

考虑疫苗有效性的传染病渗流模型

高杰, 李毅红, 罗晓峰

(中北大学 数学学院, 山西 太原 030051)

摘要: 疫苗接种是当前公认的防控传染病传播时成本效益最高的公共卫生干预措施之一, 对预防和控制传染病的暴发至关重要。在针对复杂网络中带有疫苗接种的传染病传播的点-边渗流模型基础上, 根据存在的实际因素, 考虑了疫苗有效性对人群中传染病传播的影响。分析并计算出传染病传播的流行阈值以及平均暴发规模的精确理论结果, 并通过数值模拟研究了度分布分别为泊松、指数、幂律分布的情况下, 疫苗有效性对传染病在人群中传播的流行阈值以及传播最终规模的影响。研究表明, 提高疫苗有效性、合理均匀化接触网络能有效防止传染病的暴发。

关键词: 生成函数; 流行阈值; 最终暴发规模; 点-边渗流模型; 疫苗有效性

中图分类号: O175 **文献标识码:** A **doi:** 10.62756/jnuc.issn.1673-3193.2024.07.0004

引用格式: 高杰, 李毅红, 罗晓峰. 考虑疫苗有效性的传染病渗流模型[J]. 中北大学学报(自然科学版), 2025, 46(2): 254-260.

GAO Jie, LI Yihong, LUO Xiaofeng. Infectious disease percolation model considering vaccine effectiveness [J]. Journal of North University of China (Natural Science Edition), 2025, 46(2): 254-260.

Infectious Disease Percolation Model Considering Vaccine Effectiveness

GAO Jie, LI Yihong, LUO Xiaofeng

(School of Mathematics, North University of China, Taiyuan 030051, China)

Abstract: Vaccination is currently recognized as one of the most cost-effective public health interventions for preventing and controlling the spread of infectious disease, and it is essential for preventing and controlling outbreaks. Utilizing the site-bond percolation model, which simulated infectious disease spread with vaccination in complex networks, we innovatively considered the impact of vaccine effectiveness on the spread of the infectious disease in the population, taking into account practical factors. We analyzed and calculated precise theoretical results for the epidemic threshold of infectious disease transmission and average outbreak size. Furthermore, through numerical simulations, we explored the influence of vaccine effectiveness on both the epidemic threshold and the final scale of disease spread, under various degree distributions including Poisson, exponential, and power-law. The results show that enhancing vaccine effectiveness and reasonably homogenizing contact network can effectively prevent outbreaks of infectious diseases.

Key words: generation function; epidemic threshold; final outbreak scale; site-bond percolation model; vaccine effectiveness

收稿日期: 2024-07-03

基金项目: 国家自然科学基金项目(12101573)

作者简介: 高杰(1999-), 女, 硕士生, 主要从事生物数学的研究。

通信作者: 李毅红(1983-), 女, 副教授, 博士, 主要从事生物数学和图像处理的研究。E-mail: liyihong0227@163.com。

0 引言

传染病传播问题是人类社会发过程中面临的重大挑战之一,传染病的传播不仅会对个体健康产生严重威胁,还可能对整个社会和经济系统造成巨大冲击。深入研究传染病的传播机制进而制定科学有效的防控政策,对保障公众身体健康以及维护社会安全稳定有重要意义^[1-2]。

渗流理论^[3-7]的应用背景广阔,能够对网络中发生的渗流现象进行理论性的描述与分析,可以为传染病传播的许多重要问题提供答案。网络上的边渗流问题已经被证明可以作为同一网络上 SIR 传染病传播问题的映射^[8],利用渗流理论可以得到给定网络结构上的传染病流行阈值、平均暴发规模、流行最终规模等流行病学量。渗流问题中的相变阈值对应传染病的流行阈值,渗流中连通片的分布对应传染病暴发规模的分布,渗流阈值之上形成的巨连通片的大小对应传染病流行的最终规模。在研究现实世界传染病传播过程中,复杂网络发挥着极其重要的作用,能够为网络中个体间的相互作用提供新的见解^[9-11]。近年来,越来越多的学者基于复杂网络上的渗流理论对传染病传播问题进行了研究^[12-16]。

疫苗接种是目前已知的人类控制传染病在人群中传播最科学有效的方式之一,但由于接种疫苗可能会存在付费以及引起不良反应等各种原因,人们对是否接种疫苗是选择性的。实际上,人群中疫苗的接种比例达不到 100%,即疫苗的覆盖率通常低于 100%。Li 等^[17]考虑了接种免疫的覆盖率以及网络结构的影响,基于个体接种疫苗后不会再被感染的假设,运用概率生成函数的方法,对传染病传播的点-边渗流模型进行了研究。值得注意的是,疫苗效力^[18]是能否控制传染病传播的关键,现实生活中的疫苗往往不能提供充分(100%)保护。考虑到这一实际影响因素,本文以文献^[17]中对传染病传播的点-边渗流模型研究为基础,创新性地将疫苗有效性纳入其中,并分析、计算得到了流行阈值、最终规模等流行病学量。该研究有助于更好地理解疫苗在影响传染病传播中发挥的作用,为有效控制疫情、维护社会稳定提供理论指导,具有重要的实际意义。

1 预备知识

在复杂网络的研究中,通常用一个网络节点表示人群中的一名个体,用一个网络节点的度表

示人群中与这名个体存在接触的邻居个数,用 p_k 表示网络中任选一名个体度为 k 概率。生成函数是研究渗流理论的有效工具,参照文献^[19]中的描述和定义,得到网络的度分布生成函数为 $G_0(x) = \sum_k p_k x^k$ ($x \in [0, 1], G_0(x) \in [0, 1]$),那么,网络的平均度为 $\langle k \rangle = \sum_k k p_k = G_0'(1)$ 。

余度分布指的是随连边到达一名个体后出去的边数的分布, $q_k = \frac{(k+1)p_{k+1}}{\langle k \rangle}$ 表示人群中随机选择一名个体的余度为 k 概率。根据定义,网络余度分布的生成函数为 $G_1(x) = \sum_k q_k x^k$,网络的余

$$\text{平均度为 } \langle k_e \rangle = \frac{\sum_{k=1}^{\infty} k(k-1)p_k}{\sum_{k=1}^{\infty} k p_k} = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} - 1.$$

2 考虑疫苗有效性的传染病渗流模型

考虑一对相互联系的染病节点 i 和易感节点 j ,假定单位时间内节点 i 将传染病传染给节点 j 的平均概率为 β_{ij} ,染病节点 i 的病程时间为 τ_i ,则传染病在这段时间内没有从节点 i 传染到节点 j 的概率为 $1 - T_{ij} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} (1 - \beta_{ij} \Delta t)^{\tau_i / \Delta t} = e^{-\beta_{ij} \tau_i}$ 。因此,传染病从节点 i 传染到节点 j 的概率为 $T_{ij} = 1 - e^{-\beta_{ij} \tau_i}$ 。

一般来说,不同个体的传染率 β_{ij} 和病程时间 τ_i 不同,假设这两个量分别服从分布 $P(\beta)$ 和 $P(\tau)$,则两个个体之间的平均传染概率,即边占用概率为 $T = \langle T_{ij} \rangle = 1 - \int_0^{\infty} P(\beta) P(\tau) e^{-\beta \tau} d\beta d\tau$ 。

假设在复杂网络中,没有接种过疫苗的个体比例为 α ,接种了疫苗的个体比例为 $1 - \alpha$,并假设疫苗的有效率为 $1 - p$ 。也就是说,在由未接种疫苗的个体构成的接触网络中,传染病的平均传播概率是 T ;而在由接种了疫苗的个体构成的接触网络中,传染病的平均传播概率是 pT 。

从渗流的角度出发,可以将考虑免疫及疫苗有效性的传染病传播模型映射为点-边渗流模型。具体来说,在由未接种疫苗的个体构成的接触网络中,节点被占用的概率为 α ,而连边被占用的概率为 T ;在由接种疫苗的个体构成的接触网络中,节点被占用的概率为 $1 - \alpha$,而连边被占用的概率为 pT 。

2.1 生成函数

接下来在度不相关的配置网络上利用生成函

数法解决传染病传播的点-边渗流问题。从网络中随机选择一名度为 k 的个体, 在该个体的 k 名邻居中, 有 m 名还没有接种疫苗, $k-m$ 名已经接种了疫苗的概率为 $C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m}$ 。在 m 名未接种疫苗的邻居中有 a 名感染者, $m-a$ 名易感者的概率为 $C_m^a T^a (1-T)^{m-a}$ 。在 $k-m$ 名接种了疫苗的邻居中有 b 名感染者, 有 $k-m-b$ 名易感者的概率

为 $C_{k-m}^b (pT)^b (1-pT)^{k-m-b}$ 。

为了方便起见, 用符号 Θ 表示网络中包含的信息, 其中包括疫苗无效率 p 以及疫苗覆盖率 $1-\alpha$ 。那么, 网络中任意一名度为 k 的个体周围有 a 名未接种疫苗的感染者邻居和 b 名接种了疫苗的感染者邻居的概率生成函数为

$$\begin{aligned}
 G_0(x; \Theta) &= G_0(x; T, pT, \alpha, 1-\alpha) = \sum_{a=0}^{\infty} \left\{ \sum_{m=a}^{\infty} \left[\sum_{k=m}^{\infty} p_k C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m} \right] C_m^a T^a (1-T)^{m-a} \right\} x^a \times \\
 &\quad \sum_{b=0}^{\infty} \left\{ \sum_{k-m=b}^{\infty} \left[\sum_{k=m}^{\infty} p_k C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m} \right] C_{k-m}^b (pT)^b (1-pT)^{k-m-b} \right\} x^b = \\
 &\quad \sum_{m=0}^{\infty} \left[\sum_{k=m}^{\infty} p_k C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m} \sum_{a=0}^{\infty} C_m^a T^a (1-T)^{m-a} x^a \right] \times \\
 &\quad \sum_{k-m=0}^{\infty} \left[\sum_{k=m}^{\infty} p_k C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m} \sum_{b=0}^{\infty} C_{k-m}^b (pT)^b (1-pT)^{k-m-b} x^b \right] = \\
 &\quad \sum_{m=0}^{\infty} \left[\sum_{k=m}^{\infty} p_k C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m} (Tx + 1 - T)^m \right] \times \sum_{k-m=0}^{\infty} \left[\sum_{k=m}^{\infty} p_k C_k^m \alpha^m (1-\alpha)^{k-m} (pTx + 1 - pT)^{k-m} \right] = \\
 &\quad \sum_{k=0}^{\infty} p_k \left[\sum_{m=0}^k C_k^m (\alpha Tx + \alpha - \alpha T)^m (1-\alpha)^{k-m} \right] \times \sum_{k=0}^{\infty} p_k \left[\sum_{m=0}^k C_k^m \alpha^m [(1-\alpha)(pTx + 1 - pT)]^{k-m} \right] = \\
 &\quad \sum_{k=0}^{\infty} p_k (\alpha Tx + \alpha - \alpha T + 1 - \alpha)^k \times \sum_{k=0}^{\infty} p_k [\alpha + (1-\alpha)(pTx + 1 - pT)]^k = \\
 &\quad G_0(1 + (x-1)\alpha T) G_0(1 + (x-1)(1-\alpha)pT)。 \tag{1}
 \end{aligned}$$

同理, 沿随机选择的一条边到达余度为 k 的个体, 该个体的邻居中有 a 名未接种疫苗的感染者和 b 名接种了疫苗的感染者的概率生成函数为

令 $H_1(x; \Theta)$ 为沿网络中任一条边到达的感染者组成的连通片的规模的概率分布生成函数, 则

$$G_1(x; \Theta) = G_1(1 + (x-1)\alpha T) G_1(1 + (x-1)(1-\alpha)pT)。 \tag{2}$$

$$H_1(x; \Theta) = x G_1(H_1(x; \Theta); \Theta)。 \tag{5}$$

类似地, 令 $H_0(x; \Theta)$ 为从人群网络中任意选择一名感染者所处的连通片大小的概率分布生成函数, 则

通过计算可得

$$H_0(x; \Theta) = x G_0(H_0(x; \Theta); \Theta)。 \tag{6}$$

$$\begin{cases}
 G_0(x; 1, 1, 1, 0) = G_0(x) G_0(1) = G_0(x), \\
 G_0(1; T, pT, \alpha, 1-\alpha) = G_0(1) G_0(1) = 1, \\
 G_0'(1; T, pT, \alpha, 1-\alpha) = (\alpha + p - \alpha p) T G_0'(1), \\
 G_1(x; 1, 1, 1, 0) = G_1(x) G_1(1) = G_1(x), \\
 G_1(1; T, pT, \alpha, 1-\alpha) = G_1(1) G_1(1) = 1, \\
 G_1'(1; T, pT, \alpha, 1-\alpha) = (\alpha + p - \alpha p) T G_1'(1).
 \end{cases} \tag{3}$$

传染病的平均暴发规模为

$$\langle s \rangle = H_0'(1; \Theta) = 1 + G_0'(1; \Theta) H_1'(1; \Theta) = 1 + \frac{(\alpha T + pT - \alpha p T) G_0'(1)}{1 - (\alpha T + pT - \alpha p T) G_1'(1)}。 \tag{7}$$

2.2 流行阈值与平均暴发规模

当分母 $1 - (\alpha T + pT - \alpha p T) G_1'(1) = 0$ 时, 平均暴发规模无穷大, 网络中出现巨连通片。 $\langle s \rangle$ 对 p 求导得

设 $P_s(\Theta)$ 表示传染病暴发规模的分布, 可以得到关于传染病暴发规模的分布的概率生成函数为

$$\frac{\partial \langle s \rangle}{\partial p} = \frac{(1-\alpha) T G_0'(1)}{[1 - (\alpha T + pT - \alpha p T) G_1'(1)]^2} > 0。 \tag{8}$$

$$H_0(x; \Theta) = \sum_{s=0}^{\infty} P_s(\Theta) x^s。 \tag{4}$$

通过式(8)可以看出, 传染病的平均暴发规模随着疫苗无效率 p 的增大而增大。

由式(7)可得传染病的流行阈值

$$T_c = \frac{1}{(\alpha + p - \alpha p)G_1'(1)} \tag{9}$$

观察式(9)可以发现,传染病的流行阈值会随疫苗无效性的增大而减小。

综上所述,提高疫苗的有效性能更好地控制传染病的暴发。

2.3 最终规模

当 $T > T_c$ 时,网络出现巨连通片,传染病暴发。此时,网络不再为树状结构,式(5)和式(6)不再发挥作用,于是重新定义 H_0 为除巨连通片外的小连通片大小的生成函数,有

$$H_0(1; \Theta) = \sum_s P_s = 1 - S(\Theta) \tag{10}$$

$S(\Theta)$ 是感染者所在连通片占整个网络的比例,也称为巨连通片规模,对应于传染病传播模型中的最终规模,有

$$S(\Theta) = 1 - H_0(1; \Theta) = 1 - G_0(u; \Theta) \tag{11}$$

式中: $u = H_1(1; \Theta)$ 为经过遍历所有被占用的连边连向的感染者没有处于巨连通片中的平均概率,是自洽方程 $u = G_1(u; \Theta)$ 的解。基于以上描述,对任意给定的网络度分布,通过数值求解即可得到传染病传播的最终规模。

本文的研究具有更广泛的适用性和一般性,在此,需要着重强调:当参数 $\alpha = 1$ 时,表明人群中所有的个体均没有接种疫苗,此时,本文的模型退化为 Newman^[8] 给出的边渗流模型,得到的相关流行病学量与参考文献[8]中的完全一致;当参数 $p = 0$ 时,表明疫苗是绝对有效的(即个体接种疫苗后绝对不会被传染成为感染者),此时,本文的模型退化为 Li

$$\begin{cases} T_c = \frac{1 - \exp(-1/\kappa)}{2(\alpha + p - \alpha p)\exp(-1/\kappa)}, \\ u = \left[\frac{1 - \exp(-1/\kappa)}{1 - (1 + (u - 1)\alpha T)\exp(-1/\kappa)} \right]^2 \times \left[\frac{1 - \exp(-1/\kappa)}{1 - (1 + (u - 1)(1 - \alpha)pT)\exp(-1/\kappa)} \right]^2, \\ S(\Theta) = 1 - \frac{1 - \exp(-1/\kappa)}{1 - (1 + (u - 1)\alpha T)\exp(-1/\kappa)} \times \frac{1 - \exp(-1/\kappa)}{1 - (1 + (u - 1)(1 - \alpha)pT)\exp(-1/\kappa)}. \end{cases} \tag{13}$$

3.1.3 幂律分布

若网络的度分布服从 $p_k = \frac{k^{-\tau} \exp(-k/\kappa)}{Li_\tau(\exp(-1/\kappa))}$, 则

$$G_0(x) = \frac{Li_\tau(x \exp(-1/\kappa))}{Li_\tau(\exp(-1/\kappa))},$$

等^[17]给出的点-边渗流模型,得到的相关流行病学量与参考文献[17]中的完全一致。

3 数值模拟

下面借助 MATLAB 软件对模型进行数值模拟,验证上述模型与相关理论结果的合理性及正确性。与参考文献[17]主要关注疫苗接种比例对传染病传播的影响不同,本文将研究重点放在了疫苗有效性这一关键因素上。同时,模拟研究了网络度分布为泊松、指数、幂律这三种不同网络结构对传染病传播的流行阈值及最终规模的影响。

3.1 流行阈值和最终规模的计算

3.1.1 泊松分布

若网络的度分布服从 $p_k = \frac{\langle k \rangle^k \exp(-\langle k \rangle)}{k!}$,

则 $G_0(x) = G_1(x) = \exp(\langle k \rangle(x - 1))$ 。进而有

$$\begin{cases} T_c = \frac{1}{(\alpha + p - \alpha p)\langle k \rangle}, \\ u = \exp(\langle k \rangle(\alpha + p - \alpha p)(u - 1)T), \\ S(\Theta) = 1 - \exp(\langle k \rangle(\alpha + p - \alpha p)(u - 1)T). \end{cases} \tag{12}$$

3.1.2 指数分布

若度分布为 $p_k = (1 - \exp(-1/\kappa))\exp(-k/\kappa)$, 则

$$G_0(x) = \frac{[1 - \exp(-1/\kappa)]}{[1 - x \exp(-1/\kappa)]}, \quad G_1(x) =$$

$\left[\frac{(1 - \exp(-1/\kappa))}{(1 - x \exp(-1/\kappa))} \right]^2$ 。进而有

$$G_1(x) = \frac{Li_{\tau-1}(x \exp(-1/\kappa))}{x Li_{\tau-1}(\exp(-1/\kappa))}.$$

进而有

$$\begin{cases} T_c = \frac{Li_{\tau-1}(\exp(-1/\kappa))}{(\alpha + p - \alpha p)[Li_{\tau-2}(\exp(-1/\kappa)) - Li_{\tau-1}(\exp(-1/\kappa))]}, \\ u = \frac{Li_{\tau-1}((1 + (u-1)\alpha T)\exp(-1/\kappa))}{(1 + (u-1)\alpha T)Li_{\tau-1}(\exp(-1/\kappa))} \times \frac{Li_{\tau-1}((1 + (u-1)(1-\alpha)pT)\exp(-1/\kappa))}{(1 + (u-1)(1-\alpha)pT)Li_{\tau-1}(\exp(-1/\kappa))}, \\ S(\Theta) = 1 - \frac{Li_{\tau}((1 + (u-1)\alpha T)\exp(-1/\kappa))}{Li_{\tau}(\exp(-1/\kappa))} \times \frac{Li_{\tau}((1 + (u-1)(1-\alpha)pT)\exp(-1/\kappa))}{Li_{\tau}(\exp(-1/\kappa))}. \end{cases} \quad (14)$$

3.2 模拟结果

分别对具有相同平均度 $\langle k \rangle = 4$ 的泊松网络、指数网络和幂律网络进行数值模拟。这里, 始终保持网络中疫苗的覆盖率为 70%, 通过计算可得指数分布的 $\kappa = 4.48$, 幂律分布的 $\kappa = 689, \tau = 2$ 。

图 1 模拟了不同结构网络中疫苗有效性 $1 - p$ 对流行阈值的影响。可以看出, 保持疫苗覆盖率 $1 - \alpha$ 不变的情况下, 不同结构网络中流行阈值均随疫苗有效性的增加而增加。因此, 提高疫苗的有效性能够有效阻止传染病在泊松、指数、幂律这三种不同结构网络中的传播。此外, $T_c = 1$ 时对应的疫苗有效性, 在泊松网络中更小, 这表明传染病的传播随网络均匀性的增强更容易得到控制。

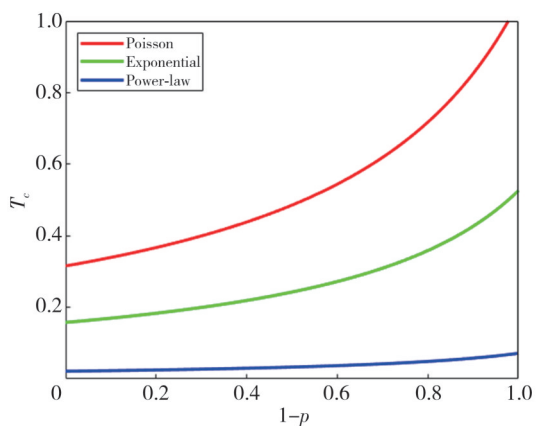


图 1 疫苗有效性 $1 - p$ 对流行阈值的影响
Fig. 1 Effect of vaccine effectiveness $1 - p$ on epidemic threshold

图 2 中的三幅图分别模拟了在保持疫苗覆盖率 $1 - \alpha$ 不变的情况下, 在泊松、指数、幂律结构网络中, 当 $T > T_c$ 时, 传染病的传播概率 T 和疫苗有效性 $1 - p$ 对传染病传播最终规模的影响。从这三组图中可以看出, 无论在哪一种网络中, 传染病传播的最终规模都会随传播概率 T 的增加而变大, 并且随着疫苗有效性 $1 - p$ 的提高而变小。

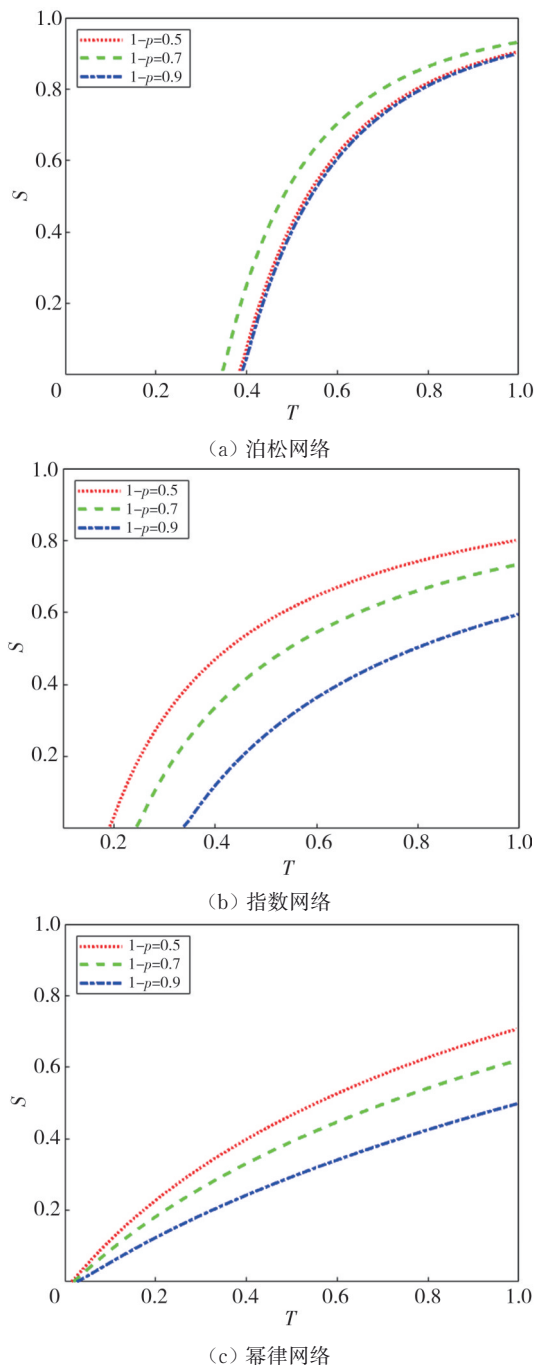


图 2 不同网络中传染率和疫苗有效性对传播的影响
Fig. 2 Effect of infection rate and vaccine effectiveness on transmission in different networks

图 3 中的三幅图展示了疫苗有效性分别保持 0.5, 0.7, 0.9 不变的条件下, 传播最终规模随网络结构以及传染病的传播概率 T 变化的情况。

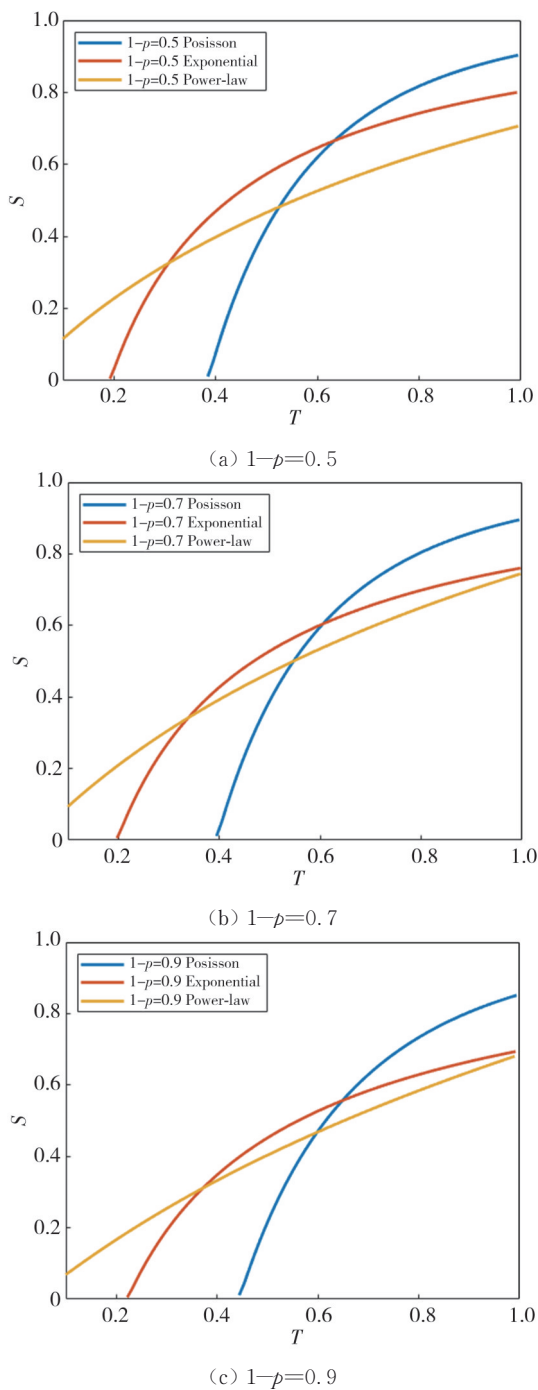


图 3 网络结构和传染率对传播的影响
Fig. 3 Effect of network structure and infection rate on transmission

最终规模 $S(\theta)$ 出现非零解时对应的传播概率 T 为传染病的流行阈值 T_c 。仔细分析图中的曲线可以看出, 最终规模在这三种不同的网络下均随传播概率 T 的增加而变大, 但传染病的流行阈值在泊松网络中最大, 在幂律网络中最小。也就

是说, 传播概率 T 的增加会使传染病更容易暴发, 在不考虑疫苗的覆盖率和有效性的条件下, 随着网络均匀性的增大, 传染病更不容易暴发。

4 结 论

本文不同于复杂网络上对传染病渗流模型以往的研究, 首次在传染病渗流模型中引入了疫苗有效性这一重要参数。这一创新性的研究为深入理解疫苗接种在传染病传播中的作用提供了重要的理论支持。

改进的模型的理论分析和数值模拟结果与传染病传播的实际情况完全吻合: 1) 在保持发生传染病传播的网络结构不变的前提下, 提高疫苗的有效性能够增大传染病的流行阈值并且减小传播的最终规模, 这意味着疫苗的有效性这一变量对传染病在人群中的传播具有显著的抑制作用; 2) 在保持疫苗覆盖率和有效性不变的情况下, 增强网络结构的均匀性, 能够提高传染病的流行阈值, 该结果表明研究网络结构对传染病传播的科学防控具有重要意义。

综上所述, 提高疫苗的有效性这一策略能够有效控制和防止传染病在人群中的传播。此外, 有相关文献^[20]表明, 通过提高疫苗有效性能够有效减少疫苗犹豫的发生, 从而提高公众接种疫苗的比例。也就是说, 疫苗有效性对疫苗覆盖率存在一定影响, 后续可以进一步考虑疫苗有效性对疫苗覆盖率的影响, 并将这种影响可能存在的函数关系引入至模型中, 不断完善考虑疫苗有效性的传染病渗流模型, 使该模型与传染病传播的实际情况更加契合。

参考文献:

[1] 靳祯, 孙桂全, 刘茂省. 网络传染病动力学建模与分析[M]. 北京: 科学出版社, 2014.

[2] 张晓宝, 严丹莹, 陈灿, 等. 传染病流行病学中基本再生数与有效再生数指标的研究进展[J]. 中华疾病控制杂志, 2021, 25(7): 753-757.

ZHANG Xiaobao, YAN Danying, CHEN Can, et al. Research progress on the basic and effective reproductive number in the epidemiology of infectious diseases [J]. Chinese Journal of Disease Control and Prevention, 2021, 25(7): 753-757. (in Chinese)

[3] NEWMAN M E J. 网络科学引论[M]. 郭世泽, 陈哲, 译. 北京: 电子工业出版社, 2014.

- [4] DOROGOVTSSEV S N, GOLTSEV A V, MENDES J F. Critical phenomena in complex networks[J]. *Reviews of Modern Physics*, 2008, 80(4): 1275.
- [5] SABERI A A. Recent advances in percolation theory and its applications[J]. *Physics Reports*, 2015, 578: 1-32.
- [6] STAUFFER D, AHARONY A. Introduction to percolation theory [M]. London: Taylor & Francis, 1992.
- [7] LI M, LIU R R, LÜ L Y, et al. Percolation on complex networks: Theory and application [J]. *Physics Reports*, 2021, 907: 1-68.
- [8] NEWMAN M E. Spread of epidemic disease on networks[J]. *Physical Review E*, 2002, 66(1): 016128.
- [9] BOCCALETTI S, LATORA V, MORENO Y, et al. Complex networks: Structure and dynamics[J]. *Physics Reports*, 2006, 424(4/5): 175-308.
- [10] 陈关荣, 汪小帆, 李翔. 复杂网络引论[M]. 北京: 高等教育出版社, 2012.
- [11] 刘勇, 杨淑姝, 王笑. 无标度网络下的人群分类传染病传播研究[J]. *重庆理工大学学报(自然科学)*, 2023, 37(1): 273-279.
LIU Yong, YANG Shushu, WANG Xiao. Research on the spread of population-classified infectious diseases in scale-free networks[J]. *Journal of Chongqing University of Technology (Natural Science)*, 2023, 37(1): 273-279. (in Chinese)
- [12] 靳祯, 罗晓峰. 复杂网络传播动力学研究进展[J]. *山西大学学报(自然科学版)*, 2017, 40(3): 426-441.
JIN Zhen, LUO Xiaofeng. Advances in spreading dynamics research on complex networks[J]. *Journal of Shanxi University (Natural Science Edition)*, 2017, 40(3): 426-441. (in Chinese)
- [13] BIANCONI G. Epidemic spreading and bond percolation on multilayer networks[J]. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment*, 2017 (3): 034001.
- [14] CROCCOLO F, ROMAN H E. Spreading of infections on random graphs: A percolation-type model for COVID-19 [J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2020, 139: 110077.
- [15] ROMAN H E, CROCCOLO F. Spreading of infections on network models: Percolation clusters and random trees[J]. *Mathematics*, 2021, 9(23): 3054.
- [16] Browne C A, Amchin D B, Schneider J, et al. Infection percolation: A dynamic network model of disease spreading[J]. *Frontiers in Physics*, 2021, 9: 645954.
- [17] LI S P, ZHAO X R, ZHANG R X. Site-bond percolation model of epidemic spreading with vaccination in complex networks [J]. *Journal of Mathematical Biology*, 2022, 85(5): 49.
- [18] 莫庄非. 疫苗效力的真实含义是什么?[EB/OL]. (2021-10-28) [2024-07-03]. <https://worldscience.cn/c/2021-10-28/637877.shtml>.
- [19] NEWMAN M E, STROGATZ S H, WATTS D J. Random graphs with arbitrary degree distributions and their applications [J]. *Physical Review E*, 2001, 64(2): 026118.
- [20] WAGNER A L, HUANG Z Y, REN J, et al. Vaccine hesitancy and concerns about vaccine safety and effectiveness in Shanghai, China [J]. *American Journal of Preventive Medicine*, 2021, 60(1): S77-S86.