

## 传染病传播数据可视分析综述

陈晓慧<sup>1)</sup>, 徐立<sup>2)</sup>, 葛磊<sup>1)</sup>, 张兵<sup>1)</sup>, 车森<sup>1)</sup>, 刘海砚<sup>1)\*</sup>

<sup>1)</sup> (信息工程大学数据与目标工程学院 郑州 450001)

<sup>2)</sup> (信息工程大学地理空间信息学院 郑州 450001)

(cxh\_vrlab@163.com)

**摘要:** 近年来, 各类恶性传染病频繁暴发, 治理和防控难度越来越大, 对人类健康、经济发展和社会稳定构成严重威胁. 对传染病传播数据进行分析, 有利于快速理解传染病传播过程和发展规律, 为防控提供科学依据. 传染病传播数据是具有时空特性的、蕴含流行病学特性的数据集合体, 具有空间属性特征、时序属性特征和语义属性特征. 文中根据传染病传播数据的特征, 按照基于地图、基于时空立方体、基于时序和基于关系 4 种分类总结了传染病传播数据的可视化方法, 简述了可视分析任务, 即时空分布分析、关联因素分析、趋势预测分析, 以及相对应的可视分析工具. 最后, 总结了对传染病传播数据可视化领域的困难与难点, 并预测了发展趋势, 以期对传染病传播分析提供新的角度.

**关键词:** 传染病传播数据; 信息可视化; 可视分析

**中图法分类号:** TP391.41 **DOI:** 10.3724/SP.J.1089.2020.18490

## A Survey of Infectious Disease Transmission Data Visual Analysis

Chen Xiaohui<sup>1)</sup>, Xu Li<sup>2)</sup>, Ge Lei<sup>1)</sup>, Zhang Bing<sup>1)</sup>, Che Sen<sup>1)</sup>, and Liu Haiyan<sup>1)\*</sup>

<sup>1)</sup> (Institute of Data and Target Engineering, Information Engineering University, Zhengzhou 450001)

<sup>2)</sup> (Institute of Geospatial Information, Information Engineering University, Zhengzhou 450001)

**Abstract:** Infectious disease transmission data is a data set composed of multiple data types, with spatial attribute characteristics, time series attribute characteristics and semantic attribute characteristics. Recently, the visualization of infectious disease transmission data has been widely introduced for spatio-temporal distribution characteristics analyzing, related factors analyzing and propagation trends prediction. This paper introduces the characteristics of infectious disease transmission data, and summarizes the related work from two aspects, namely, visualization methods and visual analysis of infectious disease transmission data. For the first issue, four categories are classified: map-based, space time cube-based, time series-based and relationship-based. For the second issue, three visual analysis tasks are summarized: spatio-temporal distribution analysis, correlation factor analysis, trend monitoring and prediction. Then, the existing visual analysis tools are introduced from the perspective of these visual analysis tasks. Finally, the challenges and development trends of infectious disease data visualization are summarized and prospected.

**Key words:** infectious disease transmission data; information visualization; visual analysis

收稿日期: 2020-07-13; 修回日期: 2020-07-31. 基金项目: 国家自然科学基金(41801313, 41901397). 陈晓慧(1983—), 女, 博士, 副教授, 主要研究方向为时空数据可视化与可视分析; 徐立(1985—), 男, 博士, 讲师, 主要研究方向为地理空间信息智能处理与应用; 葛磊(1982—), 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为数据可视化; 张兵(1995—), 女, 硕士, 助教, 主要研究方向为信息可视化; 车森(1979—), 男, 博士, 副教授, 主要研究方向为时空数据挖掘等; 刘海砚(1971—), 男, 博士, 教授, 论文通讯作者, 主要研究方向为时空数据挖掘.

虽然社会经济和医疗水平在不断地提高,但传染病对人类的威胁并没有降低.近年来,在全世界范围内各类恶性传染病频繁暴发,治理和防控难度越来越大,对人类健康、经济发展和社会稳定构成严重威胁.

2019年12月暴发的新型冠状病毒肺炎(corona virus disease 2019, COVID-19),传染性强、影响范围广泛,引起了全世界的关注;截至2020年7月7日,全世界已有超过450万人被确诊感染,是公共卫生领域的重大事件.历史上,对重大事件数据进行可视化及可视分析,可以达到直观表达、交流思想和增强说服力的效果,有助于深层次地挖掘事件中隐藏的规律和趋势.将可视化方法应用于传染病传播数据,有助于对传染病的时空分布特征分析、流行病学特征关联分析和传播监控与预测.

如今可视化技术广泛应用于传染病及公共卫生健康领域,大量工作围绕以可视化为核心的传染病时空模式分析、多维度关联分析和监测预警展开.传染病传播数据可视化的研究,最早始于

1854年,英国公共健康专家 John Snow 通过在地图上标记霍乱患者的位置,进而分析出了霍乱疫情的源头和传播方式,有效地阻断了疫情传播途径,是最著名的传染病传播数据可视化应用案例.传染病传播数据可视化作为数据分析的一种方法,有利于快速理解传染病基本特征、传播过程和发展规律,可以为医护人员和疾病防控人员提供科学支撑,辅助传染病调查研究.

目前,以“传染病”为关键词在 CNKI 数据库进行检索,收录的中文、英文文献始于1717年,可见有关传染病的研究开展较早;如图1所示,从18世纪到20世纪的200年间,传染病相关的研究文献数量和增长率都较低;从1980年到1990年,年发文量在300篇以上,相关文献的被引量逐年增加,是传染病相关研究的慢速发展期;1990年至今的30年间,相关文献的数量迅速增加,2019年,年最高发文量达到4000篇以上,是传染病相关研究的快速暴发期.这表明传染病作为人类健康的一个分支,越来越受到研究人员的关注.

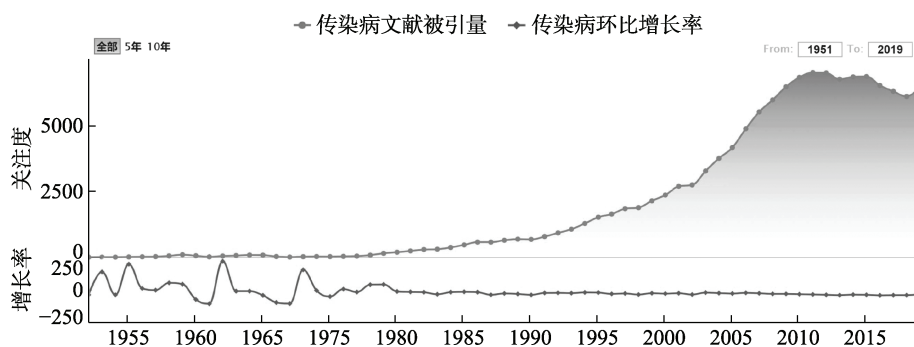


图1 传染病相关文献被引量增长趋势图

为了分析传染病传播数据可视化研究情况,本文搜集了近20年传染病学、地理信息系统和可视化领域的主要会议和期刊,综合考虑数据的时空特征和多维属性特征,对传染病传播过程从建模方法、可视化方法和可视任务3个方面进行归纳.根据表达形式将数据的可视化方法分为4类:基于地图的可视化方法、基于时空立体的可视化方法、基于时序的可视化方法和基于关系的可视化方法;从可视分析任务角度将传染病传播数据的可视分析分为3类:时空分布分析、关联因素分析和趋势预测分析.本文按照上述分类思路进行归纳、分析,并对传染病传播数据可视化的下一步发展方向进行展望.

## 1 数据与分析需求

### 1.1 数据

传染病传播数据是具有时空特性的、蕴含流行

病学特性的数据集个体,涉及的数据种类较多,常见的有传染病统计数据、流行病学调查研究数据、患者手机定位数据和患者治疗记录数据等<sup>[1]</sup>.其中,流行病学调查研究是对患者进行医疗观察,进而获得患者的基本情况、活动记录、社会关系和疾病传播路径等其他类型的数据.传染病传播数据主要包括空间属性、时序属性和语义属性3个特征,不同的数据集侧重的属性特征不同.表1所示为对传染病传播数据属性特征的总结.

(1) 空间属性特征.传染病的发生地是传染病传播数据的重要属性,常见的描述方式是地名数据和兴趣点数据.地名数据包含地点名称和坐标数据;可以根据地点名称,在地名数据库和兴趣点数据库中将地名映射到精确的地理坐标.地名数据库存储了各粒度、各区域的地名信息;兴趣点数据库包含了地点名称、类型、坐标的信息,记录对象

是与生活、工作、教育、娱乐等相关的建筑设施. 通过对 2 种数据对传染病的发生地点进行演算, 可以实现精确地理定位.

表 1 传染病传播数据

| 数据类型   | 数据集                                                                                           | 空间<br>属性 | 时序<br>属性 | 语义<br>属性 |
|--------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|----------|----------|----------|
| 传染病统计  | Hepatitis C data <sup>[2]</sup> , Black Death data <sup>[3]</sup> , Virus data <sup>[4]</sup> | ✓        | ✓        |          |
| 流行病学调查 | IDs data <sup>[5]</sup> , Infection data <sup>[6-11]</sup> , COVID-19 data <sup>[12]</sup>    | ✓        | ✓        | ✓        |
| 患者手机定位 | Mobile phone data <sup>[13-14]</sup>                                                          | ✓        | ✓        |          |
| 患者治疗记录 | Electronic health data <sup>[15]</sup>                                                        |          | ✓        | ✓        |

(2) 时序属性特征. 时间是传染病传播数据的一个非常重要的维度和属性. 时序属性是指有序型的时间属性, 主要包括有明显时间顺序和隐含时间顺序 2 类, 后者隐含的时间顺序可以映射为时间轴进行处理. 在时间轴上将病例经过的地点进行有序串联, 就可以生成传染病的时序数据.

(3) 语义属性特征. 传染病传播大部分为直接或间接的接触传播, 其传播原因包含详细的语义信息, 如患者社会关系数据和患病原因, 前者为社会关系信息, 包含了病例的潜在社会关系; 后者为传染关系信息, 虽然部分病例没有明确描述, 但是可以根据多个病例进行语义关联分析.

## 1.2 数据分析需求

随着传染病传播数据研究的不断深入, 产生了多种传染病传播可视化任务以及策略<sup>[16-17]</sup>, 本文将传染病传播数据分析任务分为 3 类.

T1 模式识别与分析. 传染病传播数据可视化的基本任务就是发现传染病的时空分布模式. 这些模式反映了传染病的时空传播特征及演变规律. 对时空分布特征进行探索分析, 可以辅助分析传染病的空间分布模式以及周期特征, 进而分析不同区域疫情的传播时期、暴发时期和消退时期等周期性变化特征.

T2 关联因素分析. 传染病传播分析中, 关联地探索和分析传染病的多个维度特征, 对传染病精准治疗和传播路径分析非常重要. 查找和分析生活方式因素、环境因素、健康风险和传染病之间的关联, 有助于发现传染病的关联特征和传播关系; 而通过多视图协同可视化和网络关系数据可视化, 可以辅助分析人员直观地展示病例间的关联关系.

T3 传播趋势预测分析. 对传染病传播趋势进行监控并进行预测是非常重要的分析任务. 在传

染病监控基础上, 研究人员对传染病传播数据进行分析与挖掘. 对传染病相关数据进行全方位整理、融合与可视化, 结合传染病传播过程模型, 分析传染病发展趋势, 快速将结果传达给相关研究机构或专家, 并用于预测传染病的发展趋势, 及时制定相应对策, 可以达到有效防控的目的.

## 2 传染病传播过程建模研究

对传染病传播过程进行建模, 可以对可视化提供数据模型支持. 已有的传染病传播规律研究主要包括利用数学传播模型和仿真传播模型进行的研究. 其中, 数学传播模型的经典模型是一种常微分方程组<sup>[18]</sup>以及在此基础上增加了随机性的随机模型<sup>[19]</sup>; 文献[20]提出将人群分为潜在感染人群(susceptible)、感染人群(infected)和康复人群(removed), 即 SIR 模型, 用于研究英国伦敦发生的黑死病传播规律, 为后续传染病动力学研究开辟了新的理论和应用框架. 基于 SIR 模型衍生出了 SIS, SIRS 和 SEIR 等多种传播模型, 其中 SEIR 模型是目前使用最多的传染病传播过程仿真模型.

在此基础上, 很多学者针对特定传染病的传播规律进行了研究<sup>[21-22]</sup>; 由于数学传播模型是一种理想化的模型, 与实际存在一定差距, 为克服数学传播模型的不足, 有些学者通过建立仿真传播模型对传染病传播规律进行研究<sup>[23-25]</sup>. Agent 模型的原型是 Hewitt 等<sup>[26]</sup>于 1973 年提出的, 具有“自包含、交互和并发执行”的特点. 基于 Agent 的传染病传播建模方法分为基于复杂网络和基于空间的建模方法. 这 2 种建模方法单独使用都具有一定局限性, 因此, 结合了 2 种建模方法的复杂网络 Agent 传播模型<sup>[27-28]</sup>, 能够支持微观个体层和宏观群体层的模型描述. 传染病动力学方程假设事物的空间分布是均质的, 但事实上人口分布并不是均质的, 这必然对传染病的传播规律产生影响<sup>[29]</sup>. 目前国内基于 Agent 方法的传染病模型研究均侧重于研究参数设置对模型的影响<sup>[30-31]</sup>, 而对传染病的空间传播过程研究较少, 需要与可视化结合描述传播过程.

对于传染病传播过程的建模, 数学和仿真传播模型主要是研究传染病例者数量随时间变化的关系, 侧重统计分析, 并未考虑时空因素. 为了解决这个问题, 很多地理信息科学的学者对模型进行改进, 以从时间和空间的角度对传染病的传播趋势展开研究<sup>[13,32]</sup>, 将时空因素纳入到模型中.

### 3 传染病传播数据可视化呈现

近年来,可视化研究人员提出了很多可以用于传染病传播数据的可视化方法.根据其表现形式,可以分为基于地图、基于时空立方体、基于时序及基于关系的可视化方法,本节依次总结以上各类方法.

#### 3.1 基于地图的可视化方法

地图作为呈现数据的空间分布特征的典型可视化方法,通常被用于表达传染病的空间分布、空间传播路径以及传播媒介的空间移动模式等.地理空间位置数据具有多样性和多粒度的特征,既有通过记录病例点坐标形成的离散数据,还有通过统计病例所在地区形成的区域数据.因此,针对具有地理空间特征的数据进行的可视化方法可分为 3 大类:分布点地图、聚类点地图和分区统计图.

分布点地图被称为 Dot maps,是指在地图的相应位置放置点标记以及通过改变标记视觉变量形成的地图,其适用于数据量稀疏的点数据可视化.如图 2 所示,分布点地图上的点标记代表传染病病例发生地的地理位置<sup>[33]</sup>.然而在有限屏幕资源下,传统的点地图所能展示的信息极其有限.由于疫情的空间分布通常不均匀,数据密集会引起视觉混淆.因此,为了更加清晰地表达空间分布特征,通过对一定区域内的病例数据进行聚类,将统计后的感染数或指数映射为点标记的尺寸变量,以改进 Dot map 的显示效果.点标记的位置为聚类后的区域中心位置,点标记的尺寸为感染指数,这种可视化方法被称为聚类点地图. PEACOCK<sup>[34]</sup>在地图上以聚类点标记的尺寸变量映射感染人数和感染指数,将风险分为正常、警告和危险 3 个等级,并用不同颜色的点标记在地图上进行表达.如图 3 所示,HealthMap<sup>[11]</sup>以点标记的尺寸表示世界各国流行病患者人数,采用聚类点地图法展示了各国疫情的实时动态,影响力非常广泛.

以上基于地图的可视化是针对单一传染病属性的空间分布特征进行可视化,但不适用于同一地理区域的传染病多个属性的对比表达.文献[35]为表达同一地区的传染病病例的确诊、治愈和死亡等分布情况,采用分区统计图表达了单一类型传染病统计信息和分布特征.在 Dot maps 基础上,文献[36]以三维柱状图替代点标记二维符号,如图 4 所示,进一步表现了某区域新冠肺炎传染病病例中确诊和治愈量化对比.

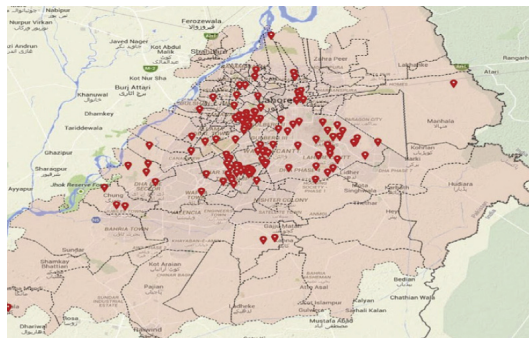


图 2 分布点地图<sup>[33]</sup>

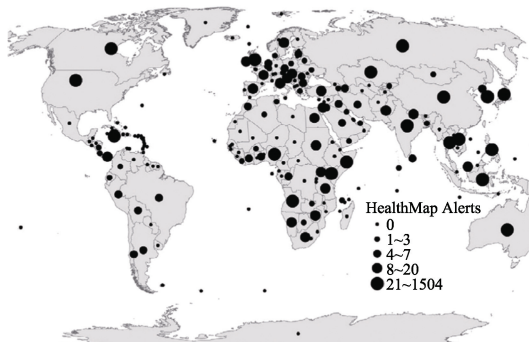


图 3 聚类点地图<sup>[11]</sup>

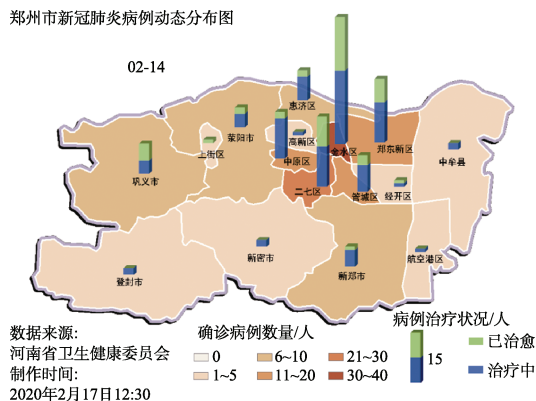


图 4 分区统计图<sup>[36]</sup>

点地图法一般用于传染病病患离散化表达,但不利于表达传染病区域空间分布连续性特征. ID-Viewer<sup>[5]</sup>利用热图(Heatmap)替代点地图法表达传染病患者的空间分布特征.如图 5 所示,通过对点坐标的聚类计算,区分高密度区域与低密度区域,进而对不同密度区域赋予不同的颜色,形成最终的 Heatmap,得到传染病空间分布的稠密区域.

针对以行政区域(国家/省/市等)为单元的传染病区域统计数据,研究者通常使用区域分布图表表达该区域的感染数据.如图 6 所示,区域分布图是指将研究区域划分为若干小区域,将各小区域统计数值分级,并用不同饱和度的颜色或不同密度的纹理填充各小区域,以反映各个小区域的指标

差别<sup>[37]</sup>. 区域分布图被广泛应用于表达全球范围内国家间、各省市之间感染数据的对比.

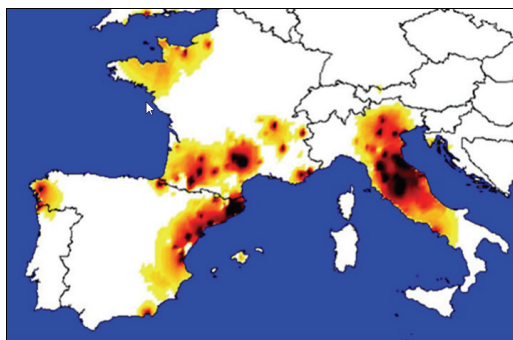


图 5 登革热空间分布热力图<sup>[5]</sup>

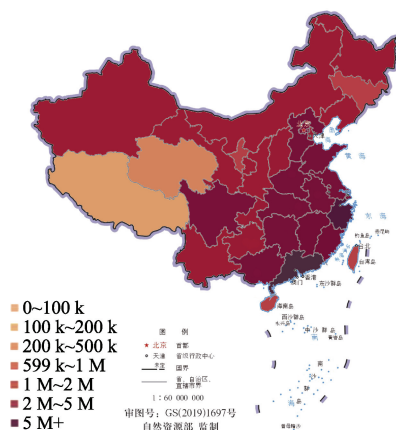


图 6 传染病区域分布图<sup>[37]</sup>

### 3.2 基于时空立方体的可视化方法

以上基于地图的可视化方法, 大多数是体现了在某一时刻或某一时期传染病相关属性数据的表达. 然而, 对于传染病时空传播规律分析, 通常需要整体考虑传染病数据的时间和空间特征. 与基于地图的可视化方法相比, 时空立方体更强调时间和空间的整体性, 旨在对时空特征进行概览性的可视化描述, 因此, 时空立方体被用于表达传染病数据的时空特征.

20 世纪 60 年代末, Hawthorn<sup>[38]</sup>提出了一种时空立方体模型来研究个体的日常活动. 根据时间地理学的观点, 时空立方体是一种可以同时表达时间特征和空间特征的表达方法. 如图 7 所示, 其基本思想是将时空路径放置在三维空间中, 其中水平  $X$  轴和  $Y$  轴代表地理空间维度, 垂直  $Z$  轴代表时间维度. 每个个体在时间和空间中留下的路径称为时空路径.

最初的时空立方体仅用来显示移动的人或物体, 随后, 为了将该方法应用于传染病传播过程随时间的变化, 需要承载传染病传播数据的其他属性变量, 研究人员对时空立方体进行了改进. 例

如, 文献[3]对时空立方体进行改进, 用于欧洲黑死病流行的可视化表达, 其中数据包括传染病患者位置数据、开始与结束的时间数据和死亡人数数据, 利用三维的点标记位置表达传染病的发生地. 如图 8 所示, 点标记的高度信息表达出现在该特定位置的传染病的开始日期和结束日期之间, 点标记的深度信息表达死亡人数的变化. 在时空立方体的基础上, 将“黑死病”的开始日期作为属性, 并根据此开始日期对图形进行排序, 排序结果可用于创建“时空路径”; 但是这仅仅是开始时间的排序, 并不是黑死病的时间扩散路径, 不能代表在欧洲黑死病的真正传播. 采用类似的方法可以将图中点标记的属性替换为死亡人数, 并生成一条从最低死亡人数到最高死亡人数的路径; 然而这样的路径可能并没有真正的意义, 容易导致认知混淆. 传染病的传播与地理要素有密切的关联关系, 因此, 文献[39]用三维地形图替代二维地图, 如图 9 所示, 以便直观地研究地理环境中的地形要素对疾病传播产生的影响.

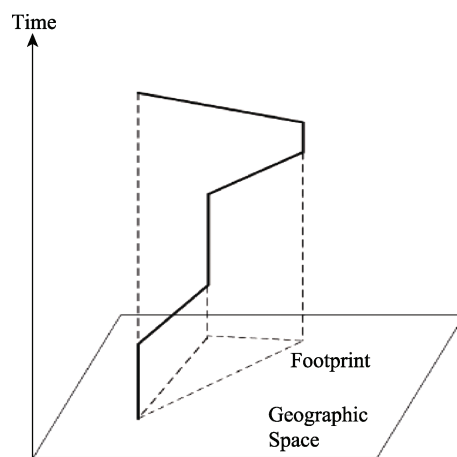


图 7 时空立方体<sup>[38]</sup>

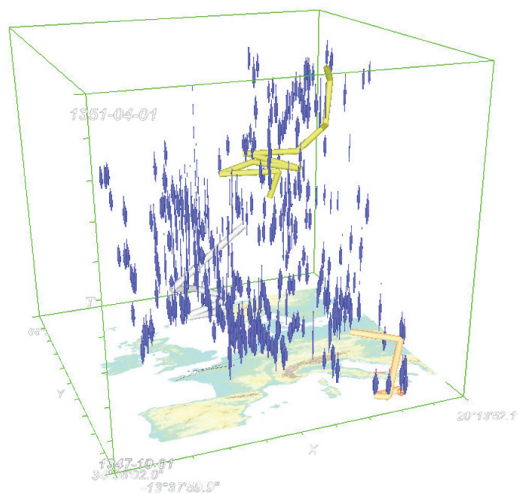
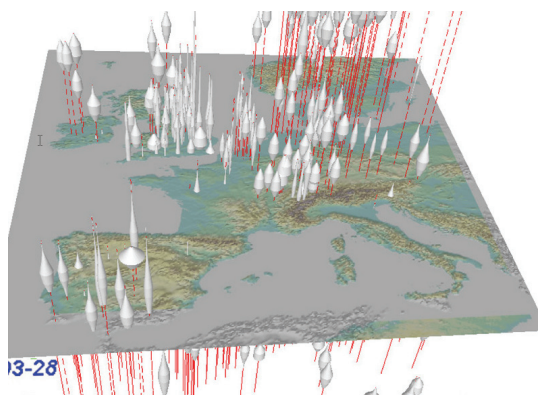


图 8 黑死病传播时空立方体<sup>[3]</sup>

图 9 基于三维底图的时空立方体<sup>[39]</sup>

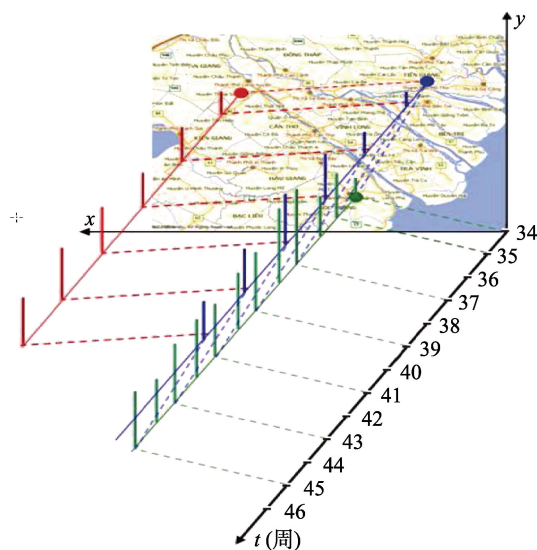
为了在时空立方体中表达更多维度的传染病属性数据, MDC<sup>[40]</sup>提出多维立方体的概念. 多维立方体由二维笛卡儿坐标系与三维坐标系的时空立方体组合而成, 通过构建多维立方体实现了登革热包括时间、疫区位置、感染规模(一个时间单元内的感染人数)在内的疫情数据可视化. 通过共享时间轴, 在时空立方体上表示时空数据, 在笛卡儿坐标系上表示属性, 从而展现疫情在各区域随时间变化的情况. 如图 10 所示, 将某一区域的患者人数、温度、湿度的时序图集成到一个二维平面的综合时序图中, 3 个图共享时间轴, 并以颜色作为视觉变量区分不同的图, 然后将各区域的综合时序图与相应位置的时空立方体进行组合, 构成多维立方体. 以上方法是对某区域时间段的传染病特征进行了可视化, 但不适用于表达某区域某一个时间周期内、每个时间单元(天/周)传染病感染情况的对比. 因此, 在上述方法基础上, EpiCurves<sup>[6]</sup>融合时空立方体的概念, 以三维点标代表周期内时间单元, 红色表示周期内的最大值, 线表示时空路径, 这种对时空立方体的创新有助于理解传染病感染最大值如何随时间和空间演化.

### 3.3 基于时序的可视化方法

利用时间序列图可以表达传染病的时间趋势和季节性周期模式. 设计合理的时序图必须包含足够长的时间范围和合理的时间单元(日/周/月/年).

针对时间维度的设置和时序可视化方法, 用户难以进行合理的选择. 因此, 文献[41]提出了一种针对多元时序数据可视化的理论分析方法, 根据数据属性、用户任务和可视化环境, 探讨一种可被普遍接受的解决时序的可视化方法. 其从时间角度讨论了时序数据和时序用户任务, 提出一种用户任务框架, 可以有效地将问题与时序数据联

系起来, 并将复杂的问题进行分解并划分为不同的级别, 进而辅助用户进行可视化方法的选取.

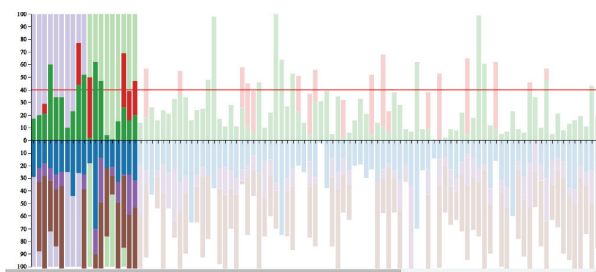
图 10 多维立方体<sup>[40]</sup>

传染病传播数据的时序可视化的核心在于时间轴的设计, 包括基于日历的时间轴、基于线性的时间轴和螺旋性时间轴. 基于日历的可视化方法可以用来表达每日传染病变化频率, 如图 11 所示, 新冠肺炎晴雨表<sup>①</sup>对日历图进行改进, 横轴表示时间横轴, 纵轴表示各国新冠肺炎每日新增或减少的确诊人数; 红色表示确诊人数环比增加, 绿色表示确诊人数环比减少, 方块尺寸表示增减的具体数值, 同时将数值标注在方块下方. 与传统的日历图相比, 晴雨表可以更直观地表示疫情数据变化情况以及各国之间的疫情数据对比. TimeSpan<sup>[2]</sup>通过设置线性时间轴, 使用堆叠条形图对肺炎患者的多维属性随时间变化进行表达, 如图 12 所示, 为分析医疗事件对患者的影响, 从而帮助团队改进或改变治疗过程, 优化治疗时间, 以提高对患者治疗的效率. IDMVIs<sup>[15]</sup>设计了针对疾病治疗事件的时间序列图, 用以准确地反映临床医生的工作流程. 通过使用 IDMVIs, 临床医生能根据记录够识别患者的治疗效果. 为了表达传染病在较长一段时间内的周期性特征, EpiCurves<sup>[6]</sup>设计了三维螺旋图法, 采用螺旋性时间轴表达传染病的时间周期性, 以螺旋线的角度和高度表达每个周期的时间单元(天/周)和周期个数, 使用颜色变量对传染病种类数据进行编码. 然而, 由于三维图标在某个角度会造成视觉遮挡和视觉变形, 将数据值映射

① <http://vis.pku.edu.cn/ncov/barometer/world.html>



图 11 新冠肺炎疫情晴雨表

图 12 TimeSpan<sup>[2]</sup>

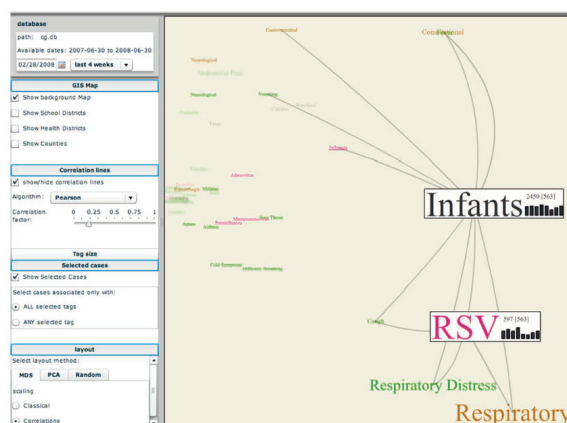
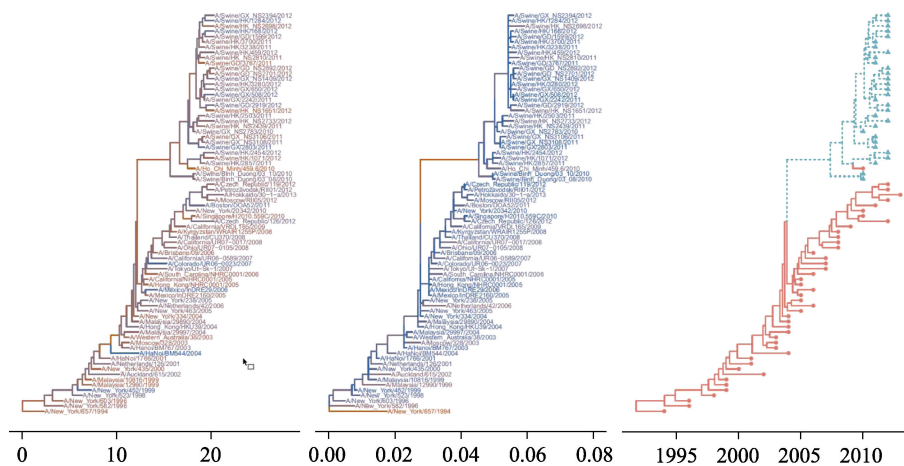
到任意几何参数(如宽度, 高度, 角度等)都可能会造成误解和产生错误的结论.

### 3.4 基于关系的可视化方法

利用关系可视化方法可以对传染病多维属性的关联关系和传染病个体的传播关系进行表达, 其包括节点连接图<sup>[42-43]</sup>、树图<sup>[44]</sup>和邻接矩阵图<sup>[45-46]</sup>等.

EpiCanvas<sup>[7]</sup>通过节点连接图进行设计, 与关键词标签云结合, 将与传染病相关的综合信息关联起来, 完成关于传染病信息流的集成显示, 实现关于传染病的知识关联图, 为传染病知识图谱可

视化奠定了概念基础. 如图 13 所示, 以标签云作为节点代表病原体(“RSV”, “隐孢子虫”), 综合征(“胃肠道”), 年龄组(“婴儿”, “青少年”)和特定位置(“盐湖城”)等关键词, 利用力引导图对具有关联关系的关键词节点进行布局, 为分析传染病语义关联特征提供可视化基础. GGTREE<sup>[4]</sup>在传统树图的基础上, 通过对 GGPlot2 进行扩展, 允许创建单独的几何层, 并且可以自由组合、删除和重新排列, 以支持多种树操作和可视化方式. 如图 14 所示, 使用二维树对 H3 流感病毒的谱系进行可视化, 通过添加多层注释, 可以实现复杂的树表示, 为研究病毒谱系演变过程提供可视化支持.

图 13 传染病概念关联关系图<sup>[7]</sup>图 14 H3 流感病毒谱系图<sup>[4]</sup>

五线谱图<sup>①</sup>以水平树图为基础, 实现新冠肺炎病例传播关系可视化. 如图 15 所示<sup>①</sup>, 将父节点以水平轴按照时序关系进行布局, 子节点区为分家庭成员和非家庭成员, 在此基础上, 对亲友传播关系进行评估. 金思辰等<sup>[37]</sup>利用邻接矩阵图交互表达中国各省传染病发病数的空间分布特征, 横轴

为传染病类型, 纵轴为各省市, 颜色映射传染病感染数. 通过热力图的交互可视化, 可以发现不同的地区的传染病发病规律, 如图 16 所示, 利用邻接矩阵图可以发现空间上较为接近的省份, 以及传染病的发病类型具有相似性.

另外, 还可以用其他可视化方法分析传染病

① <https://mp.weixin.qq.com/s/h9QKQW6J8PD9UYexXYVAzw>

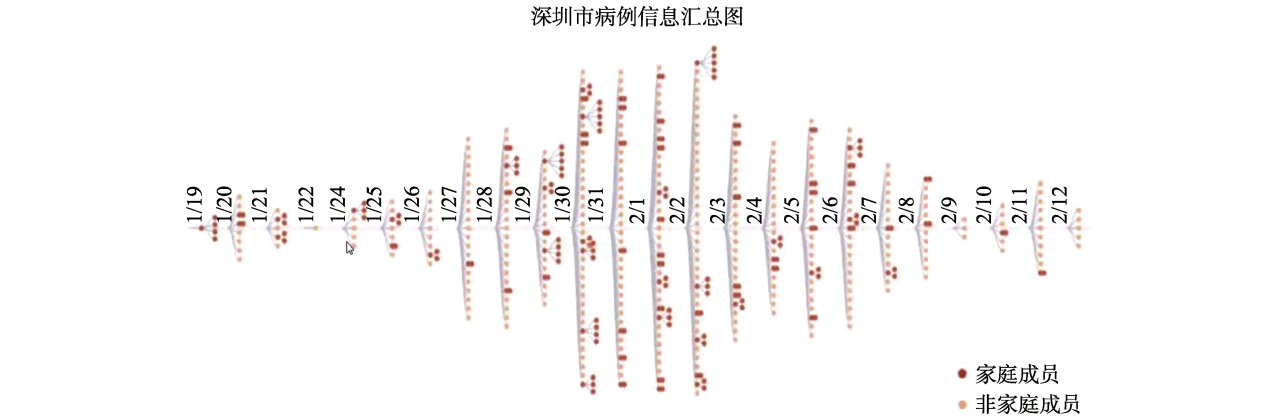


图 15 深圳市病例关系谱系图

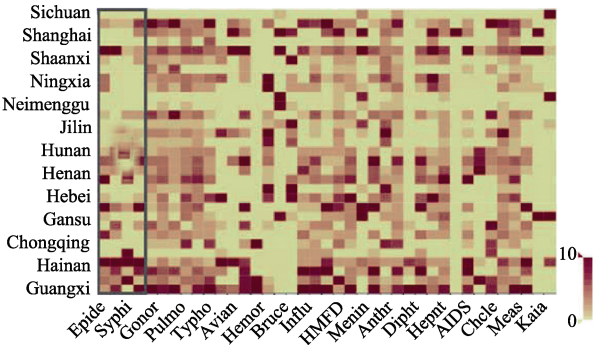


图 16 中国各省传染病热力图<sup>[37]</sup>

的传播情况,如对于传染病流行病学属性信息,利用统计图如饼图、散点图及折线图图等简单统计图进

行可视化的情况也较为普遍.表2对以上传染病传播数据的可视化方法进行了分类,对代表工具、数据集和数据属性特征进行了归纳;针对分析任务,分别以 0(不相关)、1(弱相关)、2(较强相关)、3(强相关),表示可视化方法与分析任务的对应程度<sup>[47-49]</sup>.

4 传染病传播可视分析任务

近年来,传染病可视化方法的研究焦点在于可视分析工具的开发与应用,它们能够完成的分析任务主要包括传染病时空分布分析(T1)、属性关联因素分析(T2)以及趋势预测分析(T3).

表 2 传染病传播数据可视化方法分类

| 可视化方法   | 代表性工具                    | 数据集                    | 数据属性 |    |    | 分析任务 |    |    |
|---------|--------------------------|------------------------|------|----|----|------|----|----|
|         |                          |                        | 地理   | 时间 | 多维 | T1   | T2 | T3 |
| 基于地图    | Kwan <sup>[3]</sup>      | Black Death data       | ✓    | ✓  | ✓  |      |    |    |
|         | ID-Viewer <sup>[5]</sup> | IDs data               | ✓    |    |    | 3    | 1  | 2  |
|         | PEACOCK <sup>[34]</sup>  | Hepatitis C data       | ✓    |    |    |      |    |    |
| 基于时空立方体 | EpiCurves <sup>[6]</sup> | Infection data         |      |    | ✓  | 3    | 0  | 1  |
|         | MDC <sup>[40]</sup>      | Dengue Fever data      |      | ✓  | ✓  |      |    |    |
| 基于时序    | TimeSpan <sup>[2]</sup>  | Electronic health data |      | ✓  | ✓  | 2    | 0  | 2  |
|         | IDMVis <sup>[15]</sup>   | Electronic health data |      | ✓  | ✓  |      |    |    |
| 基于关系    | GGTREE <sup>[4]</sup>    | Virus data             |      |    | ✓  | 0    | 3  | 1  |
|         | EpiCanvas <sup>[7]</sup> | Infection data         |      |    | ✓  |      |    |    |

4.1 时空分布可视分析

传染病时空分布特征分析一般是利用 GIS 平台的空间分析技术和统计模型,对传染病空间分布的变化规律进行分析和挖掘,进而服务于传染病的防控工作.

(1) 静态的空间分布特征分析.在传染病空间分布分析的研究中,主要使用的分析方法包括方向分布分析<sup>[50]</sup>、空间自相关分析<sup>[51]</sup>、趋势分析<sup>[52]</sup>

和空间回归分析<sup>[53]</sup>等.其中,方向分布分析主要是利用标准差椭圆映射传染病的分布中心、离散程度和传播方向,该方法是对某一区域的分布情况进行整体测量,长半轴和短半轴分别对应分布最多和最少的空间方向,椭圆的面积对应分布的离散程度.空间自相关分析能揭示传染病例之间在空间上是否存在关联性以及关联的程度,是传染病空间分布特征分析中常用方法,分为局部和全

局 2 种方法. 前者侧重于每个分区域的聚集特征, 包括应用聚类、异常值分析和热点分析方法等; 后者侧重于分析宏观的、整体区域的空间分布特征, 主要包括全局 Moran's 指数、高低聚类方法等. 趋势分析将病例投影在相互垂直的 2 个平面上, 形成散点图, 然后采用多项式方法将散点拟合成曲线, 以反映疾病在不同方向上的变化趋势. 空间回归分析以传统的回归方法为基础, 在顾及空间自相关性的前提下, 将病例数据与空间位置结合起来, 用来评估传染病影响因素之间的因果关系. 此外, 大多数现有研究结果仅使用一种时空分析方法进行论证和分析. 实际上, 不同的方法在分析角度和时空特征上都不同. 因此, 将多种模型方法综合地应用于传染病研究中, 将有助于更加全面、深入地分析传染病的时空传播规律.

除了以上传染病空间分析模型的研究, 通过可视化进行传染病空间分布特征分析可以追溯到 John Snow 所绘制的伦敦霍乱地图(Ghosts map). 通过在地图表达各区域霍乱患者统计图及该地区的水泵, 分析了霍乱的根源与水质关联关系, 并关闭了布罗德街(Broad Street)的水泵, 使得疫情得以控制, 这是较早的传染病空间分布分析研究, 也是第 1 个利用地图的空间分析应用. 许多研究人员通过伦敦霍乱传染病案例对空间分布特征分析方法进行验证性研究, 文献[54]通过对不同街区进行合并, 分析不同基本地理单位的选择如何影响传染病空间分布分析的结果.

(2) 动态的空间分布特征分析. 时间序列方法通常用于发现传染病随时间的动态变化规律, 但没有考虑空间因素的影响. 流行病学调查(简称流调数据)以文字形式详细记录传染病个体的个人情况、活动轨迹和活动区域. 与前者相比, 流调法充分考虑了空间因素的影响, 但该方法所得出的结论全部基于文本分析, 缺少对结果的可视化表达, 不利于进一步分析和挖掘传染病传播的时空规律.

随着信息技术的发展, 已有许多 GIS 工具用于分析各种传染病的空间分布特征. 当前, 大多数 GIS 都是为空间数据的分析和表达而设计的, 缺乏对时间属性动态变化的支持. 为了解决该问题, 研究人员应用多视图协同可视分析的方法, 对基于 GIS 的工具进行改进和优化. 例如, SmartGIS<sup>[55]</sup>实现了 SARS 暴发期间时空演变可视化, 以帮助公众监视和了解病毒暴发情况. SmartGIS 对空间数据进行了扩充, 能够在给定的时间范围内提供空间数据的动态视图, 通过刷涂、聚焦和视点操纵等交

互操作, 实现分层设色图、鱼眼视图动态交互, 以增强基于 GIS 的时空决策过程的分析能力. 通过分层操作, 使用户可以在多个空间尺度查看 SARS 数据, 这有助于持续可视化和监视 SARS 暴发状态. STIS<sup>[56]</sup>设计了地图、死亡率统计图和事件列表等视图, 以时间作为交互控件, 对统计数据与时空数据进行交互和分析. 其针对美国因前列腺癌事件的空间分布模式进行分析, 重点研究不同种族死亡率的地理空间分布和随时间变化趋势, 将时间信息整合到空间数据结构中, 可以处理空间 GIS 系统无法实现的流行病学查询. ESTAT<sup>[8]</sup>设计了一个用于支持流行病学工作的地理可视化框架, 它是对探索性时空分析工具箱的迭代, 其以用户为中心, 采用多视图协同的方法, 利用散点图、双变量分析图、平行坐标图以及时间序列图对多维度时空癌症数据进行可视分析.

## 4.2 关联因素可视分析

传染病具有很强的传染性, 其传播过程和路径非常复杂, 与所在地区的地理环境、经济环境和人群活动有密切关系. 因此, 研究人员设计并实现了很多用于传染病传播关联因素分析的工具. 针对传染病的多维度流行病学特征, MP Graphs<sup>[57]</sup>综合利用金字塔图、柱图、相邻矩阵图 3 种不同视图, 分析传染病发布频率与性别、年龄的关联关系. VisualDecisionLinc<sup>[58]</sup>针对 HER 系统的数据难以被快速综合和理解, 使用患者数据驱动的方法来定义比较患者人群, 将患者的医疗状况用作“种子”数据, 以关联分析具有类似医疗状况的可比较患者.

通过研究传染病传播规律和路径能够有效地控制传染病. 针对传染病传播路径分析, Voro-Graph<sup>[9]</sup>利用本地通勤以及国内、国际长途飞行数据, 采用基于中心多边形镶嵌的元布局方式, 根据边的权值进行力引导定向布局, 利用元节点的受感染的总人数为权重, 成比例缩放链接边长, 在展示本地关系的同时, 显示远程聚合关系, 分析传染病的本地及远程传播模式. 文献[59]设计了基于最大模块化聚类的网络关系图, 交互式地探索 HIV 在接触网络中的传播的关系. 文献[60]通过构建复杂网络计算, 利用病例活动异质网络寻找影响流感传播过程的核心节点.

## 4.3 趋势预测可视分析

对传染病进行趋势预测是传染病传播可视分析任务之一. 目前, 随着研究的不断深入, 研究人员构建了多种传染病传播预测模型和工具.

传染病趋势预测的基础是传染病监测, 目前

已有很多成熟的工具可以实现传染病监测,其中,互联网数据是主要数据源. MedISys<sup>[10]</sup>以全球新闻报道为数据源,将文本数据进行自然语言处理,得到结构化信息,包括传染病名称、时空信息和患者信息等,实现了对传染病传播趋势的监测.在此基础上,HealthMap<sup>[11]</sup>进一步扩充了数据源,融合了包括在线新闻、采访记录和学术报告在内的等多种来源数据,并根据传染病地理位置、疾病类型和暴发类型等维度对数据进行聚类 and 分类,在交互式地图上进行可视化展示,实现全球传染病的监测.

研究人员对监测数据利用传染病建模工具进行分析与挖掘,形成了一系列用于传染病发展趋势预测的工具.在传染病传播的早期,模型的参数设置主要以理论假设为主,文献[61]使用 SEIR 模型预测武汉市疫情拐点将出现在 2020 年 2 月 20-25 日;文献[62]使用 SEIR 模型预测武汉市新冠

肺炎疫情拐点出现在 2 月底,在 4 月底基本得到控制;随着疫情的发展,数据逐渐丰富,则可以与实际数据进行拟合.采用 SEIR 模型利用统计图进行可视化,有助于理解数学模型参数的可解释性.文献[63]对 SEIR 模型的相关参数进行修改,并对相应结果进行可视化,以预测传染病的病患数量.文献[64]通过构建复杂的异构传播网络对 SIR 模型进行改进,以评估传染病的传播风险.

传染病与病毒宿主活动密切相关,可以通过研究个体的时空活动来监控与预测传染病的传播.文献[12]提出多元时间序列混合效应模型,从时间和空间 2 个维度对意大利的新冠肺炎进行了时空扩散预测.文献[14]利用匿名手机定位数据,提出时空风险源模型,通过研究武汉人口外流,分析中国各省市的新冠肺炎感染率,并预测增长模式.表 3 所示为对以上具有代表性的工作进行总结.

表 3 传染病传播数据可视分析工具总结

| 类别       | 代表性工具                     | 数据集               | 简要描述          |
|----------|---------------------------|-------------------|---------------|
| 时空分布可视分析 | ESTAT <sup>[8]</sup>      | Infection data    | 统计数据与时空数据交互分析 |
|          | Monmonier <sup>[54]</sup> | Cholera data      | 空间分布分析        |
|          | SmartGIS <sup>[55]</sup>  | SARS data         | 扩充空间数据结构      |
|          | STIS <sup>[56]</sup>      | Cancer data       | 扩充空间数据结构      |
| 关联因素可视分析 | VoroGraph <sup>[9]</sup>  | Infection data    | 复杂网络分析        |
|          | MP Graphs <sup>[57]</sup> | Dengue Fever data | 多视图关联分析       |
|          | Cléménçon <sup>[59]</sup> | HIV data          | 复杂网络分析        |
| 趋势预测可视分析 | MedISys <sup>[10]</sup>   | Infection data    | 全球传染病的监测      |
|          | HealthMap <sup>[11]</sup> | Infection data    | 全球传染病的监测      |
|          | Jia 等 <sup>[14]</sup>     | COVID-19 data     | 增长模式预测        |
|          | PEACOCK <sup>[34]</sup>   | Hepatitis C data  | 聚类分析          |

## 5 结 语

传染病传播分析越来越受到关注,有效地分析该类数据可以揭示传染病的传播规律,为控制疫情提供有力的技术支持.根据传染病传播数据的多维度的可视化表达,有助于对传染病传播的时空规律分析并预测其传播趋势.本文对近年来的传染病传播数据可视化方法,按照基于地图、基于时空立方体、基于时序和基于关系进行了总结,将可视分析任务归纳为时空分布分析、关联因素分析、趋势预测分析,并对应分析任务总结了现有的可视分析工具.可视化方法针对不同的数据特征,具有不同的特点,在分析任务上各有侧重.

(1) 基于地图的可视化方法主要适用于表达传染病的空间分布、空间传播以及疾病传播媒介的

空间移动模式等.其大多数是体现了在某一时刻或某一时期传染病相关属性数据的表达,主要用于完成时空分布分析(T1)和趋势预测分析(T3).然而,对于传染病时空传播规律分析,往往需要对传染病数据的时间和空间特征进行整体考虑.

(2) 基于时空立方体的可视化方法,与基于地图的可视化方法相比,时空立方体更强调时间和空间的整体性,旨在对时空特征进行概览性的可视化描述.因此,时空立方体被用于表达传染病数据的时空特征,主要用于完成时空分布分析(T1).

(3) 基于时序的可视化方法主要用于表达传染病的时间趋势和季节性周期模式,以及完成时空分布分析(T1)和趋势预测分析(T3).

(4) 基于关系的可视化方法通常用于表达对传染病相关数据的关联关系和传播关系(T2).

虽然传染病传播数据可视化的研究起步较早, 可视化方法也较为成熟, 但是传染病传播数据具有多源、异构和实时的特征, 给传染病传播分析领域带来了许多挑战。

(1) 融合多源异构的传染病数据, 并对数据进行准确的多方核对非常耗费研究人员的精力, 如何准确、高效、智能化地完成数据融合依然是当前需要研究的。

(2) 近年来, 在实际应用中, 大多数的传染病传播可视化应用系统都是基于 GIS 平台展开的, 缺少具有表达更多信息的可视化方法以及具有创新性的可视分析框架, 因此, 下一步应当改进现有的可视化方法和可视分析框架。

(3) 现有传染病传播规律的研究各具特点, 已在不同领域发挥了重要作用。针对传染病传播时空规律分析研究主要关注统计层面分析, 对于传播事件语义分析较少, 需将二者结合进一步探索传播动态演变路径。因此, 如何结合多模态、多数据源的传染病知识图谱, 对传染病传播网络和路径进行追踪可视化是后续研究中需要关注的方向。

## 参考文献(References):

- [1] Chen Xiaohui, Liu Junnan, Xu Li, *et al.* Construction of the COVID-19 epidemic cases activity knowledge graph: a case study of Zhengzhou city[J]. *Geomatics and Information Science of Wuhan University*, 2020, 45(6): 816-825(in Chinese)  
(陈晓慧, 刘俊楠, 徐立, 等. COVID-19 病例活动知识图谱构建—以郑州市为例[J]. *武汉大学学报: 信息科学版*, 2020, 45(6): 816-825)
- [2] Loorak M H, Perin C, Kamal N, *et al.* TimeSpan: using visualization to explore temporal multi-dimensional data of stroke patients[J]. *IEEE Transactions on Visualization & Computer Graphics*, 2016, 22(1): 409-418
- [3] Kwan M P. Interactive geovisualization of activity travel patterns using three-dimensional geographical information systems: a methodological exploration with a large data set[J]. *Transportation Research C*, 2000, 8(1-6): 185-203
- [4] Yu G C, Smith D K, Zhu H C, *et al.* GGTREE: an R package for visualization and annotation of phylogenetic trees with their covariates and other associated data[J]. *Methods in Ecology and Evolution*, 2017, 8: 28-36
- [5] Ali M A, Ahsan Z, Amin M, *et al.* ID-Viewer: a visual analytics architecture for infectious diseases surveillance and response management in Pakistan[J]. *Public Health*, 2016, 134: 72-85
- [6] Tominski C, Schulze-wollgast P, Schumann H. 3D information visualization for time dependent data on maps[C] // *Proceedings of the 9th International Conference on Information Visualisation*. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2005: 175-181
- [7] Hans G P, Yarden L, Nathan G, *et al.* The EpiCanvas infectious disease weather map: an interactive visual exploration of temporal and spatial correlations[J]. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 2012, 19: 954-959
- [8] Robinson A C. Geovisualization and epidemiology: a general design framework[C] // *Proceedings of the 22nd International Cartographic Conference*. Spain: Global Congresses, 2005: 1-9
- [9] Dunne C, Muller M, Perra N, *et al.* VoroGraph: visualization tools for epidemic analysis[C] // *Proceedings of the 33rd Annual ACM Conference Extended Abstracts on Human Factors in Computing Systems*. New York: Association for Computing Machinery Press, 2015: 255-258
- [10] Steinberger R, Fuat F, Pouliquen B, *et al.* MediSys: a multi-lingual media monitoring tool for medical intelligence and early warning[C] // *Proceedings of the International Disaster and Risk Conference*. Davos: Global Risk Forum GRF Davos, 2008: 612-614
- [11] Freifeld C C, Mandl K D, Reis B Y, *et al.* HealthMap: global infectious disease monitoring through automated classification and visualization of internet media reports[J]. *Journal of the American Medical Informatics Association*, 2008, 15: 150-157
- [12] Giuliani D, Dickson M M, Espa G, *et al.* Modelling and predicting the spatio-temporal spread of Coronavirus disease 2019 (COVID-19) in Italy[OL]. [2020-07-13]. <https://arxiv.org/abs/2003.06664v2>
- [13] Feng Mingxiang, Fang Zhixiang, Lu Xiongbo, *et al.* Traffic analysis zone-based epidemic estimation approach of COVID-19 based on mobile phone data: an example of Wuhan[J]. *Geomatics and Information Science of Wuhan University*, 2020, 45(5): 651-657(in Chinese)  
(冯明翔, 方志祥, 路雄博, 等. 交通分析区尺度上的 COVID-19 时空扩散推估方法: 以武汉市为例[J]. *武汉大学学报: 信息科学版*, 2020, 45(5): 651-657)
- [14] Jia J S, Lu X, Yuan Y, *et al.* Population flow drives spatio-temporal distribution of COVID-19 in China[J]. *Nature*, 2020, 582(7812): 389-394
- [15] Zhang Y X, Chanana K, Dunne C. IDMViz: temporal event sequence visualization for type 1 diabetes treatment decision support[J]. *IEEE Transactions on Visualization & Computer Graphics*, 2019, 25(1): 512-522
- [16] Preim B, Lawonn K. A survey of visual analytics for public health[J]. *Computer Graphics Forum*, 2020, 12(3): 543-580
- [17] Nguyen H T, Tran P V, Ngo H T, *et al.* Visualization of epidemic data[C] // *Proceedings of the 5th International Conference on healthGIS3*. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2013: 1-6
- [18] Lloyd A L. Realistic distributions of infectious periods in epidemic models: changing patterns of persistence and dynamics[J]. *Theoretical Population Biology*, 2001, 60(1): 59-71
- [19] Xu X J, Wang W X, Zhou T, *et al.* Geographical effects on epidemic spreading in Scale-free networks[J]. *International Journal of Modern Physics C*, 2006, 17(12): 1815-1822
- [20] Kermack W O, McKendrick A G. Contributions to the mathe-

- mathematical theory of epidemics—II. The problem of endemicity[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 1991, 53(1/2): 57-87
- [21] Lipsitch M, Cohen T, Cooper B, *et al.* Transmission dynamics and control of severe acute respiratory syndrome[J]. *Science*, 2003, 300(5627): 1966-1970
- [22] Riley S, Fraser C, Donnelly C A, *et al.* Transmission dynamics of the etiological agent of SARS in Hong Kong: impact of public health interventions[J]. *Science*, 2003, 300(5627): 1961-1966
- [23] Leslie W D, Brunham R C. The dynamics of HIV spread: a computer simulation model[J]. *Computers and Biomedical Research*, 1990, 23(4): 380-401
- [24] Fuentes M A, Kuperman M N. Cellular automata and epidemiological models with spatial dependence[J]. *Physica A*, 1999, 267(3/4): 471-486
- [25] Eubank S. Scalable, efficient epidemiological simulation[C] // *Proceedings of the ACM Symposium on Applied Computing*. New York: Association for Computing Machinery Press, 2002: 139-145
- [26] Hewitt C, Bishop P, Steiger R. A universal modular ACTOR formalism for artificial intelligence[C] // *Proceedings of the 3rd International Joint Conference on Artificial Intelligence*. San Francisco: Morgan Kaufmann Publishers Inc. 1973: 235-245
- [27] Zhao Yitong, Mei Shan, Ma Liang, *et al.* Simulation analysis of Beijing H1N1 Influenza based on spatial clustering[J]. *Journal of System Simulation*, 2017, 29(9): 2115-2120(in Chinese)  
(赵翌潼, 梅珊, 马亮, 等. 基于空间聚类的北京 H1N1 流感仿真分析[J]. *系统仿真学报*, 2017, 29(9): 2115-2120)
- [28] Hu Bisong, Gong Jianhua, Zhou Jieping, *et al.* Spatial-temporal characteristics of epidemic spread in-out flow-using SARS epidemic in Beijing as a case study[J]. *Science China: Earth Sciences*, 2013, 43(9): 1499-1517(in Chinese)  
(胡碧松, 龚建华, 周洁萍, 等. 疾病传播输入输出流的时空特征分析——以北京 SARS 流行为例[J]. *中国科学: 地球科学*, 2013, 43(9): 1499-1517)
- [29] Bobashev G V, Goedecke D M, Yu F T, *et al.* A hybrid epidemic model: combining the advantages of agent-based and equation-based approaches[C] // *Proceeding of the Winter Simulation Conference*. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2007: 1532-1537
- [30] Liu Ying, Chen Yu. Simulation and analysis on the control of SARS by complexity adaptive system theory[J]. *Complex Systems and Complexity Science*, 2004, 1(2): 74-79(in Chinese)  
(刘颖, 陈禹. 复杂适应系统理论对控制 SARS 疫情的模拟分析[J]. *复杂系统与复杂性科学*, 2004, 1(2): 74-79)
- [31] Liu Tao, Li Xia, Liu Mengwei. Multi-agent system simulation of epidemic spatio-temporal transmission[J]. *Journal of System Simulation*, 2009, 21(18): 5874-5877(in Chinese)  
(刘涛, 黎夏, 刘萌伟. 传染病时空传播的多智能体仿真研究[J]. *系统仿真学报*, 2009, 21(18): 5874-5877)
- [32] Gong Lu, Liu Xiangnan, Zou Xinyu. Spread of infectious disease risk assessment based on the spatial-temporal trajectory data analysis[J]. *Acta Geodaetica et Cartographica Sinica*, 2015, 44(s1): 6-12(in Chinese)  
(宫路, 刘湘南, 邹信裕. 基于时空轨迹数据的传染病传播风险评估[J]. *测绘学报*, 2015, 44(1): 6-12)
- [33] Maciejewski R, Tyner B, Jang Y, *et al.* LAHVA: linked animal-human health visual analytics[C] // *Proceedings of the IEEE Symposium on Visual Analytics Science and Technology*. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2007: 27-34
- [34] Jang B, Lee M, Kim J W. PEACOCK: a map-based multitype infectious disease outbreak information system[J]. *IEEE Access*, 2019, 7: 82956-82969
- [35] Weng J N, Xu Y F, Sharma A R, *et al.* Epidemic analysis and visualization based on digital earth spatio-temporal framework[C] // *Proceedings of the IEEE International Geoscience and Remote Sensing Symposium*. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2012: 7220-7223
- [36] Chen Minjie, Jiang Nan, Guo Wei, *et al.* Design and production of daily epidemic electronic map[J/OL]. *Science of Surveying and Mapping*, (2020-04-09)[2020-07-13]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4415.P.20200409.1047.002.html>(in Chinese)  
(陈敏颀, 江南, 郭伟, 等. 每日疫情电子地图的设计与制作[J/OL]. *测绘科学*, [2020-07-13]. <http://kns.cnki.net/kcms/detail/11.4415.P.20200409.1047.002.html>)
- [37] Jin Sichen, Tao Yubo, Yan Yuyu, *et al.* Infectious disease patterns analysis based on visualization of multidimensional space-time data[J]. *Journal of Computer-Aided Design & Computer Graphics*, 2019, 31(2): 241-255(in Chinese)  
(金思辰, 陶煜波, 严宇宇, 等. 基于多维时空数据可视化的传染病模式分析[J]. *计算机辅助设计与图形学学报*, 2019, 31(2): 241-255)
- [38] Hawthorn G. Innovation diffusion as a spatial process[J]. *Sociology*, 1969, 3(2): 270
- [39] Kraak M J, Kousoulakou A. A visualization environment for the space-time-cube[M] // *Developments in Spatial Data Handling*. Heidelberg: Springer, 2005: 189-200
- [40] Tran P V, Nguyen H T, Tran T V. Approaching multi-dimensional cube for visualization-based epidemic warning system-Dengue fever[C] // *Proceedings of the 8th International Conference on Ubiquitous Information Management and Communication*. New York: Association for Computing Machinery Press, 2014: Article No.86
- [41] Li X, Kraak M J. A temporal visualization concept: a new theoretical analytical approach for the visualization of multi-variable spatio-temporal data[C] // *Proceeding of the 18th International Conference on Geoinformatics*. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2010: 1-6
- [42] Hussain A, Latif K, Rextin A T, *et al.* Scalable visualization of semantic nets using power-law graphs[J]. *Applications of Mathematics*, 2014, 8: 355-367
- [43] Henry N, Fekete J D, McGuffin M J. NodeTriX: a hybrid visualization of social networks[J]. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 2007, 13(6): 1302-1309
- [44] Baehrecke E H, Dang N, Babaria K, *et al.* Visualization and analysis of microarray and gene ontology data with tree-maps[J]. *BMC Bioinformatics*, 2004, 5: 84-96
- [45] Bashardoost B G, Christodoulakis C, Yeganeh S H, *et al.* Viz-Curator: a visual tool for curating open data[C] // *Proceedings of the 24th International Conference on World wide web*. New

- York: ACM Press, 2015: 195-198
- [46] Bach B, Pietriga E, Liccardi I, *et al.* OntoTriX: a hybrid visualization for populated ontologies[C] //Proceedings of the 20th International Conference Companion on World wide web. New York: ACM Press, 2011: 177-180
- [47] Peng Yanni, Fan Xiaoping, Zhao Ying, *et al.* A survey of visualization of temporal event sequence data[J]. Journal of Computer-Aided Design & Computer Graphics, 2019, 31(10): 1698-1710(in Chinese)  
(彭燕妮, 樊晓平, 赵颖, 等. 时间事件序列数据可视化综述[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2019, 31(10): 1698-1710)
- [48] Zhao Ying, Fan Xiaoping, Zhou Fangfang, *et al.* A survey on network security data visualization[J]. Journal of Computer-Aided Design & Computer Graphics, 2014, 26(5): 687-697(in Chinese)  
(赵颖, 樊晓平, 周芳芳, 等. 网络安全数据可视化综述[J]. 计算机辅助设计与图形学学报, 2014, 26(5): 687-697)
- [49] Zhou F F, Lin X R, Liu C, *et al.* A survey of visualization for smart manufacturing[J]. Journal of Visualization, 2019, 22(2): 419-435
- [50] Jian Zihan, Ding Zhiwei. Spatial pattern evolution and distribution characteristics of COVID-19 cases in Henan Province based on township scale[J]. Henan Science, 2020, 38(3): 476-484(in Chinese)  
(简子茜, 丁志伟. 基于镇域尺度的河南省新型冠状病毒肺炎病例的空间格局演化与分布特征[J]. 河南科学, 2020, 38(3): 476-484)
- [51] Chen Qin, Liu Zhifang, Dong Changzheng, *et al.* Epidemiological characteristics and spatial analysis of hand-foot-mouth disease in Ningbo city from 2008 to 2012[J]. Chinese Journal of Public Health, 2016, 32(6): 832-835(in Chinese)  
(陈琴, 刘志芳, 董长征, 等. 宁波市 2008—2012 年手足口病流行特征与空间聚集性分析[J]. 中国公共卫生, 2016, 32(6): 832-835)
- [52] Dong Wen, Yang Kun, Xu Quanli. Study on the spatial distribution pattern and spatial and temporal aggregation pattern of human infection with H7N9 avian influenza in China from 2013 to 2014[J]. Chinese Journal of Disease Control & Prevention, 2017, 21(7): 650-654(in Chinese)  
(董雯, 杨昆, 许泉立. 2013-2014 年中国地区人感染 H7N9 禽流感疫情空间分布格局及时空聚集模式研究[J]. 中华疾病控制杂志, 2017, 21(7): 650-654)
- [53] Shan Ke, Xu Lingzhong, Gai Ruoyan, *et al.* GIS spatial analysis of tuberculosis epidemic situation in China from 2002 to 2011[J]. Chinese Journal of Public Health, 2014, 30(4): 388-391(in Chinese)  
(山珂, 徐凌忠, 盖若琰, 等. 中国 2002-2011 年肺结核流行状况 GIS 空间分析[J]. 中国公共卫生, 2014, 30(4): 388-391)
- [54] Monmonier M. How to Lie with maps[J]. The American Statistician, 1996, 51(2): 374-379
- [55] Chang L C, Chiang H K, Chiang W Y. SmartGIS: a SVG-based tool for visualizing and monitoring of SARS movement[C] // Proceedings of the 3rd International Conference on Information Technology: Research and Education. Los Alamitos: IEEE Computer Society Press, 2005: 282-286
- [56] Goovaerts P. Analysis and detection of health disparities using geostatistics and a space-time information system: the case of prostate cancer mortality in the United States 1970-1994[J]. GIS Planet, 2005(2005): 1-20
- [57] Chui K K H, Wenger J B, Cohen S A, *et al.* Visual analytics for epidemiologists: understanding the interactions between age, time, and disease with multi-panel graphs[J]. PLoS One, 2011, 6(2): e14683
- [58] Mane K K, Bizon C, Schmitt C, *et al.* VisualDecisionLine: a visual analytics approach for comparative effectiveness-based clinical decision support in psychiatry [J]. Journal of Biomedical Informatics, 2011, 45(1): 101-106
- [59] Cléménçon S, de Arazoza H, Rossi F, *et al.* Visual mining of epidemic networks[C] //Proceedings of International Work-Conference on Artificial Neural Networks. Heidelberg: Springer, 2012: 276-283
- [60] Karrer B, Newman M E J. Competing epidemics on complex networks[J]. Physical Review E, 2011, 84(3): 036106
- [61] Fan Ruguo, Wang Yibo, Luo Ming, *et al.* SEIR-based COVID-19 transmission model and inflection point prediction analysis[J]. Journal of University of Electronic Science and Technology of China, 2020, 49(3): 369-374(in Chinese)  
(范如国, 王奕博, 罗明, 等. 基于 SEIR 的新冠肺炎传播模型及拐点预测分析[J]. 电子科技大学学报, 2020, 49(3): 369-374)
- [62] Cai Jie, Jia Haoyuan, Wang Ke. Prediction of development trend of COVID-19 in Wuhan based on SEIR model[J]. Shandong Medical Journal, 2020, 6: 1-4(in Chinese)  
(蔡洁, 贾浩源, 王珂. 基于 SEIR 模型对武汉市新型冠状病毒肺炎疫情发展趋势预测[J]. 山东医药, 2020, 6: 1-4)
- [63] Laneri K, Bhadra A, Ionides E L, *et al.* Forcing versus feedback: epidemic malaria and monsoon rains in northwest India[J]. PLoS Computational Biology, 2010, 6(9): e1000898
- [64] Mpolya E A, Yashima K, Ohtsuki H, *et al.* Epidemic dynamics of a vector-borne disease on a villages-and-city star network with commuters[J]. Journal of Theoretical Biology, 2014, 343: 120-126