

一类新 SEIRS 模型在 BA 网络上的传播行为研究

余新华, 李常菊, 黄樟灿, 马爱娜

YU Xin-hua, LI Chang-ju, HUANG Zhang-can, MA Ai-na

武汉理工大学 理学院 数学系, 武汉 430070

School of Sciences, Wuhan University of Technology, Wuhan 430070, China

E-mail: lcjlajiao@163.com

YU Xin-hua, LI Chang-ju, HUANG Zhang-can, et al. New SEIRS model's dynamic behavior in BA networks. *Computer Engineering and Applications*, 2009, 45(21): 232-234.

Abstract: A new SEIRS model is proposed: individuals who in eclipse period can not only turn into infective individual but also recover at a certain rate. First, the spread of the disease using the mean field theory is analysed and a theoretical critical threshold is solved. It indicates the outbreak or demise of the disease entirely determined by this threshold. Then from some simulations the theoretical result is right. Experimental results show that increasing the probability of nodes from eclipse period to the immune status can control the spread of disease effectively.

Key words: SEIRS model; Barabási-Albert (BA) networks; critical threshold; simulations

摘要: 提出了一类新的 SEIRS 模型: 潜伏状态节点以一定概率进入染病状态的同时, 以一定概率进入免疫状态。首先利用平均场理论对疾病的传播行为进行了理论分析, 得到了疾病传播的临界阈值, 证明了疾病的爆发与消亡完全由临界阈值确定。然后通过计算机仿真, 验证了理论结果的正确性。实验结果表明增大节点从潜伏状态向免疫状态的转化概率可有效控制疾病的传播。

关键词: SEIRS 模型; BA 无标度网络; 临界阈值; 仿真

DOI: 10.3778/j.issn.1002-8331.2009.21.067 文章编号: 1002-8331(2009)21-0232-03 文献标识码: A 中图分类号: O231.5; N945.12

1 引言

从自然界到社会, 很多真实的系统都可以用复杂网络来描述, 例如因特网、万维网、食物链、神经网络、交通以及信息系统等。一个典型的网络由节点与连接两个节点之间的边组成, 其中节点用来代表真实系统中不同的个体, 边用来表示个体间的关系, 往往是两个节点之间具有某种特定的关系则连一条边, 连边的两个节点被看作是相邻的。

在对网络展开的研究中颇为重要的工作是对网络上的动态传播进行定性和定量的研究, 这具有十分深刻的实际意义。许多现实的应用如: 病毒在计算机网路上的蔓延、传染病在社会人群中的传播、谣言在社会中的扩散等都可以看作是服从某种规律的网络传播行为。研究其传播规律, 找出控制疾病流行的有效方法是一项艰巨而具普遍科学意义的工作。目前对复杂网络传播动力学行为的研究一般借助于流行病学的方法^[1], 这种方法假设网络中的节点处于有限种离散的状态: 易感类(S), 潜伏类(E), 感染类(I)和免疫类(R), 然后采用微分方程的方法来建立传播模型, 如 SI, SIS, SIR 模型等。近年来科学家对于复杂网络上的传染病动力学行为进行了深入的研究^[2-6], 并且取得了显著的成果。文献[7]对均匀与非均匀网络中 SIS 类疾病的传播行为进行了分析^[8], 研究了复杂网络上具有感染媒介的 SIS

模型^[9]。考虑到接种免疫提出了一类带有直接免疫的 SIRS 模型, 并研究了其动力学行为。

上述工作仅考虑了节点的三种状态: 易感状态(S), 感染状态(I)和免疫状态(R)。但现实中许多疾病在传播过程中都具有潜伏期, 而且潜伏期对外具有传染性, 又因为节点自身的差异性, 处于潜伏状态(E)的节点会以一定的概率进入状态 I 或 R, 由此提出了一种新的具有潜伏期且潜伏期也具有传染性的 SEIRS 模型。考虑到网络拓扑结构的影响, 大量实证表明真实网络通常具有小世界性^[10]和无标度性^[11], 因此将该模型应用于 BA 无标度网络更具有实际意义。

2 BA 无标度网络上的 SEIRS 模型

2.1 BA 模型及基本性质

文献[12]提出的 BA 模型的算法如下:

(1) 增长性机制: 从 m_0 个节点开始, 每一时间步增加一个新节点与原有网络中的 m ($\leq m_0$) 个不同节点相连。

(2) 择优连接机制: 新节点与网络中的节点 i 相连的概率与节点 i 的度 k_i 成正比, 即 $\Pi_{i=k_i} / \sum_j k_j$, 经过长时间的演化, 网络进入标度不变状态, 度分布 $P(k) = 2m^2 k^{-3}$, $k \geq m$, 网络的平均

基金项目: 国家天元基金资助(No.10726031)。

作者简介: 余新华(1962-), 男, 讲师, 主要研究方向: 智能计算; 李常菊(1984-), 女, 在读硕士, 主要研究方向: 复杂网络; 黄樟灿(1960-), 男, 教授, 博士生导师, 主要研究方向: 智能控制与优化, 计算智能, 模式识别等; 马爱娜(1984-), 女, 在读硕士, 主要研究方向: 复杂网络。

收稿日期: 2009-03-24 修回日期: 2009-05-18

度 $\langle k \rangle = 2m$, 方差 $\langle k^2 \rangle = +\infty$, 从而 SF 网不具有特征标度。

2.2 SEIRS 模型的建立

在该文中将网络中的节点分为以下几类: 易感类(S), 潜伏类(E), 感染类(I)和免疫类(R)。对于无标度网络, 节点度呈幂率分布且扰动很大, $\langle k \rangle$ 不再是网络的特征表示, 因此必须考虑节点度的非均匀性。用带下标 k 的 $S_k(t), E_k(t), I_k(t), R_k(t)$ 分别表示度为 k 的四类节点在 t 时刻的密度。 ρ_1, ρ_2 分别表示处于潜伏状态和感染状态节点的感染率, Θ_1 表示 t 时刻一条随机边与潜伏状态的节点相连的概率 ($\Theta_1 = \sum k p(k) E_k(t) / \langle k \rangle$), Θ_2 表示 t 时刻一条随机边与感染状态的节点相连的概率 ($\Theta_2 = \sum k p(k) I_k(t) / \langle k \rangle$)。 ε, u 分别表示节点从潜伏状态转化为感染状态和免疫状态的概率, r 为节点的治愈率, 即节点从感染状态转化为免疫状态的概率。 a 为节点的直接免疫率, δ 为节点丧失免疫重新变为易感状态的概率。假设所有的参数均为正常数, 且各种状态之间的转化关系如图 1 所示:

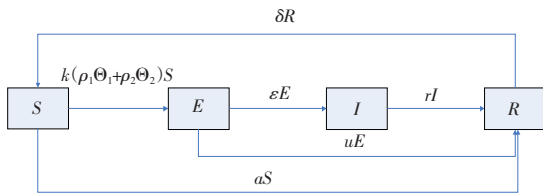


图 1 BA 无标度网络上 SEIRS 模型各状态之间的转化关系图

由平均场理论, 可得到如下方程组:

$$\begin{cases} \frac{dS_k(t)}{dt} = -k\rho_1\Theta_1 S_k(t) - k\rho_2\Theta_2 S_k(t) - aS_k(t) + \delta R_k(t) \\ \frac{dE_k(t)}{dt} = k\rho_1\Theta_1 S_k(t) + k\rho_2\Theta_2 S_k(t) - \varepsilon E_k(t) - uE_k(t) \\ \frac{dI_k(t)}{dt} = \varepsilon E_k(t) - rI_k(t) \\ \frac{dR_k(t)}{dt} = aS_k(t) + uE_k(t) + rI_k(t) - \delta R_k(t) \end{cases} \quad (1)$$

其中令 $\rho = (\rho_1\Theta_1 + \rho_2\Theta_2)$, 表示节点的感染率, 则方程(1)变形为:

$$\begin{cases} \frac{dS_k(t)}{dt} = -k\rho S_k(t) - aS_k(t) + \delta R_k(t) \\ \frac{dE_k(t)}{dt} = k\rho S_k(t) - \varepsilon E_k(t) - uE_k(t) \\ \frac{dI_k(t)}{dt} = \varepsilon E_k(t) - rI_k(t) \\ \frac{dR_k(t)}{dt} = aS_k(t) + uE_k(t) + rI_k(t) - \delta R_k(t) \end{cases} \quad (2)$$

令方程组(2)中各方程为零, 可求得:

$$S_k(t) = \frac{(u+\varepsilon)r}{\varepsilon k\rho} I_k(t)$$

$$E_k(t) = \frac{r}{\varepsilon} I_k(t)$$

$$R_k(t) = \frac{k(\rho\varepsilon r + \rho u r) + a u r + a \varepsilon r}{k\rho\varepsilon\delta} I_k(t)$$

由 $I_k(t) + E_k(t) + S_k(t) + R_k(t) = 1$, 解得上述方程的稳态解为:

$$I_k(\infty) = \frac{k\rho(\infty)\delta\varepsilon}{k(r\delta + \delta\varepsilon + r\varepsilon + ur)\rho(\infty) + ur\delta + a\varepsilon r + a u r + r\delta\varepsilon} \quad (3)$$

其中 $\rho(\infty)$ 满足自相容条件。

$$\rho(\infty) = \frac{\langle k^2 \rangle (\rho_1 r + \rho_2 \varepsilon)}{\langle k \rangle} \frac{\rho(\infty)\delta}{k(r\delta + \delta\varepsilon + r\varepsilon + ur)\rho(\infty) + ur\delta + a\varepsilon r + a u r + r\delta\varepsilon} = f(\rho(\infty)) \quad (4)$$

显然, $\rho(\infty) = 0$ 是方程(4)的一个平凡解, 另外假定 $f(\rho(\infty))$ 连续可微, 易证明它是 $\rho(\infty)$ 的严格单调递增的凸函数, 如果方程(4)存在一个非平凡解 $0 < \rho(\infty) \leq 1$, 则方程(4)必须要满足: $f'(\rho(\infty))|_{\rho(\infty)=0} > 1$

$$\text{即: } \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} (\rho_1 \frac{r}{\varepsilon} + \rho_2) (\frac{\delta\varepsilon}{ur\delta + a\varepsilon r + a u r + r\delta\varepsilon}) > 1$$

从而可得该模型的临界阈值:

$$\sigma = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} (\rho_1 \frac{r}{\varepsilon} + \rho_2) (\frac{\delta\varepsilon}{ur\delta + a\varepsilon r + a u r + r\delta\varepsilon})$$

由此得到定理 1。

定理 1 BA 无标度网络, 对于提出的 SEIRS 模型存在临界阈值 σ , 当 $\sigma < 1$ 时疾病消失, 系统稳定于无病平衡点, 当 $\sigma > 1$ 时, 疾病会大规模爆发成地方病, 系统收敛于地方病状态平衡点。

结论 1 当 $\varepsilon = 0, \rho_1 = 0, u = 0$ 时, 此时对应的模型恰好为带有直接免疫的 SIRS 的模型, 得到了与文献[10]相同的传播阈值 $\lambda_c = \rho_2 r = (1 + a/\delta) \langle k \rangle / \langle k^2 \rangle$ 。

结论 2 在生态极限下 ($N \rightarrow \infty$), 从而 $\langle k^2 \rangle \rightarrow \infty, \rho_1 \rightarrow 0, \rho_2 \rightarrow 0$, 得到了与经典流行病模型相同的结论: BA 无标度网络对应的传播阈值为零。

2.3 地方病平衡点的求解分析

对于 BA 无标度网络, 其平均度和度分布分别为:

$$\langle k \rangle = \int_m^\infty k P(k) = 2m, \quad P(k) = \frac{2m^2}{k^3} \quad (5)$$

其中 m 为网络中最小连接边数。

将式(5)代入式(4), 并对 k 积分, 可求得:

$$\rho(\infty) = \frac{r\delta\varepsilon + a\varepsilon r + a u r + ur\delta}{m(r\delta + \varepsilon\delta + r\varepsilon + ur) \left(e^{\frac{r\delta\varepsilon + a\varepsilon r + a u r + ur\delta}{(\rho_1 r + \rho_2 \varepsilon)m\delta}} - 1 \right)}$$

整个网络中染病节点的比例为:

$$I(\infty) = \sum p(k) I_k(\infty) \quad (6)$$

其中 $I_k(\infty)$ 为稳态时度为 k 的节点中感染节点占的比例。

将式(3)代入式(6)可得

$$I(\infty) = \frac{2\varepsilon[m\delta(\rho_1 r + \rho_2 \varepsilon) \left(e^{\frac{r\delta\varepsilon + a\varepsilon r + a u r + ur\delta}{(\rho_1 r + \rho_2 \varepsilon)m\delta}} - 1 \right) - (r\delta\varepsilon + a\varepsilon r + a u r + ur\delta)]}{m \left(e^{\frac{r\delta\varepsilon + a\varepsilon r + a u r + ur\delta}{(\rho_1 r + \rho_2 \varepsilon)m\delta}} - 1 \right)^2 (\rho_1 r + \rho_2 \varepsilon) (r\delta + \varepsilon\delta + r\varepsilon + ur)}$$

则 $E(\infty) = \frac{r}{\varepsilon} I(\infty)$ 。

3 数值仿真

为验证上述平均场理论分析的正确性, 下面将通过大量数值仿真研究提出的 SEIRS 模型在 BA 无标度网络上的传播特性。

以下实验仿真假定网络规模 $N = 5\ 000$, 平均度 $\langle k \rangle \approx 6$, 试验中的每个数据点是 25 次网络实现的平均结果。

仿真 1 取参数 $a = 0.1; \varepsilon = 0.45; \rho_2 = 0.01; \delta = 0.6; r = 0.7$, 考虑 $u = 0; u = 0.1; u = 0.3$ 情况下, 潜伏状态节点密度 ($E(t)$) 以及感染

状态节点密度($I(t)$)随 ρ_1 (潜伏节点的感染率)的变化而演化的过程,仿真结果分别如图2、图3所示。

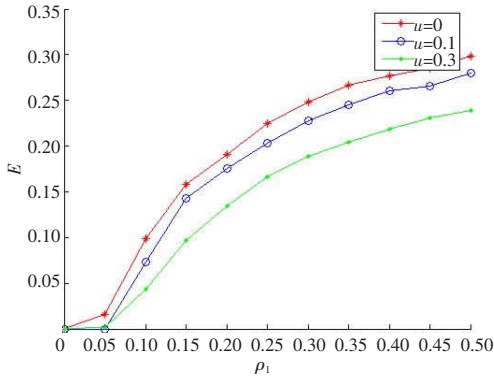


图2 E 随 ρ_1 的变化曲线

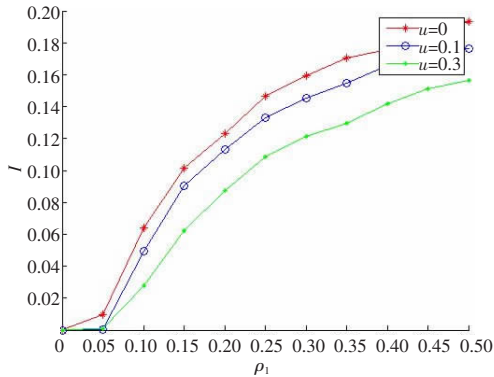


图3 I 随 ρ_1 的变化曲线

仿真2 取参数 $a=0.1; \varepsilon=0.45; \rho_1=0.01; \delta=0.6; r=0.7$, 考虑 $u=0; u=0.1; u=0.3$ 情况下,模拟了潜伏状态节点密度($E(t)$)以及感染状态节点密度($I(t)$)随 ρ_2 (染病节点的感染率)的变化,结果分别如图4、图5所示。

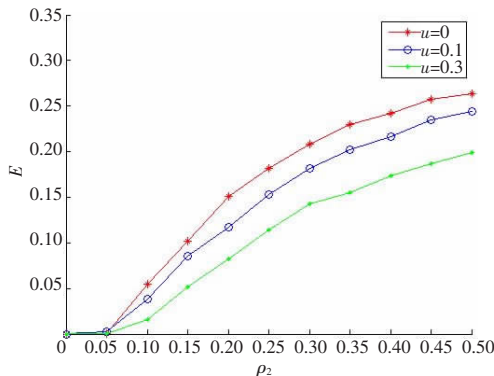


图4 E 随 ρ_2 的变化曲线

通过仿真1和仿真2可以看出,对不同的 u 值,其对应的潜伏状态节点密度 $E(t)$ 以及感染状态节点密度 $I(t)$ 曲线不同,当 u 值增大时,其密度曲线明显的要偏低,也就表明提高潜伏状态节点的免疫率,有助于疾病的控制。另外对于BA无标度网络,在生态极限下,它的 $\langle k^2 \rangle \rightarrow \infty$,所以临界阈值为零。从实验结果可以看出无标度网络上的SEIRS模型存在一个非常小的

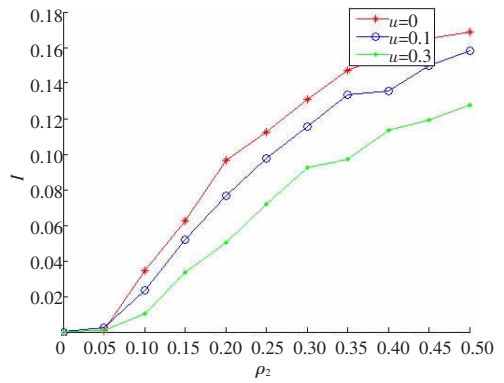


图5 I 随 ρ_2 的变化曲线

传播阈值,主要是由于网络规模的有限尺度效应造成的。

4 结束语

提出了一类新的SEIRS模型,利用平均场理论和数值仿真研究了其在BA无标度网络上的传播特性。实验结果表明当增大潜伏节点向免疫状态转化的概率时,其稳态时潜伏节点、感染节点的密度将会减小,这一实验结果与实际相吻合。因此,现实中提高对潜伏状态节点的重视,可有效地预防和控制疾病的传播。研究结果还表明标准的SEIRS模型是该文研究的特例。

参考文献:

- [1] Murray J D. Mathematical biology[M]. Berlin: Springer-Verlag, 1993.
- [2] 周涛, 杨锐, 任捷, 等. 具有相同感染能力的病毒传播模型行为分析[C]//2006全国复杂网络学术会议论文集, 2006.
- [3] 张海峰, 傅新楚. 含有免疫作用的SIR传染病模型在复杂网络上的动力学行为[C]//2006全国复杂网络学术会议论文集, 2006.
- [4] Colizza V, Vespignani A. Epidemic modeling in metapopulation systems with heterogeneous coupling pattern: Theory and simulations[J]. Journal of Theoretical Biology, 2008, 251: 450-467.
- [5] 李涛, 关治洪, 吴正平. 病毒在无标度网络上的传播及控制仿真研究[J]. 计算机应用研究, 2007, 24(12): 177-182.
- [6] Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic spreading in scale-free networks[J]. Physical Review Letters, 2001, 86(14): 3200-3203.
- [7] Xia C Y, Liu Z X, Chen Z Q, et al. Dynamic spreading behavior of homogeneous and heterogeneous networks[J]. Progress in Natural Science, 2007, 17(3): 358-365.
- [8] Shi Hongjing, Duan Zhisheng, Chen Guangrong. An SIS model with infective medium on complex networks[J]. Science Direct, 2008, 387: 2133-2144.
- [9] 夏承遗, 刘忠信, 陈增强, 等. 复杂网络上带有直接免疫的SIRS类传染模型研究[J]. 控制与决策, 2008, 23(4): 468-471.
- [10] Watts D J, Strogatz S H. Collective dynamics of small-world networks[J]. Nature, 1998.
- [11] Barabási A L, Albert R. Emergence of scaling in random networks[J]. Science, 1999.
- [12] 汪小帆, 李翔, 陈关荣. 复杂网络理论及其应用[M]. 北京: 清华大学出版社, 2006: 27-77.