

【微分方程与动力系统研究】

一类病毒自发变异的 SIR 传染病模型稳定性分析

高文哲, 闫娟娟

(兰州交通大学 数理学院, 甘肃 兰州 730070)

摘 要:研究了病毒变异前疾病具有双线性发生率, 病毒变异后疾病具有非线性发生率的 SIR 传染病模型。首先采用第二代生成矩阵法求得该模型的基本再生数并证明了各个平衡点的存在性。其次通过 Hurwitz 判别法得到该模型各个平衡点的局部渐近稳定性。然后借助 Lyapunov 函数、Lasalle 不变集原理和 Bendixson - Dulac 定理证明该模型各个平衡点全局渐近稳定的充分条件。最后通过数值模拟验证结果的正确性。

关键词:传染病模型; 病毒变异; 发生率; 渐近稳定性

中图分类号: O 175 **文献标识码:** A **DOI:** 10.13486/j.cnki.1673-2618.2022.06.007

长期以来, 传染病严重危害着人类的健康, 人们在与各种传染病作斗争的过程中, 也取得了显著的成果^[1-4], 这些研究大多考虑了病毒单独存在的传染病问题。然而随着疾病的发展, 病毒在传播过程中受到多种因素的影响, 可能会发生变异, 改变病毒的传染方式与治愈率, 导致疾病失控。文献[5-7]分别研究了具有标准发生率、双线性发生率和非线性发生率的病毒变异传染病模型, 讨论了系统各个平衡点的稳定性; 文献[8-10]研究了两种病毒同时存在且具有不同发生率的传染病问题, 但它们之间不存在变异的关系; 文献[11-12]对具有接种和突变的传染病模型进行了稳定性分析, 但没有考虑病毒变异时疾病的发生率和致死程度发生变化的情况。因此在文献[6]的基础上, 考虑了病毒变异时疾病的发生率和致死程度都发生变化的情况, 提出一类具有不同发生率的病毒自发变异 SIR 传染病模型。

1 模型分析

考虑到病毒发生变异时疾病的传播规律发生改变, 引入一类具有双线性发生率和非线性发生率的病毒自发变异 SIR 传染病模型。假设所有感染者分为病毒变异前的感染者(简称变异前患者)和病毒变异后的感染者(简称变异后患者)两类, 一部分变异前患者未能治愈而发展成变异后患者, 两类患者都具有传染性, 且病毒变异前该疾病的发生率为双线性发生率, 此时疾病不足以致命, 而病毒变异后该疾病的发生率为非线性发生率, 疾病足以致命, 于是建立模型

$$\begin{cases} \dot{S} = \Lambda - \beta_1 S I_1 - \beta_2 S^2 I_2 - dS, \\ \dot{I}_1 = \beta_1 S I_1 - (d + \gamma_1 + \epsilon) I_1, \\ \dot{I}_2 = \beta_2 S^2 I_2 + \epsilon I_1 - (d + \gamma_2 + \alpha) I_2, \\ \dot{R} = \gamma_1 I_1 + \gamma_2 I_2 - dR. \end{cases} \quad (1)$$

收稿日期: 2022-03-29

基金项目: 国家自然科学基金项目(11561041)

第一作者简介: 高文哲(2000—), 女, 甘肃庆阳人, 硕士研究生, 主要从事生物数学研究。

E-mail: 17326417389@163.com

其中, $S=S(t), I_1=I_1(t), I_2=I_2(t), R=R(t)$ 分别表示 t 时刻易感染者、变异前患者、变异后患者和恢复者的数量, Λ 表示种群的输入率, d 表示种群的死亡率, β_1 表示病毒变异前疾病的发生率系数, β_2 表示病毒变异后疾病的发生率系数, ϵ 表示变异前患者转换为变异后患者的速率, γ_1 和 γ_2 分别表示变异前患者和变异后患者的恢复率, α 表示变异后患者的因病死亡率。为了使模型具有生物意义, 假设该模型的所有参数均为正数。

令 $N(t)=S(t)+I_1(t)+I_2(t)+R(t)$, 由模型(1)可得

$$\frac{dN(t)}{dt} = \Lambda - dN(t) - \alpha I_2(t), \tag{2}$$

由比较原理知 $\frac{dN(t)}{dt} \leq \Lambda - dN(t)$, 所以 $N(t) \leq \frac{\Lambda}{d}$ 。

因模型(1)的前三个方程中不含 R , 所以只需要考虑模型

$$\begin{cases} \dot{S} = \Lambda - \beta_1 S I_1 - \beta_2 S^2 I_2 - dS \triangleq P(S, I_1, I_2), \\ \dot{I}_1 = \beta_1 S I_1 - (d + \gamma_1 + \epsilon) I_1 \triangleq Q(S, I_1, I_2), \\ \dot{I}_2 = \beta_2 S^2 I_2 + \epsilon I_1 - (d + \gamma_2 + \alpha) I_2 \triangleq Y(S, I_1, I_2). \end{cases} \tag{3}$$

显然区域 $\Omega = \{(S, I_1, I_2) \mid S \geq 0, I_1 \geq 0, I_2 \geq 0, 0 \leq S + I_1 + I_2 \leq \frac{\Lambda}{d}\}$ 是模型(3)的正向不变集, 即系统(3)的可行域。不失一般性, 以下将在区域 Ω 上讨论模型(3)的稳定性。

2 基本再生数与平衡点的存在性

令方程组(3)的右端函数为零, 显然可以得到该模型的无病平衡点 $E_0(\frac{\Lambda}{d}, 0, 0)$ 。下面采用第二代生成矩阵法计算模型(3)的基本再生数。

$$\mathcal{F} = (\beta_1 S I_1 \quad \beta_2 S^2 I_2)^T, \mathcal{V} = ((d + \gamma_1 + \epsilon) I_1 \quad -\epsilon I_1 + (d + \gamma_2 + \alpha) I_2)^T,$$

\mathcal{F} 和 \mathcal{V} 在 E_0 处的 Jacobian 矩阵为

$$\mathbf{F} = \begin{pmatrix} \beta_1 \frac{\Lambda}{d} & 0 \\ 0 & \beta_2 \frac{\Lambda^2}{d^2} \end{pmatrix}, \mathbf{V} = \begin{pmatrix} d + \gamma_1 + \epsilon & 0 \\ -\epsilon & d + \gamma_2 + \alpha \end{pmatrix},$$

因此

$$\mathbf{FV}^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_1 \Lambda}{d(d + \gamma_1 + \epsilon)} & 0 \\ \frac{\epsilon \beta_2 \Lambda^2}{d^2(d + \gamma_1 + \epsilon)(d + \gamma_2 + \alpha)} & \frac{\beta_2 \Lambda^2}{d^2(d + \gamma_2 + \alpha)} \end{pmatrix}.$$

故定义模型(3)的基本再生数 $R_0 = \max\{R_1, R_2\}$, 其中 $R_1 = \frac{\beta_1 \Lambda}{d(d + \gamma_1 + \epsilon)}, R_2 = \frac{\beta_2 \Lambda^2}{d^2(d + \gamma_2 + \alpha)}$ 。

定理 1 模型(3)总存在无病平衡点 $E_0(S_0, 0, 0)$; 当 $R_2 > 1$ 时, 模型(3)存在病毒变异前疾病灭亡而病毒变异后疾病存在的边界平衡点 $E_1(\bar{S}, 0, \bar{I}_2)$; 当 $R_1^2 > R_2$ 且 $R_1 > 1$ 时, 模型(3)存在病毒变异前和病毒变异后疾病都存在的地方病平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 。

证明 模型(3)的平衡点满足方程

$$\begin{cases} \Lambda - \beta_1 S I_1 - \beta_2 S^2 I_2 - dS = 0, \\ \beta_1 S I_1 - (d + \gamma_1 + \epsilon) I_1 = 0, \\ \beta_2 S^2 I_2 + \epsilon I_1 - (d + \gamma_2 + \alpha) I_2 = 0. \end{cases} \tag{4}$$

当 $I_1 = I_2 = 0$ 时, 易求得模型(3)的无病平衡点 $E_0(S_0, 0, 0)$, 其中 $S_0 = \frac{\Lambda}{d}$ 。当 $I_1 = 0, I_2 \neq 0$ 时, 由方程组(4)的第 3 个等式得 $\bar{S} = \sqrt{\frac{d + \gamma_2 + \alpha}{\beta_2}}$, 将 \bar{S} 代入方程组(4)的第 1 个等式可解得 $\bar{I}_2 = \frac{d(\sqrt{R_2} - 1)}{\sqrt{\beta_2}(d + \gamma_2 + \alpha)}$, 故当 $R_2 > 1$ 时, 模型(3)存在病毒变异前疾病灭亡而病毒变异后疾病存在的边界平衡点 $E_1(\bar{S}, 0, \bar{I}_2)$, 其中

$$\bar{S} = \sqrt{\frac{d + \gamma_2 + \alpha}{\beta_2}}, \bar{I}_2 = \frac{d(\sqrt{R_2} - 1)}{\sqrt{\beta_2}(d + \gamma_2 + \alpha)}.$$

当 $I_1 \neq 0$ 且 $I_2 \neq 0$ 时, 由方程组(4)的第 2 个式子得 $S^* = \frac{d + \gamma_1 + \epsilon}{\beta_1}$, 再由方程组(4)的第 3 个式子解得 $I_1^* = \frac{d + \gamma_2 + \alpha}{\epsilon} (1 - \frac{R_2}{R_1^2}) I_2^*$, 将 S^*, I_1^* 代入方程组(4)的第 1 个式子可得

$$I_2^* = \frac{(R_1 - 1)}{\frac{\beta_2 \Lambda}{d^2 R_1} + \frac{\beta_1 \beta_2 \Lambda^2}{\epsilon d^3 R_2} (1 - \frac{R_2}{R_1^2})}.$$

故当 $R_1^2 > R_2$ 且 $R_1 > 1$ 时, 模型(3)存在病毒变异前后疾病都存在的地方病平衡点 $E_3(S^*, I_1^*, I_2^*)$, 其中

$$S^* = \frac{d + \gamma_1 + \epsilon}{\beta_1}, I_1^* = \frac{d + \gamma_2 + \alpha}{\epsilon} (1 - \frac{R_2}{R_1^2}) I_2^*, I_2^* = \frac{(R_1 - 1)}{\frac{\beta_2 \Lambda}{d^2 R_1} + \frac{\beta_1 \beta_2 \Lambda^2}{\epsilon d^3 R_2} (1 - \frac{R_2}{R_1^2})}.$$

3 局部稳定性分析

本节通过 Jacobian 矩阵与 Hurwitz 判别法讨论模型(3)各个平衡点的局部渐近稳定性。首先模型(3)在任意平衡点 $E(S, I_1, I_2)$ 处的 Jacobian 矩阵为

$$J = \begin{pmatrix} -\beta_1 I_1 - 2\beta_2 S I_2 - d & -\beta_1 S & -\beta_2 S^2 \\ \beta_1 I_1 & \beta_1 S - (d + \gamma_1 + \epsilon) & 0 \\ 2\beta_2 S I_2 & \epsilon & \beta_2 S^2 - (d + \gamma_2 + \alpha) \end{pmatrix}. \quad (5)$$

定理 2 当 $R_0 = \max\{R_1, R_2\} < 1$ 时, 模型(3)的无病平衡点 $E_0(S_0, 0, 0)$ 局部渐近稳定。

证明 由式(5)知模型(3)在无病平衡点 E_0 处的 Jacobian 矩阵所对应的特征方程

$$(\lambda + d)(\lambda - \beta_1 \frac{\Lambda}{d} + d + \gamma_1 + \epsilon)(\lambda - \beta_2 \frac{\Lambda^2}{d^2} + d + \gamma_2 + \alpha) = 0,$$

显然有

$$\lambda_1 = -d < 0, \lambda_2 = \beta_1 \frac{\Lambda}{d} - (d + \gamma_1 + \epsilon) = (d + \gamma_1 + \epsilon)(R_1 - 1),$$

$$\lambda_3 = \beta_2 \frac{\Lambda^2}{d^2} - (d + \gamma_2 + \alpha) = (d + \gamma_2 + \alpha)(R_2 - 1).$$

若 $R_1 < 1$ 且 $R_2 < 1$, 则特征根均为负实数, 即当 $R_0 = \max\{R_1, R_2\} < 1$ 时, 无病平衡点 $E_0(S_0, 0, 0)$ 局部渐近稳定。

定理 3 当 $R_2 > 1$ 且 $R_2 > R_1^2$ 时, 病毒变异前疾病灭亡而病毒变异后疾病存在的边界平衡点 $E_1(\bar{S}, 0, \bar{I}_2)$ 局部渐近稳定。

证明 由(5)知平衡点 $E_1(\bar{S}, 0, \bar{I}_2)$ 处的特征方程为

$$(\lambda - \beta_1 \bar{S} + d + \gamma_1 + \epsilon)[(\lambda + 2\beta_2 \bar{S} \bar{I}_2 + d)\lambda + 2\beta_2 \bar{S} \bar{I}_2 \cdot \beta_2 \bar{S}^2] = 0,$$

整理化简得

$$[\lambda - \frac{\beta_1 \Lambda}{d} (\sqrt{\frac{1}{R_2}} - \frac{1}{R_1})][\lambda^2 + (2d \sqrt{R_2} - d)\lambda + 2d(d + \gamma_2 + \alpha)(\sqrt{R_2} - 1)] = 0,$$

显然当 $R_2 > R_1^2$ 时,

$$\lambda_1 = \frac{\beta_1 \Delta}{d} \left(\sqrt{\frac{1}{R_2}} - \frac{1}{R_1} \right) < 0,$$

λ_2 和 λ_3 依赖于方程

$$\lambda^2 + (2d \sqrt{R_2} - d)\lambda + 2d(d + \gamma_2 + \alpha)(\sqrt{R_2} - 1) = 0,$$

则有

$$\lambda_2 + \lambda_3 = -(2d \sqrt{R_2} - d), \lambda_2 \lambda_3 = 2d(d + \gamma_2 + \alpha)(\sqrt{R_2} - 1).$$

若 $R_2 > 1$, 则 $\lambda_2 + \lambda_3 < 0, \lambda_2 \lambda_3 > 0$, 特征根均为负实数。所以当 $R_2 > 1$ 且 $R_2 > R_1^2$ 时, 病毒变异前疾病灭亡而病毒变异后疾病存在的边界平衡点 $E_1(\bar{S}, 0, \bar{I}_2)$ 局部渐近稳定。

定理 4 当 $R_1^2 > R_2, R_1 > 1$ 且 $3d + 2\gamma_2 + 2\alpha - \gamma_1 - \epsilon > 0$ 时, 病毒变异前和病毒变异后疾病都存在的地方病平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 局部渐近稳定。

证明 平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 处的特征方程为

$$\lambda(\lambda + \beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d)(\lambda - \beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) + \beta_1 I_1^* \cdot \beta_2 S^{*2} \cdot \epsilon + \lambda \cdot 2\beta_2 S^* I_2^* \cdot \beta_2 S^{*2} + \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^* \cdot (\lambda - \beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) = 0,$$

计算整理得

$$\lambda^3 + (\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d - \beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha)\lambda^2 + [(\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d)(-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) + 2\beta_2 S^* I_2^* \cdot \beta_2 S^{*2} + \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^*]\lambda + \beta_1 I_1^* \cdot \beta_2 S^{*2} \cdot \epsilon + \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^* \cdot (-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) = 0.$$

令

$$\begin{aligned} a_1 &= \beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d - \beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha, \\ a_2 &= (\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d)(-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) + 2\beta_2 S^* I_2^* \cdot \beta_2 S^{*2} + \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^*, \\ a_3 &= \beta_1 I_1^* \cdot \beta_2 S^{*2} \cdot \epsilon + \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^* \cdot (-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha). \end{aligned}$$

因为 $R_1^2 > R_2$, 所以 a_1, a_2, a_3 均大于零。显然

$$\Delta_1 = |a_1| > 0, \Delta_2 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 \\ 1 & a_2 \end{vmatrix} = a_1 a_2 - a_3,$$

其中

$$\begin{aligned} a_1 a_2 - a_3 &= (\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d - \beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) \cdot [(\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d)(-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) + 2\beta_2 S^* I_2^* \cdot \beta_2 S^{*2} + \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^*] - \beta_1 I_1^* \cdot \beta_2 S^{*2} \cdot \epsilon - \beta_1 S^* \cdot \beta_1 I_1^* \cdot (-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha) = \\ &= (-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha)\beta_2 S^* I_2^* \cdot [2(\beta_1 I_1^* + d) + 2(d + \gamma_2 + \alpha) - (d + \gamma_1 + \epsilon)] + \frac{2\beta_1(d + \gamma_2 + \alpha)}{\epsilon} I_2^* + \\ &= \frac{\beta_1^2}{\beta_2 \epsilon} \cdot (\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d) + (-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha)(\beta_1 I_1^* + d)^2 + \\ &= (2\beta_2 S^* I_2^* + d)2\beta_2 S^* I_2^* \cdot (d + \gamma_2 + \alpha) + (\beta_1 I_1^* + d)(-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha)^2 \geq \\ &= (-\beta_2 S^{*2} + d + \gamma_2 + \alpha)\beta_2 S^* I_2^* \cdot [2d + 2(d + \gamma_2 + \alpha) - (d + \gamma_1 + \epsilon)] + \frac{\beta_1^2}{\beta_2 \epsilon} d + \\ &= \frac{2\beta_1(d + \gamma_2 + \alpha)}{\epsilon} \cdot I_2^* + \frac{\beta_1^2}{\beta_2 \epsilon} (\beta_1 I_1^* + 2\beta_2 S^* I_2^* + d). \end{aligned}$$

因为 $3d + 2\gamma_2 + 2\alpha - \gamma_1 - \epsilon > 0$, 所以 $\Delta_2 > 0$ 。又因为 $a_3 > 0$, 所以

$$\Delta_3 = \begin{vmatrix} a_1 & a_3 & 0 \\ 1 & a_2 & 0 \\ 0 & 1 & a_3 \end{vmatrix} = a_3 \Delta_2 > 0,$$

故当 $R_1^2 > R_2, R_1 > 1$ 且 $3d + 2\gamma_2 + 2\alpha - \gamma_1 - \epsilon > 0$ 时, $\Delta_1, \Delta_2, \Delta_3$ 均大于零。由 Hurwitz 判别法可知, 特征方

程的特征根均具负实部。由 Lyapunov 第一方法可得: 当 $R_1^2 > R_2, R_1 > 1$ 且 $3d + 2\gamma_2 + 2\alpha - \gamma_1 - \epsilon > 0$ 时, 病毒变异前和病毒变异后疾病都存在的非病平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 局部渐近稳定。

4 全局稳定性分析

本节将通过 Lyapunov 函数、Lasalle 不变集原理和 Bendixson - Dulac 定理对模型 (3) 的 3 个平衡点进行全局渐近稳定性分析。

定理 5 当 $R_0 = \max\{R_1, R_2\} < 1$ 时, 模型 (3) 的无病平衡点 $E_0(S_0, 0, 0)$ 全局渐近稳定。

证明 由模型 (3) 的第 2 个方程知

$$\begin{aligned} \frac{dI_1}{dt} &= I_1[\beta_1 S - (d + \gamma_1 + \epsilon)] = I_1[\beta_1(N - I_1 - I_2 - R) - (d + \gamma_1 + \epsilon)] \leq \\ &I_1\left[\frac{\beta_1 \Delta}{d} - (d + \gamma_1 + \epsilon) - \beta_1(I_1 + I_2)\right] = I_1[(d + \gamma_1 + \epsilon)(R_1 - 1) - \beta_1(I_1 + I_2)], \end{aligned} \quad (6)$$

由于 $R_0 = \max\{R_1, R_2\} < 1$ 意味着 $R_1 < 1$, 因此 $\frac{dI_1}{dt} \leq 0$, 则有 $\lim_{t \rightarrow \infty} I_1(t) = 0$ 。

构造 Lyapunov 函数 $V = (S - S_0 - S_0 \log \frac{S}{S_0}) + I_1 + I_2$ 。在平面 $I_1 = 0$ 上, 对函数 V 关于模型 (3) 的轨迹求导

$$\begin{aligned} \frac{dV}{dt}|_{(3)} &= (1 - \frac{S_0}{S})\dot{S} + \dot{I}_1 + \dot{I}_2 = (1 - \frac{S_0}{S})(\Lambda - \beta_2 S^2 I_2 - dS) + \beta_2 S^2 I_2 - (d + \gamma_2 + \alpha)I_2 = \\ &(1 - \frac{S_0}{S})(dS_0 - \beta_2 S^2 I_2 - dS) + \beta_2 S^2 I_2 - (d + \gamma_2 + \alpha)I_2 = dS_0(2 - \frac{S}{S_0} - \frac{S_0}{S}) + I_2[\beta_2 S S_0 - (d + \gamma_2 + \alpha)], \end{aligned}$$

显然 $\frac{S}{S_0} + \frac{S_0}{S} \geq 2, \beta_2 S S_0 - (d + \gamma_2 + \alpha) \leq (d + \gamma_2 + \alpha)(R_2 - 1) < 0$, 所以当 $R_0 = \max\{R_1, R_2\} < 1$ 时 $\frac{dV}{dt} < 0$ 。由 Lasalle 不变集原理知模型 (3) 的无病平衡点 $E_0(S_0, 0, 0)$ 全局渐近稳定。

定理 6 当 $R_1 < 1 < R_2, \Delta < d + \gamma_2$ 时, 病毒变异前疾病灭亡而病毒变异后疾病存在的边界平衡点 $E_1(\bar{S}, 0, \bar{I}_2)$ 全局渐近稳定。

证明 由式 (6) 可知, 当 $R_1 < 1$ 时 $\lim_{t \rightarrow \infty} I_1(t) = 0$ 。故当 $\Delta < d + \gamma_2$ 时, 模型 (3) 第 2 个式子的极限方程

$$\frac{dI_2}{dt} = \beta_2 S^2 I_2 - (d + \gamma_2 + \alpha)I_2 \leq \beta_2 I_2 \left[\left(\frac{\Delta}{d} - \frac{d + \gamma_2 + \alpha}{d} I_2 \right)^2 - \frac{(d + \gamma_2 + \alpha)}{\beta_2} \right],$$

故当 $R_2 > 1$ 时 $\lim_{t \rightarrow \infty} I_2(t) = \frac{d(\sqrt{R} - 1)}{\sqrt{\beta_2}(d + \gamma_2 + \alpha)}$, 定理 6 成立。

定理 7 当 $R_1^2 > R_2, R_1 > 1, 3d + 2\gamma_2 + 2\alpha - \gamma_1 - \epsilon > 0$ 时, 病毒变异前和病毒变异后疾病都存在的非病平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 全局渐近稳定。

证明 取 Dulac 函数 $B(I_1, I_2) = \frac{1}{I_1 I_2}$, 则

$$\frac{\partial(PB)}{\partial S} + \frac{\partial(QB)}{\partial I_1} + \frac{\partial(YB)}{\partial I_2} = -\frac{\beta_1}{I_1} - \frac{2\beta_2 S}{I_1} - \frac{d}{I_1 I_2} - \frac{\epsilon}{I_2^2} < 0$$

成立。由 Bendixson - Dulac 定理知, 系统 (3) 在区域 Ω 内不存在极限环。又因为在 Ω 的内部, 当且仅当 $R_1^2 > R_2, R_1 > 1, 3d + 2\gamma_2 + 2\alpha - \gamma_1 - \epsilon > 0$ 时, 存在唯一的非病平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 局部渐近稳定, 故病毒变异前和病毒变异后疾病都存在的非病平衡点 $E_2(S^*, I_1^*, I_2^*)$ 全局渐近稳定。

5 数值模拟与结论

取模型 (3) 中的参数, $\Lambda = 1, d = 0.3, \beta_1 = 0.06, \beta_2 = 0.08, \gamma_1 = 0.5, \gamma_2 = 0.45, \epsilon = 0.28, \alpha = 0.6, S(0) = 40,$

$I_1(0)=12, I_2(0)=3, R(0)=5$, 计算得 $R_1=0.1852, R_2=0.6584$ 。由定理 5 知无病平衡点 E_0 全局渐近稳定, 此时该疾病灭绝, 其数值模拟如图 1 所示。

取模型(3)中的参数, $\Lambda=1, d=0.3, \beta_1=0.25, \beta_2=0.32, \gamma_1=0.8, \gamma_2=0.75, \epsilon=0.35, \alpha=0.4, S(0)=40, I_1(0)=12, I_2(0)=3, R(0)=5$, 计算得 $R_1=0.5747, R_2=2.4521$ 。由定理 6 知边界平衡点 E_1 全局渐近稳定, 病毒变异前疾病最终灭亡而病毒变异后疾病流行, 其数值模拟如图 2 所示。

取模型(3)中的参数, $\Lambda=1, d=0.3, \beta_1=0.38, \beta_2=0.39, \gamma_1=0.2, \gamma_2=0.18, \epsilon=0.1, \alpha=0.6, S(0)=40, I_1(0)=12, I_2(0)=3, R(0)=5$, 计算得 $R_1=2.1111, R_2=4.0123$ 。由定理 7 知地方病平衡点 E_2 全局渐近稳定, 病毒变异前和病毒变异后疾病存在且流行, 其数值模拟如图 3 所示。

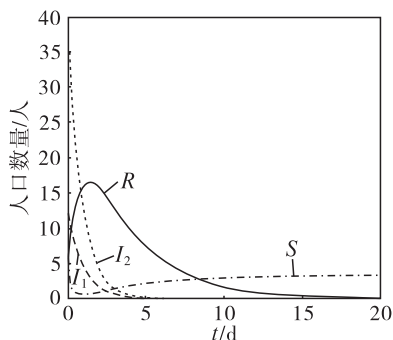


图 1 无病平衡点 E_0 的全局渐近稳定性

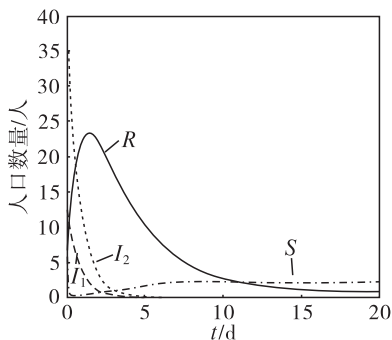


图 2 边界平衡点 E_1 的全局渐近稳定性

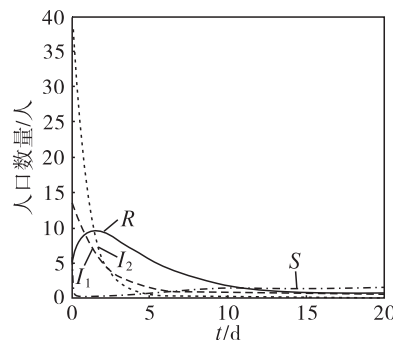


图 3 地方病平衡点 E_2 的全局渐近稳定性

考虑病毒的传播规律, 通过对病毒自发变异的 SIR 传染病模型中引入不同的传染率, 得到了一类具有双线性发生率和非线性发生率的病毒自发变异传染病模型。通过对模型的分析得到传染病灭绝与否的基本再生数表达式以及平衡点存在的条件, 证明了模型(3)在各平衡点处局部渐近稳定与全局渐近稳定的充分条件, 并通过数值模拟验证了结论的正确性。

由于接种疫苗可以提高人类对于传染病的免疫力, 因此提高接种率可以有效抑制传染病的流行。对病毒自身发生变异的传染病模型, 疫苗可能对变异前后的两种病毒有不同的抑制作用, 因此对这类传染病模型有必要进行进一步的研究。

参 考 文 献:

[1] FARAH E M, AMINE S, ALLALI K. Dynamics of a time-delayed two-strain epidemic model with general incidence rates[J]. Chaos, solitons and fractals, 2021, 153(1): 1 - 15. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2021.111527>.

[2] 杜金姬, 秦闯亮, 陈海波, 等. 一类具有病毒变异的随机 SEIR 传染病模型的灭绝性与平稳分布[J]. 应用数学, 2021, 34(3): 768 - 778.

[3] LI C T, ZHANG Y Y, ZHOU Y C, et al. Competitive coexistence in a two-strain epidemic model with a periodic infection rate[J]. Discrete dynamics in nature and society, 2020. DOI: 10.1155/2020/7541861.

[4] 梁桂珍, 方慧文, 王伟杰. 一类具有 Logistic 增长和病毒变异的 SEIR 传染病模型的稳定性分析[J]. 河南科技学院学报(自然科学版), 2021, 49(2): 48 - 53.

[5] 渠亚娇, 王文龙, 李雪. 一类病毒自身变异的时滞传染病模型的稳定性分析[J]. 哈尔滨师范大学自然科学学报, 2019, 35(6): 1 - 7.

[6] 李冬梅, 付玉立, 高添奇. 一类病毒自发变异时滞 SIR 传染病模型稳定性分析[J]. 哈尔滨理工大学学

报, 2020, 25(2): 166 - 172.

- [7] 李晨辰. 具有病毒变异的传染病模型稳定性的研究[D]. 哈尔滨: 哈尔滨理工大学, 2014.
- [8] BENTALEB D, AMINE S. Lyapunov function and global stability for a two-strain SEIR model with bilinear and non-monotone incidence[J]. International journal of biomathematics, 2019, 12(2). DOI: 10.1142/S1793524519500219.
- [9] BABA I A, HINCAL E. Global stability analysis of two-strain epidemic model with bilinear and non-monotone incidence rates[J]. European physical journal plus, 2017, 132(5). DOI: 10.1140/epjp/i2017-11476-x.
- [10] MESKAF A, KHYAR O, DANANE J, et al. Global stability analysis of a two-strain epidemic model with non-monotone incidence rates[J]. Chaos, solitons and fractals, 2020, 133. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.109647>.
- [11] CAI L M, XIANG J J, LI X Z, et al. A two-strain epidemic model with mutant strain and vaccination[J]. Journal of applied mathematics and computing, 2012, 40: 125 - 142. DOI: 10.1007/s12190-012-0580-x.
- [12] MAIA M, MIMMO I, LI X Z. Subthreshold coexistence of strains: the impact of vaccination and mutation[J]. Mathematical biosciences and engineering, 2007, 4(2): 287 - 317.

Stability Analysis of a SIR Epidemic Model with Spontaneous Mutation of Virus

GAO Wen-zhe, YAN Juan-juan

(School of Mathematics and Physics, Lanzhou Jiaotong University, Lanzhou 730070, China)

Abstract: A SIR epidemic model with bilinear incidence rate before virus mutation and nonlinear incidence rate after virus mutation is proposed. Firstly, the basic reproduction number in this model is found by using the next generation matrix method and the existence of equilibria are examined. Secondly, the local asymptotic stability of equilibria are carried out through the use of Hurwitz criterion. Then, the sufficient conditions for global asymptotic stability of equilibria are determined through suitable Lyapunov function, Lasalle invariant set principle and Bendixson-Dulac theorem. Finally, some numerical simulations are given to demonstrate the obtained results.

Keywords: epidemic model; virus mutation; incidence rate; asymptotical stability

(责任编辑: 贾晶晶)