\rho_v}CI = \frac{1-q}{(-r+\mu+x-1)^2}$$

因此，可以进行如下简化：

$$\begin{aligned}
&d_{x_a}CI\partial_h x_a + d_{x_v}CI\partial_h x_v \\
&= \left(\partial_{x_a}CI - \partial_{\rho_a}CI\right)\partial_h x_a + \left(\partial_{x_v}CI - \partial_{\rho_v}CI\right)\partial_h x_v \\
&= \frac{q}{(-\beta+\mu+x-1)}\partial_h x_a + \frac{1-q}{(-r+\mu+x-1)^2}\partial_h x_v \\
&= \frac{1}{(-r+\mu+x-1)^2}\left(q\partial_h x_a + (1-q)\partial_h x_v\right)
\end{aligned}$$

现在利用稳态情形下得到的解析结果，我们得到间接效应为：

$$d_{x_a}CI\partial_h x_a + d_{x_v}CI\partial_h x_v = \frac{1}{(-\beta+\mu+x-1)^2}\frac{\mu^2(1-q)q(x_v-x_a)^2}{(1-x)^4}$$

加上命题3中计算出的直接效应，我们得到：导数为负当且仅当：

$$\frac{(1-x)^2(3(1-x)+2\beta-2\mu)}{1-x+r} - \frac{k\mu}{\frac{k\mu}{(1-x)^2}+1} > 0$$

当 d 和 k 较小时，第二项趋于极限零，因此导数确实为负。

□

命题7 的证明（第30页）

证明。**第 1 部分**

首先，我们总结完整的均衡刻画，然后对其进行证明。

均衡：对于参数的所有取值，都存在一个满足$x_a^* = x_v^* = 0$的均衡。对于 $k \le 1$，这是唯一的均衡。对于 $h < 1 - \frac{k-1}{kq}$ 和$d < \frac{(k-1)(1-hk)}{kq(1-h)}$，还存在一个两者均为内点的均衡：$x_a^*, x_v^* \in (0,1)$。如果 $h \ge 1 - \frac{k-1}{kq}$ 且，或者 $d > k(1-\tilde{q}_a)$，或者 $k\tilde{q}_a > 1$，那么存在一个满足 $x_a^* = 0$ 且 $x_v^* = 1$的均衡。如果 $k \ge d+1$，则存在一个满足$x_a^* = x_v^* = 1$的均衡。如果 $1 + d > k \ge 1/\tilde{q}_v$，$k(1-\tilde{q}_a) > d$ 且 $k\tilde{q}_a < 1$，则存在一个 $x_v^* = 1$ 和 x_a^* 为内点的均衡。

均衡（包括边界均衡）是以下方程组的解：

$$\begin{aligned} x_a &= \min\{1, \max\{0, k(\tilde{q}_a x_a + (1-\tilde{q}_a)x_v) - d\}\}, \\ x_v &= \min\{1, \max\{k(\tilde{q}_v x_v + (1-\tilde{q}_v)x_a)\}\}. \end{aligned} \tag{d}$$

由这些方程可以立即得出，$x_a^* = x_v^* = 0$ 始终是一个均衡。此外，还可能存在内部均衡或角点均衡。

存在一个角点均衡，其中当 $x_a^* = 1 \le k(\tilde{q}_a + 1 - \tilde{q}_a) - d = k - d$ 时，$x_a^* = x_v^* = 1$，即 $k \ge 1 + d$。该条件立即意味着 $x_a = 1$，而这又意味着 $k(\tilde{q}_v + 1 - \tilde{q}_v) > 1$，从而也意味着 $x_v = 1$。

存在一个角点均衡，其中当 $k\tilde{q}_v \ge 1$ 且 $k(1-\tilde{q}_a) \le d$ 时，$x_a^* = 0$ 和 $x_v^* = 1$。如果 $1 + d > k \ge 1/\tilde{q}_v$，$k(1-\tilde{q}_a) > d$ 且 $k\tilde{q}_a < 1$，则存在一个均衡，其中 $x_v^* = 1$ 和 x_a 为内部值，且等于：

$$x_a^* = \frac{k(1-\tilde{q}_a) - d}{1 - k\tilde{q}_a}$$

如果 $k < 1$，假设系统（12）具有内部解，则线性方程组可写为：

$$\left(I - k\begin{pmatrix} \tilde{q}_a & 1-\tilde{q}_a \\ 1-\tilde{q}_v & \tilde{q}_v \end{pmatrix}\right)\begin{pmatrix} x_a \\ x_v \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -d \\ 0 \end{pmatrix}.$$

其中，I 是 2×2 单位矩阵。由于矩阵 $\begin{pmatrix} \tilde{q}_a & 1-\tilde{q}_a \\ 1-\tilde{q}_v & \tilde{q}_v \end{pmatrix}$ 是随机矩阵，因此最大特征值为 1。因此，根据标准结果，如果 $k < 1$ 矩阵 $\left(I - k\begin{pmatrix} \tilde{q}_a & 1-\tilde{q}_a \\ 1-\tilde{q}_v & \tilde{q}_v \end{pmatrix}\right)$ 可逆且其逆矩阵为正矩阵。因此，可以推出唯一的内部均衡满足：

$$\begin{pmatrix} x_a^* \\ x_v^* \end{pmatrix} = \left(I - k\begin{pmatrix} \tilde{q}_a & 1-\tilde{q}_a \\ 1-\tilde{q}_v & \tilde{q}_v \end{pmatrix}\right)^{-1}\begin{pmatrix} -d \\ 0 \end{pmatrix}.$$

但是，由于逆矩阵为正数，可以推出 x_a^*，$x_v^* < 0$，这不可行。因此，对于 $k < 1$，不存在内部解。此外，也不可能

存在部分内部解，其中 $x_v^* > 0$ 但 $x_a^* = 0$。事实上，如果 $x_a^* = 0$，那么 x_v^* 满足以下方程：

$$x_v = k\tilde{q}_v x_v$$

并且由于 $k < 1$ 然后 $k\tilde{q}_v < 1$，所以唯一的解是 $x_v^* = 0$。对 x_a^*也可以进行类似的推理。

如果 $k = 1$，根据这些方程可得 $x_v - x_a = 0$ 和 $x_a - x_v = -d/(1-\tilde{q}_a)$，这是不可行的。因此，唯一的解仍然是两个比率都为零。

因此，我们关注 $k > 1$的情况。经过计算，我们得到内部解：

$$x_a^* = \frac{d(1-k(1-(1-h)q))}{(k-1)(1-hk)}, \quad x_v^* = \frac{d(1-h)kq}{(k-1)(1-hk)}.$$

并且，在这个内部解中，$x_v^* - x_a^* = \frac{d}{1-hk}$，所以 $x_v^* > x_a^*$，正如预期。如果 $x_a^* > 0$，且如果 $x_v^* < 1$，则该解可行。可以验证，当 $1 < k < \frac{1}{\tilde{q}_v}$ 和 $d < \frac{(k-1)(1-hk)}{kq(1-h)}$ 时，情况确实如此。第一个条件意味着 $hk < 1$，因此特别地，d 的第二个界限始终非负。

第2部分

本部分直接由导数的计算得出：

$$\partial_h x_a = -\frac{dk(1-q)}{(hk-1)^2}, \quad \partial_h x_v = \frac{dkq}{(hk-1)^2},$$

第3部分

对于 $h \to 1$，根据第 1 部分证明中的刻画，无论其他参数如何，剩下的均衡都只是角点均衡，其中疫苗接种水平要么为零，要么为一。因此，同质性增加的影响为零：$\partial_h x_a = \partial_h x_v = 0$。由此，关于同质性的比较静态满足 $d_h CI > 0$，且 $d_h \rho^{SS} < 0$，如命题6所示。

□

参考文献

Acemoglu, D., V. Chernozhukov, I. Werning 和 M. D. Whinston（2021）。多群体 SIR 模型中的最优定向封锁。《美国经济评论：洞见》3(4)，487–502。Alvarez-Zuzek, L. G., C. E. La Rocca, J. R. Iglesias 和 L. A. Braunstein（2017年）。观点交流对疫苗接种产生影响的多重网络中的流行病传播。《PLOS ONE》12(11)，e0186492。Bernstein, D. S. 和 W. So（1993）。关于矩阵指数的一些显式公式。《IEEE 自动控制汇刊》38(8)，1228–1232。Bisin, A. 和 P. Gottardi（2021年）。流行病中的有效政策干预。《公共经济学杂志》200，104444。Bognanni, M., D. Hanley, D. Kolliner 和 K. Mitman（2020）。经济学与流行病：来自估计空间经济学 SIR 模型的证据。Bonacich, P.（1987）。权力与中心性：一组测度。《美国社会学杂志》92(5)，1170–1182。Brauer, F., C. Castillo-Chavez 和 C. Castillo-Chavez（2012）。《种群生物学与流行病学中的数学模型》，第 2 卷。Springer。Brotherhood, L. M., P. Kircher, C. Santos, M. Tertilt 等（2021）。年轻人与老年人主体的 COVID-19 大流行经济模型：行为、检测与政策。技术报告，CORE。Burgio, G., B. Steinegger 和 A. Arenas（2022年）。同质性影响疫苗推广的成效。《通信物理》5(1)，70。Chandrasekhar, A. G., P. Goldsmith-Pinkham, M. O. Jackson 和 S. Thau（2021年）。控制疾病过程中相互作用的区域政策。《美国国家科学院院刊》118(19)，e2021520118。Chen, F. 和 F. Toxvaerd（2014）。疫苗接种经济学。《理论生物学杂志》363，105–117。

Christakis, N. A. 和 J. H. Fowler（2007）。大型社交网络中肥胖的传播：32年研究。《新英格兰医学杂志》*357*(4)，370–379。Coleman, J. S.（1958）。关系分析：使用调查方法研究社会组织。《人类组织》*17*(4)，28–36。Cullen, J. B.、M. K. Humlum、A. Suziedelyte 和 P. R. Thingholm（2023）。提供者疫苗接种促进的直接效应与溢出效应。技术报告，美国国家经济研究局。Currarini, S.、M. O. Jackson 和 P. Pin（2009）。友谊的经济模型：同质性、少数群体与隔离。《计量经济学》*77*(4)，1003–1045。Demmel, J. W.（1997）。应用数值线性代数。SIAM。Duflo, E. 和 E. Saez（2003）。信息与社会互动在退休计划决策中的作用：来自一项随机实验的证据。《经济学季刊》*118*(3)，815–842。Edge, R.、T. Keegan、R. Isba 和 P. Diggle（2019）。评估社会网络对职业生涯早期医生季节性流感疫苗接种率影响的观察性研究。《*BMJ Open*》*9*(8)，e026997。Ernst, K. 和 E. T. Jacobs（2012）。哲学信仰豁免与个人信仰豁免对疫苗可预防疾病再度出现的影响：疫苗接种不足中空间聚集的作用。《人类疫苗与免疫治疗》*8*(6)，838–841。Esen, O.、E. Fern´andez-Saiz、C. Sard´on 和 M. Zajac（2022）。带波动的SIS流行病模型的推广。《应用科学中的数学方法》*45*(7)，3718–3731。Farboodi, M.、G. Jarosch 和 R. Shimer（2021）。大流行病中社交疏远的内部效应与外部效应。《经济理论杂志》*196*，105293。Funk, S.（2017）。麻疹消除的临界免疫阈值。传染病数学建模中心，伦敦卫生与热带医学学院。

Gabaix, X.、J.-M. Lasry、P.-L. Lions 和 B. Moll（2016）。不平等的动态过程。《计量经济学》*84*(6)，2071–2111。Gale, D. 和 H. Nikaido（1965）。雅可比矩阵与映射的全局单射性。《数学年刊》*159*(2)，81–93。Galeotti, A. 和 B. W. Rogers（2013）。策略性免疫与群体结构。《美国经济学杂志：微观经济学》*5*(2)，1–32。Godlonton, S. 和 R. Thornton（2012）。了解艾滋病毒检测结果中的同伴效应。《发展经济学杂志》*97*(1)，118–129。Golub, B. 和 M. O. Jackson（2012）。同质性如何影响学习速度与最佳响应动态。《经济学季刊》*127*(3)，1287–1338。Goyal, S. 和 A. Vigier（2015）。互动、防护与流行病。《公共经济学杂志》*125*，64–69。Hoffmann, M.、R. Mosquera 和 A. Chadi（2019）。工作场所疫苗。可见于*SSRN 3330631*。Ibuka, Y.、J.-i. Itaya 和 N. Miyazato（2018）。使用私人提供的公共品模型分析同伴对疫苗接种行为的影响。Izquierdo, S. S.、L. R. Izquierdo 和 D. L´opez-Pintado（2018）。双类型人口中的混合与扩散。《皇家学会开放科学》*5*(2)，172102。Jackson, M. O.（2008）。社会与经济网络，第3卷。普林斯顿大学出版社，普林斯顿。Jackson, M. O. 和 D. L´opez-Pintado（2013）。具有异质主体和同质性的网络中的扩散与传染。《网络科学》*1*(1)，49–67。Kulpa, W.（1997）。庞加莱´–米兰达定理。《美国数学月刊》*104*(6)，545–550。Lajmanovich, A. 和 J. A. Yorke（1976）。非均质人口中淋病的确定性模型。《数学生物科学》*28*(3-4)，221–236。

Larson, H. J., A. De Figueiredo, Z. Xiahong, W. S. Schulz, P. Verger, I. G. Johnston, A. R. Cook, 和 N. S. Jones（2016）。《2016年疫苗信心状况：通过67国调查获得的全球洞见》。*EBioMedicine 12*，295–301。Lieu, T. A., G. T. Ray, N. P. Klein, C. Chung, 和 M. Kulldorff（2015）。免疫接种不足与拒绝接种疫苗的地理聚集。《儿科学》*135*（2），280–289。Markussen, S. 和 K. Røed（2015）。社会保险网络。《人力资源杂志》*50*（4），1081–1113。Marsden, P. V.（1987）。美国人的核心讨论网络。《美国社会学评论》，122–131。Mashinini, D. P., K. J. Fogarty, R. C. Potter, 和 M. D. Lagerwey（2020）。密歇根州非医疗疫苗豁免规定变更对哲学性豁免率的影响。《社区卫生杂志》*45*（1），148–153。May, T. 和 R. D. Silverman（2003）。“豁免聚集”对群体免疫构成的集体行动威胁。《疫苗》*21*（11-12），1048–1051。McPherson, M., L. Smith-Lovin, 和 J. M. Cook（2001）。物以类聚：社会网络中的同质性。《社会学年度评论》*27*（1），415–444。Meiss, J. D.（2007）。微分动力系统。SIAM。Merlino, L. P., P. Pin, 和 N. Tabasso（2023）。揭穿网络中的谣言。《美国经济学杂志：微观经济学》*15*（1），467–496。Muscat, M.（2011）。欧洲哪些人会感染麻疹？《传染病杂志》*204*（增刊1），S353–S365。Nakamura, G. M. 和 A. S. Martinez（2019）。具有随机波动的SIS流行病模型的哈密顿动力学。《科学报告》*9*（1），15841。Nyhan, B. 和 J. Reifler（2015）。纠正流感疫苗谣言是否有效？纠正性信息效果的实验评估。《疫苗》*33*（3），459–464。Nyhan, B., J. Reifler, S. Richey, 和 G. L. Freed（2014）。疫苗推广中的有效信息：一项随机试验。《儿科学》*133*（4），e835–e842。

Nyhan, B., J. Reifler, 和 P. A. Ubel（2013）。纠正有关医疗改革的谣言所带来的危害。《医疗保健》，127–132。Oster, E. 和 R. Thornton（2012）。技术采用的决定因素：月经杯使用中的同伴效应。《欧洲经济协会杂志》*10*（6），1263–1293。Pastor-Satorras, R., C. Castellano, P. Van Mieghem, 和 A. Vespignani（2015）。复杂网络中的流行病过程。《现代物理评论》*87*（3），925–979。Pastor-Satorras, R. 和 A. Vespignani（2001）。无标度网络中的流行病传播。《物理评论快报》*86*（14），3200。Phadke, V. K., R. A. Bednarczyk, D. A. Salmon, 和 S. B. Omer（2016）。美国拒绝接种疫苗与疫苗可预防疾病之间的关联：对麻疹和百日咳的综述。《美国医学会杂志》*315*（11），1149–1158。Puri, N., E. A. Coomes, H. Haghbayan, 和 K. Gunaratne（2020）。社交媒体与疫苗犹豫：COVID-19和全球化传染病时代的新进展。《人类疫苗与免疫治疗》*16*（11），2586–2593。Rao, N., M. Kremer, M. Mobius, 和 T. Rosenblat（2017）。社会网络与疫苗接种决策。技术报告，波士顿联邦储备银行工作论文。Rowthorn, B. R. 和 F. Toxvaerd（2012）。通过预防和治疗对传染病实施最优控制。Sato, R. 和 Y. Takasaki（2019）。疫苗接种行为中的同伴效应：来自尼日利亚农村地区的实验证据。《经济发展与文化变迁》*68*（1），93–129。Shaw, J., B. Tserenpuntsag, L.-A. McNutt, 和 N. Halsey（2014）。美国私立学校的学校免疫接种要求豁免率高于公立学校。《儿科学杂志》*165*（1），129–133。Silverman, R. D. 和 Y. T. Yang（2019）。加利福尼亚州对一名知名医生因无医疗原因而获得疫苗接种豁免实施纪律处分的启示。《美国医学会儿科学杂志》*173*（2），121–122。

Sobo, E. J. (2015)。华德福（施泰纳）学校家长中拒绝接种疫苗和延迟接种的社会培育。《医学人类学季刊》*29*(3), 381–399。Sorensen, A. T. (2006)。社会学习与健康计划选择。《兰德经济学杂志》*37*(4), 929–945。Talam`as, E. and R. Vohra (2020)。免费且绝对安全但仅部分有效的疫苗可能会伤害所有人。《博弈与经济行为》*122*, 277–289。Toxvaerd, F. and R. Rowthorn (2022)。关于群体免疫的管理。《经济理论杂志》*204*, 105501。Trentini, F., P. Poletti, S. Merler, and A. Melegaro (2017)。麻疹免疫缺口与迈向消除的进展：多国建模分析。《柳叶刀·传染病学》*17*(10), 1089–1097。Vel´asquez-Rojas, F. and F. Vazquez (2017)。多重网络中观点与疾病动态过程的相互作用：不连续相变与非单调共识时间。《物理评论*E*》*95*(5), 052315。Wang, Z., M. A. Andrews, Z.-X. Wu, L. Wang, and C. T. Bauch (2015)。复杂网络中的疾病—行为耦合动态过程：综述。《生命物理学评论》*15*, 1–29。Zier, E. R. and W. D. Bradford (2020)。是否参加？学校免疫接种豁免政策对学前班、幼儿园及小学适龄青少年入学率的影响。《疫苗》*38*(11), 2578–2584。