· 综　　述 ·

数学模型在传染病防控中的应用

周文雍[1,2]　文泽轩[1,2]　王伟炳[1,2]

[1]复旦大学上海市重大传染病和生物安全研究院,上海 200032;[2]复旦大学公共卫生学院流行病学教研室,公共卫生安全教育部重点实验室,上海 200032

通信作者:王伟炳,E-mail: wwb@fudan.edu.cn

DOI:10.16462/j.cnki.zhjbkz.2025.01.016

【摘要】 随着全球化的加速,传染病的暴发和流行再次成为了公共卫生领域的重要挑战。相对于关注传染源、传播途径和易感人群的传统研究视野,数学模型聚焦于三者的动态联系,并在符合数学原理和传染病传播机制的基础上实现对传播动态的复现或对疫情发展的预测。目前,数学模型可用于解决传染病防控领域的诸多实际问题,包括但不限于传染病疫情趋势预测、疾病负担和医疗资源需求估计、干预措施效果评估、疫苗效果与分配研究以及传染病流行机制的研究等。通过综述的形式简述数学模型在传染病中的应用。

【关键词】 传染病; 数学模型; 应用研究

【中图分类号】R181; O175 **【文献标识码】**A　　**【文章编号】**1674-3679(2025)01-0102-06

基金项目: 智慧疫情监控与人工智能分析系统的开发和应用(21002411400); 国家社会科学基金重大招标项目(22&ZD142)

Application of mathematical models in the prevention and control of infectious diseases

ZHOU Wenyong[1,2], *WEN Zexuan*[1,2], *WANG Weibing*[1,2]

[1]*Shanghai Institute of Infectious Disease and Biosecurity, Fudan University, Shanghai 200032, China*; [2]*Department of Epidemiology, Key Laboratory of Public Health Safety of Ministry of Education, School of Public Health, Fudan University, Shanghai 200032, China*

Corresponding author: WANG Weibing, E-mail: wwb@fudan.edu.cn

【Abstract】 With the acceleration of globalization, the outbreak and prevalence of infectious diseases have once again become important challenges in the field of public health. Compared to the traditional research that focuses on infectious sources, transmission routes, and susceptible populations, mathematical models focus on the dynamic connections among the three and replicate transmission dynamics or predict epidemic development based on mathematical principles and transmission mechanisms of infectious diseases. Mathematical models are currently used to solve many practical problems in prevention and control of infectious disease, including but not limited to predicting the trend of infectious disease, estimating disease burden and medical resource demand, evaluating the effectiveness of intervention measures, assessing vaccine efficacy and optimizing distribution strategies, and exploring the epidemic mechanism of infectious diseases. This article briefly describes the application of mathematical models in prevention and control of infectious diseases through a review.

【Keywords】 Infectious diseases; Mathematical model; Application study

Fund programs: Development and Application of Intelligent Epidemic Monitoring and Artificial Intelligence Analysis System (21002411400); The Major Program of National Social Science Foundation of China (22&ZD142)

(*Chin J Dis Control Prev* 2025, **29**(1): 102-107)

全球化加速与人口流动性增强导致新发传染病不断出现,耐药超级细菌及突破感染病毒日益增多,传染病流行再次成为公共卫生的重大挑战。数学模型是研究者理解、预测和控制传染病的重要工具。相对于关注传染源、传播途径和易感人群的传统研究视野,数学模型聚焦于三者的动态联系,并在符合数学原理和传染病传播机制的基础上实现对传播动态的复现或对疫情发展的估计与预测。

多年来,人们提出了大量的模型方法,从不同的角度来看待传染病的相关问题。如表 1 所示,这些广义上的数学模型包括三大类。各类数学模型在传染病领域的应用十分广泛,包括但不限于传染病疫情趋势预测、疾病负担和医疗资源需求估计、干预措施效果评估、疫苗效果研究以及传染病流行机制的研究等。本研究对数学模型在传染病防控领域研究中的具体应用进行综述。

表 1　传染病数学模型分类总体概述

Table 1　Comprehensive overview of mathematical models for infectious diseases: statistical methods, system dynamics models, and machine learning approaches

大类	小类
监测疫情和识别真实疫情模式的统计学方法	回归模型、时间序列模型、空间模型、隐马尔可夫模型、统计学控制方法等
预测“假设”或正在进行的疫情传播演变的动力系统背景下的数学模型(即狭义上的传染病数学模型)	以差分方程形式的离散时间模型、以微分和/或(积分)偏微分方程形式的连续时间模型、马尔可夫链随机模型、复杂网络模型以及基于智能体的模型等
预测正在进行的疫情演变的机器学习方法	分类算法、聚类算法、神经网络算法等

1　传染病预测

预测疫情的发展趋势需要基于历史数据和现有信息预测未来一段时间内疾病的传播趋势和可能的影响,即需要掌握某种传染病的基本特性和传播模式,再结合人群免疫特征、气象因素、经济卫生状况等多源数据,从而达到预测的目的。

传染病预测通常分为短期预测与长期预测。短期预测常与监测预警系统形成交互作用,常用在急性传染性病原体中,例如流行性感冒(简称流感)病毒[1]、严重急性呼吸综合征冠状病毒(severe acute respiratory syndrome coronavirus, SARS-CoV)[2]、中东呼吸综合征冠状病毒(middle east respiratory syndrome coronavirus, MERS-CoV)[3]、严重急性呼吸综合征冠状病毒 2 型(severe acute respiratory syndrome coronavirus type 2, SARS-CoV-2)[4]、麻疹病毒[5]等。在传统的急性传染病领域中,由于人群中的免疫背景或免疫状态是不清晰的,因此常用时间序列的方法或者机器学习的方法,例如基于流感样病例的监测数据,可使用时间序列分析方法来识别出流感疫情的暴发周期和趋势,如差分自回归移动平均模型[6]。此外,还可利用基于机器学习的方法,如支持向量机以及循环神经网络等,结合气候数据、人口流动等多源数据,实现对流感疫情的短期预测[7-9]。在新发传染病领域,由于人群中的免疫背景是清晰的,易感-暴露-感染-移除(susceptible-exposed-infectious-removed, SEIR)舱室模型的应用更为广泛,可准确描述人群疾病和免疫状态的动态变化,帮助研究者理解疾病的传播机制,例如 SARS-CoV[2,10]、MERS-CoV[11],SARS-CoV-2[4,12]等病原体的流行与暴发。

长期预测常用于慢性传染性病原体,如人类免疫缺陷病毒(human immunodeficiency virus, HIV)[13]、乙型肝炎病毒(hepatitis B virus, HBV)[14]、单纯疱疹病毒(herpes simplex virus, HSV)[15]、结核分枝杆菌(mycobacterium tuberculosis, MTB)[16]等,使用的方法可以是回归模型、马尔可夫模型、SEIR 舱室模型等。一项分年龄层的 SEIR 舱室模型研究利用了 1976 — 2016 年美国 HSV-1 血清阳性率的历史数据,预测了未来近一百年的 HSV-1 的流行趋势[17],为 HSV-1 的预防与控制提供了基础。一项基于个体的结核病数学模型[18],模拟了基于 2015 年中国防控结核病现实措施情境下 2015 — 2030 年结核病的发病率,得出基于现有政策不能达到 2035 年世界卫生组织终止结核病的目标,需进一步实施更加严格措施的结论。

2　传染病疾病负担估计

疾病负担估计是评估疾病对社会和经济影响的关键。在对传染病趋势进行回顾与预测的基础上,数学模型通过针对感染者的细化,进而估计包括发病率、住院率、患病率、病死率、质量调整生命年、伤残调整寿命年、货币指标在内的疾病负担指标,为疫情的应对策略提供依据[15,19-21]。一项针对甲型 H1N1 流感病毒的模型研究信息估计出实

时病死率,强调其危害的严重性,为政府启动应急措施提供了依据[22]。另一项分年龄层的结核病模型研究表明,当模型考虑到当前人口的老龄化趋势后,疾病负担预测下降趋势将会减缓,即近几十年来在大多数国家观察到的结核病负担水平的下降可能比以前预期的更难维持,因此如果要在2050 年之前实现消灭结核病的目标,就需要加强社会经济和公共卫生方面的工作,使目标实现成为可能[16]。

3 干预措施效果评价研究

为了控制疾病的传播,相关部门常采取各种非药物性干预措施来控制传染病的流行与传播,如针对非典疫情的隔离治疗[23]、新型冠状病毒感染疫情的出行限制以及城市封锁[24]、结核病的全程监督短程化疗策略[25]、HIV 的高危人群策略[26]以及医院艰难梭菌感染的环境清洁[27]等。然而,在现实情境下,数学模型的最大优势在于模拟场景的易行调整,可以根据可获得参数的精细度选择不同的模型(从马尔可夫模型[28]到个体均质化的 SEIR 舱室模型[29],再到个体化的基于智能体的模型[18,20]),有着极大的灵活度,从而降低了决策难度。在此基础上结合卫生经济学评价,便可进一步细化分析,通过成本效果分析、成本效用分析与成本效益分析等方法帮助研究者评估这些措施的效果,为资源分配提供指导,确保医疗卫生资源被有效用于最有可能成功的策略。一项以肯尼亚为场景的模型研究根据不同人群的风险特征,针对性提供模拟干预措施(男性包皮环切术、行为改变沟通、早期抗逆转录病毒治疗和暴露前预防),可大幅提高艾滋病病毒预防投资的效率,为 HIV 的防控提供有效途径[26];一项以美国为场景的确定性舱室模型评估了在美国某州实施美国疾病预防控制中心发布的针对耐多药病原体(multidrug-resistant organisms, MDRO)的公共卫生应对临时指南战略的影响,该模型结果显示,该战略的实施可大幅减少 MDRO 的传播[30];另一项以中国石家庄市 SARS-CoV-2 感染疫情为对象的模型研究结果显示,与进行大规模核酸检测相比,高效的密切接触者追踪和隔离在控制疫情上更有效,为中国早期疫情防控提供了重要参考[31]。

4 疫苗效果与分配策略研究

在疫苗研发过程中,Ⅲ期临床研究的结果通常基于试验条件下的数据得出,而研究者和决策制定者往往更加关注疫苗在实际接种场景中、在人群水平上展现的效果。数学模型的引入可在不依靠大范围人群研究的情况下实现场景预测,并评估某种疫苗接种在人群中的可能免疫效果,主要应用对象是疫苗可预防疾病的病原体,例如人乳头瘤病毒(human papillomavirus, HPV)[32]、水痘-带状疱疹病毒(varicella-zoster virus, VZV)[33]、肺炎链球菌[34]、SARS-CoV-2[35]等。通过对疫苗效力的参数调整和疫苗接种环节的模拟,数学模型可提供疫苗效果的定量估计,为疫苗的研发和使用提供依据。一项有关呼吸道合胞病毒(respiratory syncytial virus, RSV)疫苗模型研究的系统综述表明,具有预期特征的 RSV 疫苗可减少很大比例的 RSV 负担[36]。此外,由于模型参数的灵活性,丰富的场景模拟可为决策提供关于疫苗接种策略的多种选择,一项有关中国 HPV 疫苗最优分配战略的模型研究指出,如果需要遵守当前严格的剂量计划规定,应该优先为 14 岁的女孩提供目前有限的疫苗供应,而当供应限制解除时,应考虑给因年龄太大而无法参加常规计划的老年女性接种多年龄组疫苗,这提供了中国在不同供应限制和剂量计划下的最佳疫苗分配策略[37]。见表 2。

5 传染病流行机制的研究

数学模型不仅能够依据现有数据对传染病的流行态势进行深入探究,而且能够有力解析并阐明传染病的发展及传播机制。一项在撒哈拉以南非洲地区开展的模型研究首次论证了 HIV 传播的源-汇动力学模式,即城市充当 HIV 携带者的“源”,而农村地区更多地充当“汇”,为 HIV 的防控提供了新的思路与见解[38]。另一大类很典型的机制研究便是基本再生数(basic reproduction number, R_0)的估算[11,39],一项在沙特阿拉伯与韩国进行的研究综合了两地 MERS 病例信息,对整个传播过程进行模拟并计算出了 R_0,为 MERS 后续的研究与防控提供证据[40];另一项针对医院艰难梭菌感染的研究计算出了其 R_0,认为艰难梭菌感染患者单独在病房内的传播无法维持新的艰难梭菌定植。因此,无症状定植者的入院在维持病房内传播方面发挥着重要作用,为医院制定入院检测手段来控制院内艰难梭菌感染提供了新的手段[41]。

表 2　数学模型在传染病防控中的各类应用的适用病原体与优、劣势

Table 2　Analysis of mathematical models in infectious disease prevention and control：applications in short-term prediction，long-term forecasting，disease burden estimation，intervention effectiveness evaluation，vaccine strategies，and disease mechanism research

应用	适用病原体	优势	劣势
传染病短期预测	急性传染性病原体病，例如流行性感冒病毒、麻疹病毒、SARS-CoV、MERS-CoV、SARS-CoV-2、VZV 等	目前几乎只有数学模型可以在传染病预测领域提供定量化结果	模型预测的精度与准度受到历史数据质量与参数准确度的影响，数据存储系统和纳入标准随时间的改变，同样会影响到模型构建过程，从而可能降低预测的效率与精度
传染病长期预测	慢性传染性病原体病，例如 HIV、HBV、HSV、MTB 等		
传染病疾病负担估计	任何可以估计疾病负担的传染病	对传染病疫情所造成的影响进行定量且细化的估计，为疫情的应对策略准备提供依据支持	模型对数据质量和各层数据完整性的需求进一步提高，从而导致预测和估计的准确性降低
干预措施效果评价研究	任何可以采取干预措施的传染病	模拟场景易行调整，也可根据可获得参数的精细度选择不同的模型，有着极大的灵活度，从而降低了决策难度	构建和验证模型场景的数据需求量进一步加大，而在数据不足的情况下，模型结果的可靠性会受到较大影响
疫苗效果与分配策略研究	疫苗可预防疾病的病原体，例如 MTB、HBV、HPV、VZV、肺炎链球菌、麻疹病毒、RSV、SARS-CoV-2 等	可以在不依靠大范围人群研究的情况下实现场景预测，并评估疫苗接种分配策略在人群中的可能免疫效果	结果不仅受到数据质量与参数准确性的影响，同时还会由于人群免疫状态与病原体变异的变化从而降低时效性
传染病机制的研究	任何可以计算基本再生数(R_0)的病原体，或者适用于研究其他机制的病原体	数学模型可以发现一些传统方法难以发现的规律，为制定更为精确的防控措施提供有力的科学依据	数学模型在该应用的结果可靠性也同样受到数据质量与参数准确度的影响

注：SARS-CoV，严重急性呼吸综合征冠状病毒；MERS-CoV，中东呼吸综合征冠状病毒；SARS-CoV-2，严重急性呼吸综合征冠状病毒 2 型；VZV，水痘-带状疱疹病毒；HIV，人类免疫缺陷病毒；HBV，乙型肝炎病毒；HSV，单纯疱疹病毒；MTB，结核分枝杆菌；RSV，呼吸道合胞病毒。

6　总结与展望

数学模型在传染病防控中发挥了重要作用，研究者运用各种数学模型，通过对传染病预测、疾病负担估计、干预措施效果评价、疫苗效果与分配策略以及传染病流行机制等方面的研究，不仅为疫情防控提供了新的思路和方法，也为人们更加深入地理解传染病的传播规律提供了重要手段。然而，各类数学模型在应用时都存在一定的不足，未来需要开发更多数学模型，并且更加关注模型的实际应用。另外，一项高质量传染病数学模型研究通常综合上述介绍的两种或几种应用，同时结合更多有用的信息，为政策制定提供更多参考。

利益冲突　无

参 考 文 献

[1] Yuan HK，Kramer SC，Lau EHY，et al. Modeling influenza seasonality in the tropics and subtropics [J]. PLoS Comput Biol，2021，17(6)：e1009050. DOI：10.1371/journal.pcbi.1009050.

[2] Massad E，Burattini MN，Lopez LF，et al. Forecasting versus projection models in epidemiology：the case of the SARS epidemics [J]. Med Hypotheses，2005，65(1)：17-22. DOI：10.1016/j.mehy.2004.09.029.

[3] Da′ar OB，Ahmed AE. Underlying trend，seasonality，prediction，forecasting and the contribution of risk factors：an analysis of globally reported cases of Middle East Respiratory Syndrome Coronavirus [J]. Epidemiol Infect，2018，146(11)：1343-1349. DOI：10.1017/S0950268818001541.

[4] Verhagen MD，Brazel DM，Dowd JB，et al. Forecasting spatial，socioeconomic and demographic variation in COVID-19 health care demand in England and Wales [J]. BMC Med，2020，18(1)：203. DOI：10.1186/s12916-020-01646-2.

[5] Kowal DR. Integer-valued functional data analysis for measles forecasting [J]. Biometrics，2019，75(4)：1321-1333. DOI：10.1111/biom.13110.

[6] He ZR，Tao HB. Epidemiology and ARIMA model of positive-rate of influenza viruses among children in Wuhan，China：a nine-year retrospective study [J]. Int J Infect Dis，2018，74：61-70. DOI：10.1016/j.ijid.2018.07.003.

[7] Cheng HY，Wu YC，Lin MH，et al. Applying machine learning models with an ensemble approach for accurate real-time influenza forecasting in Taiwan：development and validation study [J]. J Med Internet Res，2020，22(8)：e15394. DOI：10.2196/15394.

[8] Lu HT，Li FD，Lin JF，et al. Construction of early warning model of influenza-like illness in Zhejiang Province based on support vector machine [J]. J Zhejiang Univ Med Sci，2015，44(6)：653-658. DOI：10.3785/j.issn.1008-9292.2015.11.09.

[9] Osthus D，Moran KR. Multiscale influenza forecasting [J]. Nat Commun，2021，12(1)：2991. DOI：10.1038/s41467-021-23234-5.

[10] Choi BCK，Pak AWP. A simple approximate mathematical model to predict the number of severe acute respiratory syndrome cases

and deaths [J]. J Epidemiol Community Health, 2003, 57(10):831-835. DOI:10.1136/jech.57.10.831.

[11] Rui J, Wang QP, Lyu JL, et al. The transmission dynamics of Middle East Respiratory Syndrome coronavirus [J]. Travel Med Infect Dis, 2022, 45: 102243. DOI: 10.1016/j.tmaid.2021.102243.

[12] Rainisch G, Undurraga EA, Chowell G. A dynamic modeling tool for estimating healthcare demand from the COVID19 epidemic and evaluating population-wide interventions [J]. Int J Infect Dis, 2020,96:376-383. DOI:10.1016/j.ijid.2020.05.043.

[13] Foreman KJ, Marquez N, Dolgert A, et al. Forecasting life expectancy, years of life lost, and all-cause and cause-specific mortality for 250 causes of death: reference and alternative scenarios for 2016-40 for 195 countries and territories [J]. Lancet, 2018, 392(10159): 2052-2090. DOI: 10.1016/S0140-6736(18)31694-5.

[14] Zheng Y, Wu J, Ding C, et al. Disease burden of chronic hepatitis B and complications in China from 2006 to 2050: an individual-based modeling study [J]. Virol J, 2020, 17(1):132. DOI:10.1186/s12985-020-01393-z.

[15] Looker KJ, Johnston C, Welton NJ, et al. The global and regional burden of genital ulcer disease due to herpes simplex virus: a natural history modelling study [J]. BMJ Glob Health, 2020,5(3):e001875. DOI:10.1136/bmjgh-2019-001875.

[16] Arregui S, Iglesias MJ, Samper S, et al. Data-driven model for the assessment of Mycobacterium tuberculosis transmission in evolving demographic structures [J]. Proc Natl Acad Sci USA, 2018, 115 (14): E3238-E3245. DOI: 10.1073/pnas.1720606115.

[17] Ayoub HH, Chemaitelly H, Abu-Raddad LJ. Characterizing the transitioning epidemiology of herpes simplex virus type 1 in the USA: model-based predictions [J]. BMC Med, 2019,17(1):57. DOI:10.1186/s12916-019-1285-x.

[18] Huynh GH, Klein DJ, Chin DP, et al. Tuberculosis control strategies to reach the 2035 global targets in China: the role of changing demographics and reactivation disease [J]. BMC Med, 2015,13:88. DOI:10.1186/s12916-015-0341-4.

[19] Local Burden of Disease HIV Collaborators. Subnational mapping of HIV incidence and mortality among individuals aged 15-49 years in sub-Saharan Africa, 2000-18: a modelling study [J]. Lancet HIV, 2021, 8(6): e363-e375. DOI: 10.1016/S2352-3018(21)00051-5.

[20] Ragonnet R, Trauer JM, Geard N, et al. Profiling Mycobacterium tuberculosis transmission and the resulting disease burden in the five highest tuberculosis burden countries [J]. BMC Med, 2019,17(1):208. DOI:10.1186/s12916-019-1452-0.

[21] You SY, Yaesoubi R, Lee K, et al. Lifetime quality-adjusted life years lost due to genital herpes acquired in the United States in 2018: a mathematical modeling study [J]. Lancet Reg Health Am, 2023,19:100427. DOI:10.1016/j.lana.2023.100427.

[22] Garske T, Legrand J, Donnelly CA, et al. Assessing the severity of the novel influenza A/H1N1 pandemic [J]. BMJ, 2009,339:b2840. DOI:10.1136/bmj.b2840.

[23] Lipsitch M, Cohen T, Cooper B, et al. Transmission dynamics and control of severe acute respiratory syndrome [J]. Science, 2003, 300 (5627): 1966-1970. DOI: 10.1126/science.1086616.

[24] Davies NG, Barnard RC, Jarvis CI, et al. Association of tiered restrictions and a second lockdown with COVID-19 deaths and hospital admissions in England: a modelling study [J]. Lancet Infect Dis, 2021,21(4):482-492. DOI:10.1016/S1473-3099(20)30984-1.

[25] Liu SY, Bi YJ, Liu YW. Modeling and dynamic analysis of tuberculosis in mainland China from 1998 to 2017: the effect of DOTS strategy and further control [J]. Theor Biol Med Model, 2020,17(1):6. DOI:10.1186/s12976-020-00124-9.

[26] Anderson SJ, Cherutich P, Kilonzo N, et al. Maximising the effect of combination HIV prevention through prioritisation of the people and places in greatest need: a modelling study [J]. Lancet, 2014, 384(9939): 249-256. DOI: 10.1016/S0140-6736(14)61053-9.

[27] Stephenson B, Lanzas C, Lenhart S, et al. Comparing intervention strategies for reducing Clostridioides difficile transmission in acute healthcare settings: an agent-based modeling study [J]. BMC Infect Dis, 2020,20(1):799. DOI:10.1186/s12879-020-05501-w.

[28] Brewer TF, Heymann SJ, Krumplitsch SM, et al. Strategies to decrease tuberculosis in us homeless populations: a computer simulation model [J]. JAMA, 2001,286(7):834-842. DOI: 10.1001/jama.286.7.834.

[29] Awoke TD, Kassa SM. Optimal control strategy for TB-HIV/AIDS co-infection model in the presence of behaviour modification [J]. Processes, 2018,6(5):48. DOI:10.3390/pr6050048.

[30] Paul P, Slayton RB, Kallen AJ, et al. Modeling regional transmission and containment of a Healthcare-associated Multidrug-resistant organism [J]. Clin Infect Dis, 2020,70(3):388-394. DOI:10.1093/cid/ciz248.

[31] Zhu WL, Zhang MX, Pan JH, et al. Effects of prolonged incubation period and centralized quarantine on the COVID-19 outbreak in Shijiazhuang, China: a modeling study [J]. BMC Med, 2021,19(1):308. DOI:10.1186/s12916-021-02178-z.

[32] Burger EA, Campos NG, Sy S, et al. Health and economic benefits of single-dose HPV vaccination in a Gavi-eligible country [J]. Vaccine, 2018,36(32 Pt A):4823-4829. DOI:10.1016/j.vaccine.2018.04.061.

[33] Han R, Gomez JA, de Veras B, et al. How large could the public health impact of introducing recombinant zoster vaccination for people aged ≥50 years in five Latin American countries be? [J]. Hum Vaccin Immunother, 2023,19(1):2164144. DOI: 10.1080/21645515.2022.2164144.

[34] Talbird SE, La EM, Mauskopf J, et al. Understanding the role of exogenous boosting in modeling varicella vaccination [J]. Expert Rev Vaccines, 2018, 17(11): 1021-1035. DOI: 10.1080/14760584.2018.1538801.

[35] Watson OJ, Barnsley G, Toor J, et al. Global impact of the first year of COVID-19 vaccination: a mathematical modelling study [J]. Lancet Infect Dis, 2022, 22(9): 1293-1302. DOI: 10.1016/S1473-3099(22)00320-6.

[36] Treskova M, Pozo-Martin F, Scholz S, et al. Assessment of the effects of active immunisation against respiratory syncytial virus (RSV) using decision-analytic models: a systematic review with a focus on vaccination strategies, modelling methods and input data [J]. Pharmacoeconomics, 2021, 39(3): 287-315. DOI: 10.1007/s40273-020-00991-7.

[37] You TT, Zhao XL, Hu SY, et al. Optimal allocation strategies for HPV vaccination introduction and expansion in China accommodated to different supply and dose schedule scenarios: a modelling study [J]. EClinicalMedicine, 2023, 56: 101789. DOI: 10.1016/j.eclinm.2022.101789.

[38] Okano JT, Sharp K, Valdano E, et al. HIV transmission and source-sink dynamics in sub-Saharan Africa [J]. Lancet HIV, 2020, 7(3): e209-e214. DOI: 10.1016/S2352-3018(19)30407-2.

[39] Kabami Z, Ario AR, Harris JR, et al. Ebola disease outbreak caused by the Sudan virus in Uganda, 2022: a descriptive epidemiological study [J]. Lancet Glob Health, 2024, 12(10): e1684-e1692. DOI: 10.1016/S2214-109X(24)00260-2.

[40] Choi S, Jung E, Choi BY, et al. High reproduction number of Middle East respiratory syndrome coronavirus in nosocomial outbreaks: mathematical modelling in Saudi Arabia and South Korea [J]. J Hosp Infect, 2018, 99(2): 162-168. DOI: 10.1016/j.jhin.2017.09.017.

[41] Lanzas C, Dubberke ER, Lu Z, et al. Epidemiological model for Clostridium difficile transmission in healthcare settings [J]. Infect Control Hosp Epidemiol, 2011, 32(6): 553-561. DOI: 10.1086/660013.

(收稿日期: 2024-05-25)
(修回日期: 2024-07-28)
本文编辑: 龚丽萍(中文)
李宝珠(英文)

(上接第 94 页)

[20] Goldschmidt AB, Crosby RD, Engel SG, et al. Affect and eating behavior in obese adults with and without elevated depression symptoms [J]. Int J Eat Disord, 2014, 47(3): 281-286. DOI: 10.1002/eat.22188.

[21] Dean J, Keshavan M. The neurobiology of depression: an integrated view [J]. Asian J Psychiatr, 2017, 27: 101-111. DOI: 10.1016/j.ajp.2017.01.025.

[22] Khalid S, Williams CM, Reynolds SA. Is there an association between diet and depression in children and adolescents? A systematic review [J]. Br J Nutr, 2016, 116(12): 2097-2108. DOI: 10.1017/S0007114516004359.

[23] Chopra C, Mandalika S, Kinger N. Does diet play a role in the prevention and management of depression among adolescents? A narrative review [J]. Nutr Health, 2021, 27(2): 243-263. DOI: 10.1177/0260106020980532.

[24] Tajik E, Latiffah AL, Awang H, et al. Unhealthy diet practice and symptoms of stress and depression among adolescents in Pasir Gudang, Malaysia [J]. Obes Res Clin Pract, 2016, 10(2): 114-123. DOI: 10.1016/j.orcp.2015.06.001.

[25] Oellingrath IM, Svendsen MV, Hestetun I. Eating patterns and mental health problems in early adolescence: a cross-sectional study of 12-13-year-old Norwegian schoolchildren [J]. Public Health Nutr, 2014, 17(11): 2554-2562. DOI: 10.1017/S1368980013002747.

[26] Koning E, Vorstman J, McIntyre RS, et al. Characterizing eating behavioral phenotypes in mood disorders: a narrative review [J]. Psychol Med, 2022, 52(14): 2885-2898. DOI: 10.1017/S0033291722002446.

[27] Godos J, Currenti W, Angelino D, et al. Diet and mental health: review of the recent updates on molecular mechanisms [J]. Antioxidants, 2020, 9(4): 346. DOI: 10.3390/antiox9040346.

[28] Mondin TC, Cardoso TA, Souza LDM, et al. Mood disorders and biological rhythms in young adults: a large population-based study [J]. J Psychiatr Res, 2017, 84: 98-104. DOI: 10.1016/j.jpsychires.2016.09.030.

[29] Fukuda K, Hasegawa T, Kawahashi I, et al. Preschool children's eating and sleeping habits: late rising and brunch on weekends is related to several physical and mental symptoms [J]. Sleep Med, 2019, 61: 73-81. DOI: 10.1016/j.sleep.2019.03.023.

[30] Ahlbom A, Alfredsson L. Interaction: a word with two meanings creates confusion [J]. Eur J Epidemiol, 2005, 20(7): 563-564. DOI: 10.1007/s10654-005-4410-4.

[31] Do Rosário Caldas N, Braulio VB, Brasil MAA, et al. Binge eating disorder, frequency of depression, and systemic inflammatory state in individuals with obesity- a cross sectional study [J]. Arch Endocrinol Metab. 2022, 66(4): 489-497. DOI: 10.20945/2359-3997000000489.

(收稿日期: 2023-12-05)
(修回日期: 2024-06-20)
本文编辑: 于欣(中文)
李宝珠(英文)