

# 网络拓扑结构对甲型 H1N1 传播影响的研究

崔凯楠<sup>1,2</sup> 曹佳<sup>2,3</sup> 曾轲<sup>1,2</sup> 郑晓龙<sup>2</sup> 曹志冬<sup>2</sup> 郑敏<sup>1</sup>

(1、西安交通大学电信学院, 西安, 710049;

2、中国科学院自动化研究所复杂系统与智能科学重点实验室, 北京, 100190;

3、北京林业大学信息学院, 北京, 100083)

**摘要** 疾病的传播除了受疾病自身传播方式的影响之外, 传播人群中人与人之间社会关系也起着举足轻重的作用。本文以 2009 在我国爆发的甲型 H1N1 传染病为例, 通过实际的统计数据构建甲型 H1N1 的传播特征, 然后在不同结构的人际关系网络上模拟该疾病传播过程, 进而研究不同的网络拓扑对疾病传播的影响。经过研究发现 Power-law 网络相比于 K 规则网络更利于疾病的快速传播与消退, 具体表现在其持续时间短, 每日患病人数峰值高。今后可针对其他网络拓扑结构以及不同疾病的传播模式进行分析比较, 加深对网络拓扑影响疾病传播的认识与了解。

**关键词** 计算机仿真; 网络拓扑; 疾病传播; 甲型 H1N1

## A Study on topological impact to the epidemic spread of H1N1 flu

CUI Kainan<sup>1,2</sup>, CAO Jia<sup>2</sup>, ZENG Ke<sup>1,2</sup>, ZHENG Xiaolong<sup>2</sup>,  
CAO Zhidong<sup>2</sup>, ZHENG Min<sup>1</sup>

(1. School of Electronic and Information Engineering, Xi'an Jiaotong University, Xi'an 710049, China

2. Lab of Complex Systems and Intelligent Science, Institute of Chinese Automation, Beijing 100190, China; 3. School of Information, Beijing Forestry University, Beijing, 100083, China)

**Abstract** In this paper we explore the case of H1N1 flu outbreak in 2009 china to extract the spreading pattern of this flu. We simulate the whole process in different network to study the topological impact. Though our research, we find that the Power-law network has a more rapid response than K-rules network, which has a shorter period of spread and a higher peak number of patients. Next, we can analyze other network topology and spreading pattern to archive a more depth understands of epidemic disease.

**Keywords:** Simulation; network topology; epidemic spread; h1n1

## 引言

科学技术的进步一方面促进了现代公共卫生体系不断完善, 使得传染病的威胁被不断减小; 另一方面使得人类社会关系呈现越加复杂化的特性, 例如, 人员流动频繁, 接触范围扩大, 接触特征复杂, 这些特性极大地加快了传染病的扩散速度。因此, 研究和认识传染病的传播规律, 并依此制定出相应的疾病预防和控制方案, 是建立公共卫生的安全的重要和紧迫的工作。借助计算机强大的数据处理和运算能力, 通过建立疾病传播模型, 有助于分析受感染人数的变化规律, 揭示疾病传播的时空演变模式<sup>[1]</sup>, 预报传染病高潮的到来, 增强防范措施, 最终实现公共卫生领域的平行应急管理<sup>[2]</sup>。

迄今为止, 研究人员已经提出了多种疾病传播的模型。例如: 基于传播动力学模型的 SIR 模型 (个体被感染、康复后, 具有免疫力), SIS 模型 (个体被感染、康复后, 又返回到

---

收稿日期: 2010-11-15

基金项目: 国家自然科学基金(40901219, 90924302)、国家科技重大专项(2009ZX10004-315; 2008ZX1005-013)和中国科学院项目(2F07C01, 2F08N03)

作者简介: 崔凯楠 (1985), 男, 博士生, 主要从事行为动力学等方向的研究工作 E-mail: kainan.cui@live.cn

易感状态), 这两个模型辅助人们研究疾病传播的临界特性。但是针对传染病的研究仍没有使人们及时地预警到诸如 SARS、甲型 H1N1 等传染病的大规模流行, 而今迅速发展的复杂网络理论也许可以增进人们对爆发大规模疾病传染机制的认识。

人类疾病的传播除了受到疾病自身特点的影响, 还受到人与人之间的关系的影 响。因此, 疾病传播模型主要涉及两个层面的内容: 传播网络和传播能力。其中传播网络的特征刻画人与人之间的关系, 在传播过程中体现为接触网络, 在模型中体现为底层的复杂网络, 其中点表示个体人, 线表示接触人群。传播能力的特征刻画该疾病的传播力, 在模型中体现为个体传播行为。本文主要通过模拟仿真的方法, 以 2009 在我国爆发的甲型 H1N1 传染病为例, 通过实际的统计数据构建甲型 H1N1 的传播特征, 然后在不同结构的人际关系网络上模拟该疾病传播过程, 进而研究不同的网络拓扑对疾病传播的影响。

## 1 疾病传播与复杂网络

早期对于疾病传播的建模主要考虑疾病本身传播的特性, 如疾病的传染强度, 潜伏时间, 传染时间, 治愈率以及是否自愈者是否可获得抗体等<sup>[3,4]</sup>。针对不同的疾病特性, 存在不同的传播模型, 例如 SIR 模型, SIS 模型, 这些理论成果已广泛的应用于公共卫生事件应急, 谣言控制, 计算机病毒防护等众多领域。

随着复杂网络研究的兴起, 在理论层面大量复杂网络模型可指导我们预测疾病在不同网络拓扑中的传播过程, 在数据层面大量高质量的社会网络数据可用于疾病传播的分析与验证中。因此出现了许多专注于网络拓扑结构对疾病传播影响的研究。研究发现网络的拓扑结构会显著影响整个传播过程, 用传播系数阈值这一概念为例, 传播系数用来表示疾病的传播能力。特定的网络拓扑结构存在传播系数阈值, 当疾病的传播系数大于或等于该值时, 该疾病将会一直流行下去, 并最终感染所有个体; 相反, 如果传播系数小于该值, 该疾病将在爆发后逐渐消失。如研究[5]的结论, 在无标度网络中, 没有正的传播阈值; 研究[6]中考察了多种网络拓扑对疾病传播行为的影响, 分别是: 星型网络、随机网络、完全图、超立方体结构, 其中发现 Power Law 网络对初始情况的变化十分敏感。研究[7]中发现对于 Power-law 的边聚集度越高时, 传染病一直流行下去所需的传播系数阈值逐渐降低, 这意味着疾病控制的难度增大, 此外还有大量基于复杂网络的疾病传播研究<sup>[8-11]</sup>。因此, 当建立传播模型时, 重要的不仅是考虑疾病本身的传播特性, 还要考虑网络的拓扑结构。

## 2 模型描述

疾病传播的过程主要由疾病本身的传播特性与疾病传播目标人群的网络拓扑结构决定的。因此模型主要需要刻画底层网络拓扑的特征和疾病的传播特征两个方面。疾病本身的传播特性指的是疾病的传播介质与方式, 例如, 常见的疾病传播模式有: 空气传播, 飞沫传播, 接触传播等等。不同的传播介质造成不同传染病的传染力强度存在巨大差异, 本文中将根据甲型 H1N1 流感的特征使用概率的方式描述其传播特性。正如前面介绍的, 相同的疾病在不同的网络拓扑中传播将产生截然不同的过程与结果, 这就说明网络拓扑对于疾病传播的重要影响。本文中将根据现有的网络拓扑结构生成算法得到相应拓扑, 并应用于仿真中。

## 2.1 疾病传播特征

人作为疾病传播的最小单元，病毒的传播特征主要体现为个体传播病毒的特征，在模型中则表现为节点转发病毒的策略。

根据实际统计数据，个体感染甲型 H1N1 病毒的发展历程包含四个基本状态：易感状态、潜伏状态、传染状态和免疫状态。易感状态是指为患病的个体；潜伏状态指已经感染，但是还未表现出症状；传染状态表示表现出症状，具有感染的状态；免疫状态指易感人群感染后，然后康复具有免疫力的状态。其中潜伏状态和传染状态有一定的重合期，为了模型的简化，我们忽略这个重合期，即假设这四个状态互不重合，如图 1 所示。

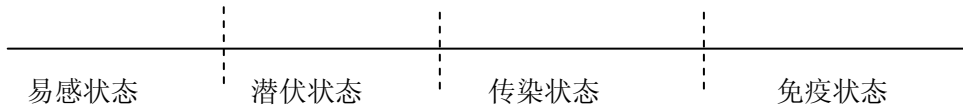


图 1. 甲型 H1N1 个体感染的四个基本状态

由潜伏状态转变成传染状态的时间与个体体质、个体所处环境等条件相关，统计数据显示该时间服从 Weibull 分布，如图 2 所示，其中非常多的被感染人群在第二天就表现出相应的症状。假设个体最终出现症状的概率为 95%，那么这七天的总和为 95%，然后再针对每一天，计算处于潜伏状态的个体转换成转成传染状态的概率。

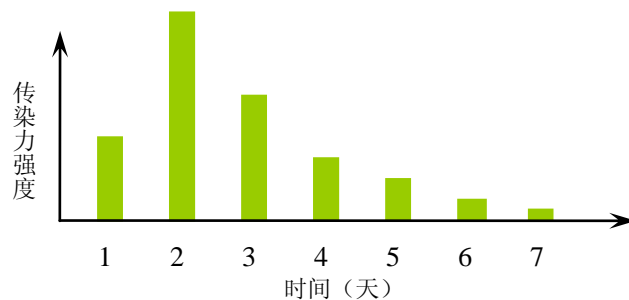


图 2. 潜伏期结束的时间和概率分布

在疾病传播过程中，易感状态、潜伏状态和免疫状态不具备传播特征。处于传染状态的个体才具备传染性，并且根据传染状态的天数不同，传染力的强度也不同，符合 Gamma 分布，如图 3 所示，第 3 天的传染力最强，随着时间推移，其传染力逐渐下降，直至第 8 天后传染力完全消失。若假设一个易感者在与传染状态者接触后患病了，即各天传染力强度为 100%，按照各天强度之间的比例关系，我们可计算出第 3 天的传染力强度为 60%，即在易感者在传染者患病第一天与其进行一次有效接触后有 60% 的几率成为潜伏状态。

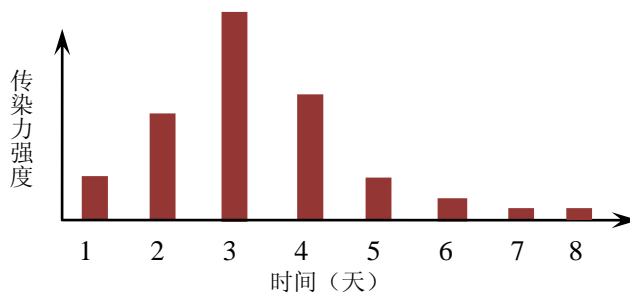


图 3. 传染力强度的概率分布

## 2.2 底层网络拓扑的构建

网络拓扑作为人群间接触网络的抽象表示，在疾病传播中起着至关重要的作用。本文中分析了两种经典网络拓扑中 H1N1 的传播情况，这两种网络拓扑为 K 规则网络和 Power-Law 网络。其中 K 规则网络中每个节点的邻居边数为 k，该网络结构适合描述群体关系平等的环境。Power-Law 网络采用 1999 年 Barabasi 和 Albert 提出的无尺度网络模型——BA 模型。该模型是一个动态增长的模型，其中新加入的节点总是倾向于选择邻居边数已经很大的节点作为自己的邻居，即形成“穷越穷、富越富”的规律。研究证明 Power-law 网络更能体现代表真实社交网络的特性。通过比对两种网络中的传播过程及结果，可以从一个侧面了解社会关系对疾病传播的影响。

## 3 仿真实验

本次仿真实验基于 SIR 模型，使用自行开发的模拟平台。

### 3.1 实验平台

本次实验的仿真目标为小封闭群体中的疾病传播情况，例如某一个大学中的疾病传播情况。实验中使用的底层网络拓扑规模为 8000 个点，16000 条边，分别代表 8000 个学生，16000 次每天的总体接触次数，实验将分别使用 Power-law 网络和 K 规则网络作为底层拓扑结构进行模拟；对于疾病的传播模型（详见第二节模型描述），具体的概率参数如表格 1 所示。实验的初始潜伏者为 1 人，整个模拟过程为 100 天。

表格 1 传播模型概率取值表

参数名	数值
传染概率（顺次为第一天...第八天）	12%,30%,60%,36%,12%,6%,3%,3%
潜伏转移概率（顺次为第一天,...,第七天）	16%,36%,24%,12%,8%,4%,2%

### 3.2 实验结果

仿真实验的结果如图 4 所示，总体上，甲型 H1N1 流感在两种网络中都将自然消亡，，整体传播过程呈现钟形曲线，包括缓慢增长，快速爆发，快速下降，缓慢消失等四个过程。

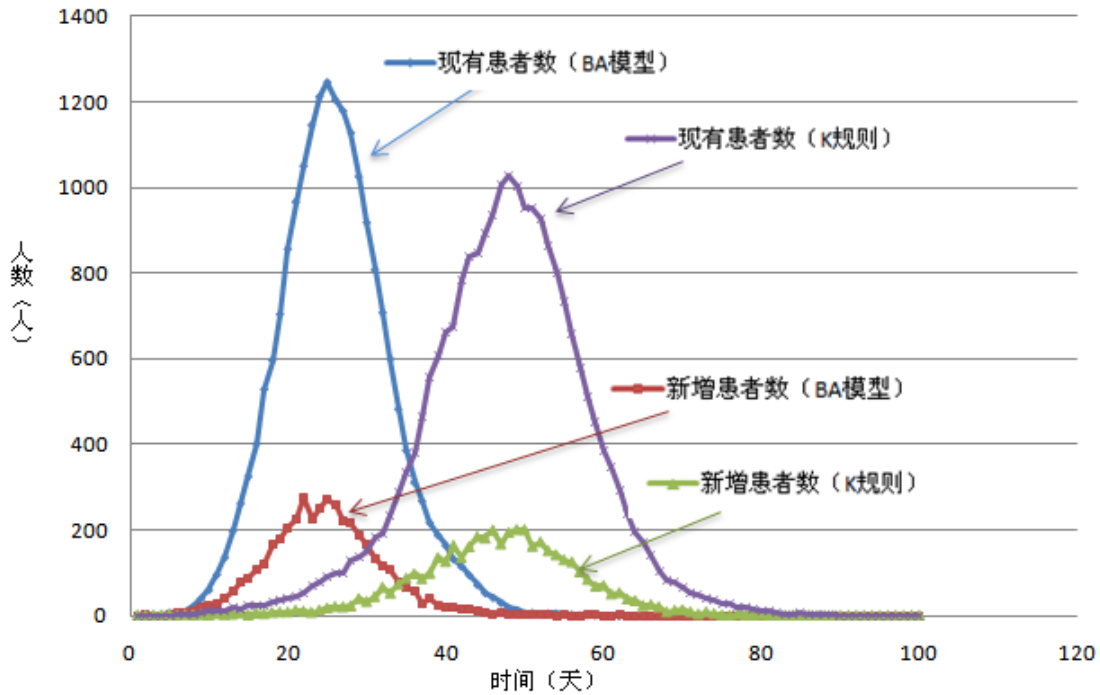


图 4. Power-law 网络和 K 规则网络中新增患者数和现有患者数变化情况

其中 Power-law 网络相比于 K 规则网络具有更快的爆发速度，分析其原因为 Power-law 网络中存在一些含有大量链接的节点，这些节点被感染后，将导致疾病迅速传播（这符合现实世界中人际关系的特点）。由于基于 SIR 模型，则总的易感人群数量固定，这就导致了快速爆发后的快速下落；而 K 网络由于边分布均衡，因此疾病传播过程更加平稳，如表格 2 所示，K 网络有着更长的持续时间及更小的峰值。

表格 2 Power-law 网络和 K 规则网络传播情况比较

名称	BA 模型网络	K 规则网络
持续时间 (天)	61	85
每天患病者峰值	1245	1026

## 4 结论

本文主要通过模拟仿真的方法，利用 2009 在我国爆发的甲型 H1N1 传染病的统计数据构建疾病的传播特征，模拟疾病在 Power-law 及 K 规则网络中的传播过程。通过比较发现 Power-law 网络中的传播情况与 K 规则网络中疾病传播情况有较大区别，Power-law 网络中甲型 H1N1 流感具有更快的传播速度与消退速度，表现为持续时间短，患病人数峰值大。今后需要分析疾病在更多网络拓扑结构中的传播过程并加以对比作为本研究的补充，通过对比各种不同疾病在这些网络中的传播过程，以便更深入的了解疾病传播的规律与特性。

## 参考文献

[1] 曹志冬, 曾大军, 王全意, 王小莉, 张奕, 邓瑛, 郑晓龙, 王飞跃. 北京市甲型 H1N1 早期

流行的特征与时空演变模式[J]. 地理学报. 65 卷, 3 期. 2010 年.

- [2] 王飞跃. 平行应急管理系统 PeMS 的体系框架及其应用研究[J], 中国应急管理, 2007 年 12 月, 22-27
- [3] N. T. J. Bailey. The Mathematical Theory of Infectious Diseases and its applications[M]. Second edition, 1975, Charles Griffin & Co., London. Pp.413
- [4] Anderson R M May R M. Infectious Diseases in Humans[M]. Oxford:Oxford University Press. 1992
- [5] Marc Barthélemy, Alain Barrat, Romualdo P. Satorras, et.al. Velocity and Hierarchical Spread of Epidemic Outbreaks in Scale-Free Networks[J]. Physical Review Letters, Vol. 92, No. 17. (27 Apr 2004), 178701.
- [6] A. Ganesh, L. Massoulié, D. Towsley. The effect of network topology on the spread of epidemics[C]. INFOCOM 2005. 24th Annual Joint Conference of the IEEE Computer and Communications Societies. Proceedings IEEE, Vol. 2 (17 March 2005), pp. 1455-1466 vol. 2.
- [7] Yang Wang, Deepayan Chakrabarti, Chenxi Wang et.al. Epidemic Spreading in Real Networks: An Eigenvalue Viewpoint[C]. Reliable Distributed Systems, IEEE Symposium on, Vol. 0 (2003), 25.
- [8] M. Boguna, R. Pastor-Satorras, and A. Vespignani. Epidemic spreading in complex networks with degree correlations[J]. Lecture Notes in Physics: Statistical Mechanics of Complex Networks, 2003.
- [9] Y. Moreno, J. Gomez, and A. F. Pacheco. Epidemic incidence in correlated complex networks[J]. Phys. Rev. E., vol. 68, 2003.
- [10] Y. Moreno, R.P. Satorras, and A. Vespignani. Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks[J]. Eur. Phys. J. B, vol. 26, 2002.
- [11] R. Pastor-Satorras and A. Vespignani. Epidemic spreading in scale-free networks[J]. Phys. Rev. Letters, vol. 86, 2001.