

疾病传播过程中的层间耦合影响问题研究

武兵杰¹, 霍良安^{1,2}

(1. 上海理工大学 管理学院, 上海 200093; 2. 上海理工大学 智慧应急管理学院, 上海 200093)

摘要: 疾病传播受到信息传播、个体行为选择等因素的影响, 过程复杂, 为了研究各种因素对疾病传播影响的内在机理, 提出了一个交互演化的层间耦合传播模型, 分析信息传播、接种行为和疾病传播的动态过程所涉及的6种耦合影响关系。在耦合模型的信息层, 讨论行为和疾病对信息传播的影响; 在耦合模型的行为层, 讨论信息和疾病对接种行为的影响; 在耦合模型的疾病层, 讨论信息和行为对疾病传播的影响。采用微观马尔科夫链方法分析该模型, 得到耦合状态转化方程和疾病流行阈值, 通过模拟仿真实验讨论该耦合因素对疾病传播阈值和疾病传播规模的影响。研究表明, 加强信息的传播, 鼓励个体接种疫苗, 是更好地控制疾病传播的两大关键因素。

关键词: 信息传播; 接种行为; 疾病传播; 复杂网络

中图分类号: O 157.5; R 181 **文献标志码:** A

Study on the influence of interlayer coupling in the process of disease transmission

WU Bingjie¹, HUO Liang'an^{1,2}

(1. Business School, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China; 2. School of Intelligent Emergency Management, University of Shanghai for Science and Technology, Shanghai 200093, China)

Abstract: The process of disease transmission is influenced by the information diffusion and individual behavioral choices, which is relatively complex. To investigate the intrinsic mechanism of various factors on the disease transmission, an interactive evolutionary interlayer coupled transmission model was proposed to analyze the six coupled influence relationships involved in the dynamic process of information diffusion, vaccination behavior and disease transmission. In the information layer of the coupled model, the implication of behavior and disease on the dissemination of information was

收稿日期: 2023-03-14

基金项目: 国家自然科学基金资助项目(72174121, 71774111); 上海高校特聘教授(东方学者)岗位计划资助; 上海市自然科学基金资助项目(21ZR1444100)

第一作者: 武兵杰(1997-), 女, 硕士研究生。研究方向: 应急管理。E-mail: 1549930953@qq.com

通信作者: 霍良安(1981-), 男, 教授。研究方向: 应急管理。E-mail: sjtuhuo@163.com

引文格式: 武兵杰, 霍良安. 疾病传播过程中的层间耦合影响问题研究[J]. 上海理工大学学报, 2024, 46(4): 452-463.

DOI: 10.13255/j.cnki.jusst.20230314002

Citation: WU Bingjie, HUO Liang'an. Study on the influence of interlayer coupling in the process of disease transmission[J]. Journal of University of Shanghai for Science and Technology, 2024, 46(4): 452-463.

analyzed. In the behavior layer of the coupled model, the influence of information and disease on the vaccination behavior was examined, and in the disease layer of the coupled model, the impact of information and behavior on the transmission of disease was explored. The micro Markov chain approach (MMCA) was used to analyze the model, and to obtain the coupled state transformation equations and disease prevalence thresholds. The effects of the coupling factor on the disease transmission threshold and the scale of the disease transmission were discussed through simulation experiments. The results indicate that enhancing the diffusion of information and encouraging individuals to get vaccinated are two key factors for better control of disease transmission.

Keywords: *information diffusion; vaccination behavior; disease transmission; complex networks*

长久以来,传染病一直存在于人类社会生活中,从早期的天花病毒和猴痘病毒^[1]到2003年SARS病毒^[2],再到过去几年全球大流行的新型冠状病毒肺炎病毒^[3-4]等,这些突发公共卫生疾病,一直威胁着人们的生命财产安全,阻碍社会经济发展^[5-6]。目前,越来越多的专家学者研究疾病传播规律,以便找到减轻突发公共卫生事件对人类生命以及社会发展造成危害的办法^[7-8]。

1927年,Kermack等^[9]基于动力学建立了经典的易感-感染-恢复(SIR)模型,当易感者与感染者接触时,将以一定概率被感染,并且传播该疾病,同时又以一定概率痊愈成恢复者。1932年,Kermack等^[10]考虑部分患者在痊愈后仍可能再次被感染,因此,提出易感-感染-易感(SIS)模型,并提出判断疾病是否流行的“阈值理论”。随后,有学者考虑一些疾病在传播过程中有一定的潜伏期,故在此基础上提出易感-暴露-感染-恢复(SEIR)模型^[11]描述疾病传播规律,以此采取更好的措施控制疾病的传播。

复杂网络理论为研究人群结构对疾病传播的影响提供了思想和技术基础。实际上,复杂网络上的疾病传播是复杂网络研究最早关注的问题之一,也伴随着复杂网络理论的发展形成了一个重要的研究方向^[12-13]。这方面最早的工作可以追溯到小世界模型^[14]和无标度模型^[15]。随后,2000年,Pastor-satorras等^[16]提出了基于无标度网络动态疾病传播模型,2003年,Newman等^[17]建立了复杂网络上疾病动态传播模型。复杂网络研究的不断完善和发展,为疾病传播的研究奠定了坚实的基础。

在疾病爆发的时候,人们会从网络、邻居等多种途径了解疾病的危险性和一些预防疾病的防护手段,获知的这些信息会对疾病传播产生重要

影响^[18-19],特别是随着近年来网络自媒体的迅速发展,疾病信息对疾病传播的影响变得不可忽视。越来越多的学者开始基于复杂网络理论的框架,开展单层和多层网络上的信息-疾病传播过程研究^[20]。比如:Funk等^[21]揭示信息传播对减小疾病传播规模具有重要意义;Granell等^[22]采用双层耦合网络模型描述意识扩散和疾病传播过程之间的关系,发现意识会显著影响疾病传播阈值。此外,Granell等^[23]和Xia等^[24]引入大众媒体作为新的信息来源,探究不同信息来源竞争传播机制对疾病传播的影响,结果表明官方信息对抑制疾病传播发挥了重要作用。Wang等^[25]考虑信息种类不同,分析正面和负面两种信息对疾病传播阈值的影响,发现正面信息可以有效抑制疾病的传播,而负面信息将会促进疾病的传播。Sun等^[26]和Guo等^[27]分别考虑个体局部意识率和非对称意识率对疾病传播过程的影响,深入探究意识差异在疾病防控中扮演的重要角色。信息的传播常常会引起个体行为的变化,Zuo等^[28]提出一种新的传播模型,研究接种行为和信息传播的相互作用,发现个体对信息的敏感性会影响个体接种行为;Shi等^[29]和Feng等^[30]建立双层耦合模型,分析个体异质性在疾病传播过程的作用,有助于深入理解行为和疾病传播的相互作用。Du等^[31]分析社交媒体和人类行为对疾病传播的影响,强调了信息对个体行为改变的重要性。Fisher等^[32]重点分析医生提供的建议信息对接种行为的影响,发现医生明确的建议和提供的保护信息有利于促进个体选择接种,这对遏制疾病传播有积极作用。Yin等^[33]建立3层疾病耦合模型,研究个体得知疫苗相关负面信息后对接种行为的反应,并结合接种成本和羊群效应分析个体接种行为的选择,研究

得出，负面信息会大大降低个体接种率，进而促进疾病的传播。另外，有研究表明，在疾病爆发时接种疫苗对疾病传播的影响最为显著^[34-35]。一些学者从接种策略的角度分析接种行为对疾病传播的影响^[36-37]，结果表明，个体不同的行为决策对疾病传播过程影响不同。随着对疾病传播过程的耦合模型研究，分析发现信息传播会引起个体行为变化，这些行为变化也会对疾病传播产生影响^[38-40]，因此，有必要进一步研究信息、接种行为对疾病传播的耦合影响。

上述研究主要分析耦合传播模型中的信息传播对于疾病传播的影响，但是有一些需要改进的地方。第一，较少同时考虑信息、个体行为选择对于疾病传播的影响问题，而在实际疾病传播的过程中，信息传播首先引起个体的行为改变，不同的行为变化进一步影响疾病在人群中的传播规律。第二，上述研究中多数假设个体被感染疾病后会直接感知到疾病相关的信息，而在现实中，个体被感染后，并不会立即感知到疾病相关的信息，而是以一定的概率获取到疾病相关的信息。第三，较少分析疾病传播对行为的变化，以及行为变化对信息传播的反向影响，而在实际疾病传播过程中，疾病传播会引起大家紧张，继而促进行为的改变，也会进一步影响信息的传播。综上所述可知，疾病的传播和管控受多种因素的影响，信息、行为和疾病传播存在多种耦合交互关系。本文建立一个3层网络模型，分别描述信息、接种行为、疾病3个传播过程及其之间的6种耦合关系，通过微观马尔科夫链方法得出流行病阈值，通过仿真模拟探讨信息、接种行为与疾病之间的交互影响过程。

1 UAU-WVW-SIS 模型的构建与假设

现实生活中，疾病相关的信息会伴随着疾病爆发逐渐传播。当个体获取信息后会作出相应的行为反应，这将会对疾病传播产生重要影响。同时，疾病传播也会反过来影响信息传播和行为选择的过程。比如，在 COVID-19 爆发时，一些个体获取疾病相关信息后，产生自我防护意识，开始自我居家隔离、与他人保持社交距离等，这些行为反应将会直接影响疾病的传播过程^[41-42]。另外，一些个体也可能获取疫苗相关的信息，这些信息可能包括接种疫苗后产生副作用的担忧，也可能

是关于疫苗有效性的肯定。个体通过对这些信息的综合理解和判断，做出自己的行为决策，这一过程也会对疾病传播产生影响。值得注意的是，当个体接种后会提高自身免疫力，进一步降低被感染的风险，同时，个体之间的社会互动也会促进信息的广泛传播^[43-44]；当个体感染后会有一定的自我意识，这也会影响信息的传播过程。

根据上述分析可知，疾病传播是个十分复杂的过程，信息、接种行为和疾病传播之间相互影响。为了更深入了解疾病传播的规律，本文通过拓展 Granell 等^[22] 建立的双层耦合网络模型，构建了一个改进的多层网络模型(见图 1)分析信息、接种行为、疾病耦合传播过程之间的交互影响。该模型是一个由 3 层网络组成的多路网络模型，各层中的每个节点代表每个个体，各层之间节点一一对应。第 1 层是虚拟接触网络——信息层(UAU)，用来描述疫苗和疾病相关信息的传播。其中：U 代表未知信息的个体；A 代表已知信息的个体。第 2 层是物理接触网络——行为层(WVW)，用来描述个体接种行为的选择。其中：W 代表未接种的个体；V 代表已经接种的个体。第 3 层是物理接触网络——疾病层(SIS)，用来描述疾病的传播。其中：S 代表易感个体；I 代表感染个体。此外，该模型考虑所有层之间的交互影响，并且通过 6 个影响过程(如图 1 所示的 I ~ VI)来体现信息、行为和疾病传播的相互耦合作用。

该网络模型传播过程假设如下：

假设 1 在信息层中，通过 UAU 模型描述关于疫苗和疾病相关信息的传播，包括 U，A 两种状态。假设个体获取信息有两个渠道：一是被邻居告知；二是被感染后自我意识。首先，U 状态的个体与 A 状态的邻居接触，A 状态个体以 λ 的概率传播信息。在现实中，信息传播会被个体的行为变化所影响，当个体了解到一部分个体采取接种行为后，会影响个体接收信息的意愿，故引入参数 α 表示接种行为对信息传播的影响因子(如图 1 中的 IV)，因此实际的信息传播率可表示为 $\alpha\lambda$ ；另外，当个体被感染疾病后，会通过自我意识获取信息，故引入参数 k 表示未知信息的个体被感染后的自我意识率(如图 1 中的 III)。其中： $0 \leq \alpha \leq 1$ ； $0 \leq k \leq 1$ 。由于外界环境的变化或者个体记忆力等原因，故假设已知信息的个体会以 δ ($0 \leq \delta \leq 1$) 的概率遗忘，变为 U 状态。具体信息传播过程如下：

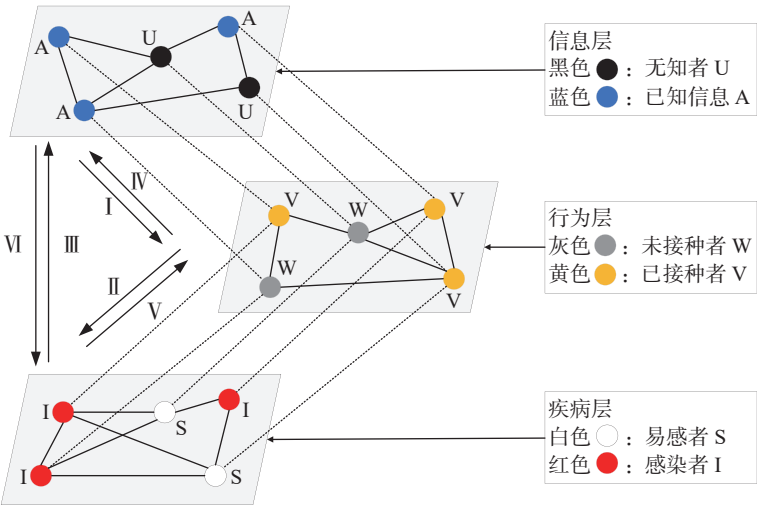


图 1 多层网络模型图

Fig.1 Diagram of multilayer network model

$$\left\{ \begin{array}{l} U + A \xrightarrow{\alpha\lambda} A + A \\ UI \xrightarrow{k} AI \\ A \xrightarrow{\delta} U \end{array} \right. \quad (1)$$

假设 2 在行为层中，通过WVW模型描述个体接种行为的选择，包括W，V两种状态。记U状态个体接种疫苗的概率为 θ^U ，记A状态个体接种疫苗的概率为 θ^A 。为更好地刻画个体接种行为选择的过程，考虑个体接种意愿被两方面因素影响。一是信息传播对接种意愿的影响，当个体获知相关信息后，对接种行为会有清楚的认知和理解，接种意愿较大，故假设未知信息的个体会降低一个因子的接种意愿，引入参数 γ^n 表示信息传播对个体接种意愿的影响因子（如图1中的I）。其中： $n=0$ 表示已知信息个体的接种意愿，记为 $\gamma^0=1$ ； $n=1$ 表示未知信息个体的接种意愿，记为 $\gamma^1=\gamma$ 。另一个是疾病传播对接种意愿的影响，当疾病传播时会引起大家的紧张，个体对该疾病产生的紧张情绪越大，则选择接种的意愿越大。为了简化模型，故假设每个个体对疾病产生的紧张情绪相同，故引入参数 ζ 表示疾病传播对接种行为的影响因子（如图1中的V）。综上分析可知，由于A状态的个体已知信息，所以接种意愿较大，记 $\theta^A=\zeta\gamma^0\theta=\zeta\theta$ ；由于U状态的个体不知道信息，所以接种意愿较小，记 $\theta^U=\zeta\gamma^1\theta=\zeta\gamma\theta$ 。其中： $0\leq\zeta\leq1$ ； $0\leq\gamma\leq1$ 。具体接种行为过程如下：

$$\left\{ \begin{array}{l} UW \xrightarrow{\theta^U} UV \\ AW \xrightarrow{\theta^A} AV \end{array} \right. \quad (2)$$

假设 3 在疾病层中，采用SIS疾病传播模型分析疾病传播过程，包括S，I两种状态，记基本疾病传播率为 β 。为更全面地描述疾病传播的过程，考虑个体易感性被两方面因素影响：一是接种行为对个体易感性的影响，当个体选择接种行为后，会提高自身免疫力，降低其易感性，故引入参数 η^m 表示接种行为对个体易感性的影响（如图1中的II）。其中： $m=0$ 表示未接种个体的易感性，记为 $\eta^0=1$ ； $m=1$ 表示已接种个体的易感性，记为 $\eta^1=\eta$ 。另一个是信息传播对个体易感性的影响，当个体获取信息后，除了选择接种行为来保护自己，也会采取别的自我防护措施，降低自己的易感性。为了简化模型，假设每个已知信息的个体采取的自我防护措施强度相同，故引入参数 ε 表示已知信息个体采取自我防护措施强度对易感性的影响因子（如图1中的VI），假设未知信息的个体，除了接种行为不会采取别的防护措施。综上可知，未知信息且未接种疫苗个体的感染率为 $\beta^{UW}=\eta^0\beta=\beta$ ，未知信息且接种疫苗个体的感染率为 $\beta^{UV}=\eta^1\beta=\eta\beta$ ，已知信息且未接种疫苗个体的感染率为 $\beta^{AW}=\eta^0\varepsilon\beta=\varepsilon\beta$ ，已知信息且接种疫苗个体的感染率为 $\beta^{AV}=\eta^1\varepsilon\beta=\varepsilon\eta\beta$ 。当 $\eta=0$ 时， $\beta^{UV}=\beta^{AV}=0$ 表示接种疫苗的个体一定不会被感染，即接种个体完全免疫。然而，在实际生活中，即使接种疫苗仍然会被感染，接种行为只是降低感染风险，因此不考虑完全免疫状态。当 $\eta=1$ ，表示接种疫苗对疾病传播没有任何影响。此外，被感染的个体将会以概率 μ 恢复到易感状态。其中： $0<\eta\leq1$ ； $0\leq\varepsilon\leq1$ ； $0\leq\mu\leq1$ 。为了简

化模型, 假设已经接种的个体被感染后, 该个体接种的疫苗失效了, 故均视为未接种状态。具体疾病传播过程如下:

$$\begin{cases} \text{UWS} + \text{WI} \xrightarrow{\beta} \text{UWI} + \text{WI} \\ \text{UVS} + \text{WI} \xrightarrow{\eta\beta} \text{UWI} + \text{WI} \\ \text{AWS} + \text{WI} \xrightarrow{\varepsilon\beta} \text{AWI} + \text{WI} \\ \text{AVS} + \text{WI} \xrightarrow{\varepsilon\eta\beta} \text{AWI} + \text{WI} \\ \text{WI} \xrightarrow{\mu} \text{WS} \end{cases} \quad (3)$$

2 MMCA 理论分析

理论上, 利用微观马尔可夫链方法 (MMCA) 进一步了解各层网络之间的交互作用。该模型中的各层网络节点一一对应, 根据第一节中描述的各层网络传播过程, 相互耦合一共有 8 种状态, 分别是 UWS, UWI, UVS, UVI, AWS, AWI, AVS, AVI。另外, 根据假设 3 可知, 已经接种疫苗的个体被感染, 则该个体疫苗保护作用消失, 立刻变为未接种疫苗状态, 即在行为层会将从 V 状态以 1 的概率变为 W 状态。因此, UVI, AVI 均以 1 的概率直接转化为 UWI, AWI。综上可知, 有效状态一共有 6 种, 分别是 UWS, UWI, UVS, AWS, AWI, AVS。采用微观马尔可夫链建立的状态转化概率树如图 2 所示。

a_{ij} 表示信息层中邻接矩阵的元素, b_{ij} 表示行

为层中邻接矩阵的元素, c_{ij} 表示疾病层中邻接矩阵的元素。节点 i 在每个时间步长 t 的概率表示为 $P_i^{\text{UWS}}(t)$, $P_i^{\text{UVS}}(t)$, $P_i^{\text{UWI}}(t)$, $P_i^{\text{AWS}}(t)$, $P_i^{\text{AVS}}(t)$, $P_i^{\text{AWI}}(t)$ 。 $r_i(t)$ 表示信息层中未知信息的节点 i 在时间步长 t 不被邻居告知信息的概率; $q_i^{\text{UV}}(t)$ 表示未知信息且已接种疫苗的节点 i 在时间步长 t 不被邻居感染的概率; $q_i^{\text{UW}}(t)$ 表示未知信息且未接种疫苗的节点 i 在时间步长 t 不被邻居感染的概率; $q_i^{\text{AV}}(t)$ 表示已知信息且已接种疫苗的节点 i 在时间步长 t 不被邻居感染的概率; $q_i^{\text{AW}}(t)$ 表示已知信息且未接种疫苗的节点 i 在时间步长 t 不被邻居感染的概率。通过定义, 节点 i 的状态转移概率为

$$\begin{cases} r_i(t) = \prod_j [1 - a_{ji} P_j^{\text{A}}(t) \alpha \lambda] \\ q_i^{\text{UV}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{UV}}] \\ q_i^{\text{UW}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{UW}}] \\ q_i^{\text{AV}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{AV}}] \\ q_i^{\text{AW}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{AW}}] \end{cases} \quad (4)$$

另外, 根据上述可知, 记 $P_i^{\text{V}}(t) = P_i^{\text{UVS}}(t) + P_i^{\text{AVS}}(t)$, $P_i^{\text{A}}(t) = P_i^{\text{AWS}}(t) + P_i^{\text{AVS}}(t) + P_i^{\text{AWI}}(t)$, $P_i^{\text{I}}(t) = P_i^{\text{AWI}}(t) + P_i^{\text{UWI}}(t)$ 。

根据图 2 中 6 种状态的概率转移过程, 通过微观马尔可夫链方法建立状态转移方程如下:

$$\begin{cases} P_i^{\text{UWS}}(t+1) = r_i(t) (1 - \theta^{\text{U}}) q_i^{\text{UW}}(t) P_i^{\text{UWS}}(t) + \delta (1 - \theta^{\text{U}}) q_i^{\text{UW}}(t) P_i^{\text{AWS}}(t) + r_i(t) \mu P_i^{\text{UWI}}(t) + \delta \mu P_i^{\text{AWI}}(t) \\ P_i^{\text{UVS}}(t+1) = r_i(t) \theta^{\text{U}} q_i^{\text{UV}}(t) P_i^{\text{UWS}}(t) + r_i(t) q_i^{\text{UV}}(t) P_i^{\text{UVS}}(t) + \delta q_i^{\text{UV}}(t) P_i^{\text{AVS}}(t) + \delta \theta^{\text{U}} q_i^{\text{UV}}(t) P_i^{\text{AWS}}(t) \\ P_i^{\text{AVS}}(t+1) = [1 - r_i(t)] \theta^{\text{A}} q_i^{\text{AV}}(t) P_i^{\text{UWS}}(t) + [1 - r_i(t)] q_i^{\text{AV}}(t) P_i^{\text{UVS}}(t) + (1 - \delta) q_i^{\text{AV}}(t) P_i^{\text{AVS}}(t) + (1 - \delta) \theta^{\text{A}} q_i^{\text{AV}}(t) P_i^{\text{AWS}}(t) \\ P_i^{\text{AWS}}(t+1) = [1 - r_i(t)] (1 - \theta^{\text{A}}) q_i^{\text{AW}}(t) P_i^{\text{UWS}}(t) + (1 - \delta) (1 - \theta^{\text{A}}) q_i^{\text{AW}}(t) P_i^{\text{AVS}}(t) + [1 - r_i(t)] \mu P_i^{\text{UWI}}(t) + (1 - \delta) \mu P_i^{\text{AWI}}(t) \\ P_i^{\text{UWI}}(t+1) = r_i(t) \theta^{\text{U}} [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] (1 - k) P_i^{\text{UWS}}(t) + r_i(t) (1 - \theta^{\text{U}}) [1 - q_i^{\text{UW}}(t)] (1 - k) P_i^{\text{UWS}}(t) + \delta \theta^{\text{U}} [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] (1 - k) P_i^{\text{AWS}}(t) + \delta (1 - \theta^{\text{U}}) [1 - q_i^{\text{UW}}(t)] (1 - k) P_i^{\text{AWS}}(t) + r_i(t) [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] (1 - k) P_i^{\text{UVS}}(t) + \delta [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] (1 - k) P_i^{\text{AVS}}(t) + r_i(t) (1 - \mu) (1 - k) P_i^{\text{UWI}}(t) + \delta (1 - \mu) (1 - k) P_i^{\text{AWI}}(t) \\ P_i^{\text{AWI}}(t+1) = r_i(t) \theta^{\text{U}} [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] k P_i^{\text{UWS}}(t) + r_i(t) (1 - \theta^{\text{U}}) [1 - q_i^{\text{UW}}(t)] k P_i^{\text{UWS}}(t) + [1 - r_i(t)] \theta^{\text{A}} [1 - q_i^{\text{AV}}(t)] P_i^{\text{UWS}}(t) + [1 - r_i(t)] (1 - \theta^{\text{A}}) [1 - q_i^{\text{AW}}(t)] P_i^{\text{UWS}}(t) + \delta \theta^{\text{U}} [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] k P_i^{\text{AWS}}(t) + \delta (1 - \theta^{\text{U}}) [1 - q_i^{\text{UW}}(t)] k P_i^{\text{AWS}}(t) + (1 - \delta) \theta^{\text{A}} [1 - q_i^{\text{AV}}(t)] P_i^{\text{AWS}}(t) + (1 - \delta) (1 - \theta^{\text{A}}) [1 - q_i^{\text{AW}}(t)] P_i^{\text{AWS}}(t) + r_i(t) [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] k P_i^{\text{UVS}}(t) + [1 - r_i(t)] [1 - q_i^{\text{AV}}(t)] P_i^{\text{UVS}}(t) + \delta [1 - q_i^{\text{UV}}(t)] k P_i^{\text{AVS}}(t) + (1 - \delta) [1 - q_i^{\text{AV}}(t)] P_i^{\text{AVS}}(t) + r_i(t) (1 - \mu) k P_i^{\text{UWI}}(t) + [1 - r_i(t)] (1 - \mu) P_i^{\text{UWI}}(t) + \delta (1 - \mu) k P_i^{\text{AWI}}(t) + (1 - \delta) (1 - \mu) P_i^{\text{AWI}}(t) \end{cases} \quad (5)$$

由于每个状态都会随着 t 的增加而逐渐趋于稳定, 因此, 当 $t \rightarrow \infty$ 时满足恒等式:

$$\begin{cases} P_i^{\text{UWS}}(t+1) = P_i^{\text{UWS}}(t) = P_i^{\text{UWS}} \\ P_i^{\text{UVS}}(t+1) = P_i^{\text{UVS}}(t) = P_i^{\text{UVS}} \\ P_i^{\text{AVS}}(t+1) = P_i^{\text{AVS}}(t) = P_i^{\text{AVS}} \\ P_i^{\text{AWS}}(t+1) = P_i^{\text{AWS}}(t) = P_i^{\text{AWS}} \\ P_i^{\text{UWI}}(t+1) = P_i^{\text{UWI}}(t) = P_i^{\text{UWI}} \\ P_i^{\text{AWI}}(t+1) = P_i^{\text{AWI}}(t) = P_i^{\text{AWI}} \end{cases} \quad (6)$$

当 $t \rightarrow \infty$ 且疾病传播率 β 接近疾病传播阈值 β_C 时, 被感染节点的概率接近于0, 得到

$P_i^{\text{I}} = P_i^{\text{AWI}} + P_i^{\text{UWI}} = \varepsilon_i \ll 1$, 故忽略高阶项可得:

$$\begin{cases} q_i^{\text{UV}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{UV}}] \approx 1 - \beta^{\text{UV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j \\ q_i^{\text{UW}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{UW}}] \approx 1 - \beta^{\text{UW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j \\ q_i^{\text{AV}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{AV}}] \approx 1 - \beta^{\text{AV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j \\ q_i^{\text{AW}}(t) = \prod_j [1 - c_{ji} P_j^{\text{I}}(t) \beta^{\text{AW}}] \approx 1 - \beta^{\text{AW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j \end{cases} \quad (7)$$

结合式(5)~(7)化简得:

$$\begin{cases} P_i^{\text{UWS}} = r_i(1 - \theta^{\text{U}}) P_i^{\text{UWS}} + \delta(1 - \theta^{\text{U}}) P_i^{\text{AWS}} \\ P_i^{\text{UVS}} = r_i \theta^{\text{U}} P_i^{\text{UWS}} + r_i P_i^{\text{UVS}} + \delta P_i^{\text{AWS}} + \delta \theta^{\text{U}} P_i^{\text{AWS}} \\ P_i^{\text{AVS}} = (1 - r_i) \theta^{\text{A}} P_i^{\text{UWS}} + (1 - r_i) P_i^{\text{UVS}} + (1 - \delta) P_i^{\text{AVS}} + (1 - \delta) \theta^{\text{A}} P_i^{\text{AWS}} \\ P_i^{\text{AWS}} = (1 - r_i) (1 - \theta^{\text{A}}) P_i^{\text{UWS}} + (1 - \delta) (1 - \theta^{\text{A}}) P_i^{\text{AWS}} \\ \mu \varepsilon_i = r_i \theta^{\text{U}} \beta^{\text{UV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UWS}} + r_i (1 - \theta^{\text{U}}) \beta^{\text{UW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UWS}} + \\ (1 - r_i) \theta^{\text{A}} \beta^{\text{AV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UWS}} + (1 - r_i) (1 - \theta^{\text{A}}) \beta^{\text{AW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UWS}} + \\ \delta \theta^{\text{U}} \beta^{\text{UV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AWS}} + \delta (1 - \theta^{\text{U}}) \beta^{\text{UW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AWS}} + \\ (1 - \delta) \theta^{\text{A}} \beta^{\text{AV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AWS}} + (1 - \delta) (1 - \theta^{\text{A}}) \beta^{\text{AW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AWS}} + \\ r_i \beta^{\text{UV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UVS}} + (1 - r_i) \beta^{\text{AV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UVS}} + \\ \delta \beta^{\text{UV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AVS}} + (1 - \delta) \beta^{\text{AV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AVS}} \end{cases} \quad (8)$$

将式(8)中的前4个等式代入第5个等式, 化简得

$$\begin{aligned} \mu \varepsilon_i = & \beta^{\text{AV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AVS}} + \beta^{\text{AW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{AWS}} + \\ & \beta^{\text{UW}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UWS}} + \beta^{\text{UV}} \sum_j c_{ji} \varepsilon_j P_i^{\text{UVS}} \end{aligned} \quad (9)$$

根据 $P_i^{\text{UWS}} + P_i^{\text{UVS}} + P_i^{\text{AVS}} + P_i^{\text{AWS}} + P_i^{\text{UWI}} + P_i^{\text{AWI}} = 1$, $\beta^{\text{UW}} = \beta$, $\beta^{\text{UV}} = \eta\beta$, $\beta^{\text{AW}} = \varepsilon\beta$, $\beta^{\text{AV}} = \varepsilon\eta\beta$, 进一步化简式(9)得

$$\begin{aligned} \mu \varepsilon_i = & \left[(P_i^{\text{UWS}} + \varepsilon P_i^{\text{AWS}}) + \right. \\ & \left. \eta (P_i^{\text{UVS}} + \varepsilon P_i^{\text{AVS}}) \right] \beta \sum_j c_{ji} \varepsilon_j \end{aligned} \quad (10)$$

式(10)可以进一步表示为

$$\begin{aligned} \sum_j \left[\left[(P_i^{\text{UWS}} + \varepsilon P_i^{\text{AWS}}) + \right. \right. \\ \left. \left. \eta (P_i^{\text{UVS}} + \varepsilon P_i^{\text{AVS}}) \right] c_{ji} - \frac{\mu}{\beta} \delta_{ji} \right] \varepsilon_j = 0 \end{aligned} \quad (11)$$

其中, δ_{ji} 代表单位矩阵的元素。定义矩阵 $\mathbf{H}$ 的元素为 $h_{ji} = [(P_i^{\text{UWS}} + \varepsilon P_i^{\text{AWS}}) + \eta (P_i^{\text{UVS}} + \varepsilon P_i^{\text{AVS}})] c_{ji}$, 定义 $\Lambda_{\max}(\mathbf{H})$ 为矩阵 $\mathbf{H}$ 的最大特征值。因此, 该模型的疾病传播阈值表示为

$$\beta_C = \frac{\mu}{\Lambda_{\max}(\mathbf{H})} \quad (12)$$

3 仿真分析

在本节中, 主要分析模型中影响疾病传播的参数对疾病传播阈值及疾病传播规模的影响。在仿真模拟中, 采用蒙特卡洛(MC)模拟来验证提出模型的可用性。对于BA(Barabási-Albert)无标度网络的3层网络模型, 为了保持一致性, 网络节点数的大小固定为 $N = 5000$ 。由于平均度 $\langle K \rangle = 6$ 时, BA网络与现实中Facebook的平均最短路径长度非常相似^[33,45-46], 所以将所有实验中的平均度设为6。其中, ρ^{A} , ρ^{V} , ρ^{I} 分别为状态A, V, I中个

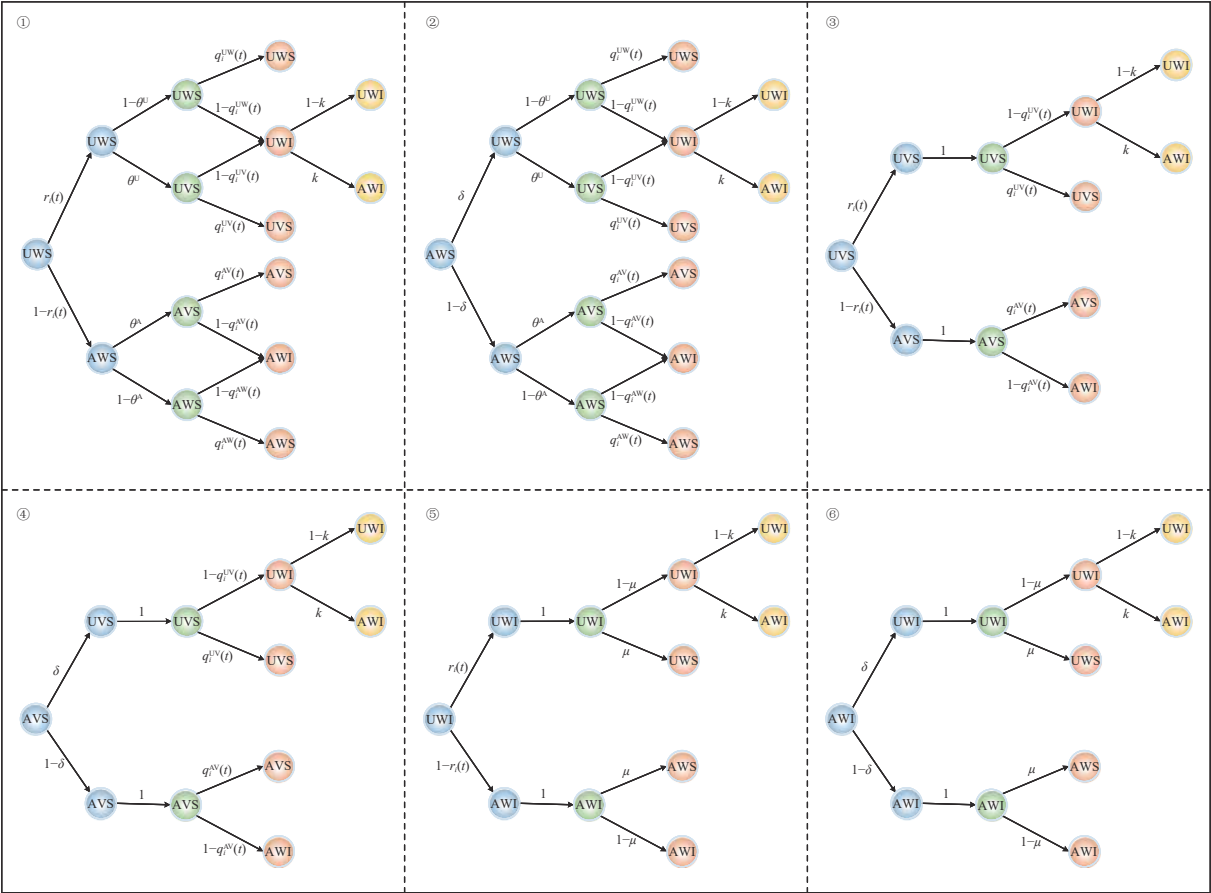


图2 状态概率树图

Fig.2 Diagram of state probability tree

体的比例，并设置初始值分别为 $\rho^A = \rho^V = \rho^I = 0.3$ 。另外，设置信息遗忘率固定为 $\delta = 0.4$ ，设置疾病层恢复率固定为 $\mu = 0.6$ 。为了一致性起见，所有结果均通过平均 50 次独立运行得到，其余参数的设置如表 1 所示。

首先，分析信息传播率 λ 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图 3 中可以看出，当疾病传播率 β 较小时，随着信息传播率 λ 增大，疾病传播阈值 β_C 增大，这表明疾病越难传播，疾病传播规模 ρ^I 呈现逐渐减小的趋势；当疾病传播率 β 较大时，信息传播率 λ 增大对疾病传播阈值 β_C 和疾病传播规模 ρ^I 影响较小。该现象的出现说明信息对疾病的抑制作用具有一定的局限性，一旦疾病传播率较大，疾病传播超出可控范围时，即便信息传播非常迅速，如果已知信息的个体不积极采取具体的保护措施，则疾病的传播仍然无法得到有效预防。因此，管理者在加强信息传播效率的同时，更应该注重提高个体积极采取保护措施的意愿和动力，这样才能更有效地控制疾病传播，维护社会的和谐与安全。

表 1 模型的参数值

Tab.1 Parameter values of the model

参数	含义	取值	文献
N	网络总节点数	5000	[40]
$\langle K \rangle$	节点平均度	6	[33,45-46]
δ	已知信息个体遗忘信息的概率	0.4	[22,27]
μ	被感染个体恢复为易感个体的概率	0.6	[22,26-27]
α	接种行为对信息传播的影响因子	见正文	[23,26-27]
k	未知信息个体被感染后的自我意识率	见正文	[23,26-27,41]
θ	接种疫苗的基础概率	见正文	[47]
γ	信息传播对个体接种意愿的影响因子	见正文	[23-26,28,33,38]
ζ	疾病传播对接种行为的影响因子	见正文	[23,26-27]
ε	已知信息个体对个体易感性的影响因子	见正文	[23-36,28-29]
η	接种行为对个体易感性的影响因子	见正文	[23-26,28]
λ	信息传播率	见正文	[23-36,28-29,33,41]

在图 4 中，分析接种率 θ 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图 4 中可以看出，随着接种率 θ 逐渐增大，疾病传播阈值 β_C 明显增大，

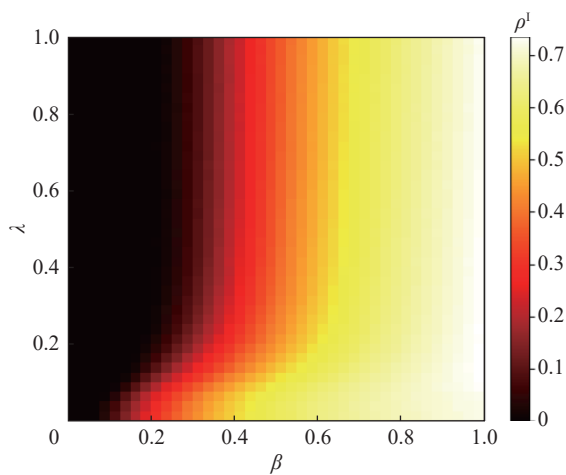


图 3 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及信息传播率 λ 之间的函数关系 ($\theta = 0.5, \alpha = 0.3, k = 0.5, \gamma = 0.5, \zeta = 0.3, \eta = 0.3, \varepsilon = 0.5$)

Fig.3 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as information transmission rate λ ($\theta = 0.5, \alpha = 0.3, k = 0.5, \gamma = 0.5, \zeta = 0.3, \eta = 0.3, \varepsilon = 0.5$)

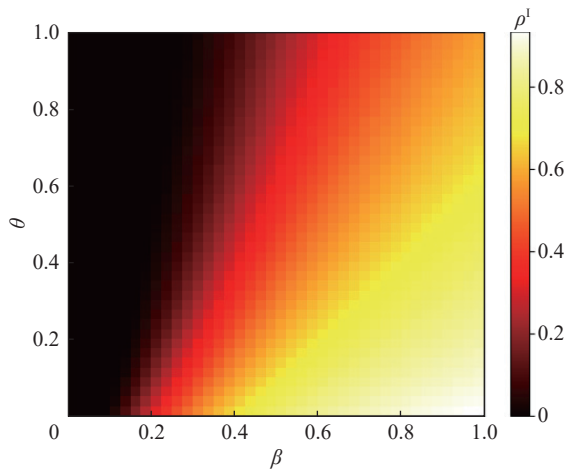


图 4 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及接种率 θ 之间的函数关系 ($\lambda = 0.3, \alpha = 0.3, k = 0.5, \gamma = 0.5, \zeta = 0.3, \eta = 0.3, \varepsilon = 0.5$)

Fig.4 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the vaccination rate θ ($\lambda = 0.3, \alpha = 0.3, k = 0.5, \gamma = 0.5, \zeta = 0.3, \eta = 0.3, \varepsilon = 0.5$)

疾病传播规模 ρ^I 逐渐减小。另外可以看出，当疾病传播率 β 较小，并且接种率较大时，疾病传播规模最小，甚至可能实现疾病逐渐消亡的趋势。这种趋势形成主要是由于个体接种疫苗后获得一定的免疫力，该免疫力可以有效防止被疾病感染，从而对疾病传播起到良好的抑制作用。因此，应该呼吁个体采取接种疫苗的行为，提高自身免疫

力，降低自身易感性。另外，也应该致力于提高疫苗的公众可信度，使个体相信接种疫苗有更好的保护作用，发挥接种行为在疾病防控中的关键作用。

在图 5 中，重点分析信息传播对个体接种意愿的影响因子 γ 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图中可以看出， γ 对疾病传播过程的影响相对有限，疾病传播规模 ρ^I 随着疾病传播率 β 增大而增大。根据假设 2 可知， γ 的影响较小主要是由于信息首先影响个体的行为决定，他们往往经过自己独立的思考和判断才会决定是否选择接种疫苗，只有当这些个体选择接种疫苗后，才会进一步对疾病传播产生间接的抑制作用。综上所述可知，应该加大信息传播的力度，提高个体对疾病和疫苗的认识，进而增强个体接种意愿和接种率，提高全民身体素质，才可以更好地抑制疾病传播。

在图 6 中，分析接种行为对个体易感性的影响因子 η 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图 6 中可以看出，随着 η 增大，疾病传播阈值 β_C 减小，说明疾病越容易传播，同时疾病传播规模 ρ^I 也呈现逐渐增大的趋势。这是由于当 η 较大时，个体的易感性增大，说明此时接种行为对疾病传播的抑制效果不明显。接种行为对个体易感性的影响因子 η 也可以解释为疫苗的有效性， η 越小则表明疫苗有效性越强，此时接种个体易感性较小，从而可以有效抑制疾病传播。因此，为了科学有效地控制疾病传播，科学家应该致力于提高疫苗的有效性，充分发挥疫苗在疾病防控中的积极作用，增强接种个体的免疫力，保障公众的健康安全。

图 7 分析接种行为对信息传播的影响因子 α 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图 7 中可以看出，随着 α 增大，疾病传播阈值 β_C 逐渐增大，疾病传播规模 ρ^I 逐渐减小，疾病越难在人群中传播。另外，接种行为对信息传播的影响因子 α 越大时，说明接种行为可以有效地促进信息传播，这一过程有利于控制疾病传播。然而，当疾病传播率 β 较大，疾病传播难以控制时，会出现反常现象：随着 α 增大，对疾病传播影响逐渐减小。因此，为了及时有效地控制疾病传播，应该在疾病传播失控之前采取科学有效的措施，加大接种行为对信息传播的影响，即增大信息传播率，提高

已知信息个体的比例，更好地利用信息传播的优势，对疾病传播起到良好的抑制作用。

在图8中，分析信息对疾病传播的影响因子 ε 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图8中可以看出，随着 ε 增大，疾病传播阈值 β_C 减小，疾病传播规模 ρ^I 增大。具体而言，信息对疾病

传播的影响因子 ε 可以解释为当个体获知确切的疾病相关信息后，所采取的自我防护措施强度。比如，减少外出、定期消毒、与他人保持社交距离、减少不必要的接触等措施，这些都能有效降低自己被感染的风险。当 ε 越小时，说明已知信息个体的自我防护意识越强烈，所采取的自我防护措施强度较高，对抑制疾病传播的效果非常显

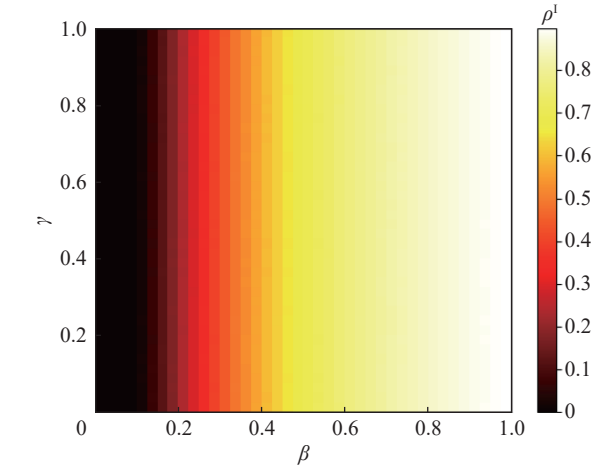


图5 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及信息传播对个体接种意愿的影响因子 γ 之间的函数关系 ($\theta=0.6, \alpha=1, k=1, \lambda=0.2, \zeta=0.8, \eta=0.6, \varepsilon=0.8$)

Fig.5 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the impact factors of information diffusion on individual vaccination willingness γ ($\theta=0.6, \alpha=1, k=1, \lambda=0.2, \zeta=0.8, \eta=0.6, \varepsilon=0.8$)

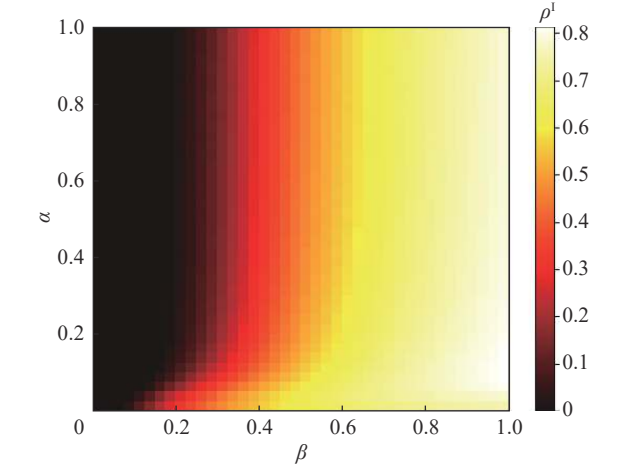


图7 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及接种行为对信息传播的影响因子 α 之间的函数关系 ($\lambda=0.6, \theta=0.3, k=0.5, \gamma=0.5, \zeta=0.3, \eta=0.3, \varepsilon=0.5$)

Fig.7 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the impact factors of vaccination behavior on information transmission α ($\lambda=0.6, \theta=0.3, k=0.5, \gamma=0.5, \zeta=0.3, \eta=0.3, \varepsilon=0.5$)

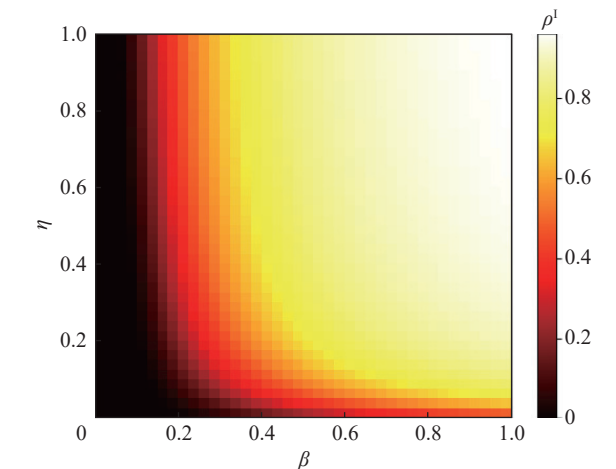


图6 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及接种行为对个体易感性的影响因子 η 之间的函数关系 ($\lambda=0.3, \theta=0.2, k=0.5, \gamma=0.3, \zeta=0.3, \alpha=0.3, \varepsilon=0.8$)

Fig.6 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the impact factors of vaccination behavior on individual susceptibility η ($\lambda=0.3, \theta=0.2, k=0.5, \gamma=0.3, \zeta=0.3, \alpha=0.3, \varepsilon=0.8$)

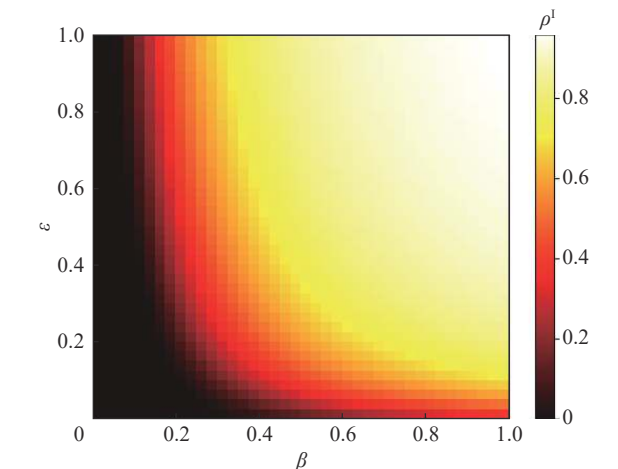


图8 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及信息对疾病传播的影响因子 ε 之间的函数关系 ($\theta=0.2, \alpha=0.3, k=0.5, \gamma=0.3, \zeta=0.3, \eta=0.8, \lambda=0.2$)

Fig.8 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the impact factors of information on disease transmission ε ($\theta=0.2, \alpha=0.3, k=0.5, \gamma=0.3, \zeta=0.3, \eta=0.8, \lambda=0.2$)

著。因此, 应该加大信息宣传, 加强个体自我保护措施的强度, 鼓励已知信息的个体积极采取防护措施, 从而更好地抑制疾病在人群中蔓延。

在图 9 中, 分析疾病传播对接种行为的影响因子 ζ 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图 9 和阈值表达式 (9) 中可以看出, 疾病对接种行为的影响因子 ζ 对疾病传播阈值的影响较小。进一步观察可知, 当 ζ 越大时, 随着疾病传播率 β 增大, 疾病传播规模也会逐渐增大。疾病传播对接种行为的影响因子 ζ 可以理解为疾病传播所引起的个体紧张情绪, 该紧张情绪会增大个体接种意愿。但是, 当 β 增大时, 疾病快速在人群中蔓延, 很多个体被感染, 反而进一步促进了疾病传播过程。因此, 相关部门应该提高疫苗有效性, 增强全民免疫力, 同时采取科学有效的措施利用疾病传播引发的紧张情绪, 进而激发个体接种意愿, 进一步控制疾病的传播。

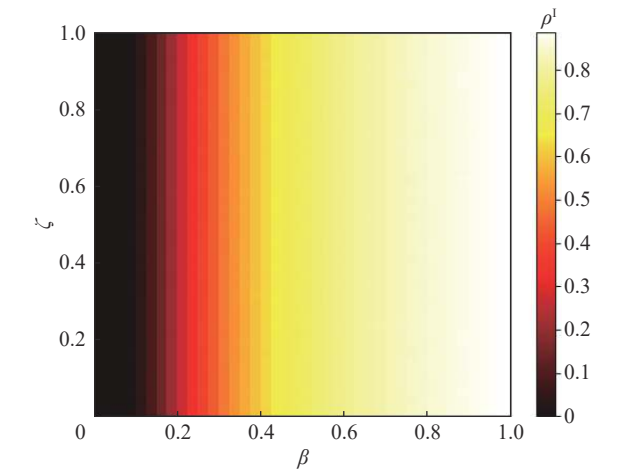


图 9 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 以及疾病对接种行为的影响因子 ζ 之间的函数关系 ($\theta=0.6, \alpha=0.5, k=1, \gamma=1, \lambda=0.2, \eta=0.8, \varepsilon=0.8$)

Fig.9 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the factors influencing vaccination behavior ζ ($\theta=0.6, \alpha=0.5, k=1, \gamma=1, \lambda=0.2, \eta=0.8, \varepsilon=0.8$)

在图 10 中, 分析未知信息的个体被感染后的自我意识率 k 对疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播阈值 β_C 的影响。从图 10 中可以看出, 随着 k 增大, 疾病传播阈值 β_C 增大, 疾病传播规模 ρ^I 减小, 可以有效抑制疾病传播。这是由于 k 较大时, 意味着感染个体的自我意识率增大, 从而促进信息的传播。个体自我意识率的提高不仅仅增大疾病爆发阈值, 还可以降低疾病传播规模。综上可知, 未

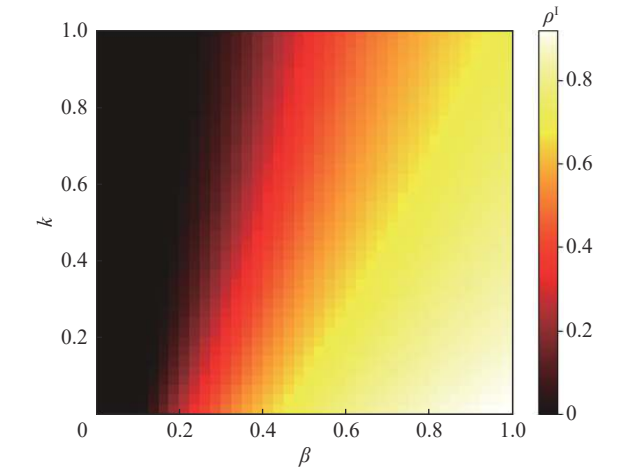


图 10 稳态下疾病传播规模 ρ^I 和疾病传播率 β 、未知信息的个体被感染后的自我意识率 k 之间的函数关系 ($\theta=0.3, \alpha=0.3, \zeta=0.3, \gamma=0.5, \lambda=0.5, \eta=0.3, \varepsilon=0.5$)

Fig.10 Functional relationship between the scale of disease transmission ρ^I and rate of disease transmission β under steady-state conditions, as well as the self-awareness rate of infected individuals with unknown information k ($\theta=0.3, \alpha=0.3, \zeta=0.3, \gamma=0.5, \lambda=0.5, \eta=0.3, \varepsilon=0.5$)

知信息个体被感染后的自我意识率 k 对疾病传播起到较好的抑制作用。因此, 感染个体的自我意识率越大, 信息传播越快, 网络中信息覆盖率较高, 使得更多个体了解到疾病相关信息, 越能更好地抑制疾病传播。

4 结束语

建立了 3 层网络模型分析信息传播、接种行为、疾病传播交互演化的动态过程, 考虑所有相邻层之间可能的 6 种耦合影响。首先, 在信息层中, 描述疫苗和疾病相关信息的传播, 考虑接种行为和疾病传播对信息层的影响; 其次, 在行为层中, 描述个体接种行为的选择, 个体选择接种的意愿受到两方面因素的影响: 一是信息传播的影响, 二是疾病传播的影响; 最后, 在疾病层中, 描述疾病传播的动态过程, 考虑信息传播和接种行为对疾病层的影响。利用 MMCA 分析该模型, 得到概率树和状态转化方程, 推导得出疾病传播阈值。通过仿真分析得知:

a. 信息传播对疾病传播起到积极的抑制作用。当信息传播率和自我意识率逐渐增大时, 疾病传播阈值逐渐增大, 疾病传播规模显著减小。但是, 当疾病传播率较大时, 信息的抑制作用十分有限。因此, 在疾病传播的过程中, 应该及时

且积极地发布相关的信息，以此吸引更多人采取自我保护措施，从而可以有效地抑制疾病传播。

b. 接种行为对抑制疾病传播具有重要意义。随着接种率的增大和个体易感性的减小，疾病传播阈值和传播规模都有明显的变化。当疾病传播率很大时，接种行为仍然可以有效地抑制疾病传播。因此，应该提高个体接种行为的意愿，同时提高疫苗的有效性，进而增强个体的免疫力水平，充分发挥接种行为在疾病传播中的关键作用。

综上可知，在疾病防控过程中，管理者应该加大信息的传播力度，提高公众对疫苗的认知能力和信任度。同时也应该提高疫苗的有效性，增强接种个体的免疫力，这是控制疾病传播中的重要手段。值得注意的是，个体面对外部环境变化时，他们做出的行为反应明显不同，这种异质性更能真实反映个体的行为变化。因此，也将在未来的研究中尝试提出优化模型，深入探究这些变化因素对疾病防控的影响。

参考文献：

[1] PARKER S, SCHULTZ D A, MEYER H, et al. Smallpox and monkeypox viruses[M]//MAHY B W J, VAN REGENMORTEL M H V. Encyclopedia of Virology. 3rd ed. Amsterdam: Academic Press, 2008: 639–644.

[2] COOKE F J, SHAPIRO D S. Global outbreak of severe acute respiratory syndrome (SARS)[J]. *International Journal of Infectious Diseases*, 2003, 7(2): 80–85.

[3] PARK K, NIE S N, ZHANG J C, et al. Public relations lessons from the pandemic: a systematic review of the COVID-19 research in public relations published from 2020 to early 2023[J]. *Public Relations Review*, 2024, 50(2): 102452.

[4] KOMORI A, MORI H, NAITO T. The impact of the COVID-19 pandemic on other infections differs by their route of transmission: a retrospective, observational study in Japan[J]. *Journal of Infection and Chemotherapy*, 2022, 28(12): 1700–1703.

[5] LI Q, YUAN Z T, TAO R. The political economy of COVID-19 in China[J]. *China Economic Review*, 2024, 85: 102143.

[6] MAI T K, FOLEY A M, MCALEER M, et al. Impact of Covid-19 on Returns-Volatility Spillovers in National and Regional Carbon Markets in China[J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2022, 169: 112861.

[7] DENTE M G, RICCARDO F, DECLICH S, et al. Strengthening preparedness against global health threats: a paradigm shift based on One Health approaches[J]. *One*

Health, 2022, 14: 100396.

[8] ZHU Y F, CHEN Y Q. On a statistical transmission model in analysis of the early phase of COVID-19 outbreak[J]. *Statistics in Biosciences*, 2021, 13(1): 1–17.

[9] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. Contributions to the mathematical theory of epidemics—I.1927[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 1991, 53(1/2): 33–55.

[10] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. Contributions to the mathematical theory of epidemics—II. The problem of endemicity.1932[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 1991, 53(1/2): 57–87.

[11] LIU L L, WANG J L, LIU X N. Global stability of an SEIR epidemic model with age-dependent latency and relapse[J]. *Nonlinear Analysis: Real World Applications*, 2015, 24: 18–35.

[12] DA FONTOURA COSTA L, OLIVEIRA JR O N, TRAVIESO G, et al. Analyzing and modeling real-world phenomena with complex networks: a survey of applications[J]. *Advances in Physics*, 2011, 60(3): 329–412.

[13] BOCCALETTI S, BIANCONI G, CRIADO R, et al. The structure and dynamics of multilayer networks[J]. *Physics Reports*, 2014, 544(1): 1–122.

[14] WATTS D J, STROGATZ S H. Collective dynamics of ‘small-world’ networks[J]. *Nature*, 1998, 393(6684): 440–442.

[15] BARABÁSI A L, ALBERT R. Emergence of scaling in random networks[J]. *Science*, 1999, 286(5439): 509–512.

[16] PASTOR-SATORRAS R, VESPIGNANI A. Epidemic spreading in scale-free networks[J]. *Physical Review Letters*, 2001, 86(14): 3200–3203.

[17] NEWMAN M E J. The structure and function of complex networks[J]. *SIAM Review*, 2003, 45(2): 167–256.

[18] XIE X X, HUO L A. Co-evolution dynamics between information and epidemic with asymmetric activity levels and community structure in time-varying multiplex networks[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2024, 181: 114586.

[19] LI D D, XIE W J, HAN D. Multi-information and epidemic coupling propagation considering indirect contact on two-layer networks[J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2024, 474: 128700.

[20] DE ARRUDA G F, RODRIGUES F A, MORENO Y. Fundamentals of spreading processes in single and multilayer complex networks[J]. *Physics Reports*, 2018, 756: 1–59.

[21] FUNK S, GILAD E, WATKINS C, et al. The spread of awareness and its impact on epidemic outbreaks[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 2009, 106(16): 6872–6877.

- [22] GRANELL C, GÓMEZ S, ARENAS A. Dynamical interplay between awareness and epidemic spreading in multiplex networks[J]. *Physical Review Letters*, 2013, 111(12): 128701.
- [23] GRANELL C, GÓMEZ S, ARENAS A. Competing spreading processes on multiplex networks: awareness and epidemics[J]. *Physical Review E*, 2014, 90(1): 012808.
- [24] XIA C Y, WANG Z S, ZHENG C Y, et al. A new coupled disease-awareness spreading model with mass media on multiplex networks[J]. *Information Sciences*, 2019, 471: 185–200.
- [25] WANG Z S, XIA C Y, CHEN Z Q, et al. Epidemic propagation with positive and negative preventive information in multiplex networks[J]. *IEEE Transactions on Cybernetics*, 2021, 51(3): 1454–1462.
- [26] SUN M F, TAO Y Z, FU X C. Asymmetrical dynamics of epidemic propagation and awareness diffusion in multiplex networks[J]. *Chaos*, 2021, 31(9): 093134.
- [27] GUO Q T, JIANG X, LEI Y J, et al. Two-stage effects of awareness cascade on epidemic spreading in multiplex networks[J]. *Physical Review E*, 2015, 91(1): 012822.
- [28] ZUO C, ZHU F P, MENG Z Y, et al. Analyzing the COVID-19 vaccination behavior based on epidemic model with awareness-information[J]. *Infection, Genetics and Evolution*, 2022, 98: 105218.
- [29] SHI T Y, LONG T, PAN Y H, et al. Effects of asymptomatic infection on the dynamical interplay between behavior and disease transmission in multiplex networks[J]. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2019, 536: 121030.
- [30] FENG M L, LIU L J, CHEN J X, et al. Heterogeneous propagation processes between awareness and epidemic on signed multiplex networks[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2024, 183: 114858.
- [31] DU E H, CHEN E, LIU J, et al. How do social media and individual behaviors affect epidemic transmission and control?[J]. *Science of the Total Environment*. 2021, 761: 144114.
- [32] FISHER K A, NGUYEN N, FOUAYZI H, et al. Impact of a physician recommendation on COVID-19 vaccination intent among vaccine hesitant individuals[J]. *Patient Education and Counseling*, 2023, 106: 107–112.
- [33] YIN Q, WANG Z S, XIA C Y, et al. Impact of co-evolution of negative vaccine-related information, vaccination behavior and epidemic spreading in multilayer networks[J]. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, 2022, 109: 106312.
- [34] KABIR K M A, TANIMOTO J. Dynamical behaviors for vaccination can suppress infectious disease -A game theoretical approach[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2019, 123: 229–239.
- [35] KOU L Y, WANG X Z, LI Y, et al. A multi-scale agent-based model of infectious disease transmission to assess the impact of vaccination and non-pharmaceutical interventions: the COVID-19 case[J]. *Journal of Safety Science and Resilience*, 2021, 2(4): 199–207.
- [36] WANG X Y, JIA D Y, GAO S P, et al. Vaccination behavior by coupling the epidemic spreading with the human decision under the game theory[J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2020, 380: 125232.
- [37] WANG J R, ZHANG H Z, AN T B, et al. Effect of vaccine efficacy on vaccination behavior with adaptive perception[J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2024, 469: 128543.
- [38] XU H D, ZHAO Y, HAN D. The impact of the global and local awareness diffusion on epidemic transmission considering the heterogeneity of individual influences[J]. *Nonlinear Dynamics*, 2022, 110(1): 901–914.
- [39] WU Q C, CHEN S F. Coupled simultaneous evolution of disease and information on multiplex networks[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2022, 159: 112119.
- [40] WANG B, XIE Z Y, HAN Y X. Impact of individual behavioral changes on epidemic spreading in time-varying networks[J]. *Physical Review E*, 2021, 104(4): 044307.
- [41] WANG H, MA C, CHEN H S, et al. Effects of asymptomatic infection and self-initiated awareness on the coupled disease-awareness dynamics in multiplex networks[J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2021, 400: 126084.
- [42] 周艳丽, 濮桂萍, 沈新娣. 带有接种的随机 SIS 传染病模型研究 [J]. 上海理工大学学报, 2017, 39(6): 528–531.
- [43] 沈力峰, 王建波, 杜占玮, 等. 基于社团结构和活跃性驱动的双层网络传播动力学 [J]. 物理学报, 2023, 72(6): 068701.
- [44] 王世雄, 朱明旻, 吴宜诺, 等. 信息疫情中竞争性信息传播建模与实证研究 [J]. 情报资料工作, 2023, 44(1): 62–71.
- [45] BACKSTROM L, BOLDI P, ROSA M, et al. Four degrees of separation[C]//Proceedings of the 4th Annual ACM Web Science Conference. Evanston: ACM, 2012: 33–42.
- [46] UGANDER J, KARRER B, BACKSTROM L, et al. The anatomy of the facebook social graph[J/OL]. (2011-11-18). <https://arxiv.org/abs/1111.4503>
- [47] GE J W, WANG W D. Vaccination games in prevention of infectious diseases with application to COVID-19[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2022, 161: 112294.