arXiv:2601.03563v1 [physics.soc-ph] 7 Jan 2026

具有不同飞沫和气溶胶传播模式的超图疾病传播模型

Tung D. Nguyen[1] 和 Mason A. Porter[2]

[1] *Department of Mathematics, University of California Los Angeles, CA, USA*[2] *Department of Mathematics, University of California Los Angeles, CA, USA; Department of Sociology, Universityof California Los Angeles, CA, USA; Santa Fe Institute, Santa Fe, NM, USA*

摘要

我们研究具有两种不同传播模式的传染病传播，例如由呼吸道病毒引起的疾病。为此，我们考虑超图上的易感者–感染者–易感者（SIS）疾病模型，该模型能够纳入二元（即成对）和多元（即群体）相互作用对疾病传播的影响。这种疾病可以通过直接社会接触产生的大飞沫传播，我们将其与边（即大小为 2 的超边）联系起来；也可以通过环境中的感染性气溶胶传播，这对应于大小至少为 3 的超边（即多元相互作用）。我们针对两类超图推导了模型的平均场近似，并得到了用于判定疾病是消退还是成为地方性流行的阈值条件。此外，我们通过数值模拟模型及其平均场近似，考察了多种因素对疾病动力学的影响，包括超边大小（大小均匀时）、超边大小分布（大小不均匀时）以及超边恢复率（大小不均匀时）。

与生命科学的相关性

在本文中，我们构建了一个基于网络的疾病传播模型，明确区分两种不同的传播模式：（1）通过大飞沫传播（涉及直接的社会接触）；（2）通过环境中的气溶胶传播。我们的模型纳入了若干重要的生物学特征，并使我们能够得出各种相关的生物学结论。首先，我们区分了两种传播模式对疾病动力学的影响。其次，我们根据疾病传播所在超图的结构，获得了有益的见解。对于超边大小均匀（即群体规模均匀）的超图，我们发现，减小群体规模可能是根除所研究疾病最有效的方法。对于超边大小非均匀的超图，我们发现，与群体规模均匀且适中的情形相比，少数规模很大的群体和许多小群体（即重尾超边大小分布）会延长疾病根除所需的时间，甚至可能导致疾病成为地方性流行。最后，如果要通过提高群体恢复率来对抗疾病（例如改善通风或空气过滤），我们发现，根据群体规模采取差异化方式提高恢复率，与对所有群体统一提高恢复率同样有效，但成本可能更低。

数学内容

我们在超图上构建了一种随机易感–感染–易感（SIS）模型，其中节点和群组（即大小至少为 3 的超边）都具有各自的状态变量。迄今为止，研究者分析的网络模型中，只有极少数同时为节点和超边（而非仅节点）设置了各自的状态变量。我们针对完全均匀超图和正则均匀

超图推导了该疾病传播模型的平均场近似，并为这些近似建立了 SIS疾病持续存在的阈值条件。我们以平均场近似为指导，开展个体层面随机模拟，研究各种网络参数和其他模型参数如何影响疾病动力学。我们展示了二元相互作用和多元相互作用在疾病动力学中都发挥着重要作用。

1 引言

数学建模是帮助理解、预测和控制传染病传播的重要方法 [8, 9]。疾病动力学的数学建模历史悠久，可追溯到约 100 年前确定性舱室模型的发展 [24]。此后，疾病动力学建模取得了诸多进展，包括纳入随机效应 [1, 2], 、利用网络结构描述个体之间的接触和相互作用 [23, 25, 33, 35], ，以及考虑面向应用的细节（例如保持社交距离 [38],、口罩使用 [13],和建筑通风 [17]）。

传统上，可以在图上对疾病传播进行建模，其中节点代表个体，边表示个体之间的二元（即成对）相互作用 [16, 40]。近年来，人们对使用超图将多元相互作用（有时也称为“高阶”相互作用，通常表示群体相互作用）纳入疾病传播网络模型越来越感兴趣 [5–7, 11, 22, 26]。关于多元网络上动力学过程的广泛讨论，参见 [3–6, 28] 。

研究超图上的疾病传播有多种方式 [4]。一些研究者在考察这类动力学时，并未区分通过二元相互作用和多元相互作用进行的传播 [7, 22]。另一些研究者则通过为这两类相互作用采用不同的感染率，来区分二元相互作用和多元相互作用 [26]。然而，对于某些疾病而言，它们通过二元和多元渠道传播时存在更根本的差异。例如，COVID-19 等呼吸道病毒可以在人与人近距离接触时通过大飞沫传播，也可以通过感染性气溶胶进行空气传播 [12]。这两种传播模式的机制截然不同，且受不同的人类和环境因素影响 [39]。某些疾病缓解政策，例如不同类型的非药物干预，对其中一种感染模式的效果可能优于另一种。例如，仅靠保持社交距离有助于减少飞沫传播，但在通风不良的建筑中，预防气溶胶传播疾病可能效果较差 [34]。

本文提出并分析一种具有两种截然不同传播模式的超图疾病传播模型。在我们的模型中，大小为2的超边（即普通边）编码二元相互作用，表示个体之间的直接接触；大小为s 、带有 $s \geq 3$ 的超边则编码多元相互作用，表示家庭或工作场所等物理环境（而非由个体组成的社交群体）。我们将疾病的飞沫传播模式与大小为2的超边相关联，将气溶胶传播模式与所有其他超边相关联。此外，除了为节点赋予状态（易感或感染）之外，我们还为超边赋予状态（受污染或未污染），以描述环境中感染性气溶胶浓度较高或较低的情形。在流行病学的舱室模型中，已有研究考虑过为环境赋予状态的思路（例如，参见 [14, 18, 27]）。本文将这一思路拓展至网络模型。我们为超边赋予状态的做法，也受到近期关于超图上的意见动力学 [37] 以及单纯复形上的同步 [29]的研究启发。

我们研究我们的 s 从解析和数值两方面研究随机疾病传播模型，以深入了解其动力学 s

。我们针对两种不同类型的超图推导了该模型的平均场近似，并分别得出了两种情况下基本再生数 R_0 的表达式。据此，我们考察了疾病何时持续存在（即 $R_0 > 1$）以及何时消退（即 $R_0 < 1$）。在这两个平均场模型中， R_0 的表达式由两项相加而成，分别对应两种疾病传播模式的贡献。在对随机疾病传播模型进行直接数值模拟时，我们也观察到两种传播模式存在一定程度的分离，但这种分离弱于平均场近似中的情况。

我们结合直接数值模拟和平均场近似，研究超边大小和超边恢复率（即受污染环境中的感染性气溶胶变为未污染状态的速率）的影响。对于超边大小均匀的网络，减小超边大小是降低基本再生数 R_0 的非常有效的方法。对于超边大小不均匀的网络，我们在数值模拟中观察到，与具有均匀中等大小超边的网络相比，少数特别大的超边会延长疾病根除所需的时间（甚至可能导致疾病持续存在）。最后，我们发现，根据超边大小非均匀地提高超边恢复率（例如通过改善通风或空气过滤），可以有效缓解疾病传播。

本文结构如下。第2节介绍随机疾病传播模型，并讨论用于模拟疾病动力学的几种随机超图模型。第3节推导模型的两种平均场近似，并为所研究的疾病消亡或持续存在建立阈值条件。第4节对随机模型进行数值模拟，以检验平均场近似的准确性，并探究网络结构对疾病动力学的影响。最后，第5节总结研究发现，并讨论研究结果可能带来的影响以及未来研究方向。我们的代码可在 https://github.com/TungDaoNguyen/SIS_Hypergraph 获取。

2 超图上的双传播模式随机疾病模型

本节介绍我们在超图上构建的具有两种传播模式的易感–感染–易感（SIS）疾病模型。我们在第2.1节回顾超图的一些基本概念，在第2.2节介绍超图上的疾病动力学模型，并在第2.3节讨论所采用的随机超图模型。

2.1 超图

考虑一个无权超图（V， E）。节点集 V 代表个体。假设超边集 $E = E_d \cup E_e$ 包含两类互不相交的超边，分别对应于我们疾病动力学模型中的两种不同传播模式。集合 E_d 由大小为2的超边组成。这些超边编码成对（即二元）相互作用，表示两个个体之间的直接接触。我们将这些超边与通过大飞沫传播疾病联系起来。集合 E_e 由大小至少为3的超边组成。这些超边编码多元相互作用，表示个体所处的室内物理环境（如家庭、工作场所和学校教室）。我们将这些超边与通过感染者产生的空气传播气溶胶传播疾病联系起来。

令 $N = |V|$ 表示超图中的节点数， $M = |E|$ 表示超图中的超边数。下文中，我们将子集 E_d 中的超边称为 “ 边 ”，将子集 E_e 中的超边称为 “ 超边 ”。基于这一术语，我们

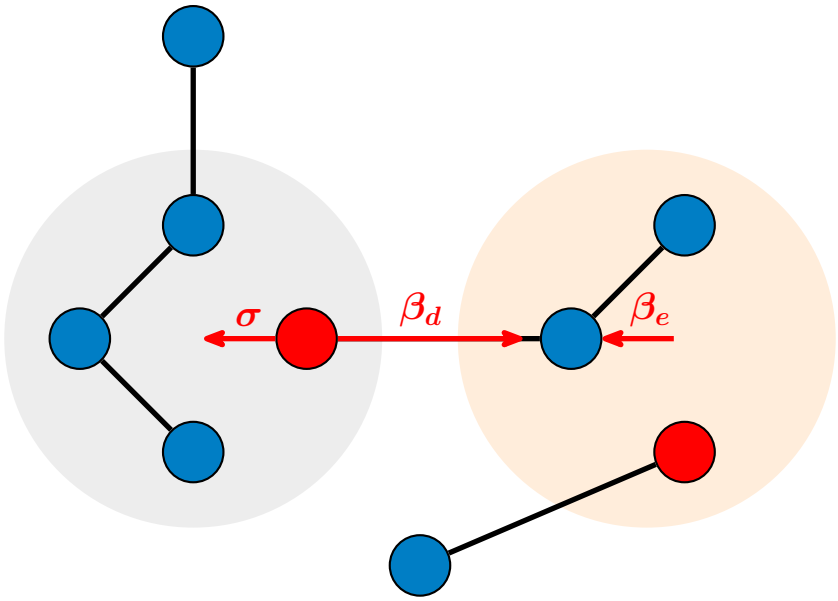


图 1：我们的疾病传播随机模型中感染机制的示意图。感染节点（红色）以速率 β_d 通过边感染易感节点（蓝色）。感染节点以速率 σ感染包含它们的未污染超边（灰色）。受污染超边（浅橙色）以速率 β_e感染与其相连的易感节点。

令 $M_d = |E_d|$ d 表示边数，令 $M_e = |E_e|$ 表示超边数 .

为方便起见，我们使用关联矩阵 $\mathcal{I}$描述超图。该矩阵是一个 $N \times M$矩阵：当节点 i 属于超边 h 时， $\mathcal{I}_{ih} = 1$ ；否则为 $\mathcal{I}_{ih} = 0$ [31]。此外，我们使用 $\mathcal{I}^d$ 表示相对于边的关联矩阵，并使用 $\mathcal{I}^e$ 表示相对于超边的关联矩阵。 $N \times N$ 矩阵 $\mathcal{W}^d = \mathcal{I}^d(\mathcal{I}^d)^T$ 的元素为 $\mathcal{W}^d_{ij}$ ，记录包含节点 i 和 j的边数； $N \times N$ 矩阵 $\mathcal{W}^e = \mathcal{I}^e(\mathcal{I}^e)^T$ 则记录包含每一对节点的超边数。

2.2 疾病传播模型

我们的疾病传播模型是一个连续时间、离散状态的马尔可夫过程，其状态向量为（$\boldsymbol{X}(t)$ $\boldsymbol{Y}(t)$），其中 $\boldsymbol{X}(t)$ 表示节点的状态， $\boldsymbol{Y}(t)$ 表示 E_e 中超边（即大小至少为 3 的超边）的状态。对于每个节点 $i \in V$，若节点在时间 t 处于感染状态，则其状态为 $X_i(t) = 1$；若在时间 t 处于易感状态，则其状态为 $X_i(t) = 0$ 。对于每条超边 $\ell \in E_e$，若超边在时间 t 处于受污染状态（即感染性气溶胶浓度较高），则其状态为 $Y_\ell(t) = 1$ ；若处于未污染状态（即感染性气溶胶浓度较低），则其状态为 $Y_\ell(t) = 0$ 。

现在我们描述 E_e 中节点状态和超边状态的更新规则。

1. 易感节点 $i \in V$ 以一定速率被感染

$$\beta_d \sum_{h \in E_d} \mathcal{I}_{ih} \left(\sum_{j \neq i} X_j \mathcal{I}_{jh} \right) + \beta_e \sum_{h \in E_e} \mathcal{I}_{ih} Y_h \,, \tag{2.1}$$

其中， β_d 和 β_e 是与两种传播模式相关的正常数。

2. 感染节点 $i \in V$ 以节点恢复率 γ变为易感状态。

3. 一个未污染超边以速率 $\ell \in E_e$ 变为受污染超边

$$\sigma g\left(\sum_{j\in V} X_j \mathcal{I}_{j\ell}\right), \tag{2.2}$$

其中， σ 是一个表示影响气溶胶传播的环境因素（如温度、湿度和紫外线辐射）的常数, [39] ，函数 g 则规定了环境中的感染个体如何对该环境的病毒传播风险产生影响。为方便起见，我们假设 g 是一个 Sigmoid函数，满足 $g(0) = 0$、 $g'(x) > 0$，且 $g''(x) < 0$ 对于 $x \geq 0$。我们使用函数 $g(x)$ =反正切(x)。

4. 一个受污染超边以超边恢复率 δ变为未污染超边 $\ell \in E_e$ 。该恢复率受气流方向、通风、空气过滤和消毒等环境因素影响 [39]。

我们在表1中总结了模型参数及其定义，并在图1中说明了我们的疾病传播模型的感染机制。在本文的大部分内容中（第4.4节除外），我们假设常数 β_d、 β_e 和 γ 对所有节点都相同，并且常数 σ 和 δ 对 E_e 中的所有超边都相同。在第4.4节中，我们简要使用数值模拟来考察超边恢复率 δ 的非均匀性所产生的影响。未来的研究可以探讨函数 g 的选择以及模型参数异质性的影响。

参数	定义
β_d	个体之间的感染率
β_e	环境对个体的感染率
σ	个体对环境的污染率
γ	个体的恢复率
δ	环境的恢复率
g	描述感染个体对以下方面贡献的函数 环境污染

表1：我们在超图上建立的疾病传播模型中的参数。

2.3 随机超图模型

在本小节中，我们介绍所采用的三种随机超图模型：完全的 $(2, s)$-均匀超图、(k_d, k_e)-正则 $(2, s)$-均匀超图，以及 Erd˝os–R´enyi (ER) 超图。在第3节中，我们针对完全的 $(2, s)$-均匀超图和正则 $(2, s)$-均匀超图，推导随机疾病传播模型 (2.1)–(2.2) 的平均场近似。在第4节中，我们对正则 $(2, s)$-均匀超图和 ER 超图上的随机模型及其平均场近似进行数值模拟。

2.3.1 完全$(2, \ s)$-均匀超图

在一个完全的 $(2, s)$-均匀超图中， E_e 中的所有超边大小均为 s，所有节点对之间都有边相连，并且 s 中的每个节点子集之间都有一条超边相连。

2.3.2 $(k_d,\ k_e)$-正则 $(2,\ s)$-一致超图

在一个 (k_d, k_e)-正则 $(2, s)$-均匀超图中，E_e 中的所有超边大小均为 s，每个节点都关联到 k_d 条边和 k_e 条超边。为简洁起见，在本文余下部分，我们将这些超图称为“正则 $(2, s)$-均匀超图”。

现在我们描述如何生成具有 $N = |V|$ 个节点的正则 $(2,\ s)$-一致超图。我们为每个节点 $i \in V$ 连接 k_d 个用于边的“半边”（即未连接的端点），并连接 k_e 个用于超边的半边。我们通过均匀随机地选取 2 个半边来形成一条边，并通过均匀随机地选取 s 个半边来形成一条超边。我们重复这一过程，直到所有半边都与节点关联。我们要求 $Nk_d/2$ 和 Nk_e/s 都是整数。正则 $(2, s)$-一致超图可能包含自环、自超边、重边和/或多重超边。我们选择保留所有这类边和超边。[1] 关于在普通图背景下此类选择所产生影响的详细讨论，请参见 [15]。

这类超图是 Chodrow 半边标记超图配置模型的一种特殊情况 [10]。在 Chodrow 超图配置模型中，需要指定节点数、超边数、超度序列 $\boldsymbol{k}$和超边大小序列 $\boldsymbol{s}$。在第4节中，我们在正则 $(2,\ s)$-均匀超图上模拟随机疾病传播模型 (2.1)–(2.2)。我们还在具有幂律超度序列的配置模型超图上模拟随机疾病传播模型 (2.1)–(2.2)，但没有观察到超度序列的选择对疾病动力学产生任何显著的定性影响，因此本文省略这些模拟。未来的工作可以进一步研究我们在配置模型超图及其推广模型上的疾病传播模型。

2.3.3 ER 超图

我们还考虑一种随机超图模型，它是 $G(N,\ M)$ ER 图的一种自然推广。我们指定超边数和超边大小。我们将 $G(N,\ M)$ ER 超图记为 $G(N,\ M_d,\ \boldsymbol{M}_e,\ \boldsymbol{s})$，其中向量 $\boldsymbol{M}_e$ 和 $\boldsymbol{s}$ 指定了各个大小的超边数。对于 $i \in \{1, \ldots, |\boldsymbol{s}|\}$，有 $M_{e,\ i}$ 条大小为 s_i 的超边。对于每条大小为 s_i的超边，我们从 N 个节点的集合中均匀随机地选取 s_i 个节点。以这种方式构造的超图可能包含自环、自超边、重边和/或多重超边；我们选择保留它们。[2]

3 平均场近似

本节中，我们分别为完全（$2, s$）均匀超图（见第3.1节）和正则（$2, s$）均匀超图（见第3.2节）的随机疾病传播模型（2.1）–（2.2）推导平均场近似。我们还简要讨论后者的一些实际意义，因为我们在第4节中用它来指导许多模拟。

3.1 完全（$2, s$）均匀超图的平均场近似

我们针对完全的 $(2,\ s)$-均匀超图构建了平均场近似，并确定了平均场模型中疾病的灭绝阈值（即无病平衡点局部稳定的条件）。我们采用个体层面方法 [33]。

[1]实际上，我们考察的网络都没有自环、自超边、重边或多重超边。[2]对于这个模型，实际上我们的网络也都没有自环、自超边、重边或多重超边。

考虑节点 $i \in V$ 和超边 $\ell \in E_e$ 的 $X_i(t)$ 与 $Y_\ell(t)$ 的期望值:

$$x_i(t) := \mathbb{E}(X_i(t)) = \mathbb{P}(X_i(t) = 1)\,,$$
$$y_\ell(t) := \mathbb{E}(Y_\ell(t)) = \mathbb{P}(Y_\ell(t) = 1)\,.$$

对于节点 $i \in V$，我们有

$$\begin{aligned}
\dot{x}_i &= \mathbb{E}\Big[\beta_d \sum_{h\in E_d} \mathcal{I}_{ih}\big(\sum_{j\neq i} X_j \mathcal{I}_{jh}\big) + \beta_e \sum_{h\in E_e} \mathcal{I}_{ih} Y_h\Big]\mathbb{P}(X_i(t)=0) - \gamma \mathbb{P}(X_i(t)=1) \\
&= \Big(\beta_d \sum_{h\in E_d} \mathcal{I}_{ih}\mathbb{E}\big[\sum_{j\neq i} X_j \mathcal{I}_{jh}\big] + \beta_e \sum_{h\in E_e} \mathcal{I}_{ih}\mathbb{E}[Y_h]\Big)(1-x_i) - \gamma x_i \\
&= \Big(\beta_d \sum_{h\in E_d} \mathcal{I}_{ih} \sum_{j\neq i} x_j \mathcal{I}_{jh} + \beta_e \sum_{h\in E_e} \mathcal{I}_{ih} y_h\Big)(1-x_i) - \gamma x_i\,.
\end{aligned}$$

类似地，对于超边 $\ell \in E_e$，我们有

$$\dot{y}_\ell = \sigma \mathbb{E}\Big[g\big(\sum_{j\in V} X_i \mathcal{I}_{i\ell}\big)\Big](1-y_\ell) - \delta y_\ell\,.$$

我们通过交换函数 g 的运算与取期望的次序，进一步进行近似，从而得到一个确定性的平均场常微分方程（ODE）系统

$$\begin{aligned}
\dot{x}_i &= F_i(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) := \Big(\beta_d \sum_{h\in E_d} \mathcal{I}_{ih} \sum_{j\neq i} x_j \mathcal{I}_{jh} + \beta_e \sum_{h\in E_e} \mathcal{I}_{ih} y_h\Big)(1-x_i) - \gamma x_i\,, \\
\dot{y}_\ell &= G_\ell(\boldsymbol{x}, \boldsymbol{y}) := \sigma g\big(\sum_{j\in V} x_j \mathcal{I}_{j\ell}\big)(1-y_\ell) - \delta y_\ell\,.
\end{aligned} \tag{3.1}$$

现在，我们给出一个充分条件，使 (3.1) 的无病平衡点（DFE） $\mathbf{0} \in \mathbb{R}^{N+M_e}$ 局部渐近稳定。

定理 3.1. *(3.1)* 的无病平衡点在 $R_0^{\mathrm{c}} < 1$ 时局部渐近稳定，在$R_0^{\mathrm{c}} > 1$ 时不稳定，其中

$$R_0^{\mathrm{c}} = \frac{\beta_d(N-1)}{\gamma} + \frac{\beta_e \sigma g'(0)\binom{N-1}{s-1} s}{\gamma\delta}\,. \tag{3.2}$$

证明. 由于 $g(0) = 0$，点 $\mathbf{0} \in \mathbb{R}^{N+M_e}$ 是系统 (3.1) 的一个平衡点。只需证明雅可比矩阵 $J(0)$ 的每个特征值的实部均为负。

我们计算

$$\begin{aligned}
\frac{\partial F_i}{\partial x_j} &= \begin{cases} \beta_d\big(\sum_{h\in E_d} \mathcal{I}_{ih}\mathcal{I}_{jh}\big)(1-x_i) & \text{if} \quad j \neq i \\ -\big(\beta_d \sum_{h\in E_d} \mathcal{I}_{ih} \sum_{j\in V} x_j \mathcal{I}_{jh} + \beta_e \sum_{h\in E_e} \mathcal{I}_{ih} y_h\big) - \gamma & \text{if} \quad j = i\,, \end{cases} \\
\frac{\partial F_i}{\partial y_h} &= \beta_e \mathcal{I}_{ih}(1-x_i)\,, \\
\frac{\partial G_\ell}{\partial x_j} &= \sigma g'\big(\sum_{j\in V} x_j \mathcal{I}_{j\ell}\big)\mathcal{I}_{j\ell}(1-y_\ell)\,, \\
\frac{\partial G_\ell}{\partial y_h} &= \begin{cases} 0 & \text{if} \quad m \neq \ell \\ -\delta & \text{if} \quad m = \ell\,. \end{cases}
\end{aligned}$$

在无病平衡点处计算得到的雅可比矩阵为

$$J(\mathbf{0}) = \begin{bmatrix} \beta_d \widetilde{\mathcal{W}}^d - \gamma I_{N\times N} & \beta_e \mathcal{I}^e \\ g'(0)\sigma(\mathcal{I}^e)^T & -\delta I_{M_e\times M_e} \end{bmatrix},$$

其中， $I_{N\times N}$ 和 $I_{M_e\times M_e}$ 分别是大小为 N 和 M_e的单位矩阵，而 $\widetilde{\mathcal{W}}^d$ 是将 $\mathcal{W}^d$ 的对角元素替换为0后得到的矩阵。

相应的特征多项式为

$$p(\lambda) = \det \begin{bmatrix} A & B \\ C & D \end{bmatrix} := \det \begin{bmatrix} \beta_d \widetilde{\mathcal{W}}^d - (\gamma+\lambda) I_{N\times N} & \beta_e \mathcal{I}_e \\ \sigma g'(0)(\mathcal{I}^e)^T & -(\delta+\lambda) I_{M_e\times M_e} \end{bmatrix} = \det(D)\det\big(A - BD^{-1}C\big).$$

注意， $\det(D) = (-1)^{M_e}(\lambda+\delta)^{M_e}$ 且$D^{-1} = \frac{-1}{\delta+\lambda} I_{M_e\times M_e}$。 因此，

$$p(\lambda) = (-1)^{M_e}(\lambda+\delta)^{M_e} q(\lambda),$$

其中

$$q(\lambda) = \det\left(\beta_d \widetilde{\mathcal{W}}^d - (\gamma+\lambda) I_{N\times N} + \frac{\beta_e \sigma g'(0)}{\delta+\lambda}\mathcal{W}^e\right).$$

现在只需证明 $q(\lambda) = 0$ 的每个解的实部均为负。用于近似模型(2.1)–(2.2)的超图是一个完全的 $(2,\ s)$-一致超图，因此我们直接计算

$$\widetilde{\mathcal{W}}^d = \mathbf{1}\mathbf{1}^T - I_{N\times N}$$

and

$$\mathcal{W}^e = \binom{N-2}{s-2}\mathbf{1}\mathbf{1}^T + \left[\binom{N-1}{s-1} - \binom{N-2}{s-2}\right] I_{N\times N} = \binom{N-2}{s-2}\mathbf{1}\mathbf{1}^T + \binom{N-2}{s-2}\frac{N-s}{s-1} I_{N\times N}.$$

由此得到

$$q(\lambda) = \det\big(I_{N\times N} f_1(\lambda) + \mathbf{1}\mathbf{1}^T f_2(\lambda)\big),$$

其中

$$f_1(\lambda) = \binom{N-2}{s-2}\frac{N-s}{s-1}\frac{\beta_e\sigma g'(0)}{\delta+\lambda} - \beta_d - (\gamma+\lambda),$$
$$f_2(\lambda) = \beta_d + \binom{N-2}{s-2}\frac{\beta_e\sigma g'(0)}{\delta+\lambda}.$$

利用矩阵行列式引理 [21]，我们写出

$$\begin{aligned} q(\lambda) &= \det\left(f_1(\lambda)(I_{N\times N} + \frac{f_2(\lambda)}{f_1(\lambda)}\mathbf{1}\mathbf{1}^T\right) \\ &= f_1(\lambda)^N\left(1 + \frac{f_2(\lambda)}{f_1\lambda)}\mathbf{1}^T\mathbf{1}\right) \\ &= f_1(\lambda)^N\left(1 + \frac{N f_2(\lambda)}{f_1(\lambda)}\right). \end{aligned}$$

Th因此， $q(\lambda) = 0$ 的解满足以下条件之一： $f_1(\lambda) = 0$ 或 $f_1(\lambda) + N f_2(\lambda) = 0$.

直接计算可知，$f_1(\lambda) = 0$ 的解就是二次方程 $\lambda^2 + a_1\lambda + a_2 = 0$ 的解，其中

$$a_1 = \gamma + \delta + \beta_d\,,$$
$$a_2 = \gamma\delta + \beta_d\delta - \beta_e\sigma g'(0)\binom{N-2}{s-2}\frac{N-s}{s-1}\,.$$

同样，直接计算可知，$f_1(\lambda) + Nf_2(\lambda) = 0$ 的解是二次方程 $\lambda^2 + b_1\lambda + b_2 = 0$的解，其中

$$b_1 = \gamma + \delta - \beta_d(N-1)\,,$$
$$b_2 = \gamma\delta - \beta_d(N-1)\delta - \beta_e\sigma g'(0)\binom{N-1}{s-1}s = \gamma\delta(1-R_0)\,.$$

我们考虑两种情况。

情况 1： 假设 $R_0^{\mathrm{c}} < 1$。我们有

$$\beta_e\sigma g'(0)\binom{N-2}{s-2}\frac{N-s}{s-1} < \beta_e\sigma g'(0)\binom{N-1}{s-1}s < \gamma\delta\,,$$

其中，第二个不等式由条件 $R_0^{\mathrm{c}} < 1$得出。因此，a_1 和 a_2 均为正数，这意味着 $f_1(\lambda) = 0$ 的所有解都具有负实部。

条件 $R_0^{\mathrm{c}} < 1$ 意味着 $b_2 > 0$ 和 $\beta_d(N-1) < \gamma$。后者意味着 $b_1 > 0$。因此，$f_1(\lambda) + Nf_2(\lambda) = 0$ 的所有解都必须具有负实部。因此，(3.1) 的无病平衡点是局部渐近稳定的。

情况 2： 假设 $R_0^{\mathrm{c}} > 1$。该条件直接意味着 $b_2 < 0$。因此，二次方程 $\lambda^2 + b_1\lambda + b_2 = 0$必有一个正解。因此，(3.1) 的无病平衡点是不稳定的。

□

我们以简短说明本小节结尾，讨论 (3.2) 中 R_0^{c} 的表达式。

注 3.2。 表达式 (3.2) 是两种疾病传播模式贡献之和。影响这两项的唯一参数是节点恢复率（即个体恢复率）γ。当一种模式的贡献超过1时，就不可能通过调整另一种模式的参数（ γ除外）将 R_0^{c} 降至1以下。

3.2 正则$(2, s)$-一致超图的平均场近似

在本小节中，我们给出正则 $(2, s)$-一致超图的平均场近似。回顾可知，在这样的超图中，所有超边的大小均为 s，且每个节点都连接到 k_d条边和 k_e 条超边。

采用基于度的平均场方法 [33], ，我们假设所有节点的行为方式相同，并且 E_e 中的所有超边的行为方式也相同。特别地，我们用确定性常微分方程组近似随机模型 (2.1)–(2.2) 的动力学:

$$\dot{x} = (\beta_d k_d x + \beta_e k_e y)(1-x) - \gamma x\,,$$
$$\dot{y} = \sigma g(sx)(1-y) - \delta y\,, \tag{3.3}$$

其中，$x(t)$ 表示时间 t 时的感染节点比例，$y(t)$ 表示时间 t 时的已污染超边比例。

我们将证明，平均场模型 (3.3) 的基本再生数形式与第 3.1 节中的基本再生数 R_0^{c} 类似。

具体而言，我们证明模型 (3.3) 的基本再生数为

$$R_0^{\mathrm{ru}} = \frac{\beta_d k_d}{\gamma} + \frac{\beta_e \sigma g'(0) k_e s}{\gamma \delta}\,. \tag{3.4}$$

在证明 (3.4) 确实是模型 (3.3) 的基本再生数之前，我们先讨论一下该表达式对 R_0^{ru} 的若干潜在影响。首先，与 (3.2) 一样，表达式 (3.4) 是两种疾病传播模式各自贡献之和。

影响这两项的唯一参数是节点恢复率（即个体恢复率） γ。如果个体恢复得很快，那么他们污染环境的可能性也较低，而这些环境反过来感染其中居住者的可能性也较低。另一个推论是，如果二元传播模式（即通过社会接触传播感染）的贡献满足 $\frac{\beta_d k_d}{\gamma} > 1$，那么就无法通过调控环境因素（即超边参数 β_e、 σ、 k_e、 s 和 δ）来将基本再生数 R_0^{ru} 降至 1 以下。最后，如果 $\frac{\beta_d k_d}{\gamma} < 1$，那么除了通过参数 β_d、 β_e 和 σ 降低感染率，或通过参数 k_d、 k_e 和 s 减少社会接触等控制措施外，提高超边恢复率（即环境恢复率） δ 也有助于降低 R_0^{ru}。在现实生活中，可以通过改善室内建筑的通风和空气过滤来实现这一点 [30, 39]。

定理 3.3。 当 $R_0^{\mathrm{ru}} < 1$ 时，平均场模型 (3.3) 的无病平衡点是局部渐近稳定的。

证明。 由于 $g(0) = 0$，无病平衡点 $\mathbf{0} \in \mathbb{R}^{N+M_e}$ 是系统 (3.3) 的一个平衡点。在该平衡点附近进行线性化可得雅可比矩阵

$$J(\mathbf{0}) = \begin{bmatrix} \beta_d k_d - \gamma & \beta_e k_e \\ \sigma s g'(0) & -\delta \end{bmatrix}.$$

我们计算 $J(\mathbf{0}) = \gamma\delta - \beta_d k_d \delta - \beta_e \sigma g'(0) k_e s = \gamma\delta(1 - R_0^{\mathrm{ru}}) > 0$，得到 $J(\mathbf{0})$ 的行列式，得到 $\det(J(\mathbf{0}))$。$J(\mathbf{0})$ 的迹为 $\mathrm{Tr}(J(\mathbf{0})) = \beta_d k_d - \gamma - \delta < \beta_d k_d - \gamma < 0$，因为 $\frac{\beta_d k_d}{\gamma} < R_0^{\mathrm{ru}} < 1$。因此， $J(\mathbf{0})$ 的特征值必须具有负实部，这意味着无病平衡点是局部渐近稳定的。 □

引理 3.4。 当 $R_0^{\mathrm{ru}} > 1$ 时，平均场模型 (3.3) 具有唯一的正平衡点。

证明。 将 $\dot{y} = 0$ 代入 (3.3)，并求解 y，得到

$$y = \frac{\sigma g(sx)}{\delta + \sigma g(sx)}\,. \tag{3.5}$$

令 $\dot{x} = 0$，并利用 (3.5) 可知， x 的平衡值必须满足

$$\mathcal{F}(x) := \left[\beta_d k_d x + \beta_e k_e \frac{\sigma g(sx)}{\delta + \sigma g(sx)}\right](1 - x) - \gamma x = 0\,.$$

We 现在证明 $\mathcal{F}(x) = 0$ 在 $x^* \in (0, 1)$ 中有唯一解。为方便起见，令 t

$$\mathcal{G}(x) = \beta_d k_d x + \beta_e k_e \frac{\sigma g(sx)}{\delta + \sigma g(sx)}\,. \tag{3.6}$$

$\mathcal{F}$ 的前两个导数为

$$\mathcal{F}'(x) = \mathcal{G}'(x)(1-x) - \mathcal{G}(x) - \gamma \tag{3.7}$$

and

$$\mathcal{F}''(x) = \mathcal{G}''(x)(1-x) - 2\mathcal{G}'(x)\,.$$

因为 $g'(sx) > 0$，我们有

$$\mathcal{G}'(x) = \beta_d k_d + \beta_e k_e \sigma g'(sx) s \frac{\delta}{(\delta + \sigma g(sx))^2} > 0 \tag{3.8}$$

对于任意 $x \geq 0$。此外，

$$\mathcal{G}''(x) = \beta_e k_e \sigma s \delta \left(\frac{g''(sx)s}{(\delta + \sigma g(sx))^2} - \frac{2g'(sx)^2 s}{(\delta + \sigma g(sx))^3} \right) < 0$$

对于任意 $x \geq 0$，因为 $g'(sx) > 0$ 且 $g''(sx) < 0$。因此，$\mathcal{F}''(x) < 0$，这意味着 $\mathcal{F}'(x)$ 是递减的。在 $x = 0$ 处，我们有

$$\mathcal{F}'(0) = \mathcal{G}'(0) - G(0) - \gamma = \beta_d k_d + \frac{\beta_e k_e \sigma g'(0)}{\delta} - \gamma = \gamma(R_0^{\mathrm{ru}} - 1) > 0$$

and

$$\mathcal{F}'(1) = -\mathcal{G}(1) - \gamma < 0\,.$$

因此，$\mathcal{F}'(x) = 0$ 有唯一解 $c \in (0,1)$。此外，对于 $x \in (0,c)$，$\mathcal{F}'(x) > 0$，且对于 $x \in (c,1)$，$\mathcal{F}'(x) < 0$。因为 $\mathcal{F}(0) = 0$ 且 $\mathcal{F}(1) = -\gamma < 0$，$\mathcal{F}(x) = 0$ 在 $(0,c)$ 内没有解，而 $x^* \in (c,1)$ 有唯一解。

利用 (3.5)，可知 y 的平衡值为

$$y^* = \frac{\sigma g(sx^*)}{\delta + \sigma g(sx^*)} \in (0,1)\,, \tag{3.9}$$

这意味着平均场模型 (3.3) 存在唯一的正平衡点 $(x^*,\ y^*)$。

□

引理 3.5. 当 $R_0^{\mathrm{ru}} > 1$ 时，唯一的正平衡点（见引理 *3.4*）是局部渐近稳定的。

证明. 在正平衡点 $(x^*,\ y^*)$ 附近线性化，得到雅可比矩阵

$$J(x^*, y^*) = \begin{bmatrix} \beta_d k_d (1-x^*) - (\beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^*) - \gamma & \beta_e k_e (1-x^*) \\ \sigma s g'(sx^*)(1-y^*) & -\sigma g(sx^*) - \delta \end{bmatrix}.$$

我们观察到 x^* 满足

$$\gamma x^* = (\beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^*)(1-x^*) > \beta_d k_d x^* (1-x^*)\,,$$

这意味着 $\gamma > \beta_d k_d (1-x^*)$。因此，

$$\mathrm{Tr}(J(x^*, y^*)) = \beta_d k_d (1-x^*) - (\beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^*) - \gamma - \sigma g(sx^*) - \delta < 0\,.$$

为证明 $\det(J(x^*, y^*)) > 0$，我们计算

$$\begin{aligned}\det(J(x^*,y^*)) &= (\beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^* + \gamma)(\sigma g(sx^*) + \delta) - (1-x^*)(\beta_d k_d(\sigma g(sx^*)+\delta) + \beta_e k_e \sigma s g'(sx^*)(1-y^*)) \\ &= (\sigma g(sx^*)+\delta)\left(\beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^* + \gamma - (1-x^*)\left(\beta_d k_d + \beta_e k_e \sigma s g'(sx^*)\frac{\delta}{(\delta+\sigma g(sx^*))^2}\right)\right) \\ &= (\sigma g(sx^*)+\delta)(\beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^* + \gamma - (1-x^*)\mathcal{G}'(x^*))\,,\end{aligned}$$

其中，第二个等式由 (3.9) 得出，第三个等式则由 (3.6) 中 $\mathcal{G}$ 的定义以及 (3.8) 中 $\mathcal{G}'$ 的计算得出。根据引理 3.4，对于 $x \in (c, 1)$，我们还有 $\mathcal{F}'(x) < 0$。由于 $x^* \in (c, 1)$，因此 $\mathcal{F}'(x^*) < 0$。利用 (3.7) 可得

$$\mathcal{G}'(x^*)(1-x^*) < \mathcal{G}(x^*) + \gamma = \beta_d k_d x^* + \beta_e k_e \frac{\sigma g(sx^*)}{\delta + \sigma g(sx^*)} + \gamma = \beta_d k_d x^* + \beta_e k_e y^* + \gamma\,.$$

因此，$\det(J(x^*, y^*)) > 0$。

由于 $\mathrm{Tr}(J(x^*, y^*)) < 0$，且 $\det(J(x^*, y^*)) > 0$，矩阵 $J(x^*, y^*)$ 的所有特征值实部均为负，这意味着正平衡点局部渐近稳定。 □

定理 3.6。 当 $R_0^{\mathrm{ru}} > 1$ 时，平均场模型 (3.3) 存在唯一的正平衡点。此外，该模型的无病平衡点不稳定，且正平衡点局部渐近稳定。

证明。 正平衡点的存在性、唯一性和局部稳定性由引理 3.4 和引理 3.5 得出。由定理 3.3 可知，$\det(J(\mathbf{0})) = \gamma\delta(1 - R_0^{\mathrm{ru}}) < 0$，因此 $J(\mathbf{0})$ 有一个正特征值和一个负特征值，这意味着无病平衡点不稳定。 □

注3.7。 我们可以用边和超边的数量来表示式(3.3) 中的基本再生数 R_0^{ru}，而不必用度和超度表示（我们在(3.4)中采用了后一种表示方式）。边的数量为 $M_d = Nk_d/2$，超边的数量为 $M_e = Nk_e/s$。因此，

$$R_0^{\mathrm{ru}} = \frac{2\beta_d M_d}{N\gamma} + \frac{\beta_e \sigma g'(0) M_e s^2}{N\gamma\delta}\,. \tag{3.10}$$

式(3.10) 中关于 R_0^{ru}的表达式表明，超边大小 s对 R_0^{ru}有很大影响。例如，如果超边大小加倍，那么要使 R_0^{ru}保持不变，就需要将恢复率 γ 或 δ 提高至四倍，或者将感染率 β_e 或 σ 降低至原来的四分之一。因此，如果二元传播满足$\frac{2\beta_d M_d}{N\gamma} < 1$，减小超边大小 s （例如，限制室内活动的规模）是降低 R_0^{ru}的有效方法。

4 随机模型(2.1)–(2.2)与平均场模型 (3.3)的模拟

本节将介绍随机模型 (2.1)–(2.2) 的模拟结果，以深入了解平均场近似 (3.3) 的准确性。[3] 我们还通过模拟研究各种网络参数和其他模型参数对疾病动力学的影响，尤其是在超图中引入异质性时。

[3]我们不比较 (2.1)–(2.2) 的模拟结果与平均场近似 (3.1)，因为完全的 $(2, s)$-均匀超图包含数量极其庞大的超边，因此模拟随机模型 (2.1)–(2.2) 的计算成本很高。

在第4.1节中，我们说明模拟算法。在第4.2节中，我们将随机模型 (2.1)–(2.2) 的模拟与平均场近似 (3.3) 的模拟进行比较。在第4.3节和第4.4节中，我们分别讨论超图大小分布和非均匀超边恢复率对疾病动力学的影响。

4.1 模拟算法

我们采用一种常见的个体层面随机模拟算法 [19]。在时间 t，我们生成一个均匀随机向量 $\boldsymbol{r} \in [0,1]^{N+M_e}$。该算法遍历从 $i = 1$到 $i = N$ 的所有节点，以及 E_e 中从 $\ell = 1$ 到 $\ell = M_e$的所有超边，具体步骤如下。

1. 如果节点 i 易感，则在时间 $t + \Delta t$ 满足以下条件时变为感染状态:

$$r_i < 1 - \exp\Big(- \Big(\beta_d \sum_{h \in E_d} \mathcal{I}_{ih} \big(\sum_{j \neq i} X_j \mathcal{I}_{jh} \big) + \beta_e \sum_{h \in E_e} \mathcal{I}_{ih} Y_h \Big) \Delta t \Big) .$$

2. 如果节点 i 感染，则在时间 $t + \Delta t$ 满足以下条件时变为易感状态:

$$r_i < 1 - \exp(-\gamma \Delta t) .$$

3. 如果超边 ℓ 未受污染，则在时间 $t + \Delta t$ 满足以下条件时变为受污染状态：i f

$$r_{N+\ell} < 1 - \exp\Big(- \sigma g \big(\sum_{j \in V} X_j \mathcal{I}_{j\ell} \big) \Delta t \Big) .$$

在我们的模拟中，我们采用 $g(x)$ =反正切(x)，这满足第2.2节中的假设。

4. 如果超边 ℓ 受到污染，则其在时间 $t + \Delta t$ 时变为未污染，条件是

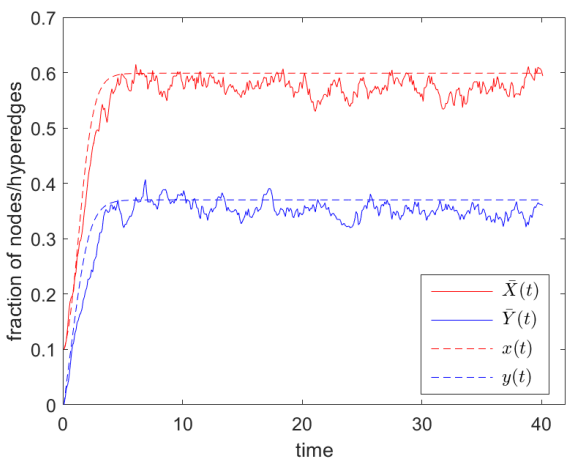
$$r_{N+\ell} < 1 - \exp(-\delta \Delta t) .$$

我们采用步长 $\Delta t = 0.1$，并运行模拟 400 或 800 个时间步。（当系统（2.1）–（2.2）需要更长时间才能收敛时，我们采用后者。）我们指定感染节点的初始比例 p_0，并将其均匀随机选取。在所有模拟中，最初均不存在受污染超边。对于每个初始条件、参数值和超图组合，我们在同一个超图上运行 10 次模拟，并对结果取平均，以平滑模拟结果。我们的代码可在 https://github.com/ TungDaoNguyen/SIS_Hypergraph 获取。

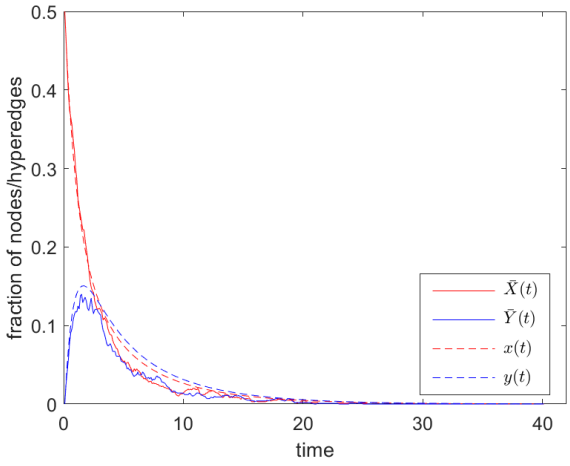
4.2 随机模型 （2.1）–（2.2）与平均场模型 （3.3）的比较

我们首先针对正则（2， s）-一致超图，比较个体层面随机模型（2.1）–（2.2）的模拟结果与平均场近似（3.3）的结果。

在一组模拟中，我们生成一个具有 $N = 100$ 个节点、超边大小为 $s = 4$、度为 $k_d = 20$、超度为 $k_e = 4$ 的单一正则 $(2, s)$-均匀超图。该超图有 1000 条边和 100 条超边。我们比较随机模型 (2.1)–(2.2) 中感染节点的比例 $X(t)$ 和受污染超边的比例 $Y(t)$，以及平均场近似 (3.3) 中相应的比例。我们展示一组模拟的结果，



(a) 地方性流行情景：个体感染率为 $\beta_d = 0.1$，环境感染率为 $\beta_e = 0.2$，环境污染率为 $\sigma = 0.5$，初始感染节点比例为 $p_0 = 0.1$



(b) 无病情景：个体感染率为 $\beta_d = 0.03$，$\beta_e = 0.05$，环境感染率为，环境污染率为 $\sigma = 0.25$，初始感染节点比例为 $p_0 = 0.5$

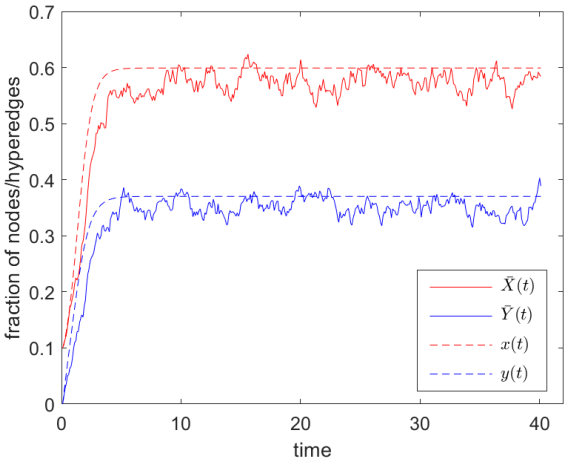
图 2：在规则 $(2, s)$-均匀超图上，个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 中感染节点（红色）和受污染超边（蓝色）的比例（对 10 次模拟取平均）（实线），以及平均场模型 (3.3) 中感染节点（红色）和受污染超边（蓝色）的比例（虚线）。节点和超边的恢复率为 $\gamma = \delta = 1$。(a) 展示地方性流行情景的结果。(b) 展示无病情景的结果。

并且观察到其他组模拟（使用若干不同的正则 $(2, s)$-均匀超图）具有相同的定性动力学。

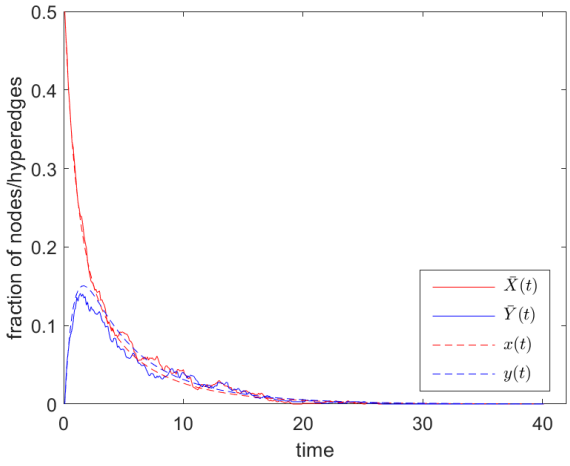
在图2中，我们展示了在两种情景下，平均场模型能够很好地近似随机模拟结果：(a) 选择参数，使得 (3.4) 中的 R_0^{ru} 远大于 1（ R_0^{ru} 的值为 3.60）；(b) 选择参数，使得 (3.4) 中的 R_0^{ru} 明显小于 1（ R_0^{ru} 的值为 0.80）。为方便起见，我们将前一种情景称为“地方性流行情景”，将后一种情景称为“无病情景”。

尽管平均场近似 (3.3) 是针对正则 $(2, s)$-均匀超图设计的，我们也在 ER 超图上的模型 (2.1)–(2.2) 模拟中对其进行了测试。我们生成了一个包含 $N = 100$ 个节点、1000 条边和 100 个大小为 4 的超边的 ER 超图。该超图的平均度为 $k_d = 20$，平均超度为 $k_e = 4$。在平均场模型中，我们使用这些数值替代 k_d 和 k_e。从图3中可以看到，平均场模型在 ER 超图上的表现与在正则 $(2, s)$-均匀超图上一样出色。我们展示了一组模拟的结果，并且发现，使用其他几组模拟（采用多个不同的 ER 超图）时，也会出现相同的定性动力学。

请回顾，平均场模型（3.3）中 R_0^{ru} 的表达式（3.4）分别包含来自二元和多元传播模式的贡献。为考察这一特点，我们在上述 ER 超图上进一步模拟个体层面随机模型（2.1）–（2.2）和平均场模型（3.3）。在图4(a)中，我们考虑二元传播模式（即通过边传播）对 R_0^{ru} 起主导作用的参数。我们观察到，将个体感染率 β_d 减半会使疾病迅速灭绝，而将环境感染率 β_e 或环境污染率 σ 减半则不会显著影响疾病动力学。在图4(b)中，我们考虑多元传播模式（即通过超边传播）对 R_0^{ru} 起主导作用的参数。在这种情况下，将 β_e 或 σ 减半会使疾病迅速灭绝。将 β_d 减半仍会导致疾病灭绝，



(a) 地方性流行情景：个体感染率为 $\beta_d = 0.1$，环境感染率为 $\beta_e = 0.2$，环境污染率为 $\sigma = 0.5$，初始感染节点比例为 $p_0 = 0.1$



(b) 无病情景：个体感染率为 $\beta_d = 0.03$，$\beta_e = 0.05$，环境感染率为，环境污染率为 $\sigma = 0.25$，初始感染节点比例为 $p_0 = 0.5$

图3：在 ER 超图上，个体层面随机模型（2.1）–（2.2）（实线）中感染节点（红色）和受污染超边（蓝色）的比例（基于 10 次模拟取平均），以及平均场模型（3.3）（虚线）中感染节点（红色）和受污染超边（蓝色）的比例。节点和超边的恢复率为 $\gamma = \delta = 1$。(a) 展示地方性流行情景下的结果。(b) 展示无病情景下的结果。

但疾病根除的速度比将 β_e 或 σ 减半时更慢。从这些模拟中，我们得出结论：在个体层面随机模型（2.1）–（2.2）中，我们能够区分两种传播模式的影响，但其影响之间的区别并不像平均场模型（3.3）所显示的那么明显。

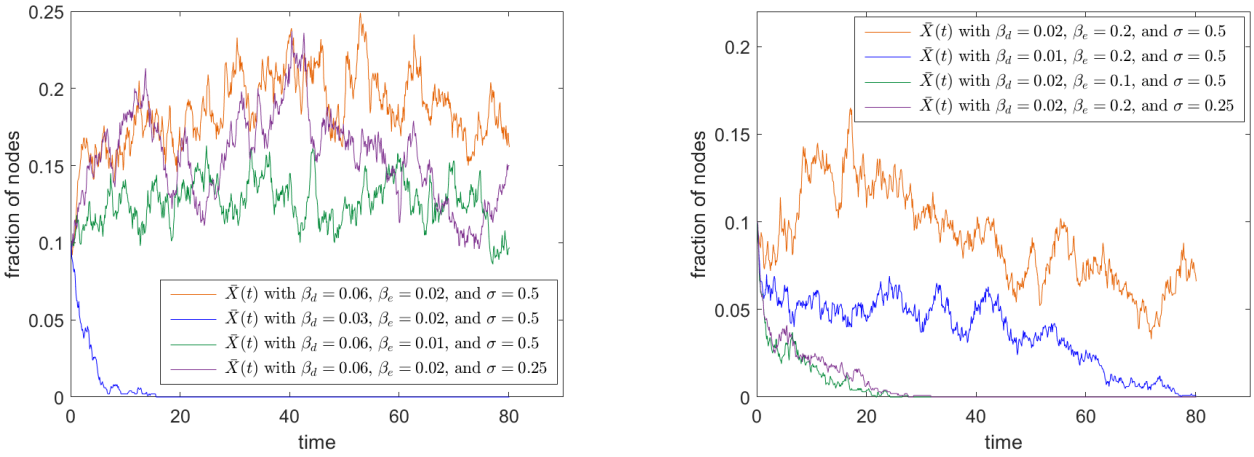
4.3 超图大小分布对疾病动力学的影响

现在我们来考察网络结构对疾病动力学的影响。现实中为应对和控制疾病而采取的政策为我们提供了研究动机。许多此类政策，例如居家办公令和集会规模限制 [20], ，会导致不同的超边大小分布。举例来说，限制集会规模以确保其不过大，会降低大型超边所占的比例，并提高小型超边所占的比例。因此，我们探讨超边大小分布如何影响地方性流行和无病情景下的疾病动力学。

4.3.1 超边大小均匀

对于超边大小均匀的超图，注3.7指出，超边大小会对基本再生数 R_0^{ru}产生显著影响。例如，在规则的（2， s）均匀超图上的平均场模型 (3.3) 中，若将超边大小加倍，就需要将恢复率 γ 或 δ 提高至原来的四倍，或将感染率 β_e 或 σ 降低至原来的四分之一，才能达到相同的R_0^{ru}。

现在，我们通过模拟来考察具有统一超边大小但并非正则的超图中这一影响。我们分别生成两种类型的 ER 超图各一个：超图S4有100个节点、1000条边和100条大小为4的超边；超图 S8有100个节点、1000条边和100条大小为8的超边。图5展示了在这两个超图上对随机模型（2.1）–（2.2）进行模拟所得的感染节点比例。我们选择相同的



(a) 二元传播模式占主导　　(b) 多元传播模式占主导

图4：在 ER 超图上，个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 的感染节点比例（对 10 次模拟取平均），其中 (a) 二元传播模式占主导，(b) 多元传播模式占主导。节点和超边的恢复率为 $\gamma = \delta = 1$。初始感染节点比例为 $p_0 = 0.1$。

参数值用于超图 S4和S8，但对超图 S8有一个参数有所不同。我们观察到，将环境感染率 β_e 降低至原来的四分之一，或将环境恢复率 δ 提高至原来的四倍，会使超图 S8中的感染节点比例与超图 S4 中的大致相近。这一观察结果与注 3.7 中的观察一致。

4.3.2 非均匀超边大小

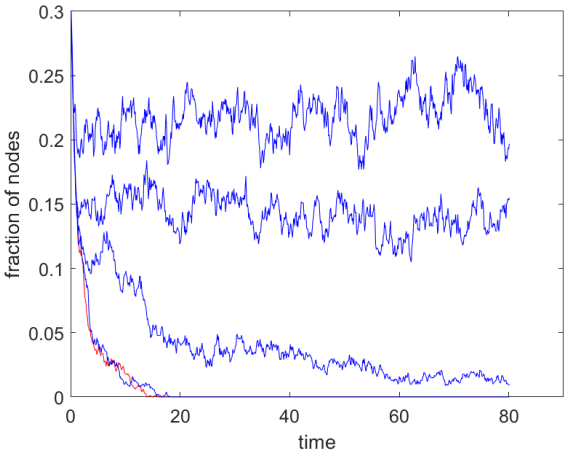
现在，我们考虑超边大小不均匀的超图，并考察超边大小分布如何影响随机模型 (2.1)–(2.2) 的动力学。为了了解超边大小分布对疾病动力学的影响，我们针对具有不同超边大小序列的三种 ER 超图，各生成一个实现，并在其上模拟 (2.1)–(2.2)。

我们生成的三个 ER 超图各有 $N = 100$ 个节点和 $M_d = 1000$ 条边。超图 H1 有 100 条大小为 8 的超边；超图 H2 有 50 条大小为 4 的超边和 50 条大小为 12 的超边；超图 H3 有 80 条大小为 3 的超边和20 条大小为 28 的超边。这些数值确保三个超图的平均超边大小均为 8。

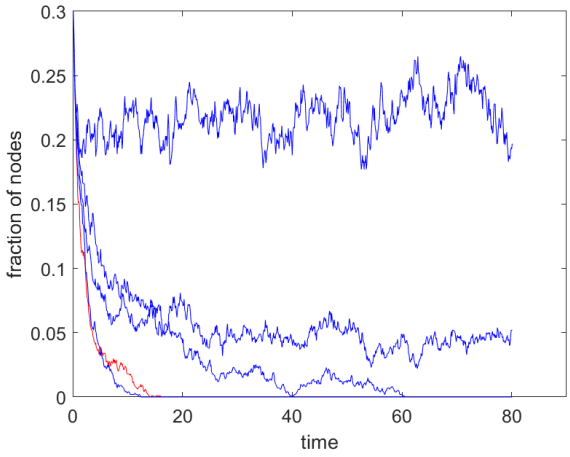
令 $X_1(t)$、$X_2(t)$ 和 $X_3(t)$ 分别表示随机模型 (2.1)–(2.2) 在 H1、H2 和 H3 上感染节点的比例。此外，令 $Y_1(t)$、$Y_2(t)$ 和 $Y_3(t)$ 分别表示随机模型 (2.1)–(2.2) 在 H1、H2 和 H3 上受污染超边的比例。

在图6中，我们展示了超图 H1、H2 和 H3 在地方性流行情景下（即为平均场模型 (3.3) 选择参数，使其对应的 R_0^{ru}（取值为 2.96）充分大于 1）感染节点和受污染超边的比例。尽管超图 H3 的受污染超边比例似乎略低于超图 H1 和 H2 的相应比例，但我们并未观察到这三个超图的地方性流行水平存在任何明显差异。

在图7中，我们展示了感染节点和受污染超边的比例，其中我们选择参数，使得 $R_0^{\mathrm{ru}} = 1.04$ 对于三个超图的平均场模型（3.3）



(a) 在超图 S8 的模拟中改变环境感染率 β_e



(b) 在超图 S8 的模拟中改变环境恢复率 δ

图5：个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 在超图 S4（红色）和超图 S8（蓝色）上的感染节点比例，取 10 次模拟的平均值。对超图 S4 的模拟，我们使用参数值 $\beta_d = 0.01$、 $\beta_e = 0.1$、 $\sigma = 0.5$、 $\gamma = \delta = 1$ 和 $p_0 = 0.3$。(a) 对超图 S8 的模拟，除环境感染率 β_e 外，其他参数值与超图 S4 相同。从上到下， β_e 的值分别为 0.1、0.075、0.05 和 0.025。(b) 对超图 S8 的模拟，除环境恢复率 δ 外，所有参数值均与超图 S4 相同。从上到下， δ 的值分别为 1、2、3 和 4。

H1、H2和H3。我们观察到，与超图H1和H2相比，疾病在超图H3上消亡的速度要慢得多。

在图 8 中，我们考察将环境感染率 β_e 从 0.02（图 7 中的取值）提高到 0.03 时，疾病动力学如何变化。疾病仍会在超图 H1 和 H2 中灭绝，但现在似乎会在超图 H3 中持续存在。我们推测，超图 H3 中存在少数非常大的超边（对应于同一地点的大型人员聚集），可能是疾病持续存在的原因。未来值得对此现象进行更深入的研究，包括系统地考察更多具有非均匀超边大小的超图。

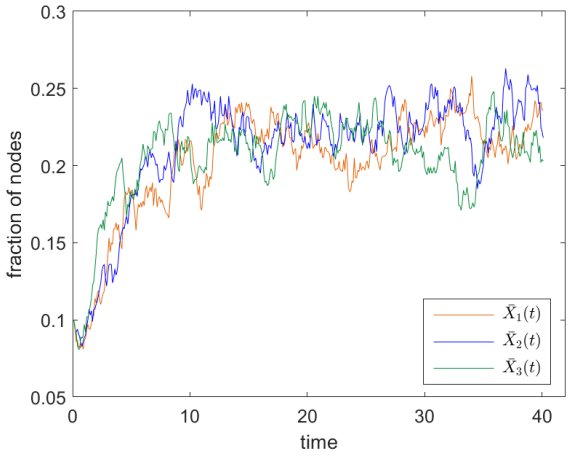
4.4 非均匀 环境恢复率对疾病动力学的影响

对于规则的 $(2, s)$-均匀超图，根据 R_0^{ru}的表达式 (3.4)，我们知道，如果二元传播模式的贡献为 $\frac{\beta_d k_d}{\gamma} < 1$，那么提高环境恢复率 δ 可以使 R_0^{ru}降至 1 以下，从而在平均场模型 (3.3) 中使疾病灭绝。此外，如果固定除 δ 和超边大小 s之外的所有参数，那么 δ 的灭绝阈值为

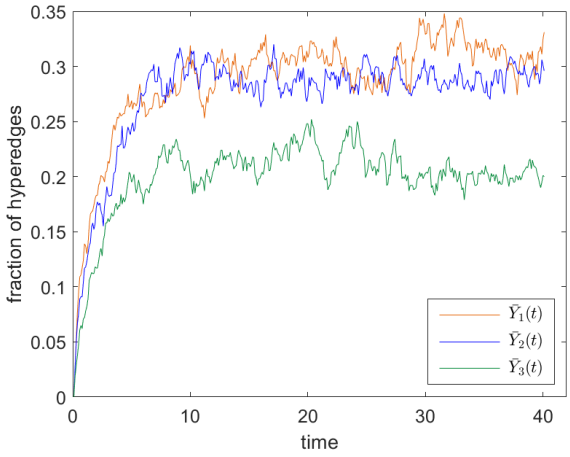
$$\delta_{\mathrm{threshold}} = \frac{\beta_e \sigma g'(0) k_e}{\gamma(1 - \frac{\beta_d k_d}{\gamma})} s\,, \tag{4.1}$$

其线性依赖于 s。

现在，我们对随机模型（2.1）–（2.2）进行数值模拟，以考察在超边大小不均匀的超图中 δ 的影响。受 [30], 中提出的灵活通风设计（根据某一地点的个体数量进行调整）的启发，我们探讨非均匀环境恢复率对疾病动力学的影响。在此情形下，受污染超边 $\ell \in E_e$ 以环境恢复率 δ_ℓ变为未污染超边。

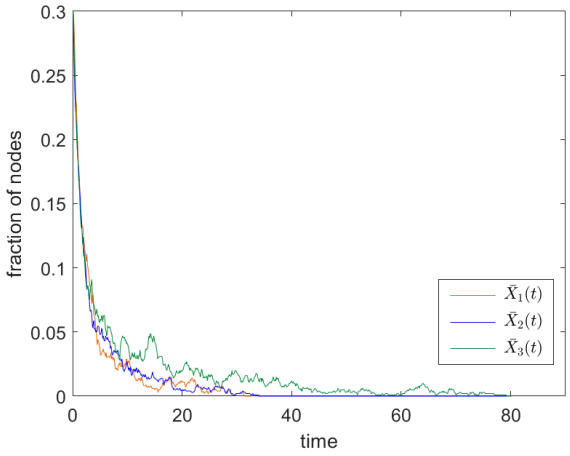


(a) 感染节点比例

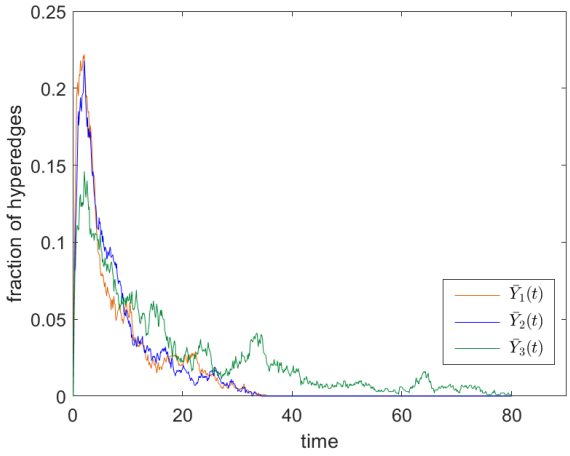


(b) 受污染超边比例

图6：超图 H1（蓝色）、H2（红色）和 H3（黄色）上的个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 中，(a) 感染节点和 (b) 受污染超边的比例（取 10 次模拟的平均值）。感染率分别为 $\beta_d = 0.02$、$\beta_e = 0.08$ 和 $\sigma = 0.5$；恢复率为 $\gamma = \delta = 1$。初始感染节点比例为 $p_0 = 0.1$。

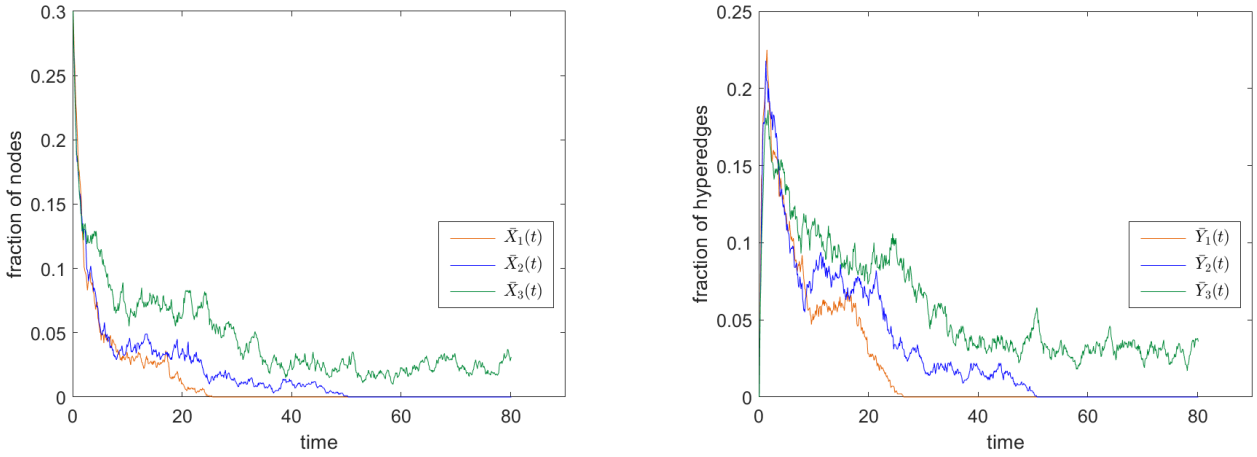


(a) 感染节点比例



(b) 受污染超边比例

图7：超图 H1（蓝色）、H2（红色）和 H3（黄色）上的个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 中，(a) 感染节点和 (b) 受污染超边的比例（取 10 次模拟的平均值）。感染率分别为 $\beta_d = 0.02$、$\beta_e = 0.02$ 和 $\sigma = 0.5$；恢复率为 $\gamma = \delta = 1$。初始感染节点比例为 $p_0 = 0.3$。



(a) 感染节点比例　　(b) 受污染超边比例

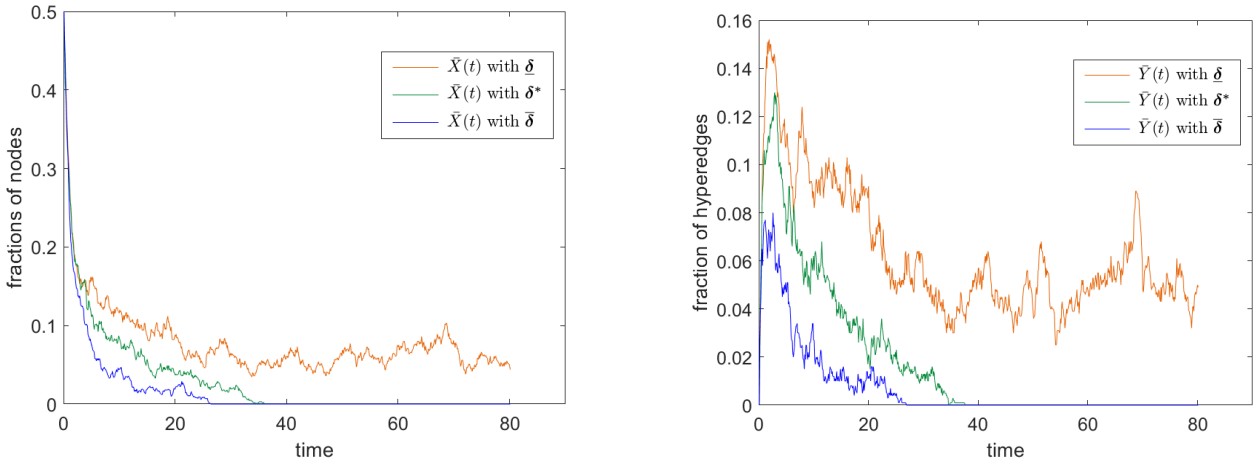
图 8：在个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 中，超图 H1（蓝色）、H2（红色）和 H3（黄色）上的 (a) 感染节点比例和 (b) 受污染超边比例，取 10 次模拟的平均值。感染率为 $\beta_d = 0.02$、$\beta_e = 0.03$ 和 $\sigma = 0.5$；恢复率为 $\gamma = \delta = 1$。初始感染节点比例为 $p_0 = 0.3$。

我们生成一个 ER 超图，其中包含 $N = 100$ 个节点、$M_d = 1000$ 条边、60 条大小为 4 的超边、30 条大小为 12 的超边，以及 10 条大小为 20 的超边。我们在该超图上模拟随机模型 (2.1)–(2.2)，考察环境恢复率的三种设定：(1) $\boldsymbol{\delta}$，所有超边的环境恢复率均为 $\delta_\ell = \delta_{\min} = 1$；(2) $\boldsymbol{\delta}$，所有超边的环境恢复率均为 $\delta_\ell = \delta_{\max} = 2$；(3) $\boldsymbol{\delta}^*$，其中每条 δ_ℓ的环境恢复率都根据超边的大小 s_ℓ 以线性方式确定。具体而言，在第三种情形下，$\delta_\ell = \delta_{\min} + (\delta_{\max} - \delta_{\min})^{\frac{s_\ell - \text{最小值}_\ell\{s_\ell\}}{\text{最大值}_\ell\{s_\ell\} - \text{最小值}_\ell\{s_\ell\}}}$。根据这一线性关系，大小为 4、12 和 20 的超边，其环境恢复率分别为 1、1.5 和 2。图 9 展示了三种环境恢复率设定下的感染节点比例和受污染超边比例。对于 $\boldsymbol{\delta}$，疾病似乎会持续存在；而对于 $\boldsymbol{\delta}$ 和 $\boldsymbol{\delta}^*$，疾病则会灭绝。

5 结论与讨论

我们研究了超图上的易感–感染–易感（SIS）模型，用于描述同时具有二元和多元相互作用的《网络》中的疾病传播。我们模型的一个关键创新之处在于区分了两种不同的传播模式。我们通过为节点和超边分别赋予状态变量，将这一思想纳入疾病传播模型。在我们的模型中，感染个体不仅通过社会接触将疾病传播给其他个体，还会通过释放感染性气溶胶“污染”环境。反过来，受污染环境中的个体可能受到感染。在构建模型后，我们推导了该模型的两种平均场近似，并获得了完全（2，s）均匀超图和正则（2，s）均匀超图的基本再生数近似表达式。随后，我们通过数值模拟表明，在具有均匀超边大小分布的正则（2，s）均匀超图和 Erd˝os–R´enyi（ER）超图上，我们的平均场描述能够较好地近似原始的个体层面随机模型。我们还开展了多种其他模拟，以检验异质超边大小分布和超边恢复率对疾病动力学的影响。

我们的结果具有多方面的实用意义。首先，对于正则的 (2，s)-均匀超图，我们发现，基本再生数 R_0^{ru}是两种不同传播模式所产生贡献之和。



(a) 感染节点比例　　(b) 受污染超边比例

图 9：在具有不同环境恢复率分布的 ER 超图上，个体层面随机模型 (2.1)–(2.2) 中 (a) 感染节点和 (b) 受污染超边的比例，取 10 次模拟的平均值。感染率为 $\beta_d = 0.02$、$\beta_e = 0.08$ 和 $\sigma = 0.2$；个体恢复率为 $\gamma = 1$。初始感染节点比例为 $p_0 = 0.5$。

提高个体的恢复率有助于降低 R_0^{ru}中的两项。此外，如果直接社会接触对感染的贡献足够小，那么缩小超边大小（即聚集活动的规模）是降低 R_0^{ru}的有效方法。其次，对于超边大小分布不均匀的超图，我们对随机模型进行的模拟表明，少数几个特别大的超边可能延长疾病灭绝所需的时间，甚至可能使疾病持续存在，而这种疾病在其他情况下本会消失。最后，我们的分析和数值模拟均表明，提高环境恢复率（例如，通过加强通风和空气过滤）是促使疾病灭绝的重要方法。根据对随机模型的模拟，我们推测，一种有效的做法是根据超边大小提高超边恢复率（即环境恢复率），而不是在所有超边上统一提高恢复率。

我们可以通过多种方式拓展本研究。首先，可以探索模型构建中的不同选择，例如考虑感染个体以不同方式影响环境中的疾病传播风险（我们通过 Sigmoid函数 g对这些方式进行编码），并考虑感染率和恢复率的多种异质分布。此外，考虑不同类型的超图也很有意义，例如构型模型的推广，以及根据经验数据构建的超图。此外，我们为超边指定了离散状态（将其视为未污染或未污染），但为超边指定连续状态可能更符合实际。特别是，有许多室内传播模型（例如参见 [32, 36]），可以将其纳入像我们这样的疾病传播模型中。针对超边大小非均匀的超图推导疾病传播模型的平均场近似也很有意义。利用此类近似，还可以进一步推导出解析结果，从而深入了解超边大小分布和非均匀超边恢复率的影响。这类分析可以为我们在第4.3节和第4.4节中的数值观察提供支持。基于我们的框架研究竞争性疾病的共存也值得探讨。具体而言，考察个体感染率、环境感染率和环境污染率的差异何时会促进或阻碍不同疾病的共存，似乎很有意思。

致谢

感谢 Christine Craib 与我们进行了有益的讨论。

参考文献

[1] L. J. S. Allen. 随机流行病模型导论。载于 F. Brauer、P. Van den Driessche 和 J. Wu 编，《数理流行病学》，第 81–130 页。施普林格，海德堡，德国，2008。[2] H. Andersson 和 T. Britton。《随机流行病模型及其统计分析》。施普林格，海德堡，德国，2000。[3] F. Battiston、E. Amico、A. Barrat、G. Bianconi、G. Ferraz de Arruda、B. Franceschiello、I. Ia-copini、S. K´efi、V. Latora、Y. Moreno、M. M. Murray、T. P. Peixoto、F. Vaccarino 和 G. Petri。复杂系统中高阶相互作用的物理学。《自然·物理》，17(10):1093–1098，2021。[4] F. Battiston、C. Bick、M. Lucas、A. P. Mill´an、P. S. Skardal 和 Y. Zhang。高阶网络上的集体动力学。arXiv:2510.05253，2025。[5] F. Battiston、G. Cencetti、I. Iacopini、V. Latora、M. Lucas、A. Patania、J.-G. Young 和 G. Petri。超越成对相互作用的网络：结构与动力学。《物理报告》，874:1–92，2020。[6] C. Bick、E. Gross、H. A. Harrington 和 M. T. Schaub。什么是高阶网络？SIAM Review，65(3):686–731，2023。[7] ´A. Bod´o、G. Y. Katona 和 P. L. Simon。超图上的SIS流行病传播。《数学生物学通报》，78:713–735，2016。[8]F. Brauer。数理流行病学：过去、现在与未来。《传染病建模》，2(2):113–127，2017。[9] F. Brauer、C. Castillo-Chavez 和 Z. Feng。《流行病学数学模型》。施普林格，海德堡，德国，2019。[10] P. S. Chodrow。随机超图的构型模型。《复杂网络杂志》，8(3):cnaa018，2020。[11] P. Cisneros-Velarde 和 F. Bullo。具有单纯形及高阶相互作用的多群体SIS流行病。《IEEE网络系统控制汇刊》，9(2):695–705，2021。[12] J. L. Domingo、M. Marqu`és 和 J. Rovira。SARS-CoV-2空气传播对COVID-19大流行的影响：综述。《环境研究》，188:109861，2020。[13] S. E. Eikenberry、M. Mancuso、E. Iboi、T. Phan、K. Eikenberry、Y. Kuang、E. Kostelich 和 A. B. Gumel。戴口罩还是不戴口罩：模拟普通公众使用口罩遏制COVID-19大流行的潜力。《传染病建模》，5:293–308，2020。[14]Z. Feng、J. Velasco-Hernandez 和 B. Tapia-Santos。环境驱动型传染病中宿主内与宿主间动力学耦合的数学模型。《数学生物科学》，241(1):49–55，2013。

[15] B. K. Fosdick、D. B. Larremore、J. Nishimura 和 J. Ugander。《基于固定度序列配置随机图模型》。SIAM Review，60(2):315–355，2018。[16] A. Ganesh、L. Massouli´e 和 D. Towsley。《网络拓扑对流行病传播的影响》。载于 IEEE计算机与通信协会第24届年度联合会议论文集，第2卷，第1455–1466页。IEEE，2005。[17] X. Gao、J. Wei、H. Lei、P. Xu、B. J. Cowling 和 Y. Li。《在理想城市的高密度室内接触网络中，建筑通风是有效的疾病干预策略》。PLoS ONE，11(9):e0162481，2016。[18] W. Garira、D. Mathebula 和 R. Netshikweta。《针对环境中自由生活病原体感染的宿主内与宿主间联动动力学数学建模框架》。《数学生物科学》，256:58–78，2014。[19] C. Graham 和 D. Talay。《随机模拟与蒙特卡罗方法：随机模拟的数学基础》。施普林格，德国海德堡，2013。[20] S. Gupta、K. I. Simon 和 C. Wing。《COVID-19 疫情期间强制与自愿社交距离：综述》。第269–315页。约翰斯·霍普金斯大学出版社，美国马里兰州巴尔的摩，2020。特别版。《COVID-19与经济：第一部分》（2020年夏季）。[21] D. A. Harville。《统计学家的矩阵代数视角》。Taylor & Francis，英国米尔顿公园，1998。[22] D. J. Higham 和 H.-L. De Kergorlay。《超图上的流行病：灭绝的谱阈值》。《皇家学会会刊A辑：数学、物理与工程科学》，477(2252):20210232，2021。[23] M. J. Keeling 和 K. T. D. Eames。《网络与流行病模型》。《皇家学会界面杂志》，2(4):295–307，2005。[24]W. O. Kermack 和 A. G. McKendrick。《对流行病数学理论的贡献》。《伦敦皇家学会会刊A辑：数学与物理特征论文集》，115(772):700–721，1927。[25] I. Z. Kiss、J. C. Miller 和 P. L. Simon。《网络流行病学：从精确模型到近似模型》。施普林格，瑞士沙姆，2017。[26] N. W. Landry 和 J. G. Restrepo。《异质性对超图传染模型的影响》。《混沌：非线性科学跨学科期刊》，30(10):103117，2020。[27] C. Lanzas、K. Davies、S. Erwin 和 D. Dawson。《环境传播病原体建模探讨》。《界面聚焦》，10(1):20190056，2020。[28] S. Majhi、M. Perc 和 D. Ghosh。《高阶网络上的动力学：综述》。《皇家学会界面杂志》，19(188):20220043，2022。[29] A. P. Mill´an、H. Sun、L. Giambagli、R. Muolo、T. Carletti、J. J. Torres、F. Radicchi、J. Kurths 和 G. Bianconi。《拓扑塑造高阶网络的动力学》。《自然·物理》，21:353–361，2025。

[30]L. Morawska 等。应对室内呼吸道感染的范式转变。《科学》，372(6543):689–691，2021。[31] M. Newman。《网络》。牛津大学出版社，英国牛津，第二版，2018。[32] C. Noakes、C. Beggs、P. Sleigh 和 K. Kerr。封闭空间中空气传播感染传播的建模。《流行病学与感染》，134(5):1082–1091，2006。[33] R. Pastor-Satorras、C. Castellano、P. Van Mieghem 和 A. Vespignani。复杂网络中的流行病过程。《现代物理学评论》，87(3):925–979，2015。[34] G. Pei、M. Taylor 和 D. Rim。通风房间中的大类呼吸道气溶胶暴露：通风条件、排放模式和社交距离的影响。《可持续城市与社会》，73:103090，2021。[35] M. A. Porter 和 J. P. Gleeson。网络上的动力系统：教程，第4卷。施普林格，瑞士沙姆，2016。[36] E. Riley、G. Murphy 和 R. Riley。郊区小学中的麻疹空气传播。《美国流行病学杂志》，107(5):421–432，1978。[37] C. R. Sampson、J. G. Restrepo 和 M. A. Porter。具有群体意见的意见模型中的振荡与可激发动力学。《物理评论E》，112:024303，2025。[38] C. Sun、W. Yang、J. Arino 和 K. Khan。媒体诱导的社交距离对双斑块环境中疾病传播的影响。《数学生物科学》，230(2):87–95，2011。[39] C. C. Wang、K. A. Prather、J. Sznitman、J. L. Jimenez、S. S. Lakdawala、Z. Tufekci 和 L. C. Marr。呼吸道病毒的空气传播。《科学》，373(6558):eabd9149，2021。[40] Y. Wang、D. Chakrabarti、C. Wang 和 C. Faloutsos。真实网络中的流行病传播：特征值视角。载于：第22届国际可靠分布式系统研讨会，2003年。会议论文集，第25–34页。IEEE，2003。