

DOI:10.12405//j.issn.2097-1486.2022.01.008

高阶网络上传染病传播动力学

靳祯*, 苟巍, 张菊平

山西大学 复杂系统研究所, 山西 太原 030006

摘要:不同规模的聚集会加强传染病的传播,刻画与分析其传播效应是传染病传播动力学研究面临的理论难题和应用瓶颈问题。近年来,随着单纯复形和超网络研究的发展,从高阶网络传播动力学角度去解决这类问题成为可能。高阶网络上的传染病传播动力学研究,主要是从高阶网络的不同结构、拓扑和几何特征出发,对静态、时变和空间等不同类型高阶网络上的各种传染病传播进行动力学建模和性态分析,开展高阶网络上现实传染病的定性与定量情景式研究,将为传染病传播动力学研究注入新的活力。

关键词:高阶网络;传染病;动力学模型;单纯复形;超网络

中图分类号:O157 **文献标志码:**A **文章编号:**2097-1486(2022)01-0080-08

The infectious disease transmission dynamics on higher-order networks

JIN Zhen*, GOU Wei, ZHANG Juping

Complex Systems Research Center, Shanxi University, Taiyuan 030006, China

Abstract: The crowd gathering strengthens the spread of infectious diseases. Depicting and analyzing its transmission effect is the difficult theoretical problems and bottlenecks of infectious disease transmission dynamics. In recent years, with the development of research for simplicial complexes and hypernetworks, it becomes possible to solve such problems from the perspective of transmission dynamics on higher-order networks. The study of infectious disease transmission dynamics on higher-order networks, which mainly starts from the distinct structure, topology and geometrical characteristics of higher-order networks, carries out dynamical modeling and behavior analysis of different types of infectious disease on various kinds of higher-networks, including the static, time-varying or spatial ones, and conducts qualitative and quantitative research in specific context of real infectious diseases on higher-order networks. The study will inject vitality into the infectious disease transmission dynamics.

Key words: higher-order networks; infectious diseases; dynamics models; simplicial complexes; hypernetworks

1 引言

新发突发传染病的传播,对人民的生命健康、以及经济和社会产生重大影响,特别是像新型冠状病毒肺炎(COVID-19,简称新冠肺炎)这样的新发传

染病,挑战人类对传染病的认知,挑战现代技术对传染病的应对能力,但也促进了传染病传播动力学的理论与应用研究。大流行期间,各国政府均采取药物与非药物干预,药物干预有疫苗接种等,非药物干预包括保持社交距离、染病者检测隔离、密接人员跟

* 通信作者

基金项目:国家自然科学基金面上项目(61873154)

收稿日期:2022-05-20;修回日期:2022-08-24

踪隔离,聚集性场所关闭等措施。传染病的传播高度依赖人类接触行为构成的网络。因人类的社会呈现高度聚集性,这种网络往往具有特定的高阶网络结构。采取非药物干预的主要目标就是改变网络的聚集性。另外,人类的聚集性会导致不同规模的传染病聚集性传染,而且会产生传播的加强效应,如何刻画和反映聚集对传播的影响成为传染病传播理论研究的困难问题,应用研究的瓶颈问题。既往的传染病动力学模型很少涉及该方面的研究。从高阶网络传播动力学这一独特视角和理论出发进行研究,将为解决这个难题提供契机,并由此产生一些新的数学理论,发现一些新的现象或者机制。

本文从传染病传播动力学的历史回顾,高阶网络传染病传播动力学的前沿进展,对未来可能的研究问题进行前瞻。

2 传染病传播动力学的历史回顾

传染病的传播过程本质上是病原体在时间和空间上的动态演化过程,需要三个基本条件,即传染源——病原体在其体内生长繁殖并将其排出体外的人或动物,易感群体——对病原体缺乏特异性免疫的人群或动物群体,以及传播途径——病原体离开传染源到达易感群体的途径。其中,病原体和易感群体是传染病传播的本质特征,而传播途径是决定群体水平上传染病传播的核心环节,它依赖于染病个体与易感个体之间特定的接触模式,具有异质性与聚集性特征。因此,传染病的传播和流行通常存在明显的差异性^[1-2]和大量的聚集性传染^[3-4]。由于生物安全和伦理道德等方面的限制,传染病在群体水平上的传播不能在真实世界进行实验研究,而动力学的方法和思想则成为研究传染病传播的重要工具,它通过对传染病的定性定量情景分析,研究其在时空上发生、发展和分布规律,并进行预防、控制和消灭的策略评估,为政策制定提供理论依据。

2.1 仓室传染病传播动力学

传染病传播动力学研究历史悠久^[5]。较早的传染病传播动力学主要包含“仓室传染病传播动力学”。在1930年前后,威廉·克马克(William Kermack)和安德森·麦肯德里克(Anderson McKendrick)为研究1665~1666年伦敦黑死病,以及1906年孟买瘟疫的流行规律先后构造了著名的 Suscep-

tible-Infectious-Removed (SIR) 和 Susceptible-Infectious-Susceptible(SIS)仓室模型^[6-7],并提出了区分传染病流行与否的阈值理论,即基本再生数,为利用动力学模型研究传染病传播奠定了基础,促进了传染病传播动力学的发展。仓室传染病传播动力学的主要思想是把人群分类,如易感者类,染病者类等,建立仓室传染病动力学模型^[8-9],利用动力学方法研究各仓室随时间的演化。时至今日,已有大量的仓室传染病动力学模型及理论,或针对新冠肺炎、流感等现实传染病而建立,或基于一般传染病传播机理而提出^[10]。仓室传染病动力学模型假设种群内部所有个体“均匀混合”,即个体之间的相互接触完全是独立且等概率,忽略了个体接触的异质性,可视为“一阶水平”上的动力学模型。

2.2 复杂网络传染病传播动力学

在2000年前后,随着网络科学的发展,复杂网络传染病动力学作为研究传染病传播的新领域迅速发展起来^[11-12],它通过复杂网络中节点之间的异质性连边结构来刻画群体中个体之间的异质性接触传播过程。经过20多年的发展,基于复杂网络上的传播动力学,在模型建立、研究方法及其动力学性质分析等方面取得巨大进步,揭示了网络度分布、三角形聚类、社团或模块(motif)结构对传染病传播的影响^[13-16]。依据建模方法,复杂网络传染病传播动力学模型可分为多种类型,包括基于节点的度平均场模型^[17],基于个体状态的节点平均场模型^[18],基于连边状态的对逼近模型^[19],基于概率母函数的边仓室模型^[20],以及渗流模型^[21]等。这些模型刻画了两两个体之间的接触传染,能够更加真实、准确刻画群体中传染病的传播,是一类“二阶水平”上的模型。

2.3 高阶网络传染病传播动力学

复杂网络上的传播动力学模型仅限于刻画个体之间成对的二元相互接触产生的传播,也就是说一次接触产生的传播只有两个个体参与。事实上,真实世界的接触传播可能会涉及三个及更多个体相互作用,从而形成多元相互接触的聚集传播,如小规模的家庭聚集传播,中等规模的工作或者学习场所聚集传播,大规模的公共场所聚集传播等。从网络的角度来看,多个个体的相互接触形成网络中的高阶网络结构,其可以用单纯形(Simplices)或者超边(Hyperedges)来刻画。简单来说,具有高阶结构的

网络可称之为高阶网络 (Higher-Order Networks)^[22], 主要分为两种, 即单纯复形 (Simplicial Complexes)^[23] 和超网络 (Hypernetworks)^[24]。显然, 研究高阶网络上的传染病传播, 能够突破传统复杂网络上传染病传播的框架限制, 从高阶聚集性出发, 研究传染病传播与演化, 更能真实反映现实世界的传播特征, 但也给研究带来更大的困难。为了增加可读性, 下面进一步简单介绍单纯复形和超网络。

单纯复形和超网络: 一个 k 阶单纯形, 是指由 $k+1$ 个节点组成的基本单位, 记为 $\sigma = [v_1, \dots, v_{k+1}]$ 。0 阶单纯形就是网络的节点, 1 阶单纯形就是网络的边, 2 阶单纯形就是网络的三角形, 以此类推, 如图 1a 所示。单纯复形为有限个单纯形的集合, 记为 SC_s 。一个单纯复形, 一定具有封闭性: 若一个 k 阶单纯形 σ 属于单纯复形 SC_s , 那么 σ 的所有子集也属于单纯复形 SC_s 。如图 1b 所示, 单纯形 $\sigma = [v_1, v_2, v_3] \in SC_s$, 则其所有子集均属于 SC_s 。超网络是能用超图表示的网络^[25], 是由节点集 V 和超边集 E 组成的集合, 记为 $H = \{V, E\}$, 其中, 超边可以包含任意多个节点, 如图 2a 所示。就连接结构而言, 与单纯复形不同, 在一个超网络中, 其超边没有封闭性, 即一个超边的子集可以不属于该超网络, 如图 2b 所示。从这一角度来讲, 超网络较单纯复形更为一般。同时, 对于单纯复形可定义其欧拉示性数、贝蒂数等几何结构特征量, 对超网络则没有。综合单纯复形和超网络, 高阶网络是传统的复杂网络的推广, 不仅具有复杂网络的层结构和社团结构等结构特征, 还具有单形分布、超度分布、超边度分布等高阶拓扑特征, 以及欧拉示性数、贝蒂数等几何结构特征。

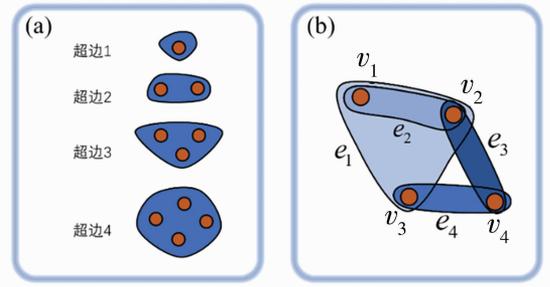


图 2 超网络示意图

Fig. 2 A diagram of hypernetworks

依据高阶网络单纯复形和超网络分别包含的高阶网络结构单纯形和超边, 可以灵活刻画传染病的聚集性传播。如图 3a 所示, 在 2 阶单纯形中, 两个染病者还可能对其中的易感者有一个额外的传染概率 β_2 , 而不仅仅只通过各自与易感者的连边分别以 β_1 的概率传染疾病。对于超网络, 如给定函数 $\beta(n, m)$ 表示包含 n 个易感者 m 个染病者的超边内部任意一个易感者被感染的概率, 则在图 3b 中, 超边中的一个染病者对一个易感者的感染概率为 $\beta(1, 2)$ 。

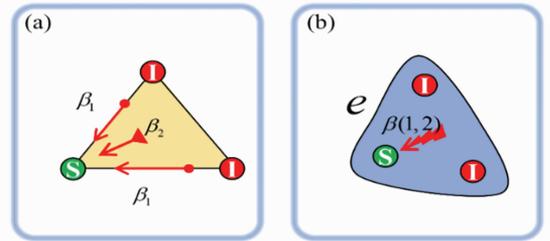


图 3 单纯复形和超网络上的传播示意图

Fig. 3 A diagram of transmission of simplicial complexes and hypernetworks

3 高阶网络传染病传播动力学研究进展

近些年, 高阶网络上的传播动力学受到越来越多的关注^[26], 主要包括单纯复形和超网络上的传染病传播动力学。

3.1 单纯复形上的传染病传播动力学

2019 年亚科波·亚科皮尼 (Iacopo Iacopini) 等首次建立一致单纯复形 SIS 传染病模型, 研究发现单纯复形的高阶结构会导致传染病传播的不连续相变与双稳态行为^[27]。随后赵毅等人提出了单纯复形 (susceptible-infected-recovered-susceptible, SIRS) 传染病模型, 研究其不连续相变和复杂的双稳态与周期振荡动力学行为^[28]; 林涛等人则建立并研究了单纯复形上两菌株 SIS 竞争传播模型^[29]。武英俊

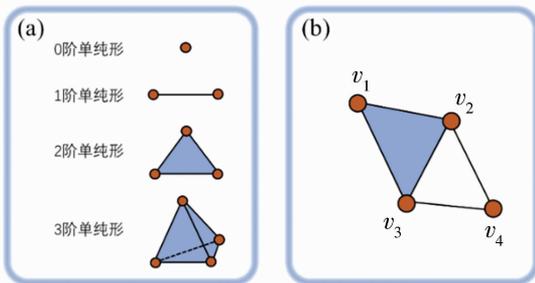


图 1 单纯复形示意图

Fig. 1 A diagram of simplicial complexes

(Bukyoung Jhun)等进一步考虑了无标度单纯复形 SIS 传播模型,发现疾病的连续与混合相变行为^[30];佩德罗·西斯内罗斯-维拉德(Pedro Cisneros-Velarde)等人建立了单纯复形上 SIS 多群组传染病模型,给出了其无病平衡点和地方病平衡点共存条件^[31]。林涛等人则应用马尔科夫方法研究了单纯形网络上 SIS 两菌株竞争疾病传播模型,发现当网络平均度固定时,随着 1 阶单纯形平均度的增加,病原体可能会经历从暴发到灭亡的转变,而 2 阶单纯形平均度的增加则更有利于病原体的传播^[32];琼·马塔马拉斯(Joan T. Matamalas)等人建立了能更准确刻画传染病传播的超网络节点对逼近 SIS 传播模型,并发现随着 2 阶单纯形的传染性参数变化,染病率会出现一个二阶相变^[33];桑迪普·乔德里(Sandeep Chowdhary)等人研究了时变单纯形网络上的 SIS 传染病的传播,发现在相同的初始条件下,疾病是否达到稳态取决于时变单纯形网络的时变特性^[34]。从以上分析可以看出,目前单纯复形传染病动力学模型主要集中在 SIS 类模型上,揭示了网络的高阶结构导致的双稳态和周期振荡等动力学行为。但数学分析较为初等,欠缺深入的分支动力学等复杂理论分析,对单纯复形的拓扑与几何结构等如何影响传染病传播还不清楚,对具有潜伏期、免疫期等的现实传染病模型还未涉及。

3.2 超网络上的传染病传播动力学

2016 年阿格尼斯·博多(Ágnes Bodó)等人较早地关注并研究超网络上的疾病传播,他们基于超网络的关联矩阵推导出超网络上 SIS 传染病传播的精确主方程,并将其简化得到矩封闭平均场近似模型,但其并不能较好地刻画超网络上 SIS 疾病传播过程^[35]。近来,更多研究者开始研究超网络上的传染病动力学,并取得初步进展。下面,依据超网络传染病模型不同类型进行介绍。

基于节点的超网络传染病模型。2020 年,吉列尔梅·阿鲁达(Guilherme Arruda)等人建立了基于节点的超网络 SIS 传染病模型,并研究模型的一阶和二阶相变及多稳态行为^[36];2021 年,戴斯蒙德·海厄姆(Desmond Higham)等人进一步考虑具有不同类型超边,且超边内部具有非线性传染率的情形,建立了基于节点的超网络 SIS 传染病模型,并给出其疾病灭绝阈值,以及无病平衡态的局部和全局稳

定性谱条件^[37-38];尼古拉斯·兰德里(Nicholas Landry)等人定义超网络的动力学同配性指标,并在文献^[38]基础上,发现了超边的偏好重连可以减小超网络的同配性使得疾病灭绝^[39]。北英俊(Bukyoung Jhun)等人建立了超网络节点对逼近 SIS 传播模型,研究了基于超边的疾病免疫策略^[40]。基于节点的超网络传染病模型是研究较多的超网络传播模型,建模相对简单,易于推广,但存在维数高,理论分析难,数值模拟计算复杂度高的局限。

基于超网拓扑的传播动力学与渗流模型。2020 年尼古拉斯·兰德里等人提出基于超度的超网络 SIS 传播模型,发现超网络超边的异质性对疾病传播相变行为具有抑制效应^[41];2021 年纪尧姆·圣昂热(Guillaume St-Onge)等人建立了基于群组的超网络 SIS 传播模型,主要研究了超网络上疾病的局部化流行现象^[42-43]和超网络上对疾病传播和最终规模影响最大的节点群问题^[44];而 2021 年吉内斯特拉·比安科尼(Ginestra Bianconi)等人建立了基于超网络上的高阶渗流模型,研究了随机多重超网络的结构相关性对其渗流性质的影响^[45]。这些成果,进一步丰富了研究超网络上传染病传播动力学的建模方法,但是目前的理论分析还相当匮乏。

另外,阿莱西亚·安特尔米(Alessia Antelmi)等人最近以新冠肺炎的传播为背景建立了一个时变超网络上的传染病传播模拟模型,以此评估非药物干预措施的效果^[46];洪大卫(David Hong)等人基于超图分解提出一种新的分组检测疾病流行状态的方法,并评估了其在新冠肺炎疫情筛查监测方面的优势^[47]。但由于现实传染病病原学特征非常复杂,简单的 SIS、SIR 等模型难以准确刻画,且传播依赖的实际超网络难以构建,目前超网络传染病动力学的实际应用研究还处于萌芽状态。

4 展望

当前,高阶网络上传染病传播动力学研究才刚刚起步,是一个崭新的传染病传播研究领域。研究高阶网络的结构特征、拓扑特征和几何特性对传染病传播的影响,建立高阶网络传染病传播动力学的模型构造与分析的基础方法与理论,开展高阶网络上具体传染病的示范性研究应用,为现实传染病的预防和控制提供切实可靠理论依据,尚存巨大挑战。

在建模方法上,高阶网络传染病传播动力学模型构建方法还相对比较单一。单纯复形的几何结构,特别是欧拉示性数、贝蒂数等对传播有什么影响?它们与传播的关系是什么?遗憾的是,目前还没有有效的建模方法来解答这一基础问题。此外,还需发展有效方法在模型中刻画高阶网络上传染病传播过程中节点状态相关性本身的变化及其对传染病传播的影响。

在模型分析上,对现有高阶网络传染病动力学模型数值模拟研究居多,理论分析不够深入。事实上,受高阶网络的特性影响,高阶网络上的传染病传播动力学行为也更加复杂多样,表现出高维数、强非线性的特征,如何根据不同类型高阶网络传染病传播动力学模型的具体特点进行详细的理论分析与计算,比如解决模型的约化和降维等问题,将成为研究难题。

在研究对象上,目前大多针对静态高阶网络上传染病进行建模研究,缺乏自适应动态高阶网络和其他类型的时变高阶网络上的传染病传播动力学的系统性或框架性研究,对高阶网络和传染病传播共演化问题的研究同样值得关注。具有空间信息的空间高阶网络上的传染病传播动力学研究也极其必要。此外,潜伏者或者无症状感染者对高阶网络上传染病传播的影响研究仍有不足。

在研究应用方面,以单纯复形和超网络两种高阶网络为框架,结合数据或者基于数据研究实际传染病的传播,将赋予传染病传播动力学研究新的现实生命力。针对不同空间范围内的新冠肺炎、流感等具体传染病,建立高阶网络上新冠肺炎、流感等传播动力学模型,并利用实际数据进行参数估计和数值模拟,给出定性定量的情景式分析,辨别关键阈值参数,对染病者的规模、高峰到达时间、疾病持续时间进行预测和不确定性分析,开发高阶网络传染病传播动力学应用软件,将为传染病的防控贡献新的实际力量。

参考文献:

- [1] LLOYD-SMITH J O, SCHREIBER S J, KOPP P E, *et al.* Superspreading and the effect of individual variation on disease emergence[J]. *Nature*, 2005, 438(7066): 355-359. DOI: 10.1038/nature04153.
- [2] HE D, ZHAO S, XU X, *et al.* Low dispersion in the infectiousness of COVID-19 cases implies difficulty in control[J]. *BMC Public Health*, 2020, 20(1): 1-4. DOI: 10.1186/s12889-020-09624-2.
- [3] ZLATIĆ V, GHOSHAL G, CALDARELLI G. Hypergraph topological quantities for tagged social networks[J]. *Physical Review E*, 2009, 80(3): 036118. DOI: 10.1103/PhysRevE.80.036118.
- [4] CENCETTI G, BATTISTON F, LEPRI B, *et al.* Temporal properties of higher-order interactions in social networks[J]. *Scientific Reports*, 2021, 11(1): 1-10. DOI: 10.1038/s41598-021-86469-8.
- [5] 马知恩,周义仓,王稳地,靳祯. 传染病动力学的数学建模与研究[M]. 北京:科学出版社,2004.
- [6] KERMACK W O, MCKENDRICK A G. A contribution to the mathematical theory of epidemics[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[J]. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, 1932, 138(834): 55-83.
- [8] ALLEN L J S, BRAUER F, VAN DEN DRIESSCHE P, *et al.* *Mathematical epidemiology* [M]. Berlin: Springer, 2008.
- [9] LI M Y. *An introduction to mathematical modeling of infectious diseases*[M]. Cham, Switzerland: Springer, 2018.
- [10] BRAUER F, CASTILLO-CHAVEZ C, FENG Z. *Mathematical models in epidemiology* [M]. New York: Springer, 2019.
- [11] 靳祯,孙桂全,刘茂省. 网络传染病动力学建模与分析[M]. 北京:科学出版社,2014.
- [12] KISS I Z, MILLER J C, SIMON P L. *Mathematics of Epidemics on Networks*[M]. Cham, Switzerland: Springer, 2017.
- [13] VOLZ E M, MILLER J C, GALVANI A, *et al.* Effects of heterogeneous and clustered contact patterns on infectious disease dynamics[J]. *PLoS Computational Biology*, 2011, 7(6): e1002042. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1002042.
- [14] SALATHÉ M, JONES J H. Dynamics and control of diseases in networks with community structure[J]. *PLoS Computational Biology*, 2010, 6(4):

- e1000736. DOI: 10.1371/journal.pcbi.1000736.
- [15] LI J, LI W, JIN Z. The epidemic model based on the approximation for third-order motifs on networks[J]. *Mathematical Biosciences*, 2018, 297: 12-26. DOI: 10.1016/j.mbs.2018.01.002.
- [16] HOUSE T, DAVIES G, DANON L, *et al.* A motif-based approach to network epidemics[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 2009, 71(7): 1693-1706. DOI: 10.1007/s11538-009-9420-z.
- [17] PASTOR-SATORRAS R, VESPIGNANI A. Epidemic spreading in scale-free networks[J]. *Physical Review Letters*, 2001, 86(14): 3200. DOI: 10.1103/PhysRevLett.86.3200.
- [18] VAN MIEGHEM P, OMIC J, KOOIJ R. Virus spread in networks[J]. *IEEE/ACM Transactions On Networking*, 2008, 17(1): 1-14. DOI: 10.1109/TNET.2008.925623.
- [19] EAMES K T D, KEELING M J. Modeling dynamic and network heterogeneities in the spread of sexually transmitted diseases[J]. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 2002, 99(20): 13330-13335. DOI: 10.1073/pnas.202244299.
- [20] MILLER J C, SLIM A C, VOLZ E M. Edge-based compartmental modelling for infectious disease spread [J]. *Journal of the Royal Society Interface*, 2012, 9(70): 890-906. DOI: 10.1098/rsif.2011.0403.
- [21] NEWMAN M E J. Spread of epidemic disease on networks [J]. *Physical Review E*, 2002, 66(1): 016128. DOI: 10.1103/PhysRevE.66.016128.
- [22] BICK C, GROSS E, HARRINGTON H A, *et al.* What are higher-order networks? [J/OL]. arXiv preprint arXiv: 2104.11329, 2021. <https://arxiv.org/abs/2104.11329>.
- [23] BIANCONI G. Higher-Order Networks: An Introduction to Simplicial Complexes [M]. Cambridge: Cambridge University Press, 2021.
- [24] 索琪, 郭进利. 基于超图的超网络: 结构及演化机制 [J]. *系统工程理论与实践*, 2017, 37(3): 720-734. DOI: 10.12011/1000-6788(2017)03-0720-15.
- [25] ESTRADA E, RODRÍGUEZ-VELÁZQUEZ J A. Subgraph centrality and clustering in complex hypernetworks[J]. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 2006, 364: 581-594. DOI: 10.1016/j.physa.2005.12.002.
- [26] BATTISTON F, CENCETTI G, IACOPINI I, *et al.* Networks beyond pairwise interactions: structure and dynamics [J]. *Physics Reports*, 2020, 874: 1-92. DOI: 10.1016/j.physrep.2020.05.004.
- [27] IACOPINI I, PETRI G, BARRAT A, *et al.* Simplicial models of social contagion[J]. *Nature Communications*, 2019, 10(1): 1-9. DOI: 10.1038/s41467-019-10431-6.
- [28] WANG D, ZHAO Y, LUO J, *et al.* Simplicial SIRS epidemic models with nonlinear incidence rates [J]. *Chaos*, 2021, 31(5): 053112. DOI: 10.1063/5.0040518.
- [29] LI W Y, XUE X, PAN L, *et al.* Competing spreading dynamics in simplicial complex [J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2022, 412: 126595. DOI: 10.1016/j.amc.2021.126595.
- [30] JHUN B, JO M, KAHNG B. Simplicial SIS model in scale-free uniform hypergraph[J]. *Journal of Statistical Mechanics: Theory and Experiment*, 2019, 2019(12): 123207. DOI: 10.1088/1742-5468/ab5367.
- [31] CISNEROS-VELARDE P, BULLO F. Multi-group SIS epidemics with simplicial and higher-order interactions[J]. *IEEE Transactions on Control of Network Systems*, 2021. DOI: 10.1109/TCNS.2021.3124269.
- [32] NIE Y, LI W, PAN L, *et al.* Markovian approach to tackle competing pathogens in simplicial complex[J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2022, 417: 126773. DOI: 10.1016/j.amc.2021.126773.
- [33] MATAMALAS J T, GÓMEZ S, ARENAS A. Abrupt phase transition of epidemic spreading in simplicial complexes[J]. *Physical Review Research*, 2020, 2(1): 012049. DOI: 10.1103/PhysRevResearch.2.012049.
- [34] CHOWDHARY S, KUMAR A, CENCETTI G, *et al.* Simplicial contagion in temporal higher-order networks[J]. *Journal of Physics: Complexity*, 2021, 2(3): 035019. DOI: 10.1088/2632-072X/ac12bd.
- [35] BODÓ Á, KATONA G Y, SIMON P L. SIS epidemic propagation on hypergraphs[J]. *Bulletin of Mathematical Biology*, 2016, 78(4): 713-735. DOI: 10.1007/s11538-016-0158-0.
- [36] DE ARRUDA G. F, PETRI G, MORENO Y. Social

- contagion models on hypergraphs[J]. *Physical Review Research*, 2020, 2(2): 023032. DOI: 10.1103/PhysRevResearch.2.023032.
- [37] HIGHAM D J, DE KERGORLAY H L. Epidemics on hypergraphs: Spectral thresholds for extinction [J]. *Proceedings of the Royal Society A*, 2021, 477 (2252): 20210232. DOI: 10.1098/rspa.2021.0232.
- [38] HIGHAM D J, DE KERGORLAY H L. Mean Field Analysis of Hypergraph Contagion Model[J/OL]. arXiv preprint arXiv:2108.05451, 2021. <https://arxiv.org/abs/2108.05451>.
- [39] LANDRY N W, RESTREPO J G. Hypergraph dynamics: assortativity and the expansion eigenvalue [J/OL]. arXiv preprint arXiv:2109.01099, 2021. <https://arxiv.org/abs/2109.01099>.
- [40] JHUN B. Effective epidemic containment strategy in hypergraphs[J]. *Physical Review Research*, 2021, 3 (3): 033282. DOI: 10.1103/PhysRevResearch.3.033282.
- [41] LANDRY N W, RESTREPO J G. The effect of heterogeneity on hypergraph contagion models[J]. *Chaos*, 2020, 30 (10): 103117. DOI: 10.1063/5.0020034.
- [42] ST-ONGE G, THIBEAULT V, ALLARD A, *et al.* Social confinement and mesoscopic localization of epidemics on networks [J]. *Physical Review Letters*, 2021, 126 (9): 098301. DOI: 10.1103/PhysRevLett.126.098301.
- [43] ST-ONGE G, THIBEAULT V, ALLARD A, *et al.* Master equation analysis of mesoscopic localization in contagion dynamics on higher-order networks [J]. *Physical Review E*, 2021, 103 (3): 032301. DOI: 10.1103/PhysRevE.103.032301.
- [44] ST-ONGE G, IACOPINI I, LATORA V, *et al.* Influential groups for seeding and sustaining nonlinear contagion in heterogeneous hypergraphs[J]. *Communications Physics*, 2022, 5(1): 1-16. DOI: 10.1038/s42005-021-00788-w.
- [45] SUN H, BIANCONI G. Higher-order percolation processes on multiplex hypergraphs[J]. *Physical Review E*, 2021, 104 (3): 034306. DOI: 10.1103/PhysRevE.104.034306.
- [46] ANTELM I, CORDASCO G, SCARANO V, *et al.* Modeling and Evaluating Epidemic Control Strategies With High-Order Temporal Networks[J]. *IEEE Access*, 2021, 9: 140938-140964. DOI: 10.1109/ACCESS.2021.3119459.
- [47] HONG D, DEY R, LIN X, *et al.* Group testing via hypergraph factorization applied to COVID-19 [J]. *Nature Communications*, 2022, 13(1): 1-13. DOI: 10.1038/s41467-022-29389-z.



靳焜,男,山西大学二级教授,博导;现任山西省复杂系统创新团队带头人,山西省数学会理事长,中国数学会理事,山西省“疾病防控的数学技术与大数据分析”重点实验室主任;Frontiers of Physics,Journal of Biological Systems等5个期刊编委;获教育部新世纪优秀人才,全国优秀教师,享受国务院政府特殊津贴;主要从事生物动力系统、复杂网络系统、健康大数据分析研究,发表SCI论文300余篇,被引近1万次,连续入选爱思唯尔高被引学者,出版专著7部;主持国家级项目10项,其中国家基金重点项目2项,国家重点研发计划子项目1项;曾获山西省科学技术奖(自然科学类)一等奖2项,二等奖1项,教育部高等学校优秀成果二等(自然科学类)奖1项。E-mail:jinzhen@sxu.edu.cn



张菊平,女,教授;博士,加拿大 York University 博士后,博士生导师;“三晋英才”青年优秀人才;目前主要从事生物数学及复杂网络上的传播动力学研究工作;主持完成国家和省部级项目 7 项,包括国家基金面上项目等;在 JMB, BMB, JTB 等期刊发表论文 40 余篇,参编出版专著 1 部;获山西省科学技术奖(自然科学类)一等奖 2 项,山西省高等学校优秀成果(自然科学类)二等奖 1 项。

(责任编辑:彭 鹏)