

基于多模型的 COVID-19 传播研究

刘汉卿¹ 康晓东¹ 高万春² 李 博^{1,3} 王亚鸽¹ 张华丽¹ 白 放¹

1 天津医科大学影像学院 天津 300202

2 吉首大学附属黔江中心医院 重庆 409000

3 天津市第三中心医院 天津 300170

(hanqing0421tmu.edu.cn)

摘 要 COVID-19 在短时间内传播至全国各省市,不仅严重影响了人民的正常生活以及社会经济,同时还在威胁着人民的生命安全,因此多模型 COVID-19 传播研究有明确的理论和现实意义。本研究依据公开数据,首先,基于小世界和无标度网络模型研究了节点传播控制;其次,利用改进的 SEIR 模型,结合武汉疫情趋势,将感染者分为有症状感染者和无症状感染者,加入住院和死亡状态,并分别进行正常社交行为、保持距离的社交行为以及隔离措施的社交行为 3 种情况下的仿真研究;最后,基于混沌模型对 COVID-19 感染水平与周期性进行了分析。数据仿真结果验证了以上模型具有好的适用性。

关键词:小世界网络;无标度网络;SEIR;混沌模型;COVID-19

中图法分类号 TP391

Research on Propagation of COVID-19 Based on Multiple Models

LIU Han-qing¹, KANG Xiao-dong¹, GAO Wan-chun², LI Bo^{1,3}, WANG Ya-ge¹, ZHANG Hua-li¹ and BAI Fang¹

1 School of Medical Image Science, Tianjin Medical University, Tianjin 300202, China

2 Qianjiang Central Hospital Affiliated of Jishou University, Chongqing 409000, China

3 Tianjin Third Central Hospital, Tianjin 300170, China

Abstract The propagation of COVID-19 to all provinces and cities across the country in a short period of time has not only severely affected people's normal life and social economy, but also threatened people's lives. Therefore, multi-model COVID-19 transmission research has clear theories and realistic significance. This study is based on public data. First, the small-world and scale-free network models are used to study node propagation control. Secondly, the improved SEIR model is used in conjunction with the Wuhan epidemic trend to divide the infected into symptomatic and asymptomatic infections. The hospitalization and death states are joined, and simulation studies under three conditions are carried out: normal social behavior, social behavior to keep a distance, and social behavior of isolation measures, respectively. Finally, the level and periodicity of COVID-19 infection are analyzed based on the chaos model. The data simulation results verify that the above model has good applicability.

Keywords Small world network, Scale-free network, SEIR, Chaos model, COVID-19

由新型 β 属冠状病毒引起的肺炎被世界卫生组织定义为“新型冠状病毒肺炎”(Coronavirus Disease of 2019, COVID-19)^[1]。COVID-19 在短时间内迅速蔓延至全国各省市,不仅对人民的正常生活与社会经济造成严重影响,同时还威胁着人民的生命安全。因此,研究 COVID-19 在人群中传播的规律及其影响因素具有明确的理论和现实意义。

20 世纪末,小世界网络^[2-3]和无标度理论^[4]的提出,为复杂网络提供了理论和应用的支撑,并使其迅速应用于各个领域。人们发现现实生活中的真实系统可以通过复杂网络进行描述^[5],特别是在研究流行病传播领域取得了重大成果。Tang^[6]和 Read^[7]通过估算可再生数 R_0 描述流行病进程,有助于确定疫情爆发的可能性和严重性;Cao^[8]和 Fan^[9]利用流行病动力学模型对 COVID-19 拐点进行预测与分析,为相关部门提供精确的理论和实践指导。

COVID-19 传播过程是复杂多变的,其传播模型一般是运用一系列非线性函数模型 SEIR (Susceptible-Exposed-Infected-Recovered) 对疾病发展进程进行描述^[10]。一般而言,非线性变化超过一定条件就会产生混沌。混沌理论是由 Lorenz 于 1963 年提出的^[11]。May^[12]阐述了复杂与混沌之间的关系,用简单的非线性函数得出人口高增长率会导致人口总数出现混沌且不可预测,对研究 COVID-19 周期规律具有重要意义。

本研究依据公开数据,首先,基于小世界和无标度网络模型研究了 COVID-19 在其网络中的传播特点以及通过控制节点行为对其传播的影响;其次,利用改进的 SEIR 模型对未采取措施情况下武汉市 COVID-19 的发展趋势进行仿真,并研究影响到达峰感染人数以及峰值时间的因素;最后,基于混沌模型对 COVID-19 感染者水平与周期性进行了分析。数据

基金项目:京津冀协同创新项目(17YEXTZC00020)

This work was supported by the Beijing-Tianjin-Hebei Collaborative Innovation Project(17YEXTZC00020).

通信作者:高万春(szxfsk789@136.com)

仿真结果验证了模型具有好的适用性。

1 传统的疾病传播描述模型

1.1 小世界与无标度网络模型

小世界网络与无标度网络都属于复杂网络。文献[3]和文献[4]提出小世界网络是以概率 P 断开网络中一个点已经连接的某个顶点,然后选择其他新的顶点连接,不能重复且不能与自身连接,还须满足 $0 < P < 1$ 。 $P=0$ 称为规则网络, $P=1$ 则称为随机网络。因为现实世界中大多数网络关系都介于规则网络和随机网络之间,所以小世界网络既表现出类似于规则网络的高聚集性,同时也表现出随机网络之间的最短路径。小世界网络的内部特征可以通过聚类系数 C 和平均最短距离 L 表示^[13]。聚类系数 C 定义为:

$$C_i = \frac{2k_i}{k(k-1)}$$

(1)

其中, k_i 表示节点 i 与相邻节点实际相连的边的数目, $k(k-1)/2$ 表示节点 i 与相邻节点相连的边的最大数目。

平均最短距离 L 表示网络中任意两个节点 i, j 之间最短路径上的边数 $d_{i,j}$ 的平均数,如式(2)所示:

$$L = \frac{2}{N(N-1)} \sum_{i>j} d_{i,j}$$

(2)

其中, N 是网络中的节点数。

通过调整 P 值,观察聚类系数 C 和平均最短距离 L 的变化,如图 1 所示。

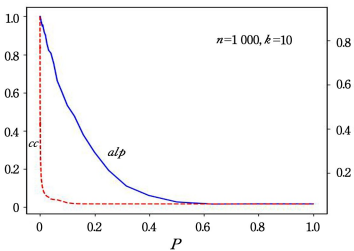


图 1 聚类系数和平均最短距离与重连概率 P 的变化关系

Fig. 1 Relationship between clustering coefficient and average shortest distance and reconnection probability P

图 1 中, cc 和 apl 分别表示在不同概率 P 小世界网络聚类系数 C 和平均最短距离 L 经过归一化处理($C_{(P)}/C_0, L_{(P)}/L_{(0)}$)后得到的曲线。由图 1 可知,随着 P 值增加, apl 迅速下降,而 cc 下降较缓,因此小世界网络还有高聚类的特性。对于社交网络,人们的社会关系从“规则”到“不规则”的过程中,平均最短距离 L 产生的变化更大,人与人之间社交变得更加容易,同时也为流行病传播带来便利。

Albert-László Barabási 发现现实世界并不是所有的节点都与一般的随机网络一样拥有平均的度分布,因此提出无标度网络^[5]。无标度网络是节点度分布近似为幂律分布的网络,如式(3)所示:

$$P(k) \sim k^{-\gamma}$$

(3)

其中, $P(k)$ 为节点度分布的概率,表示无标度网络中度为 k 的节点出现的频率。

节点成幂律分布的直观表现如图 2 所示,即大多数节点的度很小,而只有小部分的节点度很大,这样的节点称为

hubs。hubs 对应北京、上海等大城市以及商场、公园和车站等人员密集的公共场所。无标度网络具有鲁棒性和脆弱性,当部分节点发生错误时,由于 hubs 数目较少,因此受到干扰的影响很小,只需删除或切断发生错误的节点即可。但是如果 hubs 遭到蓄意破坏,网络结构受到影响,体现了无标度网络的脆弱性。若流行病在 hubs 爆发,将会造成更深远的影响。应对流行病传播的措施,可以在社会网络中优先抽取出 hubs 进行免疫,通过控制少部分节点抑制流行病传播。其次,无标度网络还遵循优先链接的特性:当引入新的节点时,这些节点会优先与高度数的节点连接,如式(4)所示:

$$\Pi(k_i) = \frac{k_i}{\sum_j k_j}$$

(4)

其中, k_i 表示节点为 i 的度, $\sum_j k_j$ 表示所有存在节点的度的总和。

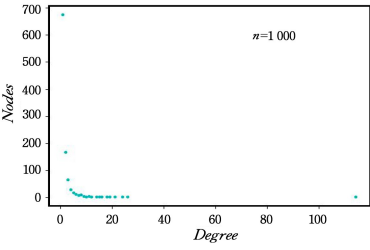


图 2 无标度网络中节点与度的关系

Fig. 2 Relationship between nodes and degrees in scale-free networks

1.2 SEIR 模型

在流行病研究中,目前运用最为广泛的是 SEIR 模型^[2]。在 SEIR 模型中^[14],人群可以划分为 4 种状态:易感者 S ,其数量记为 $S_{(t)}$,表示 t 时刻未感染但有概率感染该疾病的人数;潜伏者 E ,其数量记为 $E_{(t)}$,表示 t 时刻接触到感染者并处于潜伏期的人数;感染者 I ,其数量记为 $I_{(t)}$,表示 t 时刻已经感染该疾病的人数;恢复者 R ,其数量记为 $R_{(t)}$,表示 t 时刻已经从感染者中移除的人数。此外,SEIR 模型须建立以下假设。

- (1)一座城市内所有人都是同质的(同样的患病率和同样的治愈率)。
- (2)每个城市都处于封闭的状态。
- (3)未实施隔离及其他干预措施。
- (4)人口自然的增长率和死亡率为 0,人口的数目 N 保持不变,即 $N_{(t)} = S_{(t)} + I_{(t)} + R_{(t)}$ 。

基于以上假设下,流行病感染机制可以用式(5)和式(6)表示:

$$\begin{cases} S_{(t)} + I_{(t)} \xrightarrow{\beta} E_{(t)} + I_{(t)} \\ E_{(t)} \xrightarrow{\sigma} I_{(t)} \\ I_{(t)} \xrightarrow{\gamma} R_{(t)} \end{cases}$$

(5)

$$\begin{cases} \frac{dS_{(t)}}{dt} = -\beta I_{(t)} S_{(t)} / N \\ \frac{dI_{(t)}}{dt} = \beta I_{(t)} S_{(t)} / N - \gamma I_{(t)} \\ \frac{dE_{(t)}}{dt} = \sigma E_{(t)} - \gamma I_{(t)} \\ \frac{dR_{(t)}}{dt} = \gamma I_{(t)} \end{cases}$$

(6)

其中, i 和 j 表示人群中不同的个体, β 表示易感者接触到感染者后被感染的概率, σ 表示潜伏期患者成为感染者的概率, γ 表示感染者治愈的概率。

1.3 混沌模型

混沌是由确定非线性系统表现出的一种非常复杂的、无法根据给定的初始条件确定系统未来状态的类似随机的行为。混沌与随机的区别在于混沌是有序的, 而当超过某个阈值时, 系统表现出无序性且不可预测, 因此混沌理论研究的是发现隐藏在不可预测的无序现象中的有序结构^[15]。一般而言, 流行性脑脊髓膜炎、甲型流感病毒和百日咳等传染病, 常可表现出周期性流行。因此, 研究 COVID-19 感染者水平与周期性具有重要意义。基于混沌模型建立 COVID-19 某一时期感染者人数与下一时期感染者人数的关系, 如式(7)所示:

$$N_{n+1} = N_n + R_0 N_n \tag{7}$$

其中, N_n 表示第 n 代的总感染者人数, $R_0 N_n$ 表示第 n 代新增感染者人数。

2 本文方法

2.1 基于小世界和无标度网络模型研究 COVID-19 节点传播控制

为了探讨小世界网络模型结构的紧密程度与 COVID-19 传播的关系, 控制从新节点连接到现有节点的边数 M_0 。设定 $M_0=5, M_0=10, M_0=15, M_0=20$ 和 $M_0=25$ 以及 COVID-19 传播时间为 10 天, 仿真出小世界网络中两个节点间的平均距离以及网络结构变化下 COVID-19 传播速度和个体患病概率。

利用无标度网络模型研究不同社交活动方式下节点度的分布规律, 以及控制 hubs 节点对 COVID-19 传播的影响。在无标度网络模型中, 对于每个节点, 首先计算节点的邻居数 k , 接着使随机数 r 等于指数分布中的平均值, $r > k$, 则设置 $r = n$, 最后随机选择要保留的该节点邻居的 r , 删除所有其他邻居的边。设定节点数 $n = 10\,000$ 时, 在 BA 无标度网络、正常社交行为、保持距离的社交行为和隔离措施 4 种情况下节点度的分布情况, 以及没有控制 hubs、控制度大于 15 的节点和控制度大于 30 的节点 3 种情况下的 COVID-19 传播速度以及个体患病概率。

2.2 利用改进的 SEIR 仿真武汉疫情趋势

在标准 SEIR 流行病传播模型中, 将感染者分为无症状感染者和有症状感染者, 同时引入住院和死亡状态。改进后的 SEIR 模型如图 3 所示。

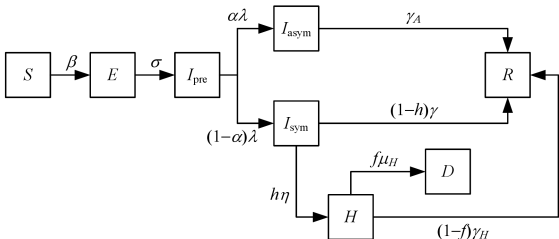


图 3 改进的 SEIR 模型
Fig. 3 Improved SEIR model

每个节点 i 都有一个状态 X^i , 给定节点状态转化, 如式(8)所示:

$$\begin{cases} P^i(E \rightarrow I_{pre}) = \sigma^i 1_{X^i} = E \\ P^i(I_{pre} \rightarrow I_{sym}) = (1 - \alpha^i) \lambda^i 1_{X^i} = I_{pre} \\ P^i(I_{pre} \rightarrow I_{asym}) = \alpha^i \lambda^i 1_{X^i} = I_{pre} \\ P^i(I_{sym} \rightarrow R) = (1 - h^i) \gamma^i 1_{X^i} = I_{sym} \\ P^i(I_{sym} \rightarrow H) = h^i \eta^i 1_{X^i} = I_{sym} \\ P^i(I_{asym} \rightarrow R) = \gamma_A^i 1_{X^i} = I_{asym} \\ P^i(H \rightarrow R) = (1 - f^i) \gamma_H^i 1_{X^i} = H \\ P^i(H \rightarrow F) = f^i \mu_H^i 1_{X^i} = H \end{cases} \tag{8}$$

其中, β 表示感染率, σ 表示传染性发生的速度(潜伏期的倒数), α 表示感染者无症状的可能性, λ 表示发展为感染有症状或无症状的速度, h 表示有症状感染个体住院的可能性, η 表示进展为住院状态的速度, γ 表示非住院患者恢复率(有症状感染期的倒数), γ_A 表示无症状个体的恢复率(无症状感染期的倒数), γ_H 表示有症状住院个体的恢复率(住院感染期的倒数), f 表示住院患者的死亡概率(病死率), μ_H 表示住院个体死亡的速率(入院到死亡期的倒数)。

式(8)中各变量与其取值^[16-18]如表 1 所列。

表 1 改进 SEIR 模型的变量与取值
Table 1 Variables and values of improved SEIR model

变量	含义	取值
β	感染率	0.45
σ	传染性发生的速度(潜伏期的倒数)	1/3
α	感染者无症状的可能性	0.25
λ	发展为感染有症状或无症状的速度(有无症状期的倒数)	1/2.2
h	有症状感染个体住院的概率	1/7.5
η	进展为住院状态的速度	1/11.0
γ	非住院患者恢复率(有症状感染期的倒数)	1/7.5
γ_A	无症状个体的恢复率(无症状感染期的倒数)	1/6.5
γ_H	有症状住院个体的恢复率(住院感染期的倒数)	1/22.0
f	住院患者的死亡概率(病死率)	0.1
μ_H	住院个体死亡的速率(入院到死亡期的倒数)	1/22.0

对流行病传播进行评估时, 可再生数 R_0 (The Basic Reproduction Number) 具有很重要的生物学意义。 R_0 表示感染者在其染病周期内平均传染的人数, 如式(9)所示:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \tag{9}$$

其中, β 表示感染者转变成潜伏期患者的概率, γ 表示治愈率。

在 COVID-19 传播过程中设定可再生数的阈值为 R_c 。若 $R_0 > R_c$, 则表明该流行病处于增长阶段, 最终形成大规模扩散; 若 $R_0 = R_c$, 则表明该流行病局限在某个地区传播, 最终发展成地方病; 若 $R_0 < R_c$, 则表明该流行病正在减弱, 最终会消失。一般情况, R_c 取值为 1, 因此, 理论上控制 COVID-19 的主要方法是将 R_0 值降至 1 以下, 甚至为 0。降低 R_0 值可以通过降低 β 值和增大 γ 值, 主要措施是限制人员流动、采取隔离措施、提高收治容量和研发抗病毒药物等。 γ 值可以通过已经公布的感染人数、治愈人数和死亡人数得知, 而 β 值取决于单次接触感染者的概率和接触频次, 也存在着个体差异。

利用改进的 SEIR 模型, 结合武汉市从 2020-01-22 至 2020-03-15 期间 R_0 的变化, 从正常社交行为、保持距离的社交

行为和有隔离的社交行为 3 个方面对 COVID-19 进行仿真与分析。

2.3 基于混沌模型分析感染水平与周期性

式(7)中只有感染者的增长项,而未体现治愈感染者的项,改进后,引入治愈感染者的项,计算公式如式(10)所示:

$$N_{n+1} = N_n + R_0 N_n - \alpha N_n^2 \tag{10}$$

其中, α 为医学治疗和防控措施等因素引起感染者人数减少的系数。

引入参数 k 和 μ , k 表示在固定的医疗状态下可以控制最大感染者的量,使得 $k = (R_0 + 1)/\alpha$,简化之后如式(11)所示:

$$X_{n+1} = (R_0 + 1) X_n (1 - X_n) \tag{11}$$

其中, $X_n = N_n/k$, 表示第 n 代的感染者。

引入参数 μ , 此时式(11)可以转化为 Logistic 映射,其数学表达式如式(12)所示:

$$X_{n+1} = \mu X_n (1 - X_n) \tag{12}$$

其中, μ 表示增长率,且 $\mu = R_0 + 1$ 。

利用混沌模型研究 COVID-19 传播周期性变化规律以及出现无规律性时可再生数 R_0 的阈值。将 R_0 随时间变化的取值加入 Logistics 映射中进行迭代,以 0.2 作为增长率 μ 的间隔,以感染周期为横坐标(表示从上一代感染者传染到下一代

感染者所需要的间隔时间),感染人数增长率为纵坐标,建立增长率随周期期间变化的曲线。该模型总是以 0.5 作为初始感染者水平,并将感染人数按照 0(清零)和 1(当前医疗系统下能接纳最大感染者数量)之间的比率表示。

3 实验结果与分析

3.1 实验环境

本文实验环境如表 2 所列。

表 2 实验环境配置	
Table 2 Experimental environment configuration	
实验环境	具体信息
操作系统	Windows10 家庭中文版(64 位)
CPU	Intel(R) Core(TM) i5-6300HQ CPU @ 2.30 GHz
内存	8 GB
开发语言	Python3.7

3.2 小世界网络与无标度网络

选取不同的 M_0 代入 2.1 节提到的小世界网络模型进行 Python 仿真,结果如图 4 所示。图 4 中第一行图表示 M_0 与平均最短距离 L 同时取对数关系,横坐标表示 M_0 ,纵坐标表示平均最短距离 L ;第二行图表示不同 M_0 下,感染概率随时间的变化,横坐标表示时间,纵坐标表示感染概率。

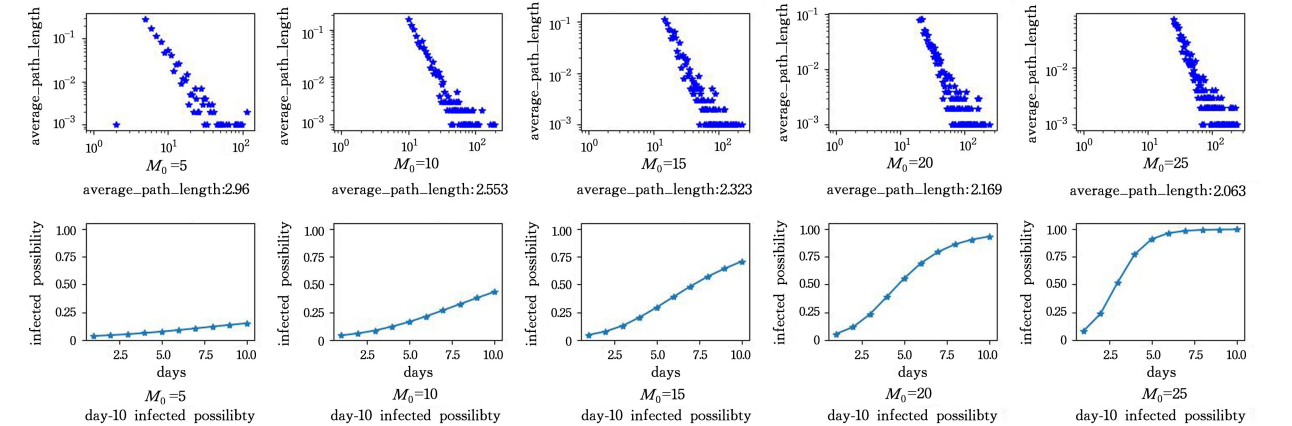


图 4 不同 M_0 对应的网络密集程度以及 10 天内个体患病概率

Fig. 4 Different M_0 corresponds to the network density and the probability of individual illness within 10 days

由图 4 可知,随着边数 M_0 的增大,网络中节点间的平均距离减小,COVID-19 在相同时间内传播的速度与个体感染的概率增大。当人际交往变得紧密时,COVID-19 的传播也更加容易且迅速。

用 2.1 节提到的无标度网络模型进行 Python 仿真,结果如图 5 和图 6 所示。图 5 表示在不同行为的社交网络中,节点度与节点数量的关系。其中横坐标表示节点的度,纵坐标表示节点的数量。图 6 表示通过控制不同数量的 hubs 节点,个体感染概率随时间的变化趋势,其中横坐标表示时间,纵坐标表示个体感染率。

由图 5 可知,BA 无标度网络、正常社交行为、保持距离的社交行为和隔离措施 4 种网络结构的平均度分别为 17.8, 12.9, 4.1 和 2.1。由此可见,随着限制行为强度的增加,节点度 k 小的节点数目增加,人际接触的概率降低,减小了感染的风险。

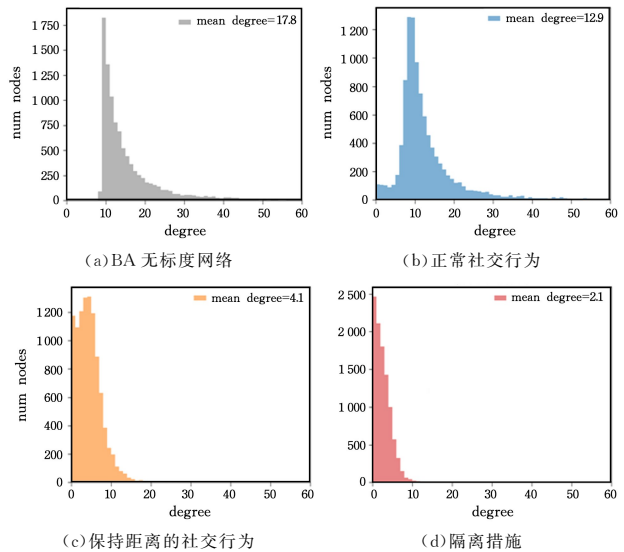


图 5 不同社交活动方式下节点度的分布规律

Fig. 5 Distribution law of node degree under different social activities

由图 6 可见,通过控制 hubs 节点可以降低个体患病概率,且控制的 hubs 节点数越多,个体患病概率越低。因此,降低交通枢纽和公众场所等人员密集区域的 COVID-19 传播概率是控制其传播的有效举措。

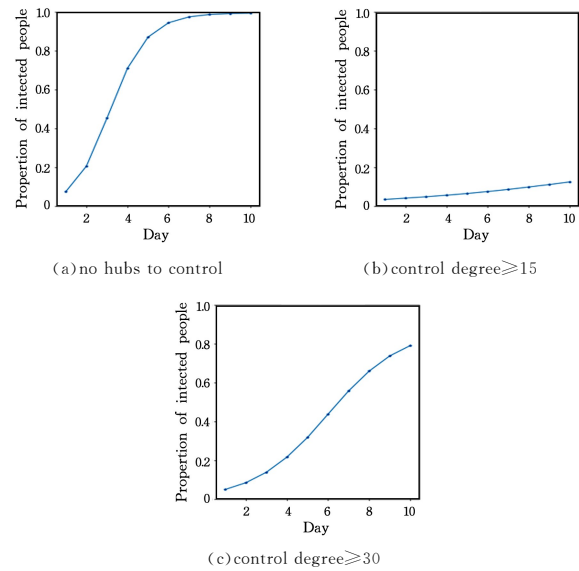


图 6 控制 hubs 节点与个体患病概率的关系

Fig. 6 Controlling the relationship between hubs node and individual disease probability

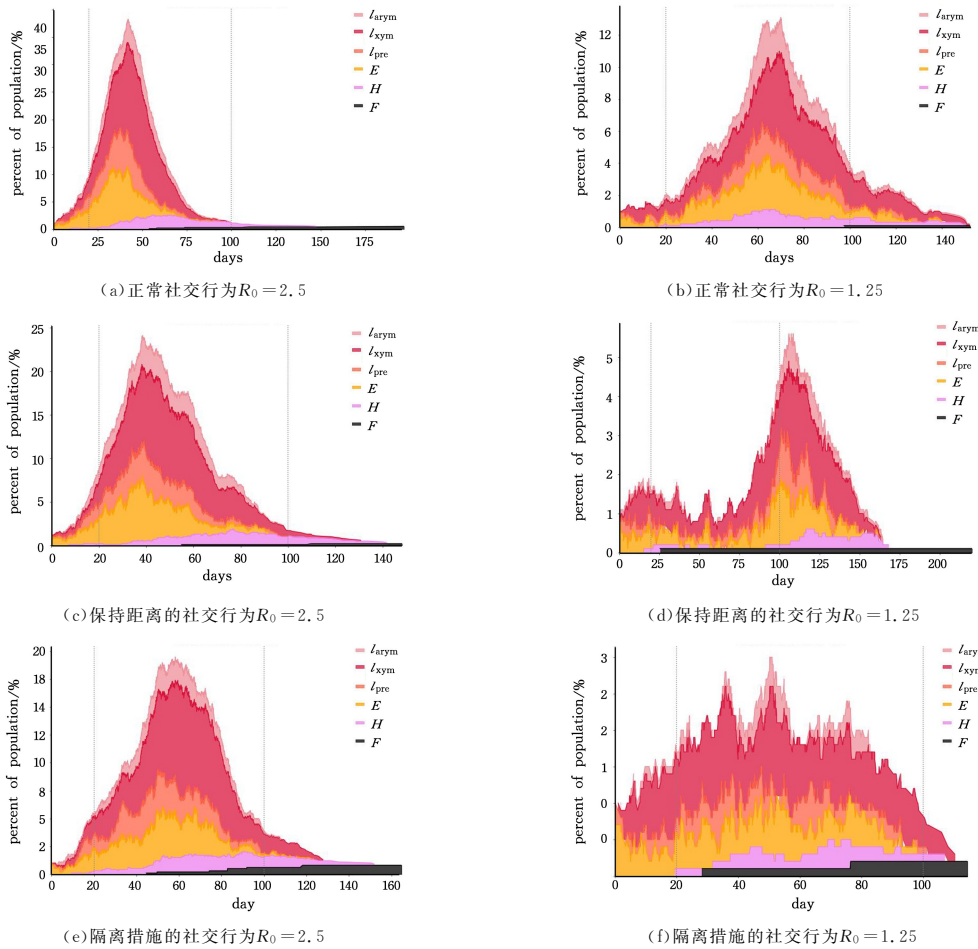


图 8 不同社交行为和 R_0 取值的仿真结果

Fig. 8 Simulation results of different social behaviors and R_0 values

正常社交行为 $R_0=2.5$,感染人数在第 40—50 天时达到最高峰,总计感染率 91.6%,总计死亡率 0.5%,峰值住院率

3.3 R_0 与 SEIR 模型

参照武汉市流行病传播进程得到 R_0 随时间变化的曲线,如图 7 所示。

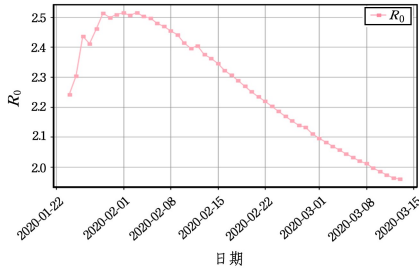


图 7 R_0 随时间变化曲线

Fig. 7 R_0 curve with time

在 2020-01-29, R_0 达到最大值 2.51,即从 2020-01-23 日武汉实施封城和推行居家自我隔离措施的一个传染周期之内, R_0 达到峰值,随后在 2020-01-30 至 2020-02-03 之间出现波动,最终从 2020-02-04 开始 R_0 呈逐渐递减的趋势。

实验假设武汉市是一个含有 1 000 个节点的网络结构,其中初始曝光个数为 10 个节点。采用以武汉实施防护措施的一个传染周期内所达到峰值 R_0 作为取值,并假设采取防护措施后 R_0 降为峰值的 1/2、分别对正常社交行为、保持距离的社交行为和隔离措施的社交行为进行仿真分析,结果如图 8 和表 3 所示。

2.5%;正常社交行为 $R_0=1.25$,感染人数在第60—75天时达到最高峰,总计感染率49.5%,总计死亡率0.1%,峰值住院率1.1%;保持距离的社交行为 $R_0=2.5$,感染人数在第35—45天时达到最高峰,总计感染率74.9%,总计死亡率0.5%,峰值住院率2.5%;保持距离的社交行为 $R_0=1.25$,感染人数在第100—120天时达到最高峰,总计感染率23.1%,总计死亡率0.1%,峰值住院率0.5%;隔离措施的社交行为 $R_0=2.5$,感染人数在第50—70天时达到最高峰,总计感染率71.2%,总计死亡率0.8%,峰值住院率1.6%;隔离措施的社交行为 $R_0=1.25$,感染人数在第50—55天时达到最高峰,总计感染率12.8%,总计死亡率0.2%,峰值住院率0.4%。

表3 不同社交行为和 R_0 取值的仿真结果

Table 3 Simulation results of different social interactions and R_0 values

Social interactions and R_0	Total percent infected/%	Total percent fatality/%	Peak percent hospitalized/%
Baseline normal interaction and $R_0=2.5$	91.6	0.5	2.5
Baseline normal interaction and $R_0=1.25$	49.5	0.1	1.1
Social distancing interactions and $R_0=2.5$	74.9	0.2	1.8
Social distancing interactions and $R_0=1.25$	23.1	0.1	0.5
Quarantine interactions and $R_0=2.5$	71.20	0.80	1.60
Quarantine interactions and $R_0=1.25$	12.80	0.20	0.40

3.4 混沌模型

通过式(13)进行仿真,结果如图9、图10和表4所示。图9横坐标代表感染周期,纵坐标代表感染者人数。图9和表4表示增长率 μ 取不同值时,感染者人数随周期变化的关系。

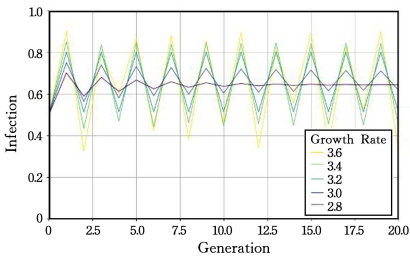


图9 Logistic映射
Fig. 9 Logistic mapping

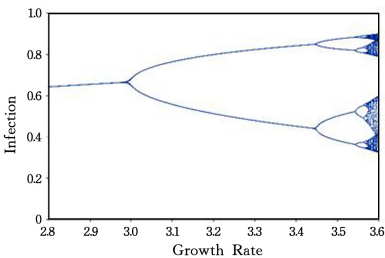


图10 分岔图
Fig. 10 Bifurcation diagram

表4 Logistic映射

Table 4 Logistic mapping

	$\mu=2.8$	$\mu=3.0$	$\mu=3.2$	$\mu=3.4$	$\mu=3.6$
1	0.70	0.750	0.800	0.850	0.900
2	0.588	0.562	0.512	0.433	0.324
3	0.678	0.738	0.800	0.835	0.788
4	0.611	0.580	0.513	0.469	0.600
5	0.666	0.731	0.799	0.847	0.864
6	0.623	0.590	0.513	0.441	0.424
7	0.657	0.726	0.799	0.838	0.879
8	0.631	0.597	0.513	0.461	0.383
9	0.632	0.722	0.799	0.845	0.850
10	0.635	0.603	0.513	0.446	0.458
11	0.649	0.718	0.799	0.840	0.894
12	0.638	0.607	0.513	0.457	0.342
13	0.647	0.716	0.799	0.844	0.810
14	0.640	0.610	0.513	0.448	0.553
15	0.645	0.713	0.799	0.841	0.890
16	0.641	0.613	0.513	0.455	0.353
17	0.644	0.711	0.799	0.843	0.822
18	0.642	0.616	0.513	0.450	0.527
19	0.644	0.710	0.799	0.841	0.897
20	0.642	0.618	0.513	0.454	0.331

由图9和表4中可见,当 $\mu=2.8$ 时,感染者人数先是出现波动,随着函数迭代次数的增加,感染者人数最终稳定在0.643附近;当 $\mu=3.0$ 时,感染者人数最终会在0.617和0.070两个值附近来回波动;同样,当 $\mu=3.2$, $\mu=3.4$ 时感染者人数的变化趋势时,感染者人数最终分别会在0.799,0.513和0.842,0.452两个值附近来回波动。而当 $\mu=3.6$,感染者人数往往不会趋于一个定值或者在几个值之间来回波动。

图10给出了COVID-19随增长率 μ 改变的周期性变化,其横坐标表示 μ ,纵坐标表示感染者人数。当 $\mu=2.8$ 时,纵坐标只有一个数值,感染者人数最终会收敛;当 $\mu=3.0$ 时,纵坐标开始出现分叉,感染者人数最终会在两个值之间波动;同理可知 $\mu=3.2$ 和 $\mu=3.4$ 时感染者人数的变化趋势。不同 μ 值所对应纵坐标值的个数代表在某个 μ 值下感染者人数最后的发展趋势,一个表示收敛,两个表示在两个值之间波动,以此类推。因此,感染者人数会随着 μ 的增长出现周期性振荡。而当 $\mu>3.57$ 时,分叉的间隔缩短且分叉的数目骤增,感染者人数最终趋于发散。因此,当 $R_0\leq 2.0$ 时,COVID-19感染者人数会趋于一个定值;当 $2<R_0\leq 2.45$ 时,COVID-19感染者人数会出现周期为2的变化规律;当 $2.45<R_0\leq 2.57$ 时会出现周期为4的变化规律; $R_0>2.57$ 时,COVID-19感染者人数不再出现周期变化规律。

结束语 本研究基于公开数据,分别利用小世界和无标度网络模型研究了COVID-19在其网络中传播的规律和控制节点传播的影响,利用改进的SEIR模型对不同社交行为情况下武汉市COVID-19的趋势进行仿真,基于混沌模型对COVID-19感染水平与周期性进行了分析。通过多模型对COVID-19传播进行了仿真研究,并进一步依据其传播规律证明了现有防控措施的有效性。

结果表明:保持社交距离、采取隔离措施和降低 R_0 均能有效减少感染人数,降低致死率以及峰值住院率,当 R_0 较大时,保持社交距离、采取隔离措施还能明显推迟出现峰值感染人数的时间;人际网络密集程度与平均最短距离成负相关,聚类系数大会加快COVID-19的传播。因此可以通过控制节点度大的hubs高效抑制COVID-19的传播;若可再生数 $R_0\leq 2$,

感染者人数最终会趋于一个定值;若 $2 < R_0 \leq 2.57$,感染者人数会出现周期性振荡;若 $R_0 > 2.57$,感染者人数最终会趋于发散。

数学模型是建立在一系列假设情况下,因此不可避免地会与实际情况存在一定差异,导致分析结果出现偏差以及无法为现实提供准确且定量的制定方案。此外,在模型的建立中还需考虑各方面能影响 COVID-19 的因素,特别是引入核酸检测、医院床位数量、信息传播网络中信息引导行为和 COVID-19 传播过程中病毒的自我进化等方面的影响,使其结果逐步完善,而这也正是本文今后的进一步研究内容。

参 考 文 献

[1] LU R. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus; implications for virus origins and receptor binding [J]. The Lancet, 2020, 395(10224): 565-574.

[2] WATTS D J, STROGATZ S H. Collective dynamics of ‘small-world’ networks [J]. Nature, 1998, 393(6684): 440-442.

[3] MILGRAM S. The small world problem [J]. Psychology Today, 1967, 2(1): 60-67.

[4] BARABÁSI A L, ALBERT R. Emergence of scaling in random networks [J]. Science, 1999, 286(5439): 509-512.

[5] OCCALETTI S, LATORA V, MORENO Y, et al. Complex networks: Structure and dynamics [J]. Physics Reports, 2006, 424(4/5): 175-308.

[6] TANG B. Estimation of the transmission risk of the 2019-nCoV and its implication for public health interventions [J]. Journal of Clinical Medicine, 2020, 9(2): 462.

[7] READ J M, BRIDGEN J R, CUMMINGS D A, et al. Novel coronavirus 2019-nCoV: early estimation of epidemiological parameters and epidemic predictions [J]. medRxiv 2020. doi: <https://doi.org/10.1101/2020.01.23.20018549>.

[8] CAO S L, FENG P H, SHI P P, et al. Study on the epidemic development of corona virus disease-19 (COVID-19) in Hubei province by a modified SEIR model [J]. Journal of Zhejiang University (Medical Sciences), 2020, 49(2): 178-184.

[9] FAN R G, WANG Y B, LUO M, et al. SEIR-based Novel Pneumonia Transmission Model and Inflection Point Prediction Analysis [J]. Journal of University of Electronic Science and Technology of China, 2020, 49(3): 369-374.

[10] WESOŁOWSKI A. Multinational patterns of seasonal asymmetry in human movement influence infectious disease dynamics [J]. Nature Communications, 2017, 8(1): 1-9.

[11] LORENZ E N. Deterministic nonperiodic flow [J]. Journal of the Atmospheric Sciences, 1963, 20(2): 130-141.

[12] MAY R M. Simple mathematical models with very complicated dynamics [J]. Nature, 1976, 261(5560): 459-467.

[13] YANG B. Simulation Analysis of Knowledge Transfer Behavior Based on Small World Network [J]. Computer Engineering, 2011, 37(9): 115-117, 120.

[14] LIU X D, WEI H P, CAO Y, et al. Modeling and Stability Analysis for SIRS Model with Network Topology Changes [J]. Computer Science, 2011, 37(9): 115-117, 120.

[15] TANG W, LI D P, CHEN X Y, et al. CHAOS THEORY AND RESEARCH ON ITS APPLICATIONS [J]. Automation of Electric Power Systems, 2000, 24(7): 67-70.

[16] LI Q, GUAN X, WU P, et al. Early transmission dynamics in Wuhan, China, of novel coronavirus-infected pneumonia [J]. New England Journal of Medicine, 2020, 382(13).

[17] WU J T, LEUNG K, LEUNG G M. Nowcasting and forecasting the potential domestic and international spread of the 2019-nCoV outbreak originating in Wuhan, China: a modelling study [J]. The Lancet, 2020, 395(10225): 689-697.

[18] GUAN W J. Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 in China [J]. New England Journal of Medicine, 2020, 382(18): 1708-1720.



LIU Han-qing, born in 1997, M. S. candidate. His main research interest is medical image processing.



GAO Wan-chun, born in 1963, associate chief physician. His main research interest is medical imaging technology.

(上接第 195 页)

[26] YOU D D, CHEN F J. Research on the Prediction of Network Public Opinion Based on Improved PSO and BP Neural Network [J]. Journal of Intelligence, 2016, 35(8): 156-161.

[27] SHI R, CHEN F J, ZHANG J H. Prediction of Online Public Opinion Based on Combination Grey Model [J]. Journal of Intelligence, 2018, 37(7): 105-110.

[28] XU M J, LAN Y X, LIU B Y. Research on the Prediction Model of Network Public Opinion Based on Combination Forecasting Method [J]. Information Science, 2016(12): 42-47.

[29] ZENG Z D. Internet Public Opinion Prediction Model Based on Grey Support Vector Machine [J]. Computer Applications and Software, 2014(2): 300-302.

[30] LAN Y X, LIU B Y, ZHANG P, et al. The Internet Public Opinion Hot-degree Dynamic Prediction Model Oriented to Big Data

[J]. Journal of Intelligence, 2017, 36(6): 105-110.



CHENG Tie-jun, born in 1985, Ph.D., associate professor. Her main research interest is application statistics.



WANG Man, born in 1996, postgraduate. Her main research interest is application statistics.