

复杂网络中男-男同性性行为间的艾滋病传播

谢莉, 姚伟*

复旦大学力学与工程科学系, 上海 200433

* 联系人, E-mail: weiyao@fudan.edu.cn

2012-05-24 收稿, 2012-12-19 接受

加拿大国际开发研究中心(IDRC)(104519-010)和上海高校一流学科项目(B类13)资助

摘要 性传播是艾滋病传播途径中的主要方式之一, 而男性同性性行为群体(men who have sex with men, MSM)一直被认为是艾滋病传播的高危人群. 本文基于复杂网络的相关理论, 针对艾滋病在“有同性性行为男性”(MSM)间的传播特点提出一种新的研究方法. 文章的研究对象为同性偏好的男性群体, 基于改变其在网络中的不同比例或改变网络结构, 来研究对于 HIV 传播的影响. 同时, 也引入了传统数学模型一般不会讨论的群体中个体移除的问题. 不同于以往基于数学建模的常规方法, 本文利用计算机模拟, 在传染病的扩散过程中引入了两种特定的复杂网络: 小世界网络和无标度网络. 同时根据 MSM 群体的特殊性, 将人群划分为 3 个不同偏好的群体, 根据不同的传播概率, 研究不同 MSM 人群结构对于艾滋病的传播所带来的影响. 另外, 提出了 MSM 网络中有节点移出的概念, 并与相应的数学模型进行对比. 通过改变 MSM 人群中不同的偏好取向, 观察疾病在特定的社会结构网络中的传播情况. 通过对比发现, 网络中节点移除的情况对于艾滋病在 MSM 网络中的传播有很大影响, 并且不同的人群结构也在很大程度上影响疾病的传播.

关键词

复杂网络
传染病
艾滋
小世界网络
无标度网络
MSM
HIV

男性同性性行为群体(MSM)一直被认为是艾滋病传播的高危人群. 从世界范围的数据来看, 男-男同性恋人士感染 HIV 病毒的概率要高于常人 19 倍 (<http://www.fridae.asia/newsfeatures/2008/08/05/2099.msm-19-times-more-likely-to-be-infected-with-hiv-says-aids-group>), 其原因主要在于生物学和行为方式 (<http://www.infzm.com/content/41747>). 目前而言, 世界各地的公共卫生专家倾向于使用“有同性性行为的男性”(men who have sex with men, MSM)来定义这类同性恋人群. 近两年来, 越来越多的研究人员和组织机构发现艾滋病的传播情况在亚洲正日趋严重. 而相比其他地区, 亚洲的男-男同性恋群体数量庞大. 2009年11月24日, 中国卫生部部长陈竺表示, 性传播已经成为此类传播的主要途径, 其中同性性行为所引起的艾滋病传播已经占到传播总数的 32%, 异

性性行为导致的传播达到 40%. 2008年专业人员对中国 61 个城市的同性恋群体进行的调查中发现, 平均有 4.8%的同性恋者患有艾滋病, 其中最高的一个城市达 18%. 由于中国同性恋患者大多处于地下状态, 这个数据可能还比较保守. 中国约有 500 万男同性恋者, 在中国, 男-男性行为者感染 HIV 的几率较一般人高出 45 倍之多 (<http://www.infzm.com/content/41747>). 所以, 研究 HIV 病毒在 MSM 群体中的传播规律, 对预防控制艾滋病的扩散有一定的预测和指导作用.

在 Yee 的调查研究中 (<http://www.nickyee.com/ponder/topbottom.html>), 根据发生性行为过程中不同的偏好取向, 把 MSM 群体一共分为了 6 种主要的群体, 分别是“只接受在下位”、“只接受在上位”、“两者皆可, 没有偏好”、“皆可, 但是偏好下位”、“皆可, 但是偏好在上位”以及“不清楚”. 图 1 为该调研对 394

引用格式: 谢莉, 姚伟. 复杂网络中男-男同性性行为间的艾滋病传播. 科学通报, 2013, 58: 1731-1738

Xie L, Yao W. A network-based study on HIV spreading among men who have sex with men (in Chinese). Chin Sci Bull (Chin Ver), 2013, 58: 1731-1738, doi: 10.1360/972012-492

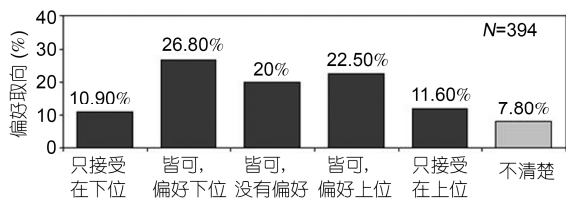


图1 在性交中不同MSM群体的偏好分类
根据 Yee 的调研结果

个样本统计后得出的数据。

在 Lou 等人^[1]的研究中, 使用了经典的数学建模方法对 MSM 人群中的艾滋病传染过程进行建模. 他们考虑到 MSM 人群在性行为中的偏好这一特点并依此设立一定的框架^[1]. 通过建立数学模型后发现, 如果没有采取任何防治宣传手段, 艾滋病在 MSM 人群中将很快传播. 而采取有保护措施性行为是否对防治扩散有效果, 取决于 MSM 人群中偏好不同人群的比例. 另外, Huang^[2]结合计算机模拟和一种新的小世界网络, 对传染病的传播进行研究, 采用了社会镜像身份(social mirror identity)的方法. 这种方法可以用来整合在日常生活中有不同身份的个体在人群中的网络关系, 更适用于描述固定生活中有长距离物理移动的人群. 研究后发现, 模型与 2003 年 SARS 爆发的相关数据吻合度较好, 并且对于各种疾病控制手段也有一定的评估价值. Vieira 等人^[3]则将小世界网络应用到艾滋病传播网络中, 运用计算机进行模拟研究, 在模型运行过程中, 整个人群的数量维持一定.

综上, Lou 等人^[4]用数学模型研究了艾滋病的传播机制, 模型考虑了 MSM 群体偏好特点. Vieira 等人^[3]用网络模型研究了一个社区内广泛群体的艾滋病传播. 但到目前为止, 我们尚未发现结合这两个特点(MSM 群体的偏好和复杂网络)的描述艾滋病传播机制的数学模型研究. 因此, 本文将建立考虑 MSM 群体偏好的复杂网络模型, 结合计算机数值模拟方法, 对艾滋病的传播规律进行分析, 以期能为预测和评估艾滋病在 MSM 群体中的传播起到一定的作用. 另外, 根据以前的网络研究指出的性病在人群中的传播情况更适合无标度网络的特性^[5], 在本文的工作中, 我们应用两种典型的网络模型结构——小世界网络和无标度网络, 希望能够通过对比艾滋病在两种不同网络结构中的传播情况, 对艾滋病的传播情况进行分析. 在研究的过程中, 我们还改变 MSM 群体

中不同偏好者的比例, 观察模型的走势, 用以研究不同结构比例的 MSM 群体对于艾滋病在整个 MSM 人群中传播的影响. 最后, 通过与 Lou 等人^[4]研究结果的对比, 分析了不同方法对于艾滋病在 MSM 群体中传播的预测结果的异同.

1 考虑男-男同性性行为个体偏好的网络模型

1.1 模型模拟方法

节点和连接是每一个网络的基本组成, 并且在不同的现实网络中它们代表不同的意义. 在我们定义的传染病网络中, 每一个节点代表一个个体的人, 而连接则表示他们之间有联系, 以一定的概率发生传染和被传染的事件. 在我们的模型中, 连接没有权重和方向. 并且在两个节点之间最多只能有一条连接(但可以发生多次接触). 根据模型的现实应用, 我们赋予每个节点以属性. 首先, 在 Yee 的调查中, 调研了 MSM 人群不同的偏好, 把这类人群按照偏好的不同分为了 6 类. 而 Lou 等人^[5]的研究工作将模型略微简化, 把 MSM 人群的偏好大致归结为三类, 即“只接受在下位(B)”、“只接受在上位(T)”以及“两者皆可, 没有偏好(N)”, 并对这 3 种类型给出了定义. 本文所设计的网络模型也参照这种分类方法, 把 MSM 人群按照偏好分为 3 类. 对这 3 类 MSM 人群, 我们做如下定义:

只接受在下位的人群(B): 指在发生男-男同性性行为中, 只接受下位的一类偏好的人群;

只接受在上位的人群(T): 指在发生男-男同性性行为中, 只接受上位的一类偏好的人群;

两者皆可, 没有偏好(V): 指在男-男同性性行为中, 没有特别的偏好, 两者都能接受的人群.

需要注意的是, 在模型建立的过程中发生连接的几种可能分别为: B 类人群和 T 类人群、B 类人群和 V 类人群、T 类人群和 V 类人群以及 V 类人群之间. 根据调查结果, 对 MSM 人群中偏好的比例进行了估计, 具体见表 1.

表 1 MSM 网络中不同偏好人群的比例

偏好类型	比例
偏好下位(B)	37%
偏好上位(T)	34%
皆可(V)	29%

1.2 模型的参数及定义

在我们所建立的网络中，描述的仅仅是艾滋病如何在 MSM 人群的社会网络中传播的过程，而非一般普通的社会人群网络。对于每一个节点，我们定义了描述的一系列属性以便使整个建模的过程更趋于真实。属性的定义和解释见表 2。

每一个节点都有以上全部的属性。如果某一个节点和其邻居有连接，当且仅当一个易感染节点和另一个已感染节点有接触，才会在一定的概率下发生传染艾滋病的可能。我们设定在经过一段时间后已感染节点的移除，也就是节点的死亡，并规定死亡的节点不会参与和其邻居节点的接触，更不会和邻居发生传染关系。基于这一点，规定了计时的参数。可以规定在经过一定时间 T 后，节点即死亡，此时 $t=T$ 。

模型设定了一个包含有 300 个节点的 MSM 群体社区。在每一个时间步长中，网络中的已感染节点都会以一定的概率与其邻居节点发生联系。整个模拟过程中设定离散时间步长。由于缺少一定的数据，没有得到一般男同每年所接触的性伴侣的数目。基于国内的情况我们估计平均每位男同每年平均会接触 8.35 个男同。然后我们开始模拟未来 10 年艾滋病在特定人群中的传播情况。同时，艾滋病在 MSM 人群中传播伊始，人群中必将有少数的节点是已感染节点，这样艾滋病才会在人群中传播。根据中国男性同性恋感染率的相关数据，我们把 MSM 人群中感染比例的初始值(PI)设为 4.9%(<http://insight.inewsweek.cn/>)

表 2 网络中节点的参数

属性	描述	默认值
ID	每个节点唯一的标志	1~N 的正整数
E	节点是否感染的标志	易感染(S)、已感染(I)和死亡(D)
偏好	MSM 关系中偏好类型	上位(T)、下位(B)和皆可(V)

topic.php?tid=445)。当然，根据不同情况这一数字可以进行调整。

在模型中需要用到的数据还有人群之间的传染率问题。由于 MSM 群体和艾滋病的特殊性，在我们的研究中，通过查阅资料确定各种传染率的参数取值，其中具体的取值情况参见表 3。从表中可以看到，B、T 和 V 这三类人群的艾滋病传染率各不相同。这源于艾滋病传染的特殊性。关于 T、B、V 的三类人群在 MSM 中的比例已经在表 1 中列出。此外，估计艾滋病患者的移除时间 X 设定为被感染之后的 5.5 年。这一个节点在网络中将不具有传染性，也不会再被其邻居传染。这些设定都让我们构建的网络更贴近真实情况。

1.3 算法实现

本文的各种模拟以及绘图都是基于 Matlab 程序进行编写。使用连接矩阵来表示网络，在程序开始阶段，首先初始化，即构建描述整个网络结构的矩阵。在这一步骤中，我们可以选择所研究网络的类型——小世界网络或者无标度网。另外，还需要设定网络的节点数和度分布。在我们的模型中，我们假设整个网络不会有新节点的进入。需要设定一个初始概率来表示我们网络中已感染的人群，在之后的过程中，这些已经被感染的节点将具有传染性，会以一定的概率将疾病传染给邻居节点。而后我们会得到一个相应的连接矩阵来表示初始化后构建的网络。利用计算机程序来将这一矩阵可视化。图 2 所示为一个小世界网络，其中绿色的节点代表易感人群，红色节点为已感染人群。而黑色节点表示的是已经移出网络的一类节点。在节点逐个遍历中，首先判断的是节点本身患病的属性，包括有 S(未感染)，I(已经感染)以及 D(已经死亡)。当判断节点为 I，即为已经感染的

表 3 MSM 网络建模过程中的各种参数和人群

参数	描述	比例值(%)	来源
PA	网络中 T 类人群的比例	34	[4]
PB	网络中 B 类人群的比例	37	[4]
PN	网络中 N 类人群的比例	29	[4]
PI	初始网络中的感染比例	4.9	http://health.sohu.com/20081202/n260970571.shtml
P1	B 类人群受到 T 类人群的感染率(每次)	1.70	[3]
P2	T 类人群受到 B 类人群的感染率(每次)	0.62	[5]
P3	V 类人群之间的感染率(每次)	0.60	估计值
X	设定在一定时间后，节点移出	5.5 年	估计值

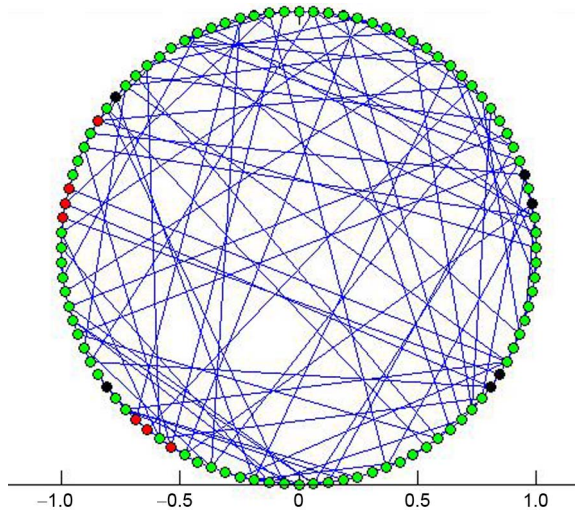


图2 HIV偏好模型在小世界网络传播的过程

黑色的点代表已经死亡(移除)的节点,绿色代表易感节点,红色代表已感染节点

节点后,才会继续.接下来在已经生成的网络中,寻找该节点的邻居节点,并同时判断其邻居节点的属性,包括两个节点的偏好以及邻居节点的染病情况.如该节点的邻居节点属于易感人群 S,并且和此节点的偏好也匹配,则他们将以一定概率 P 发生病毒的传染.我们把不同偏好的匹配归为三类, A类为 T 和 B 以及 T 和 V 类型的男, B类为 B 和 T 以及 B 和 V 类人群,最后一类为 V类和 V类人群.病毒携带者在性行为中的角色对于其传染的概率有很大的影响作用.我们定义这三类人群的传染概率分别为 P1, P2 和 P3.三种概率在初始化程序时就根据已有的数据设定.之后两者就会按照此概率决定是否发生病毒的传染.如果节点从未感染的状态(S)到已经感染(I),则其时间属性开始计数.在每次遍历节点后,需要判断,其时间属性是否仍然小于等于 X(年),如大于 X(年),则对此节点操作,属性为死亡(D).节点被移除网络,不再参与人群传染的过程.以上就是寻找到一个易感染 HIV 病毒的节点后需要进行的一次遍历过程.我们可以设定模拟的时间为 10 年,对 10 年内的该网络进行预测和估计.

在具体实现过程中,根据网络的生成原理生成不同网络的链接矩阵.在初始化之后的迭代过程中,按照一定比例设定网络中不同节点之间的传染率(表 3).另外,定义了初始网络中不同节点比率的程序,然后通过作图将节点的传染过程绘制出来(图 3).

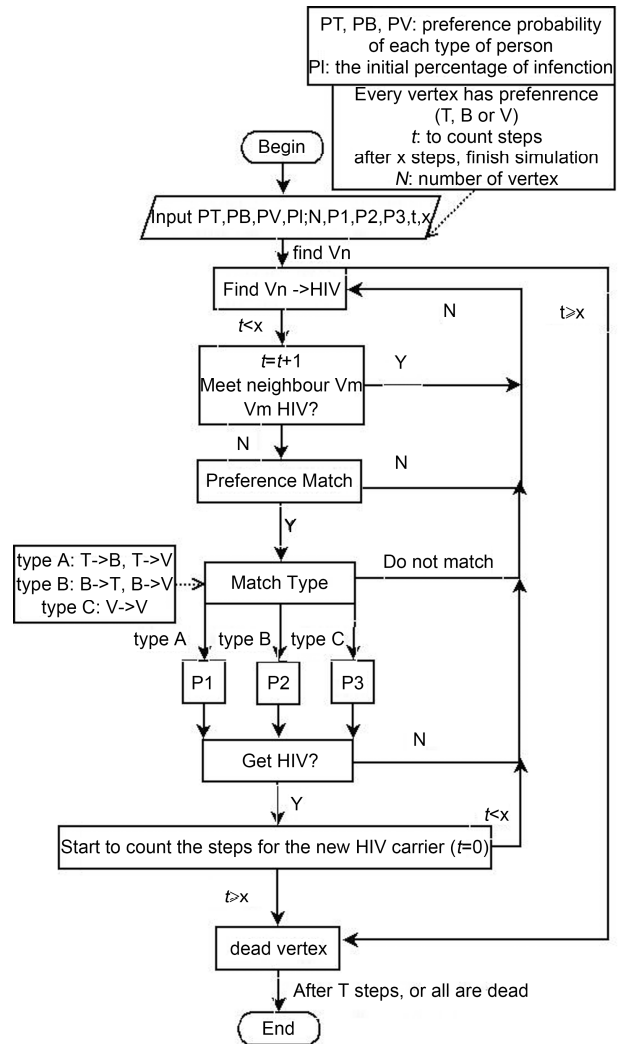


图3 算法流程图

在 MSM 群体中考虑不同偏好对于 HIV 在网络中传播的影响

2 结果与讨论

我们进行了如下一些模拟和对比:通过改变 MSM 人群中不同的偏好取向,观察 MSM 人群偏好对艾滋病在社会结构网络中传播的影响;通过模拟艾滋病分别在小世界网络和无标度网络中的传播,对比不同网络对 MSM 社会结构中艾滋病传播的影响;介绍了在一个设定的网络中,疾病如何通过模型传播的过程(用小世界网络举例说明).设定网络在整个传播过程中有 150 个节点,过程中感染的节点被设定到一定时间后会退出传染过程,总计 40 个时间步长,在每一个步长中红色易感染的节点会与其某一邻居节点相“碰撞”,并且按照相应的概率感染 HIV 疾病.

2.1 不同网络中节点角色以及节点移除对 HIV 传播的影响

根据表 1 调查结果设定的男性同性性行为之间的偏好比例, 研究了无标度网络中 HIV 在男性性行为群体之间的传播情况(图 4). 另外还研究了其他 4 种假设中的 HIV 传播情况, 分别为: 只有 V 类人群(V 类人群占总人群的 100%, 无 B 类和 T 类人群); 没有 B 类人群(V 类和 T 类人群各占总人群的 50%); 没有 T 类人群(V 类和 B 类人群各占总人群的 50%); 没有 V 类人群(T 类和 B 类人群各占总人群的 50%).

从图 4(a)的无标度网络中可以看出: (1) 只有 V 类人群. 只有 V 类人群时, 由于在 V 类人群之间配对没有限制, 所以疾病在这种情况下传播相对较快. 相比小世界网络, 无标度网络中这类情况的传染速度更快. (2) 没有 B 类人群. 模拟发现, 在没有 B 类人群的情况下, 由于 T 类仅能与网络中的 V 类有联系, 所以较正常的比例而言, 传染速率有所下降. 另外, 由

于不同偏好的人群作为 HIV 病毒传染以及被传染对象的概率不同, 接受者被传染的概率较 T 人群更高, 所以可以用这一点来解释传染情况比正常比例略低的现象. (3) 没有 T 类人群. 很值得我们注意的是这一类情况. 可以看到, 没有 T 类人群时, HIV 在男性同性关系中的传播有明显的减少. 分析原因, 是因为 T 类人群在艾滋传染的过程中属于高危人群, 表现为其传染率较 B 类人群高出近 3 倍(表 3 中的 P1 和 P2). 由此可见, 在男性同性传染艾滋病的过程中, T 类人群对于传播的过程起到了关键的作用. (4) 没有 V 类人群. 这种模拟反映了 V 类人群在网络中所起到的影响. 通过计算机模拟走势可以看出, 男性同性网络在没有 V 类人群的条件下也会在一定程度上减缓传播, 说明了 V 类人群对同偏好人群间 HIV 传播的介导作用.

另外, 我们同时也研究了在小世界网络中(图 4(b)), 不同的节点属性对于艾滋病传播的影响. 可以

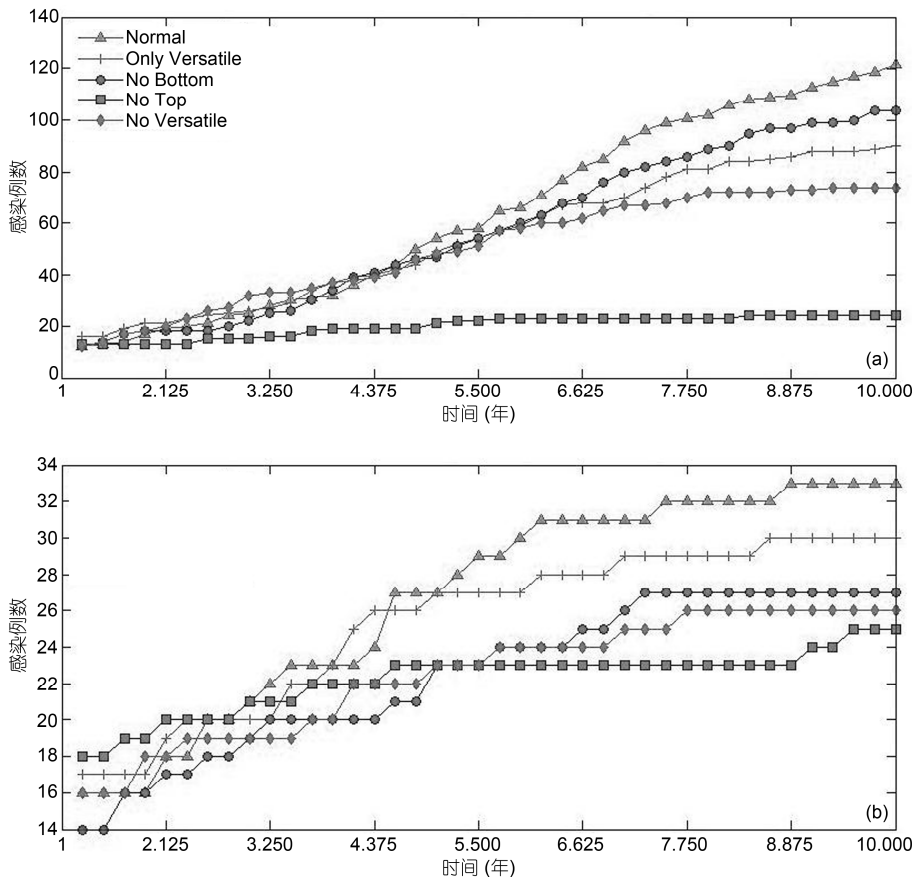


图 4 改变网络中 MSM 人群偏好对艾滋病传播的影响
(a) 无标度网络; (b) 小世界网络

看出, T类人群对于艾滋病在这类人群中传播的影响仍然非常显著. 如果网络中 T类人群减少, 而相应地有更多的 V类和 B类人群, 整个网络的传播情况会有明显的抑制. 进一步, 通过比较可以看出在相同平均度(平均度均为4)时, 无标度网络的情况下, HIV在男性群体中的传染情况比小世界网络更堪忧. 改变网络中不同角色的比例, 通过对模拟结果的分析, 我们发现无论是何种网络, 男性同性恋在同性性关系中所担任的不同角色, 在一定程度上影响艾滋病的传染情况. 而其中, T类人群对此影响尤为重要. 值得注意的是, 无论是在何种网络下, 数据显示在我们估计的“正常比例”(即三种人群皆存在)情况下, 艾滋病的传播情况比较高.

以往的很多研究中, 传染病群体的总数一般是假设在一个稳定的数量, 即没有节点的移除或者添加. 但是对于艾滋病这样具有很长跨度潜伏期的疾病而言, 群体中节点的删减就显得尤为重要. 在我们的研究中, 想进一步了解, HIV在同性传播过程中, 经过一定时间后, 节点的移除给网络带来的影响. 图5比较了节点的移除与否对 HIV传播的影响(我们设定第5年开始从网络中移除一些节点). 可以看出在5年后阶段, 有节点移除的网络明显因为部分节点不参与传播而使 HIV传染进度较一般无节点移除的网络缓慢, 当到第10年的时, 有节点移除的网络 HIV感染例数明显低于其在无节点移除的网络.

2.2 参数更改与结果比较

Lou 等人^[4]提出了男同群体中考虑偏好的情况下, 利用数学方法研究相关 HIV的传染模型, 并对2008~2018年 HIV传染情况进行了预测(图6(a)). 我们根据他们的假设设定偏好比例, 在中国男性同性性关系发生者中, 10.9%为 T类人群, 69.3%为 V类, 另外11.6%为 B类人群. 利用文献[4]中提到的数学方法进行预测研究. 在比较两种方法时, 我们把初始的

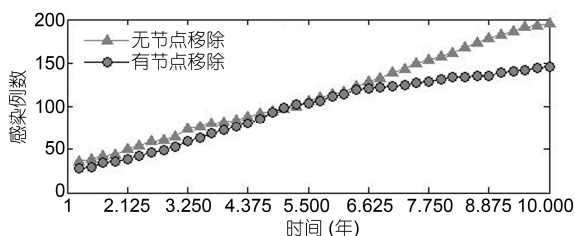


图5 网络中是否有节点移除对于 HIV 在网络中传播的影响

感染人群以及总人数设定为与其一致以方便对比, 在这组研究的比较中我们采用了无标度网络, 以及

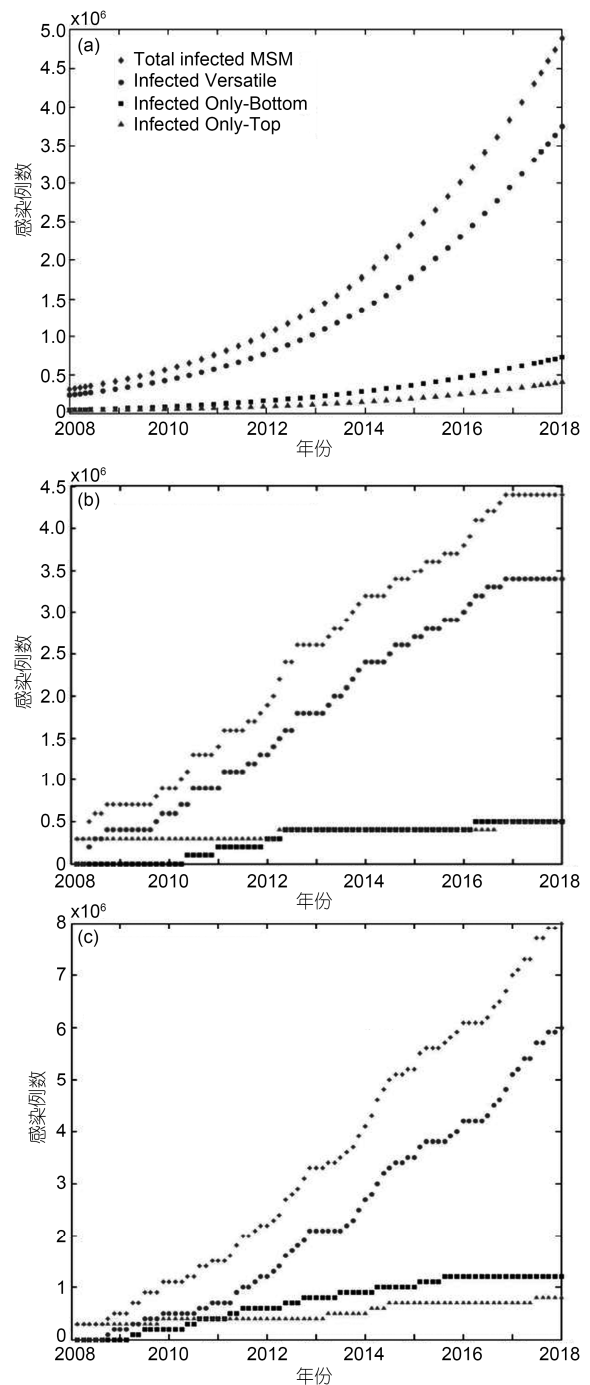


图6 对比两种方法对于未来十年 HIV 病毒的预测结果

(a) 文献[4]预测到2018年时, 新感染 HIV 的 MSM 人群将达到 4.88×10^6 ; (b) 运用本文提出的复杂网络的方法所得到的预测结果(有节点的移除), 预计2018年时新感染的人群将达 4.4×10^6 ; (c) 运用本文提出的复杂网络的方法所得到的预测结果(无节点的移除), 预计2018年时新感染的人群将达 8.0×10^6

与 Lou 等人的研究中相同的节点总人数(2.0745×10^7),但是在 Lou 等人的研究中,没有考虑节点的移除.而在我们的研究中,我们设定在 4 年后(即 2012 年)开始有节点移出传染的网络(各种原因失去传染能力).我们将初始化条件设定为与文献[4]相同(表 4).

通过比较图 6(a)和(b),可以进一步得出,虽然用两种不同的方法,但是预测的总体趋势仍然有一些吻合之处.另外,在用网络方法做出的图中可以看出,由于在 4 年后我们设定有节点开始移出 HIV 的传播网络,所以在预测的后期,感染情况呈现了一定的稳定趋势.还可以通过比较三类人群的传染过程,发现无论是采用何种研究的方法,传染情况在 V 类人群的传染率最高.另外,图 6(c)则因为没有节点的移除,到 2018 年时感染数量上升很快.

3 讨论与展望

个体间的关系往往涉及到很多因素,例如性关系过程中的偏好、年龄差异以及在社会中的属性等,然而如此多的因素在建模的时候很难面面俱到^[3].因此,哪些是传染病建模时需要考虑的因素也成为我们需要讨论和研究的问题.本文研究了同性偏好在网络中的比例、网络结构对于 HIV 传播的影响,同时也引入了传统的数学模型一般不会讨论的群体中个体移除的问题.这些是本研究的创新之处.

通过模型的建立,以及经过一些初期的研究可以看出,在男性同性性行为群体中,不同偏好的节点在网络中的比率也在一定程度上对于艾滋病的传染有一定的影响.这一点也就为我们之后的工作提供了一些参考:在调研我国男同人群数据的同时,将不同偏好人群的这一因素也加以考虑是着实有必要的.因为不仅从以往的研究还是我们的模拟结果来看,男性发生同性性关系的群体中,不同比率的人群对于艾滋病的传播影响深远.

不同的网络结构也影响和制约着疾病传播的情况.文献[6]中提到,无论疾病的传染率如何,疾病在

无标度网络中的传播始终会存在下去.通过我们的研究可以看到,疾病在小世界网络上传播的速率比在无标度网络传染更缓慢.基于无标度网络的构成以及其特点,可以看出“富者更富”的网络结构应用在疾病传播的问题上依然适用.当然我们也发现由于模型的参数具有一定的随机性,所以生成的不同无标度网络的模型,传染的情况可能有较大的不同.这个可以归咎为无标度网络的特点:某些节点的度会比其他节点高出很多.所以,如果在初始化的随机过程中这些节点是被感染节点,那么在接下来的传染过程中,疾病的传播速度也会因此而相对较快.相反,如果在初始的节点中受感染的节点拥有较少的度连接,换言之,与这些感染节点相连的“邻居”节点比较少,那么其传染给其他节点的概率也就更小.所以在之后的工作中,可以尝试控制初始感染的节点的情况,来探究初始受感染的节点的度的情况给后续疾病的传播会带来什么影响.

在以往的一些工作中,鲜有关于艾滋病传染网络中节点移除的工作.本文尝试设定节点在被感染后的一定时长后会移出网络,不参与传染,这包括死亡、被隔离以及其他失去传染能力的原因.通过图 5 的比较可以看出,在 5 年后节点移出网络对于艾滋病在网络中传播情况有比较大的影响——没有节点移除的网络中疾病传染得更快.证明了这一点后,也进一步说明了在用网络研究传染病的过程中,网络中节点是否还有传染性是不可不考虑的一个因素.当然,我们的模型还存在一定的不足.因为模型设定了一个确定的时间步长后所有节点会退出网络(相当于断开与所有其他节点的链接),如果再进一步把这里做得更合理的话,可以通过一定的数据分析,设定每个节点在感染后的不同时间步长后会以不同的概率退出艾滋病的传染,当然,这就需要一定调查研究的数据作为支持.

另外不得不提的是,由于男同人群不被社会所接受,他们往往会无奈选择和异性结婚,数据统计有 80% 的男同人群会最终选择婚姻 (<http://insight.inewsweek.cn/topic.php?tid=445>).这样一来在 MSM 群体中传染的艾滋病就不可避免地传染给这个群体之外的个体,这一点也是我们今后工作中需考虑的.另外,本文的工作是基于计算机的建模和数值模拟,所以如果在未来有更为真实有效的数据,可以通过参数的修改来优化我们的模型.

表 4 Lou 等人^[4]数学模型的初始化数据

仓室类型	描述	初始值(%)
S _T	易感染的 T 类人群的数量	2.4251
S _N	易感染的 N 类人群的数量	1.5418
S _B	易感染的 B 类人群的数量	2.5908
I _T	已感染的 T 类人群的数量	3.6931
I _N	已感染的 N 类人群的数量	2.3480
I _B	已感染的 B 类人群的数量	3.9455

参考文献

- 1 Lou J, Ruggeri T. The dynamics of spreading and immune strategies of sexually transmitted diseases on scale-free network. *J Math Anal Appl*, 2010, 365: 210–219
 - 2 Huang C Y. A novel small-world model: Using social mirror identities for epidemic simulations. *Simulation*, 2005, 81: 671–699
 - 3 Vieira I T, Cheng R C H, Harper P R, et al. Small world network models of the dynamics of HIV infection. *Ann Oper Res*, 2010, 178: 173–200
 - 4 Lou J, Wu J, Chen L, et al.. A sex-role-preference model for HIV transmission among men who have sex with men in China. *BMC Public Health*, 2009, 9(Suppl 1): S10
 - 5 Schneeberger A, Mercer C H, Gregson S A, et al. Scale-free networks and sexually transmitted diseases: A description of observed patterns of sexual contacts in Britain and Zimbabwe. *Sex Transm Dis*, 2004, 31: 380–387
 - 6 Pastor-Satorras R, Vespignani A. Epidemic spreading in scale-free networks. *Phys Rev Lett*, 2001, 86: 3200–3203
-

A network-based study on HIV spreading among men who have sex with men

XIE Li & YAO Wei

Department of Mechanics & Engineering Science, Fudan University, Shanghai 200433, China

Particularly aiming at the group of men who have sex with men (MSM) and based on the theory of networks, we propose a new method to study the epidemic disease, AIDS. With the help of computational simulation, we study the disease spreading based on two specific types of networks, small world network and scale free network instead of adapting traditional mathematical model. In regard to the specialty, the MSM groups are divided into three categories based on the preference of MSM group. Simulations are done to research the influence of people with different preference, in which each category of people has different infectious rates to others. What is more, the concept of removing vertices is introduced when HIV spreads among MSM group. Compared with some mathematical models studied before, the results show that those removed vertices, as well as the difference of group structure, have a lot of impact on HIV spreading.

complex network, epidemic disease, AIDS, small world network, scale free network, MSM, HIV

doi: 10.1360/972012-492