arXiv:2611.29584v1 [q-bio.PE] 22 Nov 2026

输入病例、社区内感染传播与旅行管控措施

JulienArino [1], Clotilde Djuikem [1]和 Amy Hurford [2]

[1]加拿大曼尼托巴省温尼伯曼尼托巴大学数学系[2]加拿大纽芬兰与拉布拉多圣约翰斯纽芬兰纪念大学生物学系与数学及统计学系[*]通讯作者：julien.arino@umanitoba.ca

2026年11月24日

摘要

COVID-19疫情期间，旅行限制、边境筛查和隔离被广泛用于防止或延缓SARS-CoV-2的空间传播，但其效果在不同司法管辖区之间差异很大。为探究边境管控措施的实施时机与组合如何同病原体引入及本地传播相互作用，我们构建了耦合的输出地—输入地流行病模型，并分别采用确定性框架（常微分方程）和随机框架（连续时间马尔可夫链和多类型分枝过程近似）。该模型区分潜伏期感染者、已检出的传染者和未检出的传染者，并将近期抵达的旅行者明确划分至引入层，与目的地社区分开。我们推导了控制再生数和基本再生数、最终流行规模以及疫情暴发消退概率的解析表达式，并通过随机模拟加以补充。我们发现，仅在输出地进行出发前筛查，无法阻止再生数大于1的输入地社区发生疫情暴发，因为潜伏期感染旅客会在未被检测的情况下越过边境。引入层的抵达后隔离和筛查，以及旅行中断，可以大幅降低输入地的攻击率，但只有在措施严格且及早启动时才有效。根据输入地的本地检出情况启动边境干预几乎总是为时已晚，因为无症状引入早于本地病例检出；而依据输出地监测信息启动干预，则能争取到更充裕的行动时间。要有效保护输入地，最终必须将由输出地信息支持的主动边境措施与本地公共卫生干预相结合，使社区再生数维持在1附近或以下。

关键词： 病原体引入；旅行管控措施；隔离；边境筛查；连续时间马尔可夫链；多类型分枝过程

1 引言

在近期的 COVID-19疫情期间，世界各地的政府采取了公共卫生措施，以遏制病原体传播。这些措施造成的影响各不相同，从相对温和到改变社会形态，例如对整个国家实施居家令。在众多采取的措施中，有几项旨在遏制病原体的时空传播，即旅行中断、加强边境管控和隔离。然而，这些措施的效力仍有争议，事实上也曾引发讨论 [13]。

在少数情况下，旅行管控措施取得了成功。在加拿大，纽芬兰与拉布拉多要求非居民提交旅行申报表，并制定计划在抵达后立即自我隔离14 天 [24]；这些公共卫生措施使其发病率在加拿大处于最低水平之列 [15]。同样，努纳武特实施了为期两周的旅行前隔离，前往该地区之前，旅行者必须在加拿大三座城市（埃德蒙顿、渥太华和温尼伯）的机场酒店内完成隔离。因此，努纳武特的发病率也很低；直到2020年11月，也就是COVID-19疫情开始九个月后，努纳武特才报告首例COVID-19病例 [32]。曼尼托巴省禁止非居民前往该省北纬53度以北地区进行非必要旅行 [6, 28], ，而育空地区则限制非必要旅行者进入该地区，严格管控为数不多的公路和航空入境点，并要求入境者抵达后必须自我隔离14天 [22]。爱德华王子

岛屿在六月之前没有发生任何大规模社区暴发 2021 [15], 但对于驾车抵达的旅行者而言，该岛只有一座桥梁可供通行。尽管这座桥梁并未对基本供应链实施实体封锁，但它实际上是一个管控严格的检查站，严禁来自省外的非必要旅行，违者须接受强制14天隔离 [8, 25]。

对于所有这些加拿大各省和地区，旅行限制措施都相对有效。然而，这些地点的特点是社区隔离程度较高，道路通行受限且易于管控。一些国家也取得了类似成效，其中许多是岛屿，例如：中国、香港、台湾、越南、冰岛、澳大利亚、新西兰、新加坡、不丹、韩国，以及截至2月15日 2021 [10, 31, 33, 34]尚未报告任何COVID-19病例的25个太平洋岛国和地区中的11个。直到2022年5月20日，图瓦卢才在边境隔离期间报告首例COVID-19病例，此时该国人口早已完成接种疫苗 [36]。因此，旅行管控措施显然有其必要性。

然而，这些措施会造成干扰，应当审慎且有选择地使用。在COVID-19大流行之前，《国际卫生条例（2005）》第 43 [35] 条规定："本条例不妨碍缔约国根据相关国内法律以及国际法规定的义务，针对特定公共卫生风险或国际关注的突发公共卫生事件采取卫生措施"，但同时附有条件："此类措施对国际交通的限制不得超过合理可行且能够达到适当卫生保护水平的替代措施，且不得比此类替代措施对人员更具侵入性或干扰性。"《国际卫生条例》修正案于2024年通过，但不影响该条款[20]。实际上，大多数实施旅行管控措施的国家或次国家级辖区收效甚微，因为这些零散的禁令往往实施得太晚，未能阻止新变异株传入[12, 14]。

然而，旅行管控措施曾一次又一次地被采取，例如出现新的关切变异株时。在后一种情况下，各国会采取针对特定国家的措施；例如，加拿大于 2021 [11]年4月禁止来自印度和巴基斯坦的直飞航班，为期30天。鉴于此，当旅行管控措施确有用处时，它们符合第43条；但在大多数情况下，这些措施违背了该建议，因为它们阻碍了交通，却未能实现多少保护作用。

然而，显而易见的是，病原体传播的"空间化"依赖于病原体被引入此前并不存在该病原体的地点。这些引入依赖于携带病原体的个体移动。因此，简单来说，减缓或禁止这类移动，就能减缓或阻止病原体的引入。恰如其分的是，COVID-19疫情期间使用的许多措施可以追溯到中世纪的鼠疫：隔离措施、旅行证书和鼠疫墙。然而，阻止所有病原体引入，实际上是不可能的。即使在远不如今天互联互通的世界里，限制移动的措施也屡屡失败；一个广为人知的例子是长达27公里的"Mur de la peste"（鼠疫墙），它建于1721年，旨在遏制肆虐马赛的1720年鼠疫疫情蔓延 [9]。其他可追溯至中世纪鼠疫的控制措施，例如隔离或健康证明，似乎更为有效 [18]。

因此，边境管控措施有时有效，有时则无效。无论如何，这些措施都会造成严重干扰。我们的目标是更好地了解病原体引入过程，尤其是与旅行管控措施相关的过程。在此前的研究中， [24], 部分作者使用统计模型考察了输入纽芬兰与拉布拉多的风险。有必要将这些输入率与目的地人群中发生疫情暴发的风险及预期特征联系起来，以了解旅行措施如何与其他公共卫生措施相结合， [15]并确定管理大流行的最佳措施组合 [21]。其中一位共同作者还在多篇论文中研究了与病例引入相关的问题， [2, 1], 而 [4]则考察了引入后随机阶段的持续时间。关于这一主题的其他研究包括[23], 对2021年接收国际入境旅客的四个加拿大机场的输入数量进行建模的研究：多伦多皮尔逊机场、蒙特利尔特鲁多机场、温哥华国际机场和卡尔加里国际机场。

此处，我们重点关注旅行管控措施的效力，以及这些措施的实施时机与由引入导致的疫情暴发之间的关系。本文结构如下。在第2节中，我们以确定性（ODE）和随机（CTMC）两种形式介绍引入模型；同时介绍用于研究疫情暴发的度量指标。随后，我们从数学和计算两个方面考察模型各组成部分的性质；在第3节中，我们研究输出地；第4 节专门讨论单独考察时的输入地；第5节研究完整模型。旅行管控措施的影响，即本文的主要关注点，在第6节中进行讨论。最后以讨论作结。计算和证明分别汇总于附录中。

2 数学模型

该模型框架是对 [2]中模型的一种变体。这是一个元种群模型，考虑两个地点，即输出地和输入地，且移动仅发生在从输出地到输入地的方向。在第2.1节中，我们描述各地点的模型。随后，我们说明引入如何发生，并在第2.2节中构建模型的常微分方程版本。模型对应的连续时间马尔可夫链及其多类型分枝过程近似分别见第2.4 节和第2.5节。

2.1 地点中的基础模型

在这两个地点，所用的基础模型都是对 [3] 的 SLIAR模型所作的一种变体。与 [3]，中侧重于感染病例的性质（有症状或无症状）不同，该模型考察的是已检测和未检测的感染者。

易感、潜伏感染、具有传染性且已检测、具有传染性但未检测，以及康复/移除的个体数量分别记为 $S(t)$、 $L(t)$、 $D(t)$、 $U(t)$ 和 $R(t)$。（除非有需要，否则省略时间变量。）与 D 和 U 个体接触时，易感个体以速率 $\beta S(U + \xi D)$ 感染，并首先经历一段潜伏期。参数 ξ 通常假定小于 1，因为公共卫生建议已检测个体待在家中、佩戴口罩等，从而降低其对他人的传染性。

潜伏期的持续时间服从指数分布，平均值为 $1/\varepsilon$ （进展速率 ε）。潜伏期结束时，比例为 p 的个体进入已检测舱室，其余 $1-p$则进入未检测舱室。检测参数 p 对系统至关重要。检测可能发生在感染和康复/移除过程的任何阶段，但模型假定，除出发前筛查的情况外（见第 2.2 节），“决定”发生在个体结束潜伏期时。因此，本质上，p 汇总了若干“子p”，用于表示例如从 U 到 D的流动。缺少此类流动意味着 U 的动态与存在此类流动时略有不同。具体而言，我们预计潜伏阶段结束时的检测率会低于 p，从而流入 U的数量增加；而由于存在额外流动， U 的流出率也会高于此处所用的流出率。

个体在经历平均 $1/\gamma$ timeunits 的感染期后，将转入康复舱室 R；前提是他们没有死于该疾病。离开 D 和 U 舱室的个体中，有 δ 的比例会因此死亡。

2.2 对移动诱发的引入进行建模

空间结构的构建方式与 [2] 相同，采用图1所示的简化元种群结构。模型中有两个地点：输出地和输入地；由于我们关注的是传染性病原体从一个地点向另一个地点的初始转移，不受其他过程的“干扰”，因此移动是从输出地到输入地的单向流动，而类似模型若采用双向流动则会出现这种干扰。输入地进一步划分为社区和所谓的引入层；详情见下文。

在输出地，状态变量使用索引 E。隔室 $X = \{L_E, D_E, U_E\}$ 中的个体以人均速率 m_X 从输出地前往输入地；这些速率可以依赖于时间或状态，但在此处通常为常数。 m_D 是一个例外：在 COVID-19疫情早期， m_D 通常为零，因为已检测个体应居家隔离，不得搭乘航班。然而，对于城镇等较小辖区，这种移动是可能的。

实际上，我们只考虑输出地与输入地之间与感染者有关的流动，即 L_E、 D_E 和 U_E。原则上，我们还应考虑 S_E 和 R_E 个体的流动，但这些流动

- 不会影响本文中的数学计算（例如，无论是否存在这些流动，它们都不会影响再生数）；
- 会妨碍计算分析，因为它们会大幅减少输出地的易感人群（从而减少当地的疫情暴发），并增加输入地的感染者数量（从而加剧当地疫情暴发的严重程度）。

由于不考虑易感人群和免疫人群的移动，我们实际上假设此类移动发生时，会有来自输入地的反向移动予以补偿，也就是说，系统处于人口平衡状态。

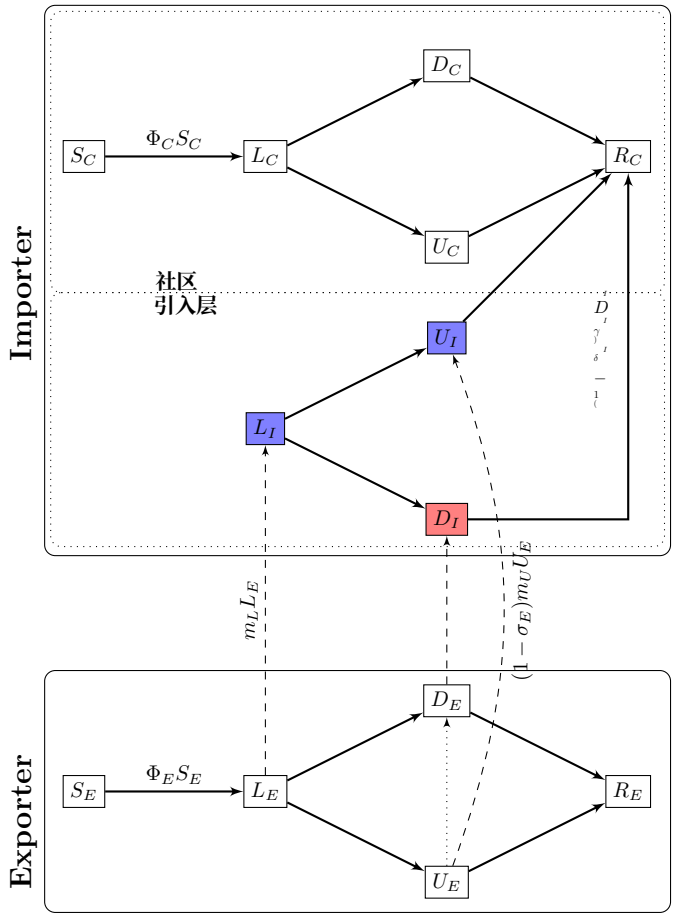


图1：出口商-进口商模型。蓝色舱室是隔离可能产生影响的舱室，而红色舱室在旅行前筛查的情况下将不存在。虚线箭头表示对引入至关重要的流动。

输出地的感染力 Φ_E 形式如下

$$\Phi_E = \beta_E(\xi_E D_E + U_E). \tag{1}$$

该模型纳入了出发前筛查。由于检测参数 p_E 综合了输出地检测和筛查力度的特征，因此我们使用一个单独的参数 σ_E。与 p_E类似， $\sigma_E \in [0,1]$。当 σ_E 为正值时，即出发前筛查已启动时，假设 $\sigma_E \geq p_E$：与p_E相反，此处仅适用检测本身的特征。出发前筛查“拦截”的未检测 U_E 个体不得旅行，因此会进入 D_E 隔室。

在输入地，我们考虑两个亚群体：引入层（称为输入层，见 [2]）和社区。这种机制让人联想到居民—旅行者（或迁移者—留守者）模型 [5], 尽管引入层和社区中的个体彼此混合、相互作用，但他们对任一群体的归属关系仍会保持不变，不过引入层中的个体只是暂时归属该层。

当感染者从输出地抵达输入地时，会被“单独标记”，置于引入层中，其人数分别记为 L_I、 D_I 和 U_I。在这些隔室中，他们会与社区成员互动；如果这些成员是易感个体 S_C，就可能导致新感染。他们遵循与其他隔室中的个体相同的感染后疾病历程，但康复后会进入社区康复舱室 R_C，因为此时他们的疾病状态对社区已无关紧要。这种“记账技巧”有助于精确区分输入所致病例与社区传播产生的病例。

感　染力作用于社区中的易感个体 S_C，其形式为

$$\Phi_C = \beta_I(\xi_I D_I + U_I) + \beta_C(\xi_C D_C + U_C). \tag{2}$$

此处， β_X、 $X \in \{I, C\}$ 表示易感个体 S_C 与 X 组感染者接触时的传播系数，而 ξ_X 表示因知晓自身疾病状态而导致的传染性降低程度。

2.3 常微分方程模型

该模型在输出地的形式如下:

$$\begin{aligned}
S'_E &= -\Phi_E S_E && \text{(3a)}\\
L'_E &= \Phi_E S_E - (\varepsilon_E + m_L) L_E && \text{(3b)}\\
D'_E &= p_E \varepsilon_E L_E + \sigma_E m_U U_E - (\gamma_E + m_D) D_E && \text{(3c)}\\
U'_E &= (1 - p_E)\varepsilon_E L_E - (\gamma_E + m_U) U_E && \text{(3d)}\\
R'_E &= (1 - \delta_E)\gamma_E (D_E + U_E), && \text{(3e)}
\end{aligned}$$

引入层的动力学由以下方程支配

$$\begin{aligned}
L'_I &= m_L L_E - \varepsilon_I L_I && \text{(3f)}\\
D'_I &= m_D D_E + p_I \varepsilon_I L_I - \gamma_I D_I && \text{(3g)}\\
U'_I &= (1 - \sigma_E) m_U U_E + (1 - p_I)\varepsilon_I L_I - \gamma_I U_I && \text{(3h)}
\end{aligned}$$

而社区的动力学则由以下方程驱动

$$\begin{aligned}
S'_C &= -\Phi_C S_C && \text{(3i)}\\
L'_C &= \Phi_C S_C - \varepsilon_C L_C && \text{(3j)}\\
D'_C &= p_C \varepsilon_C L_C - \gamma_C D_C && \text{(3k)}\\
U'_C &= (1 - p_C)\varepsilon_C L_C - \gamma_C U_C && \text{(3l)}\\
R'_C &= (1 - \delta_C)\gamma_C (D_C + U_C) + (1 - \delta_I)\gamma_I (D_I + U_I). && \text{(3m)}
\end{aligned}$$

系统（3）考虑非负初始条件。为避免平凡情形，我们进一步假设$L_E(0) + D_E(0) + U_E(0) > 0$。

(3) 的性质将在后文详细讨论；在进一步展开之前，我们先指出，（3）是一个流行病模型。因此，所有感染变量（L_E、 D_E、 U_E、 L_I、 D_I、 U_I、 L_C、 D_C 和 U_C）都会在 $t \to \infty$ 时趋于零。基本再生数所区分的情形是：流行病是否会发生；发生流行病的特征是感染人数暂时增加。

2.4 连续时间马尔可夫链模型

事件	转移	转移率
S_E 通过 D_E感染	$\to (S_E-1,\ L_E+1)$	$\beta_E\xi_E S_E D_E$
S_E 被 U_E感染	$\to (S_E-1,\ L_E+1)$	$\beta_E S_E U_E$
L_E 中的潜伏期结束（已检测）	$\to (L_E-1,\ D_E+1)$	$p_E\varepsilon_E L_E$
L_E中的潜伏期结束	$\to (L_E-1,\ U_E+1)$	$(1-p_E)\ \varepsilon_E L_E$
出境检测 U_E	$\to\ (U_E-1,\ D_E+1)$	$\sigma_E m_U U_E$
D_E 中的康复	$\to\ (D_E-1,\ R_E+1)$	$(1-\delta_E)\ \gamma_E D_E$
U_E 中的康复	$\to (U_E-1,\ R_E+1)$	$(1-\delta_E)\gamma_E U_E$
D_E因病死亡	$\to (D_E-1)$	$\delta_E\gamma_E D_E$
U_E因病死亡	$\to (U_E-1)$	$\delta_E\gamma_E U_E$
L_E的移动	$\to (L_E-1,\ L_I+1)$	$m_L L_E$
D_E的移动	$\to (D_E-1,\ D_I+1)$	$m_D D_E$
U_E的移动	$\to (U_E-1,\ U_I+1)$	$(1-\sigma_E)m_U U_E$
潜伏期结束于 L_I （已检测）	$\to (L_I-1,\ D_I+1)$	$p_I\varepsilon_I L_I$
潜伏期结束于 L_I	$\to (L_I-1,\ U_I+1)$	$(1-p_I)\varepsilon_I L_I$
D_I中的康复	$\to (D_I-1,\ R_C+1)$	$(1-\delta_I)\gamma_I D_I$
U_I中的康复	$\to (U_I-1,\ R_C+1)$	$(1-\delta_I)\gamma_I U_I$
D_I因病死亡	$\to (D_I-1)$	$\delta_I\gamma_I D_I$
U_I因病死亡	$\to (U_I-1)$	$\delta_I\gamma_I U_I$
S_C 被 D_C感染	$\to (S_C-1,\ L_C+1)$	$\beta_C\xi_C S_C D_C$
S_C 被 U_C感染	$\to (S_C-1,\ L_C+1)$	$\beta_C S_C U_C$
S_C 被 D_I感染	$\to (S_C-1,\ L_C+1)$	$\beta_I\xi_I S_C D_I$
S_C 被 U_I感染	$\to (S_C-1,\ L_C+1)$	$\beta_I S_C U_I$
潜伏期结束于 L_C （已检测）	$\to (L_C-1,\ D_C+1)$	$p_C\varepsilon_C L_C$
潜伏期结束于 L_C	$\to (L_C-1,\ U_C+1)$	$(1-p_C)\ \varepsilon_C L_C$
D_C内康复	$\to (D_C-1,\ R_C+1)$	$(1-\delta_C)\gamma_C D_C$
U_C中的康复	$\to (U_C-1,\ R_C+1)$	$(1-\delta_C)\gamma_C U_C$
D_C的因病死亡	$\to (D_C-1)$	$\delta_C\gamma_C D_C$
U_C因病死亡	$\to (U_C-1)$	$\delta_C\gamma_C U_C$

Ta表 1：带引入层的出口者-进口者连续时间马尔可夫链模型的反应速率 .

令 T 表示所有分量均为非负整数的有限维向量集合。与输出地-输入地的确定性模型（3）相关的连续时间马尔可夫链模型为

$$\mathbf{X}_t = (S_E, S_C, L_E, L_I, L_C, D_E, D_I, D_C, U_E, U_I, U_C, R_E, R_C),\ t \in \mathbb{R}_+, \tag{4}$$

并由状态 $\mathbf{k}$ 到 $\mathbf{j} \neq \mathbf{k}$的转移概率表征,

$$\mathbb{P}(\mathbf{X}(t+\Delta t) = \mathbf{j} | \mathbf{X}(t) = \mathbf{k}) = \sigma(\mathbf{k}, \mathbf{j})\Delta t + o(\Delta t) \tag{5}$$

转移率 $\sigma(\mathbf{k},\mathbf{j})$ 见表 1，其中展示了转移后的状态 $\mathbf{j}$ 。

2.5 连续时间马尔可夫链的多类型分枝过程近似

为了对连续时间马尔可夫链 $\mathbf{X}_t$ 在确定性系统（3）的无病平衡点附近进行解析近似，我们采用多类型分枝过程近似（MBPA）。有关概率生成函数（p.g.f.）以及描述这一理论阈值行为的后向柯尔莫哥洛夫方程组的完整推导,详见附录 B。

2.6 流行病事件和疫情暴发的特征

在连续时间马尔可夫链的随机实现中，我们区分所有感染舱室中的潜在（或不可观察到的）流行病，与公共卫生部门通过已检测

舱室 D_E、 D_I 和 D_C所观察到的可观测流行病。为确定各次疫情暴发的时间范围，我们设定阈值 τ，规定连续两次监测事件之间允许的最长间隔；只要两次连续事件的间隔超过 τ 个时间单位，就会开始一次新的疫情暴发。根据监测哪些连续时间马尔可夫链转移，可将疫情暴发分为三种类型：可观测疫情（仅监测检测转移 $L \to D$，以及输入地中的 $D_E \to D_I$ ）、不可观察到的疫情暴发（监测所有病例激活$L \to \{D, U\}$，以及输入地中的 $D_E \to D_I$和 $U_E \to U_I$）和感染疫情（监测新的感染转移 $S \to L$）。当检测并不完美时（$p < 1$），即使潜在传播持续不断，连续检出病例之间也可能出现超过 τ 的间隔，因此一次不可观测疫情可能分裂成多次可观测疫情。附录 C 提供了完整定义及示意图（图 C.1）。在实际操作中，我们在数值模拟中设定为 $\tau = 14$ 天；例如，加拿大公共卫生署 [29], 也采用了这一设定，其依据是 [19] 的证据：99%的有症状 SARS-CoV-2 感染者会在暴露后 14 天内出现症状。

3 输出地的结果

虽然这并非本文的主要关注点，但了解输出地的疾病传播情况仍有助益，尤其是这能让我们在一个原本已充分了解的情境中，展示用于描述疫情暴发的各类工具。

3.1 确定性考量（输出地）

输出地的确定性模型由（3a）–（3e）组成，且不作任何改动。首先，我们发现输出地部分的控制再生数为

$$\mathcal{R}_c^E = \frac{\varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L}\left(\frac{\xi_E p_E}{\gamma_E + m_D} + \frac{1-p_E}{\gamma_E + m_U}\left[1 + \frac{\xi_E \sigma_E m_U}{\gamma_E + m_D}\right]\right)\beta_E S_E(0), \tag{6}$$

其中，“控制”一词指存在出境筛查。计算详情见附录 A.1。因子 $\varepsilon_E/(\varepsilon_E + m_L)$ 表示 L_E 中的潜伏期个体在离开输出地前进入传染期的概率。以 p_E 的概率，他们进入已检测舱室 D_E，其相对传染性为 ξ_E，并在输出地停留的平均时间为 $1/(\gamma_E + m_D)$。以 $1-p_E$ 的概率，他们进入未检测舱室 U_E，并在其中停留平均时间 $1/(\gamma_E + m_U)$；这些个体中有一部分 $\sigma_E m_U/(\gamma_E + m_U)$ 在尝试旅行时经出发前筛查被检测出，并转入 D_E，在输出地额外停留的平均时间为 $1/(\gamma_E + m_D)$，其相对传染性为 ξ_E。在没有出发前筛查的情况下（$\sigma_E = 0$），可得到一个特例，即输出地的基本再生数:

$$\mathcal{R}_0^E = \mathcal{R}_c^E\big|_{\sigma_E=0} = \frac{\varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L}\left(\frac{\xi_E p_E}{\gamma_E + m_D} + \frac{1-p_E}{\gamma_E + m_U}\right)\beta_E S_E(0). \tag{7}$$

由于输入地没有向输出地回流，因此这里推导出的值（6）和（7）独立于系统的其余部分，可以直接采用。也就是说，无须假设输出地处于隔离状态，这些值才有效；而在一般的元种群中，通常需要这样做，因为其中既有地点特定的再生数，也有一般再生数，前者是通过将迁移率设为零计算得出的。尽管如此，考察 $\mathcal{R}_0^E\big|_{m_X=0}$（即隔离状态下的再生数）仍然有用。

就参数对 $\mathcal{R}_c^E$的影响而言，图 2展示了全局敏感性分析。请注意，该图以获得 $\mathcal{R}_c^E \in [0.8, 5]$的值为前提，也就是说，只有当敏感性分析所用参数得出的 $\mathcal{R}_c^E$值合理时，才会将其纳入考虑。此处及后续类似分析中，参数空间采用 Sobol 方法 [16, 30]进行抽样。因此，需要的抽样精细程度远高于实际采用的程度。例如，在图 2中，偏秩相关系数是基于 131,384 个样本计算的，但为此需要生成一个包含 200,000 个点的 Sobol 样本，其中其余点因得出的 $\mathcal{R}_c^E$值不合理而被舍弃。

观察图2可见，正如预期的那样，由于连接它们的线性关系，β_E 对 $\mathcal{R}_c^E$的影响最大。此外，大多数依赖关系与此类模型中的通常情况一致。我们还注意到，速率m_L、 m_U 和 m_D （个体以这些速率离开输出地）发挥负面作用，尽管其影响不如疾病特征重要。这是因为离开输出地的移动是单向的，会移除感染者（L_E、 D_E 和 U_E），从而将其从本地种群中移除，充当额外的移除过程，缩短平均驻留时间 $1/(\varepsilon_E + m_L)$、 $1/(\gamma_E + m_D)$ 和 $1/(\gamma_E + m_U)$，在此期间感染者可能继续发展或

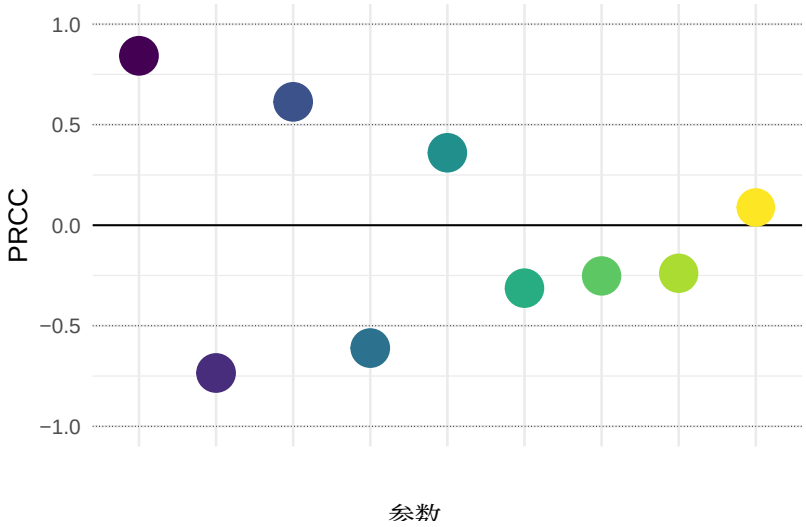


图 2：输出地控制再生数 $\mathcal{R}_c^E$的偏秩相关系数（PRCC）敏感性分析。

在输出地传播感染。另一方面，筛查会增加再生数，因为它会增加 D_E 种群。

我们还推导出一个最终规模关系，其形式为

$$\ln\left(\frac{S_E(0)}{S_E(\infty)}\right) = \frac{\mathcal{R}_c^E}{S_E(0)}(S_E(0) - S_E(\infty)) + \beta_E \mathbf{b}\mathbf{V}_E^{-1}\mathbf{x}(0), \tag{8}$$

其中，$\mathcal{R}_c^E$（当 $\sigma_E = 0$ 时可化简为 $\mathcal{R}_0^E$）和 $\mathbf{bV}_E^{-1}\,\mathbf{x}(0)$ 分别由附录 A.1 中的公式 (6) 和 (A.2) 定义。数值求解 $S_E(\infty)$ 后，即可计算例如所谓的攻击率（$S_E(0) - S_E(\infty)$）$/S_E(0)$，也就是在流行病过程中感染的易感人群所占比例（通常以百分比表示）。最终规模以及由此得出的攻击率几乎完全由再生数 $\mathcal{R}_c^E$决定。例如，我们使用与图 2 相同的样本点，对输出地的攻击率进行了 PRCC 敏感性分析。结果（未显示）与图 2 中的结果几乎无法区分，计算所得偏秩相关系数的最大差异仅为 0.0002。有意思的是，在图 2 和最终规模敏感性分析中，σ_E 的 PRCC 都非常小（略为正值）：尽管出发前筛查会使已检测的 U_E 旅行者作为 D_E 个体留在输出地，但其在公式 (6) 和 (A.2) 中的贡献还要乘以较小的移动率 m_U 和降低后的传染性 ξ_E。

图 3 展示了输出地的攻击率如何随隔离状态下的基本再生数 $\mathcal{R}_0^E|m_X = 0$ 和移动率变化。该 $\mathcal{R}_0^E = 1$ 曲线在后者为 1 且不存在移动时与 $\mathcal{R}_0^E|m_X = 0$ 相交，但随后会随着 m_X 的增加而向右移动。图 3 证实了一个凭直觉即可理解的事实：如果没有病例再次输入，那么允许当前病例离开会减轻当地感染的严重程度，因为这相当于释放了输出地感染的“压力”。这里的行为也很典型：由于（3）是一个流行病模型，当 $\mathcal{R}_0^E < 1$时，解会下降至无病连续平衡态。

3.2 连续时间马尔可夫链（输出地）

对于输出地模型，与（3a）–（3e）相对应的连续时间马尔可夫链仅使用状态 S_E、L_E、D_E、U_E 和 R_E，以及表 1前两个行块中的转移；但与离开输出地相关的转移（第二个行块）采用 $\to (X_E - 1)$、$X \in \{L, D, U\}$，而不是表 $\to (X_E - 1$、$X_I + 1)$ 中所列的 1。

在图 4中，我们展示了疫情暴发的平均数量（定义见第 2.6 节和附录 C），并将其表示为输出地的基本再生数 $\mathcal{R}_0^E$的函数，其中初始条件为 $S_E(0) = 9,\ 999, L_E(0) = 1$，其余变量均为零。请注意，可观测疫情的平均数量不断增加，而基于所有感染性激活（已检测和未检测）的不可观测到的疫情暴发，以及基于新感染的疫情暴发数量则大致保持不变，略高于 1，且前者略低于后者。

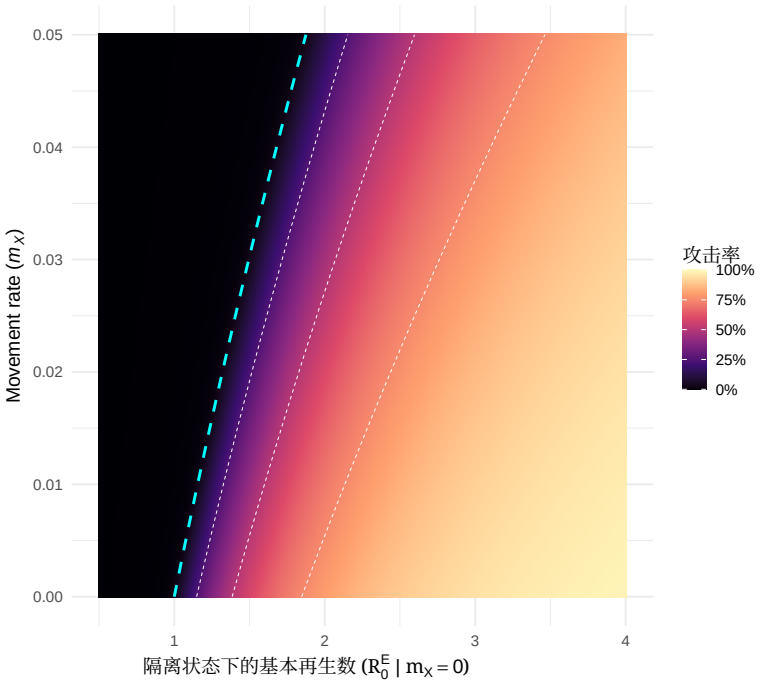


图3：输出地攻击率与隔离状态下的再生数以及从输出地到输入地的个体移动率之间的关系。蓝色曲线表示 $\mathcal{R}_0^E = 1$。

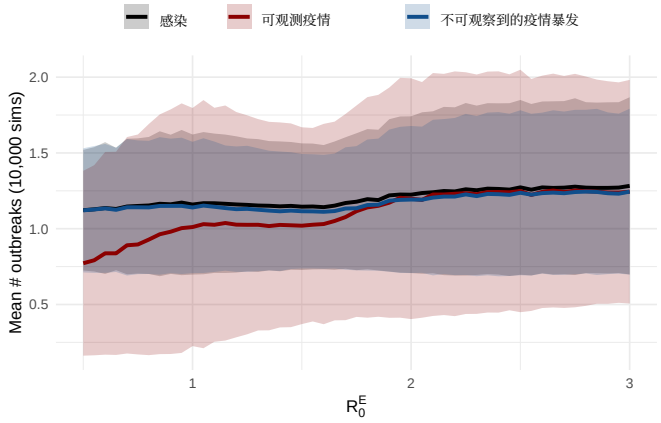
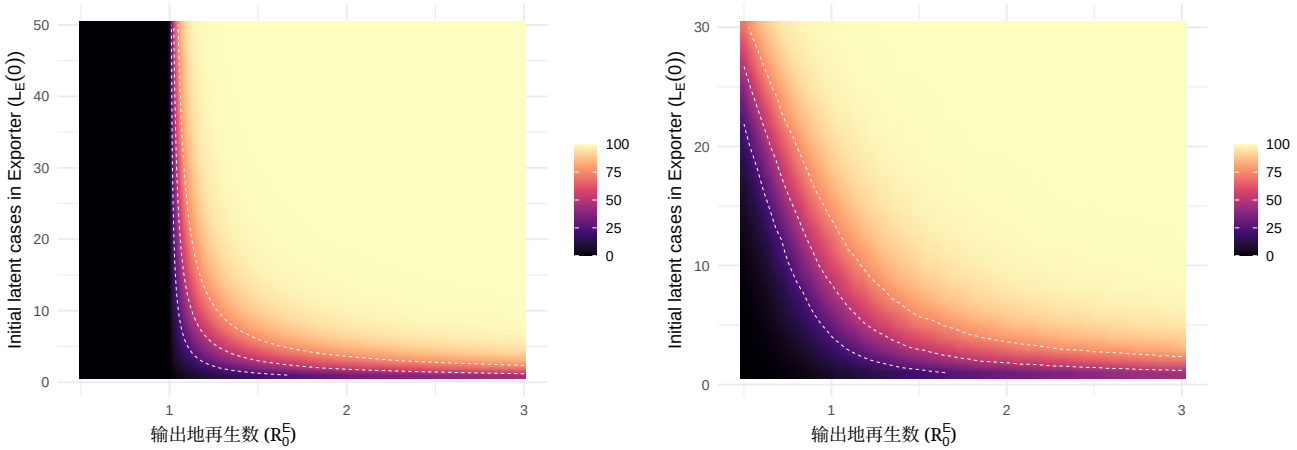


图4：输出地中不同类型疫情暴发的平均次数，初始条件为 $S_E(0) = 9,999, L_E(0) = 1$，且所有其他舱室均为空。

3.3 多类型分枝过程近似（输出地）

为计算小规模引入所导致疫情暴发的解析概率，我们构建了专门针对输出地的多类型分枝过程。地点特异性生成函数的正式定义以及理论疫情暴发界限（定理 B.1）的推导详见附录 B.1。



（a）多类型分枝过程近似　　（b）连续时间马尔可夫链

图 5：利用多类型分枝过程近似（MBPA）从理论上计算输出地发生疫情暴发的概率（a），以及通过随机连续时间马尔可夫链模拟从经验上计算的概率（b）。

图 5展示了输出地发生疫情暴发的概率如何随再生数 $\mathcal{R}_0^E$以及初始潜伏感染者人数 $L_E(0)$ 变化。这也说明了使用 MBPA（图5a）和连续时间马尔可夫链（图 5b）所得结果之间的一个根本差异。MBPA 根据定理 B.1 得出的结果是精确的，且可以通过确定性方法计算。另一方面，该结果不涵盖 $\mathcal{R}_0^E < 1$ 的情况，并且仅在接近无病平衡点时有效；随着初始潜伏期个体人数不断增加，差异也随之增大，这一点足以说明上述结论。此时连续时间马尔可夫链便派上了用场，因为它可以通过计算评估疫情暴发的概率。（请注意，也可以从连续时间马尔可夫链中获得一些解析结果，但这超出了本文的讨论范围。）然而，为了从连续时间马尔可夫链中获得可靠信息，必须针对所考虑的参数空间中每个点运行大量实现。

正如预期的那样，初始感染数在决定是否会发生疫情暴发方面起着极其重要的作用。虽然当初始感染数大于 $\mathcal{R}_0^E$且小于 1 时，多类型分枝过程近似无法得出结论，但两种方法都表明，如果初始病例数较低，疫情暴发的概率适中；然而，一旦病例数增加，该概率就会迅速上升。图5b更清楚地展现了这一点：当输出地的初始引入规模较大时，即使非常小的 $\mathcal{R}_0^E$也会引发疫情暴发。

4 输入地单独存在时的结果

现在我们简要关注没有地点间流动时的输入地，即 $m_L = m_D = m_U = 0$ 的情况。这一特例很有用，因为它对应于实施全面中断旅行时的情形。

我们先介绍输入地子系统确定性版本的性质。我们求得输入地单独存在时的基本再生数，

$$\mathcal{R}_0^C = \frac{\beta_C}{\gamma_C}\left(p_C\xi_C + 1 - p_C\right) S_C(0) \tag{9}$$

以及最终规模关系

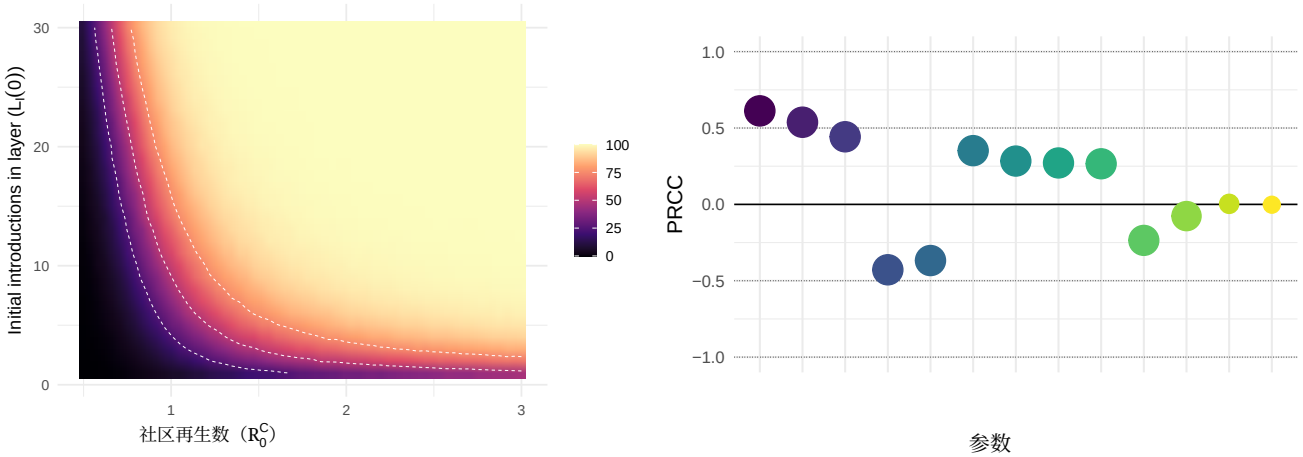
$$\ln\left(\frac{S_C(0)}{S_C(\infty)}\right) = \frac{\mathcal{R}_0^C}{S_C(0)}\left(S_C(0) - S_C(\infty)\right) + \beta_C \mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\mathbf{x}(0), \tag{10}$$

其中 $\beta_C \mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\,\mathbf{x}(0)$ 的形式为

$$\beta_C \mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\mathbf{x}(0) = \frac{\beta_I}{\gamma_I}\left[(p_I L_I(0) + D_I(0))\xi_I + (1-p_I)L_I(0) + U_I(0)\right]. \tag{11}$$

详见附录A.3，其中详细介绍了 $\mathcal{R}_0^C$ 和最终规模关系的计算。请注意，为了得到（11），我们假设$\mathbf{x}$（0）=（L_I（0） D_I（0） U_I（0）、0、0、0），也就是说，社区中最初没有感染者。很容易得到一个涉及社区中感染者初始正数的最终规模关系，但这超出了本文的范围；本文聚焦于社区在没有病例的情况下开始流行的情形。

值得注意的是 β_I 和 ξ_I 并未出现在（9）中。虽然这乍看起来可能有些反直觉，但其实很容易解释。事实上，尽管 L_I、 D_I 和 U_I 会促成感染，但由于不存在移动，它们无法得到补充。因此，它们引发流行病的能力仅限于在社区中启动感染过程。这一点可从最终规模关系（10）中看出。



(a) $L_I(0)$ 的函数　　(b) PRCC

图 6：作为 (a) 本地控制强度 $\mathcal{R}_0^C$和潜伏感染者初始数量 $L_I(0)$ 以及 (b) 敏感性分析中各项参数的函数，导致输入地发生疫情暴发的模拟比例。

随后，我们使用图 6a 中输入地子系统的连续时间马尔可夫链版本，观察到其图像与图 5 中的非常相似。引入数量极低时，即使 $\mathcal{R}_0^C$较高，估计的疫情暴发概率也相对较低。然而，当 $\mathcal{R}_0^C$大于 1 时，该概率会迅速上升。例如，当 $\mathcal{R}_0^C = 2$时，初始 $L_I(0) = 1$ 会导致约 33% 的病例发生疫情暴发，而 $L_I(0) = 6$ 则会导致约 90% 的病例发生疫情暴发。

针对输入地，用于估计精确理论疫情暴发界限的正式多类型分枝过程近似已在数学上构建完成（定理B.2），详见附录 B.2。在图6b中，我们使用定理 B.2 根据参数取值计算疾病暴发的概率，并进一步据此计算疫情暴发概率敏感性的偏秩相关系数。参数β、 γ 和 ξ 对 $\mathcal{R}_0^E$(图 2）的变化起主要作用，它们与按重要性排序的 U_I(0)、 L_I(0) 和 D_I(0) 一同，对疫情暴发概率有重要影响。

5 出口者-进口者模型中的结果

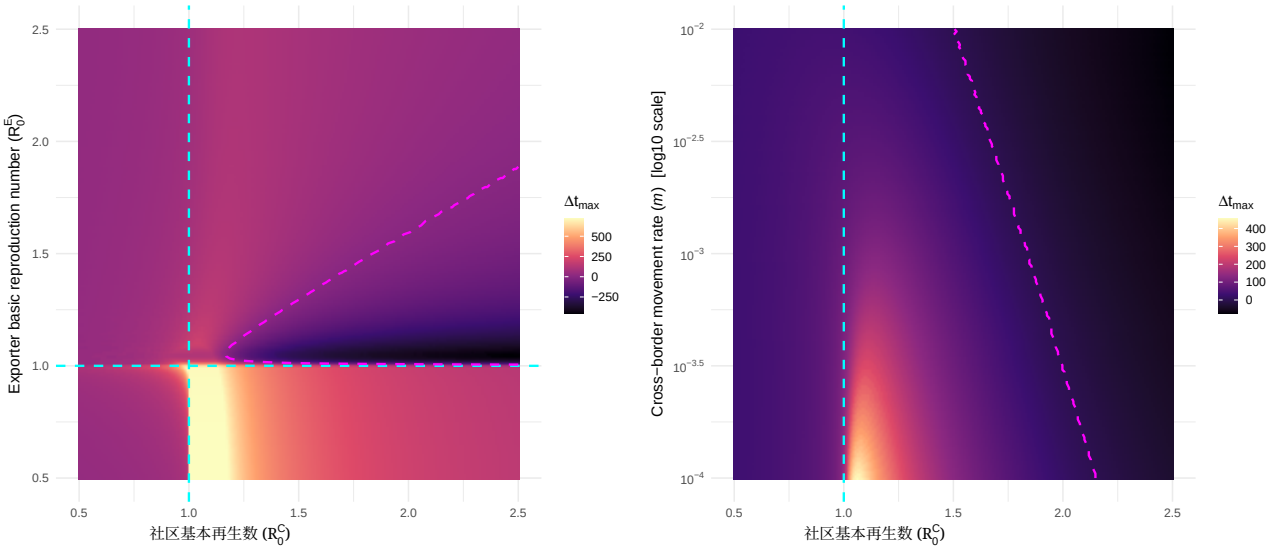
现在我们回到完整模型（3）、其对应的连续时间马尔可夫链，以及后者的分枝过程近似。

5.1 确定性分析（完整模型）

对于一般的出口商-进口商模型，我们发现其基本再生数

$$\mathcal{R}_0 = \max\left\{\mathcal{R}_0^E, \mathcal{R}_0^C\right\}. \tag{12}$$

这在附录 A.4中已经确立。在该附录中，还针对一般的出口商-进口商模型（3）推导了最终规模关系（A.8）。如附录 A.4.1 （方程（A.10）–（A.11））所示，该关系根据输入地的本地控制呈现出两种不同状态：当 $\mathcal{R}_0^C > 1$时，对于任意正的累计输入负荷，确定性最终规模 $S_C(0) - S_C(\infty)$ 都接近无外部输入时的社区疫情规模 $\Lambda_{E\to I} > 0$；而当 $\mathcal{R}_0^C < 1$时，社区感染的累计数量通过（ $\Lambda_{E\to I}$）呈线性扩展，并满足（$1 - \mathcal{R}_0^C$）$^{-1}$。



(a) $\mathcal{R}_0^E$ 与 $\mathcal{R}_0^C$的关系

(b) m_X 与 $\mathcal{R}_0^C$的关系

图 7：确定性模型中，输出地与输入地之间的峰值时间差 $\Delta t_{\max} = t^C_{\max} - t^E_{\max}$，作为本地控制 $\mathcal{R}_0^C$ 以及 (a) $\mathcal{R}_0^E$ 和 (b) 移动率 m_X的函数。洋红色曲线为等值曲线 $\Delta t_{\max} = 0$，青色曲线表示 $\mathcal{R}_0^X = 1$、 $X \in \{E, C\}$ 所在的位置。

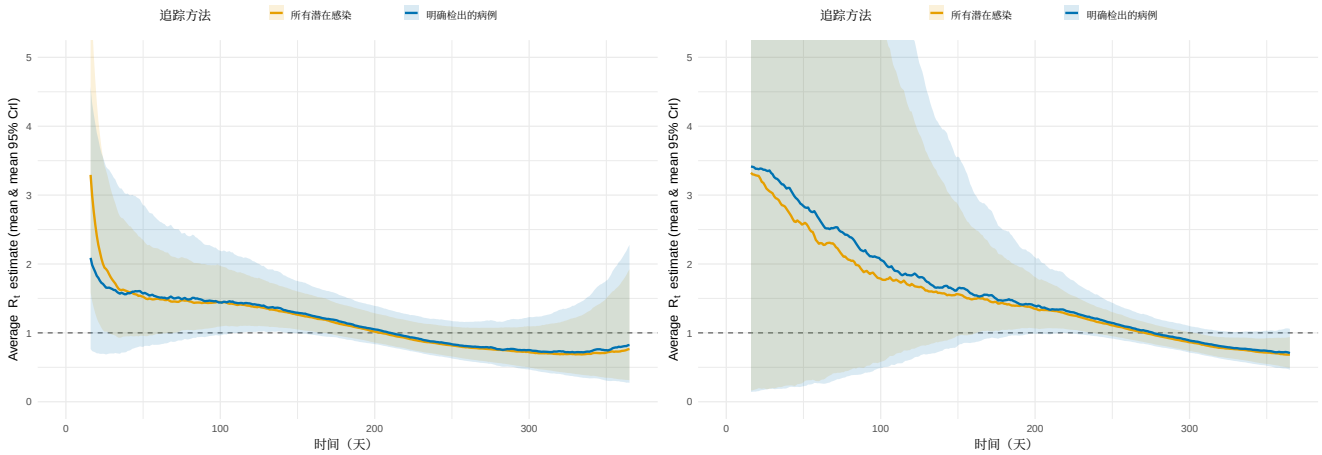
在图7中，我们使用确定性模型研究输出地与输入地之间的同步延迟（或峰值时间偏移）。我们记录峰值时间；图D.2 展示了输入地引入层和社区各自的峰值时间，并计算时间差 $\Delta t_{\max} = t^C_{\max} - t^E_{\max}$。在两幅图中，$x$轴显示了输入地局部控制措施的影响，其代理指标为 $\mathcal{R}_0^C$。有趣的是，我们在图7a 中观察到一个临界区域（由红色曲线界定）：当$\mathcal{R}_0^E$略大于 1，且 $\mathcal{R}_0^C$不断增大时， $\Delta t_{\max}$ 变得越来越负，也就是说，输入地的疫情峰值早于输出地的疫情峰值。

请注意，在图 7a中， $\mathcal{R}_0^E = 1$ 下方的部分实际上并不重要：在输出地， $\mathcal{R}_0^E < 1$ 意味着峰值出现在时间 $t = 0$。因此， $\Delta t_{\max}$ 几乎完全取决于 $\mathcal{R}_0^C$。

5.2 连续时间马尔可夫链（完整模型）

在图 8中，我们展示了使用 `R` 软件包 `EpiEstim`得到的结果。该软件包根据流行病学数据计算随时间变化的 $\mathcal{R}_t$。我们对输出地（图 8a）和输入地（图8b）分别进行了 1,000 次模拟，并使用该软件包计算 $\mathcal{R}_t$ ，同时展示了各数值的 95%可信区间（CrI）。我们观察到，在输出地， $\mathcal{R}_t^E$初始值接近 $\mathcal{R}_0^E = 1.5$ ，早期可信区间较宽；随后随着易感个体逐渐耗竭，该值单调下降，并在第 210 天左右降至 1 以下（约为输出地的平均疫情峰值时间，未显示）。在疫情主要阶段，可信区间较窄；而在疫情暴发后期，随着发病率降低，可信区间再次变宽。在输入地， $\mathcal{R}_t^I$ 在本地传播初期病例数较少且受随机输入影响时，初始值高于 3，且可信区间非常宽；随后该值下降，并在第 270 天左右降至 1 以下，传播主要阶段的可信区间则窄得多。我们使用 `EpiEstim` 的主要目的是，这类工具或可供公共卫生官员用于制定干预决策。我们将在第 6 节讨论干预措施时再回到这一点。

图9 展示了完整连续时间马尔可夫链单个样本实现的摘要，重点关注模型中的重要转移。其他示例见附录D（图D.1）。在所有这些图中，从下到上依次展示所考察的每日事件数：输出地中的事件数、进入引入层的到达数，以及源自引入层的社区感染数（第三



(a) 输出地　　(b) 输入地

图8：在至少发生过一次引入事件的情况下，基于 1,000 次模拟得到的平均 $\mathcal{R}_t$ 估计值，分别对应 (a) 输出地和 (b) 输入地。使用 EpiEstim 软件包进行估计。黄色曲线：所有感染来源；蓝色曲线：仅已检测到的感染。

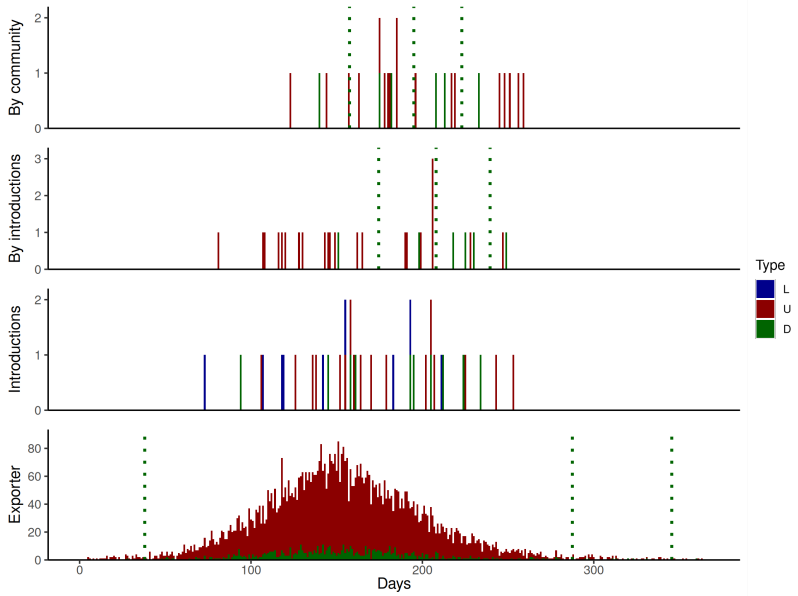


图9：完整连续时间马尔可夫链模型的一个样本实现，其中 $\mathcal{R}_0^E = 1.5$, $\mathcal{R}_0^C = 0.8$ ，且每个地点的初始总人口为 10,000，展示了模型各组成部分的发病率。从底部面板向上依次为：输出地的发病率、引入的发病率（在输出地感染并抵达输入地的个体）、由引入病例造成的输入地发病率，以及由输入地个体造成的输入地发病率。绿色竖直虚线表示观察到的 疫情暴发之间的分隔。

面板）以及社区（上方面板）。除引入层外，我们关注新增感染病例（已检测或未检测）。在引入层中，我们指出发生了哪种类型的引入，因此也展示潜伏期个体的到达情况。在除引入层之外的所有层中，绿色竖向虚线表示两个连续可观测疫情暴发之间的中点（即，两个连续检出病例之间经过超过 τ 天时；见第2.6 节和附录C）。

在图9所示的实现中，少数病例从输出地传播至输入地，但输入地的再生数（$\mathcal{R}_0^C = 0.8$）不足以支持当地疫情持续暴发，传播链逐渐消退；两次检测之间的间隔超过 τ，导致社区内出现了4次彼此独立、源自社区内部的可观测疫情暴发。请注意，由于模拟具有随机性，这绝不是唯一可能出现的情形。在图D.1a中，在相同的 $\mathcal{R}_0^C = 0.8$条件下，输入地的疫情暴发则明显得多。

当输入地的管控较为宽松（$\mathcal{R}_0^C = 1.5$）时，当地的疫情暴发会严重得多，因为任何额外的引入都会进一步加剧本地传播。图 D.1b 和 D.1c清楚地展示了这一点。值得注意的是，尽管引入次数很少，仍会发生疾病跨区域传播。尤其是图 D.1c，令人警醒。图中，输出地经历了四次轻微的疫情暴发。随后，一名已检测个体前往输入地，并在那里感染了一人；此人继而引发了一场规模非常大的疫情暴发。

5.3 多类型分枝过程近似（完整模型）

联合输出地-输入地分枝过程近似的理论灭绝概率的计算（定理 B.3）详见附录 B.3。

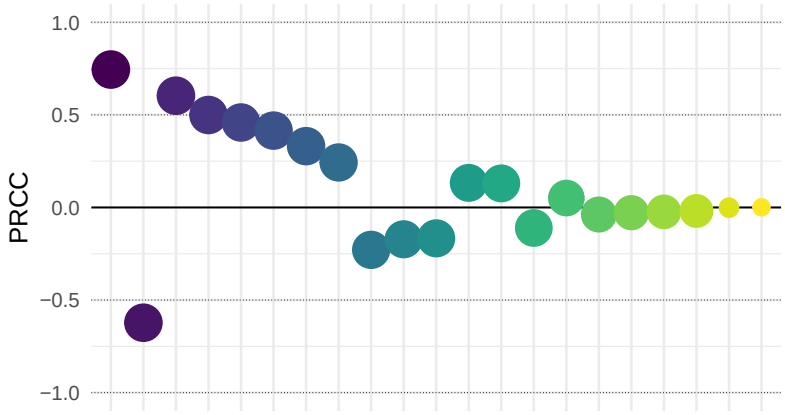


图1　　0：完整模型中疫情暴发概率的偏秩相关系数，依据定理 B.3　　.

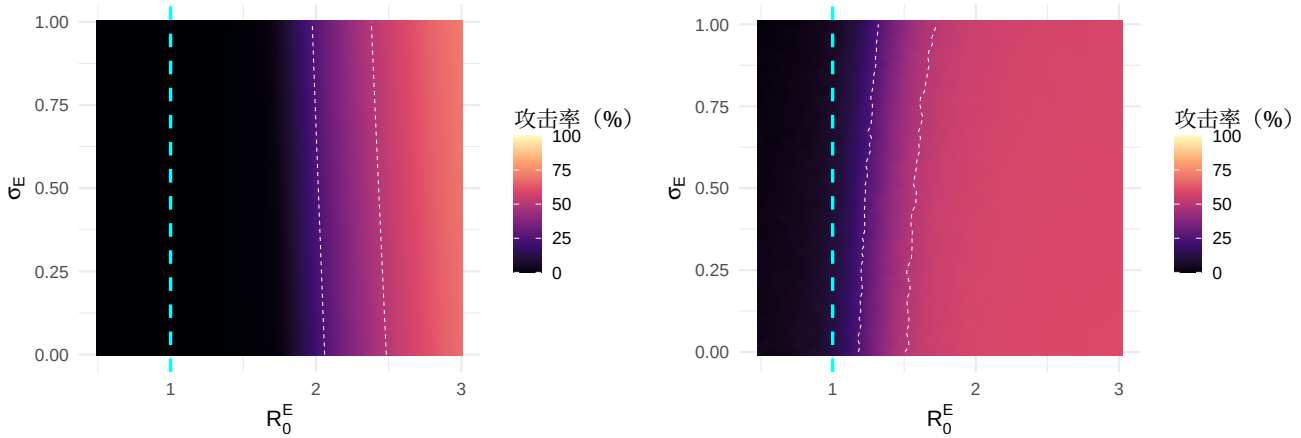
图 10展示了完整输出者-输入者系统（2）中疫情暴发概率的偏秩相关系数敏感性。请注意，我们添加了初始条件 $L_E(0)$、$D_E(0)$ 和 $U_E(0)$，并将它们限制在较小的数值范围内，以确保多类型分枝过程近似仍然有效。定理B.3的应用并不限于 $\mathcal{R}_0 > 1$的情形，这意味着敏感性分析也包含无疫情概率。我们观察到，除 β_E、γ_E 和 ξ_E（它们是图 2中影响最大的参数）之外，这里还可见，感染者初始数量 $U_E(0)$、$L_E(0)$ 和 $D_E(0)$（按此顺序）也发挥着重要作用。

6 旅行管控措施的影响

在前面的章节中，我们讨论了控制措施，但方式较为简单，主要考察改变$\mathcal{R}_0^C$所产生的影响，并将其作为输入地控制力度的替代指标。在这里，我们考虑更精确且更符合现实的控制情景：出发前筛查、隔离和旅行中断。

6.1 出发前筛查的影响

我们首先考虑出发前筛查，因为模型对此进行了明确建模。出发前筛查适用于所有从输出地出发的个体，但其影响作用于 D_E 和 U_E舱室中的个体。也就是说，在图9 和图D.1a–D.1c的示例中，始终允许引入的只有深蓝色（潜伏）个体；检测失败时，也会有一些深红色（未检测）个体进入。我们假设，如果实施了筛查，即 $\sigma_E > 0$，那么 D_E 个体将被完全禁止旅行，因此设定 $m_D = 0$。



（a）输出地　　（b）输入地

图 11：（a）输出地中的攻击率（以 % 计，确定性最终规模）和（b）输入地中的攻击率（每个网格点的 1,000 次连续时间马尔可夫链模拟的平均值，$\mathcal{R}_0^C = 1.5$）与 $\mathcal{R}_0^E$及出发前检测效率 σ_E 的函数关系。已检测个体的移动为零。

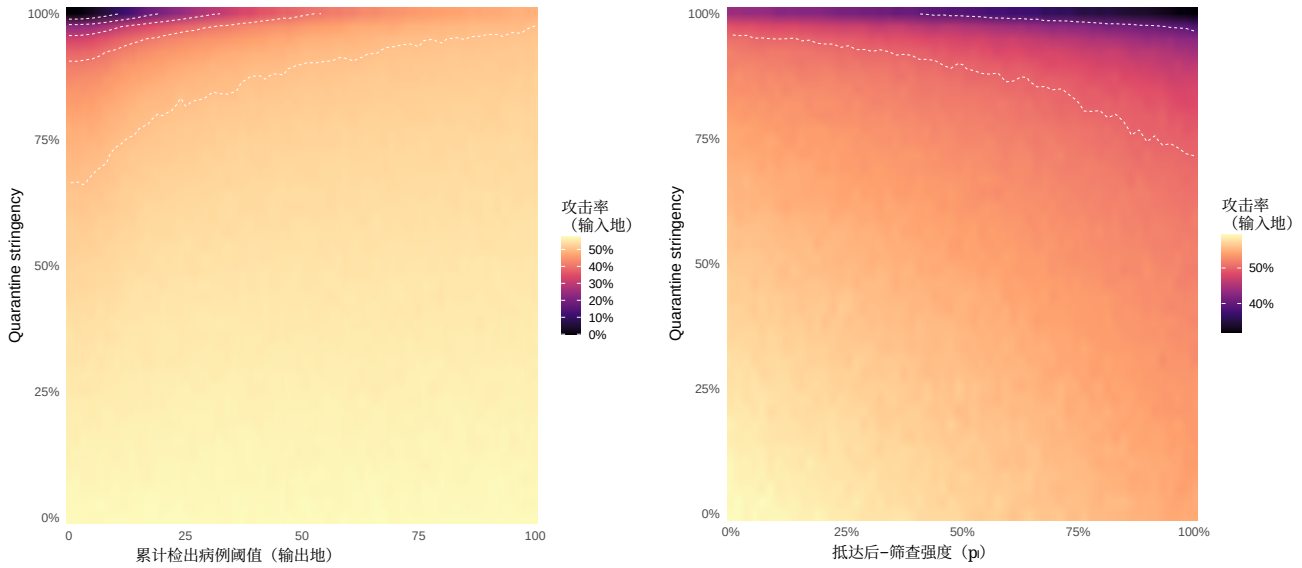
首先要指出，从输出地的角度来看，这项措施造成的一项间接公共卫生成本有限。事实上，在图 11a （根据确定性最终规模关系计算）中，我们看到，无论出发前检测效率 σ_E为何，输出地的攻击率完全由 $\mathcal{R}_0^E$决定；尽管检测效力完美时，所有未检测到的出境个体都会留在输出地，从而加剧当地的流行病。在连续时间马尔可夫链模拟中，输入地的平均攻击率也是如此（图 11b），同样不受 σ_E 影响，因为潜伏感染的（L_E）旅行者无法通过出发前筛查检出，并会继续在输入地播散病原体。

这凸显了《国际卫生条例》 [35]下物流效率、流行病学效力与经济负担之间的重要矛盾。从全球交通网络的角度来看，在源头进行出境筛查，远比在各目的地国家进行入境筛查高效且干扰更小；前者只需在少得多的机场实施干预，而且每名有风险的旅行者对应筛查的低风险旅行者数量也少几个数量级 [17]。此外，由于航空旅行的持续时间通常远短于大多数呼吸道病原体的潜伏期，很少有潜伏感染的（L_E）旅行者会在途中发展到可被检测的状态，这意味着入境时筛查相较于出境筛查几乎不会增加检测收益 [17]。然而，尽管让已检测出的旅行者滞留会给输出地带来可忽略不计的间接流行病学成本（图 11a），《国际卫生条例》下的直接运营和医疗保健成本却完全由输出地承担：根据第 23 条、第 32(c) 条和第 40(1) 条，实施出境筛查的缔约国不得向旅行者收取筛查、补充医学检查、隔离和检疫的费用，并且必须承担适当医疗、住宿、食物和饮水的费用，这些费用针对被拒绝出境的旅行者。由此，出境筛查使输出地承担起保护外国辖区所需的全部经济和临床负担，尽管如图 11b所示，潜伏感染的（L_E）旅行者漏检，意味着单独实施筛查不足以阻止易感输入地发生疫情暴发，其 $\mathcal{R}_0^C > 1$。

6.2 隔离的效果

隔离是对入境个体自动实施的隔离，无论其实际疾病状态如何。在 [1],中，曾针对一个与本文地点模型略有相似的模型，进行了一些有关隔离的计算。通过考察个体在没有接触的情况下经过各隔室的进程（完全遵守隔离规定的个体便是如此），[1] 推导出了隔离效果与隔离时长之间的函数关系。

这里，我们采用一种更简单的方法：将引入层中个体的传播系数 β_I 降低一个与隔离严格程度相对应的系数（因此，隔离严格程度为 $s \in [0,1]$ 时，会将 β_I 替换为 $(1-s)\beta_I$）。如果 $s=1$ ($\beta_I=0$)，那么隔离就是完全有效的，因为引入层中的个体不会与社区成员接触。在这种情况下，如果在引入任何病原体之前实施这项措施，那么显然就不会有病原体引入。



(a) 触发阈值与隔离严格程度　　(b) 入境后筛查 p_I 与隔离严格程度

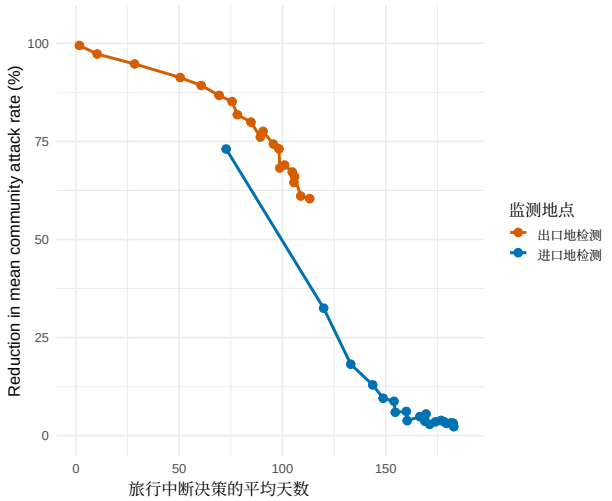
图12：输入地的平均攻击率（%）（$\mathcal{R}_0^E = \mathcal{R}_0^C = 1.5$，每个网格点进行 10,000 次连续时间马尔可夫链模拟），随隔离严格程度（ β_I 的分数减少量）以及 (a) 输出地用于触发隔离的累计检出病例数，或 (b) 入境后筛查强度 p_I 的变化而变化；当输出地累计检出病例达到 50 例时触发隔离。

在图 12中，我们使用连续时间马尔可夫链模拟，考察隔离严格程度与实施时机及入境后筛查之间的相互作用。在图12a中，当输出地的累计检出病例达到给定阈值时触发隔离。我们发现，只有在隔离严格程度非常高（约高于80%），且措施在较早阶段、即输出地累计检出病例数较少时触发，隔离才会显著降低输入地的平均攻击率。一旦输出地已累计出现更多病例，至少一名感染旅客在隔离实施前已将感染传入输入地，或通过不完全隔离漏过的概率就足够高，因而疫情会在社区中暴发。在图 12b中，我们将实施触发条件固定为输出地累计检出 50 例病例，并改变入境后筛查强度 p_I 以及隔离严格程度。由于潜伏期感染入境者（L_I）以概率 D_I 进入已检测舱室 p_I，且其传染性已降低$\xi_I = 0.1$，提高 p_I 会增强隔离严格程度的效果：当严格隔离与高强度入境后病例检测相结合时，输入地攻击率降幅最大，这对应于图中右上区域。

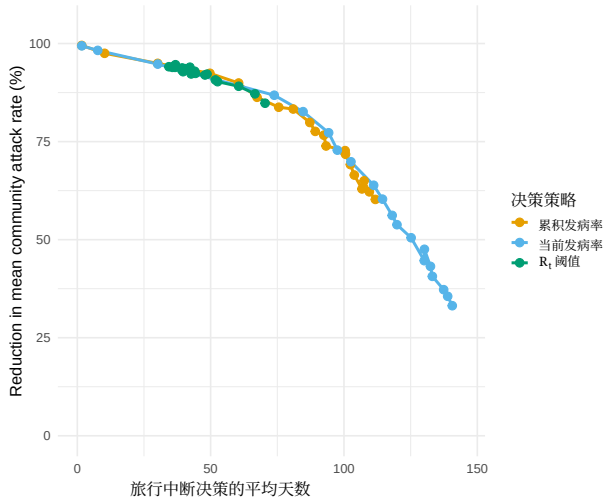
6.3 旅行中断的影响

现在假设，在输出地开始传播一段时间后，输入地当局实施全面旅行禁令，此后 $m_L = m_U = m_D = 0$。在此，我们使用连续时间马尔可夫链模拟，评估由流行病学指标触发的旅行禁令。（附录D.3 中的图D 考察了在输出地开始传播后的某个预定时间实施旅行禁令的情形。）

我们首先考察，旅行中断应由输出地还是输入地的监测触发。在图13a中，当累积确诊病例数达到给定阈值时实施全面旅行禁令（从 $[1,100]$中抽取的20个值），并分别在输出地（D_E，橙色曲线）或输入地（$D_I + D_C$，蓝色曲线）进行跟踪；评估指标为相对于未干预基线平均社区攻击率49.4%的相对百分比降幅。两条曲线中，最低阈值（1例已检测病例）对应最靠左上方的点；阈值越高，采取行动的时间越晚，输入地攻击率的降幅也越小。根据输出地累积检出病例采取行动，显然在所有阈值下都优于根据输入地检出病例采取行动：



(a) 输出地与输入地的监测



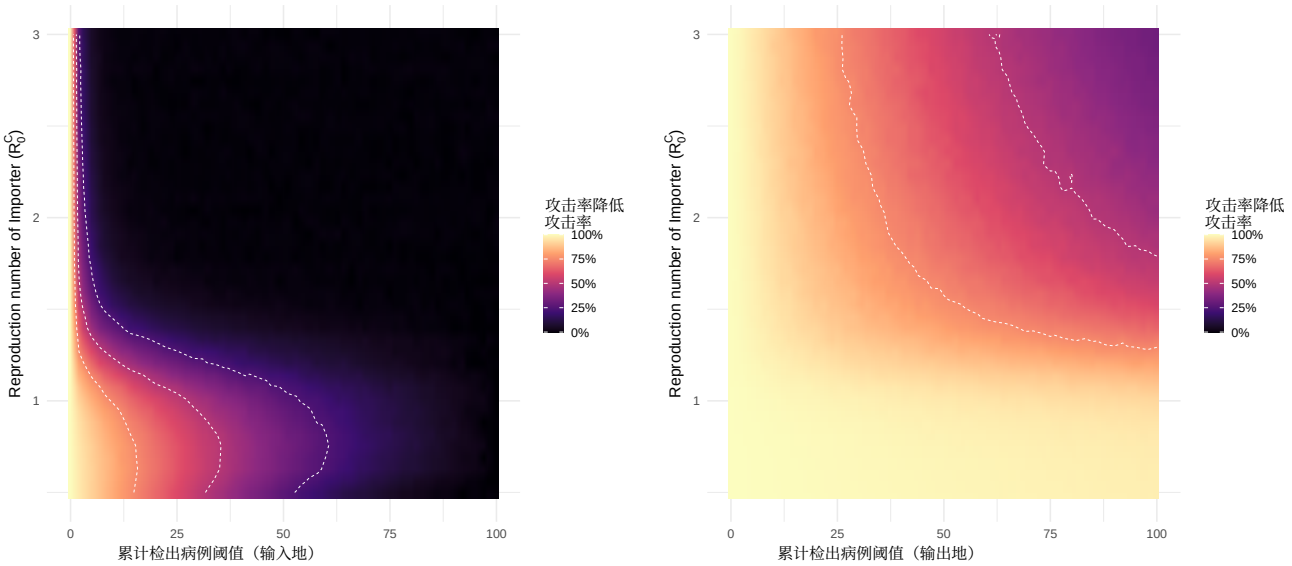
(b) 输出地触发条件比较

图13：采用不同旅行中断触发条件后，输入地社区平均攻击率的相对百分比降幅（$\mathcal{R}_0^E = \mathcal{R}_0^C = 1.5$，每个阈值进行5,000次连续时间马尔可夫链模拟；降幅相对于未实施旅行限制时社区平均攻击率的基线值49.4%计算）。当监测指标达到规定阈值时（见正文）即作出决策，结果显示在 x轴上的平均旅行中断日。(a) 由输出地（橙色曲线）或输入地（蓝色曲线）的累积检出病例触发旅行中断。(b) 在输出地，使用累积发病率（黄色曲线）、7日发病率（蓝色曲线）或 $\mathcal{R}_t$ 阈值（绿色曲线）对已检测病例（D_E）触发旅行中断。

即使采用最敏感的本地触发条件（输入地检出1例病例），平均也要到第73天左右才会触发（攻击率降低73.0%，平均攻击率降至13.3%），其降幅仍小于等到输出地累积检出病例超过60例后再采取行动所能达到的降幅。此外，监测输入地时，攻击率降幅在最初几个阈值之间急剧下降（阈值达到11例后降幅便低于20%）；而监测输出地时，效力的损失则缓和得多。这表明，尽管在政治上更为敏感，旅行中断的决策仍应以相互连接的输出地的疫情情报为依据，而不应等到输入地出现本地检出病例后才采取行动。

在确定触发条件应基于输出地的监测后，我们在图13b中比较了三种使用输出地检出病例（D_E）评估的决策机制，每种策略均测试了20个阈值：在 $[1, 100]$ 采样的累计检出发病率（黄色曲线，与图13a中的橙色曲线相同）、在 $[1, 50]$ 采样的过去7天窗口内当前发病率（蓝色曲线），以及使用 $\mathcal{R}_t$ 对过去7天窗口内估算的瞬时再生数 `EpiEstim` [7]（至少检出累计12例病例后）在 $[1, 2.5]$ 采样的值（绿色曲线）。以触发旅行禁令的平均天数为横轴绘图时，所有基于输出地指标的结果都落在同一条效力曲线上：输入地攻击率的相对降幅主要取决于触发条件多早使旅行停运，而与当天触发决策的具体指标无关。不过，这三种指标覆盖了该曲线的不同区段：较低的累计发病率或7日发病率阈值可在输出地传播的最初几天内触发禁令（降幅超过98%）；而 $\mathcal{R}_t$ 需要病例累积到一定数量后才能可靠估算，因此即使是其最低阈值（$\mathcal{R}_t = 1$），平均也要到第34天左右才会触发（降幅约为94。1%）。另一方面，基于 $\mathcal{R}_t$的触发条件“离散度”较小；在选定的 $[1, 2.5]$ 范围内，始终会导致停运，并实现较高的攻击率相对降幅（至少84。8%，使平均攻击率保持在8%以下）。

我们进一步探讨在不同程度的本地传播控制下（$\mathcal{R}_0^C$），基于输入地和输出地的累积检测触发机制之间的差异。图14采用连续时间马尔可夫链模拟，扩展了图13a ($\mathcal{R}_0^C = 1.5$)中的比较，将范围扩展至 $\mathcal{R}_0^C \in [0.5, 3]$。两个面板均以相同刻度显示输入地平均社区攻击率的相对百分比降幅：对于每个 $\mathcal{R}_0^C$ 取值，均与相应的未干预基线进行比较；旅行禁令分别在输入地（图14a）和输出地（图14b）的累积检出病例达到触发条件时实施。图14a显示，当旅行中断依赖于输入地的本地检出时，只要阈值超过少数几个病例，相对降幅便会迅速趋近于零；当$\mathcal{R}_0^C$取值较大时，这一现象尤为明显。相比之下，图14b 显示，触发旅行



(a) 输入地检测

(b) 输出地检测

图14：输入地社区平均攻击率的相对百分比降幅（$\mathcal{R}_0^E = 1.5$，每个网格点进行10,000次连续时间马尔可夫链模拟）随局部再生数 $\mathcal{R}_0^C$ 以及触发全面旅行中断所使用的累计检出病例阈值而变化；其中，在（a）输入地（$D_I + D_C$）和（b）输出地（D_E）监测累计检测数。每个 $\mathcal{R}_0^C$ 处的降幅均相对于无旅行限制时的基线平均攻击率计算；该基线平均攻击率从$\mathcal{R}_0^C = 0.5$ 处的0.7%上升至$\mathcal{R}_0^C = 1.5$ 处的49.4%，并在 $\mathcal{R}_0^C = 3.0$处达到86.9%。

中断的条件若设为输出地的累积检出病例，那么在所有 $\mathcal{R}_0^C > 1$ 下，即使阈值范围宽得多，输入地攻击率的相对降幅仍能维持在较高水平；这一结果直观地证实，依据输出地监测采取行动，而非等待本地检出，能够带来保护效果。

6.4旅行管控措施的比较

对第6.1–6.3节所考察的三类旅行管控措施进行比较，可以说明：当输入地社区易受传播影响时（$\mathcal{R}_0^C > 1$），仅凭单一边境干预措施为何不足以应对。输出地的出发前筛查（图11）针对具有传染性的旅行者（U_E 和 D_E），但由于潜伏感染者（L_E）在出发时尚无法被检测，他们仍会进入输入地，并播散引发社区疫情暴发，而不受检测灵敏度 σ_E的影响。引入层中的抵达后隔离和筛查（图12）通过限制所有入境旅行者在引入层停留期间的接触，弥补了这一局限，其中包括那些以 L_I 抵达、随后发展为 D_I 或 U_I的旅行者。然而，除非隔离严格程度非常高且实施及时（或辅以强化的抵达后筛查 p_I），否则当 S_C 时，仅有少量传播事件从引入层进入 $\mathcal{R}_0^C > 1$就足以在社区中引发自维持性流行。

完全或部分旅行中断（图 13 和 14）会同时切断所有感染状态（L_E、 D_E和 U_E）的流入，但其单独效力对决策触发条件的时间和地点极为敏感。在输入地内检测到病例后才中断旅行（图 13a 和 14a）几乎总是为时已晚，因为当地检测滞后于无声的潜伏期引入和未检测引入的到达。根据对输出地的监测触发干预措施（图 14b）可提供更宽的行动窗口，但随着检测阈值升高，其益处仍会迅速减弱。

附录 A.7)–(A.14) 中推导出的解析终末规模关系（见附录 A.4 （参见附录 A.4.1 和 A.4.2）进一步阐明了：如果仅从输入地（$\Delta S_C = S_C(0) - S_C(\infty)$）的角度，而不是从整个耦合的输出者-输入者系统（$\Delta S_E + \Delta S_C$）来看，这三类措施为何表现不同。首先，如附录 A.4.1所示，当 $\mathcal{R}_0^C > 1$时，方程（A.10）表明，在确定性极限下，任何非零的累计输入负荷 $\Lambda_{E\to I} > 0$ 都会产生几乎相同的社区终末规模 ΔS_C；因此，当输入地社区易感（$\mathcal{R}_0^C > 1$）时，旅行措施会通过将输入数量降至足够低的水平，使引入在建立之前以随机方式灭绝（或者在首次成功引入之前完全停止旅行），从而降低连续时间马尔可夫链实现次数中的预期攻击率；

其次，在系统层面（附录 A.4.2），方程（A.12）–（A.13）表明，移动减少（$m_X \downarrow$）和出发前筛查（$\sigma_E \uparrow$）会将感染者留在输出地（因为出发旅行者中在 U_E 被筛查拦截的人员会被置于 D_E，并留在输出地），从而在 $\xi_E > 0$ 时略微增加 $\mathcal{R}_c^E$和输出地终末规模 ΔS_E。此外，根据（A.7），累计潜伏期输入病例 $\mathcal{I}_L$ 不显式取决于 σ_E，因此不会受到出发前筛查的影响。相比之下，方程（A.14）表明，引入层中的抵达后隔离和筛查（p_I 和 ξ_I）不会对 ΔS_E 产生向上的反馈，同时会直接削弱 $\mathcal{I}_L$ 对$\Lambda_{E\to I}$的贡献，从而降低输入地及整个耦合系统的疫情负担。因此，与“没有万灵药”这一观察一致，有效防护需要分层组合措施：将积极主动、基于输出地信息的边境管控（严格隔离和入境后检测 p_I，以控制 L_I 抵达）与地方公共卫生措施相结合，使 $\mathcal{R}_0^C$ 保持在一以下或接近一；在这种情况下，（A.11）保证残余边境漏出仍然较小，并且与 $\Lambda_{E\to I}$ 成比例，而不会引发大规模社区暴发。

7 讨论

本研究建立的数学和计算结果阐明了边境管控措施有时成功、有时失败的原因，并凸显了干预措施相对于病原体引入过程的时机所发挥的决定性作用。当输入地社区易受传播影响（$\mathcal{R}_0^C > 1$）时，耦合的输出地–输入地动力学（第4 和5节）表明，成功输入会迅速带领输入地渡过随机建立阶段 [4]，进入能够自我维持的地方性疫情阶段；此后，进一步的输入对疫情暴发进程的影响可以忽略不计。

边境措施能够切实改变疫情结局的窗口期很短，且早于大量本地检出。潜伏感染者（L_E）和未检测的（U_E）旅行者悄无声息地跨越边境，因此，单靠出发前筛查（σ_E）无法阻止疫情暴发的播种（第6.1节），而病例累计数或 $\mathcal{R}_t$ 输入地内的估计值必然滞后于实际输入。因而，在输入地出现本地检出后才启动旅行中断措施（第6.3节）在大多数实现次数中都为时已晚，这解释了为什么COVID-19疫情期间采取的反应性旅行禁令基本未能阻止新变异株的引入 [13, 12, 14]，却造成了社会动荡，也未能提供《国际卫生条例》第43条所要求的健康保护 [20, 35]。

旅行管控发挥良好作用的辖区（如纽芬兰与拉布拉多、努纳武特、爱德华王子岛、育空地区、曼尼托巴北部以及若干岛国 [6, 8, 10, 15, 22, 24, 25, 28, 31, 32]）具有本模型所识别的关键条件：地理隔离、可控入境点较少，以及已建立或及早实施的、由输出地情况提供信息支持的边境规程和严格的抵达后隔离或检测（p_I）在引入层（第6.2节）具备拦截潜伏期感染入境者的能力（L_I），使其在与社区接触前即被拦截；同时，地方公共卫生措施使$\mathcal{R}_0^C$维持在接近或低于1的水平，从而使残余泄漏逐渐消失（第6.4节）。

除了阐释过去边境干预结果的差异外，我们的研究结果还弥补了在零流行率地区管理传染病时一个关键的操作性空白 [15, 21]。当某个辖区成功实现社区传播清零后，公众风险感知自然会减弱，维持地方非药物干预措施（如社交距离或容量限制；这些措施的作用是使 $\mathcal{R}_0^C$维持在较低水平）的政治正当性也会日益脆弱。此外，如果没有引入，这些社区措施便可在不产生任何后果的情况下放宽，从而有助于维持清零策略的整体经济可行性[21, 27]。鉴于未发现的社区病例十分重要，因此有必要开展确定这一概率的分析 [26]，以便为评估放宽社区措施的可行性提供依据。同样，随着输入地的疫苗接种覆盖率提高，公共卫生官员需要定量依据，以规划安全地取消地方限制措施和边境措施。

在没有活跃的社区传播可供测量时，官员无法依赖根据当地病例数校准的标准流行病学模型。虽然对输入规模和溢出病例数的统计估计与机制估计为评估输入风险提供了必要基准 [15, 23, 24],，但仅凭输入率并不能直接转化为运行准备状态。通过在确定性和随机性情形下，将输出地动态、引入层与输入地社区相结合，我们的框架将输入率与目的地人群发生疫情暴发的风险及其预期特征联系起来，不仅预测疫情暴发的概率（定理B.2和B.3），还预测在不同旅行管控和当地 $\mathcal{R}_0^C$组合下的预期持续时间、峰值时间、峰值患病率和最终罹患率。这些预测使政策制定者能够评估输入病例引发疫情后超过当地医疗卫生容量的风险，并说明即使在能够实现零患病率控制的司法管辖区，仅依靠当地病例数来触发干预措施也不足够；掌握相互联系的输出地发病率的前瞻性情报至关重要。鉴于《国际卫生条例》2024 年修订对第43条下旅行措施的实质性规则几乎未作改动，

更有必要采用将病原体动态与输出地和输入地特征相结合的定量风险框架，以指导未来紧急情况下的协调边境管理 [20]。

我们的建模框架包含若干值得讨论的简化假设。首先，与 [2] 中使用的两个舱室，甚至与 [1]中考虑的更多舱室相比，本模型的简化之处在于每种类型的舱室（潜伏、已检测、未检测）仅设置了一个。虽然这使得各组舱室中的停留时间呈指数分布，而非埃尔朗分布，但降低了模型的复杂性。其次，我们在此仅考虑一种变异株。第三，我们忽略死亡，仅将个体视为因任何原因而不再具有传染性。事实上，本文的目的并不是拟合数据。

即使进行了这些简化，我们将感染者明确分为已检测（D）和未检测（U）舱室，仍有助于阐明围绕低发病率辖区（如纽芬兰与拉布拉多）的漏报和无法解释的超额死亡所展开的争论。由于每一例社区感染（$S_C \to L_C$），即使由 U_I 或 U_C中的未检测个体传播，也会在完成潜伏期后以 p_C 的概率进入已检测舱室 D_C，因此，已检出病例的发病率与未检出病例的发病率通过比值 $p_C/(1-p_C)$ 在结构上相互关联。因此，只要基本的检测与监测措施已经到位（$p_C > 0$），大规模且相互脱钩的未检测社区传播就不可能在不引发相应已检出病例激增的情况下悄然持续。当 $\mathcal{R}_0^C < 1$时，未检出引入只会在 U_C 和 D_C中形成很快灭绝的断续传播链；当 $\mathcal{R}_0^C > 1$时，任何已经建立的社区传播都会呈指数增长，并迅速在 D_C中显现。因此，在发病率接近于零的地区，将大量无法解释的超额死亡归因于广泛且未记录的 SARS-CoV-2 社区传播，在流行病学上是不合理的。

CRediT作者贡献声明

Julien Arino、ClotildeDjuikem和AmyHurford在概念化、方法、正式分析、调查、软件、可视化、初稿撰写以及审阅与编辑方面对本研究作出了同等贡献。

资金资助

JA和AH部分获得加拿大自然科学与工程研究委员会（NSERC）发现基金的支持。模拟在由加拿大公共卫生署（PHAC）于2020年向JA提供经费的合同资助集群上运行。

数据和代码可用性

本研究未使用实证数据。用于运行模拟和生成图的计算代码可应要求从通讯作者处获取。

利益冲突声明

作者声明，他们不存在可能影响本文所报告工作的已知财务利益冲突或个人关系。

参考文献

[1] J. Arino、N. Bajeux、S. Portet 和 J. Watmough。隔离与COVID-19输入风险。流行病学与感染，148:e298，2020年。[2] J. Arino、P.-Y. Bo¨elle、E. M. Milliken 和 S. Portet。COVID-19变异株输入风险——旅行管控措施有多大作用？《传染病建模》，6:875–897，2021年。[3] J. Arino、F. Brauer、P. van den Driessche、J. Watmough 和 J. Wu。用于遏制大流行的简单模型。《英国皇家学会界面杂志》，3(8):453–457，2006年。[4] J. Arino 和 E. M. Milliken。人口流动对疫情早期阶段的影响。*Bulletin of MathematicalBiology*，84(11):128，2022年。

[5] J. Arino 和 P. van den Driessche。多城市流行病模型。《数学人口研究》，10(3):175–193，2003年。[6] M. Carino、Z. Quill、M. Gabbs、E. Sellers、J. Hamilton、T. Pinto、M. Jetha、J. Ho、O. Garcia Alecio、A. Dart 和 B. Wicklow。COVID-19疫情对患有2型糖尿病的青少年和青年人群的影响。《加拿大糖尿病杂志》，46(2):145–151，2022年。[7] A. Cori、N. M. Ferguson、C. Fraser 和 S. Cauchemez。用于估算流行病期间时变再生数的新框架与软件。《美国流行病学杂志》，178(9):1505–1512，2013年。[8] M. Da Silva。公共卫生、内部边界与联邦制的终结。《加拿大法律与社会杂志》，38(3):409–429，2023年。[9] C. Ermus。《1720年大瘟疫恐慌：十八世纪大西洋世界的灾难与外交》。剑桥大学出版社，2023年。[10] N. Gay、C. van Gemert、O. E. Merilles 和 P. Georgel。太平洋岛国迫切需要采取行动并开展关于COVID-19的未来研究。《柳叶刀区域健康—西太平洋》，18:100326，2022年。[11] 加拿大政府。时间线——加拿大边境服务局2021年边境措施（更新于2021年4月23日），2021年。https: // www.publicsafety.gc.ca/cnt/trnsprnc/brfng-mtrls/prlmntry-bndrs/20210907/05-en.aspx。[12] K. A. Gr´epin、J. Aston 和 J. Burns。COVID-19疫情期间国际边境管控措施的有效性：已发表系统综述的叙述性综合。《皇家学会哲学汇刊A辑》，381(2257):20230134，2023年。[13] K. A. Gr´epin、T.-L. Ho、Z. Liu、S. Marion、J. Piper、C. Z. Worsnop 和 K. Lee。COVID-19疫情早期阶段旅行相关措施有效性的证据：快速系统综述。《英国医学杂志全球健康》，6(3):e004537，2021年。[14] R. Habibi、G. L. Burci、T. C. de Campos、D. Chirwa、M. Cin`a、S. Dagron、M. Eccleston-Turner、L. Forman、L. O. Gostin、B. M. Meier、S. Negri、G. Ooms、S. Sekalala、A. Taylor、A. E. Yamin 和 S. J. Hoffman。COVID-19疫情暴发期间不得违反《国际卫生条例》。《柳叶刀》，395(10225):664–666，2020年。[15] A. Hurford、M. M. Martignoni、J. C. Loredo-Osti、F. Anokye、J. Arino、B. S. Husain、B. Gaas 和 J. Wat-mough。实施消除策略地区的大流行病建模。《理论生物学杂志》，561:111378，2023年。[16] B. Iooss、S. Da Veiga、A. Janon 和 G. Pujol。sensitivity：模型输出的全局敏感性分析与重要性度量，2026年。R软件包版本1.31.0。[17] K. Khan、R. Eckhardt、J. S. Brownstein、R. Naqvi、W. Hu、D. Kossowsky、D. Scales、J. Arino、M. Macdonald、J. Wang、J. Sears 和 M. S. Cetron。2009年甲型H1N1流感大流行期间对航空旅客进行入境和出境筛查：回顾性评估。《世界卫生组织公报》，91(5):368–376，2013年。[18] M. Kosciejew。免疫（或疫苗）护照的文献史：从瘟疫到冠状病毒大流行时期的公共卫生健康证明、个人身份与权力。《医学社会史》，36(1):110–138，2023年。[19] S. A. Lauer、K. H. Grantz、Q. Bi、F. K. Jones、Q. Zheng、H. R. Meredith、A. S. Azman、N. G. Reich 和 J. Lessler。根据公开报告的确诊病例估算2019冠状病毒病（COVID-19）的潜伏期及其应用。《内科学年鉴》，172(9):577–582，2020年。[20] K. Lee 和 J. Piper。《国际卫生条例》最新修订无法防止未来旅行混乱。《英国医学杂志全球健康》，10(1):e017077，2025年。[21] M. M. Martignoni、J. Arino 和 A. Hurford。SARS-CoV-2应采取清零还是缓解策略？地区和疾病特征决定建议策略。《皇家学会开放科学》，11(6):240186，2024年。[22] S. McPhee-Knowles、B. Hoffman 和 L. Kanary。育空地区应对COVID-19的经验：旅行限制、变异株及其在未接种疫苗者中的传播。《加拿大传染病报告》，48(1):17–21，2022年。

[23] R. M. Milwid, V. Gabriele-Rivet, N. H. Ogden, P. Turgeon, A. Fazil, D. London, S. de Montigny, 和 E. E. Rees。《2021年7月至十一月加拿大航空旅行输入SARS-CoV-2风险的估算方法》。*BMC*公共卫生，24(1):1088，2024年。[24] Z. Mohammadi, M. G. Cojocaru, J. Arino, 和 A. Hurford。COVID-19疫情期间纽芬兰与拉布拉多报告的旅行相关SARS-CoV-2病例输入模型。《皇家学会开放科学》，12(11):241902，2025年。[25] 北美卫生系统与政策观察站。北美COVID-19政策应对监测：爱德华王子岛。技术报告，多伦多大学，2020年。[26] M. J. Plank, W. S. Hart, J. Polonsky, M. Keita, S. Ahuka-Mundeke, 和 R. N. Thompson。存在延迟和不完整病例报告时的疫情结束概率估算。英国皇家学会学报*B*辑：生物科学，292(2039):20242825，2025年。[27] M. J. Plank, M. Sushames, T. Fisher-Taylor, A. Afshari, R. N. Thompson, A. Hurford, 和 S. Hendy。替代性疫情应对策略的经济与流行病学联合建模。《英国皇家学会界面杂志》，23(241):20260098，2026年8月。[28] 曼尼托巴省。根据《公共卫生法》颁布的禁止前往曼尼托巴北部及偏远社区旅行的命令，2020年。省首席公共卫生官，2020年4月17日。[29] 加拿大公共卫生署。冠状病毒病（COVID-19）相关病例和接触者的公共卫生管理。技术报告，加拿大政府，安大略省渥太华，2020年。[30] I. M. Sobol。非线性数学模型的全局敏感性指数及其蒙特卡洛估计。《数学与计算机模拟》，55(1–3):271–280，2001年。[31] X. Sun, S. Wandelt, 和 A. Zhang。为什么COVID-19旅行泡泡如履薄冰？基于跨塔斯曼案例的调查。《交通研究通讯》，3:100089，2023年。[32] T. N. Vilches, E. Abdollahi, L. E. Cipriano, M. Haworth-Brockman, Y. Keynan, H. Sheffield, J. M. Langley, 和 S. M. Moghadas。非药物干预措施和接种疫苗对加拿大努纳武特COVID-19疫情暴发的影响：加拿大免疫研究网络（CIRN）研究。*BMC*公共卫生，22(1):1042，2022年。[33] E. Weber, A. Kopf, 和 M. Vaha。太平洋岛国和地区的COVID-19疫情。在R. Akhtar编，《style id='26'>《冠状病毒（COVID-19）疫情暴发、环境与人类行为：国际案例研究》，第25–47页。Springer，2021年。[34] 维基百科。清零政策，2024年。检索于2024年5月30日。[35] 世界卫生组织。《国际卫生条例（*2005*）》。世界卫生组织，第2版，2008年。[36] 世界卫生组织。世界卫生组织冠状病毒病（COVID-19）仪表板，2022年。

输入病例、社区中的感染传播与旅行管控措施 补充材料

Julien Arino, Clotilde Djuikem[1] 和 Amy Hurford [2]

[1]数学系，曼尼托巴大学，温尼伯，曼尼托巴省，加拿大[2]生物学系与数学及统计学系，纽芬兰纪念大学，圣约翰斯，纽芬兰与拉布拉多，加拿大

摘要

本文在此进一步介绍正文中部分内容的细节。为区分正文内容与本补充材料中的内容，此处的章节、方程和结果均以字母编号或以字母开头编号。参考文献也仅适用于本部分。

A 再生数与最终规模

A.1 在输出地

我们在 [3] 中使用方法，令 $\mathbf{x}=(L_E,\ D_E,\ U_E)$，$D=1$, $\beta(x,\ y,\ z)=\beta_E$, $\Pi=(1,\ 0,\ 0)^T$, $\mathbf{b}=(0,\ \xi_E,\ 1)$ 和

$$\mathbf{V}_E=\begin{pmatrix}\varepsilon_E+m_L & 0 & 0\\ -p_E\varepsilon_E & \gamma_E+m_D & -\sigma_E m_U\\ -(1-p_E)\varepsilon_E & 0 & \gamma_E+m_U\end{pmatrix}. \tag{A.1}$$

由此 ，根据 [3,定理 2.1] 可得输出地的控制再生数 is

$$\mathcal{R}_c^E=\beta_E\mathbf{b}\mathbf{V}_E^{-1}\Pi D S_E(0)=\mathbf{b}\mathbf{V}_E^{-1}\Pi\beta_E S_E(0).$$

由于 $\mathbf{b}$ 和 Π的结构，$\mathbf{b}\mathbf{V}_E^{-1}\Pi=\xi_E\mathbf{V}_E^{-1}(2,\ 1)+\mathbf{V}_E^{-1}(3,\ 1)$，其中 $\mathbf{V}_E^{-1}(i,\ j)$ 表示 $\mathbf{V}_E^{-1}$ 中的第（i, j）个元素。我们得到

$$\mathbf{V}_E^{-1}(2,1)=\frac{p_E\varepsilon_E(\gamma_E+m_U)+(1-p_E)\sigma_E m_U\varepsilon_E}{(\varepsilon_E+m_L)(\gamma_E+m_D)(\gamma_E+m_U)}$$

and

$$\mathbf{V}_E^{-1}(3,1)=\frac{(1-p_E)\varepsilon_E}{(\varepsilon_E+m_L)(\gamma_E+m_U)}.$$

由此，我们得到 6 式中 $\mathcal{R}_c^E$,

$$\mathcal{R}_c^E=\frac{\varepsilon_E}{\varepsilon_E+m_L}\left(\frac{\xi_E p_E}{\gamma_E+m_D}+\frac{1-p_E}{\gamma_E+m_U}\left[1+\frac{\xi_E\sigma_E m_U}{\gamma_E+m_D}\right]\right)\beta_E S_E(0),$$

由此推得 7 式中 $\mathcal{R}_0^E=\mathcal{R}_c^E\big|_{\sigma_E=0}$ 当 $\sigma_E=0$时。中的方法还可以得到最终规模关系；由于只有一个易感类，我们可以使用 [3, 式（10）], , 得到

$$\ln\left(\frac{S_E(0)}{S_E(\infty)}\right)=\frac{\mathcal{R}_c^E}{S_E(0)}\left(S_E(0)-S_E(\infty)\right)+\beta_E\mathbf{b}\mathbf{V}_E^{-1}\mathbf{x}(0),$$

其中 $S_E(\infty)$表示 $S_E(t)$在 $t\to\infty$时的值。根据 [3], 中的理论，我们知道这个极限存在且 is 唯一。这里，

$$\begin{aligned}\mathbf{b}\mathbf{V}_E^{-1}\mathbf{x}(0)=&\left[\mathbf{V}_E^{-1}(2,1)L_E(0)+\mathbf{V}_E^{-1}(2,2)D_E(0)+\mathbf{V}_E^{-1}(2,3)U_E(0)\right]\xi_E\\&+\mathbf{V}_E^{-1}(3,1)L_E(0)+\mathbf{V}_E^{-1}(3,3)U_E(0).\end{aligned} \tag{A.2}$$

除了上文已明确给出的$\mathbf{V}_E^{-1}(2,\ 1)$ 和$\mathbf{V}_E^{-1}(3,\ 1)$ 之外，我们还有

$$\mathbf{V}_E^{-1}(2,2)=\frac{1}{\gamma_E+m_D},$$

$$\mathbf{V}_E^{-1}(2,3) = \frac{\sigma_E m_U}{(\gamma_E + m_D)(\gamma_E + m_U)}$$

and

$$\mathbf{V}_E^{-1}(3,3) = \frac{1}{\gamma_E + m_U}.$$

利用（A.2），我们得到最终规模关系（8）。

A.2 在 $m_D = 0$ 时的输出地

当已检测个体无法旅行（$m_D = 0$）时，$\mathbf{V}_E$ 中的转移矩阵（A.1）仅其第（2，2）个元素有所不同，简化为 γ_E。因此，将 $m_D = 0$ 代入之前的计算，可得到控制再生数

$$\mathcal{R}_c^E\big|_{m_D=0} = \frac{\varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L}\left(\frac{\xi_E p_E}{\gamma_E} + \frac{1-p_E}{\gamma_E + m_U}\left[1 + \frac{\xi_E \sigma_E m_U}{\gamma_E}\right]\right)\beta_E S_E(0).$$

最终规模关系　　式以及$\mathbf{V}_E^{-1}$ 分量均与附录A.1中的相同，代入 $m_D = 0$。

A.3 无旅行时的输入地

在与输出地存在连接的情况下，无法仅针对输入地计算 $\mathcal{R}_0$。事实上，L_E、D_E 和 U_E 个体的流入排除了无疾病平衡点存在的可能性，尽管已知这些流入会趋于零。尽管如此，我们仍可在不存在连接的情况下进行分析，即当 $m_L = m_D = m_U = 0$时。要使用 [3],中的方法，将感染变量排序为

$$\mathbf{x} = (L_I, D_I, U_I, L_C, D_C, U_C)$$

并设 $D = 1$ 由于 S_C 是唯一的易感舱室，$\beta(x, y, z) = \beta_C$, $\Pi = (0, 0, 0, 1, 0, 0)^T$ 易感舱室流入不同感染舱室的比例（仅此处为 L_I），

$$\mathbf{b} = \left(0, \frac{\beta_I \xi_I}{\beta_C}, \frac{\beta_I}{\beta_C}, 0, \xi_C, 1\right)$$

水平传播的相对比例，以及

$$\mathbf{V}_I = \begin{pmatrix} \varepsilon_I & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -p_I\varepsilon_I & \gamma_I & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -(1-p_I)\varepsilon_I & 0 & \gamma_I & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \varepsilon_C & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -p_C\varepsilon_C & \gamma_C & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -(1-p_C)\varepsilon_C & 0 & \gamma_C \end{pmatrix} \tag{A.3}$$

感染舱室内部的其他流量。根据 [3, 定理 2。1],

$$\mathcal{R}_0^C = \beta_C \mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\Pi D S_C(0) = \mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\Pi\beta_C S_C(0).$$

由于 b、$\mathbf{V}_I^{-1}$ 和 Π的结构，$\mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\Pi = \xi_C \mathbf{V}_I^{-1}(5, 4) + \mathbf{V}_I^{-1}(6, 4)$，其中

$$\mathbf{V}_I^{-1}(5,4) = \frac{p_C}{\gamma_C}$$

and

$$\mathbf{V}_I^{-1}(6,4) = \frac{1-p_C}{\gamma_C}.$$

表达式 (9) 可得。对于输出地，我们使用 [3] 中的方法来得到最终规模关系；由于只有一个易感类，我们可以使用 [3, 公式（10）], 得到

$$\ln\left(\frac{S_C(0)}{S_C(\infty)}\right) = \frac{\mathcal{R}_0^C}{S_C(0)}\left(S_C(0) - S_C(\infty)\right) + \beta_C \mathbf{b}\mathbf{V}_I^{-1}\mathbf{x}(0),$$

其中 $S_C(\infty)$ 表示 $S_C(t)$ 在 $t \to \infty$时的取值。注意到，在我们考虑的所有情形中，$L_C(0) = D_C(0) = U_C(0)$，因为我们关注的是引入病例进入输入地所产生的后果，因此可将这一一般表达式简化为此形式。由此可得表达式（11）。

A.4 $\mathcal{R}_0$ 出口者-进口者系统中的规模

由于感染被"局限"在各个地点，因此无法对完整系统使用 [3] 的方法。这也意味着无法直接从 [3]得到最终规模关系。要计算完整系统的基本再生数，我们首先改用 [11]提出的更一般的下一代矩阵法。将感染变量按（L_E， D_E，U_E， L_I， D_I， U_I， L_C， D_C， U_C）排序后，新感染向量 $\mathcal{F}$以及舱室间转移向量 $\mathcal{V}$ 的形式如下：

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \beta_E(\xi_E D_E + U_E)S_E \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ 0 \\ \left[\beta_I(\xi_I D_I + U_I) + \beta_C(\xi_C D_C + U_C)\right] S_C \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

and

$$\mathcal{V} = \begin{pmatrix} (\varepsilon_E + m_L)L_E \\ -p_E\varepsilon_E L_E - \sigma_E m_U U_E + (\gamma_E + m_D)D_E \\ -(1-p_E)\varepsilon_E L_E + (\gamma_E + m_U)U_E \\ -m_L L_E + \varepsilon_I L_I \\ -m_D D_E - p_I\varepsilon_I L_I + \gamma_I D_I \\ -(1-\sigma_E)m_U U_E - (1-p_I)\varepsilon_I L_I + \gamma_I U_I \\ \varepsilon_C L_C \\ -p_C\varepsilon_C L_C + \gamma_C D_C \\ -(1-p_C)\varepsilon_C L_C + \gamma_C U_C \end{pmatrix},$$

分别为。因此，用于计算下一代矩阵 FV^{-1} 的矩阵 F 和 V 具有以下形式

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} F_{11} & 0 \\ 0 & F_{22} \end{pmatrix},$$

with

$$F_{11} = \begin{pmatrix} 0 & \beta_E\xi_E & \beta_E \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} S_E(0)$$

and

$$F_{22} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_I\xi_I & \beta_I & 0 & \beta_C\xi_C & \beta_C \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} S_C(0),$$

而

$$\mathbf{V} = \begin{pmatrix} \mathbf{V}_E & 0 \\ V_{21} & \mathbf{V}_I \end{pmatrix},$$

with

$$V_{21} = \begin{pmatrix} -m_L & 0 & 0 \\ 0 & -m_D & 0 \\ 0 & 0 & -(1-\sigma_E)m_U \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

作为分块下三角矩阵，$\mathbf{V}$ 容易求逆，其中

$$\mathbf{V}^{-1} = \begin{pmatrix} \mathbf{V}_E^{-1} & 0 \\ -\mathbf{V}_I^{-1}V_{21}\mathbf{V}_E^{-1} & \mathbf{V}_I^{-1} \end{pmatrix}. \tag{A.4}$$

因此，

$$\mathbf{F}\mathbf{V}^{-1} = \begin{pmatrix} F_{11} & 0 \\ 0 & F_{22} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \mathbf{V}_E^{-1} & 0 \\ -\mathbf{V}_I^{-1}V_{21}\mathbf{V}_E^{-1} & \mathbf{V}_I^{-1} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} F_{11}\mathbf{V}_E^{-1} & 0 \\ \bigstar & F_{22}\mathbf{V}_I^{-1} \end{pmatrix}$$

因此

$$\mathcal{R}_0 = \max\left\{\rho\left(F_{11}\mathbf{V}_E^{-1}\right), \rho\left(F_{22}\mathbf{V}_I^{-1}\right)\right\},$$

其中 $\rho(\cdot)$ 为谱半径。因此，我们得到表达式（12）。

关于完整模型 (3) 中疫情最终规模，附录 A.1 和 A.3 中使用的 [3] 方法要求所有易感舱室在相对易感性因子的作用下经历共同的标量感染力，即新感染矩阵 F 的秩为 1。然而，在耦合的输出者-输入者系统中，传播具有空间局部性： S_E 只会被 D_E 和 U_E感染，而 S_C 只会被 D_I、 U_I、D_C 和 U_C感染。因此，F 的秩为 2，并且上面的下一代矩阵 $\mathbf{F}\mathbf{V}^{-1}$ 是分块下三角的（可约的），所以无法利用单一标量关系消去感染力积分。尽管如此，我们仍可利用 [2] 的多群体最终规模框架，更具体地说，采用 [10] 针对具有不可约（可约）传播模式的多群体流行病模型所提出的方法（另见 [6, 7, 9]），为（S_E（∞） S_C（∞））推导出一组三角形式的最终规模方程。

为此，将感染舱室划分为输出者向量 $\mathbf{x}_E(t) = (L_E(t)\ D_E(t)\ U_E(t))^T$ 和输入者向量 $\mathbf{x}_{IC}(t) = (L_I(t)\ D_I(t)\ U_I(t)\ L_C(t)\ D_C(t)\ U_C(t))^T$，并令 $\Pi_E = (1, 0, 0)^T \in \mathbb{R}^3$ 和 $\Pi_{IC} = (0, 0, 0, 1, 0, 0)^T \in \mathbb{R}^6$ 表示指示新感染进入哪些舱室的向量。注意到 $-\dot{S}_E(t) = \beta_E(\xi_E D_E(t) + U_E(t))S_E(t)$以及 $-\dot{S}_C(t) = [\beta_I)\ \xi_I D_I(t(+U_I)\ t)) + \beta_C(\xi_C D_C(t) + U_C(t))]S_C(t)$后，式（3）中的九个感染方程可写成分块线性形式

$$\frac{d}{dt}\begin{pmatrix} \mathbf{x}_E(t) \\ \mathbf{x}_{IC}(t) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\dot{S}_E(t)\,\Pi_E \\ -\dot{S}_C(t)\,\Pi_{IC} \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \mathbf{V}_E & 0 \\ V_{21} & \mathbf{V}_I \end{pmatrix}\begin{pmatrix} \mathbf{x}_E(t) \\ \mathbf{x}_{IC}(t) \end{pmatrix}.$$

由于$\mathbf{x}_E(\infty) = \mathbf{0}$ 和$\mathbf{x}_{IC}(\infty) = \mathbf{0}$，从 $t = 0$ 到 $t = \infty$ 进行积分，并乘以式（$\mathbf{V}^{-1}$ 中的分块下三角逆矩阵（A.4）可得

$$\int_0^\infty \mathbf{x}_E(t)\,dt = \Delta S_E\,\mathbf{V}_E^{-1}\Pi_E + \mathbf{V}_E^{-1}\mathbf{x}_E(0) \tag{A.5}$$

and

$$\int_0^\infty \mathbf{x}_{IC}(t)\,dt = \Delta S_C\,\mathbf{V}_I^{-1}\Pi_{IC} + \mathbf{V}_I^{-1}\left(\mathbf{x}_{IC}(0) + \mathcal{I}_{E\to I}\right), \tag{A.6}$$

其中 $\Delta S_E := S_E(0) - S_E(\infty)$， $\Delta S_C := S_C(0) - S_C(\infty)$，并且

$$\mathcal{I}_{E\to I} := (-V_{21})\int_0^\infty \mathbf{x}_E(t)\,dt = \begin{pmatrix} m_L\int_0^\infty L_E(t)\,dt \\ m_D\int_0^\infty D_E(t)\,dt \\ (1-\sigma_E)m_U\int_0^\infty U_E(t)\,dt \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} =: \begin{pmatrix} \mathcal{I}_L \\ \mathcal{I}_D \\ \mathcal{I}_U \\ 0 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix}$$

是 L_I、 D_I和 U_I在 $[0,\infty$内的累计输入总量向量。注意， $\mathcal{I}_{E\to I}$与初始条件的作用方式完全相同，进入（A.6）。$\mathbf{x}_{IC}(0)$。

现在令 $\mathbf{b}_E = (0, \xi_E, 1)$ 和 $\mathbf{b}_{IC} = (0, \beta_I\xi_I/\beta_C, \beta_I/\beta_C, 0, \xi_C, 1)$ 表示附录 A.1 和 A.3 中的相对水平传播向量。对 $-\dot{S}_E(t)/S_E(t)$ 和 $-\dot{S}_C(t)/S_C(t)$ 在 $[0,\infty)$ 上积分，得到

$$\ln\left(\frac{S_E(0)}{S_E(\infty)}\right) = \beta_E\mathbf{b}_E\int_0^\infty \mathbf{x}_E(t)\,dt, \qquad \ln\left(\frac{S_C(0)}{S_C(\infty)}\right) = \beta_C\mathbf{b}_{IC}\int_0^\infty \mathbf{x}_{IC}(t)\,dt.$$

将（A.5）代入第一个关系式，可恢复仅取决于 S_E（∞）的孤立输出地最终规模方程（8），因此可以先求解该方程以确定 S_E（∞）和 ΔS_E。利用（A.5）以及附录 $\mathbf{V}_E^{-1}$ A.1中的条目，累计输入量（$\mathcal{I}_L$、$\mathcal{I}_D$、$\mathcal{I}_U$）随后可用 ΔS_E显式表示为

$$\begin{aligned}
\mathcal{I}_L &= \frac{m_L}{\varepsilon_E + m_L}\left(\Delta S_E + L_E(0)\right), \\
\mathcal{I}_D &= \frac{m_D}{\gamma_E + m_D}\left[\frac{\varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L}\left(p_E + \frac{\sigma_E m_U(1-p_E)}{\gamma_E + m_U}\right)\left(\Delta S_E + L_E(0)\right) + D_E(0) + \frac{\sigma_E m_U}{\gamma_E + m_U}U_E(0)\right], \\
\mathcal{I}_U &= \frac{(1-\sigma_E)m_U}{\gamma_E + m_U}\left[\frac{(1-p_E)\varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L}\left(\Delta S_E + L_E(0)\right) + U_E(0)\right].
\end{aligned} \tag{A.7}$$

最后，将（A.6）代入 ln（S_C（0）$/S_C$（∞）的方程，并假设输入地最初处于无疾病状态（$\mathbf{x}_{IC}$（0） $=\mathbf{0}$），我们得到耦合模型中 S_C（∞）的最终规模关系：

$$\ln\left(\frac{S_C(0)}{S_C(\infty)}\right)=\frac{\mathcal{R}_0^C}{S_C(0)}\left(S_C(0)-S_C(\infty)\right)+\Lambda_{E\to I}(\Delta S_E), \tag{A.8}$$

其中，对输入地社区施加的有效累计输入负荷为

$$\Lambda_{E\to I}(\Delta S_E):=\frac{\beta_I}{\gamma_I}\left[(p_I\mathcal{I}_L+\mathcal{I}_D)\xi_I+(1-p_I)\mathcal{I}_L+\mathcal{I}_U\right]. \tag{A.9}$$

注意，(A.8)–(A.9)与孤立输入地的(10)–(11)形式相同，只是将初始引入病例($L_I(0)$ $D_I(0)$ U_I(0))替换为累计输入总量($\mathcal{I}_L,\mathcal{I}_D,\mathcal{I}_U$)。

方程(A.7)–(A.9)可用于刻画输入地最终规模 ΔS_C 对 $\mathcal{R}_0^C$的依赖关系，以及三种旅行管控机制对系统层面($\Delta S_E,\Delta S_C$)的影响。

A.4.1 输入地的超临界与亚临界状态

由于移动率 m_X 相较于康复率和进展率较小，因此累计输入项满足 $\Lambda_{E\to I}(\Delta S_E)\ll 1$。当$\mathcal{R}_0^C>1$时，令 $\Delta S_C^0>0$ 表示无外力最终规模方程 ln($S_C(0)/(S_C(0)-\Delta S_C^0)$) $=(\mathcal{R}_0^C/S_C(0))\Delta S_C^0$的唯一正根。将(A.8)按 $\Lambda_{E\to I}(\Delta S_E)>0$在 ΔS_C^0 附近展开至一阶，可得

$$\Delta S_C\approx\Delta S_C^0+\frac{S_C(0)-\Delta S_C^0}{1-\mathcal{R}_0^C\left(1-\Delta S_C^0/S_C(0)\right)}\Lambda_{E\to I}(\Delta S_E), \tag{A.10}$$

因此，对于任意 $\Lambda_{E\to I}$（ΔS_E） >0，确定性最终规模 ΔS_C 仍接近无干预的社区疫情规模 ΔS_C^0，并且基本不受 $\Lambda_{E\to I}$（ΔS_E）的部分降低影响。相反，当 $\mathcal{R}_0^C<1$ 和$\Lambda_{E\to I}$（ΔS_E） $\ll 1-\mathcal{R}_0^C$时， $\Delta S_C/S_C$（0）较小；对 ln（S_C（0）$/S_C$（∞） $=-\ln$（$1-\Delta S_C/S_C$（0） $\approx\Delta S_C/S_C$（0）在（A.8）中进行线性化可得

$$\Delta S_C\approx\frac{S_C(0)\,\Lambda_{E\to I}(\Delta S_E)}{1-\mathcal{R}_0^C}, \tag{A.11}$$

这表明，在受控输入地（$\mathcal{R}_0^C<1$）中，社区感染的累计数量与有效输入负荷 $\Lambda_{E\to I}$（ΔS_E）呈线性关系，并由因子（$1-\mathcal{R}_0^C$）$^{-1}$放大。

A.4.2 系统层面与输入地层面的旅行措施影响

对（ $\mathcal{R}_c^E$ 中的输出地控制再生数 6）关于迁移率 m_X（$X\in\{L,D,U\}$）和出发前筛查参数 σ_E 求导可得

$$\frac{\partial\mathcal{R}_c^E}{\partial m_L}<0,\qquad \frac{\partial\mathcal{R}_c^E}{\partial m_D}<0,\qquad \left.\frac{\partial\mathcal{R}_c^E}{\partial m_U}\right|_{\sigma_E=0}<0 \tag{A.12}$$

and

$$\frac{\partial\mathcal{R}_c^E}{\partial\sigma_E}=\frac{\varepsilon_E}{\varepsilon_E+m_L}\frac{(1-p_E)\xi_E m_U}{(\gamma_E+m_U)(\gamma_E+m_D)}\beta_E S_E(0)\geq 0, \tag{A.13}$$

在 $\xi_E>0$ 时，(A.13) 中为严格不等式。由于移出会在感染者康复前将其从输出地移除，限制旅行（$m_X\downarrow$）或通过出发前筛查（$\sigma_E\uparrow$）将未检测的离境旅客拦截至 D_E，会使感染者留在输出地，并增加 $\mathcal{R}_c^E$ 和 ΔS_E。此外，在 (A.7) 中，$\mathcal{I}_L=[m_L/$（ε_E+m_L）$]$（ΔS_E+L_E(0)）不显式依赖于 σ_E （且会通过 ΔS_E 随着 σ_E 略微增加），因此出发前筛查无法减少潜伏期输入病例。相反，抵达后隔离和检测参数 p_I 和 ξ_I 不出现在 $\mathcal{R}_c^E$ 或 ΔS_E 中，而在 (A.9) 中，

$$\frac{\partial\Lambda_{E\to I}}{\partial p_I}=-\frac{\beta_I}{\gamma_I}(1-\xi_I)\mathcal{I}_L<0\quad(\xi_I<1),\qquad \frac{\partial\Lambda_{E\to I}}{\partial\xi_I}=\frac{\beta_I}{\gamma_I}(p_I\mathcal{I}_L+\mathcal{I}_D)>0, \tag{A.14}$$

证实引入层的抵达后控制可同时降低 ΔS_C 和全系统最终规模$\Delta S_E+\Delta S_C$，并且除全面旅行禁令（$m_L=0$）外，它是唯一能够减弱潜伏期感染入境者 $\mathcal{I}_L$所造成影响的边境措施。

B 连续时间马尔可夫链及其多类型分枝过程近似

我们使用多类型分枝过程近似（多类型分枝过程近似）来近似连续时间马尔可夫链$\mathbf{X}_t$，即确定性系统的无病平衡点附近（3）。在流行病早期，当感染者数量较少且易感人群基本保持不变时，该近似是有效的。在此假设下，感染动力学近乎线性，因此连续时间马尔可夫链可用分枝过程近似。

令 $Z(t) = (Z_k(t))_k$ 表示相应的连续时间多类型分枝过程，其中每个 $Z_k(t)$（$k \in \mathcal{I} := \{L_E, D_E, U_E, L_I, D_I, U_I, L_C, D_C, U_C\}$）表示时刻 $t \geq 0$ 类型为 k 的感染者数量。所有类型的集合定义了该过程的结构。

每个类型为 k 的个体独立演化，并根据由连续时间马尔可夫链的无穷小生成元推导出的、依赖于类型的概率机制产生后代。

我们将时刻 t 类型为 $k \in \mathcal{I}$ 的概率生成函数（p.g.f.）定义为

$$F_k(t, \boldsymbol{z}) = \mathbb{E}\left[\boldsymbol{z}^{Z(t)} \,\middle|\, Z(0) = e_k\right], \tag{B.1}$$

其中 $\boldsymbol{z} = (z_k)_k \in [0,1]^9$，$e_k$ 是对应于类型 k 的单位向量，且 $\boldsymbol{z}^{Z(t)} := \prod_{k\in\mathcal{I}} z_k^{Z_k(t)}$.

令 $F(t, \boldsymbol{z}) = (F_k(t, \boldsymbol{z}))_k$ 表示生成函数的完整向量。分枝过程理论 [4, 第五章第 7] 节的标准结果表明，$F(t, \boldsymbol{z})$ 满足后向柯尔莫哥洛夫方程组

$$\frac{\partial}{\partial t} F_k(t, \boldsymbol{z}) = \omega_k \left[f_k(F(t, \boldsymbol{z})) - F_k(t, \boldsymbol{z})\right], \quad k \in \mathcal{I}, \tag{B.2}$$

其初始条件为 $F_k(0, \boldsymbol{z}) = z_k$，其中 ω_k 表示类型 k 的离开率。函数 $f_k(\boldsymbol{z})$ 是类型 k的后代生成函数，定义为

$$f_k(\boldsymbol{z}) = \sum_{\mathbf{r}\in\mathbb{N}^9} \mathbb{P}_k(\mathbf{r})\, \boldsymbol{z}^{\mathbf{r}}, \tag{B.3}$$

其中 $\mathbb{P}_k(\mathbf{r})$ 表示一个类型为 k 的个体在其传染期内产生各类型$\mathbf{r} = (r_k)_k$ 个后代的概率。

这种近似方法可以解析地计算灭绝概率，并有助于分析早期流行病动力学，尤其是在结构化人群中的情况。

我们使用多类型分枝过程近似来近似连续时间马尔可夫链（4），其适用于（3）的无病平衡点附近，并假设 $S_E = S_E(0)$ 和 $S_C = S_C(0)$ 为常数。记 $\boldsymbol{z} = (z_k)_{k\in\mathcal{I}}$，则后代概率生成函数（p.g.f.）为

$$f(\boldsymbol{z}) = \big(f_{L_E}(\boldsymbol{z}), f_{D_E}(\boldsymbol{z}), f_{U_E}(\boldsymbol{z}), f_{L_I}(\boldsymbol{z}), f_{D_I}(\boldsymbol{z}), f_{U_I}(\boldsymbol{z}), f_{L_C}(\boldsymbol{z}), f_{D_C}(\boldsymbol{z}), f_{U_C}(\boldsymbol{z})\big), \tag{B.4a}$$

其中

$$f_{L_E}(\boldsymbol{z}) = \frac{p_E \varepsilon_E z_{D_E} + (1-p_E)\,\varepsilon_E z_{U_E} + m_L z_{L_I}}{\varepsilon_E + m_L}, \tag{B.4b}$$

$$f_{D_E}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_E \xi_E S_E(0) z_{L_E} z_{D_E} + \gamma_E + m_D z_{D_I}}{\beta_E \xi_E S_E(0) + \gamma_E + m_D}, \tag{B.4c}$$

$$f_{U_E}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_E S_E(0) z_{L_E} z_{U_E} + \gamma_E + \sigma_E m_U z_{D_E} + (1-\sigma_E) m_U z_{U_I}}{\beta_E S_E(0) + \gamma_E + m_U}, \tag{B.4d}$$

$$f_{L_I}(\boldsymbol{z}) = p_I z_{D_I} + (1-p_I) z_{U_I}, \tag{B.4e}$$

$$f_{D_I}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_I \xi_I S_C(0) z_{L_C} z_{D_I} + \gamma_I}{\beta_I \xi_I S_C(0) + \gamma_I}, \tag{B.4f}$$

$$f_{U_I}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_I S_C(0) z_{L_C} z_{U_I} + \gamma_I}{\beta_I S_C(0) + \gamma_I}, \tag{B.4g}$$

$$f_{L_C}(\boldsymbol{z}) = p_C z_{D_C} + (1-p_C)\, z_{U_C}, \tag{B.4h}$$

$$f_{D_C}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_C \xi_C S_C(0) z_{L_C} z_{D_C} + \gamma_C}{\beta_C \xi_C S_C(0) + \gamma_C}, \tag{B.4i}$$

$$f_{U_C}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_C S_C(0) z_{L_C} z_{U_C} + \gamma_C}{\beta_C S_C(0) + \gamma_C}. \tag{B.4j}$$

B.1 输出地中的

第 2.5 节中的分枝过程在此使用 $Z(t) = (Z_{L_E}(t)\ Z_{D_E}(t)\ Z_{U_E}(t))$。我们定义类型 $k \in \{L_E, D_E, U_E\}$ 在时间 t 的概率生成函数（p.g.f.）为

$$F_k(t, \boldsymbol{z}) = \mathbb{E}\left[\boldsymbol{z}^{Z(t)} \,\middle|\, Z(0) = e_k\right], \tag{B.5}$$

其中 $\boldsymbol{z} = (z_{L_E},\ z_{D_E},\ z_{U_E}) \in [0,1]^3$，$e_k$ 是与类型 k 相对应的单位向量，且 $\boldsymbol{z}^{Z(t)} := z_{L_E}^{Z_{L_E}(t)} z_{D_E}^{Z_{D_E}(t)} z_{U_E}^{Z_{U_E}(t)}$。假设 $S_E = S_E(0)$ 为常数，则后代生成函数为

$$f_E(\boldsymbol{z}) = (f_{L_E}(\boldsymbol{z}), f_{D_E}(\boldsymbol{z}), f_{U_E}(\boldsymbol{z})) \tag{B.6a}$$

其中

$$f_{L_E}(\boldsymbol{z}) = \frac{p_E \varepsilon_E z_{D_E} + (1 - p_E)\,\varepsilon_E z_{U_E} + m_L}{\varepsilon_E + m_L}, \tag{B.6b}$$

$$f_{D_E}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_E \xi_E S_E(0) z_{L_E} z_{D_E} + \gamma_E + m_D}{\beta_E \xi_E S_E(0) + \gamma_E + m_D}, \tag{B.6c}$$

$$f_{U_E}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_E S_E(0) z_{L_E} z_{U_E} + \gamma_E + \sigma_E m_U z_{D_E} + (1 - \sigma_E) m_U}{\beta_E S_E(0) + \gamma_E + m_U}. \tag{B.6d}$$

定理 B.1。与输出地相关的多类型分枝过程是正则且非奇异的。设初始状态为 $L_E(0) = \ell_{E0}$、$D_E(0) = d_{E0}$ 和 $U_E(0) = u_{E0}$。那么，灭绝和疫情暴发的概率为

$$\mathbb{P}^E_{ext} = (z_{L_E})^{\ell_{E0}} (z_{D_E})^{d_{E0}} (z_{U_E})^{u_{E0}}, \tag{B.7a}$$

$$\mathbb{P}^E_{outbreak} = 1 - \mathbb{P}^E_{ext}, \tag{B.7b}$$

其中

$$\boldsymbol{z} := (z_{L_E}, z_{D_E}, z_{U_E})$$

是 $[0,1]^3$ 中后代分布 (B.6)的一个不动点。此外，以下备选情况成立（当 $\mathcal{R}^E_c$化简为 $\mathcal{R}^E_0$ 时，$\sigma_E = 0$）：

- 若 $\mathcal{R}^E_c \le 1$，则唯一的不动点为 $\boldsymbol{z} = \mathbf{1}$，因此 $\mathbb{P}^E_{ext} = 1$;
- 若 $\mathcal{R}^E_c > 1$，则除 $\boldsymbol{z} = \mathbf{1}$ 外，还存在唯一的不动点 $\boldsymbol{z} \in (0,1)^3$ 使得 $f_E(\boldsymbol{z}) = \boldsymbol{z}$。

定理 *B.1* *1.* 我们分析后代生成函数的雅可比矩阵（B.6），其形式为

$$Df_E(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} 0 & \dfrac{p_E \varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L} & \dfrac{(1-p_E)\varepsilon_E}{\varepsilon_E + m_L} \\ \dfrac{S_E(0)\beta_E \xi_E z_{D_E}}{S_E(0)\beta_E \xi_E + \gamma_E + m_D} & \dfrac{S_E(0)\beta_E \xi_E z_{L_E}}{S_E(0)\beta_E \xi_E + \gamma_E + m_D} & 0 \\ \dfrac{S_E(0)\beta_E z_{U_E}}{S_E(0)\beta_E + \gamma_E + m_U} & \dfrac{\sigma_E m_U}{S_E(0)\beta_E + \gamma_E + m_U} & \dfrac{S_E(0)\beta_E z_{L_E}}{S_E(0)\beta_E + \gamma_E + m_U} \end{pmatrix}.$$

(i) 矩阵 $Df_E(\boldsymbol{z})$ 对于 $\boldsymbol{z} \in [0,1)^3$ 是非负且单调的。根据 [5, 定理 2.3 p.113], ，这意味着该过程是非奇异的。

(ii) 一阶矩矩阵定义为 $\mathbb{M}_E = Df_E(\mathbf{1})$。可以验证，$\mathbb{M}^2_E$ 的所有元素均严格为正，因此根据 [5, 推论 3.1.4]，$\mathbb{M}_E$ 是本原的。

由 (i) 和 (ii)，我们得出该分枝过程是正则且非奇异的。因此，经典的阈值行为适用：根据阈值定理 [1] 和 [8, 定理 7.1，第 41] 页。这就完成了证明。

□

B.2 输入地单独存在时

如第 4 节和附录A.3中的确定性情形一样，我们在此假设迁移率为零，即$m_L = m_D = m_U = 0$。在这种情况下，可以使用连续时间马尔可夫链的多类型分枝过程近似。

第 2.5 节中的分枝过程在此使用 $Z(t) = (Z_{L_I}(t)\ Z_{D_I}(t)\ Z_{U_I}(t)\ Z_{L_C}(t)\ Z_{D_C}(t)\ Z_{U_C}(t))$。我们定义类型 $k \in \mathcal{J} := \{L_I, D_I, U_I, L_C, D_C, U_C\}$ 在时间 t 的概率生成函数为

$$F_k(t, \boldsymbol{z}) = \mathbb{E}\left[\boldsymbol{z}^{Z(t)} \,\middle|\, Z(0) = e_k\right], \tag{B.8}$$

其中，$\boldsymbol{z} = (z_k)_k \in [0,1]^6$，$e_k$ 是对应于类型 $k \in \mathcal{J}$ 的单位向量。假设 $S_C = S_C(0)$ 为常数，后代生成函数为

$$f_I(\boldsymbol{z}) = (f_{L_I}(\boldsymbol{z}), f_{D_I}(\boldsymbol{z}), f_{U_I}(\boldsymbol{z}), f_{L_C}(\boldsymbol{z}), f_{D_C}(\boldsymbol{z}), f_{U_C}(\boldsymbol{z})) \tag{B.9a}$$

其中

$$f_{L_I}(\boldsymbol{z}) = p_I z_{D_I} + (1 - p_I) z_{U_I}, \tag{B.9b}$$

$$f_{D_I}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_I \xi_I S_C(0) z_{L_C} z_{D_I} + \gamma_I}{\beta_I \xi_I S_C(0) + \gamma_I}, \tag{B.9c}$$

$$f_{U_I}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_I S_C(0) z_{L_C} z_{U_I} + \gamma_I}{\beta_I S_C(0) + \gamma_I}, \tag{B.9d}$$

$$f_{L_C}(\boldsymbol{z}) = p_C z_{D_C} + (1 - p_C) z_{U_C}, \tag{B.9e}$$

$$f_{D_C}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_C \xi_C S_C(0) z_{L_C} z_{D_C} + \gamma_C}{\beta_C \xi_C S_C(0) + \gamma_C}, \tag{B.9f}$$

$$f_{U_C}(\boldsymbol{z}) = \frac{\beta_C S_C(0) z_{L_C} z_{U_C} + \gamma_C}{\beta_C S_C(0) + \gamma_C}. \tag{B.9g}$$

定理 B.2。与单独存在的输入地相关联的6类型分枝过程是非奇异且可约的，将暂态引入层 $\mathcal{J}_I := \{L_I, D_I, U_I\}$ 与正则正社区子系统 $\mathcal{J}_C := \{L_C, D_C, U_C\}$ 连接起来。假设 $\beta_I > 0$，并令初始状态为 $x(0) = (x_k(0))_{k \in \mathcal{J}}$。则，灭绝和疫情暴发的概率为

$$\mathbb{P}^I_{ext} = \prod_{k \in \mathcal{J}} (z_k)^{x_k(0)}, \tag{B.10a}$$

$$\mathbb{P}^I_{outbreak} = 1 - \mathbb{P}^I_{ext}, \tag{B.10b}$$

其中

$$\boldsymbol{z} := (z_k)_{k \in \mathcal{J}}$$

是后代分布 $[0,1]^6$ 中的最小不动点(B.9)。此外，以下结论也成立：

- 若 $\mathcal{R}_0^C \le 1$，则 $[0,1]^6$ 中唯一的不动点为 $\boldsymbol{z} = \mathbf{1}$，因此 $\mathbb{P}^I_{ext} = 1$；
- 若 $\mathcal{R}_0^C > 1$，则除 $\boldsymbol{z} = \mathbf{1}$ 外，还存在唯一的不动点 $\boldsymbol{z} \in (0,1)^6$，使得 $f_I(\boldsymbol{z}) = \boldsymbol{z}$。具体而言，$\boldsymbol{z}_C := (z_{L_C}, z_{D_C}, z_{U_C}) \in (0,1)^3$ 是社区子系统唯一的内部不动点，而 $(z_{L_I}, z_{D_I}, z_{U_I}) \in (0,1)^3$ 则由下式唯一确定

$$z_{D_I} = \frac{\gamma_I}{\beta_I \xi_I S_C(0)(1 - z_{L_C}) + \gamma_I}, \quad z_{U_I} = \frac{\gamma_I}{\beta_I S_C(0)(1 - z_{L_C}) + \gamma_I}, \quad z_{L_I} = p_I z_{D_I} + (1 - p_I) z_{U_I}. \tag{B.11}$$

定理 *B.2* 的证明。输入地后代生成函数的雅可比矩阵 (B.9) 具有分块上三角形式

$$Df_I(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} \mathbb{A}_{11}(\boldsymbol{z}) & \mathbb{A}_{12}(\boldsymbol{z}) \\ \mathbf{0} & \mathbb{A}_{22}(\boldsymbol{z}) \end{pmatrix},$$

其中

$$\mathbb{A}_{11}(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} 0 & p_I & 1 - p_I \\ 0 & \frac{S_C(0)\beta_I \xi_I z_{L_C}}{S_C(0)\beta_I \xi_I + \gamma_I} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{S_C(0)\beta_I z_{L_C}}{S_C(0)\beta_I + \gamma_I} \end{pmatrix},$$

$$\mathbb{A}_{12}(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 \\ \frac{S_C(0)\beta_I\xi_I z_{D_I}}{S_C(0)\beta_I\xi_I+\gamma_I} & 0 & 0 \\ \frac{S_C(0)\beta_I z_{U_I}}{S_C(0)\beta_I+\gamma_I} & 0 & 0 \end{pmatrix},\ \mathbb{A}_{22}(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} 0 & p_C & 1-p_C \\ \frac{S_C(0)\beta_C\xi_C z_{D_C}}{S_C(0)\beta_C\xi_C+\gamma_C} & \frac{S_C(0)\beta_C\xi_C z_{L_C}}{S_C(0)\beta_C\xi_C+\gamma_C} & 0 \\ \frac{S_C(0)\beta_C z_{U_C}}{S_C(0)\beta_C+\gamma_C} & 0 & \frac{S_C(0)\beta_C z_{L_C}}{S_C(0)\beta_C+\gamma_C} \end{pmatrix}.$$

由于左下方块为零（社区感染不会转移回引入层 $\mathcal{J}_I$），这 6 类过程是可约的，而不动点系统 $f_I(\boldsymbol{z}) = \boldsymbol{z}$ 则解耦为两个依次求解的三维问题：

(i) 社区子系统 $\mathcal{J}_C$：最后三个方程 $f_C(\boldsymbol{z}_C) := (f_{L_C}(\boldsymbol{z}_C)\ f_{D_C}(\boldsymbol{z}_C)\ f_{U_C}(\boldsymbol{z}_C)) = \boldsymbol{z}_C$完全取决于 $\boldsymbol{z}_C = (z_{L_C}, z_{D_C}, z_{U_C}) \in [0,1]^3$。对于所有 $\boldsymbol{z}_C \in [0,1)^3$，$\mathbb{A}_{22}(\boldsymbol{z}_C)$ 均非负且单调，且社区均值矩阵 $\mathbb{M}_C = \mathbb{A}_{22}(1)$ 满足 $\mathbb{M}_C^2 > \mathbf{0}$，因此 $\mathbb{M}_C$ 是不可约且本原的 [5, 推论 3.1.4]。因此，三类型社区分枝过程是非奇异且正则的，其基本再生数为 $\mathcal{R}_0^C$。根据经典多类型阈值定理 [1, 8],，若 $\mathcal{R}_0^C \le 1$，则 $\boldsymbol{z}_C = \mathbf{1}$ 是 f_C 在 $[0,1]^3$中的唯一不动点；若 $\mathcal{R}_0^C > 1$，则除 $\mathbf{1}$ 外，还存在唯一的内部不动点 $\boldsymbol{z}_C \in (0,1)^3$。

(ii) 引入层 $\mathcal{J}_I$：对于任意固定的 $z_{L_C} \in [0,1]$，前三个方程 $z_{L_I} = f_{L_I}(\boldsymbol{z})$、$z_{D_I} = f_{D_I}(\boldsymbol{z})$ 和 $z_{U_I} = f_{U_I}(\boldsymbol{z})$ 关于 $(z_{L_I}, z_{D_I}, z_{U_I})$ 是线性的。将第二和第三个方程分别解出 z_{D_I}和 z_{U_I}，再代入第一个方程，可直接得到 (B.11)。当 $\mathcal{R}_0^C \le 1$ 时，将 $z_{L_C} = 1$ 代入 (B.11) 得到 $z_{D_I} = z_{U_I} = z_{L_I} = 1$，因此 $\boldsymbol{z} = \mathbf{1}$ 是 $[0,1]^6$ 中唯一的不动点。当 $\mathcal{R}_0^C > 1$ 时，将唯一的社区不动点 $z_{L_C} \in (0,1)$ 与 $\beta_I > 0$ 一起代入 (B.11)，可唯一得到 $z_{D_I}, z_{U_I}, z_{L_I} \in (0,1)$。

证明至此结束。 □

B.3 完整输出者-输入者模型

利用概率生成函数（B.4），我们得到定理B.3，证明如下。

定理 B.3。与完整出口者-进口者模型相关、后代生成函数为 (B.4) 的九类型分枝过程是非奇异且可约的，它将输出者子系统 $\mathcal{I}_E := \{L_E, D_E, U_E\}$ 与暂态引入层 $\mathcal{J}_I := \{L_I, D_I, U_I\}$ 以及社区子系统 $\mathcal{J}_C := \{L_C, D_C, U_C\}$耦合起来。假设 $\beta_I > 0$且 $m_L + m_D + (1-\sigma_E)m_U > 0$，并令初始状态为 $\mathbf{x}(0) = (x_k(0))_{k\in\mathcal{I}}$。那么，总体灭绝和大规模疫情暴发（在输出地或输入地社区中）的概率为

$$\mathbb{P}_{ext} = \prod_{k\in\mathcal{I}} z_k^{x_k(0)}, \tag{B.12a}$$

$$\mathbb{P}_{outbreak} = 1 - \mathbb{P}_{ext}, \tag{B.12b}$$

其中

$$\boldsymbol{z} := (\boldsymbol{z}_E, \boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C) = (z_{L_E}, z_{D_E}, z_{U_E}, z_{L_I}, z_{D_I}, z_{U_I}, z_{L_C}, z_{D_C}, z_{U_C})$$

是后代概率生成函数 $[0,1]^9$ 的最小不动点 (B.4)。此外，定义 $\mathcal{R}_0 := \max\{\mathcal{R}_c^E, \mathcal{R}_0^C\}$，则最小不动点 $\boldsymbol{z} \in [0,1]^9$满足以下情形：

- 情形 **1** ($\mathcal{R}_c^E \le 1$ 和 $\mathcal{R}_0^C \le 1$，即 $\mathcal{R}_0 \le 1$)：$[0,1]^9$ 中的唯一不动点为 $\boldsymbol{z} = \mathbf{1}$，其中 $\mathbf{1}$ 是规模为 9 的单位向量，因此 $\mathbb{P}_{ext} = 1$；
- 情形 **2** ($\mathcal{R}_c^E > 1$ 和 $\mathcal{R}_0^C \le 1$)：$[0,1]^9$ 中的最小不动点为 $\boldsymbol{z} = (\boldsymbol{z}_E, \mathbf{1}, \mathbf{1})$，其中 $\boldsymbol{z}_C = \boldsymbol{z}_I = \mathbf{1} \in \mathbb{R}^3$且 $\boldsymbol{z}_E \in (0,1)^3$ 是由定理 (B.6) 给出的孤立输出方概率生成函数的唯一内部不动点 *B.1*；
- 情形 *3*（$\mathcal{R}_0^C > 1$，对于任意 $\mathcal{R}_c^E > 0$）：$[0,1]^9$ 中的最小不动点满足 $\boldsymbol{z} = (\boldsymbol{z}_E, \boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C) \in (0,1)^9$，其中 $(\boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C) \in (0,1)^6$ 是由定理 *B.2* 给出的输入地子系统的唯一内部不动点，而 $\boldsymbol{z}_E \in (0,1)^3$ 是给定 $\boldsymbol{z}_I$ 时，$[0,1]^3$ 中出口方方程 $(f_{L_E}(\boldsymbol{z})\ f_{D_E}(\boldsymbol{z})\ f_{U_E}(\boldsymbol{z})) = \boldsymbol{z}_E$在 *(B.4)* 中的唯一不动点。

定理 *B.3* 的证明。(B.4) 的雅可比矩阵具有分块上三角形式

$$Df(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} \mathbb{B}_{11}(\boldsymbol{z}) & \mathbb{B}_{12}(\boldsymbol{z}) & \mathbf{0} \\ \mathbf{0} & \mathbb{B}_{22}(\boldsymbol{z}) & \mathbb{B}_{23}(\boldsymbol{z}) \\ \mathbf{0} & \mathbf{0} & \mathbb{B}_{33}(\boldsymbol{z}) \end{pmatrix},$$

其中

$$\mathbb{B}_{11}(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} 0 & \frac{p_E\varepsilon_E}{\varepsilon_E+m_L} & \frac{\varepsilon_E(1-p_E)}{\varepsilon_E+m_L} \\ \frac{S_E(0)\beta_E\xi_E z_{D_E}}{S_E(0)\beta_E\xi_E+\gamma_E+m_D} & \frac{S_E(0)\beta_E\xi_E z_{L_E}}{S_E(0)\beta_E\xi_E+\gamma_E+m_D} & 0 \\ \frac{S_E(0)\beta_E z_{U_E}}{S_E(0)\beta_E+\gamma_E+m_U} & \frac{\sigma_E m_U}{S_E(0)\beta_E+\gamma_E+m_U} & \frac{S_E(0)\beta_E z_{L_E}}{S_E(0)\beta_E+\gamma_E+m_U} \end{pmatrix},$$

$$\mathbb{B}_{12}(\boldsymbol{z}) = \begin{pmatrix} \frac{m_L}{\varepsilon_E+m_L} & 0 & 0 \\ 0 & \frac{m_D}{S_E(0)\beta_E\xi_E+\gamma_E+m_D} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{(1-\sigma_E)m_U}{S_E(0)\beta_E+\gamma_E+m_U} \end{pmatrix},$$

以及 $\mathbb{B}_{22}(\boldsymbol{z}) = \mathbb{A}_{11}(\boldsymbol{z})$, $\mathbb{B}_{23}(\boldsymbol{z}) = \mathbb{A}_{12}(\boldsymbol{z})$ 以及 $\mathbb{B}_{33}(\boldsymbol{z}) = \mathbb{A}_{22}(\boldsymbol{z})$, 其定义见定理B.2的证明。由于$Df(\boldsymbol{z})$ 是分块上三角的，九类型分枝过程是可约的，而不动点系统 $f(\boldsymbol{z}) = \boldsymbol{z}$按从下到上的顺序解耦：

(i) 输入地块 $(\mathcal{J}_I, \mathcal{J}_C)$: $f(\boldsymbol{z})$ 的最后六个方程仅依赖于 $(\boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C)$，并且与 (B.9) 中的 $f_I(\boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C) = (\boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C)$ 一致。根据定理 B.2，当 $\mathcal{R}_0^C \le 1$ 时，$[0,1]^6$ 中的唯一解为 $\boldsymbol{z}_I = \boldsymbol{z}_C = \mathbf{1}$；当 $\mathcal{R}_0^C > 1$ 时，$[0,1]^6$ 中的最小解是满足 (B.11) 的唯一内部不动点 $(\boldsymbol{z}_I, \boldsymbol{z}_C) \in (0,1)^6$。

(ii) **输出地块 $\mathcal{I}_E$ 当 $\mathcal{R}_0^C \le 1$:** 将 $\boldsymbol{z}_I = \mathbf{1}$ 代入（$f_{L_E}(\boldsymbol{z})$ $f_{D_E}(\boldsymbol{z})$ $f_{U_E}(\boldsymbol{z})$）$= \boldsymbol{z}_E$至（B.4）中，可将前三个方程化简为 $f_E(\boldsymbol{z}_E) = \boldsymbol{z}_E$ 见（B.6）中。随后，情形 1 和 2 可直接由定理 B.1得出。

(iii) **输出地块 $\mathcal{I}_E$ 当 $\mathcal{R}_0^C > 1$:** 此处最小输入地解满足 $\boldsymbol{z}_I = (z_{L_I}, z_{D_I}, z_{U_I}) \in (0,1)^3$。求解 $(z_{D_E} = f_{D_E})$ $\boldsymbol{z}$和$z_{U_E} = f_{U_E}$（$\boldsymbol{z}$）式（B.4）中的方程，得到 z_{D_E}和z_{U_E}关于$z_{L_E} \in [0,1]$ 的函数：

$$z_{D_E}(z_{L_E}) = \frac{\gamma_E + m_D z_{D_I}}{\beta_E\xi_E S_E(0)(1-z_{L_E}) + \gamma_E + m_D}, \quad z_{U_E}(z_{L_E}) = \frac{\gamma_E + \sigma_E m_U z_{D_E}(z_{L_E}) + (1-\sigma_E)m_U z_{U_I}}{\beta_E S_E(0)(1-z_{L_E}) + \gamma_E + m_U}.$$

$z_{D_E}(z_{L_E})$ 和 $z_{U_E}(z_{L_E})$ 在 $[0,1]$, 上均严格递增且严格凸，并将 $[0,1]$ 映射到 $(0,1]$。将它们代入 $z_{L_E} = f_{L_E}(\boldsymbol{z})$，可将系统化简为标量不动点方程 $z_{L_E} = \Psi(z_{L_E})$，其中

$$\Psi(z_{L_E}) := \frac{p_E\varepsilon_E z_{D_E}(z_{L_E}) + (1-p_E)\varepsilon_E z_{U_E}(z_{L_E}) + m_L z_{L_I}}{\varepsilon_E + m_L}$$

在 $[0,1]$ 上严格递增且严格凸。由于 $\Psi(0) > 0$，并且根据 $m_L + m_D + (1-\sigma_E)m_U > 0$，当$\boldsymbol{z}_I \in (0,1)^3$时，$\Psi(1) < 1$，凸函数 $g(z_{L_E}) := \Psi(z_{L_E}) - z_{L_E}$满足 $g(0) > 0 > g(1)$，因此在 $z_{L_E} \in (0,1)$ 内有唯一根，从而唯一确定 $\boldsymbol{z}_E \in (0,1)^3$。

证明到此结束。 □

C 流行病事件与疫情暴发的刻画

虽然以下概念并不属于模型本身，但它们用于刻画连续时间马尔可夫链中的流行病实现次数和疫情暴发。

C.1 潜在流行病与可观测流行病

首先，我们区分潜在的（或不可观测的）流行病与可观测的流行病。潜在流行病是涵盖所有感染舱室的整个随机过程（对于 $X \in \{E, I, C\}$，即 L_X、D_X 和 U_X）。可观测流行病是公共卫生部门观测到的流行病，由已检测感染状态舱 D_E、D_I 和 D_C 中的数量表示。除非另有说明，潜在流行病是研究的主要对象，而干预决策则根据可观测流行病触发。

C.2 引入

引入 或输入 是指在输出地感染后，个人前往输入地。此人在旅行时以及抵达输入地时，可能已检测或未检测。我们采用与 [2, 1] 相同的术语，并从病原体的角度判断成功与否，区分未成功 和成功的引入。如果输入病例没有在输入地导致任何后续病例，则此次引入为未成功 。如果输入病例在输入地至少感染了一例后续病例，则此次引入为成功。

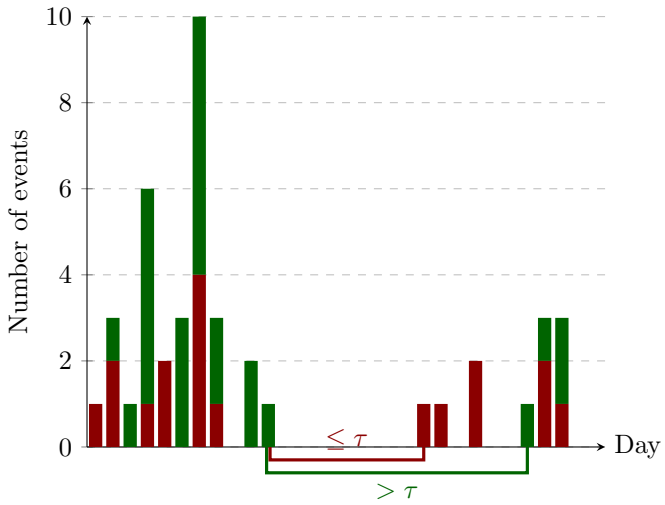


图 C.1：从潜伏区室中检出（绿色）和未检测（红色）的示例转移，展示可观测病例之间的时间间隔（绿色括号）以及任意类型病例之间的时间间隔（红色括号）。此处，由于已检测病例之间的间隔超过阈值 τ，而未检测病例在 τ 内填补了该间隔，因此在一次不可观察到的疫情暴发期间出现了两次可观测疫情暴发。

C.3 疫情暴发

疫情暴发 对应于病原体持续传播的一段时期。为明确“持续”的含义，我们设定阈值 τ，规定两次连续监测事件之间允许的最长间隔时间；如果两次连续事件之间经过的时间超过 τ，则视为第一次疫情暴发已经结束，并在下一次事件发生时开始新的疫情暴发。根据所监测的事件，我们区分三种类型的疫情暴发：

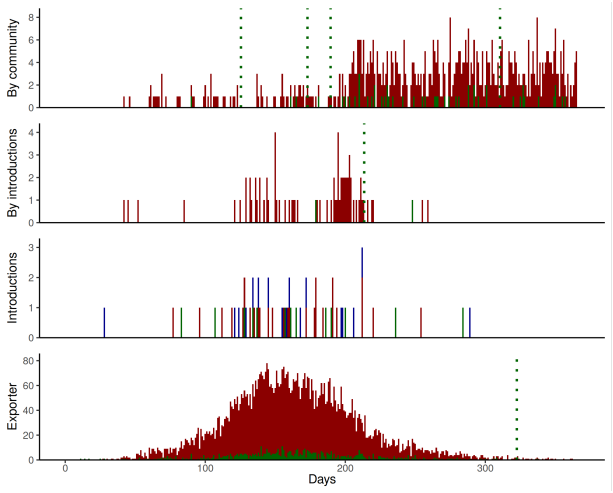
1. 可观测疫情暴发 仅监测检测事件。在输出地中，可观测疫情暴发由以下形式的连续转移组成： $L_E \to D_E$，且任意两个连续转移之间的间隔均不超过 τ 个时间单位。在输入地中，使用转移 $L_I \to D_I$ 和 $L_C \to D_C$ （以及已检测输入$D_E \to D_I$）。在图9 和D.1中，竖直绿色虚线标示一次可观测疫情暴发结束与下一次开始之间的中点。

2. 不可观察到的疫情暴发 （或一般激活疫情）监测所有病例激活事件，无论其是否已检测。在输出地中，这对应于从 L_E 转移至以下任一区室： D_E 或 U_E。在输入地中，引入层和社区内的转移 $L_I \to \{D_I, U_I\}$ 及 $L_C \to \{D_C, U_C\}$ 由传染性输入事件 $D_E \to D_I$ 和 $U_E \to U_I$加以补充。图C.1 说明了为何在检测并不完善的情况下，一次不可观察疫情暴发可能被认为是多次彼此 distinct 的可观测疫情暴发。

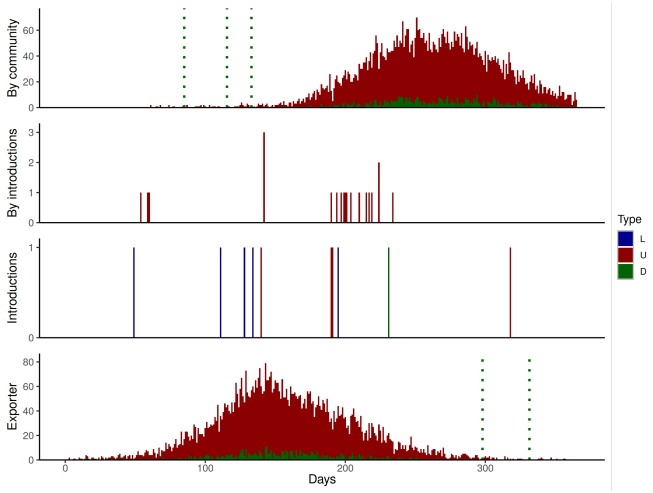
3. 感染疫情关注实际的感染事件，即从 S 到 L 的转移（$S_E \to L_E$ 位于输出地， $S_C \to L_C$ 位于输入地）。这是传播发生率最真实的衡量指标； $S \to L$转移不能与 $L \to D$ 转移简单合并，否则会对检出病例重复计数。

C.4 对疫情暴发的进一步描述

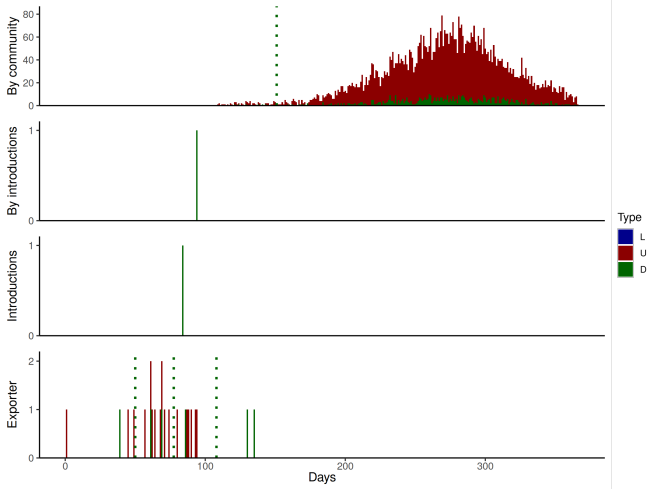
为描述疫情暴发，我们还考察其峰值、规模、持续时间和频率。疫情暴发的峰值出现在用于判断疫情暴发是否存在的监测转移达到最大值时。疫情暴发的规模是疫情暴发期间发生的监测转移总数；疫情暴发的持续时间是疫情暴发中首次与末次监测转移之间的时间。两次疫情暴发之间的时间是从一次疫情暴发的末次监测转移到下一次疫情暴发的首次监测转移所经过的时间。疫情暴发的频率是研究期间两次疫情暴发之间时间的均值的倒数。



（a） $\mathcal{R}_0^C = 0.8$ 和 $m_X = 0.0005$



（b） $\mathcal{R}_0^C = 1.5$ 和 $m_X = 0.0001$



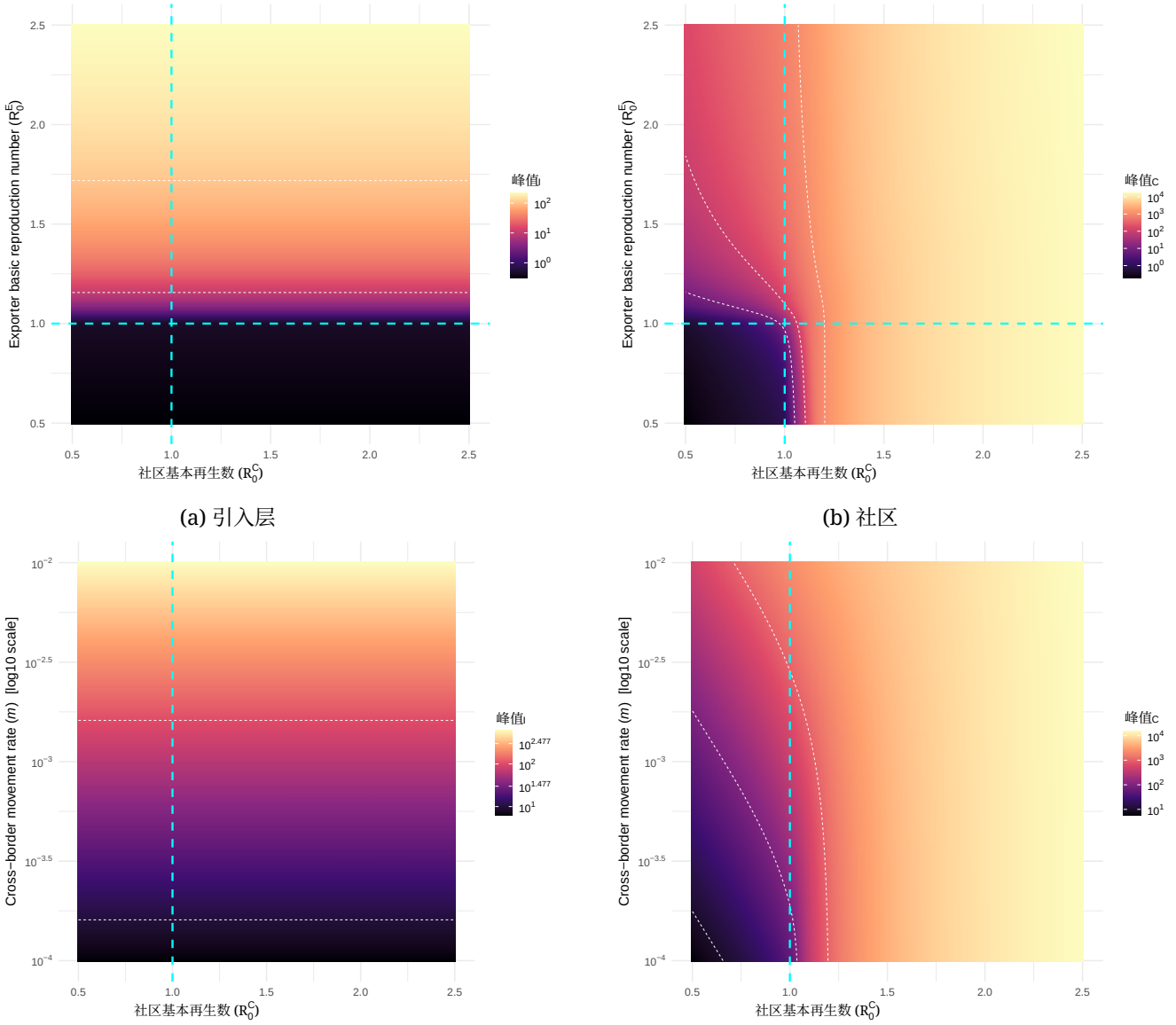
（c） $\mathcal{R}_0^C = 1.5$ 和 $m_X = 0.001$。

图 D.1：每个地点初始总人口为 10,000 时，完整连续时间马尔可夫链模型的样本实现，$\mathcal{R}_0^E = 1.5$ 和（a） $\mathcal{R}_0^C = 0.8$ 和 $m_X = 0.0005$，（b） $\mathcal{R}_0^C = 1.5$ 和 $m_X = 0.0001$ 和（c） $\mathcal{R}_0^C = 1.5$ 和 $m_X = 0.001$。

D 更多计算结果

本节汇集了更多数值示例，以补充第5节和第6节的内容：完整连续时间马尔可夫链模型的更多样本实现（图D.1）、输入地引入层和社区中的确定性峰值患病率热图（图D.2），以及在输出地传播开始后的固定时间中断旅行的影响（图D.3）。

在图 D.3中，我们使用连续时间马尔可夫链模拟，研究在输出地疫情暴发开始后的指定时间完全中断旅行，对输入地平均攻击率相对百分比降幅的影响。在图 D.3a中，我们考察输入地疾病控制效果不佳（$\mathcal{R}_0^C = 1.5$），且输出地条件各异（$\mathcal{R}_0^E$）时的情况。随着$\mathcal{R}_0^E$ 增大，输出地的流行病发展得更快，引入输入地的时间也更早，从而缩短了旅行禁令能够显著降低输入地攻击率的时间窗口。在图 D.3b中，输入地能够控制其再生数（$\mathcal{R}_0^C$），但无法控制输出地的流行病（$\mathcal{R}_0^E = 1.5$）。当 $\mathcal{R}_0^C \leq 1$时，本地传播链无法持续，因此即使相对较晚才停止旅行，仍能避免很大一部分由输入导致的少量疾病负担。相反，一旦$\mathcal{R}_0^C > 1$，在最初几周之后才中断旅行，会使引入的疾病得以引发本地社区传播，导致输入地攻击率的相对降幅迅速降至零。



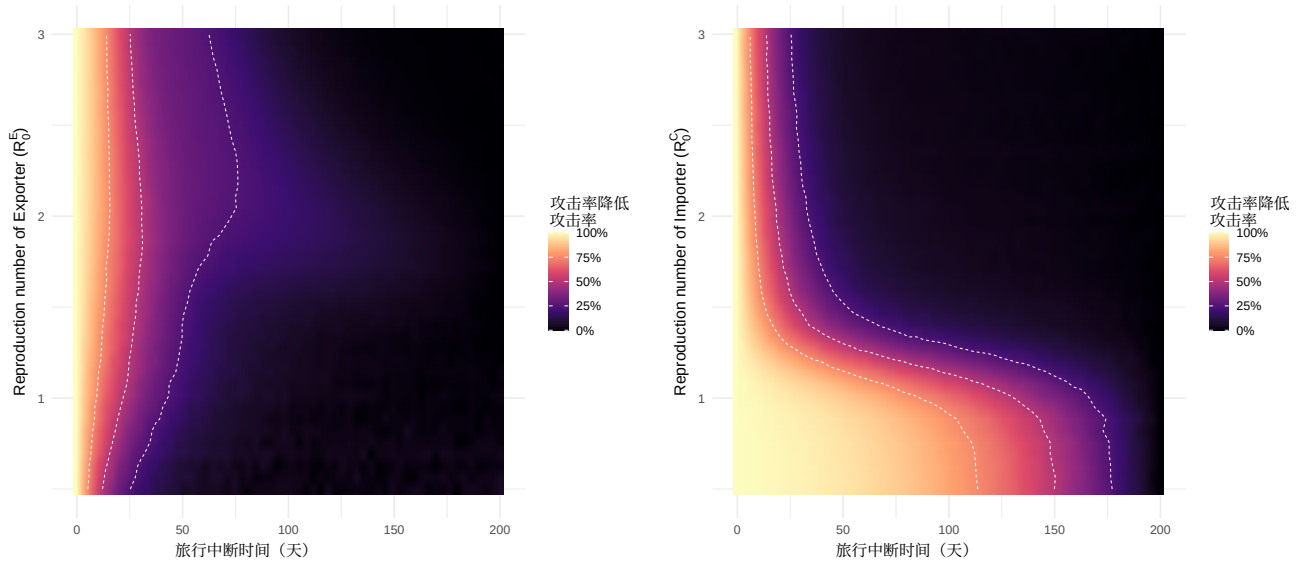
(a) 引入层

(b) 社区

(c) 引入层

(d) 社区

图 D.2：输入地中的确定性峰值流行率随 $\mathcal{R}_0^C$ 和 (a,b) $\mathcal{R}_0^E$ 和 (c,d) m_X 在 (a,c) 引入层和 (b,d) 社区中的变化。采用确定性模型 (3)。



(a) $\mathcal{R}_0^E$ (b) $\mathcal{R}_0^C$

图 D.3：输入地中平均攻击率相对百分比降幅（每个网格点进行 10,000 次连续时间马尔可夫链模拟）随全面旅行中断时机的变化，以及 (a) $\mathcal{R}_0^E$（使用 $\mathcal{R}_0^C = 1.5$；在没有旅行限制的情况下，基线平均攻击率从 $\mathcal{R}_0^E = 0.5$ 的 21.3% 增至 $\mathcal{R}_0^E \approx 1.5$ 的 56.5%，再增至 $\mathcal{R}_0^E = 3.0$ 的 83.4%）和 (b) $\mathcal{R}_0^C$（使用 $\mathcal{R}_0^E = 1.5$；在没有旅行限制的情况下，基线平均攻击率从 $\mathcal{R}_0^C = 0.5$ 的 3.3% 增至 $\mathcal{R}_0^C \approx 1.5$ 的 57.6%，再增至 $\mathcal{R}_0^C = 3.0$ 的 92.4%）。两个地点均有 10K 个体。

补充材料参考文献

[1] L. J. S. Allen 和 P. van den Driessche。确定性和随机阈值在连续时间和离散时间传染病模型疾病消亡中的关系。*Mathematical Biosciences*，243(1)：99–108，2013 年。

[2] V. Andreasen。流行病的最终规模及其与基本再生数的关系。*Bulletin ofMathematical Biology*，73(10)：2305–2321，2011。[3] J. Arino、F. Brauer、P. van den Driessche、J. Watmough 和 J. Wu。流行病模型的最终规模关系。*Mathematical Biosciences and Engineering*，4(2)：159–175，2007。[4] K. B. Athreya 和 P. E. Ney。分枝过程。Springer，1972。[5] A. Berman 和 R. J. Plemmons。数学科学中的非负矩阵。Academic Press，纽约，1979。[6] S. Bidari、X. Chen、D. Peters、D. Pittman 和 P. L. Simon。SIR流行病模型隐式最终规模方程的可解性。*Mathematical Biosciences*，282：181–190，2016。[7] F. Brauer。严重流行病的最终规模。*Bulletin of Mathematical Biology*，81(3)：869–877，2019。[8] T. E. Harris。分枝过程理论，*Grundlehren der mathematischen Wis-senschaften*丛书第119卷。Springer，柏林、海德堡，1963。[9] P. Magal、O. Seydi 和 G. Webb。双组SIR模型中流行病的最终规模。*SIAM*应用数学杂志，76(5)：2042–2059，2016。[10] P. Magal、O. Seydi 和 G. Webb。多组SIR流行病模型的最终规模：不可约和非不可约传播模式。*Mathematical Biosciences*，301：59–67，2018。[11] P. van den Driessche 和 J. Watmough。舱室模型中疾病传播的再生数与阈值以下地方病平衡点。*Mathematical Biosciences*，180：29–48，2002。