

社会网络与个体行为驱动的传染病演化计算模型： 跨层交互机制与数字治理策略

李芳^{1,2}, 周德雨³, 王刚^{1,2}, 薛霄⁴, 刘光军⁵, 胡洪⁵

(1. 西安财经大学信息学院, 陕西 西安 710100;

2. 智财协同可信计算陕西省高等学校重点实验室, 陕西 西安 710100;

3. 山东大学软件学院, 山东 济南 250101;

4. 天津大学智能与计算学部, 天津 300072;

5. 西安文理学院信息工程学院, 陕西 西安 710065)

摘要: 个体行为的随机性、社会关系的复杂性、防控策略的滞后性等因素, 使传染病的传播过程呈现出高动态性与强不确定性。这对传染病的演化分析提出新的挑战。现有研究通过多层网络建模和个体行为分析, 在疾病传播、行为演化和政策干预等方面取得了重要进展, 但在跨层闭环机制的系统化建模方面仍不足, 难以充分解释个体行为、社会网络结构、防控策略之间的耦合关系。基于此, 从整体上刻画“政策、行为、传播和反馈”的动态交互过程, 提出一种基于社会网络与个体行为的传染病演化计算模型, 包含个体层、组织层和社会层3个互联层次。最后, 通过分析计算实验在不同策略下的各类型Agent存活数量和最终达到的稳定状态这两个指标, 验证此模型的有效性。

关键词: 传染病模型; 计算实验; 社会网络; 个体行为; 防控策略

中图分类号: TP39

文献标志码: A

doi: 10.11959/j.issn.2096-6652.202544

A computational model for the evolution of infectious diseases driven by social networks and individual behavior: cross layer interaction mechanism and digital governance strategy

LI Fang^{1,2}, ZHOU Deyu³, WANG Gang^{1,2}, XUE Xiao⁴, LIU Guangjun⁵, HU Qi⁵

1. School of Information, Xi'an University of Finance and Economics, Xi'an 710100, China

2. Key Laboratory of Intelligent Finance Collaboration and Trusted Computing, Shaanxi Provincial Institutions of Higher Education, Xi'an 710100, China

3. School of Software, Shandong University, Jinan 250101, China

4. College of Intelligence and Computing, Tianjin University, Tianjin 300072, China

5. School of Information Engineering, Xi'an University, Xi'an 710065, China

Abstract: The randomness of individual behavior, the complexity of social relationships, and the lag in prevention and control strategies make the transmission process of infectious diseases highly dynamic and uncertain. This poses new challenges to the analysis of the evolution of infectious diseases. Existing research has made significant progress in disease transmission, behavioral evolution, and policy intervention through multi-layer network modeling and individual behavior analysis. However, there is still insufficient systematic modeling of cross-layer closed-loop mechanisms, which makes it difficult to fully explain the coupling relationship between individual behavior, social network structure, and prevention

收稿日期: 2025-09-30; 修回日期: 2025-11-28

通信作者: 薛霄, jzxuexiao@tju.edu.cn

基金项目: 国家自然科学基金项目 (No.62472306); 中国 (西安) 丝绸之路研究院项目 (No.2019HZ03)

Foundation Items: The National Natural Science Foundation of China (No.62472306), The Foundation of China (Xi'an) Institute for Silk Road Research (No.2019HZ03)

and control strategies. This paper describes the dynamic interaction process of “policy, behavior, dissemination, and feedback” as a whole, and proposes a computational model for the evolution of infectious diseases based on social networks and individual behavior, which includes three interconnected levels: individual level, organizational level, and social level. Finally, the effectiveness of this model was verified by analyzing and calculating the number of surviving agents of various types under different strategies and the final stable state achieved in the experiment.

Key words: infectious disease model, computational experiment, social network, individual behavior, prevention and control strategy

0 引言

传染病防控体系是守护人类健康和社会稳定的关键防线。但是, 传染病传播是一个动态和不确定的过程, 涉及众多影响因素^[1], 如随机的个体行为、复杂的社会关系、滞后的防控策略。这导致研究传染病的演化路径极为困难。因此, 如何构建能够全面揭示传染病演化机制并支持实时决策的计算模型, 成为实现公共卫生现代化治理的关键科学问题。

数学流行病学通过数学语言表达疾病在人群中的传播规律与分布特征, 经过长时间发展已经建立了一套系统化的理论体系^[2-5], 如 SIR 模型^[6]、SIS 模型^[7]、MSIR 模型^[8]和 SEQIR 模型^[9], 在早期疫情研究中发挥了重要作用。然而, 传统数学流行病学基于自顶向下的建模思想, 从“平均场”假设出发的研究思路忽略了微观个体的差异性和动态性。

计算流行病学是计算实验和流行病学交叉融合的新兴领域, 并在此背景下迅速发展^[10-13]。计算流行病学关注个体传播, 利用自底向上的思想建立模型, 通过计算实验模拟各种场景中传染病的传播演化过程。它通过分析影响传染病传播的各种不确定性因素, 充分描述个体的差异性、动态性和复杂性。尽管现有研究在多层网络、行为演化和政策干预等方面取得了重要突破, 但仍面临跨层闭环机制不完善等问题。

针对上述不足, 本文重点研究“政策、行为、传播和反馈”的动态闭环机制, 提出一种社会网络与个体行为驱动的传染病演化计算模型, 从个体层、组织层和社会层3个维度研究传染病传播与控制机制。本文主要贡献如下:

(1) 提出了3层建模框架, 将个体行为、社会网络结构和政府防控策略统一到同一个模型中, 实现从个体决策到政策干预的闭环动态仿真;

(2) 个体层研究个体防护行为的学习、模仿与进化过程, 揭示个人防护行为对疾病扩散的影响;

(3) 组织层利用社会网络结构识别高风险传播子群体, 并动态划分区域风险等级, 模拟传染病传播链条的形成与断裂;

(4) 社会层结合数字治理理念, 建立政策干预、资源配置与信息传播的反馈闭环, 实现多目标权衡下的治理策略优化;

(5) 通过多主体计算实验验证模型的有效性, 分析不同政策下的疫情演化规律, 为数字化公共卫生治理提供可解释的决策支持工具。

1 背景和动机

急性传染病的暴发和全球流行将直接影响公众生命和社会经济发展^[14]。因此, 分析传染病传播动态的影响因素在预判传播趋势方面起到关键作用, 进而影响干预策略的制定。传播率、康复率、死亡率等医学因素对于分析传染病的传播动态至关重要, 但是政府管控、个人防护等非医学因素的干预也不可或缺。

Ye等^[15]提出了“异质性疾病、行为、信息传播”模型, 研究信息扩散、行为改变与疾病传播的交互机制。Wang等^[16]结合年龄结构与接触模式构建了SEIR模型, 优化疫苗接种和防控策略。Chen等^[17]基于扩展SEIR模型和IF-EAKF算法评估政策干预对COVID-19控制的作用。Sun等^[18]提出了基于有限医疗资源和媒体影响的SEIR模型, 计算异构网络的平衡点, 并证明无病平衡点的全局稳定性。Sun等^[19]提出了考虑有限医疗资源与媒体影响的SEIR模型, 揭示资源分布与信息传播对疫情控制的重要性。为在不同地理区域分配有限的干预资源, Zhou等^[20]整合疫情演变、政府响应和物流过程, 引入新的区域防控资源管理框架。尽管上述研究已经探讨了行为改变、媒体覆盖率、信息扩散等非医学因素对疾病传播的影响, 拓展了疾病建模的外延到社会与行为维度, 但是对个体防护行为及传染病长期演化规律的刻画仍然不足。

人类作为传染病传播的主要载体，其活动具有复杂性和高度智能性。这加剧了传染病传播过程的不确定性和复杂性。社会网络（social network）作为一种复杂网络（complex network），可以描述人们之间的联系和互动。基于社会网络的疾病传播研究可以更好地理解疾病扩散下的社会行为和社会结构，受到越来越多的关注。近年来，社会网络与群体行为建模成为研究热点。

Sun等^[21]分析了多层网络中医疗资源扩散对疫情传播的影响，发现扩大资源分散可有效抑制疾病暴发。Huang等^[22]基于多层网络，刻画了个体风险感知与同伴影响对防护行为的作用机制，并通过仿真实验验证模型有效性。Li等^[23]建立了双层网络多信息流行病传播模型，探讨了个体差异与信息响应过程。Feng等^[24]研究了多路网络中信息扩散与疫情传播的异构动力学。Zhang等^[25]提出多元集合种群网络模型，揭示了自群意识和邻群意识在疫情控制中的协同作用。常星花等^[26]在个体的邻居信息、二级邻居信息和全局感染形势信息影响下，提出基于社会关系和相似性模仿的个体防护行为转变与疾病传播的多层网络共同演化模型。上述研究丰富了复杂网络和群体行为视角下的疫情分析，但大多未能体现区域差异化管理。在我国人口基数大、防疫资源有限的背景下，如何通过区域分级管理实现精准防控，仍是亟待解决的难题。

近年来，计算实验作为一种集成生物学因素、社会因素、环境因素与政策干预因素的新兴方法，为研究传染病传播提供了虚拟实验平台^[27]。与传统方法相比，计算实验具备可控、可重复和可扩展等优点，能够在虚拟环境中评估多种策略组合的潜在效果^[28]。然而，现有计算实验模型仍缺乏对个体行为、社会网络结构与治理政策的系统集成，难以形成闭环机制^[29]。

基于上述问题，本文综合考量个体行为、群体结构和防控政策的耦合决策过程，实现“政策、行为、传播和反馈”的闭环动态建模，提出基于社会网络与个体行为的传染病演化计算模型。

2 建模框架

基于社会网络和个体行为的3层传染病防控演化模型如图1所示，其自下而上分别是个体层、组织层和社会层。政策引导个体层的个体行为；个体行为在传染病传播中发挥着关键作用，进而影响组

织层中区域风险等级的划分；区域风险等级的动态更新与闭环反馈，是精准化社会防控政策制定、迭代和优化的核心支撑。因此，图1的个体层、组织层和社会层从宏观上形成了社会政策引导、个体行为响应、风险传播演化和政策迭代优化的闭环机制。这3层及其相互作用构成了一个相对完整和抽象的传染病防控演化周期分析结构。每一层都关注个人、组织或社会的不同方面，为了满足特定需求，可以根据需要选择相关建模技术。

(1) 个体层

个体会根据政府管控政策采取不同类型的防护行为，如戴口罩、打疫苗、减少出行等。个体层描述人类个体防护行为等的学习和进化过程，模拟现实世界中人类始终处于自主进化状态的现象，为组织层风险传播量化分析提供了微观行为基础。常见的学习技术包括神经网络、遗传算法等。

(2) 组织层

组织层收集个体感染数据和社会关系等信息，通过分析社会网络构建疫情风险传播网络，可精准识别疫情传播的关键节点，并划分风险等级，进而为社会层政策的迭代优化提供客观的量化依据。

(3) 社会层

社会层基于个体感染的动态数据与区域风险等级的评估结果，对既有防控政策进行适应性调整，如采用高风险、中风险和低风险的三级风险等级制。其中，政府对高风险区域强化管控力度，对中风险区域和低风险区域适度放宽约束，最终实现资源的高效配置。

2.1 个体层

个体Agent模型是不同领域知识的容器，Agent的结构、交互机制和学习能力等都可以根据具体应用问题定制，可以采用同质结构或异质结构。Agent的典型结构包括感知、决策、行动和反馈4个组成部分，其形式化表达式如下

$$\text{Agent} = \langle R, C_t, S_t, Y_t, V_t, B \rangle \quad (1)$$

其中， R 表示不随时间变化的Agent特性； C_t 表示Agent随时间变化的特性，如防护行为、交互行为等； S_t 表示Agent感知并能够刺激其状态和行为的一组外部事件的集合； Y_t 是Agent在感受外部事件刺激和与其他Agent互动的过程中所采用行为的决策机制； V_t 是Agent的行为集，包括自发采取的和受外部事件刺激的所有行为，如戴口罩、增大接触

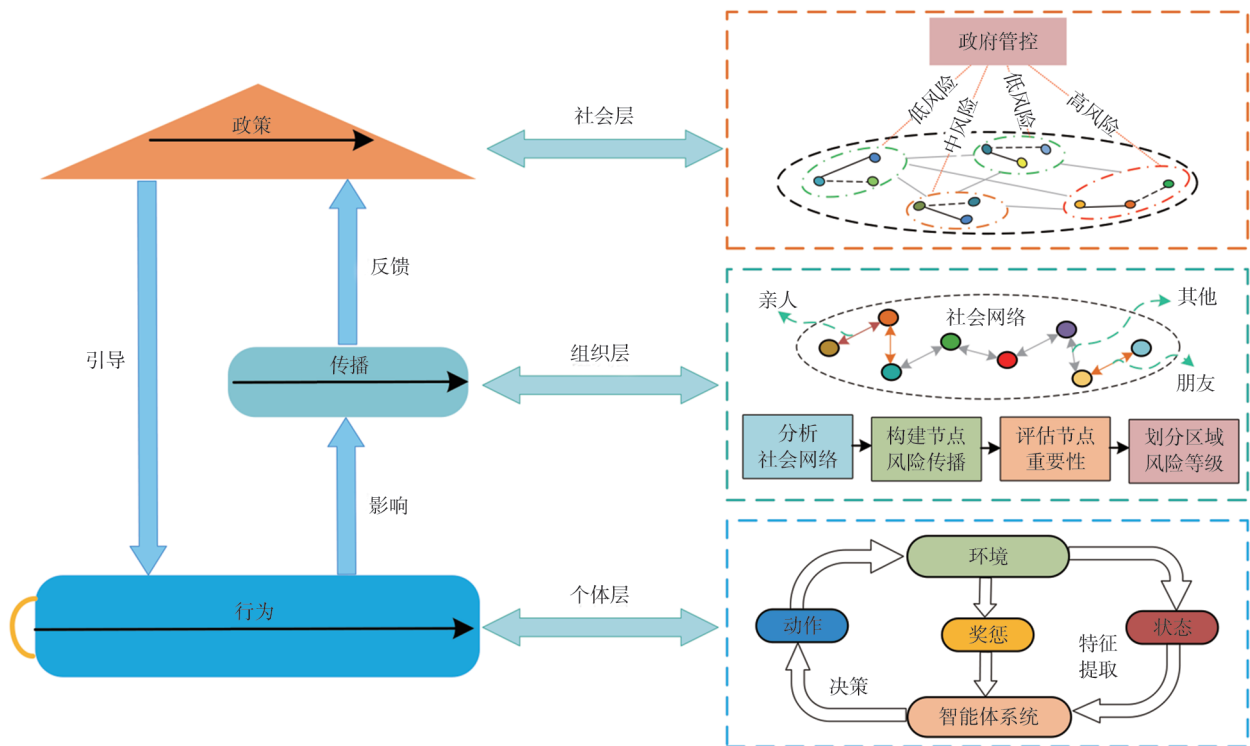


图1 基于位置信息和个体行为的3层传染病防控演化模型

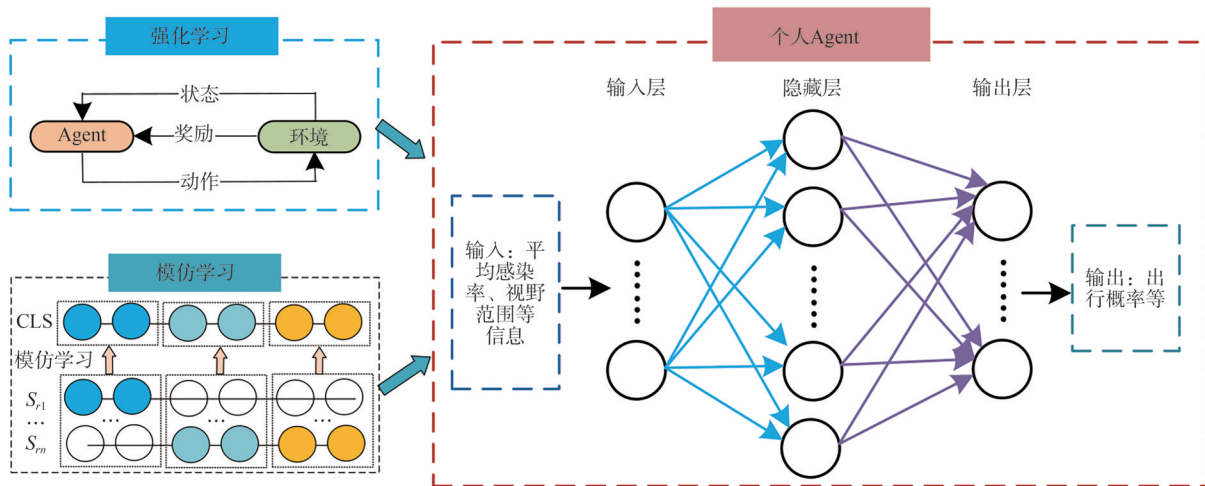


图2 个人Agent的能力结构

距离等； B 是Agent的约束条件。

如图2所示，个人Agent能力由一个简单的全连接神经网络表示。输入变量是0和1之间的标准值。输出变量是Agent的出行概率等。隐藏层代表个人Agent的基因，由权重矩阵组成。Agent不仅可以通过从父母节点遗传的优秀属性来提高自己的能力，还可以基于外部反馈的效用评估改进和模仿周围人的保护措施来提高个人抵抗疾病的能力。个体的演化步骤见表1。

2.2 组织层

从组织结构的角度来看，社会网络在微观个体行为和宏观防控策略之间架起了一座桥梁。现实中个体的组织结构包括亲人、朋友和其他等多种社会关系，因此人与人之间的相互关系形成了复杂的社会网络。在社会网络中，当一个节点代表的人发生疫情时，该节点会通过直接或间接的联系将疫情发生的风险传递出去。如图3所示，建模框架使用社会网络分析描述社会关系、家庭纽带等在疫情

表 1 个体演化步骤

<p>输入:个人 Agent 和环境信息;</p> <p>输出:携带新属性的个人 Agent(如类型、感染概率、出行概率等)。</p>
<p>步骤 1:根据信息选择规则。Agent 获取信息,如邻居集合感染情况、平均感染比例等。</p>
<p>步骤 2:确定单个 Agent 的遗传特性,其中每个遗传特性都与一个特定的属性值有关。例如“出行意愿”决定了 Agent 的出行情况。</p>
<p>步骤 3:将每个 Agent 的能力属性视为一个知识点。属性值的归一化处理可以解决数据量纲差异问题,确保一致性和可比性。min-max 归一化计算式如下:</p> $x' = \frac{x - x_{\min}}{x_{\max} - x_{\min}} \quad (2)$ <p>其中,x是原始数据,x_{\min}和x_{\max}分别表示某种属性值的最小值和最大值,x'是经过标准化后的数据。比较所有的规范化属性值后,选择组织中的最佳属性值。组合这些最佳属性值,可以形成最终的学习参考目标。</p>
<p>步骤 4:当两个 Agent 之间的欧氏距离小于预定的领域阈值时,则这两个 Agent 进入了潜在的病毒传播交互区域,并且接触一次后导致病毒传播概率P_{trans}的表达如下:</p> $P_{\text{trans}} = (1 - e^{-\lambda \cdot D_{\text{int}}}) \cdot (1 - P_{\text{prot}}) \cdot P_{\text{inf}} \quad (3)$ <p>其中,e是自然对数的底数,表示指数关系模型基础;λ是接触比例系数,其大小取决于接触的密切程度;D_{int}是两个 Agent 的欧氏距离,其值越小,接触密切程度越高;P_{prot}($0 \leq P_{\text{prot}} \leq 1$)是 Agent 的个人防护效果概率;$P_{\text{inf}}$表示基础传染概率,与病毒本身的传染性有关。</p>
<p>步骤 5:在进化过程中,Agent 的个人行动意愿X等于随机行动意愿值和平均行动意愿值的和,计算如下:</p> $X = \delta \times \text{Std}X + u \quad (4)$ <p>其中,个人行动意愿X是服从方差为δ^2且均值为u的正态分布,$\text{Std}X = (X - u)/\delta$是服从高斯分布的随机数。Agent 下一时刻的行动 Action 由当前时刻的个人行动意愿值决定。行为选择计算式如下:</p> $\text{Action} = \begin{cases} \text{移动, Std}X > 0 \\ \text{不移动, Std}X \leq 0 \end{cases} \quad (5)$

传播过程中的影响,因为这些密切联系的群体成员间相互传递疾病的概率更大。组织的演变过程见表 2。

2.3 社会层

社会层通过收集信息以调整宏观防控策略,其演化结构如图 4 所示。社会防控策略主要包括对区域的管控政策和对个体行为的干预策略,如隔离高

风险区域、鼓励个体接种疫苗。社会进化具体步骤见表 3。

3 实验设计

3.1 实验环境设计

为了验证 3 层传染病建模框架的效果,本文通过 Repast Symphony 平台构建了实验环境。实验环

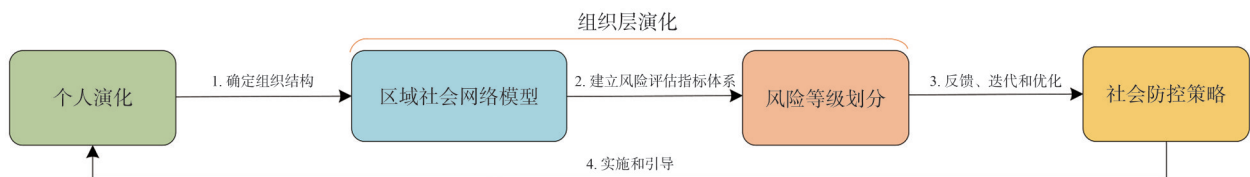


图 3 组织演化结构

表 2 组织演化步骤

<p>输入:具有初始知识点的个人 Agent;</p> <p>输出:携带新属性的个人 Agent 和更新后的区域风险等级。</p>
<p>步骤 1:确定组织结构。不同的组织结构决定了组织中个体 Agent 的不同接触关系,进而决定了个体 Agent 互动和接触的对象。事实上,通常用个体和邻居的接触传播描述流行病学中的传播过程。因此,通过一定的邻居选择规则,个体和邻居间就形成了相应的组织结构。其中,邻居选择规则由不同的流行病状态和研究需要决定,包括随机近邻、复杂邻居网络、元胞自动机邻居等。</p>
<p>步骤 2:构建区域社会网络模型。社会网络分析通常基于关系取向和位置取向两种视角,包括按边类型分类、按节点代表的实体分类和按组织间关系的层次分类 3 种方法。例如,用有向含权树形网络表示社会网络,构建树形结构下节点疫情发生风险传播过程,其中节点表示疫情新发地的区域,边表示两区域之间的社会关联,点权表示区域发生疫情的风险概率,边权表示区域之间的关联强度。构建过程通常包括数据采集、网络拓扑构建和网络特征提取。</p>
<p>步骤 3:建立风险评估指标体系并划分区域风险等级。将网络特征与实际传播数据结合,为风险分级提供依据。根据评价指标(例如节点度、聚类系数、接近中心性、介数中心性等)评估节点重要性,并根据其重要性对区域风险传播网络中的节点进行排序,然后划分传染病防控区域风险等级。</p>
<p>步骤 4:反馈、迭代和优化。组织层将更新的区域风险等级信息反馈给社会层,用于迭代和优化社会层防控策略。</p>

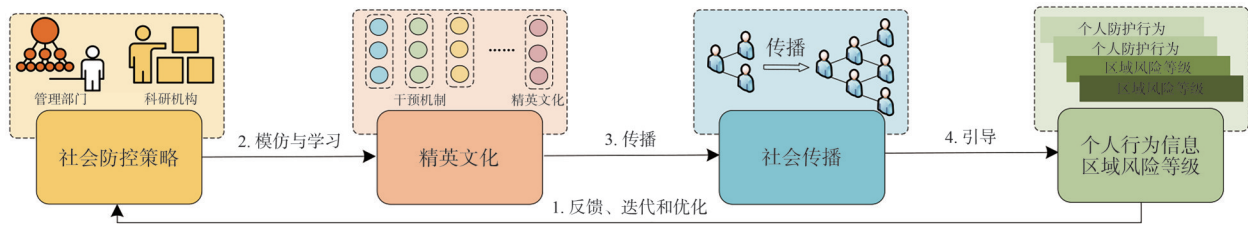


图4 社会的演化结构

表3 社会演化步骤

<p>输入:个人Agent和环境信息; 输出:携带新属性的个人Agent和更新后的防控政策。</p>
<p>步骤1:定义系统的范围。整个区域或部分区域中的所有个人Agent都被确定为一个社会系统,定义如下:</p> $\text{If } X_d - X_1 = \text{Rand}() \times (X_2 - X_1) X_d \in \text{this society} \quad (6)$ <p>其中, X_d 表示这个区域中的点, X_1 表示参考点, X_2 表示中心点, 并且 $\text{Rand}()$ 表示[0,1]范围内的随机值。</p>
<p>步骤2:反馈、迭代和优化。社会层收集个体层感染信息和组织层区域风险等级等反馈信息,经过迭代和优化形成新的社会防控策略。</p>
<p>步骤3:涌现。根据适者生存的原则,一些针对个体的干预策略会逐渐积累,被个体模仿和学习并涌现形成精英文化。</p>
<p>步骤4:传播与引导。精英文化在社会中传播给其他个人进行观察学习,进而再次影响个体行为和区域风险等级信息,最终形成循环。常见的传播模型有广播模型、扩散模型等。</p>
<p>步骤5:更新。随着该地区所有个人Agent都经历了学习步骤,整个社会已经完成了这一轮的进化。在若干循环之后,重复步骤2~步骤5以进行持续演化。</p>

境长140个单位,宽100个单位。对实验结果的定量分析进一步阐明了不同策略对传染病演化过程的影响。实验的基本参数设置见表4。

表4 实验参数设置

系统变量	实验设置
环境大小	140×100
Agent类型	Human(易感者)、Zombie(感染者)和Recovered(治愈者)
初始Agent数量	180人、20人和0人
活动范围	半径为50
视野范围	在[1,5]范围内取随机值
出行速度	1
出行概率	策略1和策略3中出行概率在[0.8,1]的范围内随机取值 策略2和策略4中出行概率在[0.2,0.4]的范围内随机取值
感染概率	策略1、策略2和策略3中感染概率设置为0.9 策略4中感染概率设置为0.3
隔离策略	策略1和策略2中不实施隔离策略 策略3和策略4中实施隔离策略
隔离时间	5个周期
隔离数量	3(节点度前3的Zombie)

3.2 病毒传播设计

本实验中设计病毒拥有两种独立的传播机制,分别是接触传播和空气传播。其中接触传播是主要传播途径,并且将接触传播的感染概率简称为感

染概率。为了模拟空气传播的物理特性,将感染者通过空气传播的有效半径设为3个单位,并且将空气传播的感染概率设为接触传播感染概率的30%。

3.3 防控侧Agent设计

防控侧各类人群Agent是传染病演化模型的主要组成部分,主要包括以下6个方面。

(1) 特征属性:包括感染概率、出行概率、活动范围等特征或能力。

(2) 状态属性:主要表示Agent的状态,包括易感者、感染者和治愈者。

(3) 感知事件:主要来自环境信息,并且会影响下一时刻的决策和状态,如感染者Agent视野范围内的易感者信息等。

(4) 决策机制:如是否出行、是否执行隔离政策等。

(5) 行为集:指Agent在其属性、状态和外部环境的影响下可以采取的行为措施,如移动等。

(6) 约束条件:假设所有Agent的移动半径是50个单位,并且感染者处于隔离状态时不具有传染性;假设治愈者不会被重复感染,传染病不会导致死亡。

此外,防控侧Agent会根据外部环境和自身的条件进行一系列的活动。当外部环境发生变化时,防控侧Agent会根据需要调整其行为和决策,以实

现其适应性进化。

3.4 传播与防控匹配设计

病毒传播与人类防控的匹配过程决定了疫情的演化方向。针对个体行为、组织隔离和政策迭代优化后再反馈的个体行为，本实验模拟了4种不同策略的传染病演化过程。

(1) 策略1：模拟当前政策引导高出行概率的运行策略

在策略1中不考虑隔离和治疗，各类Agent分别在半径为50的范围内随机移动。出行概率在 $[0.8,1]$ 的范围内随机取值。感染概率为0.9。

(2) 策略2：模拟当前政策引导低出行概率的运行策略

策略2是为了研究出行概率对传染病演化的影响，在策略1的基础上将出行概率设置在 $[0.2,0.4]$ 的范围内随机取值。

(3) 策略3：模拟当前政策引导高出行概率和组织层实施隔离的运行策略

在策略1的基础上，策略3增加了隔离政策（隔离节点度为前3的Zombie），并且从第500个周期（Tick）开始干预治疗。

(4) 策略4：模拟政策迭代优化后再反馈个体行为的运行策略

策略4设置出行概率在 $[0.2,0.4]$ 范围内随机取值，将感染概率降低到0.3，同时保留策略2的隔离政策（隔离节点度为前3的Zombie）和干预治疗政策（从第500周期开始）。

4 实验分析

4.1 初始化分析

(1) 研究目标

本文使用基于个体的建模（agent-based model, ABM）^[30]方法，建立了个体微观行为和群体传染病演化的映射关系。本实验重点研究4种策略对群体疫情演化路径的影响。

(2) 评估标准

在实验平台上可以直观地看到，个体的位置、状态等信息随着周期的变化而变化，进而观察到群体传染病演化的过程。在下面的实验中，使用各类型Agent存活数量和最终达到的稳定状态这两个指标来评估不同策略组合对疫情演化的影响。

4.2 具体分析

图5给出了4种策略对社会生态系统中传染病

演化的影响。其中，蓝色小人表示Human，红色小人表示Zombie，绿色小人表示Recovered，绿色线表示传染病传播路径。

(1) 当采用策略1时，由于没有采取治疗策略，感染者不断增加，直至所有易感者都感染。同时，在图5(a)中可以直观地看到在第600个周期时，感染者的数量多于第300个周期时的感染者人数。

(2) 当采取策略2时，在第300个周期和第600个周期时感染者的人数都少于同时刻采用策略1的感染者人数。这是因为降低出行概率延缓了传染病的传播速度。

(3) 当采取策略3时，由于采取隔离治疗策略，感染者数量不会一直增加。在第600个周期时图5(c)中有康复者。对比策略3和策略1可知隔离治疗策略的有效性。

(4) 当采用策略4时，在第300个周期和第600个周期时感染者的人数都少于同时刻采用策略3的感染者人数。最终结果显示，迭代优化后的策略4是这4种策略中最有效的。

图6给出了在不同策略下各类型Agent的数量变化。通过观察图6(b)和图6(a)可知，策略2演化得到全是感染者的稳定状态的周期比策略1长。这是因为降低出行概率不会改变传染病演化结果，但是可以延缓传播。通过观察图6(c)和图6(a)可知，策略1最终的演化结果是全部Agent都成为感染者，而策略3的演化结果是感染者人数为0。这说明了隔离治疗策略的有效性。通过观察图6(d)和图6(c)可知，策略4比策略3更快地达到无感染者的稳定状态。同时，在各时刻策略4的感染者人数都少于策略3的感染者。这都说明策略4比策略3更有效。

5 结束语

传染病建模研究是理解疾病传播机理、预测流行趋势、制定防控策略的关键。本文基于ABM方法，从跨层闭环角度出发，设计了一个传染病演化计算框架，将个体行为、群体结构和防控政策统一到模型中，实现从个体行为决策到社会政策的闭环动态仿真。尽管当前研究取得了一定成果，但仍存在改进空间。

未来计划从以下两方面进行研究和改进：第一，将新一代人工智能技术（如大语言模型）与Agent

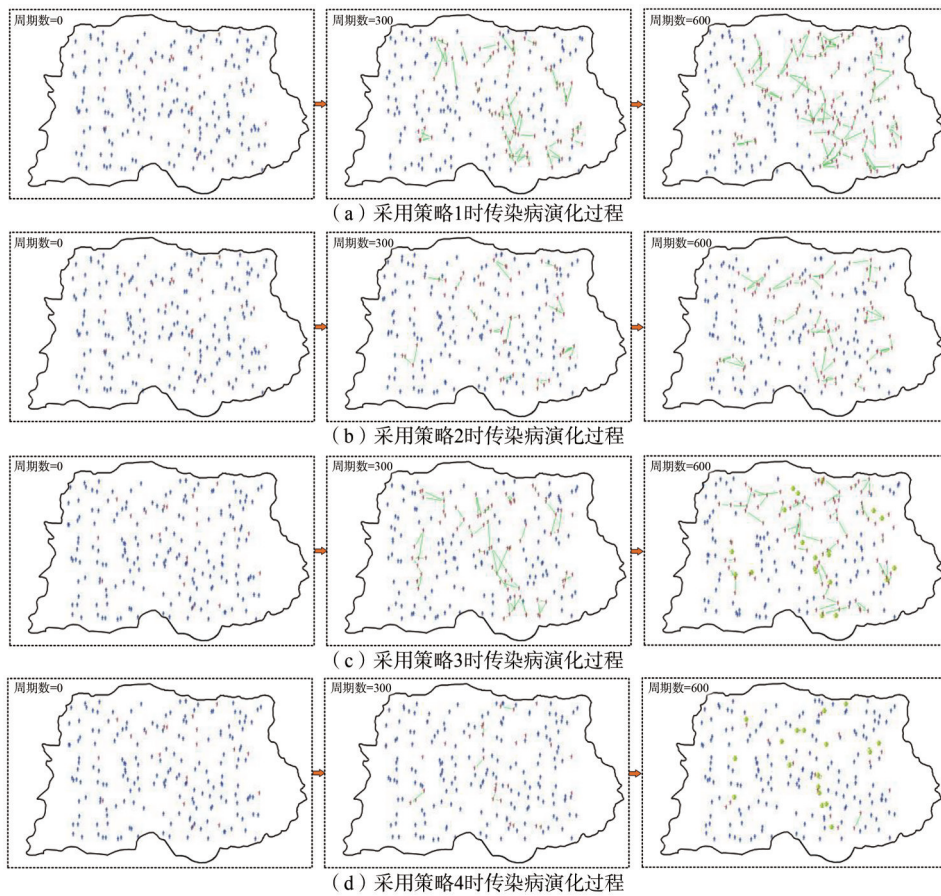


图5 不同策略下的传染病演化过程

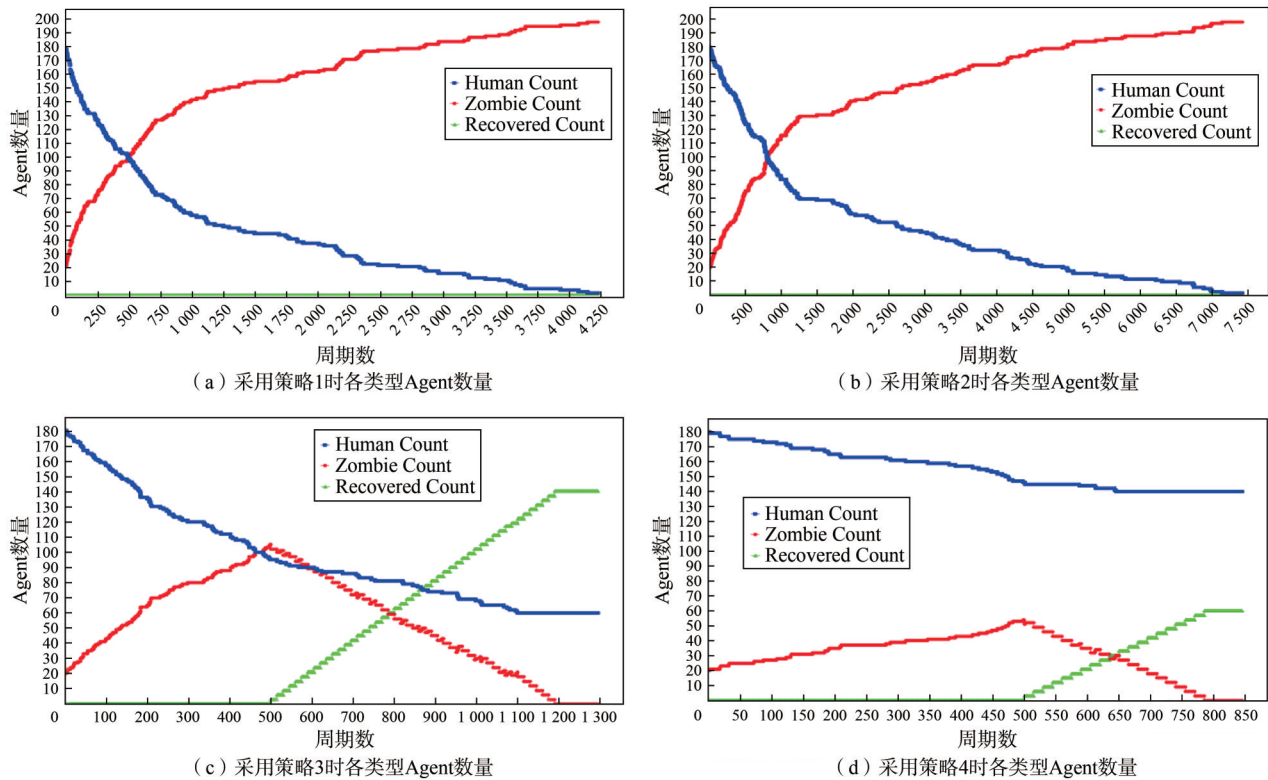


图6 不同策略下的各类型Agent数量变化

结合, 构建大语言模型 Agent, 有效提升决策结果的可靠性和客观性; 第二, 考虑在多病毒共存并耦合传播的环境下, 如何能更有效地控制传染病的传播, 如制定精细化防控措施和优化医疗资源配置。

参考文献:

- [1] 薛霄, 于湘凝, 周德雨, 等. 计算实验方法的溯源、现状与展望[J]. 2023(2): 246-271.
XUE X, YU X N, ZHOU D Y, et al. Computational experiments: past, present and perspective[J]. *Acta Automatica Sinica*, 2023(2): 246-271.
- [2] GIORDANO G, BLANCHINI F, BRUNO R, et al. Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy[J]. *Nature Medicine*, 2020, 26(6): 855-860.
- [3] WEITZ J S, BECKETT S J, COENEN A R, et al. Modeling shield immunity to reduce COVID-19 epidemic spread[J]. *Nature Medicine*, 2020, 26(6): 849-854.
- [4] YANG Z F, ZENG Z Q, WANG K, et al. Modified SEIR and AI prediction of the epidemics trend of COVID-19 in China under public health interventions[J]. *Journal of Thoracic Disease*, 2020, 12(3): 165-174.
- [5] 赵甜甜, 郭海湘, 吴阳, 等. 基于改进传染病模型的应急信息流传播建模研究[J]. 2025(3): 176-187.
ZHAO T T, GUO H X, WU Y, et al. Research on emergency information flow propagation model-ing based on improved infectious disease model[J]. *Safety and Environmental Engineering*, 2025(3): 176-187.
- [6] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. A contribution to the mathematical theory of epidemics, part I [J]. *Proceedings of the Royal Society of London, Series A*, 1927, 115(772): 700-721.
- [7] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. Contributions to the mathematical theory of epidemics. II . the problem of endemicity[J]. *Proceedings of the Royal Society of London, Series A*, 1932, 138(834): 55-83.
- [8] HETHCOTE H W. The mathematics of infectious diseases[J]. *SIAM Review*, 2000, 42(4): 599-653.
- [9] CASTILLO-CHAVEZ C, CASTILLO-GARSOW C W, YAKUBU A A. Mathematical models of isolation and quarantine[J]. *JAMA*, 2003, 290(21): 2876-2877.
- [10] 祖正虎, 许晴, 张文斗, 等. 计算流行病学框架[J]. 2014(2): 156-160.
ZU Z H, XU Q, ZHANG W D, et al. A framework for computational epidemiology[J]. *Military Medical Sciences*, 2014(2): 156-160.
- [11] BAUCH C T, GALVANI A P. Social factors in epidemiology[J]. *Science*, 2013, 342(6154): 47-49.
- [12] CHANG S L, HARDING N, ZACHRESON C, et al. Modelling transmission and control of the COVID-19 pandemic in Australia[J]. *Nature Communications*, 2020, 11: 5710.
- [13] 徐梦婷, 刘勤明, 何基伟, 等. 资源约束下基于改进传统 SEIR 模型的传染病传播网络建模研究[J]. 上海理工大学学报, 2024, 46(6): 708-718.
XU M T, LIU Q M, HE J W, et al. Modeling research of the propagation network of infectious diseases based on improved traditional SEIR model under resource constraints[J]. *Journal of University of Shanghai for Science and Technology*, 2024, 46(6): 708-718.
- [14] 欧阳丽炜, 袁勇, 郑心湖, 等. 基于区块链的传染病监测与预警技术[J]. 智能科学与技术学报, 2020, 2(2): 135-143.
OUYANG L W, YUAN Y, ZHENG X H, et al. A novel blockchain-based surveillance and early-warning technology for infectious diseases[J]. *Chinese Journal of Intelligent Science and Technology*, 2020, 2(2): 135-143.
- [15] YE Y, ZHANG Q P, RUAN Z Y, et al. Effect of heterogeneous risk perception on information diffusion, behavior change, and disease transmission[J]. *Physical Review E*, 2020, 102: 042314.
- [16] WANG X, WU H L, TANG S Y. Assessing age-specific vaccination strategies and post-vaccination reopening policies for COVID-19 control using SEIR modeling approach[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 2022, 84(10): 108.
- [17] CHEN M Y, WU Y H, JIN B S. Evaluation of the Canadian government policies on controlling the COVID-19 outbreaks[J]. *Statistical Theory and Related Fields*, 2023, 7(3): 223-234.
- [18] SUN Z K, ZHANG H Q, LIU Y Y. Bifurcation analysis and optimal control of an SEIR model with limited medical resources and media impact on heterogeneous networks[J]. *International Journal of Bifurcation and Chaos*, 2024, 34(13): 2450159.
- [19] SUN G W, JIN Z, MAI A L. Dynamics of a two-patch SIR model with disease surveillance mediated infection force[J]. *Communications in Non-linear Science and Numerical Simulation*, 2024, 132: 107872.
- [20] ZHOU L, HUANG P, BALDACCINI R, et al. An epidemics-response-logistics model for mutual rescue during the early stage of unconventional epidemics[J]. *International Journal of Systems Science: Operations & Logistics*, 2025, 12(1): 2457459.
- [21] SUN Q Y, WANG Z S, ZHAO D W, et al. Diffusion of resources and their impact on epidemic spreading in multilayer networks with simplicial complexes[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2022, 164: 112734.
- [22] HUANG H, XU Y, XING J L, et al. Social influence or risk perception? A mathematical model of self-protection against asymptomatic infection in multilayer network[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2023, 166: 112925.
- [23] LI D D, XIE W J, HAN D, et al. A multi-information epidemic spreading model on a two-layer network[J]. *Information Sciences*, 2023, 651: 119723.
- [24] 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.
- [25] ZHANG K B, HONG X, HAN Y X, et al. Interplay of simplicial information propagation and epidemic spreading on multiplex metapopulation networks[J]. *Chaos, Solitons & Fractals*, 2024, 180: 114490.
- [26] 常星花, 曾镭, 王建荣. 基于社会关系和个体行为的传染病建模与分析[J]. 山西大学学报(自然科学版), 2025, 48(5): 887-898.
CHANG X H, ZENG R, WANG J R. Modeling and analysis of infectious diseases based on social relationships and personal behavior[J]. *Journal of Shanxi University (Natural Science Edition)*, 2025, 48(5): 887-898.
- [27] EPSTEIN J M. Modelling to contain pandemics[J]. *Nature*, 2009, 460(7256): 687.
- [28] VESPIGNANI A, TIAN H Y, DYE C, et al. Modelling COVID-19[J]. *Nature Reviews Physics*, 2020, 2(6): 279-281.
- [29] KISSLER S M, TEDIJANTO C, GOLDSTEIN E, et al. Projecting the transmission dynamics of SARS-CoV-2 through the postpandemic period[J]. *Science*, 2020, 368(6493): 860-868.
- [30] 薛霄. 复杂系统的计算实验方法原理、模型与案例[M]. 北京: 科学出版社, 2020: 118.
XUE X. Computational experimental methods for complex systems-principles, models and cases[M]. Beijing: Science Press, 2020: 118.

[作者简介]



李芳（1986-），女，西安财经大学信息学院讲师，主要研究方向为云计算、计算实验、区块链。



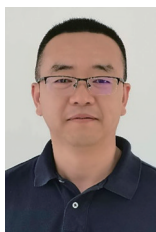
薛霄（1979-），男，天津大学软件学院教授，主要研究方向为服务计算、计算实验和群体智能。



周德雨（1995-），女，山东大学软件学院博士生，主要研究方向为服务计算、计算实验。



刘光军（1980-），男，西安文理学院信息工程学院教授，主要研究方向为大数据安全、网络安全、人工智能安全。



王刚（1974-），男，西安财经大学信息学院教授，主要研究方向为大数据、云计算、计算实验、信任管理、数字经济。



胡淇（2006-），男，西安文理学院信息工程学院本科生，主要研究方向为大数据应用。