

COVID-19 在高危人群动态网络中的传播动力学

师亚勇, 年福忠[†], 刘金朔, 曹 军

(兰州理工大学 计算机与通信学院, 甘肃 兰州 730050)

摘要: 为了弄清影响新型冠状病毒肺炎蔓延的影响因素, 分析中国大陆地区的疫情发展趋势, 本文提出了一种基于高危人群动态网络的 COVID-19 传播模型来模拟新型冠状病毒肺炎在人群中的传播过程. 首先, 本文统计了 1 月 16 日至 2 月 6 日, 中国大陆各个地区的感染情况, 通过各个地区的人口流动、地理位置和经济发展情况等因素, 对各个地区的疫情数据进行了综合分析, 提出了疫情生长指数来量化各个地区的疫情发展情况. 然后, 本文结合新型冠状病毒肺炎在人群中的传播特点, 以高危人群为研究对象, 构建了高危人群动态网络. COVID-19 传播模型对 SEIR 模型中的感染率、潜伏率和退出率进行了重新定义, 并基于高危人群动态网络对中国大陆地区的疫情发展趋势做出了预测和分析, 模拟数据和已公布的确诊数据能够较好的拟合, 也验证了模型的可靠性. 最后, 模型还验证了防护措施的有效性.

关键词: 高危人群; 动态网络; 新型冠状病毒肺炎; 疫情生长指数; 疾病控制; 计算机模拟

引用格式: 师亚勇, 年福忠, 刘金朔, 等. COVID-19 在高危人群动态网络中的传播动力学. 控制理论与应用, 2020, 37(3): 461–468

DOI: 10.7641/CTA.2020.00072

Propagation dynamics of COVID-19 in high-risk population dynamic network

SHI Ya-yong, NIAN Fu-zhong[†], LIU Jin-shuo, CAO Jun

(School of Computer & Communication, Lanzhou University of Technology, Lanzhou Gansu, 730050, China)

Abstract: In order to understand the influencing factors affecting the spread of new coronavirus pneumonia and analyze the development trend of the epidemic situation in mainland China, a COVID-19 propagation model based on the high-risk population dynamic network to simulate the spread of new coronavirus pneumonia in the population is proposed in this paper. First of all, this paper counts the infections in various regions of mainland China from January 16 to February 6, and analyzes the epidemic data of each region through factors such as population flow, geographical location, and economic development. An epidemic-growth index was proposed to quantify the epidemic situation in various regions. Then, based on the propagation characteristics of COVID-19 in the population, this paper constructed the high-risk population dynamic network by taking the high-risk population as the research object. The COVID-19 propagation model redefines the infection rate, latent rate, and withdrawal rate in the SEIR model. Based on the high-risk population dynamic network, it predicts and analyzes the development trend of the epidemic situation in mainland China. The simulation data and the published confirmed data could fit well, which also verified the reliability of the model. Finally, the model also verifies the effectiveness of protective measures.

Key words: high-risk population; dynamic network; COVID-19; epidemic-growth index; disease control; computer simulation

Citation: SHI Yayong, NIAN Fuzhong, LIU Jinshuo, et al. Propagation dynamics of COVID-19 in high-risk population dynamic network. *Control Theory & Applications*, 2020, 37(3): 461–468

1 引言

2019年12月12日, 中国湖北省武汉市报告了一例病因不明的肺炎病例, 世界卫生组织将新型冠状病毒

感染的肺炎命名为新型冠状病毒肺炎(corona virus disease 2019, COVID-19)^[1]. 截至 2020 年 2 月 5 日, 中国大陆已确诊 24433 例新型冠状病毒的感染患者,

收稿日期: 2020-02-13; 录用日期: 2020-03-27.

[†]通信作者. E-mail: gdnfz@lut.edu.cn.

本文责任编辑: 赵千川.

国家自然科学基金项目(61863025), 甘肃省国际科技合作项目(144WCGA166), 陇原青年创新人才扶持计划和兰州理工大学博士基金项目资助. Supported by the National Natural Science Foundation of China (61863025), the Program for International S & T Cooperation Projects of Gansu Province (144WCGA166) and the Program for Longyuan Young Innovation Talents and the Doctoral Foundation of LUT.

疑似感染患者23260例. 确诊的患者大部分都有两周内去过武汉的经历, 可以确信COVID-19具有0~14天的潜伏期^[2]. 潜伏期的患者没有明显的症状, 但是潜伏期仍然具有感染性, 可以通过唾液等方式将病毒传播给其他人^[3]. 对于新型冠状病毒的宿主和来源地的问题吸引了很多学者的讨论, 但是目前还没有定论^[4-7]. 疫情发生于中国的春节, 春节的到来加速了病毒的传播, 所以病毒可以在短时间内扩散到全国甚至是全世界^[8], 这给中国人民带来了十分严重的生命和财产损失. 面对如此严峻的形势, 中国政府采取了很多措施, 例如停运公交和地铁, 在全国各个地区的交通要道设置体温监测站, 禁止各种形式的聚会, 关闭除药店和超市以外的商店, 延长学校假期等. 这些措施有效的抑制了病毒的传播, 但是也给人们的工作、学习和生活带来了很大的不便.

弄清传染病的传播动力学特点, 找出其内在规律, 必将有助于更好的阻止传染病传播. 因此, 关于传染病的传播问题一直是一个研究热点. 其中从网络结构的特性、传播动力学模型和免疫策略等角度的研究尤其引人关注^[9-14]. Yuan等人^[15]在论文中证明了个体的活动范围和活动特征能够对疾病传播的速度造成显著的影响. Chen等人^[16]提出了混合资源分配模型, 该模型验证了资源分配对于传染病扩散的异质性, 认为不同的分配策略可以造成社交网络的相变. Perez等人^[17]在论文中研究了远距离的接触对于疾病传播的影响, 并认为控制远距离的接触可以有效减少传染病在无序复杂网络上的传播. Yang等人^[18]认为传染病的传播过程受到人口流动的动态影响, 小规模社区结构, 较高的社区人口流动率和大量的临时社区有利于预防传染病的发生. Nian等人^[19]的研究表明免疫重叠网络中的节点可以有效抑制流行病在网络中的传播速度, 而且还能够有效降低传染病在网络中的感染密度. Ramos等人^[20]在论文中研究了个体所属的群体数量会影响个体所属群体内部的疾病传播的强度. Xia等人^[21]的研究表明在病毒的传染过程中, 与病毒相关的信息在社交网络中的传播能够对病毒的传播产生明显的抑制作用. McVinish等人^[22]的研究表明了传染源的活动轨迹在传染病传播的初期阶段对传染病的传播速度和最大传播范围具有十分显著的影响. Wang等人^[23]在论文中证实了航空运输网络的结构能够对传染病在全球不同地区的感染人群产生显著影响. 不同的传染病有不同的感染特征, 也有不同的传播特点. 潜伏期的长短、传播介质和感染者的症状都不完全相同, 这些因素都会影响传染病的传播过程.

鉴于此, 本文首先介绍了COVID-19在人群中的实际感染情况, 探讨了疾病在传播过程中的影响因素. 然后梳理了各个省份的疫情概况, 提出了疫情生长指

数来预测疫情在该省的蔓延能力. 并通过改进经典的疾病传播模型(SEIR)中的感染率、潜伏率和退出率来对病毒的传播进行仿真实验. 真实数据与仿真实验的对比证实了模型的可靠性, 接着通过模型预测了病毒在人群中传播的演化趋势. 最后本文还通过实验证明防护和隔离策略能够帮助人们有效抑制疫情的发展, 为疫情的防治提供了思路.

2 基本再生数分析

在新型冠状病毒肺炎传播的初始阶段, $t \rightarrow 0$, $S(t) = N$, 基本再生数^[24]可以表示为

$$R_0 = (1 + \frac{\lambda}{\gamma_1})(1 + \frac{\lambda}{\gamma_2}), \quad (1)$$

其中: $\lambda = \ln \frac{Y(t)}{t}$ 是指在疫情处于早期扩散阶段时的增长率, $Y(t)$ 为从发现病毒以后的 t 时刻已经表现出感染的症状的人数. 潜伏期 $T_E = \frac{1}{\gamma_1}$, 感染期 $T_I = \frac{1}{\gamma_2}$, 生成时间 $T_g = T_E + T_I$, 潜伏者占生成时间的比例 $\rho = \frac{T_E}{T_g}$, 所以基本再生数可以表示为

$$R_0 = 1 + \lambda T_g + \rho(1 - \rho)(\lambda T_g)^2. \quad (2)$$

由式(2)可知, 参数 λ , ρ 和 T_g 决定了新型冠状病毒的基本再生数的大小. 初期报道提到59名疑似病例中有41名患者被确诊, 也就是说疑似感染病例被确诊的概率 $q = \frac{41}{59} = 0.695$, 考虑到检测条件和医疗资源有限等因素对疫情上报造成的滞后性, 所以将 $q = 0.695$ 作为当日疑似患者被确诊的下限, 而将 $q = 1$ 作为当日确诊患者的上限. 虽然这个估计的数字具有局限性, 但是仍然具有一定的实际意义. 另外, 将发现第1例不明肺炎的2020年12月12日设置为疫情发现的初始时间 $t = 0$. SARS病毒的 ρ 的取值在0.6~0.8之间^[25].

据研究^[26]显示, 新型冠状病毒和SARS病毒具有高度相似性, 所以将新型冠状病毒的 ρ 取值为0.6~0.8. 令 $\rho_e = \rho(1 - \rho)$, 则在所有可能的 ρ 的取值中, ρ_e 的最大值为0.51, ρ_e 的最小值为0.43.

分别将 ρ_e 的最大值和最小值作为上下限进行基本再生数 R_0 的计算. T_g 取值为8.4^[27]. COVID-19的基本再生数如所示.

图1为COVID-19在2020年1月23日至2月6日期间的基本再生数的最大值与最小值. 在2020年1月23日至2020年1月28日, 病毒的基本再生数持续快速增长, 这意味着病毒的传播速度快速增加. 2020年1月28日以后, 基本再生数缓慢增长并到达顶峰, 这也在确诊患者数量的爆发式增长中得到了验证. 在2020年2月1日以后基本再生数有缓慢下降趋势, 这表明病毒的

传播速度在逐渐的减弱. 与SARS相比, COVID-19的基本再生数不高于SARS (2.2~3.6), 具有和SARS相似的传播能力, 属于传染能力中等的传染病, 这种传播能力下, 完全可以通过有效干预实现可防可控.

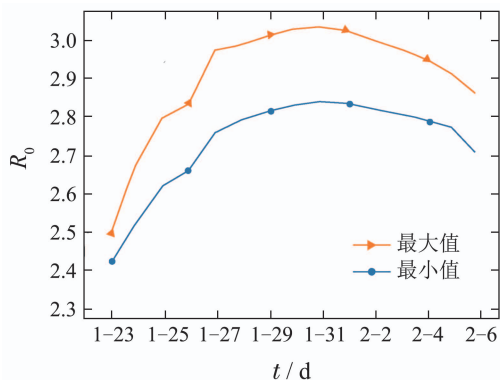


图1 基本再生数随时间变化的曲线(数据截至2020年2月6日)

Fig. 1 Curve of basic reproduction number over time (data up to February 6, 2020)

基本再生数是传染病的整体外在表现, 要想搞清其内在规律, 需对其传播动力学进行建模与分析.

3 传播动力学建模

理解传染病的感染状态和传播过程有助于控制当前的疫情, 评估未来的威胁. 为此, 本文引入了易感者-潜伏者-感染者-退出者(SEIR)模型. 它将个体分为4种状态: S 为易感者, E 为潜伏者, I 为感染者, R 为退出者. 易感者是指没有感染但是可能被感染的个体; 潜伏者是指已经被感染但没有症状的个体; 感染者是指已经被感染并出现症状的个体; 退出者是指曾经感染但是已经被隔离、被治愈或死亡, 不再传播病毒给其他人的个体. 潜伏者会在潜伏期后变为感染者. 潜伏者和感染者可以将病毒传播给身边的人.

本文收集了COVID-19在1月16日至2月6日的疫情数据. 数据来自中华人民共和国国家卫生健康委员会官方网站和湖北省卫生健康委员会官方网站公布的疫情数据. 数据从2020年1月16日至2020年2月6日, 包括累积确诊人数、累积治愈人数和累积死亡人数. 绘图软件为Adobe Illustrator, 编程语言为Python. 结合COVID-19在人群中的传播特点, 本文提出的COVID-19传播模型的传播规则如下所示:

- 1) 潜伏者或者感染者可以通过近距离的接触将病毒传播给易感者, 传播概率为 β .
- 2) 潜伏者被感染后表现出临床症状并成为感染者的潜伏概率为 ε .
- 3) 感染者有一定的退出概率 γ 被隔离、治愈或者死亡成为退出者, 退出传染圈, 不再具有传播病毒的能力.

个体状态之间的关系如图2所示.

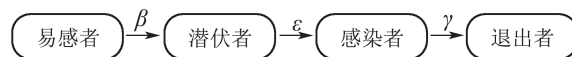


图2 个体状态之间的关系

Fig. 2 Relationships between individual states

相关参数定义如下:

定义1 易感者在接触潜伏者或感染者后成为潜伏者的感染概率为

$$\beta = \alpha(1 - \psi), \quad (3)$$

其中: α 是指两者之间的基础感染概率, 是一个固定值; ψ 是指节点的断边率, 即为了保护自己不受感染而断开与周围节点连边的比例, $\psi \in (0, 1)$.

定义2 潜伏者被感染后表现出临床症状, 成为感染者的潜伏概率为

$$\varepsilon = \frac{1}{1 + e^{Q-T}}, \quad (4)$$

其中: Q 代表病毒的平均潜伏期, T 代表患者的患病时长.

定义3 感染者不再参与病毒传播, 退出感染圈成为退出者的退出概率

$$\gamma = \left(\frac{T-Q}{2eQ}\right)^2, \quad (5)$$

其中: T 代表患者的患病时长, Q 代表病毒的平均潜伏期.

$$\begin{cases} \frac{ds(t)}{dt} = -\beta s(e + i), \\ \frac{de(t)}{dt} = \beta s(e + i) - \varepsilon e, \\ \frac{di(t)}{dt} = \varepsilon e - \gamma i, \\ \frac{dr(t)}{dt} = \gamma i. \end{cases} \quad (6)$$

基于以上定义, COVID-19传播模型的微分动力学方程如式(6)所示. 在式(6)中, $s(t)$ 代表易感者的比例, $e(t)$ 代表潜伏者的比例, $i(t)$ 代表感染者的比例, $r(t)$ 代表退出者的比例. β 是病毒的感染概率, ε 是病毒的潜伏概率, t 代表疫情发生的时长, γ 为退出概率.

病毒会在人与人进行近距离接触时, 通过唾液等方式进行传播, 所以感染者周围的人具有更高的传染风险. 已有的网络中, 小世界网络和无标度网络均不能很好地描述新型冠状病毒在人群中的传播过程. 本文根据新型冠状病毒的传播特点和感染特征构建了高危人群动态网络, 来模拟传染病传播过程中高危人群形成的网络的动态变化.

高危人群形成的网络是一个动态增长的过程, 疫情的蔓延速度很大程度上取决于高危人群动态网络的规模大小. 随着潜伏者和感染者的增多, 其周围的邻居节点也变成高危人群, 有很大的可能性被感染.

网络的规模取决于感染节点的接触数,也就是说每一个感染节点都会带来 k 个新的高危易感节点.新加入的易感节点与网络中现有的其他节点有相同的概率连接,如图3所示.

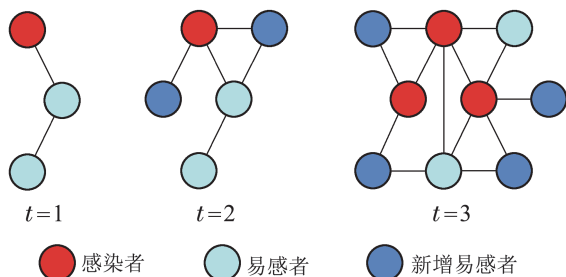


图3 高危人群动态网络示意图(当接触数 $k=2$ 时)

Fig. 3 Schematic diagram of high-risk population dynamic network (when contact number $k=2$)

接触数的计算方式如下所示:

假设最大潜伏期为 $Q_{\max}$ 天,那么 T 时刻确诊患者可能被感染的时间区间

$$X_{[T]} = [T - Q_{\max} + 1, T]. \quad (7)$$

在此期间被其感染的患者的确诊的时间区间

$$Z_{[T]} = [T - Q_{\max} + 1, T + Q_{\max} - 1]. \quad (8)$$

当易感者被感染成为潜伏者以后,在潜伏期 $Q_{\max}$ 内,每天的发病几率都是均等的.

即在时间段 $[T - Q_{\max} + 1, T + Q_{\max} - 1]$ 内,确诊患者的总数

$$I_{[T-Q_{\max}+1, T+Q_{\max}-1]} = \beta k \left(\sum_{i=1}^{2Q_{\max}-2} I_{[T-2Q_{\max}+2+i]} \frac{i}{2Q_{\max}-1} + \sum_{i=1}^{2Q_{\max}-2} I_{[T+2Q_{\max}-2-i]} \frac{i}{2Q_{\max}-1} + I_{[T]} \right). \quad (9)$$

可得致病率

$$\omega \approx 0.92. \quad (10)$$

所以接触数

$$k = \frac{0.92}{\alpha}. \quad (11)$$

4 疫情分析和预测

4.1 COVID-19的传播特点分析

截止2020年1月29日确诊的1099名患者中,有31.3%的患者近期到过武汉,有71.8%的患者接触过武汉人^[28].可以确信的是,COVID-19首先在武汉造成了大面积感染,由武汉向全国蔓延.在疫情由湖北武汉蔓延至全国的过程中,人口流动是疫情发展的主要因素.图4为春运期间,从武汉流入全国各省市的人口规模(不包括港澳台数据)和全国各省市确诊患者的总人数分布情况之间的关系.

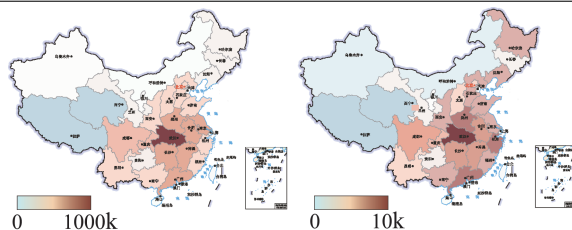


图4 左:由武汉市流向各省市的输入人流量;右:2月6日各省市确诊感染总人数

Fig. 4 Left: The inflow of people from Wuhan to various provinces and cities; Right: the total number of confirmed infections in various provinces and cities on February 6

在疫情发展的第1阶段,病毒携带者由武汉流入全国.需要指出的是,武汉在2020年1月23日封城,考虑到病毒的平均潜伏期为6.4天^[29],所以2月1日前确诊的患者基本是因为受到来自武汉的病毒携带者的传染,全国各个省市都受到来自武汉的输入型感染.接着,疫情的发展进入第2阶段,输入型感染人群又将病毒扩散给周围的人,造成当地和周边地区的扩散型感染.

疫情发展的第1阶段主要为输入型感染,人口流动则是输入型感染的主要因素,而地理距离则主导了疫情发展第2阶段的扩散型传染.因为疫情发展进入第2阶段以后,全国各省市加强了防控力度并采取了隔离措施,在全国范围内,远距离的人口流动量大大降低,但是由于日常的生产生活需要,人口的流动多发生在同一省市的不同地区和邻省地区,这加剧了输入型感染城市临近地区的疫情扩散.在疫情发展的第1阶段,武汉市是主要的传染源城市,因为来自武汉的人口流入,上海、浙江、广东、重庆相继成为疫情的重灾区.当武汉封城,疫情进入第2阶段,疫情开始在上海、浙江、广东、重庆和武汉地区等传染源城市周围进行扩散型感染.疫情以传染源城市为核心,逐渐向周边城市扩散,最终覆盖全国.

武汉是中国中部的中心城市,也是中国重要的交通枢纽.可以发现,疫情的在各个地区的蔓延能力不仅取决于从武汉流入的人口数,还取决于与武汉的地理距离以及本身的发展情况等.一个地区的GDP能够反映该地区的经济实力和市场规模.经济实力强、市场规模大的地区因为其人口流动大更容易造成扩散型感染.基于以上分析,本文定义了疫情生长指数来衡量一个地区的疫情蔓延能力.

定义4 衡量某地区疫情蔓延能力的疫情生长指数

$$\Gamma = (P + (1 - M))^{(1+B)}, \quad (12)$$

其中: P 代表从武汉流入该省份的人口数, M 代表该地区与武汉的地理距离, B 代表该地区的GDP.各地

区的详细数据如表1所示.

表1 从武汉流入的人口数、与武汉的距离、GDP和疫情生长指数

Table 1 Inflow population from Wuhan, distance from Wuhan, GDP and epidemic-growth index

各地区	从武汉流入的人口数(P)	与武汉的距离(M)	GDP (B)	疫情生长指数(I)
广东省(粤)	0.642	0.29	0.973	1.8
江苏省(苏)	0.456	0.15	0.926	1.67
山东省(鲁)	0.222	0.25	0.765	0.95
浙江省(浙)	0.325	0.21	0.562	1.19
河南省(豫)	1	0.14	0.481	2.5
四川省(川)	0.197	0.33	0.407	0.82
湖南省(湘)	0.606	0.1	0.364	1.74
河北省(冀)	0.128	0.26	0.36	0.82
福建省(闽)	0.067	0.27	0.358	0.74
上海市(沪)	0.328	0.23	0.327	1.13
北京市(京)	0.467	0.34	0.303	1.16
安徽省(皖)	0.369	0.11	0.3	1.36
辽宁省(辽)	0.047	0.51	0.253	0.46
陕西省(陕)	0.144	0.29	0.244	0.82
江西省(赣)	0.303	0.1	0.22	1.25
重庆市(渝)	0.411	0.33	0.204	1.1
广西壮族 自治区(桂)	0.086	0.35	0.204	0.69
天津市(津)	0.081	0.38	0.188	0.66
云南省(滇)	0.097	0.5	0.179	0.54
内蒙古自 治区(蒙)	0.014	0.42	0.173	0.54
山西省(晋)	0.047	0.27	0.168	0.75
黑龙江省(黑)	0.042	0.68	0.164	0.31
吉林省(吉)	0.05	0.66	0.151	0.34
贵州省(黔)	0.058	0.36	0.145	0.67
新疆维吾尔 自治区(新)	0.028	0.94	0.122	0.07
甘肃省(甘)	0.028	0.49	0.082	0.52
海南省(琼)	0.042	0.47	0.048	0.56
宁夏回族 自治区(宁)	0.014	0.41	0.037	0.59
青海省(青)	0.014	0.46	0.029	0.55
西藏自治 区(藏)	0.003	1	0.015	0

在图5中,横坐标代表每一个地区的疫情生长指数,而纵坐标代表该地区的确诊患者人数.由图5可知,不同地区的疫情规模和疫情生长指数能够做到较好的拟合,说明疫情的蔓延能力与各地区从武汉的流入人口、与武汉的距离以及该地区的经济发展状况息息相关.这个发现能够帮助人们通过更加合理的分配医疗资源来更好的抑制传染病的传播,达到控制疫情蔓延的目的.

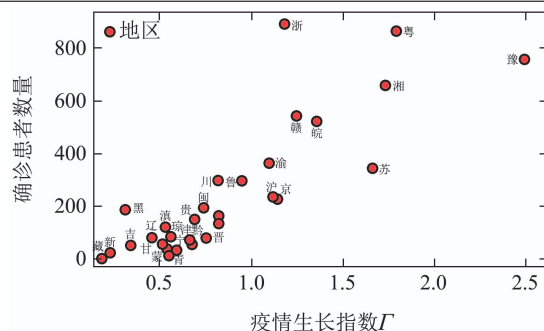


图5 各个地区的疫情生长指数和确诊患者数量(数据来源于2020年2月6日的各地区的感染数据)

Fig. 5 Epidemic-growth index and number of confirmed patients in each region (data from regional infection data as of 6 February 2020)

4.2 基于COVID-19传播模型的疫情发展趋势预测

本实验通过上文提出的COVID-19传播模型,对疫情的发展趋势进行了分析和预测.实验选取了2020年1月16日的确诊患者数量作为感染者的初始数量.湖北地区初始感染节点数为45,湖北以外的中国大陆地区初始感染节点数为12,将 α 设置为0.5,潜伏概率为 ε ,退出概率为 γ ,病毒的潜伏期为 Q , $Q = 6.4$.个体感染病毒的时间 T 是指易感者患病的时长.2020年1月23日,武汉停止公交地铁和长途客运,关闭机场和火车站.为了更好的模拟病毒的真实传播情况,通过断开节点周围的连边来模拟防护和隔离措施.在实验中将2020年1月16日至2020年1月23日的断边率 ψ 设置为0,将2020年1月24日至4月25日的断边率 ψ 设置为0.5.需要指出的是,在实验中,假设所有病毒的携带者对于病毒的传播能力都是相同的,没有考虑超级传播者和病毒的变异对病毒的传播造成的影响,所以实验结果有一定的局限性.

在图6中,橙色和蓝色线分别代表COVID-19传播模型模拟的感染者和潜伏者随时间的数量变化.2020年1月23日,武汉停止公交地铁和长途客运,关闭机场和火车站.由图6可以看出,在1月16日至2月1日,潜伏者的数量快速上升.在2月1日以后,潜伏者的数量不再增加,且有缓慢下降的趋势.这说明湖北省采取的隔离措施有效的抑制了潜伏者数量的增加.但是感染者的数量直到2月25日才达到峰值,这是因为病毒具有最长14天的潜伏期,而且在这个时期潜伏者的数量仍然保持在一个较高的水平.虽然感染者的数量仍然在增长,但是增长的趋势在减缓,在2月25日以后感染者的数量达到峰值,保持在50000人左右,而且开始缓慢的下降.3月5日,感染者的数量开始快速下降,在4月5日以后疫情基本消失.这说明在没有特效药的情况下,采取的隔离措施能够在很大程度上杜绝病毒的传播,从而对疫情达到了彻底的控制.实验还将模

拟的实验数据和湖北地区每日的确诊数据进行了对比,绿色线代表湖北省卫生健康委员会官方网站公布的每日累积确诊数据,模拟数据和真实数据能够较好的拟合,也说明了模型对湖北地区疫情蔓延趋势进行预测的可靠性。

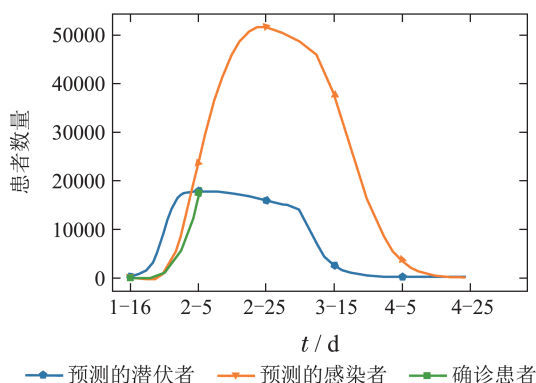


图6 湖北地区的疫情预测(真实数据截至2020年2月6日)

Fig. 6 Epidemic prediction in Hubei province (real data up to February 6, 2020)

在图7中,橙色和蓝色线分别代表COVID-19传播模型模拟的感染者和潜伏者随时间的数量变化。在2020年2月1日之前,湖北以外的中国大陆地区只有少量的感染者,但是由于来自武汉的人口流入,湖北以外的中国大陆地区的潜伏者的数量快速增加,湖北以外的中国大陆地区受到了来自湖北地区的潜伏者的输入型感染,这些患者开始将病毒传染给周围的人。但是由于人们采取了佩戴口罩、减少出行等隔离和防护措施,所以潜伏者的数量在2月1日之后并没有继续大幅增加,而是保持着一个平稳的水平,而由于潜伏者仍然具有一定的人口基数,所以感染者的数量继续大幅度增加,在2月25日达到峰值,最大感染人数在20000人左右。随后由于潜伏者数量的减低,在没有特效药的情况下,防护和隔离措施有效地降低了新增的感染人数,所以在3月5日以后感染者的数量开始快速降低,并在4月5日以后疫情基本消失。图7还将模型模拟的实验数据和真实数据进行了对比,绿色线代表湖北以外的中国大陆地区的每日累积确诊数据,模拟数据和真实数据能够较好的拟合,也说明了模型对湖北以外的中国大陆地区疫情蔓延趋势进行预测的可靠性。

4.3 防护措施对疫情发展的影响

在疾病的传播过程中,高危人群动态网络的规模大小是影响病毒蔓延速度的重要因素。通过有意识的加强个人卫生、提高防护意识、减少与他人的密切接触等防护和隔离措施能够缩小高危人群动态网络的规模,从而在很大程度上抑制疫情的蔓延,达到控制病毒传播的目的。为了验证防护措施对病毒在人群中传播的影响,本实验通过使用不同程度的隔离措施和

在不同时期采取防护措施来验证不同程度和不同时期的防护对高危人群动态网络的规模的影响。

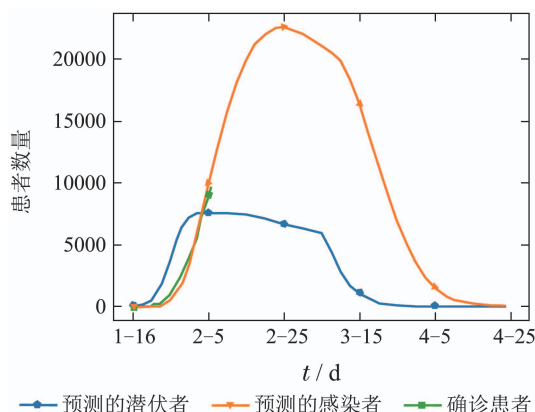


图7 湖北以外的中国大陆地区的疫情预测(真实数据截至2020年2月6日)

Fig. 7 Epidemic prediction for mainland China outside Hubei province (real data up to February 6, 2020)

N 为高危人群动态网络的节点数。图8是指在病毒的传播过程中,不同大小的断边率 ψ 对生成的高危人群动态网络规模的影响。从图8中可以看到,采取不同程度的隔离措施能够对高危人群动态网络的生成产生显著的影响,断边率 ψ 越大,生成的高危人群动态网络的规模越小。

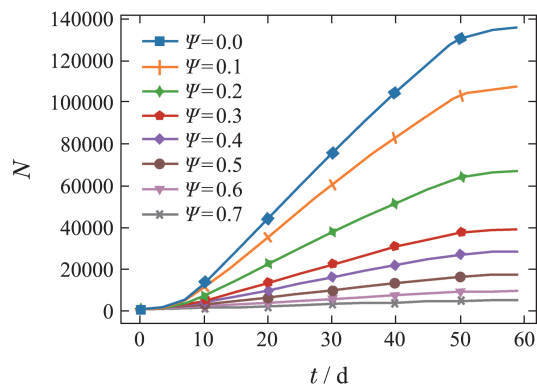


图8 不同程度的隔离措施对高危人群动态网络规模的影响

Fig. 8 The impact of different degrees of isolation measures on the size of high-risk population dynamic network

图9是指在病毒传播的过程中,分别在疫情发生后的不同时刻采取断边率 $\psi = 0.5$ 的隔离措施对生成的高危人群动态网络的规模的影响。由图9可以看出,在病毒传播的不同时期采取相同程度的隔离措施具有不同的效果,越早采取防护措施,对于高危人群动态网络规模的抑制作用就越明显。由以上实验可知,隔离措施对于疫情的防控能够产生十分明显的作用。对于当前在中国发生的新型冠状病毒感染,在没有特效药的情况下,采取的戴口罩、勤洗手、关闭商店、封锁武汉地区的交通要道和在家自我隔离等隔离和防护

措施可以有效控制高危人群动态网络的生成规模,从而抑制病毒在人群中的传播,达到控制疫情的蔓延的目的。

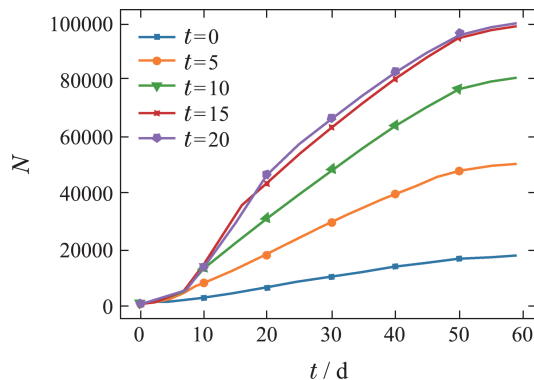


图9 不同时刻采取隔离措施对高危人群动态网络规模的影响

Fig. 9 The impact of isolation measures at different times on the size of high-risk population dynamic network

5 结论

本文根据疫情的传播特征和真实的感染数据构建了高危人群动态网络,并通过COVID-19传播模型分别模拟了COVID-19在2020年1月16日至4月25日期间在湖北地区和湖北以外的中国大陆地区的感染曲线.实验的仿真结果和已有的真实数据能够较好的拟合,反映了模型的可靠性.实验结果预测感染者的总人数将在2020年2月下旬达到最大值.湖北地区感染人数将会达到50000人左右,湖北以外的中国大陆地区感染人数将达到20000人左右.随后感染人数快速下降,疫情逐渐得到控制.实验还验证了采取防护措施的时间和采取防护措施的力度对于高危人群动态网络规模的抑制作用.此外,本文还定义了疫情生长指数,经过分析可以得知各个地区的疫情规模与疫情生长指数具有正相关性.

参考文献:

- [1] SOHRABI C, ALSAFI Z, O'NEILL N, et al. World Health Organization declares global emergency: A review of the 2019 novel coronavirus (COVID-19). *International Journal of Surgery*, 2020, 76: 71–76.
- [2] 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. *The Lancet*, 2020, 395(10225): 689–697.
- [3] LU R, ZHAO X, LI J, et al. Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding. *The Lancet*, 2020, 395(10224): 565–574.
- [4] HUANG C, WANG Y, LI X, et al. Clinical features of patients infected with 2019 novel coronavirus in Wuhan, China. *The Lancet*, 2020, 395(10223): 497–506.
- [5] YANG Y, PENG F, WANG R, et al. The deadly coronaviruses: The 2003 SARS pandemic and the 2020 novel coronavirus epidemic in China. *Journal of Autoimmunity*, 2020, DOI: 10.1016/j.jaut.2020.102434.
- [6] LIU Z, XIAO X, WEI X, et al. Composition and divergence of coronavirus spike proteins and host ACE2 receptors predict potential intermediate hosts of SARS-CoV-2. *Journal of Medical Virology*, 2020, DOI: 10.1002/jmv.25726.
- [7] LI X, ZAI J, ZHAO Q, et al. Evolutionary history, potential intermediate animal host, and cross-species analyses of SARS-CoV-2. *Journal of Medical Virology*, 2020, DOI: 10.1002/jmv.25731.
- [8] ZHAO S, ZHUANG Z, RAN J, et al. The association between domestic train transportation and novel coronavirus (2019-nCoV) outbreak in China from 2019 to 2020: A data-driven correlational report. *Travel Medicine and Infectious Disease*, 2020, DOI: 10.1016/j.tmaid.2020.101568.
- [9] CHEN X, CAI S, TANG M, et al. Controlling epidemic outbreak based on local dynamic infectiousness on complex networks. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, 2018, DOI: 10.1063/1.5053911.
- [10] ZHANG H, XIE J, TANG M, et al. Suppression of epidemic spreading in complex networks by local information based behavioral responses. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, 2014, DOI: 10.1063/1.4896333.
- [11] WU Q, CHEN S. Susceptible-infected-recovered epidemics in random networks with population awareness. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, 2017, DOI: 10.1063/1.4994893.
- [12] CHANG L, DUAN M, SUN G, et al. Cross-diffusion-induced patterns in an SIR epidemic model on complex networks. *Chaos: An Interdisciplinary Journal of Nonlinear Science*, 2020, DOI: 10.1063/1.5135069.
- [13] TANAKA G, URABE C, AIHARA K. Random and Targeted Interventions for Epidemic Control in Metapopulation Models. *Scientific Reports*, 2014, DOI: 10.1038/srep05522.
- [14] WANG W, LIU Q, ZHONG L, et al. Predicting the epidemic threshold of the susceptible-infected-recovered model. *Scientific Reports*, 2016, DOI: 10.1038/srep24676.
- [15] WANG Y, YUAN G, FAN C, et al. Disease spreading model considering the activity of individuals on complex networks. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 2019, DOI: 10.1016/j.physa.2019.121393.
- [16] CHEN X, WANG R, YANG C, et al. Hybrid resource allocation and its impact on the dynamics of disease spreading. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 2019, 513: 156–165.
- [17] PEREZ I A, TRUNFIO P A, LA ROCCA C E, et al. Controlling distant contacts to reduce disease spreading on disordered complex networks. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 2019, DOI: 10.1016/j.physa.2019.123709.
- [18] YANG J. The spreading of infectious diseases with recurrent mobility of community population. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 2020, DOI: 10.1016/j.physa.2019.123316.
- [19] NIAN F, YAO S. The epidemic spreading on the multi-relationships network. *Applied Mathematics and Computation*, 2018, 339: 866–873.
- [20] RAMOS A, SCHIMIT P. Disease spreading on populations structured by groups. *Applied Mathematics and Computation*, 2019, 353: 265–273.
- [21] XIA C, WANG Z, ZHENG C, et al. A new coupled disease-awareness spreading model with mass media on multiplex networks. *Information Sciences*, 2019, 471: 185–200.
- [22] MCVINISH R, POLLETT P K, SHAUSAN A. Limiting the spread of disease through altered migration patterns. *Journal of Theoretical Biology*, 2016, 393: 60–66.
- [23] WANG L, WU J T. Characterizing the dynamics underlying global spread of epidemics. *Nature Communications*, 2018, DOI: 10.1038/s41467-017-02344-z.

- [24] ROITBERG B. Infectious diseases of humans R. M. Anderson and R. M. May. *Mathematical Biosciences: Math Biosci*, 1993, 116(2): 249 – 250.
- [25] DONNELLY C A, GHANI A C, LEUNG G M, et al. Epidemiological determinants of spread of causal agent of severe acute respiratory syndrome in Hong Kong. *The Lancet*, 2003, 361(9371): 1761 – 1766.
- [26] EL ZOWALATY M E, JARHULT J D. From SARS to COVID-19: A previously unknown SARS-CoV-2 virus of pandemic potential infecting humans — Call for a One Health approach. *One Health*, 2020, DOI: 10.1016/j.onehlt.2020.100124.
- [27] ZHOU T, LIU Q, YANG Z, et al. Preliminary prediction of the basic reproduction number of the Wuhan novel coronavirus 2019-nCoV. *Journal of Evidence-Based Medicine*, 2020, 13(1): 3 – 7.
- [28] GUAN W, NI Z, HU Y, et al. Clinical characteristics of coronavirus disease 2019 in China. *New England Journal of Medicine*, 2020, DOI: 10.1056/NEJMoa2002032.
- [29] BACKER J, KLINKENBERG D, WALLINGA J. Incubation period of 2019 novel coronavirus (2019-nCoV) infections among trav-

ellers from Wuhan, China, 20–28 January 2020. *Euro Surveillance* — *Bulletin Européen Sur les Maladies Transmissibles / European Communicable Disease Bulletin*, 2020, DOI: 10.2807/1560-7917.ES.2020.25.5.2000062.

作者简介:

师亚勇 硕士研究生, 目前研究方向为云计算与大数据处理、网络舆情分析, E-mail: yayongshi16@163.com;

年福忠 教授, 博士生导师, 目前研究方向为复杂系统与网络上信息传播、控制与同步、网络化动态系统性能优化与控制及其在制造、建筑等领域的应用、保密通信、网络舆情分析, E-mail: gdnfz@lut.edu.cn;

刘金朔 硕士研究生, 目前研究方向为云计算与大数据处理, E-mail: caicai5426482@gmail.com;

曹 军 硕士研究生, 目前研究方向为复杂系统与网络上信息传播、控制与同步, E-mail: cjun_ambition@163.com.