

基于UANU-SIS模型的信息 - 疾病耦合传播动力学

陈陆平*

上海理工大学管理学院, 上海

收稿日期: 2024年12月20日; 录用日期: 2025年1月13日; 发布日期: 2025年1月17日

摘要

为了研究当信息遗忘概率随时间变化、正负向信息之间可以直接相互转化的情况下, 正负向信息传播对传染病传播的影响, 本文提出了UANU-SIS双层耦合网络模型。首先, 建立了一个双层耦合网络模型。其次, 通过微观马尔可夫链(MMCA)的方法, 推导出模型的动态转移方程和双层耦合网络流行病阈值表达式。最后, 利用仿真实验分析模型中各个参数对传染病传播的影响。结果表明, 加快个体间正面信息传播、抑制负面信息传播以及采取更好的传染病预防措施可以有效抑制传染病传播。

关键词

传染病传播, 信息传播, 时变遗忘概率, 双层耦合网络

Information-Disease Coupled Propagation Dynamics Based on the UANU-SIS Model

Luping Chen*

Business School, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai

Received: Dec. 20th, 2024; accepted: Jan. 13th, 2025; published: Jan. 17th, 2025

Abstract

To investigate the impact of the spread of positive and negative information on the transmission of infectious diseases when the probability of information forgetting changes over time and positive and negative information can be directly converted into each other, this paper proposes a UANU-SIS dual-coupled network model. First, a dual-coupled network model is established. Second, the dynamic

*通讯作者。

transition equations and the epidemic threshold expressions for the dual-coupled network are derived using the method of microscopic Markov chain analysis (MMCA). Finally, simulation experiments are used to analyze the impact of various parameters in the model on the transmission of infectious diseases. The results indicate that accelerating the spread of positive information among individuals, suppressing the spread of negative information, and adopting better preventive measures for infectious diseases can effectively inhibit the spread of infectious diseases.

Keywords

Epidemic Spread, Information Dissemination, Time-Varying Forgetting Probability, Dual-Coupled Network

Copyright © 2025 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

自古以来, 传染病一直是人类健康与社会经济秩序所面临的持续且严峻的挑战[1][2]。尤其在当今这个全球化和城市化进程不断加速的时代背景下, 传染病的传播速度和波及范围更是呈现出显著的增长态势[3]。在这一复杂多变的传染病环境中, 信息传播的作用愈发凸显, 成为传染病防控工作中不可或缺的一环[4]。正面信息的有效传播能够显著提升公众的防护意识, 促使人们采取科学合理的预防措施, 从而有效遏制传染病的蔓延。然而, 负面信息的扩散则可能引发公众的恐慌情绪, 导致社会不稳定因素的增加, 进而加速传染病的扩散[5]。因此, 深入研究信息传播在传染病防控中的作用机制, 探索如何利用信息传播手段来优化传染病防控策略, 对于保障人类健康、维护社会稳定具有极其重要的意义。

近年来, 双层耦合网络作为一种有效的工具, 被研究人员广泛应用于研究信息传播与疾病传播之间的相互作用中[6][7]。Velásquez-Rojas 等人首先分析了多路网络上两个不同过程之间的相互作用[8], 揭示了提高信息传播速度会降低疾病患病率, 而提升信息处理速度却可能带来患病率的上升, 这一发现为后续研究提供了重要启示。Li 等人进一步将信息流行病传播过程整合到疫苗接种动态中[9], 提出了多路网络中的进化疫苗接种博弈模型。他们的研究不仅揭示了信息传播在控制传染病中的关键作用, 还为制定有效的疫苗接种策略提供了科学依据。与此同时, You 等人将高阶交互作用引入信息建模, 利用情绪作为全新的配对媒介[10], 构建了情绪异质性参数影响下的信息配对分析模型。这一创新性的研究视角为理解个体间信息传播提供了新的思路。

然而, 先前的研究往往忽视了正负信息之间可以直接进行转换的情况[5][11]。在现实生活中, 个体极有可能对事物从正面看法直接转变为负面看法。其次, 现有研究很少考虑信息遗忘概率随时间变化的情况, 而人们的记忆与遗忘情况是遵循艾宾浩斯曲线的[12][13]。针对上述研究不足, 本文提出了 UANU-SIS 双层耦合网络模型, 旨在研究信息遗忘概率随时间变化时, 可以相互转化的正负面信息传播对传染病传播的影响。

2. 双层耦合网络模型

在本文的 UANU-SIS 模型中, 如图 1 所示, 下层网络代表物理接触层的传染病传播, 上层则描述与传染病相关的正负信息传播。两层网络的边均为无权重无向, 且节点一一对应, 即个体同时存在于上层与下层网络中。然而, 个体在两层网络中的连接方式不同, 即它们的拓扑结构各异。研究表明, 人们往

往在线上的社交范围要大于线下的社交[14][15]，也就是上层网络中节点的平均度要更大一些。模型中各个参数的含义如表 1 所示。

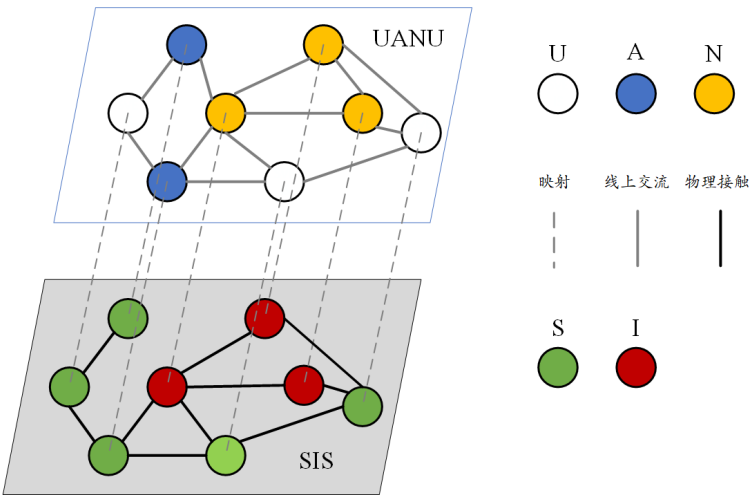


Figure 1. UANU-SIS coupled model information-disease schematic diagram
图 1. 信息 - 疾病耦合模型 UANU-SIS 示意图

Table 1. Meanings of the parameters in the model
表 1. 模型中各个参数的含义

参数	含义
τ_A	正向信息遗忘率中的遗忘速率
τ_N	负向信息遗忘率中的遗忘速率
v_A	正向信息遗忘率中的初始值
v_N	负向信息遗忘率中的初始值
μ	下层处于感染态(I)重新恢复为易感态(S)的概率
β	下层处于易感态(S)转变为潜伏态(I)的概率
γ_A	处于 A 状态节点的感染衰减因子
γ_N	处于 N 状态节点的感染衰减因子
α	正负向信息基础转换比率
λ_N	负向信息传播率
λ_A	正向信息传播率

在上层信息传播网络中，个体存在三种状态：未知传染病信息(U)、了解传染病信息并持正面积极的预防态度(A)、了解传染病信息并持负面消极的预防态度(N)。这些状态的转换机制如图 2(a)所示。U 状态个体对信息不敏感，不采取预防措施；A 状态个体了解信息并采取积极预防；N 状态个体虽了解信息，但采取消极预防。并且处于 A 和 N 状态的个体会向网络邻居传播其信息与观点，同时具有一定概率遗忘信息，从而回归 U 状态。

下层网络则采用 SIS 模型描述流行病传播，个体分为易感状态(S)和感染状态(I)，转换规则如图 2(b)所示。S 状态个体健康但可能被感染，I 状态个体已感染并有能力感染邻居，同时也有一定概率恢复为 S 状态。

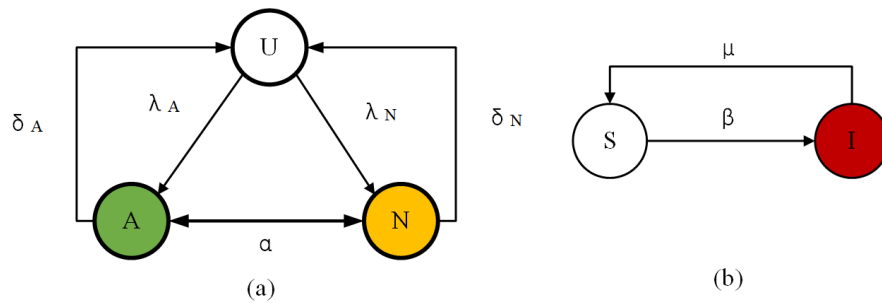


Figure 2. (a) Rules for state transition in the information layer; (b) Rules for state transition in the disease layer

图 2. (a) 信息层状态转换规则; (b) 疾病层状态转换规则

综合上述分析, 个体总共有 6 种可能的耦合叠加状态, 即 US、UI、AS、AI、NS、NI。然而, 当个体被感染后, 必然会意识到传染病的存在[16], 因此我们假定 UI 状态的个体都会自动变为 AI 状态。因此在模型中只需要考虑 5 种潜在状态——US、AS、NS、AI、NI, 每一个体都只在这 5 种状态中进行转换。对于信息层还有以下设定和说明:

(1) 网络中的个体对不同类型的信息的接收率和遗忘率都不相同, 由于人们对负面性质的信息往往更感兴趣[17], 因此本文设定的负面信息传播率 λ_N 要高于正面信息传播率 λ_A , 而对应的正面信息遗忘率 $\delta_A(t)$ 要高于负面信息遗忘率 $\delta_N(t)$, 且时变信息遗忘率 $\delta(t)$ 的表达式为[18]:

$$\delta(t) = \begin{cases} 0, & v - e^{-\tau t} < 0 \\ v - e^{-\tau t}, & 0 < v - e^{-\tau t} < 1 \\ 1, & v - e^{-\tau t} > 1 \end{cases}$$

(2) 持有的信息类型不同会影响个体被感染的概率, 设定信息层状态为 U 的个体被感染的概率为 β , 信息层状态为 A 的个体被感染的概率为 β^A , 信息层状态为 N 的个体被感染的概率为 β^N , 那么 $\beta^N = \gamma_N \beta$, $\beta^A = \gamma_A \beta$ ($0 < \gamma_A < \gamma_N < 1$)。

3. 动态转移方程和流行病阈值

本节中利用 Gomez 等人提出的微观马尔可夫链方法(MMCA)推导出 UANU-SIS 模型下流行病传播的动力学方程[19], 网络中各节点下一时刻处于某种状态的概率可以用上一时刻的概率计算得到。此外, 网络的流行病阈值是决定流行病能否在网络中大规模传播的关键参数, 并能直接反映出网络抵抗传染病传播的能力, 因此文中还分析计算了所提模型的流行病阈值表达式。

3.1. MMCA 动态方程

假设个体 i 在 t 时刻处于各个状态的概率分别为: $p_i^{US}(t)$, $p_i^{AS}(t)$, $p_i^{NS}(t)$, $p_i^{AI}(t)$, $p_i^{NI}(t)$, 通过不同项的相加, 可得节点 i 在 t 时刻处于信息或疾病的单一状态概率, 如节点 i 在 t 时刻处于 U 状态的概率为: $p_j^U(t) = p_j^{US}(t)$, 处于 A 状态的概率为: $p_j^A(t) = p_j^{AS}(t) + p_j^{AI}(t)$, 处于 I 状态的概率为: $p_j^I(t) = p_j^{NI}(t) + p_j^{AI}(t)$ 。将 $A = (a_{ij})$ 和 $B = (b_{ij})$ 分别定义为信息传播层和疾病传播层的邻接矩阵, 其中如果节点 i 和节点 j 在线下或者线上有过交流, 则元素 $a_{ij} = 1$, 否则 $a_{ij} = 0$ 。如果节点 i 和节点 j 在线下有物理接触, 则 $b_{ij} = 1$, 否则 $b_{ij} = 0$ 。对于重要参数设置如下:

在信息传播层: 1) 分别使用 $r_i^A(t)$ 、 $r_i^N(t)$ 来表示在 t 时刻处于 U 状态的节点 i 不会转变成 A 和 N 状态的概率, 计算公式如等式(1)、(2)所示; 2) 我们使用 $s_i^A(t)$ 表示节点 i 在 t 时刻不会从状态 A 转换为 N

状态的概率, 使用 $s_i^N(t)$ 表示节点 i 在 t 时刻不会从状态 N 转换为 A 状态的概率, 计算公式如等式(3)、(4)所示。

在疾病传播层, 分别使用 $q_i^U(t)$ 、 $q_i^A(t)$ 、 $q_i^N(t)$ 来表示在 t 时刻处于 U、A 和 N 状态的节点 i 不会被感染的概率, 计算公式如等式(5)、(6)、(7)所示。

$$r_i^A(t) = \prod_j (1 - a_{ji} p_j^A(t) \lambda_A) \quad (1)$$

$$r_i^N(t) = \prod_j (1 - a_{ji} p_j^N(t) \lambda_N) \quad (2)$$

$$s_i^A(t) = H \left[\alpha - \frac{\sum_j a_{ji} p_j^N(t) + p_j^U(t)}{\sum_j a_{ji}} \right] \quad (3)$$

$$s_i^N(t) = H \left[\alpha - \frac{\sum_j a_{ji} p_j^A(t)}{\sum_j a_{ji}} \right] \quad (4)$$

$$q_i^U(t) = \prod_j (1 - b_{ji} (p_j^{NI}(t) + p_j^{AI}(t)) \beta^U) \quad (5)$$

$$q_i^A(t) = \prod_j (1 - b_{ji} (p_j^{NI}(t) + p_j^{AI}(t)) \beta^A) \quad (6)$$

$$q_i^N(t) = \prod_j (1 - b_{ji} (p_j^{NI}(t) + p_j^{AI}(t)) \beta^N) \quad (7)$$

在以上等式中, 1) α 是一个阈值, 用来控制个体在正负面信息状态之间转换的难易程度, α 越大, 个体就越难以直接在正负面信息状态之间进行转换。2) $H(x)$ 是一个函数, 当 $x > 0$ 时, $H(x)$ 等于 1, 表示个体将继续保持当前持有的信息状态。当 $x < 0$ 时, $H(x)$ 等于 0, 表示个体将改变当前持有的信息状态。

因为每个时间步长包含 2 个状态转换序列: 个体信息传播过程和个体疾病传播过程。因此文中构造了一个状态转移概率树, 用个体上一时刻处于各个状态的概率来表示下一时刻处于各个状态的概率, 如图 3 所示。基于状态转移概率树, 可以用 MMCA 推导出 5 个动态演化方程, 如等式(8)~(12)

$$p_i^{US}(t+1) = p_i^{US}(t) r_i^A(t) r_i^N(t) q_i^U + p_i^{AS}(t) \delta_A(t) q_i^U + p_i^{NS}(t) \delta_N(t) q_i^U + p_i^{AI}(t) \delta_A(t) \mu + p_i^{NI}(t) \delta_N(t) \mu \quad (8)$$

$$p_i^{AS}(t+1) = p_i^{US}(t) (r_i^N(t) - r_i^A(t) r_i^N(t)) q_i^A + p_i^{AS}(t) (1 - \delta_A(t)) s^A q_i^A + p_i^{NS}(t) (1 - \delta_N(t)) (1 - s^N) q_i^A + p_i^{AI}(t) (1 - \delta_A(t)) s^A \mu + p_i^{NI}(t) (1 - \delta_N(t)) (1 - s^N) \mu \quad (9)$$

$$p_i^{NS}(t+1) = p_i^{US}(t) (1 - r_i^N(t)) q_i^N + p_i^{AS}(t) (1 - \delta_A(t)) (1 - s^A) q_i^N + p_i^{NS}(t) (1 - \delta_N(t)) s^N q_i^N + p_i^{AI}(t) (1 - \delta_A(t)) (1 - s^A) \mu + p_i^{NI}(t) (1 - \delta_N(t)) s^N \mu \quad (10)$$

$$p_i^{AI}(t+1) = p_i^{US}(t) [r_i^A(t) r_i^N(t) (1 - q_i^U) + (r_i^N(t) - r_i^A(t) r_i^N(t)) (1 - q_i^A)] + p_i^{AS}(t) [\delta_A(t) (1 - q_i^U) + (1 - \delta_A(t)) s^A (1 - q_i^A)] + p_i^{NS}(t) [\delta_N(t) (1 - q_i^U) + (1 - \delta_N(t)) (1 - s^N) (1 - q_i^A)] + p_i^{AI}(t) [(1 - \delta_A(t)) s^A (1 - \mu) + \delta_A(t) (1 - \mu)] + p_i^{NI}(t) [(1 - \delta_N(t)) (1 - s^N) (1 - \mu) + \delta_N(t) (1 - \mu)] \quad (11)$$

$$\begin{aligned}
p_i^{NI}(t+1) = & p_i^{US}(t)(1-r^N)(1-q_i^N) + p_i^{AS}(t)(1-\delta_A(t))(1-s^A)(1-q_i^N) \\
& + p_i^{NS}(t)(1-\delta_N(t))s^N(1-q_i^N) + p_i^{AI}(t)(1-\delta_A(t))(1-s^A)(1-\mu) \\
& + p_i^{NI}(t)(1-\delta_N(t))s^N(1-\mu)
\end{aligned} \quad (12)$$

其中 $p_i(t)$ 表示的是 t 时刻个体处于某一状态的概率, $p_i(t+1)$ 表示的是 $t+1$ 时刻个体处于某一状态的概率, 后者均可用前者进行四则运算得到。另外, 由于个体在某一时刻必定会处在 5 种状态中的某一种状态, 所以还有以下的规范化条件: $p_i^{US}(t) + p_i^{AS}(t) + p_i^{NS}(t) + p_i^{AI}(t) + p_i^{NI}(t) = 1$ 。

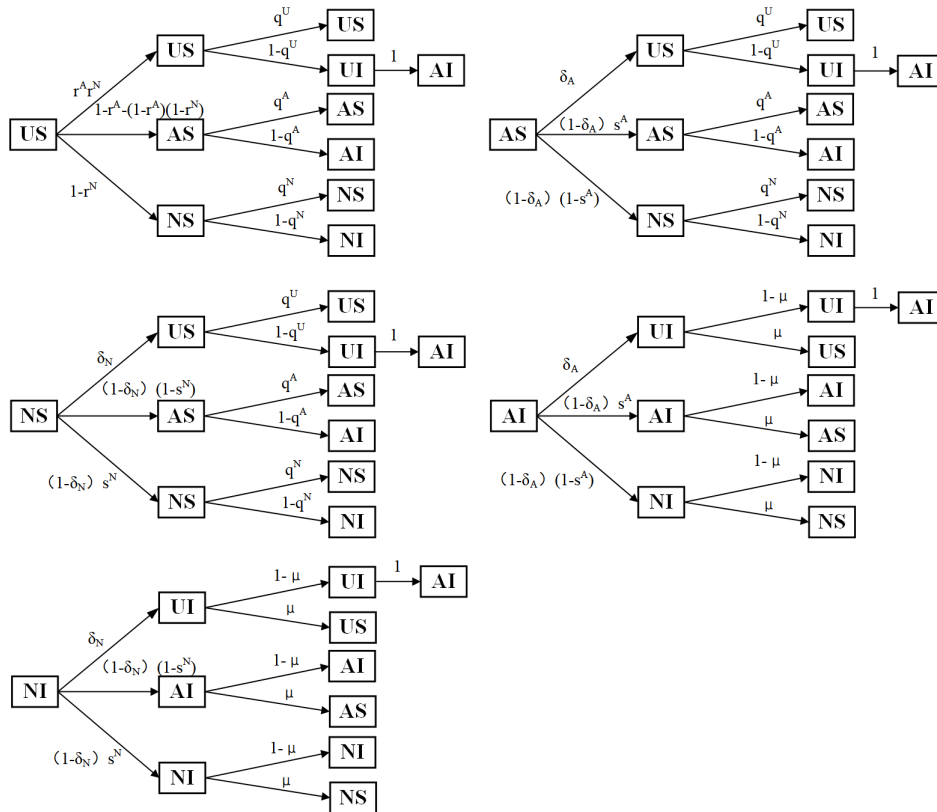


Figure 3. A state transition probability tree that includes the five states of individual US, AS, NS, AI, and NI. Each time step is divided into two state transition sequences: individual information dissemination and individual disease transmission (the automatic transition of UI to AI is not included)

图 3. 包含个体 US、AS、NS、AI、NI 这 5 个状态的状态转移概率树。每个时间步长为 2 个状态转换序列: 个体信息传播和个体疾病传播(UI 自动转变为 AI 不计入内)

3.2. 流行病阈值

当整个系统处于静止状态时, 所有节点的 5 个状态概率都满足等式 $p_i(t+1) = p_i(t) = p_i$ 。在流行病阈值附近, 由于每个个体被感染的概率接近于 0, 因此我们设定 $p_i^I \ll 1$ 。此时, 我们可以得到: $p_i^U \approx p_i^{US}$, $p_i^A \approx p_i^{AS}$, $p_i^N \approx p_i^{NS}$ 。令 $\beta^U \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = \alpha_i^U$, $\beta^A \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = \alpha_i^A$, $\beta^N \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = \alpha_i^N$, 等式(5)~(7)可以用以下近似值(13)~(15)代替:

$$q_i^U = \prod_j (1 - b_{ji} \epsilon_j^I \beta^U) \approx 1 - \beta^U \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = 1 - \alpha_i^U \quad (13)$$

$$q_i^A = \prod_j (1 - b_{ji} \epsilon_j^I \beta^A) \approx 1 - \beta^A \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = 1 - \alpha_i^A \quad (14)$$

$$q_i^N = \prod_j (1 - b_{ji} \epsilon_j^I \beta^N) \approx 1 - \beta^N \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = 1 - \alpha_i^N \quad (15)$$

由于 $p_i^I = p_i^{AI} + p_i^{NI}$ ，将 p_i^{AI} 和 p_i^{NI} 代入可得等式(16)：

$$\begin{aligned} \mu p_i^I &= p_i^{US} \left[r_i^A r_i^N (1 - q_i^U) + (r_i^N - r_i^A r_i^N) (1 - q_i^A) + (1 - r^N) (1 - q_i^N) \right] \\ &\quad + p_i^{AS} \left[\delta_A (1 - q_i^U) + (1 - \delta_A) s^A (1 - q_i^A) + (1 - \delta_A) (1 - s^A) (1 - q_i^N) \right] \\ &\quad + p_i^{NS} \left[\delta_N (1 - q_i^U) + (1 - \delta_N) (1 - s^N) (1 - q_i^A) + (1 - \delta_N) s^N (1 - q_i^N) \right] \end{aligned} \quad (16)$$

将 q_i^U 、 q_i^A 、 q_i^N 代入等式(16)当中，可以得到等式(17)：

$$\begin{aligned} \mu \epsilon_i^I &= p_i^{US} \left[r_i^A r_i^N \alpha_i^U + (r_i^N - r_i^A r_i^N) \alpha_i^A + (1 - r^N) \alpha_i^N \right] \\ &\quad + p_i^{AS} \left[\delta_A \alpha_i^U + (1 - \delta_A) s^A \alpha_i^A + (1 - \delta_A) (1 - s^A) \alpha_i^N \right] \\ &\quad + p_i^{NS} \left[\delta_N \alpha_i^U + (1 - \delta_N) (1 - s^N) \alpha_i^A + (1 - \delta_N) s^N \alpha_i^N \right] \end{aligned} \quad (17)$$

移除 p_i^{US} 、 p_i^{AS} 、 p_i^{NS} 当中关于 $O(\epsilon_i)$ 的高阶项，可以得到：

$$\begin{aligned} p_i^{US} &= p_i^{US} r_i^A r_i^N + p_i^{AS} \delta_A + p_i^{NS} \delta_N \\ p_i^{AS} &= p_i^{US} (r_i^N - r_i^A r_i^N) + p_i^{AS} (1 - \delta_A) s^A + p_i^{NS} (1 - \delta_N) (1 - s^N) \\ p_i^{NS} &= p_i^{US} (1 - r_i^N) + p_i^{AS} (1 - \delta_A) (1 - s^A) + p_i^{NS} (1 - \delta_N) s^N \end{aligned}$$

由此，公式可以化简为等式(18)：

$$\begin{aligned} \mu \epsilon_i^I &= p_i^{US} \left[r_i^A r_i^N \alpha_i^U + (r_i^N - r_i^A r_i^N) \alpha_i^A + (1 - r^N) \alpha_i^N \right] \\ &\quad + p_i^{AS} \left[\delta_A \alpha_i^U + (1 - \delta_A) s^A \alpha_i^A + (1 - \delta_A) (1 - s^A) \alpha_i^N \right] \\ &\quad + p_i^{NS} \left[\delta_N \alpha_i^U + (1 - \delta_N) (1 - s^N) \alpha_i^A + (1 - \delta_N) s^N \alpha_i^N \right] \\ &= \alpha_i^U \mathbf{p}_i^U + \alpha_i^N \mathbf{p}_i^N + \alpha_i^A \mathbf{p}_i^{AS} \end{aligned} \quad (18)$$

可知： $\alpha_i^A = \gamma_A \alpha_i^U$ 、 $\alpha_i^N = \gamma_N \alpha_i^U$ 、 $\beta^U = \beta$ ，而由上文的设置可知 $\beta^U \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I = \alpha_i^U$ ，因此可以得到等式(19)：

$$\begin{aligned} \mu \epsilon_i^I &= \alpha_i^U \mathbf{p}_i^U + \gamma_A \alpha_i^U \mathbf{p}_i^A + \gamma_N \alpha_i^U \mathbf{p}_i^N \\ &= (\mathbf{p}_i^U + \gamma_A \mathbf{p}_i^A + \gamma_N \mathbf{p}_i^N) \beta \sum_j b_{ji} \epsilon_j^I \end{aligned} \quad (19)$$

对上式进行化简，可得：

$$\sum_j \left[(\mathbf{p}_i^U + \gamma_A \mathbf{p}_i^A + \gamma_N \mathbf{p}_i^N) b_{ji} - \frac{\mu}{\beta_C} \alpha_{ji} \right] \epsilon_j^I = 0$$

其中 α_{ji} 是单位矩阵的元素，如果 $i = j$ ， $\alpha_{ji} = 1$ ，否则 $\alpha_{ji} = 0$ 。

用元素 $(\mathbf{p}_i^U + \gamma_A \mathbf{p}_i^A + \gamma_N \mathbf{p}_i^N) b_{ji}$ 来定义矩阵 H ，则上述等式可以用矩阵的形式来描述：

$$H \epsilon^I = \frac{\mu}{\beta_C} \epsilon^I$$

其中 $\epsilon^I = (\epsilon_1^I, \epsilon_2^I, \epsilon_3^I, \dots)^T$ ，显然， H 的特征值等于 $\frac{\mu}{\beta_C}$ ，所以本模型的流行阈值为满足等式条件下的最小值。

因此，该模型中传染病的流行阈值为：

$$\beta_c = \frac{\mu}{\Lambda_{\max}(H)}$$

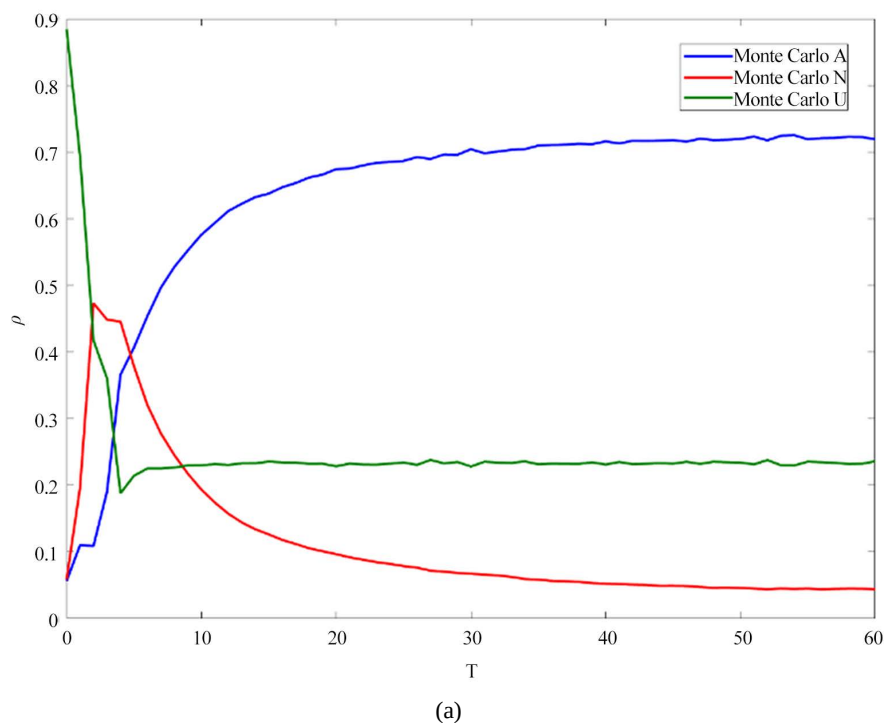
其中, $\Lambda_{\max}(H)$ 为 H 的最大特征值, 根据该式, 我们可以清楚地发现, 流行病阈值 β_c 与网络拓扑结构和各种模型参数有关, 并且和恢复率 μ 呈现出高度的正相关性。它不仅受到信息传播的影响, 还受到疾病层各类状态变化参数的影响。

4. 仿真实验

本节的实验模拟将使用 MATLAB 软件进行, 将疾病传播层中处于 S、I 这 2 个状态的个体比例分别定义为 ρ^S 、 ρ^I , 将信息扩散层中处于 U、A、N 这 3 个状态的个体比例分别定义为 ρ^U 、 ρ^A 、 ρ^N 。对于 MC 而言, $\rho^I = \frac{N_S}{N}$, $\rho^U = \frac{N_U}{N}$, 其中, N_S 和 N_U 分别表示网络中信息层处于 S 状态个体和疾病层处于 U 状态个体的数量, N 则表示网络中的个体总数。对于 MMC 而言, $\rho^I = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N p_i^I$, $\rho^U = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N p_i^U$, 其中, p_i^I 和 p_i^U 分别表示节点 i 处于 I 状态和 U 状态的概率, N 则依然表示网络中的个体总数。

4.1. 实验设置

本实验的上下层网络类型统一采用 BA 网络, 节点数量都设为 1000 个, 初始生成的节点平均密度为 6, 并且上层网络比下层网络多 400 条边。实验结果都是采取运行 50 次后的平均值。网络中节点初始状态设置情况为: 疾病传播层中处于 S 状态的人数占 98%, 处于 I 状态的人数占 2%。信息扩散群中处于 N 状态的人数占 5%, 处于 A 状态的人数占 5%, 处于 U 状态的人数占 90%。因此, 节点在 5 个状态的初始状态概率值设定如下: $p_i^{US}(t) = 0.9$ 、 $p_i^{AS}(t) = 0.04$ 、 $p_i^{NS}(t) = 0.04$ 、 $p_i^{AI}(t) = 0.01$ 、 $p_i^{NI}(t) = 0.01$ 。其余参数取值设置如下: $\lambda_A = 0.25$, $\lambda_N = 0.35$, $\gamma_A = 0.4$, $\gamma_N = 0.8$, $\mu = 0.3$, $\beta = 0.3$, $\alpha = 0.5$, $v_A = 1$, $\tau_A = 0.6$, $v_N = 0.9$, $\tau_N = 0.4$ 。



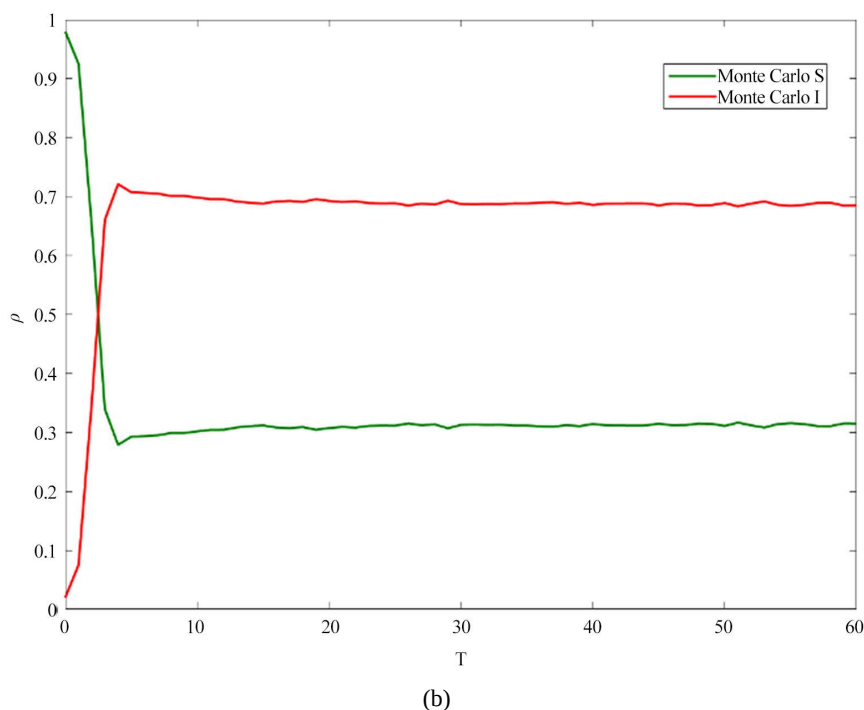


Figure 4. MC simulation plots showing the change in population state density over time
图 4. MC 模拟下人群状态密度随时间的变化曲线图

4.2. MC 模拟曲线图

蒙特卡洛模拟, 也称统计模拟方法, 是一种以概率统计理论为指导的数值计算方法。它使用随机数(或更常见的伪随机数)来解决很多计算问题, 尤其适用于那些难以用解析方法求解的问题。在信息-疾病双层耦合网络模型中, 蒙特卡洛模拟可以模拟信息和疾病在人群中的传播, 利用蒙特卡洛模拟生成随机数来模拟个体之间的交互过程, 从而观察信息传播和疾病传播的变化趋势(处于各个状态的人群密度)。因此, 本文首先使用蒙特卡洛模拟(MC), 得到了不同状态下的人群密度随时间步长 t 的变化情况, 该结果是通过 50 次模拟取得的平均值。由图 4(a)可知, A 状态的人群密度随时间的增长而不断提升, 直至达到阈值, 之后就在 0.72 周围小幅度波动。而 N 状态的人群密度先是不断增长达到 0.47, 随后又呈现下降的趋势, 直至在 0.04 周围波动。图 4(b)描述了 I 状态人群密度随时间增长而增长, 并很快达到 0.68 稳定值。而 S 状态人群密度变化趋势刚好相反, 这说明当人群在不受到任何外界干预的情况下, 最终持有正向信息态度的人数和处于感染态的人数都将会超过了总人数的 2/3。

4.3. 参数敏感性分析曲线图

为了研究各个参数对传染病传播的影响, 本文模拟了信息层和疾病层主要参数和 ρ^I 的关系图。由图 5(a)、图 5(b)显示的信息可知, ρ^I 的值随着 β 的增加而不断增加, 这是因为当人们恢复的概率 μ 不变时, 人们感染的概率 β 越大, 系统稳定后被感染的个体数量比例会就越高。从变化趋势上看, ρ^I 和参数 λ_N 、 γ_N 成正比, 与参数 λ_A 、 γ_A 成反比。由图 5(c)、图 5(d)显示的信息可知, ρ^I 的值随着 μ 的增加而不断减小, 这是因为当人们感染的概率 β 不变时, 人们更容易从感染状态 I 恢复为 S, 系统稳定后被感染的个体数量比例会就越低。

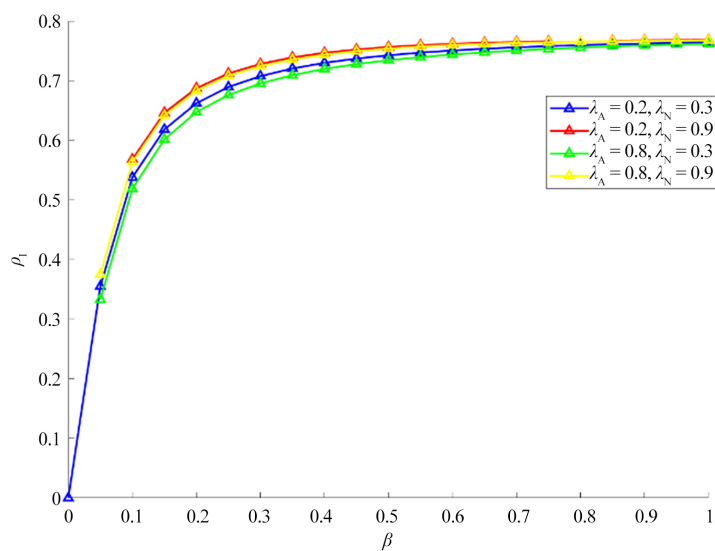
(1) 当感染率 β 处于[0.1~0.6]时, 信息传播率对人群感染人数比例 ρ^I 影响明显, 这是因为当感染率 β 过小或过大时, 信息对人群产生的作用不大。当负向信息传播率 λ_N 过大时, 正向信息传播率 λ_A 的影响作

用将被大大削弱。

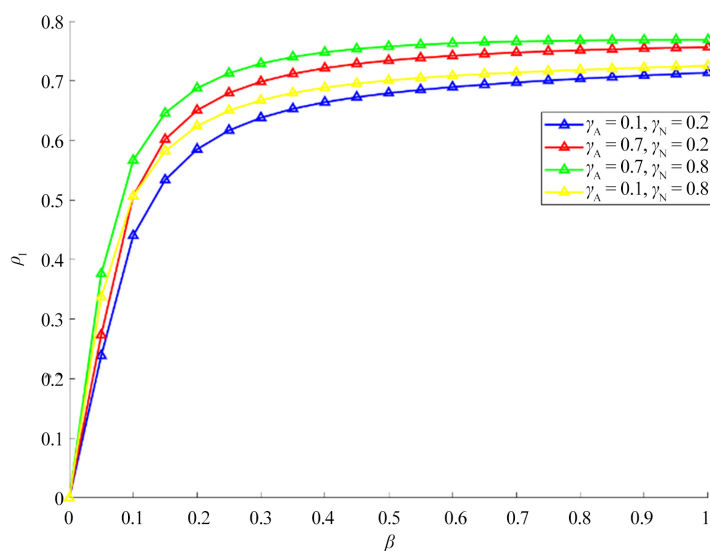
(2) 无论 β 如何变动, 信息感染衰减因子 γ_A 和 γ_N 始终对人群感染人数比例 ρ^I 有着较大影响, 当信息感染衰减因子较小时, 说明信息能极大程度影响人们受到感染的概率, 此时信息对传染病防控起着至关重要的作用。相反, 当信息感染衰减因子较大时, 信息并不能很大程度上减小人们受感染的概率。此外, 无论负向信息感染衰减因子多大, 都不能限制正向信息感染衰减因子对感染人数的衰减作用。

(3) 当恢复率 μ 小于 0.4 时, 负向信息初始遗忘值对 ρ^I 影响极小, 此时正向信息遗忘率中的初始值越大, 就越有利于 ρ^I 的增大。因为当人们越容易遗忘正向信息时, 受到的感染概率将越大。而当恢复率 μ 大于 0.4 时, 正向信息遗忘率中的初始值越小, 反而有利于 ρ^I 的增大。这说明当恢复率较大时, 人们很容易从感染态 I 恢复为 S, 不掌握任何信息反而利于传染病的控制。

(4) 无论是正向信息遗忘速率还是负向信息遗忘速率, 都对 ρ^I 影响极小, 只有当 μ 趋近于 0.8 或 0.95 时, 会出现个别反常现象。



(a)



(b)

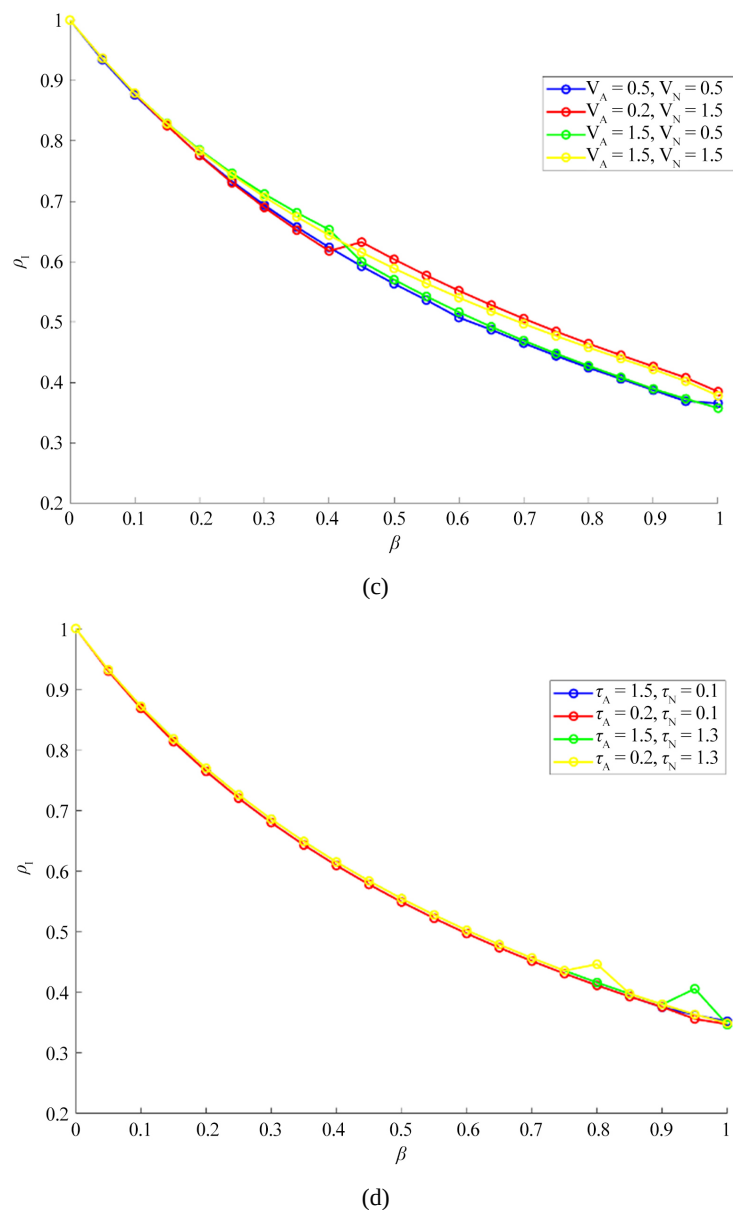


Figure 5. Graphs of the proportion of individuals in the I state (ρ_I) as a function of β and μ under different parameter values

图 5. 在不同参数值下, I 状态个体的比例(ρ_I)作为 β 、 μ 的函数曲线图

5. 结论

在本文中, 考虑了信息的时变遗忘概率和正负信息转换阈值, 构建了一个 UANU-SIS 的新型双层网络模型。首先, 本文利用微观马尔可夫链方法建立了动态转移方程, 并推导了模型的流行病阈值, 通过流行病阈值的表达式可以发现阈值和恢复率 μ 呈现高度的正相关性, 并且感染衰减因子 γ_A 和 γ_N 也和阈值大小高度相关, 因此社会医疗水平越高, 当地人群抵抗传染病传播的能力越强。其次, 本文研究了模型参数对传染病传播的影响。结果表明, 信息传播率、感染衰减因子以及初始信息遗忘率这些参数会极大地影响疾病传播情况, 并且分析得知加快个体间正面信息传播、抑制负面信息传播、采取更好的传染病预防措施以及提高人们的免疫力, 可以有效抑制传染病传播。本研究结果有助于理解在更贴切实际传染

病传播背景下, 信息传播与疾病传播之间的耦合影响, 并为实际应用中的传染病防控提供了有价值的见解和理论依据。

然而, 本文也存在一些局限性。首先, 为了简化模型, 文中假设个体会自动由 UI 状态转变为 AI 状态, 但也有人患病后并不承认是受到该传染病的感染的情况。其次, 文中没有考虑网络结构的动态演化, 实际上人类的社会关系会随着时间不断变化, 物理接触层和虚拟通信层都是动态而非静止的。在未来的研究中, 将考虑添加 UI 状态, 并考虑更多贴合实际传播情况的因素, 得到更准确的研究结果。

基金项目

国家社会科学基金(批准号: 21BGL217)和江苏省教育厅哲学社会科学基金(批准号: 2020SJA2346)。

参考文献

- [1] 王春丽, 李子艳, 毛艳艳, 黄瑶庆, 彭淳. 重大传染性疾病的流行病学回顾[J]. 中国抗生素杂志, 2021, 46(6): 493-500.
- [2] 杨维中, 张婷. 高度不确定新发传染病的应对策略和措施[J]. 中华流行病学杂志, 2022, 43(5): 627-633.
- [3] Antràs, P., Redding, S.J. and Rossi-Hansberg, E. (2023) Globalization and Pandemics. *American Economic Review*, **113**, 939-981. <https://doi.org/10.1257/aer.20201479>
- [4] Zhang, J., Wang, X. and Chen, S. (2023) Study on the Interaction between Information Dissemination and Infectious Disease Dissemination under Government Prevention and Management. *Chaos, Solitons & Fractals*, **173**, Article 113601. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2023.113601>
- [5] Wang, Z., Xia, C., Chen, Z. and Chen, G. (2021) Epidemic Propagation with Positive and Negative Preventive Information in Multiplex Networks. *IEEE Transactions on Cybernetics*, **51**, 1454-1462. <https://doi.org/10.1109/tcyb.2019.2960605>
- [6] Lu, Y. and Liu, J. (2019) The Impact of Information Dissemination Strategies to Epidemic Spreading on Complex Networks. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, **536**, Article 120920. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2019.04.156>
- [7] Feng, M., Liu, L., Chen, J. and Xia, C. (2024) Heterogeneous Propagation Processes between Awareness and Epidemic on Signed Multiplex Networks. *Chaos, Solitons & Fractals*, **183**, Article 114858. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2024.114858>
- [8] Velásquez-Rojas, F., Ventura, P.C., Connaughton, C., Moreno, Y., Rodrigues, F.A. and Vazquez, F. (2020) Disease and Information Spreading at Different Speeds in Multiplex Networks. *Physical Review E*, **102**, Article 022312. <https://doi.org/10.1103/physreve.102.022312>
- [9] Li, X., Li, C. and Li, X. (2022) The Impact of Information Dissemination on Vaccination in Multiplex Networks. *Science China Information Sciences*, **65**, Article No. 172202. <https://doi.org/10.1007/s11432-020-3076-1>
- [10] You, X., Zhang, M., Ma, Y., Tan, J. and Liu, Z. (2023) Impact of Higher-Order Interactions and Individual Emotional Heterogeneity on Information-Disease Coupled Dynamics in Multiplex Networks. *Chaos, Solitons & Fractals*, **177**, 114186. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2023.114186>
- [11] Wang, Z. and Xia, C. (2020) Co-Evolution Spreading of Multiple Information and Epidemics on Two-Layered Networks under the Influence of Mass Media. *Nonlinear Dynamics*, **102**, 3039-3052. <https://doi.org/10.1007/s11071-020-06021-7>
- [12] Murre, J.M.J. and Dros, J. (2015) Replication and Analysis of Ebbinghaus' Forgetting Curve. *PLOS ONE*, **10**, e0120644. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0120644>
- [13] Wixted, J.T. (2022) The Enigma of Forgetting. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, **119**, e2201332119. <https://doi.org/10.1073/pnas.2201332119>
- [14] Lieberman, A. and Schroeder, J. (2020) Two Social Lives: How Differences between Online and Offline Interaction Influence Social Outcomes. *Current Opinion in Psychology*, **31**, 16-21. <https://doi.org/10.1016/j.copsyc.2019.06.022>
- [15] Dunbar, R.I.M., Arnaboldi, V., Conti, M. and Passarella, A. (2015) The Structure of Online Social Networks Mirrors Those in the Offline World. *Social Networks*, **43**, 39-47. <https://doi.org/10.1016/j.socnet.2015.04.005>
- [16] Granell, C., Gómez, S. and Arenas, A. (2013) Dynamical Interplay between Awareness and Epidemic Spreading in Multiplex Networks. *Physical Review Letters*, **111**, Article 128701. <https://doi.org/10.1103/physrevlett.111.128701>
- [17] Alves, H., Koch, A. and Unkelbach, C. (2017) Why Good Is More Alike than Bad: Processing Implications. *Trends in*

-
- Cognitive Sciences*, **21**, 69-79. <https://doi.org/10.1016/j.tics.2016.12.006>
- [18] Zhao, L., Xie, W., Gao, H.O., Qiu, X., Wang, X. and Zhang, S. (2013) A Rumor Spreading Model with Variable Forgetting Rate. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, **392**, 6146-6154. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2013.07.080>
- [19] Gómez, S., Arenas, A., Borge-Holthoefer, J., Meloni, S. and Moreno, Y. (2010) Discrete-Time Markov Chain Approach to Contact-Based Disease Spreading in Complex Networks. *EPL (Europhysics Letters)*, **89**, Article 38009. <https://doi.org/10.1209/0295-5075/89/38009>