

# 基于复杂适应系统的传染病传播仿真建模研究

吕 骥 徐 洁 马路璐 司 丹 张 鹏

(大连医科大学中山学院计算机与信息工程学院 大连 116085)

**摘 要** 随着复杂性科学的兴起,传染病学研究视角及方法正逐步发生改变。利用复杂适应系统的观点,构造了传染病传播的确定性主体模型,并且定义主体的状态转变规则,通过 MATLAB 实现了一个可用于模拟传染病传播过程的简单仿真建模程序。通过参数调节、调用相关函数,针对可能对传染病产生影响的人际交往、公共卫生意识等 5 个因素进行仿真实验,并根据实验结果提出了疫情防控的措施和策略。实验结果表明,接种疫苗和隔离就医是抑制疫情最有效的手段。

**关键词** 传染病,复杂适应系统,小世界网络,主体建模

**中图分类号** TP273 **文献标识码** A

## Infectious Diseases Transmission Simulation and Modeling Based on CAS

LV Ji XU Jie MA Lu-lu SI Dan ZHANG Peng

(College of Computer and Information Engineering, Zhongshan College of Dalian Medical University, Dalian 116085, China)

**Abstract** With the rise of complexity science, epidemiology research perspectives and methods are gradually changing. Using the viewpoint of complex adaptive systems, we constructed the deterministic main body model of infectious disease transmission and defined the main body of the state transition rules. By means of MATLAB, achieved a simple simulation modeling process can be used to simulate the communication process of infectious diseases. By adjusting the parameters, we called the function and five factors which may have an effect on infectious diseases, such as interpersonal communication, public health consciousness and so on, were carried on the simulation experiment. According to the experimental results, we put forward the measures and strategies of epidemic prevention and control. The experimental results show that vaccination and quarantine treatment are the most effective means to inhibit the outbreak.

**Keywords** Infectious diseases, CAS, Small-world networks, Agent modeling

## 1 引言

长期以来,建立传染病模型来描述传染病的传播过程,分析受感染人数的变化规律,探索制止传染病蔓延的手段等,一直是各国有关专家和政府关注的课题<sup>[1]</sup>。

针对传染病的传播问题,曾有许多专家进行过多种方式的深入研究。例如,王小莉与曹志冬等人在研究中利用 SEIR 模型根据流感流行的初期监测数据预测其未来流行趋势<sup>[2]</sup>;段玮与杨鹏等人在研究中采用统计学的方法,对感染的因素进行了对照研究<sup>[3]</sup>;彭志行与鲍昌俊等人在研究中利用 ARI-MA 乘积季节模型根据病发资料进行预测<sup>[4]</sup>。不同的研究方法,对这类问题进行了不同角度的探索,得到了侧重不同的结论。上述模型都是基于定律的,以方程式的形式表述,通过数据进行统计分析,从而考察其变化量。但是,对于传染病在人群中的传播这样一个复杂的问题,它与人际交往、环境的因素等许多方面有着密切的关系。传统的微分方程模拟及数理统计分析等研究方法,不足以反映传染病传播个体行为方式的

变化。现阶段,利用复杂网络和多智能体模型对传染病进行研究已经成为主流。瞿毅臻等利用 repast 平台引入主体建模方法构建 SARS 传播仿真模型<sup>[5]</sup>;余雷等从复杂适应系统的观点,利用元胞自动机模型模拟 SARS 传播<sup>[6]</sup>;Connie 用多智能体模型对 1918—1919 年的西班牙流感进行了模拟仿真,在模型中分析了季节性人口流动对流感的影响<sup>[7]</sup>。本文也将尝试从复杂适应系统(CAS)的观点出发,对传染病的传播进行模拟仿真,通过设计相关主体以及相应规则,以计算机指令的形式表述,即通过尝试用计算机模拟而非传统的数学分析方法进行研究。

## 2 研究方法

### 2.1 基于主体的复杂适应系统介绍

复杂适应系统理论的基本思想是:我们把系统中的成员称为具有适应性的行为主体(Agent)。所谓具有适应性,就是指它能够通过某种方式与环境及其它主体进行交流,在交流的过程中“学习”,并根据学到的经验改变自身的结构和行为

本文受 2014 年辽宁省大学生创新训练计划项目资助。

吕 骥(1992—),男,主要研究方向为计算机技术医学应用;徐 洁(1993—),女,主要研究方向为计算机技术医学应用;马路璐(1994—),女,主要研究方向为医学流行病学;司 丹(1956—),女,教授,主要研究方向为计算机技术;张 鹏(1979—),男,副教授,主要研究方向为计算机网络技术(通信作者)。

方式。整个系统的演变或进化,包括新层次的产生,分化和多样性的出现都是以此为基础的<sup>[8]</sup>。

从20世纪70年代开始,基于主体的模型已经成为经济学与其它社会科学的一种重要工具,在某些自然科学中也得到了应用。这是一种自下而上面向对象的仿真方法,通过定义“活”的主体,以及主体与环境之间的相互作用,将宏观和微观有机地联系起来,从而研究系统的整体行为。

## 2.2 基于主体的仿真建模步骤<sup>[9,10]</sup>

基于主体的仿真建模的步骤如图1所示。

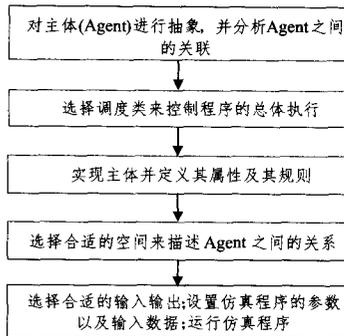


图1 仿真建模的步骤

## 2.3 “小世界”网络介绍

1998年,Watts和Strogatz提出了小世界网络这一概念,并建立了WS模型。实证结果表明,大多数的真实网络都具有小世界特性(较小的最短路径)和聚类特性(较大的聚类系数)。传统的规则最近邻耦合网络具有高聚类的特性,但并不具有小世界特性,而ER随机网络具有小世界特性但却没有高聚类特性。因此这两种传统的网络模型都不能很好地表示实际的真实网络。Watts和Strogatz建立的WS小世界网络模型就介于这两种网络之间,同时具有小世界特性和聚类特性,可以很好地表示真实网络。

## 3 传染病传播的建模仿真

复杂性科学视角下,传染病并不是随机发生的,那些显现出来的个例的不可预测性并不是随机性所致,而是取决于动力学的决定论<sup>[2]</sup>。为了体现传播过程的确定性,本文定义一参数  $A_n$  ( $0 \leq A_n \leq 100$ ),其表示人与人之间通过有效接触,病毒在人身上的积累量。

### 3.1 基于“小世界”网络的传染病传播模型

#### 3.1.1 人际交往及积累量的变化

由于疾病的传播具有明显的群体性,因此我们采用能够反映群体相互影响的“小世界”模型来研究人际交往及积累量  $A_n$  的变化。人们在社会交往中,并不是只与固定的人交往。在日常生活中,人们不可避免地接触新认识的人。而传染病则是通过人际交往进行传播。

本文参考小世界模型<sup>[11]</sup>,将社会中的人设定为网络的结点,把人与人之间的亲密接触关系表示为结点间的连接边。第一轮接触及影响完成后,在下一个时间周期里,每个人都以一定的概率与一位朋友失去联系,并找到新的朋友。通过这种做法,在若干轮迭代后,人们可以逐步扩大自己的社交范围,接触更多的人,受到更多的影响,如图2所示。

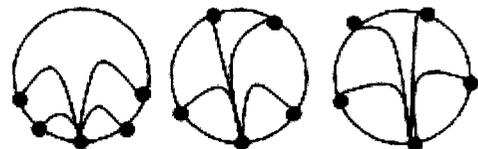


图2 基于小世界模型的人际交往的变化

现在以第  $i$  个人为例,设其在第  $n$  天的积累量为  $A_n$ 。设其每天通过人际交往的人数为  $K_1$ ，“有效接触率”为  $\alpha$  ( $\alpha$  由于每个人的体质不同及人际交往的亲密度,而有所区别,因此假设  $\alpha \sim N(0.5, 0.01)$ ),并用  $\{l_{i,j}\} (i, j = 1, 2, \dots, N)$  表示第  $j$  个人的影响关系矩阵。

$$l_{i,j} = \begin{cases} 0, & \text{如果 } j \text{ 对 } i \text{ 无影响} \\ 1, & \text{如果 } j \text{ 对 } i \text{ 有影响} \end{cases} \quad (1)$$

且满足:

$$\sum_{j=1}^N l_{i,j} = K_1 (i, j = 1, 2, \dots, N) \quad (2)$$

经过一天交往及影响后,第  $i (i = 1, 2, \dots, N)$  个人由于接触周围人群,其积累量的增量为:

$$\Delta A_m = \sum_{j=1}^N \alpha A_m l_{i,j} \quad (3)$$

一天后的积累量为:

$$A_{(n+1)i} = A_m + \Delta A_m \quad (4)$$

#### 3.1.2 考虑积累量的衰退

随着传染病的蔓延,人们对其重视程度逐渐增加,并采取各种有效措施(如常洗手,居室多通风、消毒等)来降低病毒在自身的积累量。不妨设积累量衰退系数为  $\beta$ ,即可得到第  $i (i = 1, 2, \dots, N)$  个人由于接触人群后,其积累量  $A_{(n+1)i}$  变为:

$$A_{(n+1)i} = (A_m + \Delta A_m)(1 - \beta) \quad (5)$$

#### 3.1.3 考虑隔离就医

隔离就医是防止传染病流感蔓延的重要手段<sup>[3]</sup>。以第  $i$  个感染者为例,设其在第  $x$  天 ( $N_m$  表示第  $x$  天暴露者的数量)被隔离,隔离会使感染者的积累量降为0,且不再增长。并用  $\{j_i\} (i = 1, 2, \dots, N_m)$  表示影响关系矩阵:

$$j_i = \begin{cases} 0, & \text{如果 } i \text{ 被隔离} \\ 1, & \text{如果 } i \text{ 未被隔离} \end{cases} \quad (6)$$

经过隔离就医的影响后,其积累量变为:

$$A_x = A_m j_i \quad (7)$$

#### 3.1.4 考虑接种疫苗

接种疫苗是预防传染病最有效的手段<sup>[11]</sup>。设疾病发生的第  $T$  天后研究出疫苗(共  $M$  只,  $M \ll N$ ),且接种疫苗后,会使易感者的积累量降为0,不再增长。以第  $i$  个易感者为例,设其在第  $m (m \geq T)$  天接种疫苗,第  $m$  天易感者为  $N_m$ ,并用  $\{k_i\} (i = 1, 2, \dots, N_m)$  表示接种疫苗的影响关系矩阵:

$$k_i = \begin{cases} 0, & \text{如果 } i \text{ 接种疫苗} \\ 1, & \text{如果 } i \text{ 未接种疫苗} \end{cases} \quad (8)$$

且满足:

$$\sum_{i=1}^{N_m} k_i (k_i = 0) = M, i = 1, 2, \dots, N_m \quad (9)$$

经过接种疫苗的影响后,其积累量变为:

$$A_m = A_m k_i \quad (10)$$

## 3.2 主体建模

对主体的建模采用面向对象的方法。通过对已有相关数据项的分析<sup>[13-15]</sup>,提取出影响传染病传播的重要因素,类中

主要成员变量的定义如图 3 所示。各成员变量还可根据不同的仿真需要进行添加或删除。

成员变量	定义
ID	Agent 的标识
Age	基本属性信息
Gender	
$A_n$	主题的病毒积累量
State	主体的状态

图 3 主要成员变量的定义

### 3.3 规则定义

主体状态转变规则是指导 Agent 状态转换、主体行为变化以及仿真程序执行的基础。在规则定义中,主体被分为:易感者(S)、感染者(I)、恢复者(R)及死者(D) 4 种类型。并假设:当  $A_n$  达到发病阈值  $\theta_1$ ,易感者(S)将转变为感染者(I)。

状态转换规则中定义的转换判别条件分别为:是否被传染、是否治愈、是否接种疫苗等。当达到转换条件时,系统中仿真主体的状态将发生改变,如图 4 所示。

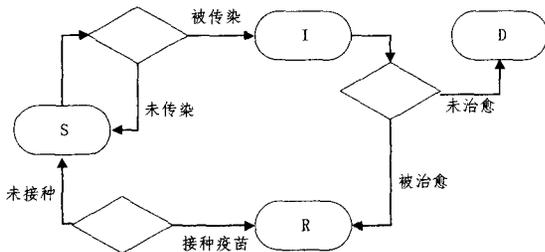


图 4 主体的状态转换

传染病传播过程中主体的行为规则由每个主体根据其不同状态、接触状况等规则来确定。每个时间步长(1D)会判断当前主体的状态(是否感染),并以此做出相应的一系列转换。以感染为例,易感者(S)通过人际交往使积累量  $A_n$  达到发病阈值  $\theta_1$ ,则易感者(S)会转变为感染者(I)。

### 3.4 仿真结果显示

仿真结果主要包括人际交往状况,当前与  $n$  天后的积累量,当前与  $n$  天后的状态及其变化,每天发病人数的变化等( $n = 1, 2, \dots, 30$ )。

## 4 传染病传播的仿真实验

### 4.1 仿真程序实现

在主体建模和规则定义上,利用 MATLAB 强大的数据处理、数据可视化功能进行仿真程序的开发。仿真实验中所用数据均为虚拟数据,其通过对已有研究资料的归纳、抽象、假设等简化手段来确定,而不是实际疫情监测的数据。

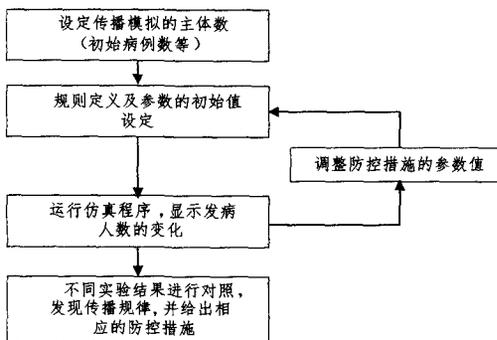


图 5 实验操作流程

为了解不同因素对疾病传播的影响,从而发现对疫情及时有效的防控措施,在仿真实验中采用控制变量的方法,通过调节可变参数,进行模拟实验,如图 5 所示。

### 4.2 仿真实验结果分析

设系统的传染源是外来输入病例,参数的具体设置为:假设模拟网络为  $N=40$ ,初始病例数为 1,小世界网络参数(重连概率  $P=0.1$ , $K$  值(表示人们之间联系的密切程度))作为调节参数,蔓延天数为 25 天, $\theta_1 = 86$ ,引入病源  $A_n = 85$ ,普通人  $A_n = 1$ 。

#### 4.2.1 人际交往的影响

图 6 充分展示了参数  $K$  对传染病传播的影响,可见,人们之间接触太多十分有利于病毒的传播,它是初期出现病毒的爆发原因之一,因此人们应该尽量减少出行,避免前往人群较为集中的公共场合。

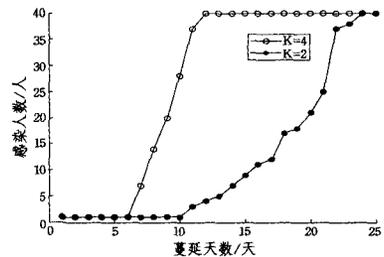


图 6 人际交往对疾病蔓延的影响

#### 4.2.2 公众卫生意识的影响

假设从第 5 天开始,人们开始重视疾病,即积累量开始衰退。根据 3.1.2 节考虑积累量的衰退的影响,设衰退系数  $\beta = 0.9$ 。

图 7 表明,采取有效措施(如常洗手,居室通风、消毒,戴口罩等)可以延缓传染病的蔓延趋势。

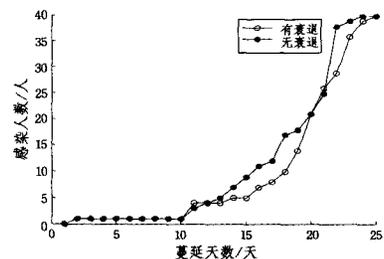


图 7 公共卫生意识对疾病蔓延的影响

#### 4.2.3 初始病源的影响

图 8 表明在疾病传播的初期病例几乎全为输入性(当  $N=1$  时,在第 11 天才出现新感染者),此时的防控策略应该主要是严防口岸、拒病毒于国门之外。

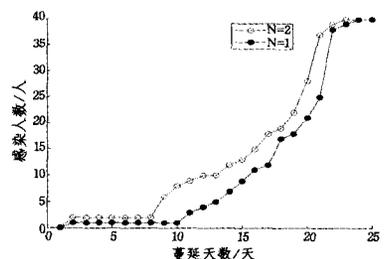


图 8 初始病源对疾病蔓延的影响

方式将先前用户的输入显示在页面前,未经严格编码转换。通过本文提出的基于风险数据追踪的存储型 XSS 漏洞检测技术可以快速成功地检测出上述存储型 XSS 漏洞。

**结束语** 本文所提出的基于风险数据追踪的存储型 XSS 漏洞检测技术能自动化检测出 Web2.0 时代中应用大量 Ajax 技术和 JSON 传递数据的 Web 应用程序中存在的存储型 XSS 漏洞,帮助渗透测试人员节省精力与时间。本文所提出的方法在一定程度上依赖于报文的重放,对于多数 Web 应用程序,本测试技术是有效的,但在一些结构功能较为特殊的

Web 应用程序中,较短时间内同一报文的多次重放未必能收到结构相同的响应结果,从而使本技术具有一些局限性。

## 参考文献

- [1] 黄玮,崔宝江,胡正名. Web 应用程序客户端恶意代码技术研究  
与进展[J]. 电信科学,2009(2):72-79
- [2] OWASP. OWASP Top Ten Project[R]
- [3] 吴子敬,张宪忠,管磊,等. 基于反过滤规则集和自动爬虫 XSS  
漏洞深度挖掘技术[J]. 北京理工大学学报,2012(4):396-400

(上接第 223 页)

### 4.2.4 隔离就医的影响

由图 9 可以看出,隔离就医对控制疫情的重要性。因此,国家应该及时披露信息,以及采取有效措施督促有发病状况的人及时就医。当然除了督促和宣传之外,还应该结合当地医疗条件,尽量增加就医的方便性。

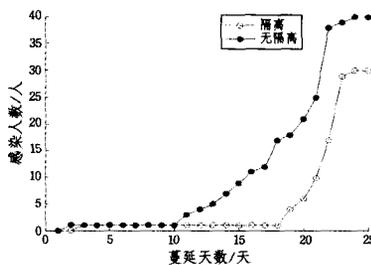


图 9 隔离就医对疾病蔓延的影响

### 4.2.5 接种疫苗的影响

根据 3.1.4 节考虑接种疫苗的影响,并假设第 13 天研究出疫苗并可投入使用。图 10 表明了疫苗对控制疫情的重要性。一方面,国家应该加大对医疗研究的投入,提升我国的研究水平。另一方面,由于我国人口众多,制定合理的接种疫苗方案(数量,接种人群等)也会对控制疾病的蔓延产生很大的影响。

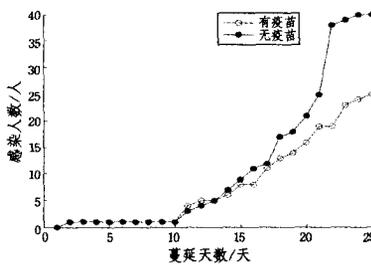


图 10 疫苗对疾病蔓延的影响

**结束语** (1) 本文尝试使用复杂适应系统的相关方法,初步实现了传染病传播过程的模拟。通过合理的引入积累量这一属性,设计了各主体间的相关规则,从微观个体行为出发了解传染病传播这一宏观规律,并且给出了合理的防控措施。

(2) 本文考虑了人际交往、公共卫生意识等对传染病传播的影响,这符合复杂性科学的观点,即传染病学问题不仅仅是自然科学的医学问题<sup>[16]</sup>。复杂性科学视角下的传染病防治,应该是提倡多学科、多样性和多元化的防治。

(3) 通过对模型的不完善,模型能够更为有效地帮助了

解更为一般的传染病传播蔓延过程。这种模型区别于传统的 SIR 模型,它不仅可以省去复杂的微分方程运算,而且比传统的模型更易于直观分析及拓展研究。

## 参考文献

- [1] 姜启源,谢金星,等. 数学模型[M]. 北京:高等教育出版社,2011
- [2] 王小莉,曹志冬,曾大军,等. 应用 SEIR 模型预测 2009 年甲型 H1N1 流感流行趋势[J]. 国际病毒学杂志 ISTIC,2011,18(6)
- [3] 段玮,杨鹏,张奕,等. 北京市中小学生对甲型 H1N1 流感感染影响因素的病例对照研究[J]. 国际病毒学杂志,2011,18(1):11-14
- [4] 彭志行,鲍昌俊,赵杨,等. ARIMA 乘积季节模型及其在传染病发病预测中的应用[J]. 数理统计与管理,2008,27(2):362-368
- [5] 瞿毅臻,李琦,甘杰夫. 基于 Repast 平台的 SARS 传播仿真建模研究[J]. 计算机科学,2008,35(2):286-288
- [6] 余雷,薛惠峰,高晓燕,等. 基于元胞自动机的传染病传播模型研究[J]. 计算机工程与应用,2007,43(2):196-198
- [7] Carpenter, Connie V. Agent-based modeling of seasonal population movement and the spread of the 1918-1919 flu: the effect on a small community. Diss. University of Missouri-Columbia, 2004
- [8] 谭跃进,邓宏钟. 复杂适应系统理论及其应用研究[J]. 系统工程,2001,19(5):1-6
- [9] 梁志妹. 基于多 Agent,复杂网络与 GIS 的甲型 H1N1 流感传播仿真平台研究[D]. 昆明:云南师范大学,2011
- [10] 倪顺江. 基于复杂网络理论的传染病动力学建模与研究[D]. 北京:清华大学航天航空学院,2009
- [11] 林国基,贾琦,欧阳颖. 用小世界网络模型研究 SARS 病毒的传播[J]. 北京大学学报:医学版,2003,35(z1):66
- [12] 杨忠. 几种重要传染病疫苗的研究现状[J]. 解放军预防医学杂志,2004,21(5):384-387
- [13] 李亮,嵇红,张伟伟,等. 甲型 H1N1 流感流行病学及应对策略研究进展[J]. 现代医学,2010,38(1):77-81
- [14] 吴慧,宋森,申辛欣. 1996-2009 年中国狂犬病流行病学分析[J]. 疾病监测,2011,26(6):427-430
- [15] 曹志冬,曾大军,王全意,等. 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,2010,65(3):361-368
- [16] 吴彤. 从复杂性科学视野看 SARS 的防治[J]. 科学技术与辩证法,2003,10(20)
- [17] Downey A B. 复杂性思考[M]. 张龙,译. 北京:机械工业出版社,2012
- [18] MATLAB 宝典[M]. 北京:电子工业出版社,2007