

# Redes Complexas

## Aula 15

### Roteiro

- Epidemias
- Modelos epidemiológicos
- Epidemia em redes
- Criticalidade em função da estrutura

# Epidemia



## O que é uma epidemia?

- Abstração para processo de contágio
  - 1) O que está sendo contagiado?
  - 2) O que está sendo transmitido?

Sendo contagiado

- Pessoas, animais, plantas, laptop, browser, ...

Sendo transmitido

- vírus, bactéria, ideia, app, boato, medo, música, ...

**Processo fundamental  
na sociedade e natureza**

# Epidemias



## Como representar uma epidemia real?

- 1) Quem pode ser contagiado?
- 2) Como ocorre o contágio?
- 3) O que ocorre depois do contágio?

## Modelos epidemiológicos!

- Modelos matemáticos que simplicam (muito) a realidade

# Modelando Epidemias

- Tema antigo: primeiros estudos matemáticos por Bernoulli, 1760
  - epidemia de varíola na Europa
- Modelos compartimentais
  - aclamado modelo de Kermack–McKendrick, 1927
  - baseado em equações diferenciais
- Modelos estocásticos e determinísticos
- Modelos em redes (explosão a partir de 2000)
  - redes de contato são fundamentais

**Prever evolução da epidemia!**

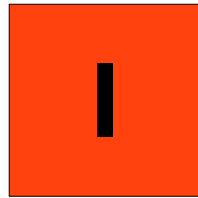
- avaliar técnicas de contenção e prevenção

# Modelo Clássico

- Considera uma população de indivíduos
- Cada indivíduo está em um estado



**Susceptível:**  
pode ser  
infectado



**Infectado:**  
está  
infectando



**Removido:** não  
pode mais ser  
infectado

- Indivíduos transicionam entre estados
- Tipo de epidemia determina transições
  - SI : transição apenas de  $S \rightarrow I$
  - SIS : transição de  $S \rightarrow I$  e de  $I \rightarrow S$
  - SIR : transição de  $S \rightarrow I$  e de  $I \rightarrow R$

# Modelo Clássico



## Como transições ocorrem?

- Depende de como indivíduos se “encontram” (oportunidades de transmissão)
- Homogeneidade populacional
  - indivíduos se misturam e se encontram uniformemente
  - ignora “estrutura” populacional
- Premissa comum (até surgimento de redes)
  - facilita análise matemática
  - representa falta de conhecimento específico
- Modelagem com equações diferenciais
  - modelos de Kermack–McKendrick (1927)

# Modelagem via EDO

- População com  $N$  indivíduos, tempo contínuo
- $S(t)$ : número de suscetíveis no tempo  $t$
- $I(t)$ : número de infectados no tempo  $t$
- $R(t)$ : número de removidos no tempo  $t$
- $\beta$ : taxa de contato de indivíduo
- $1/\gamma$ : tempo até recuperar (removido)

## ■ Equações de uma Epidemia SIR

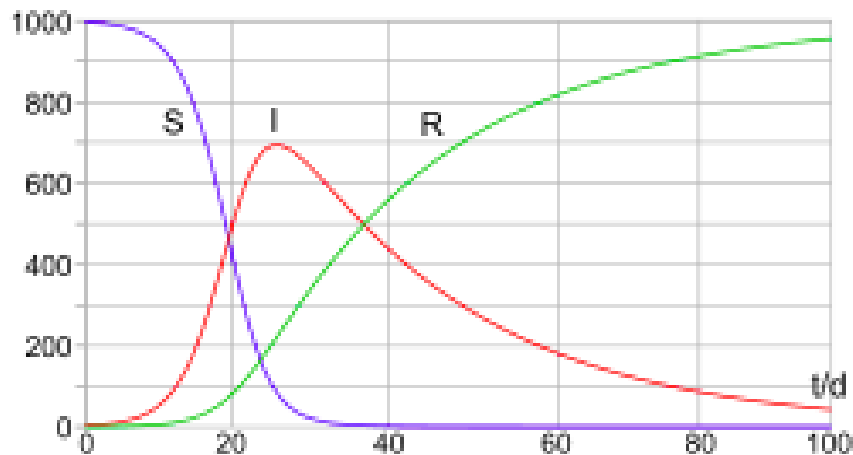
$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta S I}{N} \quad \frac{dI}{dt} = \frac{\beta S I}{N} - \gamma I \quad \frac{dR}{dt} = \gamma I$$

- Equações diferenciais descrevem evolução da população
  - homogeneidade populacional

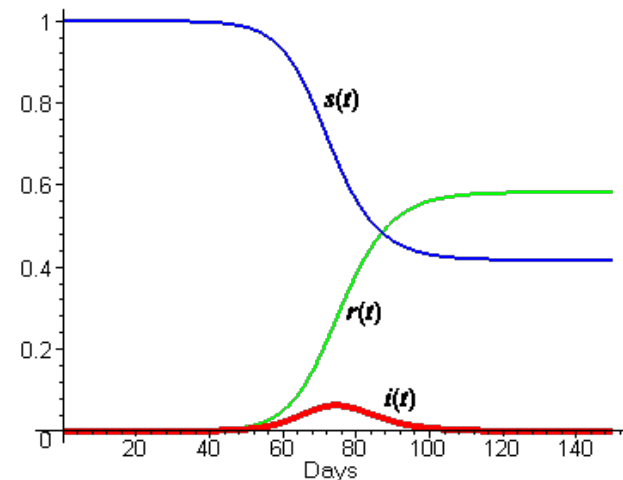
# Comportamento

- No longo prazo  $I$  vai a zero, e logo  $di/dt = 0$

**Caso 1:**  $S$  vai a zero.  
Todos ficam infectados e se recuperam



**Caso 2:**  $S$  não vai a zero. Uma fração permanece susceptível



- Depende dos parâmetros  $\beta$  e  $\gamma$  e  $S(0)$
- Caso 1 se e somente se

$$\frac{\beta}{\gamma} S(0) > N$$

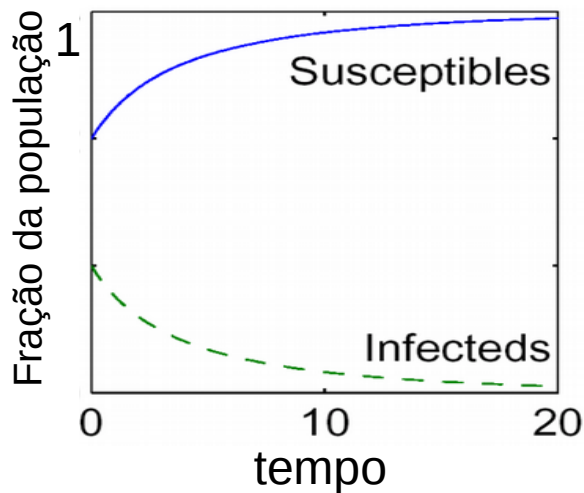


# Epidemia SIS

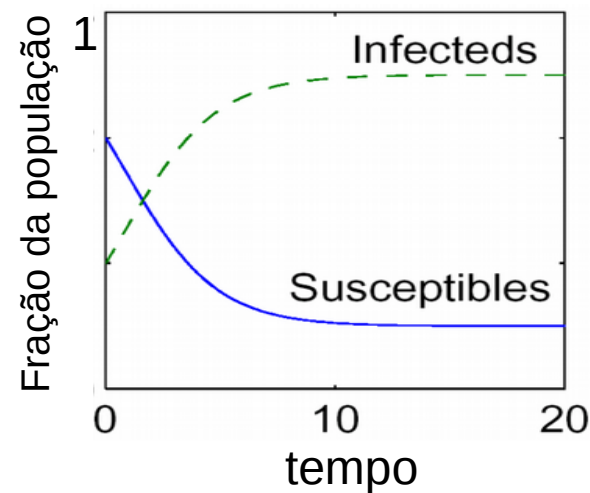
■ Apenas dois estados, infectado volta a ficar susceptível

■ Modelagem  $\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta S I}{N} + \gamma I$        $\frac{dS}{dt} = \frac{\beta S I}{N} - \gamma I$

■ Subcrítica: epidemia morre rápido



■ Supercrítica: epidemia é endêmica (muito longa)



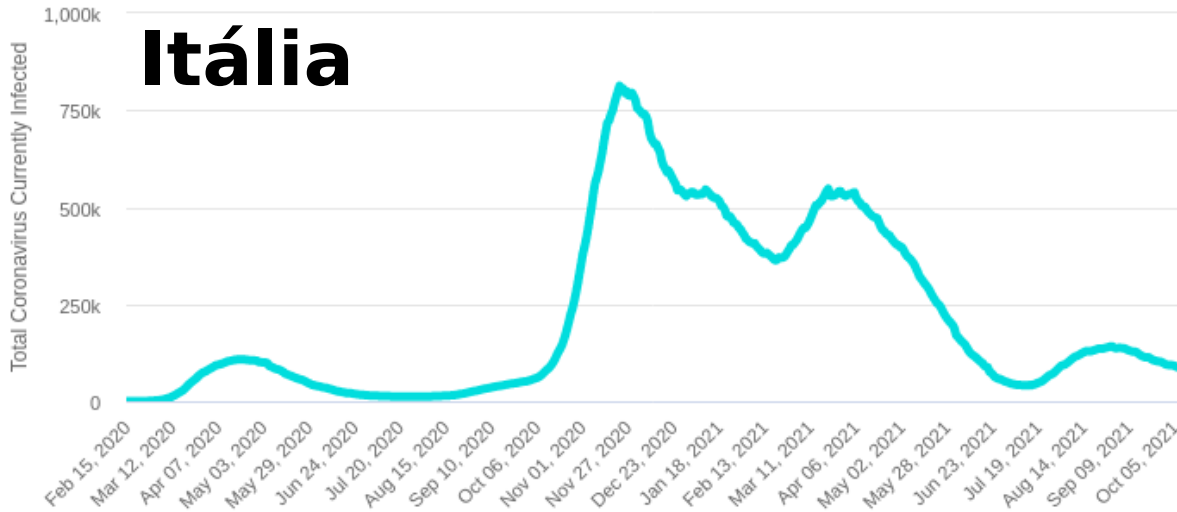
■  $R_0 =$  número básico de reprodução  $= \beta/\gamma$

■ Subcrítica quando  $R_0 \leq 1$ , supercrítica quando  $R_0 > 1$

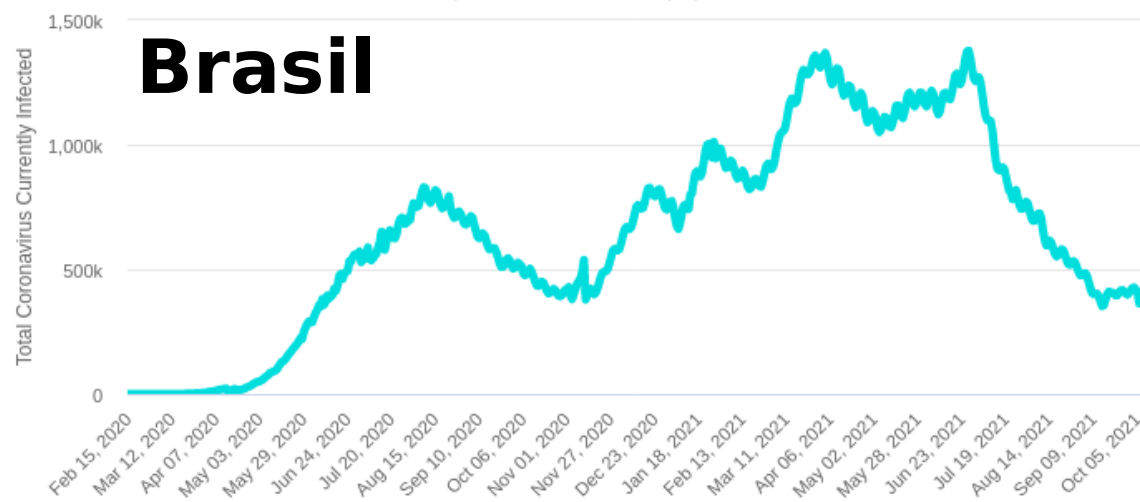
# Mundo Real

- Número de pessoas infectadas (estimado) pelo novo coronavírus (worldometers.info)

Active Cases  
(Number of Infected People)



Active Cases  
(Number of Infected People)



- Epidemia subcrítica ou supercrítica?
- Realidade é bem mais complicada

# Redes Importam

- Chance de você ficar gripado depende muito mais dos seus contatos diários do que população geral
- Epidemias ocorrem sobre redes (de contato)

## Epidemia em Redes

- Qual é o papel da estrutura na epidemia?
- Tema de estudo antigo que ressurgiu com o network science

### **Epidemic spreading in scale-free networks**

R Pastor-Satorras, A Vespignani - Physical Review Letters (PRL), 2001 – 6300+ citações!

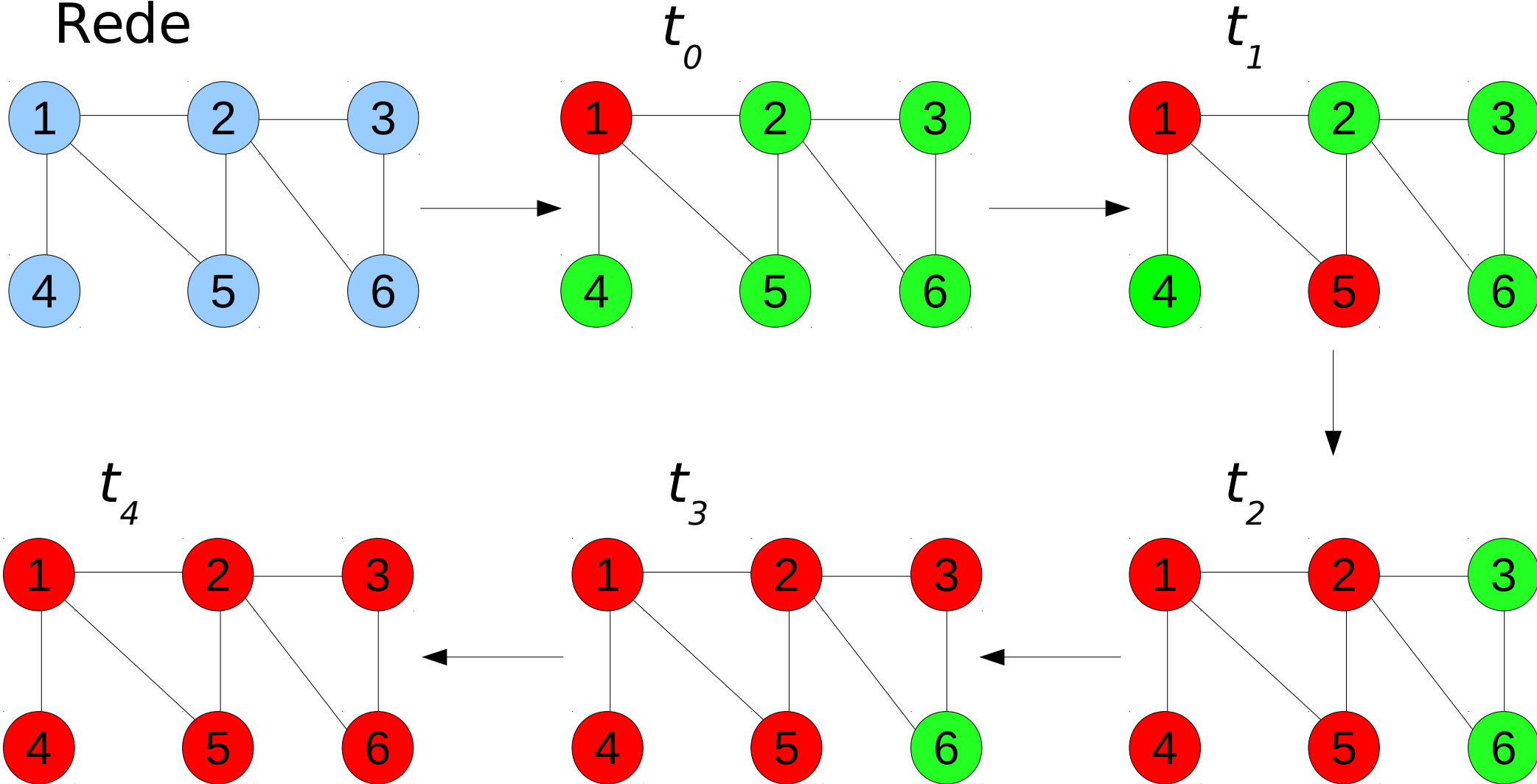
# Epidemia em Redes

- Vértices: agentes (ex. pessoas)
- Arestas: possibilidade de infeção
  - se  $i$  pode infectar  $j$ , então existe aresta  $(i, j)$
- Vértices possuem estado que varia no tempo
  - S, I, R
- Contágio ocorre através das arestas da rede
  - $i$  só pode ser infectado se possuir ao menos um vizinho infectado

# Exemplo - SI

■ Modelo SI: S = verde, I = vermelho

Rede

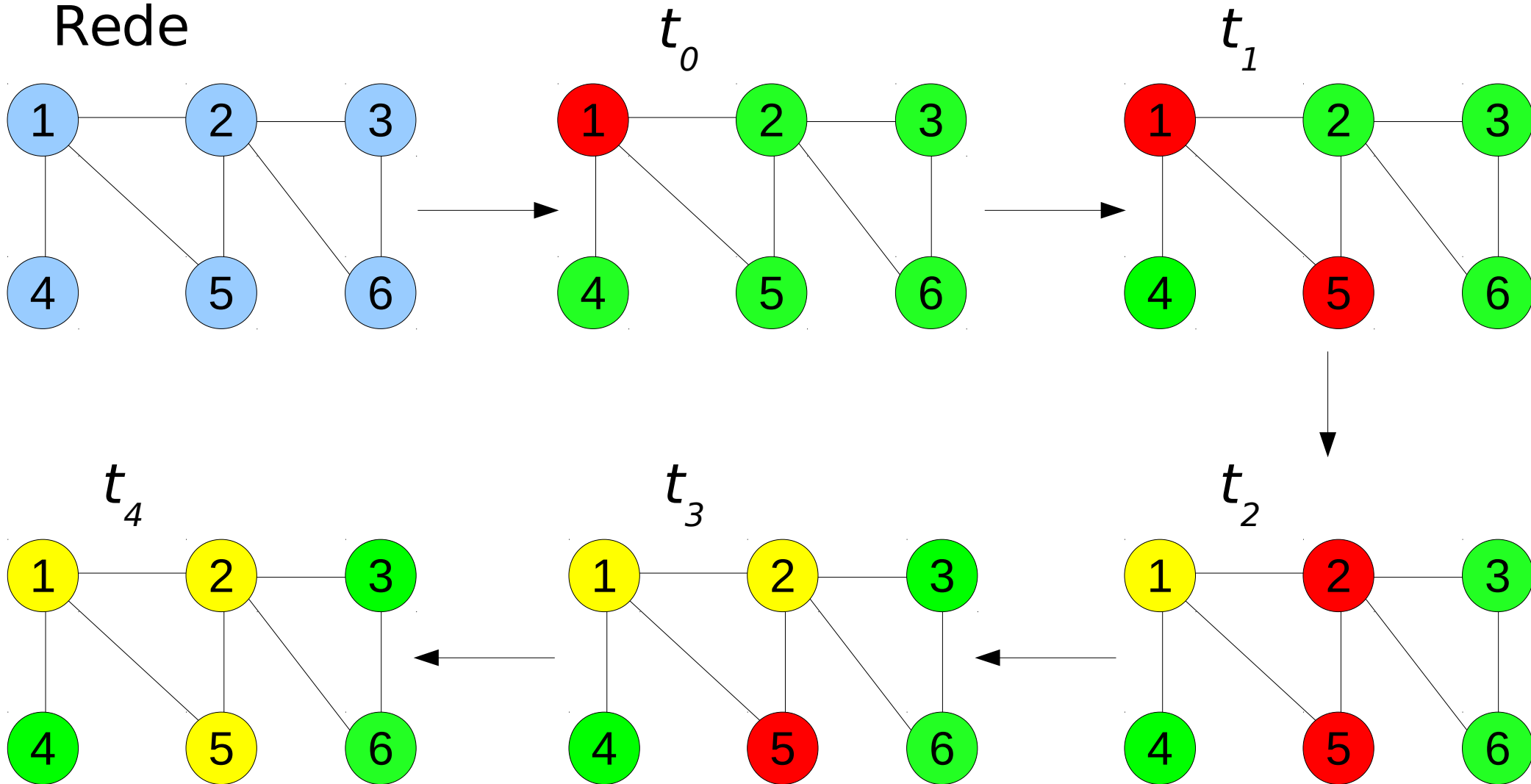


■ População completamente infectada

# Exemplo - SIR

■ Modelo SIR: S = verde, I = vermelho, R = amarelo

Rede



■ População parcialmente infectada

# Modelo de Contágio

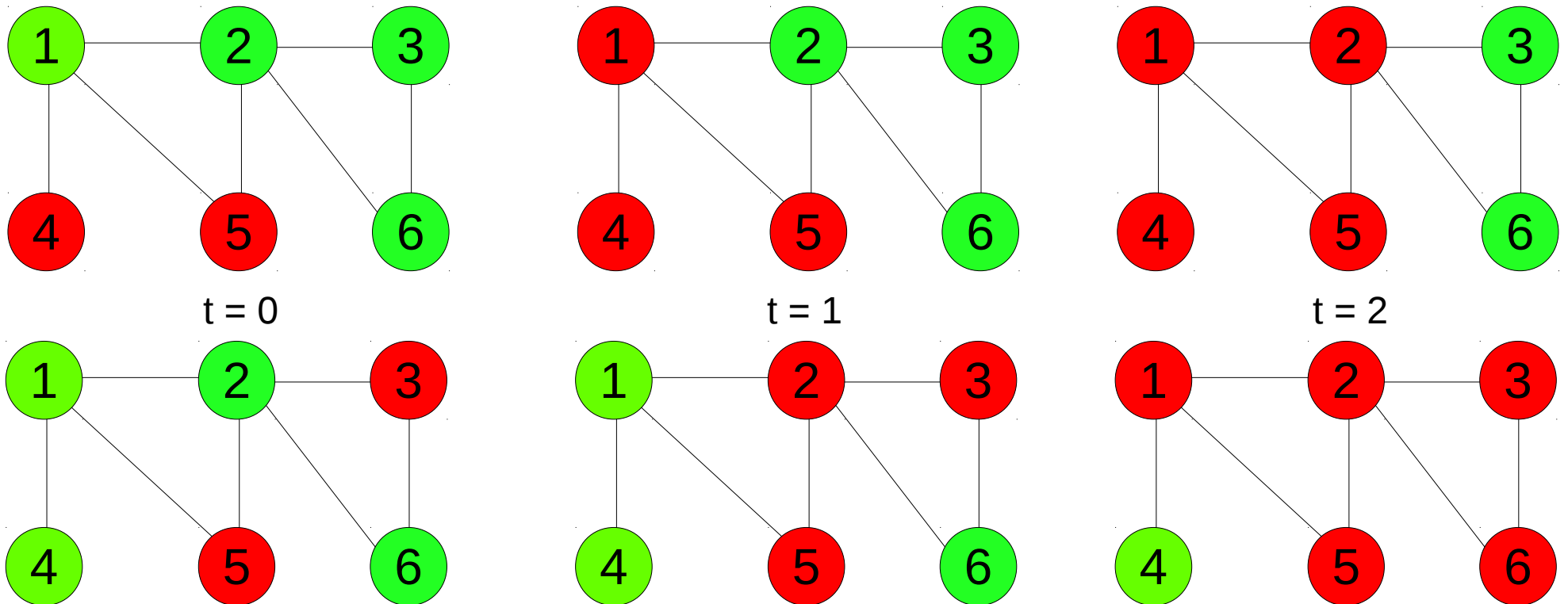
- Define como e quando vértice pode ser infectado
  - determinístico ou aleatório
  - tempo discreto ou contínuo
- Modelo de Threshold (discreto e determinístico)
  - vértice infectado em  $t+1$  se possui ao menos  $k$  vizinhos infectados no tempo  $t$
- Modelo Exponencial (contínuo e aleatório)
  - taxa de infecção do vértice é  $\beta$  vezes número de vizinhos infectados

**Muitos modelos e variações!**

# Modelo de Threshold

- Alguns vértices infectados no tempo 0
  - decidido de alguma forma, aleatoriamente

■ Ex:  $k = 2$



- Epidemia depende dos infectados inicialmente
- *Epidemic seeding*: como melhor iniciar a epidemia?



# Avaliando Epidemias

- Prever comportamento de longo prazo do número de infectados
  - avaliar influência dos parâmetros
  - estrutura da rede (de contatos) como parâmetro
- Modelos simplificados e baseado em dados
  - Modelo de rede, modelo de contágio, etc
- **Simulação:** alternativa muito usada para avaliar epidemias (de alta complexidade)
  - *Computational epidemiology* (capa da CACM em 2013)
  - GLEAM: *Global Epidemic and Mobility project*



# Modelagem Aproximada

- Modelo SIR, contágio probabilístico
- Comportamento médio de longo prazo ( $I = 0$ )
- Fração de vértices que foram infectados ( $f_R$ )
- Probabilidade de contágio através da aresta

$$q = 1 - e^{-\beta/\gamma}$$

←  $\beta$ : taxa de transmissão (virulência)  
 $1/\gamma$ : tempo até recuperação

- Ideias para analisar o modelo

- 1) assumir que cada aresta sorteada iid, com prob  $q$
- 2) determinar tamanho das componentes conexas
- 3) todos vértices das CCs que possuem infectados em  $t=0$  estão em  $R$

**Problema de *bond percolation* em redes**

# Modelo SIR – Rede Poisson

- Assumir modelo de rede Poisson
  - graus homogêneos, similar ao  $G(n,p)$
- Ponto crítico para percolação
  - maior CC gerada tem  $\theta(n)$  vértices

$$q_c = 1/z \quad \leftarrow z: \text{ grau médio da rede}$$

- Seja  $q$  menor que ponto crítico para percolação (se for maior epidemia chega a todos os vértices), então temos:

$$f_R = 1 - e^{-qz f_R} \quad \leftarrow f_R: \text{ fração da população infectada}$$

- Fração infectada depende da probabilidade de transmissão ( $q$ ) e grau médio ( $z$ )

# Modelo SIR – Rede Lei Potência

- Assumir modelo de rede com lei de potência
  - expoente  $2 < a < 3$  ; variância infinita (grau)
- Ponto crítico para percolação

$$q_c = 0 \quad \leftarrow \text{sempre teremos percolação}$$

- Qualquer  $q$  será maior que  $q_c$
- Epidemias sempre atingirão quase toda a rede
  - independente do valor de  $q$

$$f_R \approx 1$$

**Importância da estrutura da rede!**