

引用格式: 蔡云逸, 王睿潇, 余兰兰, 等. 数据驱动多层网络上传染病监测策略的效果评估 [J]. 电子科技大学学报, 2026, 55(2): 312-320.
CAI Y Y, WANG R X, YU L L, et al. Evaluating infectious disease surveillance on data-driven multilayer networks[J]. Journal of University of Electronic Science and Technology of China, 2026, 55(2): 312-320.

数据驱动多层网络上传染病监测策略的效果评估



蔡云逸¹, 王睿潇¹, 余兰兰¹, 王唯一¹, 蔡世民², 刘权辉^{1*}

(1. 四川大学计算机学院, 成都 610065; 2. 电子科技大学计算机科学与工程学院, 成都 611731)

摘要: 当前传染病监测策略的效果评估研究主要基于单层网络建模, 未能充分考虑真实接触模式的多层性以及传染病的流行病学特征。该文采用包含症前感染与无症状状态的机制模型刻画疾病状态转变, 并用真实感染数据估计模型参数, 开展了基于数据驱动多层网络上的传染病监测策略研究。从早期时滞、波峰时延、波峰比率 3 个维度评估不同监测策略的效果, 同时提出了兼顾接触权重与流行病学特征的集体影响策略。结果表明, 经典策略在数据驱动多层网络上仅能提前约 3 天感知疫情, 而考虑网络结构的策略可将感知时间提升至 7 天。相比之下, 集体影响策略能提前约 14 天感知疫情, 且该策略受监测子集规模影响较小, 具有鲁棒性。

关键词: 数据驱动; 疾病监测; 多层复杂网络; 集体影响

中图分类号: TP391 **文献标志码:** A **DOI:** 10.12178/1001-0548.2024356

Evaluating infectious disease surveillance on data-driven multilayer networks

CAI Yunyi¹, WANG Ruixiao¹, YU Lanlan¹, WANG Weiyi¹, CAI Shimin², and LIU Quanhui^{1*}

(1. College of Computer Science, Sichuan University, Chengdu 610065, China;

2. School of Computer Science and Engineering, University of Electronic Science and Technology of China, Chengdu 611731, China)

Abstract: Current infectious disease surveillance studies often overlook the multi-layered nature of real-world contacts and disease characteristics. This paper presents a data-driven, multi-layer network approach that models disease transitions including pre-symptomatic and asymptomatic states and uses real infection data to estimate model parameters. The effectiveness of different monitoring strategies is evaluated from three dimensions of early latency, peak delay, and peak ratio. Subsequently, a collective influence strategy that takes into account both contact weights and epidemiological features is proposed. Findings show that traditional strategies can detect outbreaks about 3 days earlier, the strategies accounting for network structure can advance this to 7 days. In contrast, our proposed collective influence strategy can predict outbreaks up to 14 days in advance, demonstrating robustness to the size of the surveillance subset.

Key words: data-driven; disease surveillance; multilayer complex network; collective influence

传染病的流行一直是人类社会可持续发展的重大威胁, 严重影响了社会运转和人民生活质量^[1]。因此, 如何有效防范和应对传染病是公共卫生领域亟需解决的重大问题。尽管常见的干预措施如疫苗接种、大规模接触者追踪和隔离能够有效减缓疾病传播^[2-6], 但疫苗研发周期长且难以迅速提供干预。大规模隔离和追踪则需要大量人力和经济投

入, 增加了社会负担^[7]。此时, 一个能提前感知并精确报告的疾病监测策略显得尤为重要, 它可以帮助政府在传播早期识别疫情, 进而及时采取有效的干预措施, 减少疾病暴发对社会经济活动的冲击, 降低公共卫生负担。

传统的疾病监测系统依赖患者主动就医与卫生机构主动报告。如中国建立的传染病预警与追踪系

收稿日期: 2024-12-27

基金项目: 国家自然科学基金 (62373264, T2293771); 四川省自然科学基金 (2025ZNSFSC0473)

作者简介: 蔡云逸, 主要从事计算流行病学方面的研究。

*通信作者 E-mail: quanhuiliu@scu.edu.cn

统, 将各地卫生机构的报告转化为可视化地图, 描述各地区传染病的传播情况, 并及时提醒风险地区居民采取健康出行措施, 降低感染风险^[8]。随着互联网的发展, 大数据技术突破了传统疾病监测系统在数据获取上的局限, 能够实时感知疫情动态。如 2009 年的谷歌趋势把互联网搜索传染病相关术语与疾病传播态势联系起来, 将基于指标的疾病监测推到台前^[9]。在此之后, 许多利用大数据进行疾病监测的方法已经飞速发展^[10-12]。

数十年的研究表明, 网络结构对疾病传播具有深远影响, 决定了个体的感染风险和传播能力^[13-15]。社交网络中的高连接节点不仅更易感染, 也更具传播疾病的潜力^[16-17]。许多研究已基于网络结构探讨了可行的监测策略。如文献 [18] 通过跟踪大学学生, 构建了一个有 744 个节点的真实网络并提出了一种随机选择个体朋友作为监测对象的方法。根据临床诊断结果, 这种方法在 H1N1 大流行中提前两周发出预警。文献 [19] 则基于真实接触调查中得到的接触网络, 提出一种基于共处总时间的监测方法, 并使用 SEIR 模型进行模拟, 表明这种方法可以提早发现疫情。进一步地, 文献 [20] 利用 SEIR 模型量化评估了聚合度最大、随机选择与熟人接触 3 种监测策略在无标度网络、大学选课和蒙特利尔 Wi-Fi 等单层网络中预知疫情暴发的时效性和准确性, 发现最佳监测对象的选取受疾病再生数与公共卫生目标的影响。同时, 表明熟人接触策略是一种无需提前了解网络结构且能提供相对早期且准确信息的方法。文献 [21] 提出应当考虑接触网络具有时变特性, 研究基于大学电子邮件网络等单层时序网络, 使用 SI 模型评估了熟人接触、最近接触、频繁接触及随机选择 4 种监测策略的效果。发现最佳监测对象的选择不仅取决于网络的时变特性, 还与疾病的感染概率密切相关。

目前, 绝大多数关于疾病监测策略评估的研究是基于单层网络进行传播模拟^[18-22], 然而, 这种单层网络忽略了真实接触模式中存在的多层结构与聚集性^[23]。文献 [24] 构建了一个包含家庭、学校、公司和社区的多层网络, 通过与保持度分布的配置模型进行对比, 发现二者在传播动态上存在显著差异。研究证实, 这种差异的根本原因在于人类群体所具备的典型多层结构以及强聚集效应。由此可见, 在使用单层网络对疾病监测策略进行评估时, 其可靠性可能受限。此外, 目前研究大多使用 SI 模型或 SEIR 模型^[19-21] 模拟疾病传播, 这种模型无

法描述部分具有症前感染与无症状特征疾病的传播动态^[25-26], 也会影响疾病监测策略效果评估的准确性。

为了更好地识别能够适应于真实接触网络的监测策略, 本文结合微观调查数据^[27] 和宏观统计数据^[28], 构造了一个包含家庭、学校、公司和社区的多层人工社会^[29]。从公开的接触调查数据集^[30] 中抽取各接触场所的接触人数分布, 根据该分布生成了一个多层接触网络。该网络能够捕捉人际接触模式的复杂性, 如家庭、公司、学校和社区之间的交互关系。在这个数据驱动的多层网络上, 我们使用易感-潜伏-症前-感染-无症状-恢复 (SLPIAR) 模型模拟具有症前传播与无症状感染特征传染病的疾病状态转移过程, 从早期时滞、波峰时延与波峰比率 3 个维度评估了常见监测策略 (如随机选择、熟人接触、最大聚合度等) 在该网络下的有效性。同时, 本文提出了一种基于多层网络结构与传染病流行病学特征融合的监测策略, 实现对疫情态势的提前与准确感知。

1 数据与模型

1.1 人工社会

典型呼吸道传染病的传播主要发生在家庭、学校、公司和社区等多类接触场所中^[31-33]。为精准刻画这些关键接触场所的接触模式, 本研究基于详细的微观家庭调查数据^[27] 和宏观人口统计数据^[28], 构建了一个包含家庭、学校、公司和社区的人工社会。微观家庭调查数据提供了受访家庭成员的年龄信息, 而宏观统计数据则涵盖了居民年龄分布、入学率、就业率、学校类型 (如普通小学、九年义务教育学校等)、不同类型学校的师生比, 以及家庭、学校和公司的规模分布。人工社会的生成采用自助抽样法^[34], 参考文献 [29] 的方法。以下是生成各层家庭成员、学校成员和公司成员的主要步骤。

1) 家庭: 根据宏观人口统计数据的家庭规模分布, 随机生成一个家庭大小 n_h 。随后, 从微观家庭调查数据中随机选择一个家庭大小为 n_h 的家庭, 将该家庭中的成员年龄信息赋值给生成的家庭。重复上述过程, 直至人工社会中的人数达到 50 万。

2) 学校: 根据家庭层中各成员的年龄, 结合宏观人口统计数据中的升学率与就业率, 将成员划分为学生、工人 (包括教师) 和其他人员 (退休人员、学龄前儿童)。随后, 根据统计数据中学校类型和规模的分布, 随机生成一个学校, 将就读该类型学校的学生分配至该学校, 同时, 根据师生比, 从

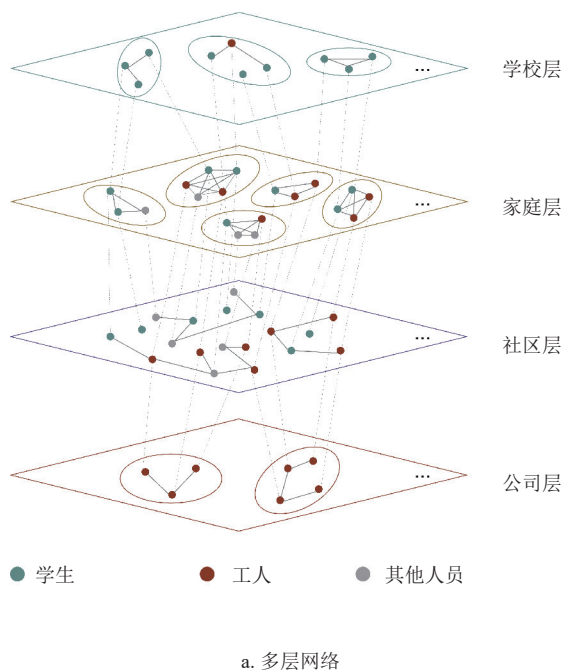
工人群体中随机选择相应数目的教师分配至该学校。重复上述过程，直至所有学生均被分配至对应的学校。

3) 公司：根据宏观统计数据中公司的规模分布随机生成一个公司。随后，从还未分配公司的工人中随机选择相应数目的工人分配至该公司。重复上述过程，直至所有工人均被都分配至对应的公司。

4) 社区：所有个体均会出现在社区。

1.2 多层接触网络

早期基于人工社会的疾病传播研究假设各个学校、公司以及社区内所有个体混合均匀接触^[24]，这种简化忽略了个体接触行为的异质性。为了更准确



地模拟真实社会背景下的人类接触模式，研究使用了一份公开的接触调查数据^[30]，该数据记录了受访者在家庭、学校、公司、交通工具和娱乐场所等环境的接触情况。为适配前文生成的人工社会，在数据处理时，将非家庭、学校和公司的接触统一归类为社区接触。随后，提取调查数据中所有受访者在 4 类接触场所（家庭、学校、公司和社区）的接触数，并将其拟合为概率分布，接触数分布参考文献^[29, 35]。

参考文献^[36]的配置网络方法，基于提取的接触人数分布，通过采样的方法生成多层接触网络。模型示意图如图 1 所示。

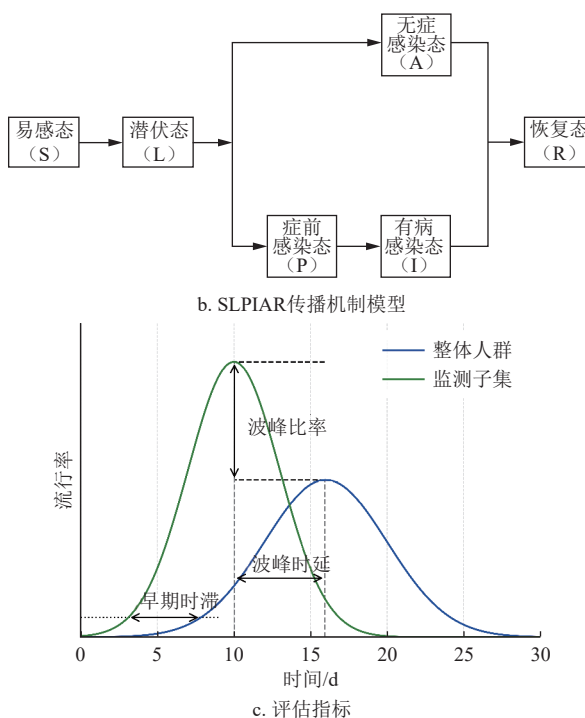


图 1 模型示意图

生成的多层接触网络如图 1a 所示，具体构建过程如下。

1) 家庭层 (H)：在家庭层中，每个家庭内部的所有成员相互连接，不同家庭之间不存在连接。

2) 学校层 (S) 和公司层 (W)：每名学生或工人根据学校或公司层的接触数分布随机抽取一个接触数 n 。随后，从该个体所属的同一学校或公司内选择 n 个成员作为其接触对象。所有的接触局限于同一学校或公司内，不存在跨学校或公司的连接。

3) 社区层 (C)：每个个体从社区层的接触数分布中随机抽取一个接触数 n_c ，随后从全体成员中随机选择 n_c 个个体作为其接触对象。

1.3 SLPIAR 传播机制模型

研究在传统的 SEIR (易感-暴露-感染-恢复) 模型基础上，将其扩展为 SLPIAR 模型以模拟具有症前传播与无症状传播特征的传染病状态转变。该模型将人群划分为以下 6 种状态：易感态 (Susceptible)、潜伏态 (Latent)、症前感染态 (Pre-symptomatic)、症状感染态 (Infectious)、无症状感染态 (Asymptomatic) 与恢复态 (Recovered)。SLPIAR 模型如图 1b 所示。

在时间步 t ，易感个体 i 在层 $l \in \{H, S, W, C\}$ 与感染个体 j 接触后，以特定于某层的概率判定感染，公式为：

$$P_{j \rightarrow i}^l(t) = \beta w_l \chi(m_j) \delta(a_i) \quad (1)$$

式中, β 是单位权重下每次接触的传播率; w_l 是接触层 l 的接触权重, 描述不同层中发生的接触产生传播的风险; $\chi(m_j)$ 是与感染个体 j 所处状态相关的相对传染性; $\delta(a_i)$ 是与易感个体 i 的年龄 a_i 相关的易感性。传播模型中所用到的参数如表1所示。

表1 与传播模型相关的参数

标识	参数	值(或范围)	参考文献
β	基础传播率	1	—
τ	缩放因子	调节 β 至设定再生数	—
w_l	接触权重	校准以符合各层传播比	[37]
$\chi(m)$	相对传染性	$\chi(P) = \chi(A) = 0.5$ $\chi(I) = 1.0$	[35]
$\delta(a)$	易感性	$\delta(\alpha) = 0.58, \alpha < 15$ $\delta(\alpha) = 1.00, 15 \leq \alpha < 65$ $\delta(\alpha) = 1.65, 65 \leq \alpha$	[38]
T_g	生成时间/d	平均值为7 (IQR: 3.6~11.3)	[39]
γ	自L态至P态的时间间隔/d	2.0	[38]
θ	自L态至I态的时间间隔/d	平均值为6.3的伽马分布 (shape=2.08, scale=0.33)	[38]
ω	恢复期/d	指数分布, 使 T_g 均值为7	—

1.4 参数校准与模型初始化

通过调节传播模型中的缩放因子 τ , 使得传染病传播的基本再生数 R_0 等于拟模拟的参数。传染病基本再生数 R_0 表示在一个易感染态群体中, 一个感染态个体在恢复之前平均感染的人数:

$$R_0 = \frac{r}{\sum_{i=1}^n \frac{y_i (e^{-ra_{i-1}} - e^{-ra_i})}{a_i - a_{i-1}}} \quad (2)$$

式中, r 表示病例人数的指数增长率; $a_0, a_1, a_2, \dots, a_n$ 为生成时间的直方图边界; y_1, y_2, \dots, y_n 为生成时间分布在这些边界内的概率。

根据文献[37], 家庭层、公司层、学校层和社区层对 SARS-CoV-2 野生病株传播的相对贡献分别为: 30%、25%、15% 和 30%, 本文采用网格搜索方法估计各接触层的接触权重 w_l , 使模型模拟过程中4个接触层的传播贡献分别接近上述比例。在本实验中, 通过搜索 w_l , 最终模型在家庭层、公司层、学校层和社区层的模拟传播占比依次为29%、25%、14%和32%, 与文献数据保持较高的一致性。此外, 采用类似的方法, 估计服从指数分布的均值参数 ω , 获得模拟的平均生成时间为7.07 d (IQR: 3.7~9.8 d), 与文献[39]中的值保持一致。

研究构建了一个包含500 000个节点的多层接触网络。在每次实验开始时, 随机选择一个节点作为种子初始化传播。模型模拟过程中, 每个时间步为1 d, 模拟在满足以下任一条件时终止: 时间达到365 d或网络中不存在感染态个体。为了评估不同监测策略的效果, 分别在 $R_0=1.8$ 、2.3和2.8的

情况下进行实验。每组参数下, 运行了2 000次实验, 以确保结果的鲁棒性。

2 监测策略的效果评估

2.1 监测策略简介

监测策略是指通过一种策略选择人群中的部分个体, 实时监测这些被选个体的疾病状态进而感知传染病在整个人群中的传播态势。一个好的监测策略可以通过构建监测子集, 提前感知人群中疫情的暴发与波峰。

简便起见, 设节点 i 在层 $l \in \{H, S, W, C\}$ 上的度为 k_i^l , 年龄为 a_i 的节点的易感性为 $\delta(a_i)$, 层 l 的接触权重为 w_l 。各监测策略具体定义如下。

1) 随机选择策略

① 均匀随机: 从整个网络中随机选择个体作为监测子集。

② 分层随机: 从不同接触层(学校、公司)中随机选择个体, 使监测子集能够代表特定人群的状态。

2) 网络拓扑策略

① 熟人接触: 随机选择一个节点, 再从其邻居中随机选择一个节点加入监测子集^[20]。

② 最大单层度: 根据各节点在所有接触层的最大单层度 $\max(k_i^l)$ 进行排序, 选择单层度最大的节点加入监测子集。

③ 最大聚合度: 综合考虑节点在所有接触层网络中的度 k_i^l , 计算每个节点的聚合度 $K_i = \sum_{l \in L} k_i^l$ 。根据聚合度进行排序, 选择聚合度最大的节点加入监测子集。

3) 加权拓展策略

① 加权聚合度。在传播过程中, 由于4层接触网络的权重 w_l 不同, 在计算聚合度时引入 w_l , 节点 i 的加权聚合度 W_K_i 的计算方式为:

$$W_K_i = \sum_{l \in L} w_l k_i^l \quad (3)$$

② 易感加权聚合度。传播过程中, 节点因自身年龄差异存在易感性 $\delta(a_i)$ 的差别, 易感性越高的节点更易被感染。在构建监测子集时, 可提高易感性高的节点的优先级, 加权聚合度公式扩展为:

$$SW_K_i = \delta(a_i) \sum_{l \in L} w_l k_i^l \quad (4)$$

③ 集体影响。文献[40]指出, 将多层网络中节点间的多种关系简单聚合为单个加权网络, 可能改变节点在整个网络结构中的相对重要性, 从而

影响基于网络拓扑的监测策略的有效性。为了解决这一问题, 本文将文献 [41] 中提出的集体影响 (collective influence, CI) 排序方法扩展至多层网络。多层网络上的集体影响计算方式为:

$$CI_d(i) = \sum_{l \in L} (k_i^l - 1) \sum_{j \in \partial B(i,d,l)} (k_j^l - 1) \quad (5)$$

式中, k_i^l 表示节点在接触层 l 上的度; $\partial B(i,d,l)$ 表示在接触层 l 上与节点 i 相距 d 跳的节点。文献 [41] 已表明, 当参数 $d=2$ 时, 集体影响的计算既具有较好的效果, 又能显著减少计算开销。因此, 本文中除特殊说明外, 集体影响均默认在 $d=2$ 的条件下计算。

④ 加权集体影响。在集体影响的基础上, 考虑接触权重 w_l , 将集体影响公式扩展为:

$$W_CI_d(i) = \sum_{l \in L} w_l (k_i^l - 1) \sum_{j \in \partial B(i,d,l)} (k_j^l - 1) \quad (6)$$

⑤ 易感加权集体影响。进一步考虑个体易感性 $\delta(a_i)$, 在加权集体影响的基础上, 将其扩展为易感加权集体影响:

$$SW_CI_d(i) = \delta(a_i) \sum_{l \in L} w_l (k_i^l - 1) \sum_{j \in \partial B(i,d,l)} (k_j^l - 1) \quad (7)$$

对于每种策略, 在没有特殊说明的情况下, 监测子集的规模为整体节点数目的 1%。

2.2 监测策略评估指标

如图 1c 所示, 使用 3 个不同的公共卫生目标评估每种监测策略的效果^[20]。

1) 早期时滞: 整体人群中感染者的比率达到 1% 的时间为 t_a , 监测子集中达到 1% 的时间为 t_s , 早期时滞 Δt 为 $\Delta t = t_a - t_s$, 策略的早期时滞 (Δt) 越大, 表明该监测策略能够在疫情传播的早期阶段更快感知到感染者的出现, 从而提前发出预警。这种能力对于公共卫生干预至关重要, 有助于争取更长的反应时间, 以实施精准干预措施, 降低疫情扩散的风险。

2) 波峰时延: 整体人群中达到流行峰值的时间为 p_a , 监测子集达到流行峰值的时间为 p_s , 波峰时延 Δp 为 $\Delta p = p_a - p_s$, 策略的波峰时延 (Δp) 越大, 意味着该监测策略能够在整体人群疫情达到高峰之前更早识别到感染波峰, 从而提供更充分的时间窗口用于医疗资源调配、隔离措施优化及其他公共卫生应对策略的调整。

3) 波峰比率: 整体人群达到流行峰值时, 流行率为 r_a , 监测子集达到流行峰值时, 流行率为 r_s , 波峰比率 Δr 为 $\Delta r = r_a / r_s$, 策略的波峰比率 (Δr)

越高, 表明监测子集对潜在感染者的识别能力更强, 能够更精准地涵盖疫情高峰期的感染个体, 从而使监测子集的构建更具代表性和针对性, 提升监测策略的整体有效性。

2.3 随机选择与网络拓扑策略的监测效果

图 2 是随机选择与网络拓扑策略的监测效果。

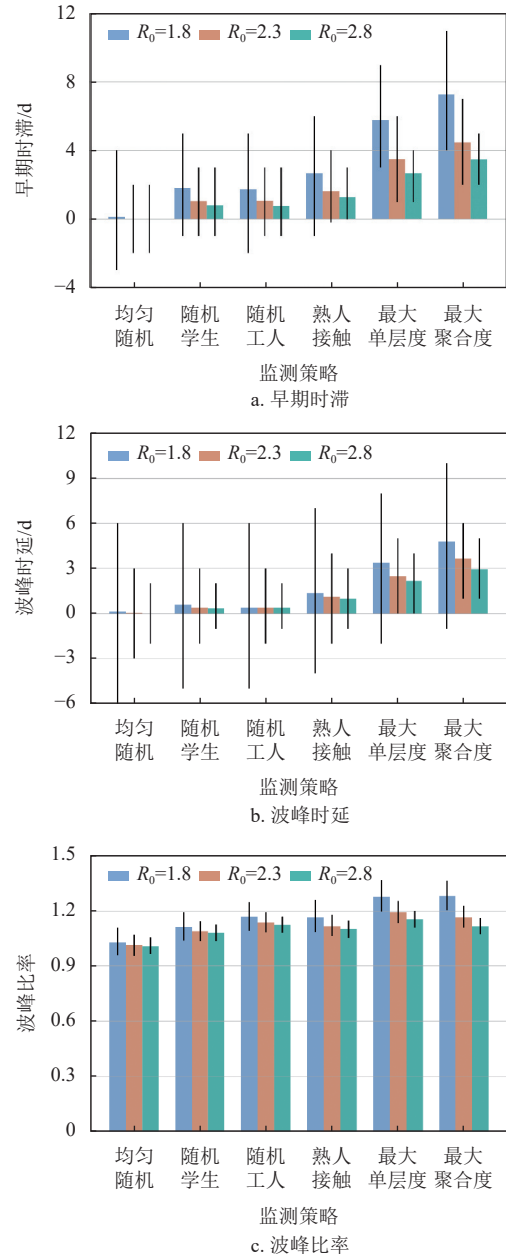


图 2 随机选择与网络拓扑策略的监测效果

如图 2a 所示, 随机选择策略与熟人接触策略的早期时滞均未超过 3 d, 而最大单层度和最大聚合度策略的早期时滞分别为 5.8 d 和 7.3 d, 表现更优。图 2b 同样表明, 随机选择与熟人接触策略的波峰时延效果不佳, 而最大单层度和最大聚合度策略的波峰时延分别为 3.4 d 和 4.8 d, 相比随机策略

有所提升, 但仍存在不稳定的问题。波峰比率的结果如图 2c 所示, 随机选择等策略的波峰比率均接近于 1, 而网络拓扑策略下的波峰比率提高至 1.28, 说明网络拓扑策略能够更有效地筛选出潜在感染者。

2.4 拓展策略的监测效果

前文从随机选择与网络结构的角度出发, 分析了多种监测策略的效果, 发现考虑网络拓扑结构虽然可以在一定程度上提升监测效果, 但仍存在效果差、波动大等问题。本节将结合接触网络的多层性和传染病的流行病学特征, 探索引入接触权重和个体易感性等因素的扩展策略, 以期更精准地感知疾病传播态势。图 3 是拓展策略的监测效果。

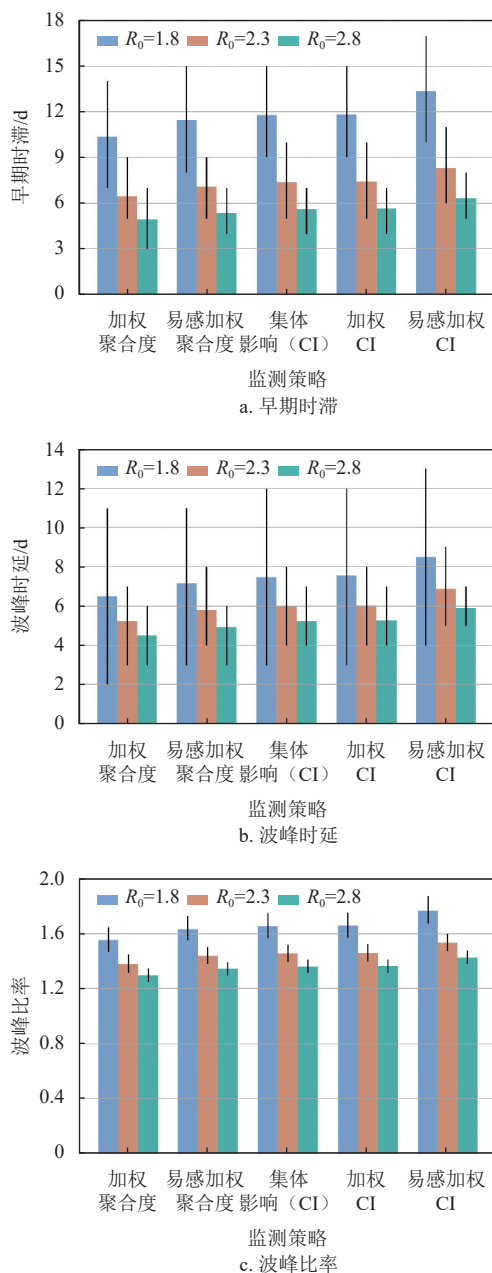


图 3 拓展策略的监测效果

如图 3a 所示, 在 $R_0 = 1.8$ 时, 加权聚合度策略的早期时滞为 10.4 d (95% CI: 7~14), 较最大聚合度策略的 7.3 d (95% CI: 4~11) 显著提升, 加入节点易感性后进一步提高至 11.5 d (95% CI: 8~15)。图 3b 中加权聚合度策略的波峰时延为 6.5 d, 考虑节点易感性后, 提升至 7.2 d。图 3c 表明, 2 个策略的波峰比率分别为 1.55 和 1.63, 监测子集中的感染者比例进一步提升。

集体影响策略的结果如图 3a 所示, 直接计算集体影响可使早期时滞提升至 11.8 d (95% CI: 9~15), 优于加权聚合度和易感加权聚合度策略。图 3b 和图 3c 中, 集体影响策略的波峰时延为 7.5 d (95% CI: 3~12), 波峰比率为 1.65 (95% CI: 1.56~1.75)。在集体影响策略中引入各接触层的权重后, 虽然早期时滞保持 11.8 d 不变, 但波峰时延和波峰比率分别提升至 7.6 d 与 1.66。特别地, 当我们在策略中进一步提高易感节点在监测子集中的优先级时, 策略表现达到最优: 早期时滞增加至 13.3 d, 波峰时延延长至 8.5 d, 波峰比率提升至 1.77。

结果表明, 综合考虑接触模式的异质性和节点易感性, 能够更精准地识别潜在病例, 从而显著提升监测策略的效果, 实现对疫情的提前感知。同时, 与经典策略相比, 集体影响方法及其加权扩展策略表现出明显优势, 能够更精准、更及时地预测疫情暴发。

3 监测子集与网络规模的影响

公共卫生措施的有效性受多种因素影响, 而在疾病监测中, 监测子集规模和策略适用的网络规模是影响监测效果的关键因素。在 $R_0 = 2.3$ 时, 本文评估了不同子集规模 N_s (0.5%、1% 和 1.5%) 以及不同网络规模 N_p (25 万、50 万和 100 万) 对拓展策略效果的影响, 结果如图 4 所示。

0.5% 的子集规模在所有策略中表现最佳。其中, 加权聚合度策略受子集规模影响最为显著, 其早期时滞在 0.5%、1% 和 1.5% 规模下分别为 7.7 d、6.5 d 和 5.9 d。相比之下, 其余 4 种策略对子集规模的变化较为不敏感, 最优与最差效果差值仅约 1 d。此外, 随着子集规模的增大, 所有策略的波峰比率均有下降, 表明监测子集中潜在感染者的比例降低。在网络规模方面, 增大网络规模对各策略效果无显著影响, 但能够缩小置信区间, 增强策略的稳定性。

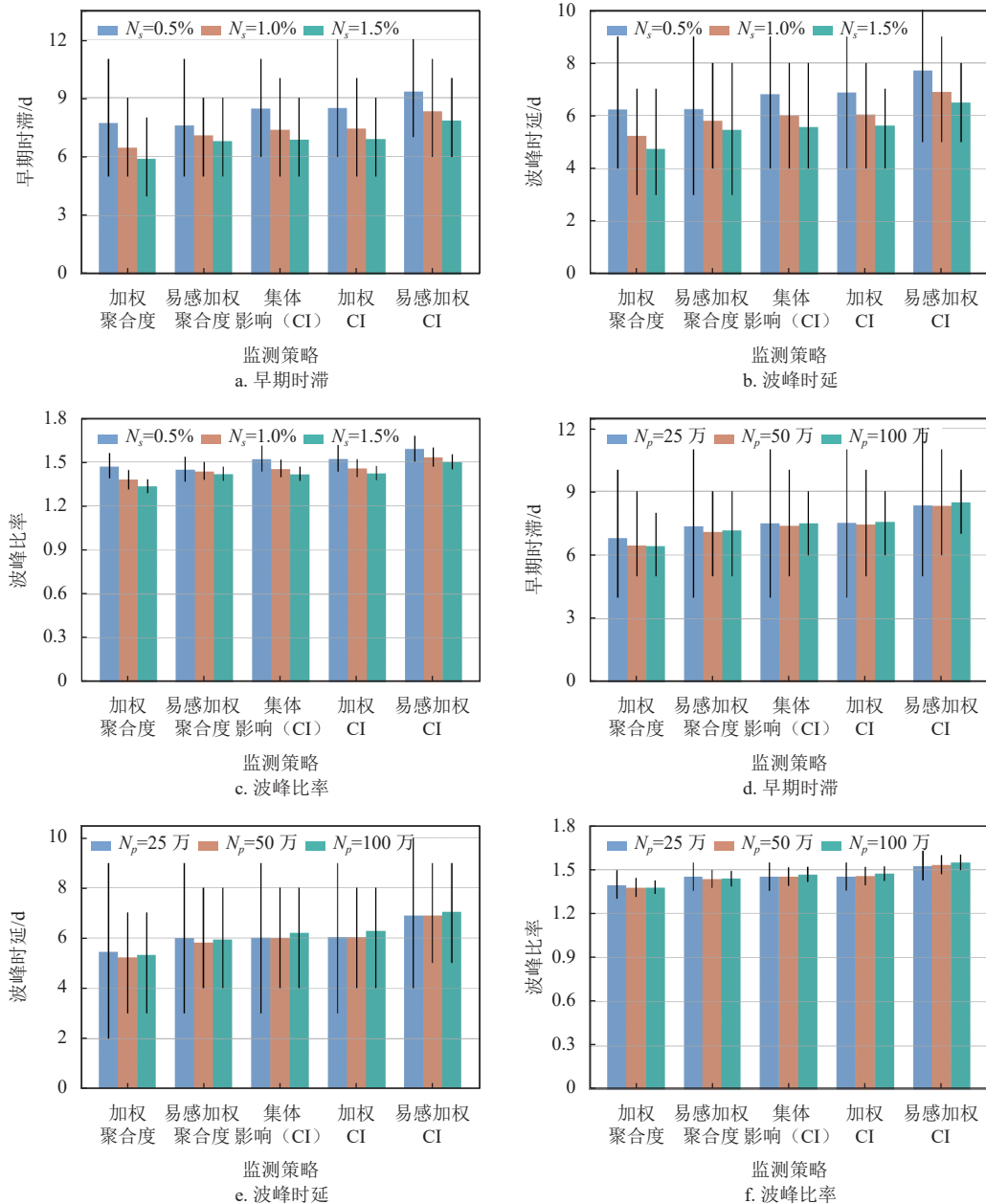


图 4 监测子集规模与网络规模的影响

整体而言, 集体影响方法在不同监测子集规模和网络规模条件下均展现出鲁棒性。较小规模的监测子集不仅有效降低了监测成本, 同时显著提升了监测效果; 而增大网络规模可以提高策略的稳定性, 从而进一步验证了集体影响监测策略在多种场景下的可行性与实用性。

4 结束语

本文基于微观家庭调查数据和宏观统计数据生成了一个人工社会, 结合公开的接触调查数据, 构建了数据驱动的多层接触网络, 再现了真实社会中人群的复杂接触模式。在此基础上, 利用 SLPIAR

传播机制模型模拟疾病状态的动态转移过程, 从早期时滞、波峰时延和波峰比率 3 个维度, 量化评估了如随机选择、熟人接触等经典监测策略在多层网络中的表现, 并提出了一种在多层网络行之有效的监测策略。结果表明, 基于随机选择的监测策略效果有限, 而选择多层网络中单层度最大或聚合度最大的节点构建监测子集, 监测效果有所改善。进一步引入接触权重和节点易感性后, 通过加权聚合度构建监测子集, 早期时滞可从不足 5 d 提高至接近 12 d。为解决单层加权网络聚合可能导致的节点重要性偏差问题, 本文将集体影响方法扩展到多层网络上, 并加入接触权重和易感性提出加权集体影响策略,

使早期时滞进一步提升至接近 14 d, 波峰时延达到 8.5 d, 波峰比率升至 1.77, 验证了策略的有效性。对比不同传播能力的传染病, 研究发现: 随着基本再生数增大, 所有监测策略的效果均有所下降。此外, 监测子集规模对策略效果也有一定影响, 较小规模的监测子集能够带来更高的收益, 效果不稳定的策略受子集规模变化的影响较大。增大网络规模虽然对监测策略的效果影响有限, 但却能显著缩小置信区间, 提高结果的稳定性。本文提出的多层集体影响方法在这些方面均表现突出, 进一步验证了其在提高监测效果稳定性和可靠性方面的优势。

本文使用中国的接触调查和统计数据, 构建多层时变网络模型, 并通过模拟与最初 SARS-CoV-2 传播具有相同流行病学特征的传染病, 研究网络上传染病监测策略的效果。研究存在如下局限性: 1) 本文提出多层网络建模方法未考虑学校层和公司层的耦合, 如部分学生可能兼职或在公司实习等, 导致学校层部分成员在公司层有接触。由于缺乏相关数据, 当前模型未考虑学校层和公司层的耦合, 因而高估了工人在公司层的传播贡献。2) 不同国家和地区的教育、经济和文化影响不同接触层间的耦合程度以及层内的接触行为模式^[32], 而本文仅针对一个国家进行了建模研究, 因而在对各监测策略效果进行解读时, 需更谨慎。3) 疾病自身的流行病学特征也会影响传染病在不同层的传播贡献^[24], 本研究仅针对与最初 SARS-CoV-2 传播具有相同流行病学特征的传染病进行仿真模拟以及监测策略的效果评估研究, 而对于具有其他特征的传染病, 本文方法的适应性还需进一步验证。因此, 未来研究需进一步优化模型, 同时系统地分析和比较监测策略对具有不同流行病学特征的传染病在不同国家或地区上传播监测的效果, 以增强这一研究结果的适应性与普适性。

综上所述, 研究提出的集体影响策略能够构建包含高比例潜在感染者的监测子集, 实现提前 14 d 的疫情态势感知。研究为利用数据驱动的接触网络开展高效疾病监测提供了一条可行路径, 具有重要的现实意义。未来研究可进一步探索接触层间交互效应对节点重要性的影响, 并结合不同疾病特征优化监测策略, 以进一步提升监测效果。

参考文献

- [1] DI MARCO M, BAKER M, DASZAK P, et al. Sustainable development must account for pandemic risk[J].

Proceedings of the National Academy of Sciences, 2020, 117(8): 3888-3892.

- [2] 孙皓宸, 刘肖凡, 许小可, 等. 基于连续感染模型的新冠肺炎校园传播与防控策略分析[J]. *物理学报*, 2020, 69(24): 74-83.

SUN H C, LIU X F, XU X K, et al. Analysis of COVID-19 spreading and prevention strategy in schools based on continuous infection model[J]. *Acta Physica Sinica*, 2020, 69(24): 74-83.

- [3] KRETZSCHMAR M, ROZHNOVA G, BOOTSMA M, et al. Impact of delays on effectiveness of contact tracing strategies for COVID-19: A modelling study[J]. *The Lancet Public Health*, 2020, 5(9): e452-e459.

- [4] HELLEWELL J, ABBOTT S, GIMMA A, et al. Feasibility of controlling COVID-19 outbreaks by isolation of cases and contacts[J]. *The Lancet Global Health*, 2020, 8(5): e488-e496.

- [5] BUBAR K M, REINHOLT K, KISSLER S M, et al. Model-informed COVID-19 vaccine prioritization strategies by age and serostatus[J]. *Science*, 2021, 371(6532): 916-921.

- [6] ALETA A, MARTIN C, PASTORE Y P, et al. Modelling the impact of testing, contact tracing and household quarantine on second waves of COVID-19[J]. *Nature Human Behaviour*, 2020, 4(9): 964-971.

- [7] CHUNG S, MARLOW S, TOBIAS N, et al. Lessons from countries implementing find, test, trace, isolation and support policies in the rapid response of the COVID-19 pandemic: A systematic review[J]. *BMJ Open*, 2021, 11(3): e047832.

- [8] 中国疾病预防控制中心. 传染病预警与追踪系统 [EB/OL]. [2024-11-01]. <https://www.phsciencedata.cn/warn1/index.jsp>.

Chinese Center for Disease Control and Prevention. Infectious disease warning and tracking system [EB/OL]. [2024-11-01]. <https://www.phsciencedata.cn/warn1/index.jsp>.

- [9] CARNEIRO H A, MYLONAKIS E. Google trends: A web-based tool for real-time surveillance of disease outbreaks[J]. *Clinical Infectious Diseases*, 2009, 49(10): 1557-1564.

- [10] BRONIATOWSKI D A, PAUL M J, DREDZE M. National and local influenza surveillance through Twitter: An analysis of the 2012—2013 influenza epidemic[J]. *PLoS One*, 2013, 8(12): e83672.

- [11] BOULOS M N K, SANFILIPPO A P, CORLEY C D, et al. Social web mining and exploitation for serious applications: Technosocial predictive analytics and related technologies for public health, environmental and national security surveillance[J]. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 2010, 100(1): 16-23.

- [12] YUAN Q, NSOESIE E O, LYU B, et al. Monitoring influenza epidemics in China with search query from Baidu[J]. *PLoS One*, 2013, 8(5): e64323.

- [13] SALATHÉ M, JONES J H. Dynamics and control of diseases in networks with community structure[J]. *PLoS Computational Biology*, 2010, 6(4): e1000736.

- [14] MAY R M, LLOYD A L. Infection dynamics on scale-

- free networks[J]. *Physical Review E*, 2001, 64(6): 066112.
- [15] NEWMAN M E J. Spread of epidemic disease on networks[J]. *Physical Review E*, 2002, 66(1): 016128.
- [16] COHEN R, HAVLIN S, BENA D. Efficient immunization strategies for computer networks and populations[J]. *Physical Review Letters*, 2003, 91(24): 247901.
- [17] WANG Z, BAUCH C, BHATTACHARYYA S, et al. Statistical physics of vaccination[J]. *Physics Reports*, 2016, 664: 1-113.
- [18] CHRISTAKIS N A, FOWLER J H. Social network sensors for early detection of contagious outbreaks[J]. *PLoS One*, 2010, 5(9): e12948.
- [19] SMIESZEK T, SALATHÉ M. A low-cost method to assess the epidemiological importance of individuals in controlling infectious disease outbreaks[J]. *BMC Medicine*, 2013, 11: 1-8.
- [20] HERRERA J L, SRINIVASAN R, BROWNSTEIN J S, et al. Disease surveillance on complex social networks[J]. *PLoS Computational Biology*, 2016, 12(7): e1004928.
- [21] BAI Y, YANG B, LIN L, et al. Optimizing sentinel surveillance in temporal network epidemiology[J]. *Scientific Reports*, 2017, 7: 4804.
- [22] BROWNE A, BUTTS D, JARAMILLOR E, et al. Evaluating disease surveillance strategies for early outbreak detection in contact networks with varying community structure[J]. *Social Networks*, 2024, 79: 122-132.
- [23] MOSSONG J, HENS N, JIT M, et al. Social contacts and mixing patterns relevant to the spread of infectious diseases[J]. *PLoS Medicine*, 2008, 5(3): e74.
- [24] LIU Q, AJELLI M, ALETA A, et al. Measurability of the epidemic reproduction number in data-driven contact networks[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2018, 115(50): 12680-12685.
- [25] TINDALE L, STOCKDALE J, COOMBE M, et al. Evidence for transmission of COVID-19 prior to symptom on-set[J]. *eLife*, 2020, 9: e57149.
- [26] WEI W, LI Z, HIEW CJ, et al. Presymptomatic transmission of SARS-CoV-2[J]. *Journal Watch Infectious Diseases*, 2020, 23(6): 58.
- [27] 国家统计局. 微观家庭调查报告 [EB/OL]. [2024-12-01]. <http://www.tcdc.sem.tsinghua.edu.cn/info/1098/1257.htm>. National Bureau of Statistics of China. Micro household survey report [EB/OL]. [2024-12-01]. <http://www.tcdc.sem.tsinghua.edu.cn/info/1098/1257.htm>.
- [28] 国家统计局. 第七次全国人口普查报告 [EB/OL]. [2024-11-01]. <https://www.stats.gov.cn/sj/pcsj/rkpc/7rp/indexch.htm>. National Bureau of Statistics of China. The seventh national population census report [EB/OL]. [2024-11-01]. <https://www.stats.gov.cn/sj/pcsj/rkpc/7rp/indexch.htm>.
- [29] CAI Y, WANG W, YU L, et al. Assessing the effectiveness of test-trace-isolate interventions using a multi-layered temporal network[J]. *Infectious Disease Modelling*, 2025, 10(3): 775-786.
- [30] ZHANG J, KLEPAC P, READ J, et al. Patterns of human social contact and contact with animals in Shanghai, China[J]. *Scientific Reports*, 2019, 9: 15141.
- [31] GUO D, LI K, PETERS T, et al. Multi-scale modeling for the transmission of influenza and the evaluation of interventions toward it[J]. *Scientific Reports*, 2015, 5: 8980.
- [32] MISTRY D, LITVINOVA M, PIONTTI A P Y, et al. Inferring high-resolution human mixing patterns for disease modeling[J]. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 323.
- [33] LIU Q, ZHANG J, PENG C, et al. Model-based evaluation of alternative reactive class closure strategies against COVID-19[J]. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 322.
- [34] HESTERBERG T. Bootstrap[J]. *Wiley Interdisciplinary Reviews: Computational Statistics*, 2011, 3(6): 497-526.
- [35] ZHANG K, XIA Z, HUANG S, et al. Evaluating the impact of test-trace-isolate for COVID-19 management and alternative strategies[J]. *PLoS Computational Biology*, 2023, 19(6): e1011423.
- [36] NEWMAN M E J. Random graphs with clustering[J]. *Physical Review Letters*, 2009, 103(5): 058701.
- [37] KERR C, STUART R, MISTRY D, et al. Covasim: An agent-based model of COVID-19 dynamics and interventions[J]. *PLoS Computational Biology*, 2021, 17(7): e1009149.
- [38] HU S, WANG W, WANG Y, et al. Infectivity, susceptibility, and risk factors associated with SARS-CoV-2 transmission under intensive contact tracing in Hunan, China[J]. *Nature Communications*, 2021, 12(1): 1533.
- [39] SUN K, WANG W, GAO L, et al. Transmission heterogeneities, kinetics, and controllability of SARS-CoV-2[J]. *Science*, 2021, 371(6526): eabe2424.
- [40] DE DOMENICO M, SOLÉ-RIBALTA A, OMODEI E, et al. Ranking in interconnected multilayer networks reveals versatile nodes[J]. *Nature Communications*, 2015, 6(1): 6868.
- [41] MORONE F, MAKSE H A. Influence maximization in complex networks through optimal percolation[J]. *Nature*, 2015, 524(7563): 65-68.

责任编辑 刘飞阳