

文章编号:1005-2542(2016)02-0353-11

# IDU 大规模社会网络及其 HIV 传播模拟

毕贵红<sup>a</sup>, 何晓力<sup>b</sup>, 王海瑞<sup>b</sup>

(昆明理工大学 a. 电力工程学院; b. 信息工程与自动化学院, 昆明 650500)

**【摘要】**引入复杂 Agent 网络模型建立注射吸毒(IDU)共享网络的 HIV 传播模拟模型。在传统无标度网络配置模型的基础上,通过增加邻域选择机制和三角形形成机制,提出了一种能应用于大规模病毒传播的 IDU 社会网络生成和演化算法。模型可实现指数可调幂律度分布、高聚类系数和度-度相关等社会网络特征;网络中的边可以断开、重连,网络中的节点可以退出、进入,网络具有动态特性。网络中节点 Agent 模型中包括个体的行为、病程及个体对疾病干预措施的响应机制,通过节点 Agent 和网络的协同作用,实现个体行为、个体之间共用注射器吸毒构成的社会网络和干预政策耦合演化的 HIV 传播模拟模型。对生成的网络进行了社会网络参数度量,利用云南省的数据对吸毒网络 HIV 传播干预情景进行仿真研究。

**关键词:**注射吸毒; 社会网络; 配置模型; HIV 传播

**中图分类号:**TP 391.9 **文献标志码:**A

## Simulating of IDU Large Scale Social Network and HIV Transmission

BI Guihong<sup>a</sup>, HE Xiaoli<sup>b</sup>, WANG Hairui<sup>b</sup>

(a. Faculty of Electric Power Engineering; b. Faculty of Information Engineering and Automation,  
Kunming University of Science and Technology, Kunming 650500, China)

**【Abstract】**We develop an agent-based complex network model to generate large social network of syringe sharing of Injecting Drug Users (IDU) and simulate HIV transmission on the IDU network. Using the classical configuration model, combined with mechanism for neighborhood selection and triangle formation, we propose a new generation and evolution model of IDU social network for studying the large-scale virus propagation. This model can simulate some major features of the social network, including a power law degree distribution with an adjustable exponent, high clustering coefficient and positive degree-degree correlation. The dynamics of IDU social network is supported through IDU partnership/links dissolution and reformation, and the individual/vertices entering and exiting from the network. We construct the model for simulating the coupling evolution with individual behaviors, intervention measures and IDU social networks, and the HIV transmission by realizing the interaction between agents and the network. The structural properties of IDU social network are studied numerically, and the different scenario simulations of the IDU HIV propagation under different intervention in Yunnan China are analyzed.

**Key words:** injecting drug users(IDU); social network; configuration model; HIV transmission

收稿日期:2014-04-11 修订日期:2014-08-04

基金项目:国家自然科学基金资助项目(61064010);云南省自然科学基金资助项目(2009CD028)

作者简介:毕贵红(1968-),男,教授。研究方向为社会与经济系统仿真。E-mail:km\_bgh@163.com

艾滋病 (Acquired Immune Deficiency Syndrome, AIDS) 是由于感染人类免疫缺陷病毒 (Human Immunodeficiency Virus, HIV) 而导致免疫缺陷的综合症, HIV 给人类健康和社会发展带来巨大的危害, 其传播途径主要有性接触、共享针具吸毒和母婴传播。共用注射器吸毒注射吸毒人群 IDUs (Injection Drug Users) 是中国等发展中国家导致 HIV 广泛流行的主要途径。研究该人群个体行为、个体之间共用注射器吸毒构成的社会网络和干预政策对 HIV 传播的影响具有重要意义。

基于动力学模型的数学方法和复杂系统仿真方法是研究 HIV 传播问题两类主要方法。数学方法通常采用仓室模型, 将人群分为若干类, 分别以时间和各类人群的规模为变量, 并用微分方程的形式表示它们之间的关系来研究 HIV 传播问题。May 等<sup>[1]</sup> 是此领域的开拓者, 韩丽涛等<sup>[2]</sup> 将其用来研究西昌市 IDU 人群的 HIV 传播, Zhang 等<sup>[3]</sup> 将其用来分析云南针具交换政策及其卫生财政投入绩效问题。尽管动力学模型具有简洁和便于分析的特点, 但数学模型主要研究宏观变量之间的关系, 缺乏微观个体异质性、主动性及其关系导致的系统宏观涌现关系之间的描述, 不能深刻揭示 HIV 传播系统的复杂性。元胞自动机 (Cellular Automata, CA)、Agent 和复杂网络等复杂系统建模技术成为研究 HIV 传播动力学的另一类主要方法。Dabbaghian 等<sup>[4]</sup> 利用元胞自动机模型研究注射吸毒人群中社会影响对共用针具和 HIV 传播的影响。宣慧玉等<sup>[4]</sup> 提出了具有异质性的元胞自动机 HIV 传播模型, 模型强调了主体的异质性对传播过程的影响。元胞自动机能够描述个体异质性和个体行为对 HIV 传播的影响, 但元胞自动机是二维规则网络模型, 缺乏对个体复杂社会关系网络的表现性, 也不能很好地描述个体在社会网络中边和节点的持续性等动态特征。复杂网络技术因为能够描述微观个体之间的关系及其对疾病传播的影响, 得到了越来越多的重视。Kretzschmar 等<sup>[6]</sup> 建立了一个相应的随机网络模型来研究高危行为次数、是否与陌生群体共享针具和 HIV 的检测率对 HIV 传播的影响。Lou 等<sup>[7]</sup> 通过建立吸毒人群中交往关系 (包括针具共用和性关系) 的“危险关系网络”, 研究针具共用的网络规模对 HIV 传播的影响。Sloot 等<sup>[8]</sup> 提出了一个同时考虑同性传播、异性传播和吸毒传播 3 种传播途径的通用动态复杂网络 HIV 传播模型, 其中异性和同性接触网络用无标度网络来描述, 而吸毒网络则假设满足随机网络。性接触网络度分布满足无标度网络已

经得到广泛的认同<sup>[9]</sup>, 从而有研究者认为吸毒网络也应该具有无标度网络特性, 并用于研究多传播途径 HIV 的传播趋势<sup>[10]</sup>。所以研究更接近实际共享吸毒网络是利用复杂网络研究 HIV 通过吸毒途径进行传播的难点, 乔健等<sup>[11]</sup> 最近提出的基于互信网络的艾滋病吸毒传播网络仿真模型是新的尝试。

综合国内外相关研究可以推断吸毒网络满足社会网络的主要特性。Newman 等<sup>[12]</sup> 提出社会网络具有度分布的无标度特性、高聚类特性和网络的相邻节点对的度具有同类匹配特性, 即度-度相关系数为正。Dombrowski 等<sup>[13]</sup> 对美国纽约 Bushwick 的实际调研表明, 某种程度上, 吸毒网络也符合“富者更富”的网络生成原则, 故其网络度分布也符合无标度特征。研究同时表明, 性接触网络拓扑结构表现为扩展的“树形图”, 只有少量的 (通常是较长) 回路, 而 IDU 网络与之比较有很大不同: 网络中有较短回路 (小圈子), 故聚类系数较大; 网络中存在紧密联系的“核心”人群和“边缘人群”, 网络具有度-度相关性<sup>[14-15]</sup>。故 IDU 网络在疾病传播的内部运作与动力学机制上与性接触网络应该有显著的不同。国内的调查也支持相似的观点: ① 网络具有较高的聚类系数。大多数 IDUs 有比较固定的“小圈子”, 其大小平均为 4~5 人, 圈子中的吸毒者相互合作获取和分配毒资<sup>[16]</sup>; ② 网络节点的度分布不是均匀的, 具有度-度相关倾向。西昌市共用针具吸毒的平均人数为 8 人, 其中, 最少的与 1 人共用, 最多的曾与 80 人共用注射器具<sup>[17]</sup>。小圈子中的关键人物一般有更大的社会圈子, 他们可能同时存在于多个吸毒圈子中, 形成多个“小圈子”之间的弱连接关系<sup>[16,18]</sup>; ③ IDU 网络具有动态性。IDUs“小圈子”会解体和重构。“小圈子”通常是稳定的, 自贡市个体在“小圈子”中的持续时间平均为 4.5 年。“小圈子”可能在“核心人物”死亡、入狱、迁移或原有筹资形成不再有效, 或原有毒品渠道消失等情况下解体。个别“小圈子”一般成员也会有多个“小圈子”, 加入另一个“小圈子”的情况<sup>[16]</sup>。所以, 本文认为 IDU 网络是动态社会网络, 具有幂律度分布、高聚类系数、度-度相关和动态演化等特性。在 HIV 传播社会网络构建方面, 梅珊等<sup>[19]</sup> 提出了一种基于配置模型的同性 HIV 动态无标度网络快速生成和演化算法, 但网络不具有高聚类系数和节点度-度相关性。Richardson 等<sup>[20]</sup> 研究共享注射器吸毒 HIV 传播模型, 提出了网络分层模型, 层次的连接由概率矩阵控制, 体现了度-度相关特征, 但生成的网络度分布不满足幂律分布, 并且模型中没有考虑网络的动态性。所以具有

幂律度分布、高聚类系数、度-度相关特征的 IDU 动态网络的生成和传播算法是研究 IDU 网络 HIV 传播的关键。

疾病的干预政策和措施通过对个体行为、病程和个体之间关系的改变来控制 HIV 的传播,主要的干预措施包括免费针具交换、检测和治疗。通过政府提供免费针具等措施降低共享针具行为次数可以减少 HIV 的传播<sup>[21]</sup>。王俊杰<sup>[22]</sup>对我国艾滋病 5 类高危人群传播规律进行了研究,得出提升自愿咨询检测(Voluntary Counseling and Testing, VCT)的覆盖面,可以减少 HIV 感染者。臧春鹏等<sup>[23]</sup>提出对 HIV 感染者进行抗病毒治疗短时间内可减少艾滋病新发个体。Granich<sup>[24]</sup>提出一种“检测即治疗”的数学模型,认为如果所有人都自愿进行检测,当检测发现感染 HIV 后立刻开始治疗,则 AIDS 将会被消灭。所以 HIV 传播网络中的节点应该具有自主行为及其对干预政策的响应机制,基于 Agent 的微观建模方法可以用来对节点模型进行扩展使其具有自主性。

综上所述,本文引入复杂 Agent 网络模型来研究吸毒 HIV 传播模型,提出一种基于配置模型能满足幂律度分布、高聚类系数和度-度相关特征的 IDU 动态网络生成和演化算法,同时,网络节点 Agent 模型中包括个体行为及个体对疾病控制干预措施的响应机制,通过节点 Agent 和网络的协同作用,实现个体行为、个体之间共用注射器吸毒构成的社会网络和干预政策耦合演化的传播模拟模型,并进行仿真研究。

## 1 IDU 社会网络生成算法

### 1.1 社会网络属性度量

社会网络属性度量一般包含度分布、聚类系数和度-度相关系数等参数。度分布是指网络中所有节点度的大小的分布。聚类系数是描述网络中节点间是否存在闭环关系,即节点和邻居节点的互连程度。度-度相关系数反映网络中节点同类匹配特性,当度-度相关系数大于 0 时,就称网络节点度具有同类匹配的特征;当度-度相关系数小于 0 时,就称网络节点度是异类匹配;当度-度相关系数等于 0 时,就称网络节点度不相关。Newman 等<sup>[12]</sup>利用边两端节点的度 Pearson 相关系数来描述网络的度-度相关性,具体定义为

$$r = \frac{M^{-1} \sum_i j_i k_i - \left[ M^{-1} \sum_i \frac{1}{2} (j_i + k_i) \right]^2}{M^{-1} \sum_i \frac{1}{2} (j_i^2 + k_i^2) - \left[ M^{-1} \sum_i \frac{1}{2} (j_i + k_i) \right]^2} \quad (1)$$

式中:  $M$  为网络中的总连接数;  $j_i$  和  $k_i$  分别为第  $i$  条边连接的 2 个端点的度,  $i = 1, 2, \dots, M$ 。

### 1.2 无标度网络的生成模型

吸毒网络满足社会网络的主要特性为幂律度分布、高聚类特性和相邻节点对的度具有同类匹配特性。生成无标度网络的算法有基于优先连接机制的动态演化模型和基于配置机制的静态生成模型。BA 模型<sup>[25]</sup>也称为优先连接模型,是一种动态演化模型。该模型认为节点的度越高,越容易建立新的连接边,即“富者更富”。标准的 BA 模型网络生成算法用来描述病毒传播时存在每次新生成网络无法保留之前的伙伴关系信息等缺点<sup>[26]</sup>,所以 BA 模型不能直接用于大规模病毒传播模拟,而且 BA 网络也不满足社会网络高聚类系数和度-度相关等特点。许多研究者在 BA 模型的基础上,通过改变网络增长过程的行为规则来实现指数可调的无标度网络模型<sup>[27-28]</sup>。另一些学者研究了调高 BA 模型聚类系数的方法,如断边重连法<sup>[29]</sup>和三角形形成法<sup>[30]</sup>,前者是在网络结构已构造好后通过改变节点的伙伴关系来调节聚类系数,后者则在网络生长过程中控制第 3 个节点与前 2 个节点一起形成三角形的概率来达到改变聚类系数的目的。Toivonen 等<sup>[31]</sup>则在动态增长模型通过增加随机连接和邻域连接 2 个步骤,可以获得具有无标度网络、高聚类系数和度-度相关特征的社会网络。但这些模型仍以动态生长模型为基础,用于大规模病毒传播问题时仍具有 BA 模型中的问题,而且也很难同时做到无标度网络参数可调、高聚类系数和度-度相关等特点。为了克服动态生长模型的缺点,文献<sup>[26]</sup>中设计了一个基于配置模型的 HIV 传播的静态同性无标度网络生成算法,该算法能够生成满足如下要求的病毒社会网络:

- (1) 算法可生成指数可调的无标度网络。
- (2) 采用的算法在网络生成过程中能自动避免出现 Britton 等<sup>[32]</sup>提出的 2 个问题: ① 度总和为奇数; ② 网络非简单无向图。
- (3) 在每个时间单位,仅从群体中移除病程发展状态为死亡的个体以及根据在人口统计学意义上流出疫区的个体,同时能够保留个体的状态信息不缺失。
- (4) 边的构造能够满足病毒传播过程中个体之间交互形成的局部判定条件,同时赋予边与交互关系相关的属性值。

最早的配置模型由 Bender 等<sup>[33]</sup>提出。配置模型根据给定的度序列生成网络,它是一种扩展的随机网络生成模型且应用范围广。度序列是指  $N$  个

整数值任意序列,表示为  $D = \{k_1, k_2, \dots, k_N\}$ , 同时,  $\sum_i^N k_i = 2K$ ,  $N$  为网络中所有节点的数量,  $K$  为网络中所具有的边数。在该模型中,  $D$  的设定方式为,当  $N$  非常大时,网络中度为  $k$  的节点比例与设定的度分布  $p_k$  非常接近。将具有一个给定的度序列  $D$  和具有  $N$  个节点的所有可能形成的网络总和记为  $G_{N,D}^{\text{conf}}$ , 而每个网络生成的可能性均相同。配置模型主要原理<sup>[26]</sup>: 首先使网络中的节点服从一个给定度分布的序列(指网络中表示  $V_i$  个节点的度的一组值),这样便可将该度值看作是节点  $V_i$  具有  $k_i$  个桩。然后,在每个仿真时间步中随机选择 1 对桩生成网络中的 1 条边,而每个节点与另一节点随机生成 1 条边的可能性与  $Kp_k$  成正比。利用这种配置模型的方法可以生成各种可能生成的拓扑网络<sup>[34]</sup>, 每种配置可以生成  $\Pi_i(k_i!)$  种网络,其中  $k_i!$  表示节点  $V_i$  的  $k_i$  个不同桩的排列数。

### 1.3 IDU 社会网络生成的配置模型

本文在文献<sup>[19]</sup>中性配置模型的基础上,吸收邻域选择法<sup>[31]</sup>和三角形形成法<sup>[30]</sup>的思想,给出一种指数可调幂律度分布、高聚类特性和度-度相关特征的 IDU 社会网络模型。首先,利用度分布给每个节点预分配度,并给出按节点度大小顺序排列的节点度序列,为下一步每个节点可连接的节点数作了限制,以便度分布符合幂律分布,同时为接下来度-度相关的生成给出按顺序排列的节点度序列。其次,在生成网络时利用“邻域选择机制”从度序列中选择度相近的节点进行连接以保证网络度-度相关,利用“三角形形成机制”来获得高聚类系数。最后,给已生成的网络的边赋予持续时间,持续时间结束则断开连接,断开连接后的 2 个节点返回度序列中,相应的预分配的节点数加 1,死亡后的节点断开所有连接,用易感个体取代死亡个体,并继承死亡节点的预分配节点数后返回度序列中,对度序列节点中所剩的节点重新根据第 2 步进行连接,周而复始,形成网络的动态演化。

Dombrowski 等<sup>[13]</sup>的研究证明,静脉注射吸毒 HIV 传播网络具有无标度网络特性,节点度服从幂律分布,即

$$p_k = \begin{cases} Ck^{-\lambda}, & k \in [1, k_{\max}] \\ p_0, & k = 0 \end{cases} \quad (2)$$

式中,  $p_k$  表示度为  $k$  的概率,  $\lambda \geq 2$ 。

静脉注射吸毒 HIV 传播社会网络生成算法原理:

(1) 初始化网络参数。确定网络规模  $N$ , 并给

每个节点按顺序编号,编号从  $1 \sim N$ , 给出幂律分布指数  $\lambda$ , 节点度为 0 的概率  $p_0$ , 网络中节点最大度  $k_{\max}$ , 网络中吸毒人群中共用针具吸毒比率  $p_{\text{IDU}}$ , 并标记网络中共用针具吸毒人群。

(2) 确定网络度分布。根据  $\sum_{k=0}^{k_{\max}} p_k = 1$ , 得到  $C(\sum_{k=1}^{k_{\max}} k^{-\lambda}) = 1 - p_0$ , 计算出无标度网络系数  $C$ 。将  $C$  值代入式(2), 分别计算出网络度分布  $p_k$ 。

(3) 预分配节点度。网络中度为  $k$  的节点个数  $N_k = N \times p_k$ , 其中  $k \in [0, k_{\max}]$ , 分别按编号顺序选取网络中  $N_k$  个节点, 预分配节点度为  $k$ , 得到节点度序列  $\text{degree} = \{k_1, k_2, \dots, k_N\}$ 。将节点按照度大小进行排序, 并将节点顺序编号, 得

$$\text{nodes} = \left\{ \underbrace{V_1, \dots, V_{N_0}}_{N_0}, \underbrace{V_{N_0+1}, \dots, V_{N_0+N_1}}_{N_1}, \dots, \underbrace{V_{\sum_{j=0}^{i-1} N_j+1}, \dots, V_{\sum_{j=0}^i N_j}}_{N_i}, \dots, \underbrace{V_{N-N_{k_{\max}}+1}, \dots, V_N}_{N_{k_{\max}}} \right\} \quad (3)$$

式中, 节点度  $k=i$  的点有  $N_i$  个, 节点的下标为节点的编号, 相邻编号节点的度相差不大于 1, 并初始化每个节点实际的度  $\text{real\_}k = 0$ 。

(4) 生成网络。

① 邻域选择机制。在网络中随机选取一个点  $V_i$ , 如果节点  $V_i$  预分配度  $k > 2$ , 则在节点  $V_i$  的邻域内选取一个不同节点  $V_j$ , 即编号  $|j-i| \leq 2$ , 同时  $|j-i| \neq 0$ , 且节点  $V_j$  实际的度  $\text{real\_}k$  小于节点  $V_j$  预分配的度  $k$ 。如果节点  $V_i$  预分配度  $k \leq 2$ , 则在网络中随机选取一个不同节点  $V_j$ 。如果  $V_i$  和  $V_j$  之间无边, 则建立一条边  $E_{ij}$ , 并将  $V_i$  和  $V_j$  的  $\text{real\_}k$  加 1。

② 三角形形成机制。判断  $V_i$ 、 $V_j$  中是否都满足  $k - \text{real\_}k \geq 1$ , 如果是, 则在  $V_i$  或  $V_j$  的邻域内找一个编号不同于  $i$ 、 $j$  的点  $V_m$ , 即  $|m-i| \leq 2$ , 同时  $|m-i| \neq 0$ , 或  $|m-j| \leq 2$ , 同时  $|m-j| \neq 0$ , 并且在  $V_m$  中  $k - \text{real\_}k \geq 2$ 。如果  $V_m$  与节点  $V_i$ 、 $V_j$  有不存在边的情况, 则建立边, 并将边的 2 个端点的  $\text{real\_}k$  加 1。

③ 成功生成网络的判据。重复上述步骤, 直到不能生成边为止。理论上网络中可以生成的总边数为  $K = \sum_{i=1}^N k_i$ , 但实际上很难达到, 因此, 在实际

生成的网络中,当网络中剩余边数  $\sum_{i=1}^{i=N} (k_i - \text{real\_}k) < 0.02K$  时,则认为网络生成成功;否则,生成失败,需要重新生成网络。

(5) 网络边的持续时间的确定和动态演化。网络不是一成不变的,网络中生成的边要赋予持续时间,持续时间结束,需要断开后重新连接,然后再次赋予持续时间。网络中边的持续时间平均为 4.5 年<sup>[16]</sup>,设持续时间服从二项分布,即  $TT \sim B(30, 0.15)$ 。网络中的边随持续时间的结束进行断开和重连,当边的生存时间超过边的持续时间时,则断开网络中的边,将断开边的 2 个端点的实际度  $\text{real\_}k$  减 1,对应的与分配度序列中的度加 1,并将这 2 个节点返回度序列(3)中,重复对网络中所有边进行相同的判断与操作,结束后,重新按照步骤(4)生成网络中的边,按照步骤(5)赋予网络边持续时间和动态演化。

## 2 HIV 传播网络节点 Agent 模型

### 2.1 Agent 节点行为与病程模型

Agent 模型描述了个体高危行为感染 HIV 和行为干预、病程发展和干预措施,以及 Agent 与网络之间的连接关系,如图 1 所示。

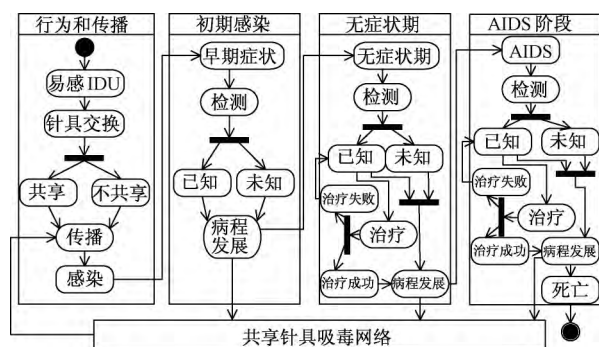


图 1 个体关系行为与病程状态关系图

为了简便,假设已感染个体立即具有感染性,也即个体一旦被感染就可向其他个体传播,而且限于目前医疗水平,感染 HIV 后不能康复。所以,利用易感-感染(SI)模型对 HIV 传播进行建模,同时对已感染个体的病程状态进行扩展,人群包括易感和感染两类。假定易感人群中的 HIV 感染者均是通过共用针具感染的,从高危行为上分类,可将静脉注射吸毒 Agent 分为共用针具吸毒类 Agent 和不共用针具吸毒类 Agent 两类。共用针具吸毒的易感个体(S)以一定概率通过高危行为感染上 HIV 后,就从易感个体变成已感染个体(I)。同时,对已感染个体扩展了病程的状态,个体感染 HIV 后,病程的

发展分为 3 个阶段:初期感染阶段( $T_1$  约 12 周)、无症状阶段( $T_2$  为 8~10 年)和 AIDS 阶段( $T_3$  为 1~2 年),由于个体感染 HIV 后目前不能康复,AIDS 病人最终会死亡<sup>[9,26]</sup>,模型中死亡个体用健康个体取代。不同感染期传播的概率也不同,分别记为  $TP_1$ 、 $TP_2$  和  $TP_3$ ,感染初期传播概率最大,AIDS 时期次之,无症状期最低,但由于 AIDS 时期个体病症已经表现,个体行为机会受到限制,一般在 AIDS 时期个体共用针具吸毒行为机会很少,故模型中假定个体在 AIDS 时期 HIV 不传播,即  $TP_3 = 0$ 。

IDU 网络中 HIV 的传播主要与 IDU 网络结构、个体行为、个体病程和干预措施相互作用相关,干预措施主要包括清洁针具、免费针具交换、检测和治疗。个体吸毒行为和方式决定了该个体是否被传染和传染的可能性。个体是否被其他个体传染需要判断个体是否是共享针具吸毒者,每个个体具有  $s$  的概率为共享 IDU,  $1-s$  为不共享 IDU,不共享 IDU 不会被传染 HIV。如果是共享吸毒者,则共享 IDU 每次具有  $f$  的概率采用清洁针具交换,  $1-f$  的概率不采用针具交换,采用针具交换时 IDU 不会被传染 HIV;不采用针具交换的 IDU 个体每次注射吸毒共享针具的概率为  $sp$ ,不共享针具的概率为  $1-sp$ ,不共享针具的 IDU 该次不会被传染 HIV。另外,IDU 网络中的共享针具吸毒个体具有  $cp$  的概率在清洁针具后共享吸毒,  $1-cp$  的概率不经过清洁而共享针具吸毒,清洁针具减少针具上携带病毒量的效率为  $ep$ ,从而 HIV 单次传播概率减小为原来的  $(1-ep)$  倍。

共用针具的易感个体通过高危行为以一定概率感染 HIV,进入初期感染阶段,在不接受外界干预的情况下,感染个体会随时间演化进入到无症状期和 AIDS 时期,最后死亡,且其行为和每个阶段的传染概率不会改变。模型设定被检测已知感染 HIV 的个体会减少共用针具吸毒的次数(减少率为  $dp$ ),从而减少 HIV 的传播;被检测感染 HIV 的个体以一定的概率接受治疗,治疗的个体体内的  $CD_4$  细胞数减少,从而减小传染率,但接受治疗的个体寿命会延长,病原体在网络中存在的时间变长,增加了 HIV 传播的复杂性。由于感染初期的时间较短,假设感染初期不能及时进行治疗。接受治疗的个体每年以一定的概率停止治疗,在无症状期治疗成功的个体其寿命延长时间  $t \sim U(20, 27)$ <sup>[35]</sup>( $t$  服从 20~27 年的均匀分布),ADIS 时期治疗成功的个体其寿命延长时间  $t \sim U(20, 27)$ <sup>[35]</sup>,由于药物副作用及其他因素,治疗失败的个体寿命延长时间  $t \sim U(1,$

5)<sup>[35]</sup>。接受治疗的个体会减小每个时期 HIV 传播的概率,但由于治疗会有一定的负面效果,故会有一部分人不愿意继续治疗,从而停止治疗,接受治疗的个体其生命会有所延长。

## 2.2 Agent 节点网络传播模型

当感染个体与易感个体发生高危行为时,疾病就以一定的概率在个体之间进行传播。个体通过共享吸毒途径感染 HIV,其传播的概率与当前相关个体的感染情况、伙伴间的连接关系、个体的共享行为方式(是否清洁针具、是否采用免费针具交换)、每个仿真时间(年)的共享吸毒次数、个体病情是否知情和是否接受治疗等因素有关,如图 2 所示。

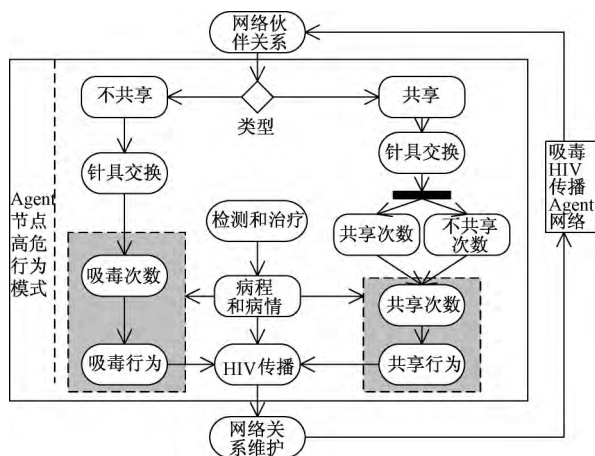


图 2 Agent 节点网络传播模型

IDU 网络中的 2 个节点  $V_i$  和  $V_j$  之间假设由一条边  $E_{ij}$  连接,  $V_i$  被  $V_j$  节点传染的概率与个体的行为、病程和干预措施等有关(见图 2)。如果  $V_i$  和  $V_j$  个体中至少有一个的行为类型为不共享针具吸毒,则  $V_i$  被  $V_j$  个体感染的概率为 0;否则,通过共享吸毒  $V_i$  被  $V_j$  个体在单位仿真时间(年)感染 HIV 的概率为

$$p_{ij}^{nc} = \begin{cases} 0, & (V_i \wedge V_j) \text{ 为易感状态或} \\ & (V_i \wedge V_j) \text{ 为感染状态} \\ 1 - [1 - (T_1 \cdot TP_1 + (1 - T_1)TP_2)]^{(1-dp)n_{i,j}^{EC}}, & V_j \text{ 为感染状态,且为 PI 阶段,} \\ & V_i \text{ 为易感状态} \\ 1 - [1 - TP_2]^{(1-dp)n_{i,j}^{EC}}, & V_j \text{ 为感染状态,} \\ & \text{且为 PA 阶段,} V_i \text{ 为易感状态} \end{cases} \quad (4)$$

共享针具时的感染概率还受针具清洁和治疗效果影响的修正:

(1) 如果  $V_i$  和  $V_j$  个体未被感染,则  $V_i$  被  $V_j$  个体感染的年感染 HIV 的概率为  $p_{ij}^{nc} = 0$ ;如果  $V_i$  和  $V_j$  2 个节点均已被感染,则  $V_i$  被  $V_j$  个体感染的年

感染 HIV 的概率为  $p_{ij}^{nc} = 0$ 。

(2) 如果  $V_i$  和  $V_j$  之间共享注射吸毒,  $V_j$  为已感染个体,  $V_i$  为未感染个体,则  $V_i$  被  $V_j$  感染的概率与两者之间年实际发生共享吸毒次数  $n_{i,j}^{EC}$  相关,  $n_{i,j}^{EC}$  通过以下步骤获得:

① 假设网络中节点的年均注射吸毒次数  $n_i (i=1,2,\dots,N)$  服从均匀分布,则  $V_i$  的年共享吸毒次数为  $n_i^{EC} = n_i sp(1-f)$ , 其中,  $n_i$  为  $V_i$  的年吸毒次数,  $sp$  为  $V_i$  每次共享针具吸毒概率,  $f$  为每次针具吸毒采用针具交换概率。

② 当网络中与  $V_i$  连接的节点中有多个共享吸毒者时,  $V_i$  和  $V_j$  间共享吸毒次数通过将  $n_i^{EC}$  在网络中与其相连的其他共享吸毒者之间进行分配,分配原则:  $V_i$  分配给  $V_j$  共用针具吸毒的共享次数  $n_i^{EC}$  与  $V_j$  的度占有所有与  $V_i$  连接的共享吸毒邻居节点度的总和成正比,  $n_{i,j}^{EC}$  即  $V_i$  与  $V_j$  共享吸毒的次数。

③ 如果已感染个体  $V_j$  病情通过检测已知,则由于已知感染 HIV 的个体具有一定的倾向减少共享次数,故实际共享次数还需经过行为改变率的修正。由  $dp$  表示检测病情已知个体减少共用针具吸毒次数的概率,  $nc$  表示实际发生的共享吸毒次数,故  $nc = (1-dp)n_{i,j}^{EC}$ 。

(3) 如果  $V_i$  个体未被感染,而  $V_j$  个体被被感染,而且  $V_j$  是被感染的第 1 年,则  $V_i$  第 1 年被感染的概率为

$$p_{ij}^{nc} = 1 - [1 - (T_1 \cdot TP_1 + (1 - T_1)TP_2)]^{(1-dp)n_{i,j}^{EC}}$$

$T_1$  表示  $V_j$  初期感染阶段(PI)的持续时间,由于仿真步的时间以年为单位,而  $T_1$  最长只有 3 个月 0.25 年,1 年内其他时间  $1 - T_1$  为 0.75 年,则  $V_j$  第 1 年感染  $V_i$  的行为可能发生在  $T_1$  时间的初期阶段,则每次共用针具感染 HIV 的概率为  $TP_1$ ,如果感染行为发生在  $1 - T_1$  时间,则  $V_j$  感染的阶段为无症状时期(PA),这时每次共用针具感染 HIV 概率为  $TP_2$ ;所以,就某一次共用针具的行为而言,该次行为可能发生在 PI 阶段的概率为  $T_1$ ,发生在 PA 阶段的概率为  $1 - T_1$ ,平均每次传染 HIV 的概率可设为两者的时间加权平均,即  $T_1 \cdot TP_1 + (1 - T_1)TP_2$ 。其中,  $nc = (1-dp)n_{i,j}^{EC}$  是指单位时间(年)内未感染个体与感染个体间共用针具次数。

(4) 如果  $V_i$  个体未被感染,而  $V_j$  个体被感染,而且  $V_j$  处在被感染的第 1 年之后的无症状期(PA)阶段,则  $V_i$  被  $V_j$  个体在单位仿真时间(年)感染 HIV 的概率为  $p_{ij}^{nc} = 1 - [1 - TP_2]^{(1-dp)n_{i,j}^{EC}}$ , 其中

$TP_2$  为  $V_j$  在  $PA$  阶段单次传染概率。

(5) 如果  $V_i$  个体未被感染,而  $V_j$  个体被被感染,而且  $V_j$  处在感染的艾滋病阶段(AIDS),则  $V_i$  被  $V_j$  个体在单位仿真时间(年)感染 HIV 的概率为  $p_{ij}^{nc} = 0$ , 因为  $TP_3 = 0$  为  $V_j$  在 AIDS 阶段单次传染概率。

(6) 共享针具时的感染概率还受进行针具清洁和治疗措施的影响,需要对式(4)进行修正。如果  $cp$  表示共享针具吸毒时清洁针具的概率,  $ep$  表示清洁针具有效率,则  $V_i$  节点修改后的单位仿真时间(年)感染 HIV 的概率为

$$p_{ij} = [cp(1 - ep) + (1 - cp)]p_{ij}^{nc}$$

如果感染 HIV 的个体还接受治疗,则  $V_i$  节点修改后的单位仿真时间(年)感染 HIV 的概率为  $p_{ij}^T = 0.2p_{ij}$ 。

### 3 IDU 动态网络 HIV 传播模拟流程

复杂 Agent 网络 HIV 传播模型结合了复杂网络和微观 Agent 模型各自优点,可以同时描述 IDU 网络、个体行为和疾病干预措施共同作用下的 HIV 传播机理。图 3 给出了复杂 Agent 网络 HIV 传播模型的模拟程序体系结构。

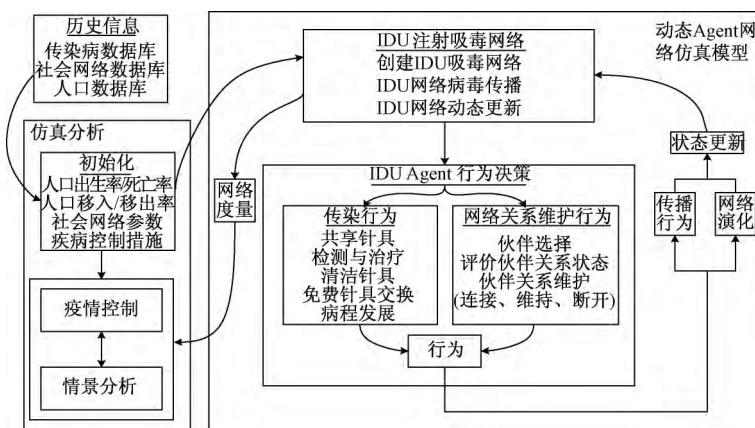


图3 IDU 网络中 HIV 传播复杂 Agent 网络模拟流程体系结构

结合图 3 给出 IDU 网络动态网络 HIV 传播模拟流程:

(1) 根据 1.3 中的配置模型步骤生成 HIV 传播 IDU 社会网络。

(2) 根据初始感染率选定初始感染个体,设定感染个体的状态,确定感染个体各个时期的持续时间,以年作为仿真周期,设定仿真步长  $T = 33$ , 当前仿真时间  $T = 1$ 。

(3) 节点和网络边持续时间的初始化。网络中边的持续时间平均为 4.5 年<sup>[16]</sup>,设持续时间服从二项分布,即  $TT \sim B(30, 0.15)$ 。网络中的节点根据 IDU 共享针具吸毒者的概率,设定该节点是否为共享针具吸毒者,非共享针具吸毒者只影响共享吸毒者共享吸毒次数的分配,不会直接传播 HIV。

(4) 考虑共享针具吸毒者每次共享和针具交换的概率、清洁针具、检测和治疗等干预措施的影响,利用 2.2 节中的结点传播模型公式计算并确定各个结点是否被感染,根据传播结果和政策干预结果修改感染个体的病程等状态参数和行为参数。

(5) 网络节点、边的动态演化。依次对网络中所有节点的生存时间进行统计,对于超过生存

时间的节点,利用类型相同的新的易感个体代替死亡个体,保持网络节点数不变,新的个体继承死亡节点的预分配节点数后返回预分配度序列中。依次对网络中所有边的持续时间进行统计,并判断每条边的存在时间是否超过了边的维持时间,如果有,则断开网络中的边,断开连接后的 2 个节点返回预分配度序列中,相应的预分配节点数加 1,而实际分配节点数减 1,对于预分配度序列中剩余节点利用 1.3 中的(4)进行网络生成和更新。

(6) 对 IDU 社会网络参数进行计算和度量,更新各类人群数,统计感染人数。

(7)  $t = t + 1$ , 如果  $t < T$ , 则返回(4);否则,停止仿真。

### 4 IDU 网络 HIV 传播仿真分析

#### 4.1 IDU 动态网络的 HIV 传播仿真参数

NetLogo<sup>[36]</sup>是一个可编程的、能够模拟自然界与社会领域各类复杂对象行为演化规律的建模仿真平台。利用 NetLogo 对 IDU 网络中 HIV 传播进行仿真,仿真模型中所使用的数据如表 1 所示。

表 1 网络仿真参数取值

类型	参数及其含义	取值或范围	文献
网络参数	网络总人数, $N$	40 000	自定
	幂律分布指数, $\lambda$	1. 80	[13]
	节点度为 0 的概率, $p_0$	0. 01	自定
	网络节点最大度, $k_{\max}$	30	自定
	连接关系维持时间, $TT$	$B(30, 0. 15)$	[16]
HIV 病程维持时间	初期感染维持时间, $T_1$	$\text{normal}(0. 25, 0. 05)$	[42]
	无症状期维持时间, $T_2$	$\text{normal}(9, 0. 5)$	[43-44]
	AIDS 阶段维持时间, $T_3$	$\text{normal}(1. 5, 0. 3)$	[44]
IDU 中 HIV 传播参数	初始感染人数比, $PI$	6%	[37]
	IDU 个体年均吸毒次数, $n_i$	$U(300, 800)$	[3]
	IDU 人群共享概率, $S$	$U(40\%, 90\%)$	[3]
	每次共享针具吸毒概率, $sp$	30%	[3]
	一次共用针具吸毒感染初期传播概率, $TP_1$	0. 014	[41]
	一次共用针具吸毒无症状期传播概率, $TP_2$	0. 007	[41]
	AIDS 阶段传播概率, $TP_3$	0	[19]
干预措施参数	每年接受检测个体比例, $tp$	15%, 20%	[45-46]
	检测已知病情的个体减少共享吸毒次数率, $dp$	50%	[6]
	免费针具交换比例, $f$	$U(5\%, 25\%)$	[3]
	针具清洁比例, $cp$	$U(20\%, 40\%)$	[3]
	清洁针具效率, $ep$	$U(70\%, 80\%)$	[3]

4. 2 网络参数度量

根据表 1 中的网络参数利用提出算法生成网络,如图 4(b)所示,作为比较,图 4(a)是 BA 模型产生的网络,图 4(c)是 Dombrowski 等<sup>[13]</sup>对 Bushwick 地区 IDU 人群调研得出的网络图,显然,4(b)的网络拓扑结构更接近实际,用图 4(b)中的网络来研究 HIV 传播,应该比直接使用 BA 网络更能体现出 IDU 网络特性。根据网络节点度分布服从幂律分布,在式(1)两边求对数,得出度分布理论值  $\lg p(k) = -\lambda \lg(k) + \lg C$ , 是一条以  $-\lambda$  为斜率,

$\lg C$  是在  $Y$  轴截距的直线。在仿真生成的网络中对每个节点度进行统计,得出节点度分布测量值,如图 5 所示。由图可见,网络度分布的测量值依然服从幂律分布,度分布曲线很接近幂律分布函数的理论值,在较小范围内波动,但仍然基本保持原有的分布状态。通过多次仿真计算生成的网络聚类系数平均为 0. 34,度-度相关系数为 0. 21,符合大多数社会网络的参数特征,它具有无标度网络、高聚类系数和度-度相关特点。

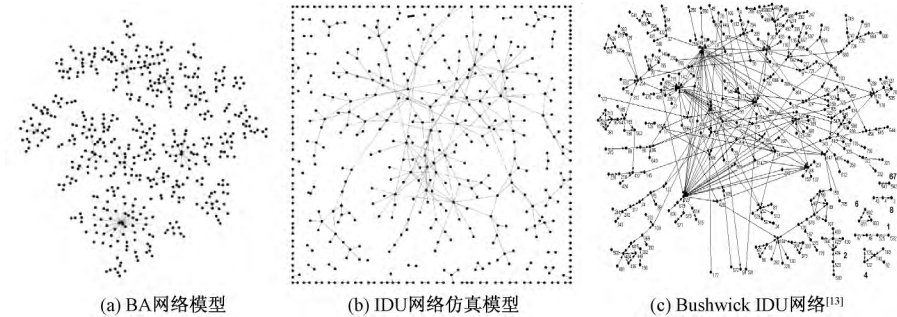


图 4 不同网络模型的网络图

4. 3 HIV 传播仿真

利用所建立的具有社群结构的 IDU 无标度网络模型进行 HIV 传播仿真,模型以云南 IDU 已发表的调研数据为基础,参考国内外相关数据给出表 1 中的数据为网络仿真参数值,由于治疗对 HIV 传播具有两面性,本文暂时未考虑治疗对 IDU 传播的影响。云南 IDU 人数估计在 9. 5~20 万人之间<sup>[3]</sup>,

由于计算能力的限制,仿真模型中取 4 万人表示全 IDU 人群来计算 HIV 感染率;初始感染率取云南 1992 年的 IDU HIV 感染率为 6%;根据经验 HIV 感染者一旦通过检测获知病情后,虽然少数人可能会增加共享吸毒等高危行为次数,但大部分人会减少共享吸毒伙伴和次数,参考文献[6]中的取值,本文认为会减少注射吸毒次数达 50%。IDU 全人群



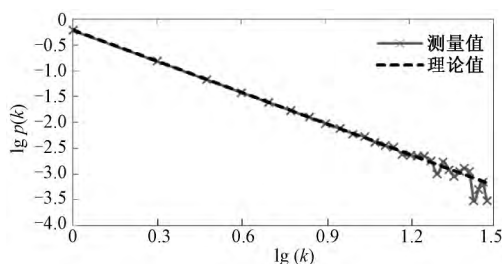


图 5 模型生成的 IDU 网络度分布

每年接受检测的比例没有确切的数据,根据文献[45]中的数据,云南不同地区 IDU 自愿进行 HIV 检测率在 2.9%~28.8%,平均为 11.0%,文献[46]中的数据显示,国内高危行为群体的 HIV 检测率平均为 37%,低危人群的 HIV 检测率平均为 2%。云南从 2002 年开始推广 HIV 自愿检测[47]和针具交换项目[3],2003 年后加强免费治疗等措施[3],本文设定云南 IDU 检测率在 2002 年前为 10%,2002 年后为 20%,其他参数见表 1。以云南省 1992~2006 年调研数据为参照[37-40],从 1992 年开始仿真,1992~2002 年,只有检测和清洁针具措施,到 2002 年开始加入针具交换干预措施,图 6 给出了不同干预措施下 50 次模拟取平均值后的仿真结果。

(1) 不干预。2002 年后检测率维持在 10%,不加入针具交换。这种方式下的仿真数据 2002 年以后感染率仍保持在 24%~28%,而实际感染率数据在 2002 年后有较快的下降趋势。

(2) 干预措施 1。2002 年后检测率为 20%,不加入针具交换。这种方式下的仿真数据 2001~2009 年感染率出现了持续下降,从 27.60%下降至 20%,之后,基本保持在 20%,最大为 21.8%。

(3) 干预措施 2。2002 年后检测率为 20%,针具交换率为 20%。这种方式下的仿真数据 2001~2009 年感染率出现了持续下降,从 27.6%下降至

18%,之后,基本保持在 18%,最大为 18.8%。

(4) 干预措施 3。2002 年后检测率为 20%,针具交换率为 40%。这种方式下的仿真数据 2001~2009 年感染率出现了持续下降,从 27.6%下降至 15.6%,之后,基本保持在 16.5%,最大为 16.8%。

(5) 干预措施 4。2002 年后检测率为 20%,针具交换率为 60%。这种方式下的仿真数据 2001~2009 年感染率持续快速下降,从 27.6%下降至 10.0%,之后,稳定下降至 2022 年 8%,最大为 8.3%。

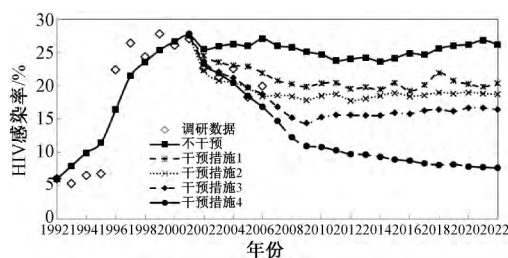


图 6 IDU 网络在不同政策干预下 HIV 感染率

由图 6 可见,干预措施 2 仿真数据与真实调研数据[37-40]比较接近,干预措施 2 符合目前真实社会网络 IDU 人群中 HIV 传播趋势,具体数据如表 2 所示。从不干预与干预措施 1 进行对比发现,因为检测率的提高,更多感染 HIV 的 IDU 个体高危行为的改善较大减少了 HIV 在注射吸毒人群中传播。从干预措施 2~4 的比较中可见,如果只是保持现有的检测率和针具交换率,IDU 感染率很难下降到较低水平,只有针具交换率大于 60%,感染率会在 10 年后降到 10%以下。所以,保证较高的 HIV 检测率,并通过教育和医疗服务等措施,保证已知感染 HIV 个体的高危行为有较大改善,同时维持较大的针具交换率,可以在未来不长的时间里大幅度降低 IDU 人群的 HIV 感染率。

表 2 1992~2006 年云南省 IDU 人群感染率

感染率	年份															
	1992	1993	1994	1995	1996	1997	1998	1999	2000	2001	2002	2003	2004	2005	2006	
实际	6.02	5.32	6.54	6.81	22.39	26.44	24.40	27.82	26.10	27.10	22.71	21.24	22.6	18.30	20.00	
模拟	6.02	7.98	9.94	11.47	16.45	21.5	23.6	25.4	26.7	27.6	22.31	20.8	20.47	19.72	18.43	

## 5 结 语

IDU 网络结构具有节点度的幂律分布、高聚类系数和度-度相关等社会网络特征,IDU 网络上的 HIV 传播是个体行为、个体间共享网络和干预政策

协同演化的结果。本文给出了改进的基于配置模型原理的 IDU 动态网络生成和演化算法,模拟和计算表明,生成的网络能同时满足幂律分布、高聚类系数和度-度相关等社会网络的多个特征,生成的网络拓扑结构更接近实际 IDU 网络。同时,通过 Agent 中

嵌入社会网络功能,设计了网络节点 Agent 模型, Agent 模型中包括个体的传播行为、病程及个体对疾病控制干预措施的响应机制;通过节点 Agent 和网络的协同作用,实现个体行为、个体之间共用注射器吸毒构成的社会网络和干预政策耦合演化的 HIV 传播模拟模型。基于云南省的数据和不同干预情况的 HIV 传播模拟,统计模型中 HIV 感染比率和调研数据对比分析,证明了模型的合理性。保证较高的 HIV 检测率,并通过教育和医疗服务等措施,保证已知感染 HIV 个体的高危行为有较大改善,同时维持较大的针具交换率,可以在未来不长的时间里大幅度降低 IDU 人群的 HIV 感染率。本研究为进一步深入研究 IDU 网络的 HIV 传播与控制提供了新的借鉴,文中提出的模型在传播概率的计算中作了一定的简化,模型中未考虑性传播途径及其与吸毒传播途径的相互影响,需在进一步的研究中加以解决。

#### 参考文献:

- [1] May R M, Anderson R M. Transmission dynamics of HIV infection [J]. *Nature*, 1987, 326(6109): 137-142.
- [2] 韩丽涛, 姜洁, 阮玉华, 等. 静脉注射吸毒人群 HIV/AIDS 数学模型分析[J]. *生物数学学报*, 2008, 23(3): 429-434.
- [3] Zhang Lei, Yap L, Zhuang Xun, *et al.* Needle and syringe programs in Yunnan, China yield health and financial return[J]. *BMC Public Health*, 2011(11): 250.
- [4] Dabbaghian V, Richardson N, Ruthford A, *et al.* A cellular automata model of the spread of HIV in a community of injection drug users [J]. *SIAM Review*, 2007, 45: 167-256.
- [5] 李璐, 宣慧玉, 高宝俊. 基于元胞自动机的异质个体 HIV/AIDS 传播模型[J]. *系统管理学报*, 2008, 17(6): 704-710.
- [6] Kretzschmar M, Wiessing L G. Modelling the spread of HIV in social networks of injecting drug users [J]. *AIDS*, 1998(12): 801-811.
- [7] Lou Jie, Chen Li. HIV-1 transmission dynamics among injecting drug on a risk network model[J]. *Chinese Journal of Engineering Mathematics*, 2010, 27(6): 1105-1110.
- [8] Sloot P, Ivanov S. Stochastic simulation of HIV population dynamics through complex network modeling [J]. *International Journal of Computer Mathematics*, 2007, 85(8): 1175-1187.
- [9] Liljeros F, Edling C R, Amaral L A N, *et al.* The web of human sexual contacts [J]. *Nature*, 2001, 411: 907-908.
- [10] Wong W W L, Bayoumi A M, Krahn M. Developing a complex agent network model to predict HIV and HCV incidence in Canada [C]//The 33rd Annual Meeting of the Society for Medical Decision Making, 2011.
- [11] 乔健, 李国迎, 樊莹. 基于互信网络的艾滋病吸毒传播仿真模型[J]. *系统仿真学报*, 2013, 25(6): 1279-1284.
- [12] Newman M E J, Park J. Why social networks are different from other types of networks [J]. *Physical Review E (S1539-3755)*, 2003, 68(3): 036-122.
- [13] Dombrowski K, Curtis R, Friedman S R. Injecting drug user network topologies and infectious disease Transmission: Suggestive findings [R]. SNRG Working Papers 01, 2008.
- [14] Samuel R F, Neigus A, Jose B, *et al.* Sociometric risk networks and risk for HIV infection [J]. *American Journal of Public Health*, 1997, 87: 1289-1296.
- [15] Curtis R, Samuel R F, *et al.* Street-level drug markets: Network structure and HIV risk [J]. *Social Networks*, 1995(17): 229-249.
- [16] 李群, 杨洋, 张菊英. 自贡市静脉吸毒人群社会网络特点及其与 HIV 传播关系的研究[J]. *现代预防医学*, 2007, 34(17): 3267-3269.
- [17] 秦光明, 杨烨, 阮玉华, 等. 西昌市吸毒人群 HIV 感染模式研究[J]. *现代预防医学*, 2006, 33(3): 354-357.
- [18] 魏小庆. 静脉吸毒人群人际网络特点及其对该人群艾滋病相关行为影响的初步研究[D]. 成都: 四川大学, 2006.
- [19] Mei S, Sloot P M A, Quax R, *et al.* Complex agent networks explaining the HIV epidemic among homosexual men in Amsterdam [J]. *Mathematics and Computers in Simulation*, 2010, 80(5): 1018-1030.
- [20] Richardson L, Grund T. Modeling the impact of supra-structural network nodes: The case of anonymous syringe sharing and HIV among people who inject drugs [J]. *Social Science Research (S0049-089X)*, 2012, 41: 624-636.
- [21] Kwon J A, Maher J I L, Law M G, *et al.* The impact of needle and syringe programs on HIV and HCV transmissions in injecting drug users in australia: A model-based analysis [J]. *Acquir Immuns Defic Syndr*, 2009, 51(4): 462-469.
- [22] 王俊杰. 动力学模型在我国艾滋病五类高危人群传播规律分析中的应用[D]. 北京: 中国疾病预防控制中心

- 心, 2011.
- [23] 臧春鹏, 汪宁. 抗病毒治疗在阻断艾滋病传播流行的作用[J]. 中华临床医师杂志(电子版), 2011, 5(8):2343-2346.
- [24] Granich R M, Glik s C F. Universal voluntary HIV testing with immediate antiretroviral therapy as a strategy for elimination of HIV transmission: A mathematical model[J]. Lancet, 2009, 373(9657): 48-57.
- [25] Barabasi A-L, Albert R. Emergence of scaling in random networks[J]. Science, 1999, 286(5439): 509-512.
- [26] 梅珊. 基于复杂 agent 网络的病毒传播建模和仿真研究[D]. 长沙: 国防科学技术大学, 2010.
- [27] Dorogovtsev S N, Mendes J F F, Samukhin A N. Structure of growing random networks [J]. Physics Review Letter, 2000, 85(21): 4633-4636.
- [28] Ravasz E, Barabasi A-L. Hierarchical organization in complex networks [J]. Physics Review E, 2003, 67(2):026112.
- [29] Maslov S, Sneppen K, Specificity and stability in topology of protein networks[J]. Science, 2002, 296(5569):910-913.
- [30] Holme P, Kim B J, Yoon C N, *et al.* Attack vulnerability of complex networks [J]. Physics Review E, 2002, 65(5): 056109.
- [31] Toivonen R, Onnela J P, Saramaki J, *et al.* A model for social networks[J]. Physica A, 2006, 371(2): 851-860.
- [32] Britton T, Deijfen M, Martin-Lof A. Generating simple random graphs with prescribed degree distribution [J]. Journal of Statistical Physics, 2006, 124(6):1377 - 1397.
- [33] Bender E, Canfield E. The asymptotic number of labeled graphs with given degree sequences [J]. Combinatorial Theory, Series A(S0097-3165), 1978(24): 296-307.
- [34] Molloy M, Reed B. A critical point for random graphs with a given degree sequence [J]. Random Struct Algorithms, 1995, 6(2-3):161-179.
- [35] 臧春鹏. 抗病毒治疗对艾滋病传播流行的影响[D]. 北京: 中国疾病预防控制中心, 2011.
- [36] Wilensky U. NetLogo [EB/OL]. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL. <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>. 1999.
- [37] 陆林, 贾曼红, 张小波, 等. 1989—2003 年云南省艾滋病流行态势分析[J]. 中华预防医学杂志, 2004, 38(5): 309-311.
- [38] 陆林, 贾曼红, 陆继云, 等. 云南省 2004 年艾滋病流行分析[J]. 中国艾滋病性病, 2005, 11(3): 172-174.
- [39] 杨莉, 马艳玲, 罗洪兵, 等. 云南省 2000—2007 年静脉吸毒者、性病就诊者和孕产妇 HIV-1 新近感染率及流行趋势变化[J]. 中华流行病学杂志, 2008, 29(12): 1204-1207.
- [40] Xiao Yan, Kristensen S, Sun Jiangping, *et al.* Expansion of HIV/AIDS in China: Lessons from Yunnan province [J]. Social Science & Medicine, 2007, 64:665-675.
- [41] Grassly N C, Lowndes C M, Rhodes T, *et al.* Modelling emerging HIV epidemics: The role of injecting drug use and sexual transmission in the Russian Federation, China and India [J]. International Journal of Drug Policy, 2003(14): 25-43.
- [42] Anderson R M, Medley G. Epidemiology of HIV infection and AIDS: Incubation and infectious periods [J]. Survival and Vertical Transmission, AIDS, 1988, 2(1):57-63.
- [43] Medley G F, Anderson R M, Stoneburner R, *et al.* Incubation period of AIDS in patients infected via blood transfusion [J]. Nature, 1987, 328(6132): 719-721.
- [44] Rothenberg R, Woelfel M, Stoneburner R, *et al.* Survival with the acquired immunodeficiency syndrome, Experience with 5833 cases in New York city [J]. New England Journal of Medicine, 1987, 317(21):1297-1302.
- [45] 罗家洪, 陈良, 万崇华, 等. 不同地区吸毒人员艾滋病行为监测流行病学调查研究[J]. 中国预防医学杂志, 2006, 7(4): 310-311.
- [46] Li J, Gilmour S, Zhang H, *et al.* The epidemiological impact and cost-effectiveness of HIV testing, antiretroviral treatment and harm reduction programs[J]. AIDS, 2012, 26(16):2069-2078.
- [47] 安晓静, 张勇, 贾曼红, 等. 1997—2005 年云南 CDC 艾滋病资源咨询检测情况分析[J]. 中国自然医学杂志, 2007, 9(1):25-28.