

# 基于元胞自动机带有干预机制的传染病模型

关超<sup>1</sup> 彭云<sup>2</sup> 袁文燕<sup>2\*</sup>

(北京化工大学: 1. 信息科学与技术学院; 2. 理学院, 北京 100029)

**摘要:** 在经典 SEIR 模型的基础上, 提出了基于元胞自动机带有干预机制的传染病模型, 模拟了在医疗干预下传染病的传播过程。动态刻画了不同时间段疾病的爆发情况, 体现了传染病区域性传播的特性以及流动性传染的特点。不同传染病各自传播的特征如周期性传播、消退型传播、爆发等, 均能在模拟中体现出来, 符合传染病传播的规律。仿真结果表明医疗干预和疫苗等医疗措施对传染病传播起到一定的抑制作用, 量化了医疗干预的效果, 为采取合理的预防及干预手段提供了量化依据。

**关键词:** 元胞自动机; 传染病传播; 医疗干预; 疫苗

**中图分类号:** O242.1; R181.2

## 引言

传染病可对人类生命造成巨大的威胁, 如天花、霍乱等以及近年来的 SARS、禽流感、甲型 H1N1 流感、超级病毒等。传染病的预防措施有很多, 诸如对易感人群注射疫苗、对患者采取隔离措施、发放抗病毒的药品等。采取这些措施时应当考虑其对疾病传播的影响, 避免人群的交叉传染, 更应该考虑疾病爆发的规律。

用仿真方法研究疾病爆发规律的模型中, 基于元胞自动机建立的模型更为直观有效, 且易于将实际中各种因素结合起来体现在模型中。根据个体演化规则, 仿真模型能表现出传染病的各种特性, 如周期性传播等<sup>[1-4]</sup>。鉴于元胞自动机对复杂问题的建模能力, 很多学者提出了较高仿真度的算法, 并结合经典的 SIR 模型模拟特定的传染病传播演化过程<sup>[5-6]</sup>。对许多传染病来说, 疾病可以分为 3 个时期, 即潜伏期、感染期、免疫期。不同疾病这 3 个时期的特征是不同的, 因此表现出不同的爆发规律, 元胞自动机模型很好地模拟了这些规律<sup>[7-9]</sup>。传染病在传播过程中受诸多因素的影响, 人与人之间的交

流、接触、联系所形成的系统是复杂的, 采用扩展邻居的元胞自动机模型能很好地模拟这一复杂过程<sup>[10-12]</sup>。

传染病的传播受传染病各状态的持续周期、毒性参数、邻居的定义方式、医疗干预措施和疫苗接种等诸多因素的影响。本文提出了基于元胞自动机带有干预机制的传染病模型, 该模型充分考虑了这些因素对疾病传播的影响, 真实模拟了传染病的传播过程。仿真结果表明, 传染病的传播过程因各状态的持续周期不同而呈现出迥异的传播现象和疾病爆发特征, 与实际传染病爆发的情况更为贴近。

## 1 模型建立

### 1.1 SEIR 模型

根据传染病在人群中的状态, 将人的状态分为 S、E、I、R 4 种, 即易感状态 S, 潜伏状态 E, 患病状态 I 和免疫状态 R, 从染病到病愈的过程即这 4 个状态的交替变化过程如图 1 所示。

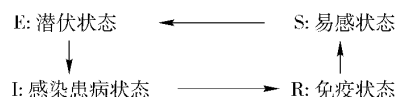


图1 传染病的 4 个交替状态

Fig. 1 Four states alternating in appearance

除易感状态外, 其他状态都有持续时间。潜伏期和染病期为人在感染病毒后的感染期。处于潜伏期的人并不表现出病状, 且不具备传染性。处于染病期的人则表现出所染病的病症并具备传染性。当染病期结束后人获得对该病的免疫力, 在免疫期间

收稿日期: 2011-04-18

基金项目: 国家自然科学基金(70801003); 中央高基本科研业务费专项资金(ZZ1133)

第一作者: 男, 1987 年生, 硕士生

\* 通讯联系人

E-mail: yuanwy68@sina.com

不会再被传染。

记元胞自动机模型中元胞的状态集合为 $\{S, E, I, R\}$ , 对应的潜伏期持续时间为 $t_{ES}$ , 患病期的持续时间为 $t_{IS}$ , 免疫期的持续时间为 $t_{RS}$ 。

## 1.2 改进的传染病传播模型

### 1.2.1 邻居集合

二维元胞自动机通常采用两种类型的邻居: 冯·诺依曼(Von Neumann)邻居和摩尔(Moore)邻居。冯·诺依曼邻居由4个位于其邻近东、西、南、北方位的元胞组成, 摩尔邻居包括位于东、西、南、北、东北、西北、东南、西南方位的8个元胞, 如图2所示。

$(i-1, j+1)$	$(i, j+1)$	$(i+1, j+1)$
$(i-1, j)$	$(i, j)$	$(i+1, j)$
$(i-1, j-1)$	$(i, j-1)$	$(i+1, j-1)$

图2 元胞 $(i, j)$ 的摩尔邻居

Fig. 2 Moore neighborhood of cell  $(i, j)$  values

实际生活中, 某一区域内人们之间的接触并不是固定的, 所接触的人数也具备泊松分布的特性, 冯·诺依曼邻居和摩尔邻居不能更真实地反映实际情况, 因此考虑引入扩展邻居<sup>[10-11]</sup>。由于病人接触的人实际可分为两种, 第一种为临近人群, 如: 舍友、家人、邻居、同事等。第二种为随机接触人群, 如熟悉的朋友、工作需要接触的顾客等, 这类邻居并非是病人的临近邻居, 但由于某种原因病人可能会接触到。

本文中的邻居与传统的邻居定义方式不同, 元胞 $C_{ij}$ 的邻居分为两个子集:  $N_{ij}^1$ 和 $N_{ij}^2$ , 其中 $N_{ij}^1$ 为以 $C_{ij}$ 为中心的摩尔邻居, 集合中有8个元胞, 代表第一类接触人群。 $N_{ij}^2$ 为随机选取的 $m$ 个不重复元胞, 代表第二类接触人群, 因此元胞 $C_{ij}$ 的邻居集合为 $N_{ij} = N_{ij}^1 + N_{ij}^2$ 。

### 1.2.2 接触传染概率

由于人与人之间的接触并不仅仅局限于自己的周围, 而且只有接触后疾病才可能传播出去, 因此研究疾病的传染首先要考虑接触的问题。基于这样的想法, 提出两条假设。

(1) 假设每个人每一时步接触人的个数是相同的。

(2) 依次为每个元胞建立接触, 接触的人数都是 $k$ , 建立接触的人能互相影响。元胞 $C_{ij}$ 接触的人就是其邻居集合 $N_{ij}$ 中选取的某个元胞 $C_{kl}$ 。

一般而言距离越远传染的几率也越小, 距离影响因子可以刻画这一实际情况。记

$$i_{C_{ij}C_{kl}} = \frac{1}{\sqrt{(i-k)^2 + (j-l)^2}} \quad (1)$$

$$\Gamma_{C_{ij}} = \sum_{C_{kl} \neq C_{ij}}^{N_{ij}} \frac{1}{\sqrt{(i-k)^2 + (j-l)^2}} \quad (2)$$

则元胞 $C_{ij}$ 与 $C_{kl}$ 的距离影响因子为

$$D_{C_{ij}C_{kl}} = \frac{i_{C_{ij}C_{kl}}}{\Gamma_{C_{ij}}} \quad (3)$$

疾病以一定的概率传播出去, 传染与接触双方的距离、传染病的致病因素等有关, 本文按式(4)计算元胞 $C_{ij}$ 与元胞 $C_{kl}$ 之间建立联系后传染的概率

$$I_{C_{ij}} = \sum_{C_{kl} \neq C_{ij}}^{N_{ij}} D_{C_{ij}C_{kl}} \times \delta_{C_{kl}} \times \psi = \sum_{C_{kl} \neq C_{ij}}^{N_{ij}} \frac{i_{C_{ij}C_{kl}}}{\Gamma_{C_{ij}}} \times \delta_{C_{kl}} \times \psi \quad (4)$$

其中 $\delta_{C_{kl}}$ 为元胞的状态值。当该元胞处于潜伏期、免疫期、或未被感染时其值为0, 若该元胞处于感染期, 则其值为1。 $\psi$ 为毒性参数,  $\psi$ 越大表明该病的传染性越强, 如果传播概率 $I_{C_{ij}}$ 等于1, 则表示接触即传染。

### 1.2.3 传染病传播模型

若在传染病传播过程中卫生部门没有采取任何的医疗干预措施, 则疾病的传播过程是完全自由的传播过程, 其传播形式如图3所示。

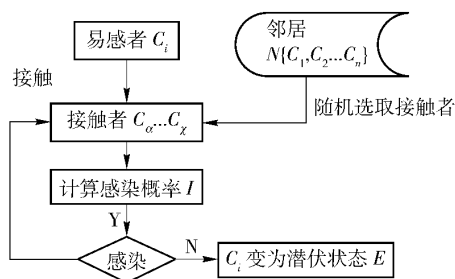


图3 自由传播过程流程图

Fig. 3 Flow chart of the free propagation model

现代疾病的传播是严格受到社会控制的, 如SARS这样的高致病性传染病之所以没有像中世纪欧洲的黑死病一样大范围传播, 是因为现代医学的进步以及对疾病预防控制机制的完善。

一般而言感染者只有在表现病状的情况下才能被确诊, 而一些传染病在潜伏期后期, 患病期初期传染性最强, 确诊又需要一定时间, 因此即使有医疗干预, 在确诊之前也存在一段时间能够传染他人。

考虑上述影响因素后, 本文提出了带有医疗干预的疾病传播模型。设医疗干预集合为 $H = \{h_1, h_2, \dots, h_m\}$ , 其中 $m$ 是指在同一时间为患者提供医

疗干预的最大人数,称为医疗容量。医疗干预集合的演化规则主要有4条。

(1) 若在某一时刻发现患者  $C_{ij}$ , 将其纳入  $H$  集合,  $H$  集合更新为  $H = \{C_{ij}, h_2, \dots, h_m\}$ 。

(2) 每一时刻结束时更新  $H$  集合中的元胞的相应参数。

①缩短患者的感染周期

$$T_{IS} = \left\lfloor \frac{(T_{IS} - t_{IS})}{C} \right\rfloor \quad (5)$$

其中  $T_{IS}$  是该疾病的感染周期,  $t_{IS}$  是已经持续的时间,  $C$  是治愈因子。

②与其建立接触的人群无法被其感染,即

$$I_{C_{ij}} = 0 \quad (6)$$

(3) 若集合  $H$  中的元胞状态由  $I$  转变为  $R$ , 则将

其从  $H$  集合中移除。

(4) 若集合  $H$  已满, 则如果继续发现感染者将不再被移入。

## 2 仿真试验

综合现在的诊断标准<sup>[13-14]</sup>, 本文进行了一系列仿真试验。设定邻居子集  $N_{ij}^2$  的个数为 12, 即除临近元胞外系统中有 12 个元胞最可能与该元胞发生接触,  $t_{ES} = 7$ ,  $t_{IS} = 8$ 。

### 2.1 医疗干预对传染病传播的影响

仿真实验的初始条件为: 毒性参数  $\psi$  为 2, 元胞空间  $100 \times 100$ , 初始染病人数为 20,  $t_{ES} = 7$ ,  $t_{IS} = 8$ ,  $t_{RS} = \infty$ , 医疗干预能力(医疗容量)为 50。传染病传播过程如图 4 所示。

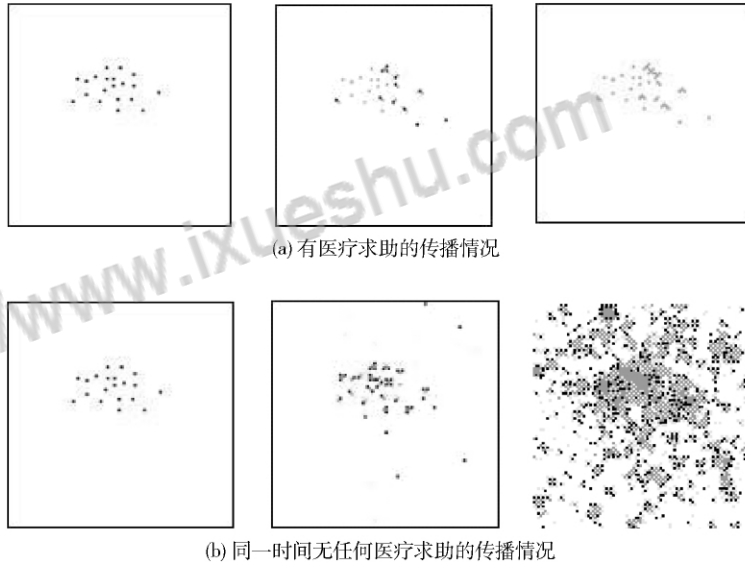


图 4 同一时间是否带有医疗救助的传染病的传播情况比较

Fig. 4 Comparison of a dynamic spread process at the same time with (a) and without (b) medical intervention

如图 4 所示, 医疗救助可有效控制疾病的传播。由于传染病的传播途径不同, 致病性也不同, 其传染性也因此有所不同, 例如 SARS 病毒, 甲型 H1N1 病毒是通过呼吸道传播的传染性极强的疾病, 而如乙型肝炎是通过血液传播的传染性相对较弱的疾病。对于传染性极强的疾病(毒性参数  $\psi = 7$ ), 医疗干预只能起到推迟爆发的作用如图 5 所示。

### 2.2 疫苗对传染病传播的影响

疫苗在现代传染病预防中起到重要作用。为了研究疫苗对传染病扩散的控制效果, 设计了一组仿真实验。实验初始状态为 20 个患者,  $t_{ES} = 7$ ,  $t_{IS} = 8$ ,

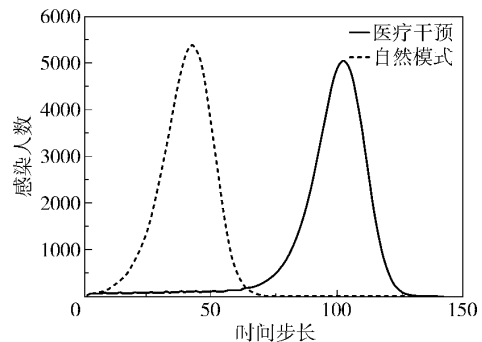


图 5 医疗干预对感染人数的影响

Fig. 5 Effect of medical intervention on infected number

$t_{RS} = \infty$ , 医疗容量为 0, 初始免疫人数为人口总数的 25%, 毒性参数  $\psi = 5$ , 疾病传播的结果见图 6。由图 6 可知, 在人群中随机选择 25% 的人注射疫苗, 疾病爆发时患者数量峰值要远远低于无防疫情况下的峰值, 且爆发时间晚于无防疫情况。

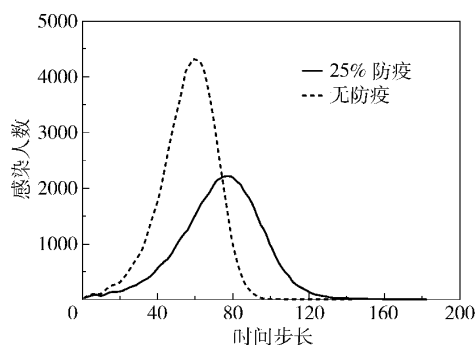


图 6 注射疫苗对感染人数的影响

Fig. 6 Effect of vaccination on infected number

如果进行有针对性的防疫, 例如只针对疫病爆发区进行防疫工作, 同样的防疫措施收到的效果更好, 可进一步推迟疾病的爆发, 如图 7 所示。当防疫人数达到总人口的 50% 时, 传染病基本上得到了控制, 且没有出现疾病大规模爆发的情况, 染病人数最大值在 100 左右。在防疫的同时辅助其他医疗干预手段, 则疾病传播的速度很慢, 且峰值相对小很多, 疾病得到很好的控制。

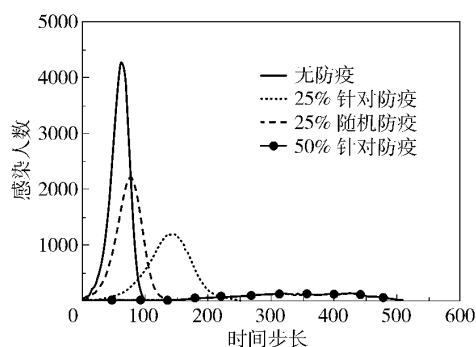


图 7 针对性防疫对感染人数的影响

Fig. 7 Effect of targeted vaccination on infected number

### 3 结论

(1) 建立了基于元胞自动机带有干预机制的传染病模型, 该模型体现了传染病传播的区域性和流动性等特点, 不同的传染病具有各自传播的特征。

(2) 仿真结果表明医疗干预能力有限或者病毒毒性较强时, 医疗干预手段只能起到推迟疾病爆发

的作用。疫苗对控制疾病的传播能起到一定的效果, 特别是针对性地为高危地区人群注射疫苗更为有效, 且当注射疫苗的人数足够时, 能避免疾病爆发。

### 参考文献:

- [1] Fuentes M A, Kuperman M N. Cellular automata and epidemiological models with spatial dependence [J]. Physica A, 1999, 267(2): 471-486.
- [2] Bauch C T. The spread of infectious diseases in spatially structured populations: An invasy pair approximation [J]. Mathematical Biosciences, 2005, 198(2): 217-237.
- [3] Willox R, Grammaticos B, Carstea A S, et al. Epidemic dynamics: discrete-time and cellular automaton models [J]. Physica A, 2003, 328(2): 13-22.
- [4] Ramani A, Carstea A S, Willox R, et al. Oscillating epidemics: a discrete-time model [J]. Physica A, 2004, 333(1): 278-292.
- [5] Satsuma J, Willox R, Ramani A, et al. Extending the SIR epidemic model [J]. Physica A, 2004, 336(3): 369-375.
- [6] Sirakoulis G Ch, Karafyllidis I, Thanailakis A. A cellular automaton model for the effects of population movement and vaccination on epidemic propagation [J]. Ecological Modelling, 2000, 133(3): 209-223.
- [7] Beauchemin C, Samuel J, Tuszynski J. A simple cellular automaton model for influenza A viral infections [J]. Journal of Theoretical Biology, 2005, 232(2): 223-234.
- [8] Rousseau G, Giorgini B, Livi R, et al. Dynamical phases in a cellular automaton model for epidemic propagation [J]. Physica D, 1997, 103(1): 554-563.
- [9] White S H, del Rey M A, Sánchez G R. Modeling epidemics using cellular automata [J]. Applied Mathematics and Computation, 2007, 186(1): 193-202.
- [10] Mikler A R, Venkatachalam S. Modeling infectious diseases using global stochastic cellular automata [J]. Journal of Biological Systems, 2005, 13(4): 421-439.
- [11] Venkatachalam S, Mikler A R. Towards computational epidemiology: Using stochastic cellular automata in modeling spread of diseases [C] // Proceedings of the Fourth Annual International Conference on Statistics, Mathematics and Related Fields, 2005: 1-16.
- [12] Guan C, Yuan W Y, Peng Y. A cellular automaton model with extended neighborhood for epidemic propagation [C] // The Fourth International Joint Conference on Com-

- putational Sciences and Optimization, Kunming. 2011: 623–627.
- [13] 唐可京, 谢灿茂. 甲型 H1N1 流感的诊治 [J]. 广东医学, 2009, 30(6): 850–851.
- Tang K J, Xie C M. Diagnosis and treatment of influenza A H1N1 influenza [J]. Guangdong Medical Journal, 2009, 30(6): 850–851. (in Chinese)
- [14] 卫生部公布甲型流感病例密切接触者判定方案 [J]. 中国社区医师, 2009, 25(11): 14–15.
- Judging formular of in close contacts of influenza cases released by Ministry of Health [J]. Chinese Community Doctors, 2009, 25(11): 14–15. (in Chinese)

## A cellular automaton model with medical intervention for epidemic propagation

GUAN Chao<sup>1</sup> PENG Yun<sup>2</sup> YUAN WenYan<sup>2</sup>

(1. College of Information Science and Technology; 2. School of Science, Beijing University of Chemical Technology, Beijing 100029, China)

**Abstract:** Based on the classical SEIR (susceptible, exposed, infections, and recovered) model, a cellular automaton (CA) model with medical intervention is proposed to simulate epidemic propagation. The model describes the outbreak of infectious diseases dynamically at different time steps. The newly constructed rules of neighborhood can not only reflect the regional characteristics of epidemic propagation, but also indicate flow characteristics. The CA model can reflect the characteristics of spread, such as periodic and fade-type transmission and the peak value of outbreak. The effects of medical intervention and vaccination strategy have been studied. The proposed model can serve as a quantitative basis for future medical intervention.

**Key words:** cellular automaton; epidemic propagation; medical intervention; vaccination



知网查重限时 7折 最高可优惠 120元

本科定稿，硕博定稿，查重结果与学校一致

立即检测

免费论文查重: <http://www.paperyy.com>

3亿免费文献下载: <http://www.ixueshu.com>

超值论文自动降重: [http://www.paperyy.com/reduce\\_repetition](http://www.paperyy.com/reduce_repetition)

PPT免费模版下载: <http://ppt.ixueshu.com>

---