

基于元胞自动机的个体移动异质性传染病传播模型

谭欣欣, 戴钦武, 史鹏燕, 王丽燕, 刚家泰*

(大连大学 信息工程学院, 辽宁 大连 116622)

摘要: 利用元胞自动机原理,建立了同时具有异质性和移动性的 SEIR 传染病传播模型. 考虑到个体自身的传染能力、对传染病的抵抗能力等不同因素的影响,通过感染概率来体现个体的异质性;限制种群移动的范围,添加种群移动的比例来实现种群的移动,扩展了随机行走元胞自动机. 结合甲型 H1N1 流感的传播特征,模拟了其传播过程. 模拟结果与官网公布的实际数据相吻合,验证了模型的合理性和有效性. 利用该模型还分别考察了种群移动比例和种群移动最大距离对传染病传播的影响,相比较种群移动比例对传染病传播的影响更加显著,加速了传染病的传播.

关键词: 元胞自动机;异质性;移动性;甲型 H1N1 流感;随机行走元胞自动机

中图分类号: O242.1 **文献标志码:** A

0 引言

传染病历来是影响人类生存和国计民生的重要因素之一. 全球经济一体化的发展,人口流动的加剧,以及微生物的进化和变异等,使得一些传染病如霍乱、鼠疫等复发;同时,病原体对抗生素的耐药性增加,使一些新发传染病如艾滋病(HIV/AIDS)、禽流感 and SARS 病毒等相继出现^[1]. 传染病严重危害着全人类的健康. 因此,研究传染病的传播过程、传播规律以及控制措施,具有十分重要的意义.

元胞自动机是一个在时间、空间上离散,通过局部元胞的相互作用而引起全局变化的动力系统模型,与传染病是由个体间相互传染而传播这一特征非常相似. 通过元胞自动机的演化,可以模拟传染病传播的过程,对传播过程任意时刻的状态进行监测,从而使整个传播过程可视化,更易于直观分析. 其模拟结果可以更好地为流行病防治决策提供支持. 元胞自动机已经成为研究流行病学的一个新的研究方法^[2].

Sirakoulis、Fuentes 等利用元胞自动机分别

建立了 SIS 和 SIR 模型,研究分析人群移动、接种疫苗以及人口初始分布等因素对疾病传播的影响^[3-4];贺明峰、游爱丽、潘志方等利用元胞自动机分别研究了 SARS、甲型 H1N1 流感和 HIV/AIDS 等最新爆发的传染性疾病^[5-7];高宝俊等考虑了个体的差异性,研究了基于元胞自动机的异质个体的 SARS 传播^[8];一些学者将异质个体的元胞自动机模型应用到新型传染性疾病 HIV/AIDS 研究中^[9]. 传染病的传播不仅受个体差异性的影响,而且还与个体的移动性密切相关. 余雷等用随机行走元胞自动机模拟了 SARS 的 SIR 模型传播过程,考察了移动比例和及时就医对控制传染病传播的影响^[10]. 个体的异质性和移动性在传染病的传播过程中都具有十分重要的作用,但到目前为止,同时考虑两者对传染病传播的影响还少有研究. 文献[9]在研究异质个体的 HIV/AIDS 传播模型时,利用单位时间内个体同其邻居个体接触的次数来度量个体的活跃程度(移动性). 本文引用随机行走元胞自动机,使个体可以在整个空间内任意移动,建立同时具有异质性和

移动性的传染病传播模型,并对甲型 H1N1 流感进行模拟仿真,进一步分析种群移动比例和种群移动最大距离对传染病传播的影响.

1 SEIR 传染病模型的元胞自动机原理

人口总数近似看作常数,即不考虑人口输入和输出以及因其他疾病死亡的人数,且自然出生率与自然死亡率相等;人群呈均匀分布;潜伏期内的感染者没有传染力^[11]. 由于个体体质的不同,易感个体对传染病具有不同的抵抗能力,发病个体具有不同的传染能力,且不同传染性的个体具有不同的传染范围;由于现代社会人口的高流动性,种群带有移动性;原发性病人相对于其所传染的病人数量较少^[1],因此假设病人只是由于被传染而得病.

根据一般传染病传播的特点^[11],将种群划分为 5 类:易感者(S)、潜伏者(E)、染病者(I)、死亡者(D)、治愈者(R). 传染病的传播流程如图 1 所示.

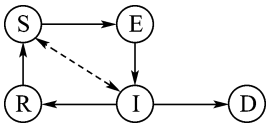


图 1 传染病传播流程

Fig. 1 The spreading process of the infectious disease

图 1 显示个体在整个传播过程中具有移动性. S 类个体无感染性可以自由移动,当移动到 I 类个体的邻域内(或者 I 类个体向它移动),其状态可能会发生变化,由于个体具有异质性,他们将以不同概率被感染成 E 类个体;经过一段时间的潜伏期后变为 I 类个体;I 类个体在未治愈期间自由移动并对其邻域内的易感者具有不同的传染力;由于医疗水平的有限性, I 类个体经过治疗后部分痊愈转化为具有短期免疫力的 R 类个体,其他病死的为 D 类个体.

假设种群所处的空间是一个 $N=n\times n$ 的二维网格,每个网格代表一个种群个体所在的位置,称为元胞. 元胞邻居采用半径为 1 的 Moore(摩尔)邻居^[2],如图 2 所示. 每一个元胞在下一时刻的状态,取决于其自身和其邻域中的元胞在当前

时刻的状态^[12],个体的状态逐步影响周围(邻居)个体,以此引起所有元胞状态的变化.

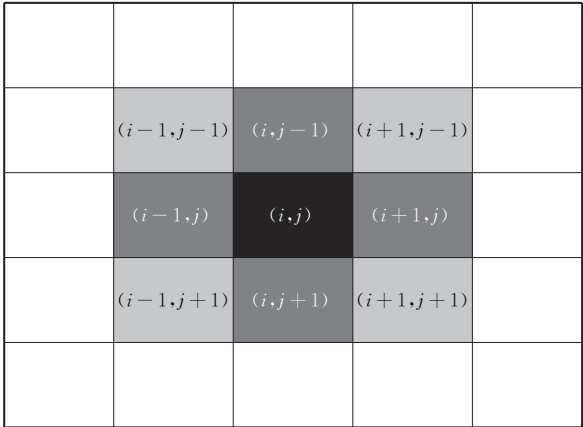


图 2 半径为 1 的 Moore 邻居

Fig. 2 Moore neighborhood with the radius of 1

本文拟建立基于元胞自动机的移动异质的传染病传播模型,为了便于描述个体的特性,用 $S'_{i,j} \in \{0,1,2,3,4\}$ 表示种群的状态空间,即元胞 $C_{i,j}$ 在 t 时刻的状态,不同的数值分别对应于流行病传播过程中个体的 5 种状态:

$S'_{i,j} = 0$,元胞 $C_{i,j}$ 为易感者(S),即个体未被感染,且有一定的自身免疫力.

$S'_{i,j} = 1$,元胞 $C_{i,j}$ 为潜伏者(E),即在被感染后、成为患者之前有一段疾病潜伏期,且潜伏期内的感染者无传染力.

$S'_{i,j} = 2$,元胞 $C_{i,j}$ 为染病者(I),个体已经被传染,此时个体具有一定的传染力.

$S'_{i,j} = 3$,元胞 $C_{i,j}$ 为治愈者(R),此时个体已退出患病状态,保留了短期的较高免疫力.

$S'_{i,j} = 4$,元胞 $C_{i,j}$ 为死亡者(D),即个体死亡,移出传播过程,无传染力和抵抗力.

2 个体具有异质性和移动性的元胞自动机模型

2.1 异质性的描述

个体的异质性体现在易感个体对疾病具有不同的抵抗力,发病个体具有不同的传染力,并且不同传染力的个体具有不同的传染范围. 这些个体的差异性,可以用感染概率来描述,它是由个体自身对疾病的抵抗力、邻元对其传染力以及与邻元

之间的距离决定的.

$N_{C_{i,j}}$ 表示元胞 $C_{i,j}$ 的摩尔邻居集合, 取 $C_{i,j}$ 的所有邻居对其感染概率的最大值^[9], 作为元胞 $C_{i,j}$ 在某一时刻 t 的感染概率:

$$p'_{i,j} = \max_{(k,l) \in N_{C_{i,j}}} \{p'_{C_{i,j}, C_{k,l}}\}$$

其中 $p'_{C_{i,j}, C_{k,l}}$ 表示元胞 $C_{i,j}$ 在 t 时刻被元胞 $C_{k,l}$ 感染的概率. 一般而言, 距离越远, 个体受邻居传染的概率也越小, 用 $d_{C_{i,j}, C_{k,l}}$ 表示个体 $C_{i,j}$ 和个体 $C_{k,l}$ 之间的欧氏距离; 个体被感染的概率与自身的抵抗力成反比, 与邻元对其的传染力成正比. 构造以下函数表示个体 $C_{k,l}$ 对个体 $C_{i,j}$ 的感染概率, 则有

$$p'_{C_{i,j}, C_{k,l}} = \frac{1}{d_{C_{i,j}, C_{k,l}}} \sqrt{f_{C_{i,j}, C_{k,l}} (1 - R_{C_{i,j}})}$$

其中 $f_{C_{i,j}, C_{k,l}}$ 与 $R_{C_{i,j}}$ 分别表示个体 $C_{k,l}$ 对个体 $C_{i,j}$ 的传染力与个体 $C_{i,j}$ 对传染病的抵抗力, 它们都服从 $(0, 1)$ 均匀分布, 说明不同个体体质的差异性, 使其具有不同的传染力和抵抗力. 因此, 每个元胞的感染概率是由其邻元的传染力和自身的抵抗力共同作用决定的. 且在每一时间步, 各元胞的状态会同步更新.

2.2 移动性的描述

人们总是处于不断运动和相互接触状态中, 移动性对传染病的传播具有十分重要的影响. 本文采用随机行走元胞自动机的思想描述个体的移动性, 在文献[3] 随机行走的最大步长的基础上, 加入移动元胞比例 m , 同时考察个体的最大移动距离和人群移动比例这两个因素对传染病传播的影响. 随机行走元胞自动机与普通的元胞自动机类似, 只是在每次演化时都做一次行走, 行走方式为设置随机行走的最大步长 Q , 固定此步长, 并对网格 $N = n \times n$ 中所有元胞进行随机扫描, 从而选择 m 比例的元胞. 对所选的元胞 $C_{i,j}$, 生成两个独立的随机数 d_i 和 d_j ($|d_i|, |d_j| \leq Q$), 然后将 (i, j) 处的元胞 $C_{i,j}$ 与 $(i + d_i, j + d_j)$ 处的元胞 $C_{i+d_i, j+d_j}$ 进行交换, 从而完成一次移动. 当随机行走的最大步长 Q 较大时, 相当于 m 比例的个体可以在整个空间内任意移动.

2.3 模型的演化规则

(1) 当 $S'_{i,j} = 0$ 时, 计算感染概率 $p'_{i,j}$, 并以此

判断个体是否以概率 $p'_{i,j}$ 转化为 $S_{i,j}^{t+1} = 1$, 否则仍为易感者, 保持 $S_{i,j}^{t+1} = 0$.

(2) 当 $S'_{i,j} = 1$ 时, 元胞 $C_{i,j}$ 处于潜伏期状态, 无传染性. 设 T_1 为潜伏期, 当 $t < T_1$ 时, $S_{i,j}^{t+1} = 1$, 元胞继续保持潜伏期状态; 当 $t \geq T_1$ 时, $S_{i,j}^{t+1} = 2$, 即元胞 $C_{i,j}$ 在下一时刻转化为染病者.

(3) 当 $S'_{i,j} = 2$ 时, 元胞 $C_{i,j}$ 为染病者. 设 T_2 为治愈期, 当 $t < T_2$ 时, 患者仍然处于患病期, $S_{i,j}^{t+1} = 2$. 当 $t \geq T_2$ 时, 患者经过治愈期, 以病死率 λ 由 I 类元胞变为 D 类元胞, 即 $S_{i,j}^{t+1} = 4$; 其他的患者都被治愈, 即 $S_{i,j}^{t+1} = 3$.

(4) 当 $S'_{i,j} = 3$ 时, 元胞处于免疫的状态, 具有短期的较高的免疫力. 设 T_3 为免疫期, $t \geq T_3$ 后以概率 η 使得治愈后的个体变为易感者, 即 $S_{i,j}^{t+1} = 0$, 其余治愈者不变.

(5) 当 $S'_{i,j} = 4$ 时, 元胞处于死亡状态, 元胞的状态不会再变化, 退出传染病系统, 保持 $S_{i,j}^{t+1} = 4$.

(6) 在每一时间步长, 对所有元胞先进行元胞随机行走, 扫描记录. 分别对元胞每次随机行走的最大步长 Q 以及移动人员比例 m 进行控制变量分析.

根据上述规则, 所有元胞个体在每一时间步的状态会进行同步更新. 元胞 $C_{i,j}$ 在 $t + 1$ 时刻的状态 $S_{i,j}^{t+1}$, 由元胞 $C_{i,j}$ 和其 8 个邻居在 t 时刻的状态所决定. 即以局部规则为基础、每个个体状态的同步更新为前提, 通过局部元胞的相互作用, 以此引起种群整体状态的变化.

3 模拟与结果分析

本文同时考察了个体的异质性和移动性这两个重要因素对传染病传播的影响, 建立了基于元胞自动机的传染病传播模型. 为了进一步验证模型的有效性, 以下结合中华人民共和国卫生部官方网站提供的 2009 年中国爆发的甲型 H1N1 流感的有关统计资料^[13], 对甲型 H1N1 流感传播过程进行数值模拟仿真.

假设网络的尺度 $n = 100$, 甲型 H1N1 流感在 2009 年 5 月爆发后, 到 2010 年 3 月已经基本得到控制, 设仿真的时间步长以天为单位, 则总时间 $T = 365$ d. 资料^[12] 显示: 甲型 H1N1 流感潜伏期

一般为1~7 d,病死率为0.1%~0.9%。本文设定模拟开始的初始状态值为潜伏期 $T_1=6$ d;取病死率的均值0.5%作为病死率($\lambda=0.5\%$);治愈期 $T_2=10$ d;治愈后的病人具有免疫力,至今为止还没有发现再次被感染者,所以设置免疫期 $T_3=365$ d;模拟的初始染病人数应与实际传染病的初始染病人数一致,假设初始潜伏者比例为1.5%;由于部分治愈者出现治愈后遗症或者疫苗副作用,假设有1%的治愈者会变成易感者再次被感染,记 $\eta=0.01$ 。元胞传染力和对疾病的抵抗力均服从(0,1)正态分布。

基于上述参数,利用MATLAB软件进行数值模拟仿真,可以取到任意时刻甲型H1N1流感传播的状态图,对个体的各个时刻状态进行监测,实现对整个疾病传播过程的可视化。图3显示了甲型H1N1流感在不同时刻的种群传播状态。图中深蓝色代表易感者,淡蓝色是潜伏者,绿色是染病者,黄色是免疫者,红色是死亡者(由于受印刷条件限制,图内以深浅色区分)。在传播初期(图3(a)) $t=10$ d时,患病人数为959,出现1名死亡者;到了 $t=30$ d时(图3(b)),患病人数增加为2 808,死亡人数增加到17; $t=300$ d时(图3(c)),到了传播末期,患者被治愈或者死亡,患病人数减少为0,死亡人数增加到47,种群中多数为具有免疫的健康者和部分易感者。

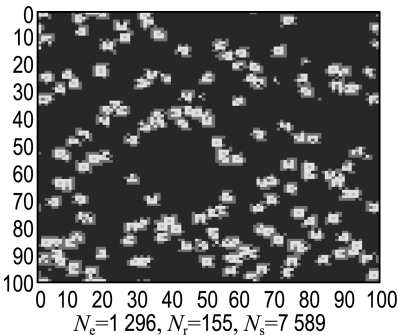
为了进一步验证模型的可行性和有效性,将上述模型中的染病人数和2009-06-16~2009-07-09全国甲型H1N1流感的实际数据^[13]对比,如图4所示。

用EXCEL中的 t -检验得到两组数据的相关系数为0.960 946 427,说明模拟结果与实际公布的数据接近,表明了模型的合理性和有效性。

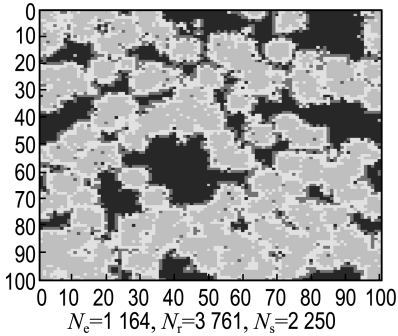
上述规则中取种群移动的最大步长 Q 和种群移动的比例 m 为定值,下面在个体异质性的前提下,对上述模型中的 Q 和 m 分别进行变量调整测试,通过控制变量来具体考察移动性对传染病传播影响的规律。

首先固定种群移动最大步长,考察不同的种群移动比例对传染病传播的影响。图5是种群移动最大步长 Q 分别为20、40、60时,种群移动比

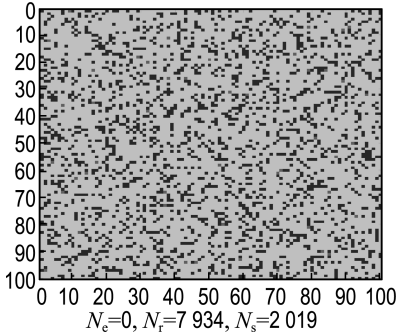
例与患者人数的关系图,此时最大染病人数分别为6 218、6 410、6 570。模拟结果表明:人群活跃



(a) $t=10$ d



(b) $t=30$ d



(c) $t=300$ d

图3 甲型H1N1流感的传播过程状态图
Fig. 3 States of the evolution of influenza A (H1N1)

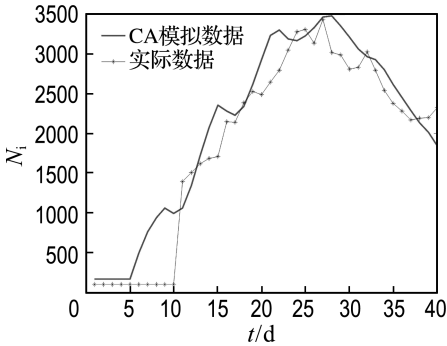
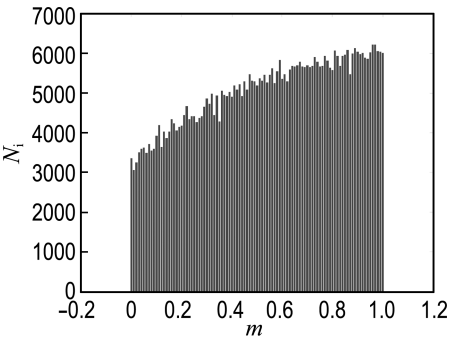
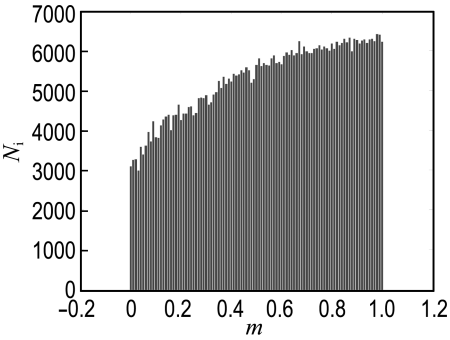


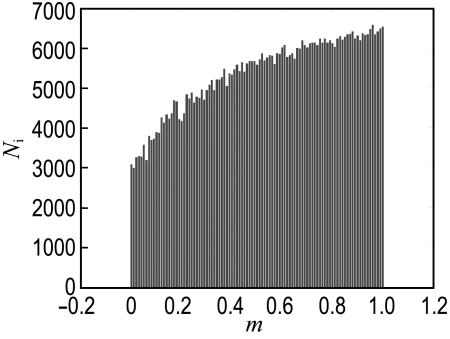
图4 实际数据与模拟数据的比较
Fig. 4 Comparison of CA simulation data and actual data



(a) $Q=20$



(b) $Q=40$



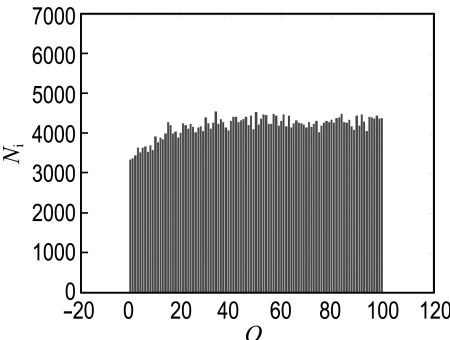
(c) $Q=60$

图 5 不同种群移动比例下的染病人数

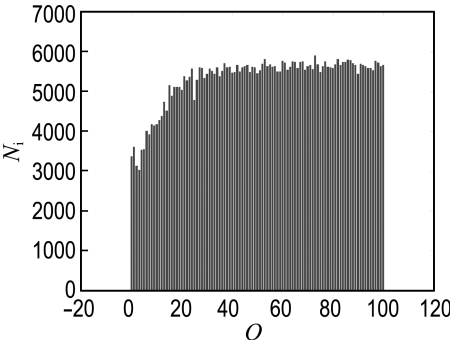
Fig. 5 The number of the infected vs. the percentage of population movement

程度越大,传染病传播越快.但随着种群移动比例的逐步增大,染病人数虽有所增加,但增加的速度在减缓.

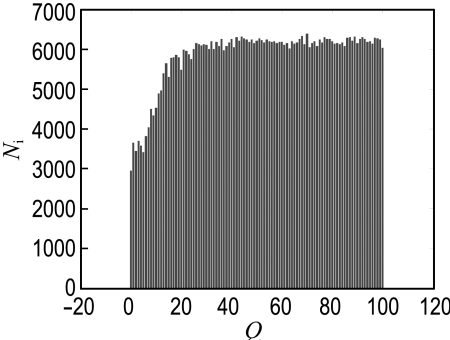
再固定种群移动比例,考察种群移动最大步长对传染病传播的影响.图 6 是种群移动比例 m 分别取 0.3、0.5、0.8 时,种群移动最大步长与染病人数的关系图,此时最大染病人数分别为 4 458、5 908、6 394.模拟结果表明:人群活动范围越大,传染病传播越快.随着种群移动最大步长的增加,染病人数开始增加,当种群移动最大步长达到 20 时,患病人数趋于平衡.



(a) $m=0.3$



(b) $m=0.5$



(c) $m=0.8$

图 6 不同种群移动最大步长下染病人数

Fig. 6 The number of the infected vs. the max-distance of population movement

4 结 语

本文同时考虑了个体的异质性和移动性对传染病传播的影响,建立了基于元胞自动机的移动异质性传染病传播模型.通过对甲型 H1N1 流感的传播过程进行模拟,得到了与实际相吻合的结果.

采用随机行走元胞自动机的思想,在种群移动最大步长的基础上加入了种群移动比例.文中分别选取种群移动最大步长 20、40、60,观察种群

移动比例和染病人数的规律: 当种群移动最大步长固定, 随着种群移动比例的增大, 染病人数呈递增趋势; 又分别选取种群移动比例 0.3、0.5、0.8, 研究了种群移动最大步长和染病人数的关系: 当种群移动比例固定, 随着种群移动最大步长的增加, 染病人数开始增加, 但当种群移动最大步长达到 20 时, 患病人数达到饱和, 不再增加。

相比较, 传染病的传播过程中, 种群移动比例对传染病传播的影响更加显著, 其可以迅速改变传染病的传播速度。而种群移动最大步长对传染病的传播也有影响, 但当其达到一定值时, 传染病感染人数趋于平衡。因此制定传染病的防控措施时, 应尽量控制人群中可移动人群的比例, 来控制疾病的传播速度, 特别要对学校、商业区等人群密集的公共场所的人群移动进行控制。

影响传染病传播的因素有很多, 本文的研究只是从一个侧面给出了一种研究方法, 还有许多工作值得进一步探讨。第一, 初始状态的不同对疾病传播过程模拟的影响。如: 初始患者的设置、传染力和抵抗力的分布规律都会影响到疾病的传播发展。第二, 可以结合特定流行病的传播特征, 通过对局部规则的修改, 更有效地为遏制新型传染病提供理论依据。例如, SARS 出现了超级传播者, 可以通过修改规则, 赋予少数患者较高传染性, 来考察突发性很高的传染病。第三, 传染病的传播不仅受接触密切的邻居的影响, 而且还受随机接触人群的影响, 例如工作中接触的客户、远房亲戚等, 因此可以通过引入扩展摩尔邻居^[14], 使邻居形式更贴近实际。第四, 对疑似病例和确诊病例进行隔离治疗, 也是防止传染病传播的最有效的手段, 因此还可以在隔离的状态下做相应的研究。对于上述诸因素的考察, 在传统传染病的研究方法中, 变量较多和计算的复杂性, 使其很难得到实现。而元胞自动机模型结构清晰, 模拟过程可视, 计算方式简单, 通过对规则的修改和优化就可以实现上述较为复杂的传染病研究, 从而掌握不同传染病的传播规律, 更有效地为政府部门制定传染病的防治措施提供有力的理论支持。元胞自动机已经成为研究流行病学的一个新的研究方法。

参考文献:

- [1] 杨玉华. 传染病模型的研究及应用[J]. 数学的实践与认识, 2007, **37**(14):177-182.
YANG Yu-hua. Studies and applications of propagation model [J]. **Mathematics in Practice and Theory**, 2007, **37**(14):177-182. (in Chinese)
- [2] Chopard B, Droz M. **Cellular Automata Modeling of Physical Systems** [M]. London: Cambridge University Press, 2005.
- [3] Sirakoulis G C, Karafyllidis I, Thanailakis A. A cellular automaton model for the effects of population movement and vaccination on epidemic propagation [J]. **Ecological Modeling**, 2000, **133**(3):209-223.
- [4] Fuentes M A, Kuperman M N. Cellular automata and epidemiological models with spatial dependence [J]. **Physica A: Statistical Mechanics and its Applications**, 1999, **267**(3-4):471-486.
- [5] 贺明峰, 邓成瑞. 基于元胞自动机的 SARS 传播模型[J]. 数学的实践与认识, 2008, **38**(3):41-46.
HE Ming-feng, DENG Cheng-rui. A cellular automata model for SARS spread [J]. **Mathematics in Practice and Theory**, 2008, **38**(3):41-46. (in Chinese)
- [6] 游爱丽, 闫萍. 基于元胞自动机的甲型 H1N1 流感病毒的模型[J]. 新疆大学学报: 自然科学版, 2010, **27**(1):56-59.
YOU Ai-li, YAN Ping. Swine influenza model based on cellular automata [J]. **Journal of Xinjiang University: Natural Science Edition**, 2010, **27**(1):56-59. (in Chinese)
- [7] 潘志方, 杨峰, 沈琴晓. 基于元胞自动机的艾滋病传播模型研究[J]. 生物医学工程学杂志, 2011, **28**(3):479-483.
PAN Zhi-fang, YANG Feng, SHEN Qin-xiao. A model research on AIDS diffusion based on cellular automaton [J]. **Journal of Biomedical Engineering**, 2011, **28**(3):479-483. (in Chinese)
- [8] 高宝俊, 张廷, 宣慧玉, 等. 基于异质元胞自动机的 SARS 传播[J]. 系统工程理论方法应用, 2006, **15**(3):205-209.
GAO Bao-jun, ZHANG Ting, XUAN Hui-yu, et al. A heterogeneous cellular automata model for

- SARS transmission [J]. **Systems Engineering — Theory Methodology Applications**, 2006, **15**(3):205-209. (in Chinese)
- [9] XUAN Hui-yu, XU Li-da, LI Lu. A CA-based epidemic model for HIV/AIDS transmission with heterogeneity [J]. **Annals of Operations Research**, 2009, **168**:81-99. (in Chinese)
- [10] 余 雷, 薛惠锋, 高晓燕, 等. 基于元胞自动机的传染病传播模型研究[J]. 计算机工程与应用, 2007, **43**(2):196-198, 237.
- YU Lei, XUE Hui-feng, GAO Xiao-yan, *et al.* Epidemic spread model based on cellular automata [J]. **Computer Engineering and Applications**, 2007, **43**(2):196-198, 237. (in Chinese)
- [11] 马知恩, 周义仓, 王稳地, 等. 传染病动力学的数学建模与研究[M]. 北京: 科学出版社, 2004:8-20.
- MA Zhi-en, ZHOU Yi-cang, WANG Wen-di, *et al.* **Mathematical Modeling and Research of Infectious Diseases Dynamics** [M]. Beijing: Science Press, 2004:8-20. (in Chinese)
- [12] 段晓东, 王存睿, 刘向东. 元胞自动机理论研究及其仿真应用[M]. 北京: 科学出版社, 2012.
- DUAN Xiao-dong, WANG Cun-rui, LIU Xiang-dong. **Cellular Automata Theory Research and Simulation Applications** [M]. Beijing: Science Press, 2012. (in Chinese)
- [13] 中华人民共和国卫生部. 中华人民共和国卫生部公报(2009 年-2010 年全国法定报告传染病疫情) [EB/OL]. [2013-09-10]. <http://www.moh.gov.cn/publicfiles/business/htmlfiles/mohbgt/pwsbgb/index.htm>.
- The Ministry of Health of People's Republic of China. Bulletin from Ministry of Health of PRC (The national legal report of infectious diseases form the year 2009 to 2010) [EB/OL]. [2013-09-10]. <http://www.moh.gov.cn/publicfiles/business/htmlfiles/mohbgt/pwsbgb/index.htm>. (in Chinese)
- [14] 关 超, 彭 云, 袁文燕. 基于元胞自动机带有干预机制的传染病模型[J]. 北京化工大学学报: 自然科学版, 2011, **38**(6):109-113.
- GUAN Chao, PENG Yun, YUAN Wen-yan. A cellular automaton model with medical intervention for epidemic propagation [J]. **Journal of Beijing University of Chemical Technology: Natural Science**, 2011, **38**(6):109-113. (in Chinese)

CA-based epidemic propagation model with inhomogeneity and mobility

TAN Xin-xin, DAI Qin-wu, SHI Peng-yan, WANG Li-yan, GANG Jia-tai*

(College of Information Engineering, Dalian University, Dalian 116622, China)

Abstract: An epidemic SEIR model with inhomogeneity and mobility is built based on the theory of cellular automata. The inhomogeneity in individuals' behaviors is considered by assigning varying levels of infectivity and susceptibility. The distance of population movement will be limited and the percentage of population movement has been realized, so random walk cellular automata is extended. The proposed model can be served as a basis to simulate real epidemics based on real data. According to the real data about influenza A (H1N1), the numerical simulation is realized. The results of simulation are very close to the practical data announced by the official. It is shown that the model is rational and valid. Further study is conducted on the effect of population movement on epidemic propagation. Compared with the max-distance of population movement, the effect of the percentage of population movement is more sensitive, and it can accelerate the spreading of the epidemic disease.

Key words: cellular automata; inhomogeneity; mobility; influenza A (H1N1); random walk cellular automata