

新疆布鲁氏菌病集合种群网络建模与分析

崔二佳¹, 荆文君², 李明涛¹, 裴鑫^{1*}

¹太原理工大学数学学院, 山西 太原

²山西财经大学统计学院, 山西 太原

收稿日期: 2026年4月27日; 录用日期: 2026年5月22日; 发布日期: 2026年5月29日

摘要

布鲁氏菌病作为典型的人畜共患病, 动物调运是其跨区域传播的关键途径。本文以新疆维吾尔自治区为研究对象, 基于马尔可夫过程构建人羊耦合的布鲁氏菌病集合种群网络模型, 推导得到模型基本再生数与流行阈值。结合实际疫情与调运数据完成参数拟合与验证, 通过参数敏感性分析识别了影响布病传播的关键参数, 并重点探究真实调运网络下布鲁氏菌病的传播特征。结果表明, 疫情呈多节点异质性周期性爆发特征; 关键参数对布鲁氏菌病传播的影响不同, 传染率是疫情扩散核心驱动因素, 调运率对累计病例呈U型影响, 免疫率与扑杀率呈单调抑制效应; 网络平均度对传播的影响存在明显阈值, 2~7时传播强度变化剧烈, 大于7后网络传播强度逐渐稳定。本研究揭示了真实调运网络对布病跨区域传播的影响规律, 为布鲁氏菌病的精准防控、羊群调运网络的科学管控提供了量化依据。

关键词

布鲁氏菌病, 动物调运, 马尔可夫过程, 集合种群网络, 流行阈值

Modeling and Analysis of Metapopulation Network for Brucellosis in Xinjiang

Erjia Cui¹, Wenjun Jing², Mingtao Li¹, Xin Pei^{1*}

¹School of Mathematics, Taiyuan University of Technology, Taiyuan Shanxi

²School of Statistics, Shanxi University of Finance and Economics, Taiyuan Shanxi

Received: April 27, 2026; accepted: May 22, 2026; published: May 29, 2026

Abstract

Brucellosis, as a typical zoonotic disease, is mainly transmitted across regions via animal transportation.

*通讯作者。

文章引用: 崔二佳, 荆文君, 李明涛, 裴鑫. 新疆布鲁氏菌病集合种群网络建模与分析[J]. 应用数学进展, 2026, 15(5): 584-599. DOI: 10.12677/aam.2026.155253

Taking Xinjiang Uygur Autonomous Region as the study area, this paper constructs a human-sheep coupled metapopulation network model for brucellosis transmission based on the Markov process, and derives the basic reproduction number and epidemic threshold of the model. Using actual epidemic and transportation data, we complete parameter fitting and model validation, and identify key parameters affecting brucellosis transmission through sensitivity analysis. We focus on exploring the transmission characteristics of brucellosis under real transportation networks. The results show that the epidemic presents obvious multi-node heterogeneity and periodic outbreak characteristics. Key parameters exert distinct impacts on brucellosis transmission: the infection rate acts as the core driving factor of epidemic spread; the transportation rate shows a U-shaped effect on cumulative cases, while the immunization rate and culling rate exhibit monotonic inhibitory effects. The network average degree has a clear threshold effect on transmission: the transmission intensity changes drastically when the average degree ranges from 2 to 7, and gradually stabilizes when it exceeds 7. This study reveals the influence of real transportation networks on the cross-regional spread of brucellosis, providing a quantitative basis for the precise prevention and control of brucellosis and the scientific management of livestock transportation networks.

Keywords

Brucellosis, Animal Transportation, Markov Process, Metapopulation Network, Epidemic Threshold

Copyright © 2026 by author(s) and Hans Publishers Inc.

This work is licensed under the Creative Commons Attribution International License (CC BY 4.0).

<http://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>



Open Access

1. 引言

布鲁氏菌病是由布鲁氏菌感染引发的人畜共患病，典型症状为发热、乏力、关节疼痛。该病还会造成巨大畜牧业经济损失，如动物流产、生产性能下降等[1]。中国是人间布鲁氏菌病的历史流行区，疫情呈现显著的地理扩张趋势与时空相关性特征[2]，2010 以来，疫源地正由内蒙古、新疆等传统牧区、半农半牧区向农区及非流行地区扩散[3]。尽管近年我国人间布病疫情呈波动下降态势，但整体防控形势依然严峻[4]。因此，构建数学模型对开展布病传播研究具有重要的现实意义。

新疆维吾尔自治区作为我国五大牧区之一，区内主要流行羊种与牛种布鲁氏杆菌[5]，近年来布鲁氏菌病疫情复杂多变[6]，人间疫情持续处于较高水平，严重威胁当地群众的身心健康与畜牧业高质量发展。2023 年新疆发病数居全国第二位，年发病率 32.64/10 万，居全国第三位[7]。新疆羊群调运规模大、区域间流通频繁，而羊群调运是布病跨区域传播的关键载体[8]。鉴于新疆布鲁氏菌病流行特征典型、羊群调运网络研究代表性强，本研究选取该地区作为研究对象，运用网络模型开展相关分析。

目前学者们已构建多种数学模型来探究动物调运行为对布鲁氏菌病扩散的影响规律，多采用斑块模型与集合种群网络模型。2014 年，Zhang 等人[9]构建 n 斑块动力学模型，数值模拟发现易感种群分散与感染牛向大规模斑块集中可缓解疫情。2017 年，Yang 等人[10]建立含空间与季节异质性的非线性斑块模型，强调防控策略需纳入两类异质性特征。2018 年，Lolika 等人[11]构建含短期动物活动性的双斑块模型，指出动物流动性对最优控制策略至关重要。2022 年，Qin 等人[12]建立人羊耦合斑块模型，模拟发现山西、河北间高感染区向低感染区的适度绵羊迁移可加快病例减少；同年，Guo 等人[13]采用斑块模型研究兴安盟绵羊运输影响，发现控制贾莱德至乌兰浩特的运输是最有效防控手段。2025 年，Ma 等人[14]构建含周期成分的机制驱动模型，揭示内蒙古向辽宁的绵羊扩散会加剧辽宁疫情；Msuya 等人[15]建立两斑

块模型，发现家畜在高风险区域停留时间延长会显著加剧感染传播。集合种群网络模型则聚焦网络拓扑对疾病存亡与扩散的影响，结合网络结构刻画种群间复杂连接关系。2024年，Pei 等人[16]构建人羊耦合布病集合种群模型，以黑龙江省 12 个城市为例，采用 BA、ER 及同质混合网络模拟传播，结果表明网络平均度影响传播进程，绵羊移动的效应因城市羊群规模而异：羊群规模较小的城市，增加运输会加剧传播；规模较大的城市，适度外流则可降低传播风险。现有研究均未建立真实网络调运网络。而在现实场景中，调运网络与理想构建网络存在明显差异，其连接特征会直接影响布病的扩散速度及防控效果。

为此，基于马尔可夫过程构建了布鲁氏菌病集合种群网络模型，并在真实调运网络上研究了布鲁氏菌病的传播情况。在第二章里，我们基于离散时间的马氏过程，建立了一个人羊耦合的布鲁氏菌病集合种群网络模型。第三章在理论上给出了模型的流行阈值。第四章以新疆维吾尔自治区为研究对象，构建真实调运网络，并对模型进行参数拟合与敏感性分析；随后在此基础上分析布鲁氏菌病人间病例的时空传播特征，以及累计病例随关键参数、累计人间病例随网络平均度的变化差异。最后，在第五章里，我们对开展的工作进行了总结与讨论。

2. 布鲁氏菌病集合种群网络模型

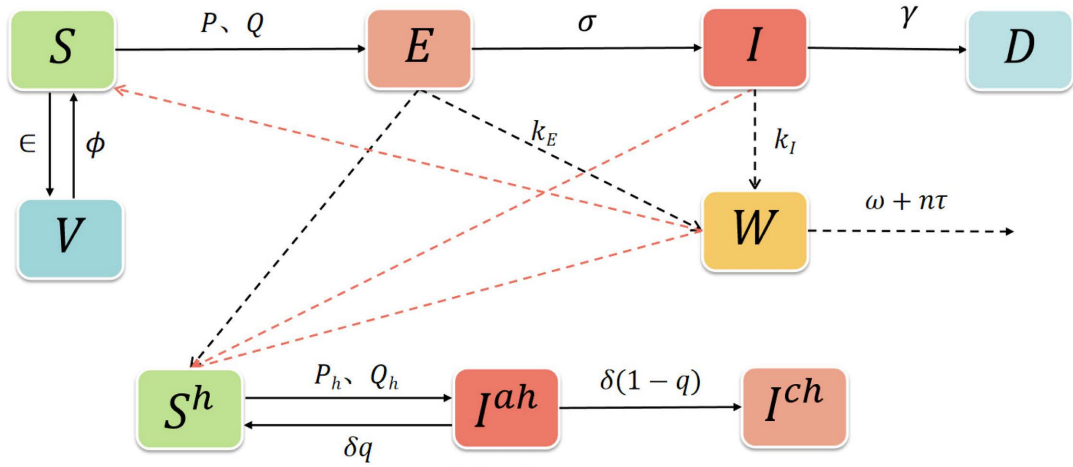


Figure 1. State probability transition diagram for individuals (sheep and humans)
图 1. 个体(包含羊与人)的状态概率转移图

我们考虑种群间的羊群调运对布鲁氏菌病传播的影响，见图 2。在集合种群网络的框架下，一个节点代表一个斑块，同一斑块中个体充分混合，节点间的连接表示个体之间的迁移过程，网络结构整体描绘了个体在各斑块之间的移动方式与特征。设元种群网络由 N 个斑块组成，斑块 i 的羊群总数为 n_i ，人群总数为 n^{hi} ，斑块之间只有羊群发生迁移，不考虑人群在斑块间的移动。设任一羊个体离开原种群的概率 m ，斑块 i 中的羊离开斑块 i 的概率为 $m_i = \theta_i m, 0 \leq \theta_i \leq 1$ ，并以概率 H_{ij} 迁移或调运到种群 j 则羊个体从斑块 i 迁移或调运到斑块 j 的概率为 $m_{ij} = m_i H_{ij} = m \theta_i H_{ij}$ 。

根据布鲁氏菌病的感染机制，本文将种群中的羊与人分成不同的类别。图 1 描述了羊群与人群在各仓室间的流动规律和数量的动态变化。其中 S, V, E, I, D 分别表示种群中处于易感，免疫，暴露，感染，移除(被扑杀)的羊的数量， W 表示种群环境中的布鲁氏菌病， S^h, I^{ah}, I^{ch} 分别表示种群中处于易感，急性感染，慢性感染状态的人类个体数。考虑到带有布鲁氏菌的羊与环境都具有感染能力，且对羊与人的感染力度不同，分别设 P, P^h 为带有布鲁氏菌的羊对易感羊群，易感人群的感染概率， Q, Q^h 为环境中的布鲁氏菌对易感羊群，易感人群的感染概率。

基于个体调运规律与疾病感染流程，图 2 描述了布鲁氏菌病在种群内与种群间的传播过程。 t 时刻种群之间会发生一次羊群调运，到 $t+1$ 时刻完成。我们将种群中的羊分为两类，下一时刻将被调运的个体与留在原群的个体，调运个体仅与调运群体发生相互作用，留群个体仅与留群群体发生相互作用，两类之间无交叉，这是因为在单位时间内每只羊仅发生一次事件。具体分为三个阶段，首先，易感羊，免疫羊，暴露羊以及未被检测到的感染羊在 t 时刻从原种群调出；然后，在调运过程中羊之间会发生相互感染等与疾病相关的事件，同时没有发生调运的，即留在原种群中的易感羊群与易感人群也会发生感染、免疫等事件；最后调运的羊在 $t+1$ 时刻运入目标种群。至此，一次调运与感染过程完成，该过程会持续重复进行。

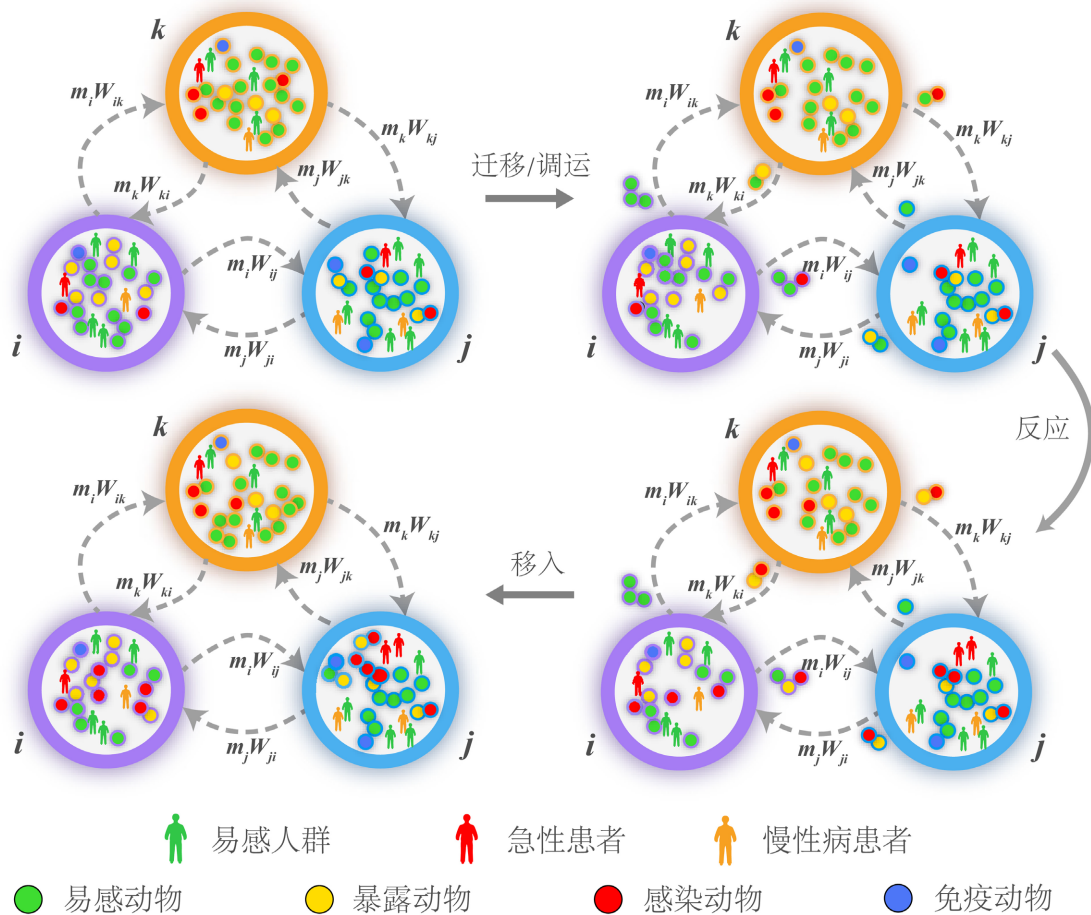


Figure 2. Schematic framework of the micro-Markov process for brucellosis infection during sheep transportation in the metapopulation network

图 2. 在集合种群网络中，布鲁氏菌病在羊运输过程中发生感染的微马尔可夫过程的示意图框架

设种群 i 在 t 时刻所拥有的易感羊，免疫羊，暴露羊，感染羊，被扑杀的羊，易感人类，急性感染人类，慢性感染人类的个体数量分别为 $S_i(t), V_i(t), E_i(t), I_i(t), D_i(t), S_i^h(t), I_i^{ah}(t), I_i^{ch}(t)$ ，我们用马尔可夫过程 [17] 来描述一个时间步长内处于不同状态的羊与人的数量随羊调运的变化，并通过等式

$\sum_{j=1}^N m_{ij} = \sum_{j=1, j \neq i}^N m_{ij} + m_{ii} = 1$ 进行化简得到方程(1)。动力学模型中的其他参数含义见表 1，参数均以月为时间单位。

$$\begin{cases}
 S_i(t+1) = m_{ii}S_i(t)(1 - P_{ii}(t) - Q_{ii}(t) - \epsilon) + \sum_{j=1, j \neq i}^N m_{ji}S_j(t)(1 - P_{ji}(t)) + \sum_{j=1}^N m_{ji}V_j(t)\Phi, \\
 E_i(t+1) = m_{ii}S_i(t)(P_{ii}(t) + Q_{ii}(t)) + \sum_{j=1, j \neq i}^N m_{ji}S_j(t)P_{ji}(t) + \sum_{j=1}^N m_{ji}E_j(t)(1 - \sigma), \\
 I_i(t+1) = \sum_{j=1}^N m_{ji}E_j(t)\sigma - m_{ii}I_i(t)\gamma + \sum_{j=1}^N m_{ji}I_j(t), \\
 V_i(t+1) = \sum_{j=1}^N m_{ji}V_j(t)(1 - \Phi) + m_{ii}S_i(t)\epsilon, \\
 D_i(t+1) = D_i(t) + m_{ii}I_i(t)\gamma, \\
 W_i(t+1) = (1 - \omega - n\tau)W_i(t) + m_{ii}(k_E E_i(t) + k_I I_i(t)), \\
 S_i^h(t+1) = (1 - P_i^h(t) - Q_i^h(t))S_i^h(t) + \delta q I_i^{ah}(t), \\
 I_i^{ah}(t+1) = (P_i^h(t) + Q_i^h(t))S_i^h(t) + (1 - \delta)I_i^{ah}(t), \\
 I_i^{ch}(t+1) = \delta(1 - q)I_i^{ah}(t) + I_i^{ch}(t).
 \end{cases} \tag{1}$$

其中, j 种群运输到 i 种群内的易感羊群被运输过程中的暴露或感染羊群感染的概率为:

$$P_{ji}(t) = 1 - \left(1 - \beta_E \frac{E_j(t)}{n_j(t)} - \beta_I \frac{I_j(t)}{n_j(t)} \right)^{m_{ji}n_j(t)}$$

Table 1. Table of parameter meanings for the dynamic model

表 1. 动力学模型的参数意义表

参数	描述或意义
β_E, β_I	暴露羊群, 感染羊群对易感羊群的接触感染概率
β_{Eh}, β_{Ih}	暴露羊群, 感染羊群对易感人群的接触感染概率
α, α_h	环境中布鲁氏菌对易感羊群, 易感人群的传染率
ϵ	易感羊群的免疫率
ϕ	易感羊群的免疫失效率
σ	暴露羊群到感染羊群转移率或潜伏期的倒数
γ	单位时间对感染羊群的扑杀率
k_E, k_I	暴露羊群, 感染羊群单位时间排放的布鲁氏菌数量
ω, n, τ	环境中布鲁氏菌的自然衰减率, 环境消毒频率, 有效率
δ	人类治疗布鲁氏菌病的平均时间的倒数
q	人类经过治疗恢复为易感的概率
m_{ij}	羊个体从斑块 i 迁移或调运到斑块 j 的概率
m_{ii}	斑块 i 中的羊个体留在斑块 i 的概率
n_i	斑块 i 羊的个体数

具体而言, 在运输过程中一只易感羊被某一只暴露或感染羊感染的概率为 $\beta_E \frac{E_j(t)}{n_j(t)} + \beta_I \frac{I_j(t)}{n_j(t)}$, 不被

其感染的概率为 $\left(1 - \beta_E \frac{E_j(t)}{n_j(t)} - \beta_I \frac{I_j(t)}{n_j(t)}\right)$ ，不被运输群体感染的概率为 $\left(1 - \beta_E \frac{E_j(t)}{n_j(t)} - \beta_I \frac{I_j(t)}{n_j(t)}\right)^{m_j n_j(t)}$ ，最后，对其取逆事件即可得到易感羊被感染的概率。

同理，留在 i 种群内的易感羊群被留在 i 种群内的暴露或感染羊群感染的概率为：

$$P_{ii}(t) = 1 - \left(1 - \beta_E \frac{E_i(t)}{n_i(t)} - \beta_I \frac{I_i(t)}{n_i(t)}\right)^{m_i n_i(t)}$$

留在 i 种群内的易感羊群被环境中的布鲁氏菌感染的概率为：

$$Q_{ii}(t) = \alpha W_i(t)$$

i 种群内的易感人群被 i 种群中的暴露或感染羊群感染的概率为：

$$P_i^h(t) = 1 - \left(1 - \beta_{Eh} \frac{E_i(t)}{n_i(t)} - \beta_{Ih} \frac{I_i(t)}{n_i(t)}\right)^{n_i(t)}$$

i 种群内的易感人群被环境中的布鲁氏菌感染的概率为：

$$Q_i^h(t) = \alpha_n W_i(t)$$

考虑到动物运输具有短时性，且运输群体规模远小于原种群，运输过程中发生的感染对整体疫情结局的影响相对有限，即由于 $0 < \beta_E, \beta_I \ll 1$ ， $0 < \frac{E_j(t)}{n_j(t)}, \frac{I_j(t)}{n_j(t)} < 1$ ，因此 $P_{ji}(t) = m_{ji}(\beta_E E_j(t) + \beta_I I_j(t))$ ；又因为 $m_{ji} (j \neq i) \ll m_{ii}$ 所以当 i 种群中的易感动物与感染动物处于同一量级时， $P_{ji}(t) (j \neq i) \ll P_{ii}(t)$ 。因此我们忽略运输过程中发生的感染行为，令 $P_{ji}(t) (j \neq i) = 0$ ，将系统(1)化简为如下所示的系统(2)。

$$\begin{cases} S_i(t+1) = m_{ii} S_i(t) (1 - P_{ii}(t) - Q_{ii}(t) - \epsilon) + \sum_{j=1, j \neq i}^N m_{ji} S_j(t) + \sum_{j=1}^N m_{ji} V_j(t) \Phi, \\ E_i(t+1) = m_{ii} S_i(t) (P_{ii}(t) + Q_{ii}(t)) + \sum_{j=1}^N m_{ji} E_j(t) (1 - \sigma), \\ I_i(t+1) = \sum_{j=1}^N m_{ji} E_j(t) \sigma - m_{ii} I_i(t) \gamma + \sum_{j=1}^N m_{ji} I_j(t), \\ V_i(t+1) = \sum_{j=1}^N m_{ji} V_j(t) (1 - \Phi) + m_{ii} S_i(t) \epsilon, \\ D_i(t+1) = D_i(t) + m_{ii} I_i(t) \gamma, \\ W_i(t+1) = (1 - \omega - n\tau) W_i(t) + m_{ii} (k_E E_i(t) + k_I I_i(t)), \\ S_i^h(t+1) = (1 - P_i^h(t) - Q_i^h(t)) S_i^h(t) + \delta q I_i^{ah}(t), \\ I_i^{ah}(t+1) = (P_i^h(t) + Q_i^h(t)) S_i^h(t) + (1 - \delta) I_i^{ah}(t), \\ I_i^{ch}(t+1) = \delta(1 - q) I_i^{ah}(t) + I_i^{ch}(t). \end{cases} \tag{2}$$

3. 流行阈值

定理 1：系统(2)的流行阈值为 $1/\Lambda_{\max} G(1/\beta)$ ，据此可得到种群的基本再生数为 $R_0 = \beta \Lambda_{\max} G(1/\beta)$ 。

证明：

系统达到稳态时[18][19]， $\forall i \in N$ ，有 $S_i(t+1) \approx S_i(t) = S_i$ ， $E_i(t+1) \approx E_i(t) = E_i$ ， $I_i(t+1) \approx I_i(t) = I_i$ ，

$V_i(t+1) \approx V_i(t) = V_i$, $D_i(t+1) \approx D_i(t) = D_i$, $W_i(t+1) \approx W_i(t) = W_i$, 其中 $S_i, E_i, I_i, V_i, D_i, W_i, n_i$ 都是与 t 无关的常数, $n_i(t+1) = S_i(t+1) + E_i(t+1) + I_i(t+1) + V_i(t+1) = n_i(t) = n_i$ 。

系统(2)在稳态时可化为:

$$\begin{cases} (1+m_{ii}(P_{ii}+Q_{ii}+\epsilon))S_i - \sum_{j=1}^N m_{ji}S_j \approx \Phi \sum_{j=1}^N m_{ji}V_j, \\ E_i - (1-\sigma) \sum_{j=1}^N m_{ji}E_j \approx m_{ii}S_i(P_{ii}+Q_{ii}), \\ (1+\gamma m_{ii})I_i - \sum_{j=1}^N m_{ji}I_j \approx \sigma \sum_{j=1}^N m_{ji}E_j, \\ V_i - (1-\Phi) \sum_{j=1}^N m_{ji}V_j \approx \epsilon m_{ii}S_i, \\ \gamma m_{ii}I_i(t) \approx 0, \\ W_i \approx \frac{m_{ii}}{\omega+n\tau}(k_E E_i + k_I I_i). \end{cases} \quad (3)$$

设 $\beta_E = \beta_I = \beta$, U 为 $N \times N$ 单位矩阵, $\mathbf{I} = (I_1, I_2, \dots, I_N)^T$, \mathbf{S} 和 \mathbf{E} 类似。设矩阵 D 为如下所示的对角阵, 矩阵 M 表示运输率矩阵, $M(i,:)$ 代表矩阵 M 第 i 行的行向量。

$$M = \begin{pmatrix} m_{11} & m_{21} & \cdots & m_{N1} \\ m_{12} & m_{22} & \cdots & m_{N2} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ m_{1N} & m_{2N} & \cdots & m_{NN} \end{pmatrix}, \quad D = \begin{pmatrix} 1+\gamma m_{11} & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & 1+\gamma m_{22} & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & 1+\gamma m_{NN} \end{pmatrix}.$$

则系统(3)中关于 I 的等式可化为:

$$\begin{aligned} D(i,:)\mathbf{I} - M(i,:)\mathbf{I} &= \sigma M(i,:)\mathbf{E}, \\ (D-M)\mathbf{I} &= \sigma M\mathbf{E}. \end{aligned}$$

\mathbf{I} 可由 \mathbf{E} 表示:

$$\begin{aligned} \mathbf{I} &= \sigma(D-M)^{-1}M\mathbf{E} = C_I\mathbf{E} \\ I_i &= \sum_{j=1}^N C_I(i,j)E_j. \end{aligned}$$

使用系统(3)中关于 I 的等式作为主式进行稳态求解, 有:

$$\begin{aligned} E_i - (1-\sigma) \sum_{j=1}^N m_{ji}E_j &= m_{ii}S_i(P_{ii}+Q_{ii}) \\ &= m_{ii}S_i \left(m_{ii}(\beta_E E_i + \beta_I I_i) + \frac{\alpha m_{ii}}{\omega+n\tau}(k_E E_i + k_I I_i) \right) \\ &= m_{ii}^2 S_i \left(\beta \left(E_i + \sum_{j=1}^N C_I(i,j)E_j \right) + \frac{\alpha}{\omega+n\tau} \left(k_E E_i + k_I \sum_{j=1}^N C_I(i,j)E_j \right) \right). \end{aligned}$$

经过整理可得:

$$E_i = \sum_{j=1}^N \left\{ (1-\sigma)m_{ji} + m_{ii}^2 S_i \left(\beta(\delta_{ij} + C_I(i,j)) + \frac{\alpha}{\omega+n\tau}(k_E \delta_{ij} + k_I C_I(i,j)) \right) \right\} E_j.$$

其中 S_i 的求解如下。系统(2)等式左右相加可得 $n_i - \sum_{j=1}^N m_{ji} n_j = 0$ ，即从 i 种群运输出去的羊数量与运输到 j 种群的羊数量相等： $\sum_{j=1, j \neq i}^N m_{ij} n_i = \sum_{j=1, j \neq i}^N m_{ji} n_j$ ，设向量 $\mathbf{n} = (n_1, n_2, \dots, n_N)^T$ ，矩阵 A 为

$$A = \begin{pmatrix} 1 - m_{11} & -m_{21} & \cdots & -m_{N1} \\ -m_{12} & 1 - m_{22} & \cdots & -m_{N2} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ -m_{1N} & -m_{2N} & \cdots & 1 - m_{NN} \end{pmatrix}$$

则有

$$A\mathbf{n} = \mathbf{0}_{N \times 1}, \tag{4}$$

且满足

$$0 < \sum_{i=1}^N n_i = \sum_{i=1}^N (S_i + E_i + I_i) < \sum_{i=1}^N n_i(t=0). \tag{5}$$

另外，记 $C_v = U - (1 - \phi)M$ ，由则系统(3)中关于 V 的等式可得，

$$\begin{aligned} (U - (1 - \phi)M)\mathbf{V} &= \text{diag}(M)\mathbf{S}\epsilon, \\ \mathbf{V} &= \epsilon(C_v)^{-1} \text{diag}(M)\mathbf{S}, \\ \mathbf{V} &= C_s\mathbf{S}. \end{aligned}$$

又因为稳态时 $S_i + E_i + I_i + V_i = S_i + V_i = n_i$ ， $\mathbf{n} = \mathbf{S} + \mathbf{V} = (U + C_s)\mathbf{S}$ ，即 $\mathbf{S} = (U + C_s)^{-1} \mathbf{n}$ ，记为 $S_i = C_n(i,:) \mathbf{n}$ 。

综上，设 $\alpha = l_\alpha \beta$ ， E_i 的表达式为：

$$E_i = \sum_{j=1}^N \left\{ (1 - \sigma)m_{ji} + \beta m_{ii}^2 C_n(i,:) \mathbf{n} \left((\delta_{ij} + C_l(i, j)) + \frac{l_\alpha}{\omega + n\tau} (k_E \delta_{ij} + k_I C_l(i, j)) \right) \right\} E_j.$$

令

$$G_{ij} \left(\frac{1}{\beta} \right) = \frac{1}{\beta} (1 - \sigma)m_{ji} + m_{ii}^2 C_n(i,:) \mathbf{n} \left((\delta_{ij} + C_l(i, j)) + \frac{l_\alpha}{\omega + n\tau} (k_E \delta_{ij} + k_I C_l(i, j)) \right),$$

可得

$$\frac{1}{\beta} E_i = \sum_{j=1}^N G_{ij} \left(\frac{1}{\beta} \right) E_j.$$

根据参考文献[17] [20]，疾病通过网络持续存在的流行病阈值是满足上式的传播率的最小值。因此，则流行阈值 β_c 的表达式为：

$$\beta_c = \frac{1}{\Lambda_{\max} G(1/\beta)}.$$

其中稳态时的种群数量 n_i 由(4)式与(5)式得到， $\forall i \in N$ 。

证明完毕。

4. 模拟结果

新疆维吾尔自治区是布鲁氏菌病高发区域，其中羊只调运在各类畜禽调运中占比最高。本文以新疆

维吾尔自治区县级行政区为研究单元，运用建立的集合种群模型，探讨布鲁氏菌病在真实调运网络中的传播特征。

4.1. 网络构建

真实调运网络贴合新疆维吾尔自治区县级羊群调运的实际场景，能够反映现实中羊群调运的真实连接特征，可用于研究疾病的真实传播态势，进而得到真实调运网络对疾病传播的影响，确保研究结论更具科学性与说服力。

构建调运网络所使用的数据包括由新疆维吾尔自治区统计局提供的新疆各县级行政区域 2022 年底总羊只数(出栏数)，以及通过新疆畜牧兽医大数据平台收集的羊调运数据。该调运数据集系统记录了 2023 年 1 月 1 日至 2024 年 12 月 31 日期间新疆维吾尔自治区内部的 137 万余条羊调运信息，每条记录都代表了羊的一次调运过程，具体包括运出时间，调运起点的地点名称(通常为具体的厂址或者村庄)，羊的调运数量，运达时间，调运终点的地点名称等。

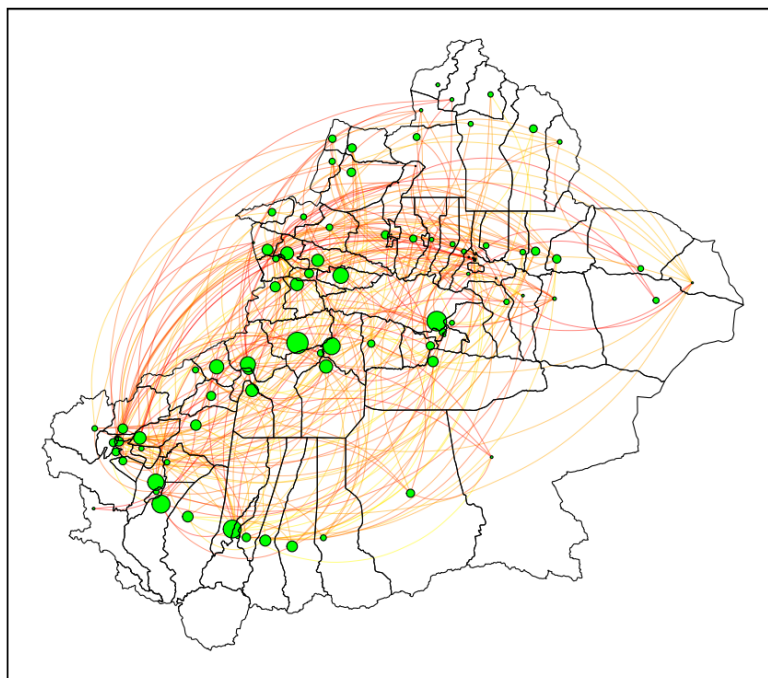


Figure 3. Visualization of of sheep metapopulation network in Xinjiang on map

图 3. 新疆羊群集合种群网络在地图上的可视化呈现

图 3 在新疆地图上，对真实调运网络进行了空间可视化。图中调运网络边的颜色由黄色渐变到红色，颜色越红代表调运强度越大，绿色节点为调运枢纽且大小与节点度正相关。由图 3 可知，真实调运网络的调运路线呈现地理聚集性，集中于北疆及天山北坡经济带，形成调运核心区，南疆与东疆连接少而弱，线路疏密与节点连通性高度匹配。

4.2. 参数拟合

本小节以每月新增的布鲁氏菌病人间病例数据作为拟合目标，基于新疆羊群运输集合种群网络，对疾病传播的传染率参数进行了估计。对于模型的初值，即人群和羊群各状态的初始分布，我们从新疆维吾尔自治区卫生健康委员会官网上获取到了 2023 年 1 月至 2024 年 12 月新疆布鲁氏菌病人间病例发病

数。从新疆维吾尔自治区统计局官方渠道得到各县级行政区域 2018 年人口数和 2018~2022 年的人口增长率。根据人间布鲁氏菌病的病例报告情况[21]以及 2022 年 12 月新疆地区的发病人数,我们推算出了 2023 年 1 月各县级行政区域的人间病例数。鉴于缺乏羊群染病的具体数据,依据畜间布鲁氏菌病的个体阳性率[22][23]以及人间病例数对各县级行政区域的潜伏期羊群与已感染羊群的数量进行了估算。环境中布鲁氏菌的初始数量[16]是通过 1×10^6 乘以相应的患病比例来确定的。

Table 2. Parameter table for the dynamic model

表 2. 动力学模型的参数取值表

参数	描述或意义	取值	来源
σ	暴露羊群到感染羊群转移率或潜伏期的倒数	1.00	[24]
k_E	暴露羊单位时间排放的布鲁氏菌数量	0.041	[25] [26]
k_I	感染羊单位时间排放的布鲁氏菌数量	0.041	[25] [26]
ω	环境中布鲁氏菌的自然衰减率	0.0098	[25] [26]
n	环境消毒频率	4.00	[25]
τ	环境消毒有效率	0.15	[25]
δ	人类治疗布鲁氏菌病的平均时间的倒数	0.50	[27]
q	人类经过治疗恢复为易感的概率	0.618	[27]
ϵ	易感羊群的免疫率	0.018	[24]
ϕ	易感羊群的免疫失效率	0.033	[26]
m	羊的平均调运率	0.143	[24]
γ	感染羊的扑杀率	0.144	[24]

需要注意的是,由于新增的感染病例数随时间呈现周期变化,我们假设 $\beta_{Eh} = \beta_{Ih} = \beta_h$, 并将其设置为周期函数进行拟合,形式为 $A \left(1 + B \sin \left(\frac{\pi}{6} t + C \right) \right) + D$ [28], 同时假设环境中布鲁氏菌对人的感染率为 $l_{ah}\beta_h$ 。最后,运用最小二乘法进行数据拟合,得到的拟合结果如表 3 和图 4 所示。模型中的其中涉及的其他参数的取值见表 2。

图 4 给出了模型拟合曲线, 95%置信区间与实际观测数据的对比结果。由图可见,模型拟合曲线能够准确捕捉人间布鲁氏菌病发病的季节性规律, 2023~2024 年的病例数均表现为夏季(5~7 月)高发、冬季(11 月~次年 2 月)低谷的年内波动特征。同时,拟合值与实际数据点吻合度较高,且 95%置信区间对实际观测值形成了较好的覆盖,表明所建模型对人间布鲁氏菌病流行趋势具有良好的拟合效果。

Table 3. Parameter fitting results of the dynamic model

表 3. 动力学模型的参数拟合结果

参数	描述或意义	取值	来源
β_E, β_I	暴露, 感染羊对易感羊的接触感染率	2.823×10^{-07}	拟合
α	环境中布鲁氏菌对易感羊的传染率	2.281×10^{-10}	拟合
A	感染羊单位时间排放的布鲁氏菌数量	5.374×10^{-10}	拟合
B	β 的振幅缩放因子	2.138	拟合
C	β 的相位偏移	-1.413	拟合
D	β 的垂直偏移	1.761	拟合
l_{ah}	环境中布鲁氏菌对易感人群的传染率与 β 的比例	0.0023	拟合

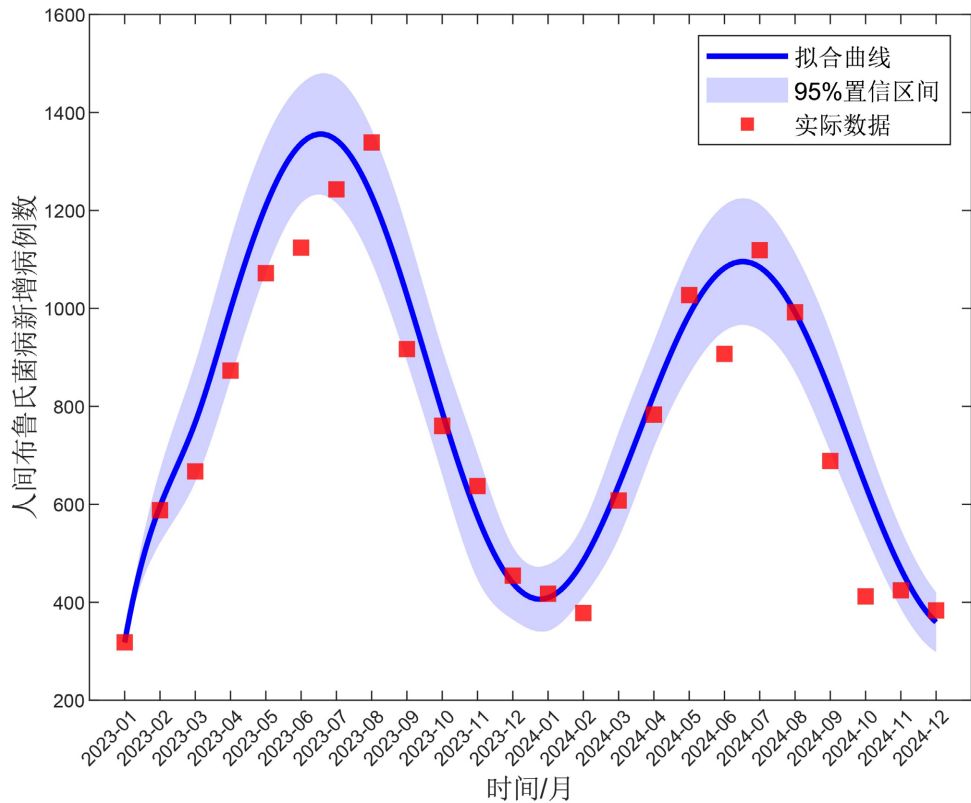


Figure 4. Parameter fitting results of monthly new human cases in Xinjiang from January 2023 to December 2024 under the sheep transportation network

图 4. 羊调运网络下 2023 年 1 月至 2024 年 12 月新疆每月新增人间病例的参数拟合结果

4.3. 敏感性分析

为了量化每个参数对疾病传播结果的独立贡献，本节利用偏秩相关系数 $PRCC$ 对基本再生数进行参数敏感性分析，从而研究各因素对布鲁氏菌病在区域间传播的影响， $PRCC$ 取值越大，参数对 R_0 的影响越大。分析的参数分别为暴露，感染羊对易感羊的接触感染率 β 、环境消杀率 $n\tau$ 、感染羊群的扑杀率 γ 、调运率 m 、易感羊群免疫率 ϵ ，分析结果如图 5 所示。

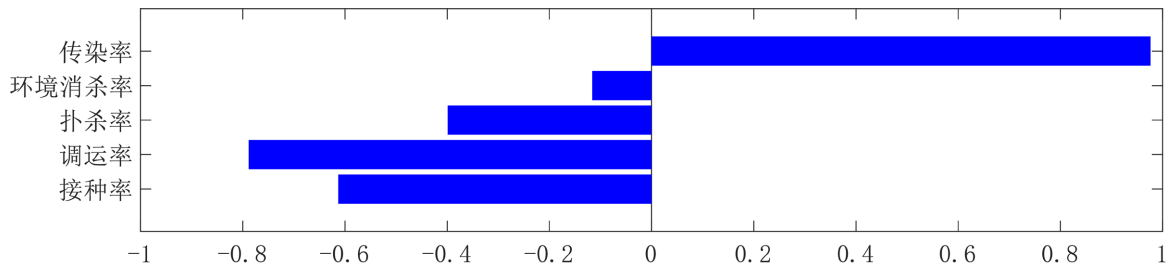


Figure 5. Partial rank correlation coefficient between each parameter and the basic reproduction number

图 5. 各参数与基本再生数的偏秩相关系数

结果表明，传染率与基本再生数呈显著强正相关，偏秩相关系数约为 0.9，远高于其余参数，是影响疾病传播的核心因素。调运率、免疫率、扑杀率均与基本再生数呈负相关，其中调运率的负向影响最为显著，相关系数约为 -0.8，免疫率与扑杀率的抑制作用次之。环境消杀率同样呈负相关，但对疫情的抑制

效果相对较弱。由此可见，传染率是推动疫情扩散的关键因素，调运管控、免疫接种、扑杀处置均能有效遏制疾病传播，其中以调运率的调控潜力最为突出。

4.4. 布鲁氏菌病人间病例传播情况分析

本节围绕布鲁氏菌病人间病例的传播特征展开系统分析，首先从时空演化维度揭示病例在不同时间、不同区域的分布特征与演变趋势，明确布病流行的时空异质性特征；在此基础上，进一步开展参数敏感性与网络拓扑结构影响分析，探究不同网络结构下不同参数对各地级州布病传播的影响机制；最后量化累计人间病例随网络平均度的变化规律，为布病的精准防控与区域协同治理提供理论支撑。

4.4.1. 时空演化

基于调运网络开展传播动力学模拟，可精准揭示疫情空间扩散路径与时间爆发规律，明确核心节点与热点区域在传播过程中的枢纽作用，同时为所构建传染病模型的合理性与有效性提供验证依据。

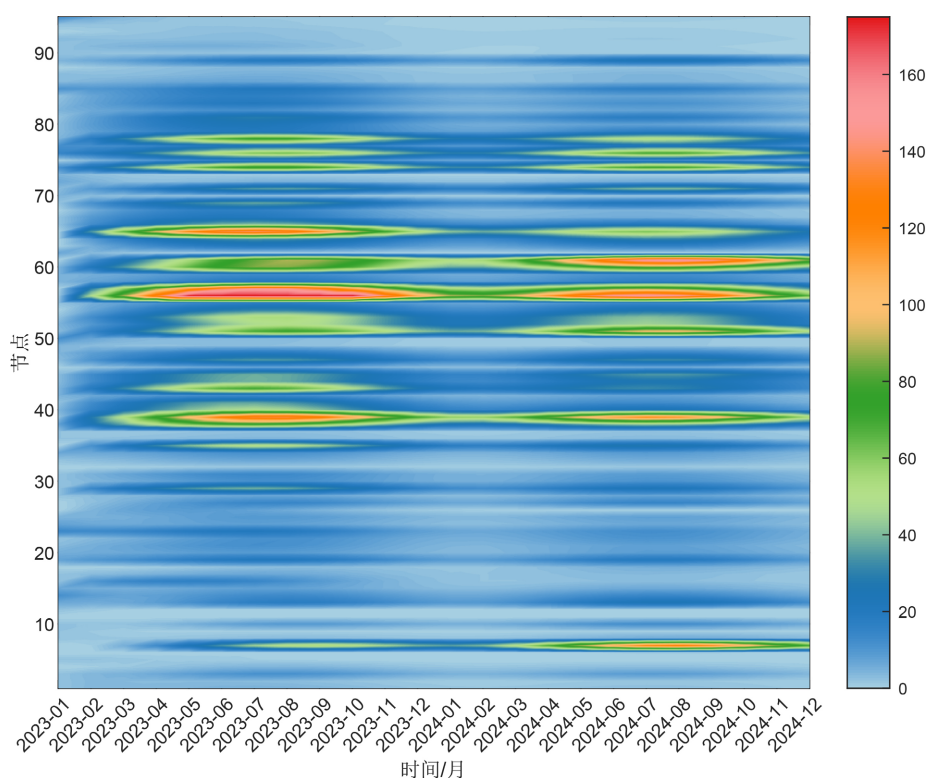


Figure 6. Changes in cumulative human cases over time at various nodes (county-level administrative regions) in Xinjiang

图 6. 新疆各节点(县级行政区)累计人间病例随时间的变化

图 6 为新疆地区布鲁氏菌病人间病例的时空热力分布结果，其中节点按照新疆各县级行政区的地理空间关联，即依据各节点连接紧密性或地理区位进行排列，为精准识别疫情扩散的关键区域提供空间参照。由图可见，新疆地区布鲁氏菌病人间病例呈现出典型的多节点异质性、周期性爆发特征。在 2023 年 4~6 月与 2024 年 5~7 月两个核心时段，多个高活跃度节点(如节点 35~40、50~60、70~80)同时出现高强度病例累积，形成清晰的季节性传播高峰，且病例强度与影响范围显著高于其他时段；而其余时段、低活跃度节点的病例水平与之相比维持在较低区间，呈现出明显的时空异质性。

这种周期性爆发特征与布鲁氏菌病的流行规律高度契合：每年夏季为发病高峰，冬季为发病低谷，

与真实流行病学特征一致。同时，多节点同步爆发的现象，直观反映了真实传播网络中核心枢纽节点(如调运频繁的区域)对疫情扩散的驱动作用，体现了活畜跨区域调运在疫情空间传播中的关键作用；节点间的病例强度差异，则清晰展现了不同区域的疫情风险异质性。

4.4.2. 累计人间病例随关键参数的变化

这一部分我们主要通过分析调运率、免疫率、传染率、扑杀率等参数对整体疫情规模的影响，旨在明确各项干预手段的作用阈值与最优实施区间，进而识别不同干预强度下的传播规律。

图 7 展示了新疆整体累计人间布鲁氏菌病病例数随关键参数的变化规律。从变化趋势来看，累计病例数随调运率呈现典型的 U 型变化特征，这是免疫扩散与疾病传播两种效应共同作用的结果：当调运率处于较低水平时，调运带来的免疫流动效应占主导，可有效降低病例数；而当调运率处于较高水平时，调运引发的疾病跨区域扩散效应占据主导，导致病例数重新上升。累计病例数随接种率、扑杀率均呈单调递减且增速放缓的趋势，其中扑杀率在干预初期可实现病例数的快速下降。累计病例数随传染率则呈单调递增且增速先加快后放缓的趋势。

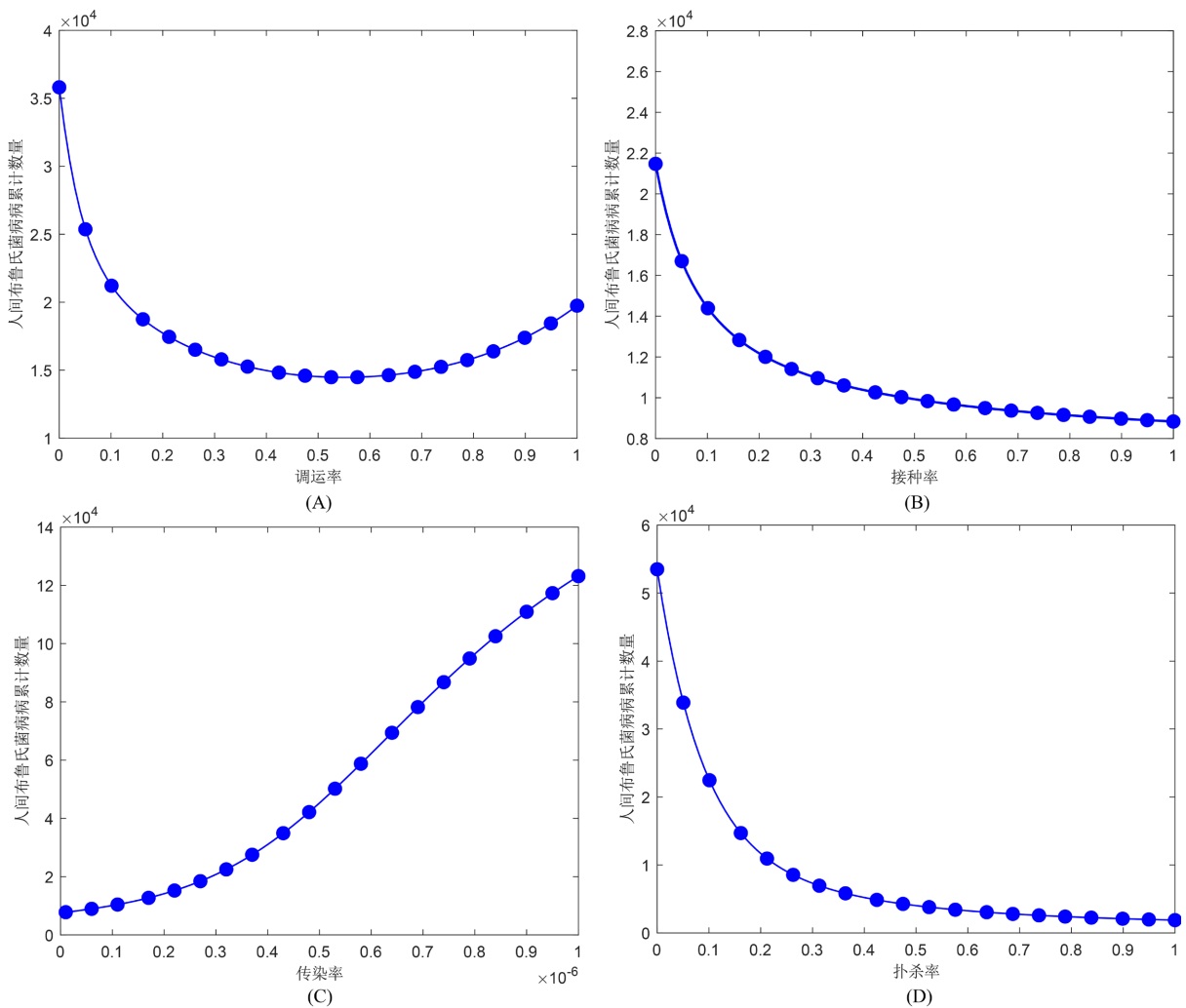


Figure 7. The variation pattern of cumulative human cases in Xinjiang with various parameters. (A) Transportation rate m , (B) immune rate ϵ , (C) infection rate β , (D) culling rate γ

图 7. 新疆累计人间病例数随各参数的变化规律。(A) 调运率 m , (B) 免疫率 ϵ , (C) 传染率 β , (D) 扑杀率 γ

从传播强度来看,不同参数对疫情规模的影响效应存在显著差异。传染率为疫情扩散的核心驱动,随其取值增加,病例数呈数量不断上升,印证了传染率是布病传播的核心驱动因素。调运率对疫情规模的影响呈现双向性,在约 0.4~0.6 的区间内累计病例数达到较低的水平,表明存在最优调运管控阈值。接种率与扑杀率均为有效的疫情抑制手段,其中扑杀率的干预效果在低强度阶段更为显著,当扑杀率提升至 0.4 后,累计病例数已降至极低水平,后续提升的边际效益逐渐减弱,为防控资源的优化配置提供了量化依据。

4.4.3. 累计人间病例随网络平均度的变化

由图 8 可见,当网络平均度处于较低水平时,累计人间病例数整体处于较高区间,且波动幅度剧烈,反映出高连通性调运网络下,疫情跨区域扩散活跃、传播风险高的特点;随着平均度逐步提升,累计病例数仅存在小幅波动,整体趋于平稳。这一结果表明,调运网络的连通性对布病传播规模具有显著影响,弱化网络连通性可有效抑制疫情的跨区域扩散,显著降低整体病例数。

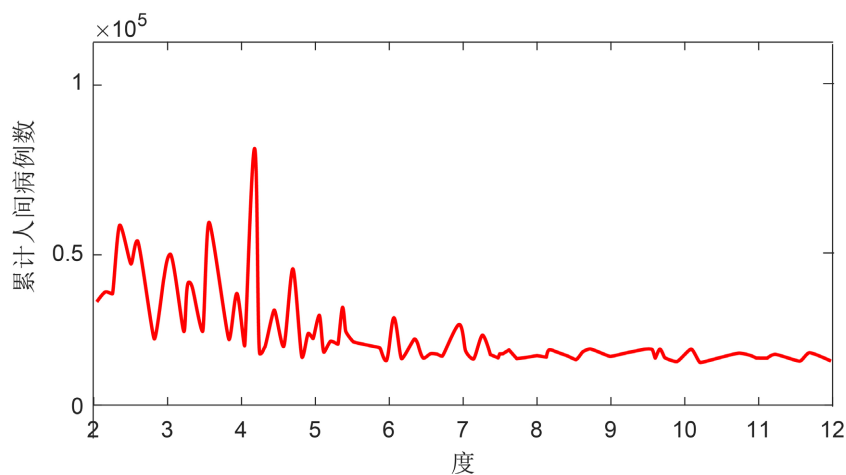


Figure 8. The curve of cumulative human cases in Xinjiang as a function of network average degree

图 8. 新疆累计人间病例随网络平均度的变化曲线

其中,网络平均度的调控是基于真实调运网络的度分布特征,通过重采样与参数拟合的方式生成了一系列具有不同平均度的同构模型网络。这种控制变量的方法确保了网络生成规则与真实调运网络的拓扑特征一致,排除了网络结构异质性的干扰,保证了模拟结果的可比性与可重复性。

从网络科学的渗流理论视角来看,该现象本质上对应调运网络的连通性相变。网络平均度在 2~7 区间恰好对应渗流临界区间:当平均度低于渗流阈值时,网络拓扑结构尚未形成全局连通的巨型分量,疫情仅能在局部连通子图内受限传播,导致病例数呈现剧烈波动;当平均度跨越临界阈值后,网络形成了覆盖全域的稳定传播通路,跨区域传播路径被打通,传播规模趋于稳定。

5. 总结与讨论

本文以新疆为研究对象,构建人羊耦合的布鲁氏菌病集合种群网络模型。基于真实调运数据构建绵羊调运网络,并结合新疆布病人间病例数据完成参数拟合;通过敏感性分析探究了传染率、调运率、免疫率及扑杀率对基本再生数的影响;系统分析了人间病例的时空传播特征、关键参数响应规律及网络平均度的阈值效应,为新疆及同类牧区的精准防控提供了量化依据。

研究表明,真实调运网络下布病呈现多节点异质性周期性爆发特征。关键参数调控效应存在差

异：传染率与基本再生数强正相关，是疫情扩散的核心驱动因素；调运率对病例数呈 U 型影响，低水平下免疫流动起到防控作用，高水平则加剧跨区域扩散；免疫率与扑杀率均呈显著抑制作用，且随强度提升而增强。网络平均度在 2~7 区间传播变化剧烈，大于 7 后趋于平稳。综上，新疆布病疫情与羊群调运高度关联，防控应重点针对北疆等调运集聚区域及核心枢纽节点实施精准管控，合理控制调运率区间，并提升核心养殖区免疫覆盖率与扑杀强度。

与现有研究多基于理想化网络不同，本文在真实羊群调运网络框架下开展动力学分析，有效解决了理论拓扑与真实传播环境的脱节问题，提升了结论的现实针对性与实践价值。然而，本研究仍存在不足：模型未考虑调运季节性 with 养殖异质性，缺乏对网络动态演化的刻画，且调运率 U 型效应的机制解释不够深入，未系统探讨网络结构及接种率等因素对最优调运窗口的影响。后续研究将进一步完善模型结构与机制分析，提升防控策略的前瞻性。

参考文献

- [1] 刘山红, 巴图, 马丽, 等. 2018-2023 年通辽市布鲁氏菌病流行特征及疾病负担分析[J]. 公共卫生与预防医学, 2026, 37(2): 74-78.
- [2] Deqiu, S., Donglou, X. and Jiming, Y. (2002) Epidemiology and Control of Brucellosis in China. *Veterinary Microbiology*, **90**, 165-182. [https://doi.org/10.1016/s0378-1135\(02\)00252-3](https://doi.org/10.1016/s0378-1135(02)00252-3)
- [3] Liu, Z., Shi, Y., Xue, C., Yuan, M., Li, Z. and Zheng, C. (2025) Epidemiological and Spatiotemporal Clustering Analysis of Human Brucellosis—China, 2019-2023. *China CDC Weekly*, **7**, 130-136. <https://doi.org/10.46234/ccdcw2025.020>
- [4] 张娜, 袁敏, 师悦, 等. 2024 年中国人间布鲁氏菌病时空分布特征[J]. 疾病监测, 2026, 41(1): 28-35.
- [5] 满腾飞, 王大力, 崔步云, 等. 2009 年全国布鲁氏菌病监测数据分析[J]. 疾病监测, 2010, 25(12): 944-946.
- [6] 程侠, 木合塔, 艾山, 等. 2016-2020 年新疆维吾尔自治区人间布鲁氏菌病流行特征分析[J]. 疾病监测, 2021, 36(12): 1270-1273.
- [7] 亚里昆, 赵江山, 王蒨, 等. 2021-2023 年新疆维吾尔自治区人间布鲁氏菌病监测数据分析[J]. 疾病监测, 2024, 39(11): 1405-1409.
- [8] 李颖, 艾日登才次克. 从动物疫病发生看畜禽调运监管[J]. 新疆畜牧业, 2014(1): 39-40.
- [9] Zhang, J., Ruan, S., Sun, G., et al. (2014) Analysis of a Multi-Patch Dynamical Model about Cattle Brucellosis. *Journal of Shanghai Normal University (Natural Sciences Mathematics)*, **43**, 441-455.
- [10] Yang, C., Lolika, P.O., Mushayabasa, S. and Wang, J. (2017) Modeling the Spatiotemporal Variations in Brucellosis Transmission. *Nonlinear Analysis: Real World Applications*, **38**, 49-67. <https://doi.org/10.1016/j.nonrwa.2017.04.006>
- [11] Lolika, P.O. and Mushayabasa, S. (2018) On the Role of Short-Term Animal Movements on the Persistence of Brucellosis. *Mathematics*, **6**, Article 154. <https://doi.org/10.3390/math6090154>
- [12] Qin, Y., Pei, X., Li, M. and Chai, Y. (2022) Transmission Dynamics of Brucellosis with Patch Model: Shanxi and Hebei Provinces as Cases. *Mathematical Biosciences and Engineering*, **19**, 6396-6414. <https://doi.org/10.3934/mbe.2022300>
- [13] Guo, J., Luo, X., Zhang, J. and Li, M. (2022) A Mathematical Model for Ovine Brucellosis during Dynamic Transportation of Sheep, and Its Applications in Jalaïd Banner and Ulanhot City. *Mathematics*, **10**, Article 3436. <https://doi.org/10.3390/math10193436>
- [14] Ma, X., Li, L., Guo, Z. and Sun, G. (2025) Transmission Dynamics of a Periodic Multipatch Brucellosis Model: Inner Mongolia and Liaoning Province as Cases. *International Journal of Biomathematics*. <https://doi.org/10.1142/s179352452550072x>
- [15] Msuya, R., Mirau, S., Nyerere, N. and Mbalawata, I. (2025) A Two-Patch Model to Quantify Uncertainties in the Transmission of Brucellosis between Domestic Animals. *Franklin Open*, **12**, Article ID: 100319. <https://doi.org/10.1016/j.fraope.2025.100319>
- [16] Pei, X., Wu, X., Pei, P., Li, M., Zhang, J. and Zhan, X. (2025) Dynamic Modeling and Analysis of Brucellosis on Metapopulation Network: Heilongjiang as Cases. *Chinese Physics B*, **34**, Article ID: 018904. <https://doi.org/10.1088/1674-1056/ad92ff>
- [17] Gómez-Gardeñes, J., Soriano-Paños, D. and Arenas, A. (2018) Critical Regimes Driven by Recurrent Mobility Patterns of Reaction-Diffusion Processes in Networks. *Nature Physics*, **14**, 391-395. <https://doi.org/10.1038/s41567-017-0022-7>
- [18] Shao, Q. and Han, D. (2022) Epidemic Spreading in Metapopulation Networks with Heterogeneous Mobility Rates.

-
- Applied Mathematics and Computation*, **412**, Article ID: 126559. <https://doi.org/10.1016/j.amc.2021.126559>
- [19] Jing, W., Zhao, Y., Zhang, J., *et al.* (2024) Impact of Heterogeneous Vaccination on Epidemic Dynamics in Metapopulation Networks. *Nonlinear Dynamics*, **113**, 5923-5937.
- [20] Granell, C., Gómez, S. and Arenas, A. (2013) Dynamical Interplay between Awareness and Epidemic Spreading in Multiplex Networks. *Physical Review Letters*, **111**, Article ID: 128701. <https://doi.org/10.1103/physrevlett.111.128701>
- [21] Yalkun, M., Zhao, J.S., Wang, S., He, H.B. and Adil, I. (2024) Analysis on Surveillance Data of Human Brucellosis in Xinjiang Uygur Autonomous Region, 2021-2023. *Disease Surveillance*, **39**, 1405-1409. (In Chinese)
- [22] Zhang, G.X., Chen, J.H., Zhang, Z.X., *et al.* (2023) Evaluation on the Effect of Prevention and Control of Livestock Brucellosis in Hami City of Xinjiang in 2022. *China Animal Health Inspection*, **40**, 16-20. (In Chinese)
- [23] Zhang, J. and Luo, S. (2022) Serological Surveillance on Brucellosis in Cattle and Sheep in Yiwu County of Xinjiang from 2017 to 2021. *China Animal Health Inspection*, **39**, 7-11. (In Chinese)
- [24] Ma, X. and Sun, G. (2024) Global Dynamics of a Periodic Brucellosis Model with Time Delay and Environmental Factors. *Applied Mathematical Modelling*, **130**, 288-309. <https://doi.org/10.1016/j.apm.2024.03.002>
- [25] Ma, X., Sun, G., Wang, Z., Chu, Y., Jin, Z. and Li, B. (2022) Transmission Dynamics of Brucellosis in Jilin Province, China: Effects of Different Control Measures. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, **114**, Article ID: 106702. <https://doi.org/10.1016/j.cnsns.2022.106702>
- [26] Gong, W., Sun, P., Zhai, C., Yuan, J., Chen, Y., Chen, Q., *et al.* (2023) Accessibility of the Three-Year Comprehensive Prevention and Control of Brucellosis in Ningxia: A Mathematical Modeling Study. *BMC Infectious Diseases*, **23**, Article No. 292. <https://doi.org/10.1186/s12879-023-08270-4>
- [27] Zhang, Z., Ma, X., Zhang, Y., Sun, G. and Zhang, Z. (2023) Identifying Critical Driving Factors for Human Brucellosis in Inner Mongolia, China. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, **626**, Article ID: 129073. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2023.129073>
- [28] Zhang, J., Jin, Z., Sun, G., Sun, X. and Ruan, S. (2012) Modeling Seasonal Rabies Epidemics in China. *Bulletin of Mathematical Biology*, **74**, 1226-1251. <https://doi.org/10.1007/s11538-012-9720-6>