

Redes Complexas

Aula 15

Roteiro

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

Aula passada

- Partição e bisseção em grafos
- Modularidade
- Algoritmos de Newman e Louvain
- Limitações

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!

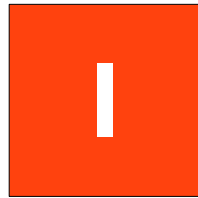
- avaliar técnicas de contenção e prevenção

Modelo Clássico

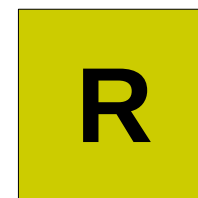
- Considera uma população de indivíduos
- Cada indivíduo está em um estado



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)

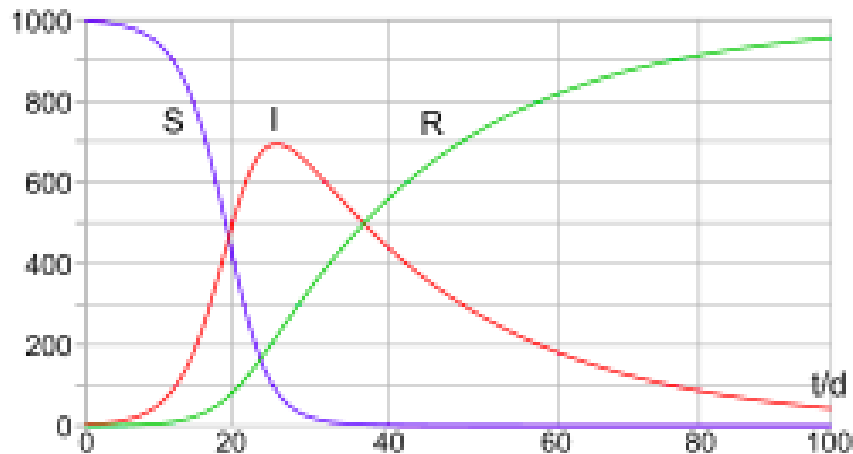
Modelagem via EDO

- 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
- β : 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

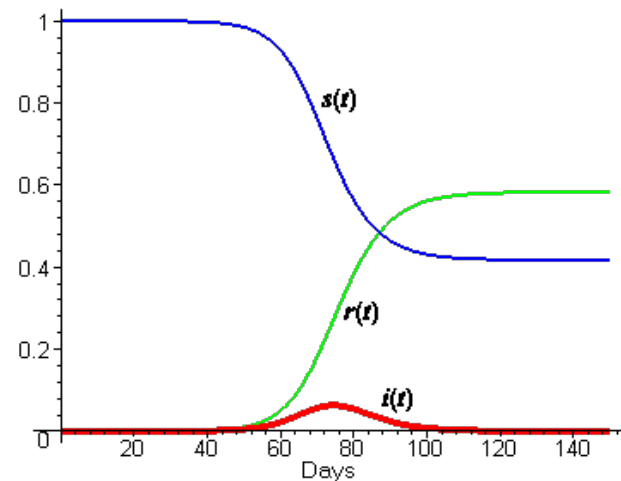
Comportamento

- 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 β e γ e $S(0)$
- Caso 1 se e somente se

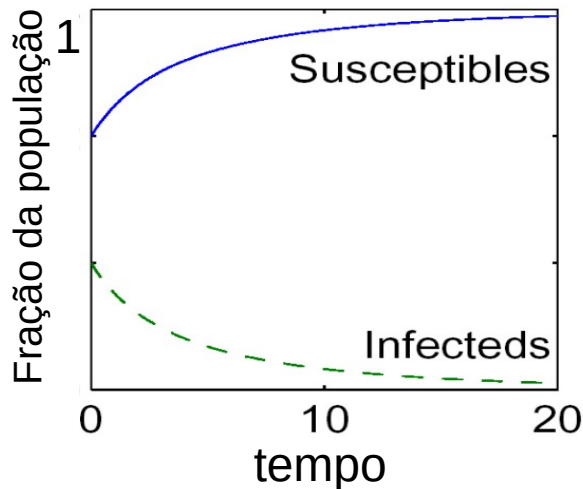
$$\frac{\beta}{\gamma} S(0) > N$$

Epidemia SIS

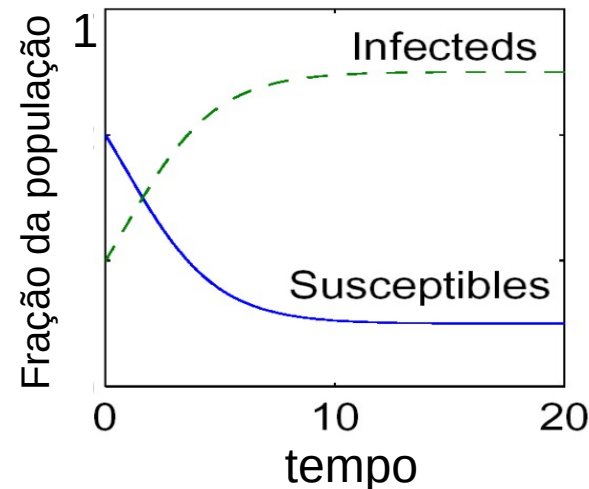
- Apenas dois estados, infectado volta a ficar susceptível

- 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)

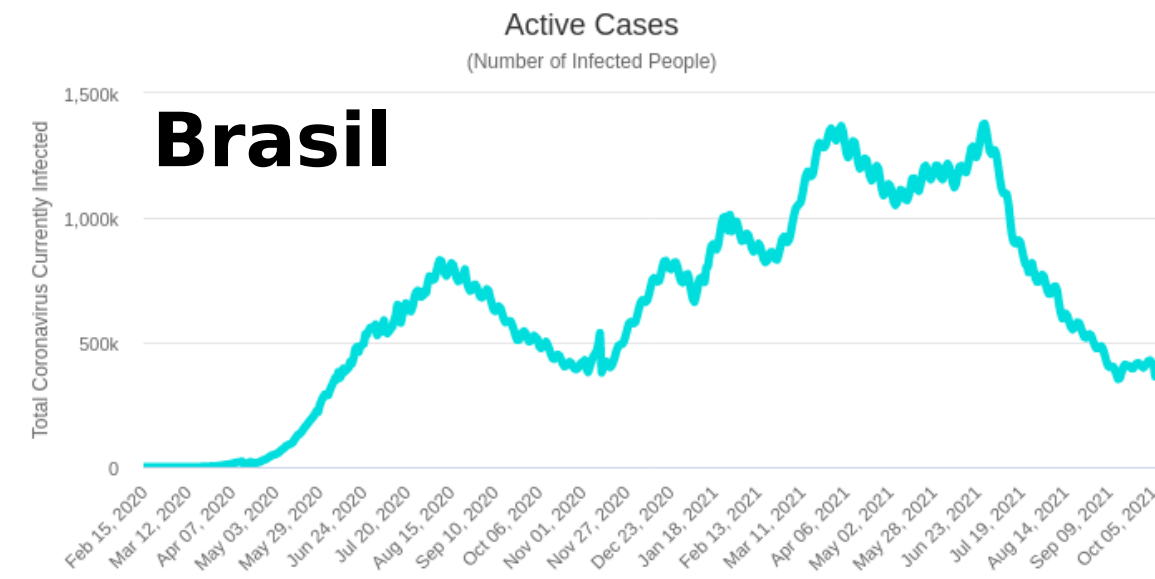
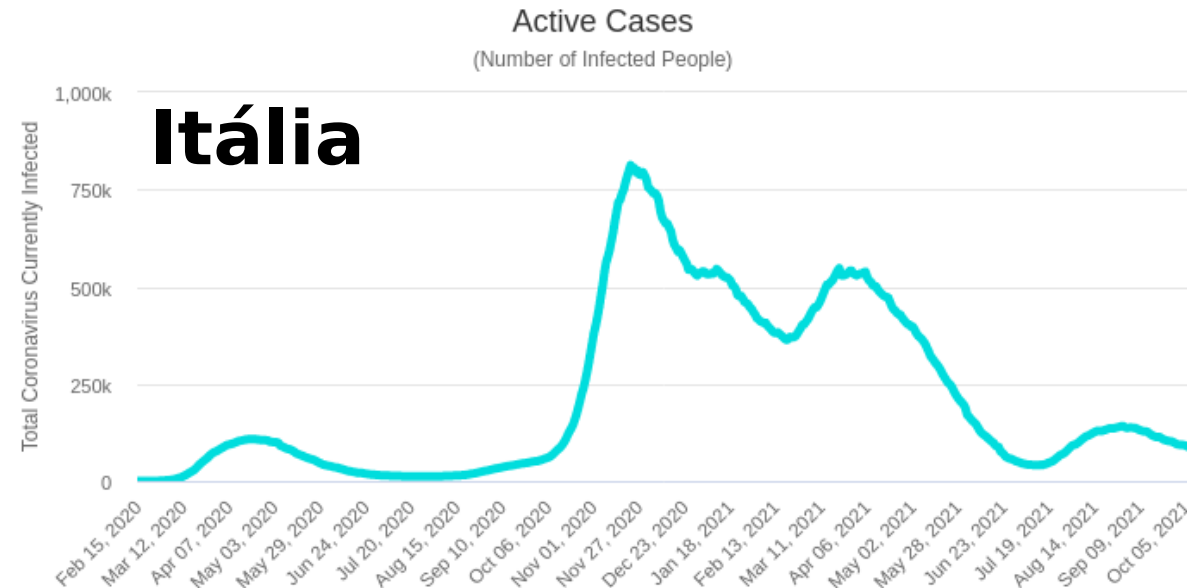


- R_0 = número básico de reprodução = β/γ

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

Mundo Real

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



- 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!

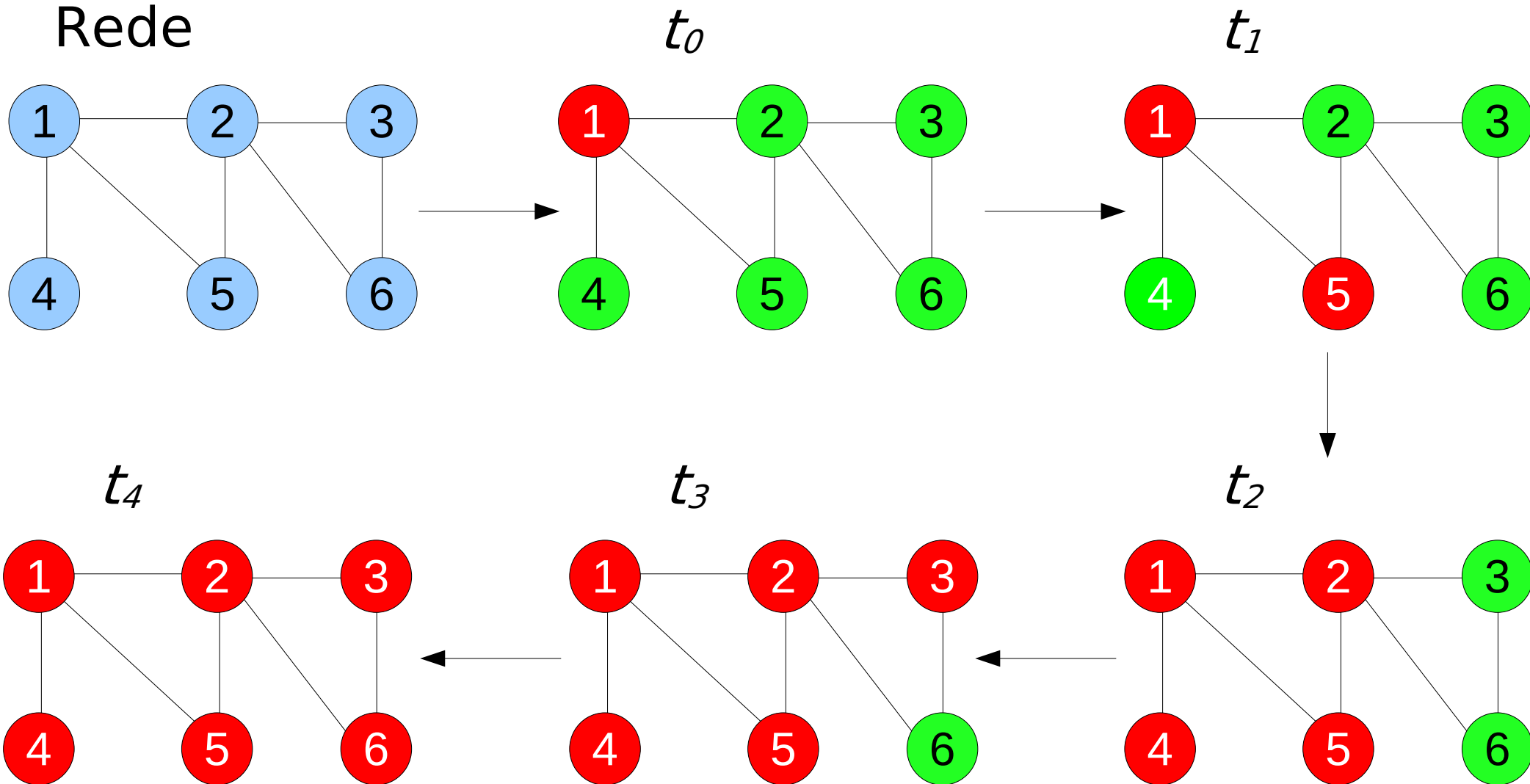
Epidemia em Redes

- Vértices: agentes (ex. pessoas)
- Arestas: possibilidade de infecção
 - 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

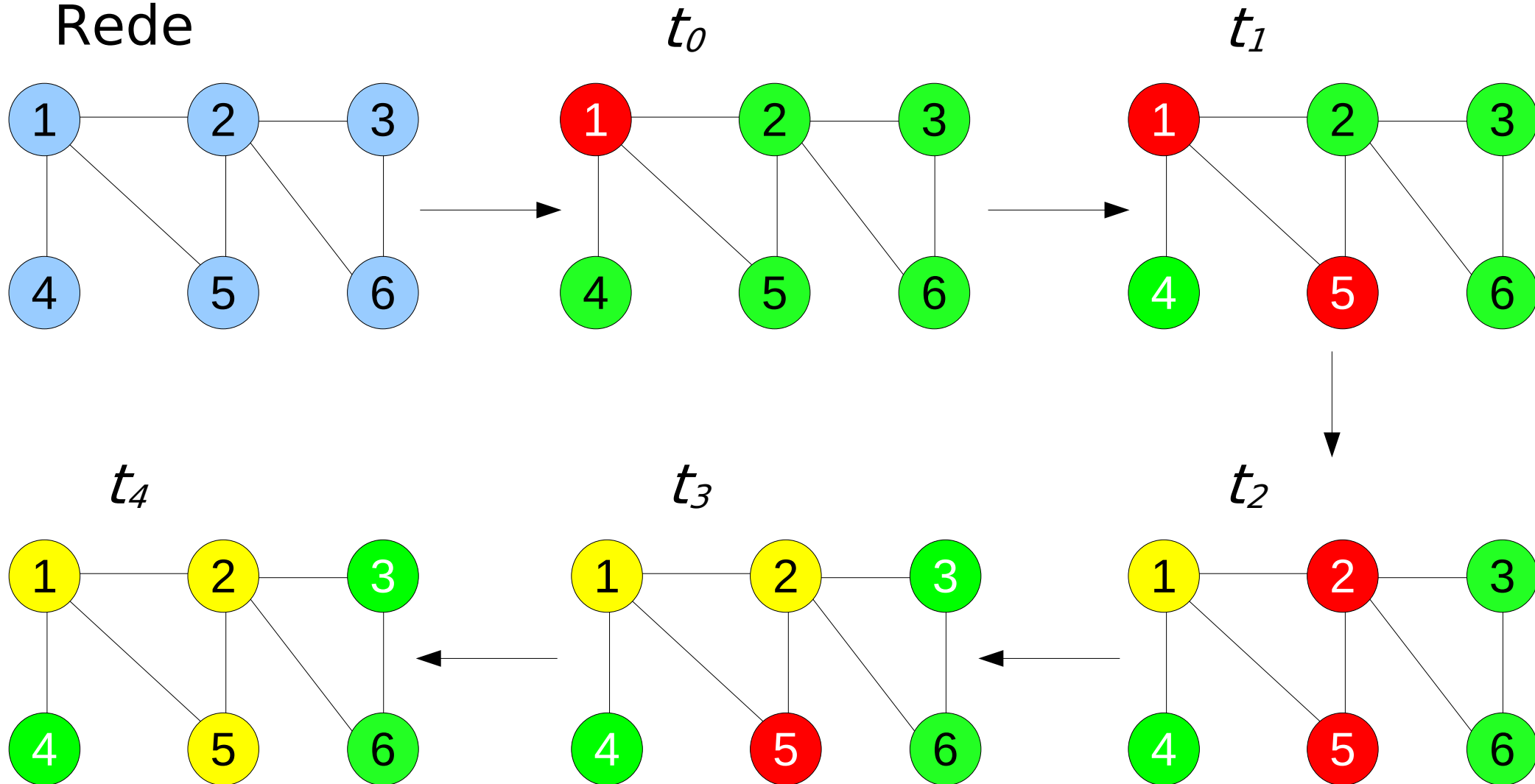


■ População completamente infectada

Exemplo - SIR

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

Rede



■ População parcialmente infectada

Modelo de Contágio

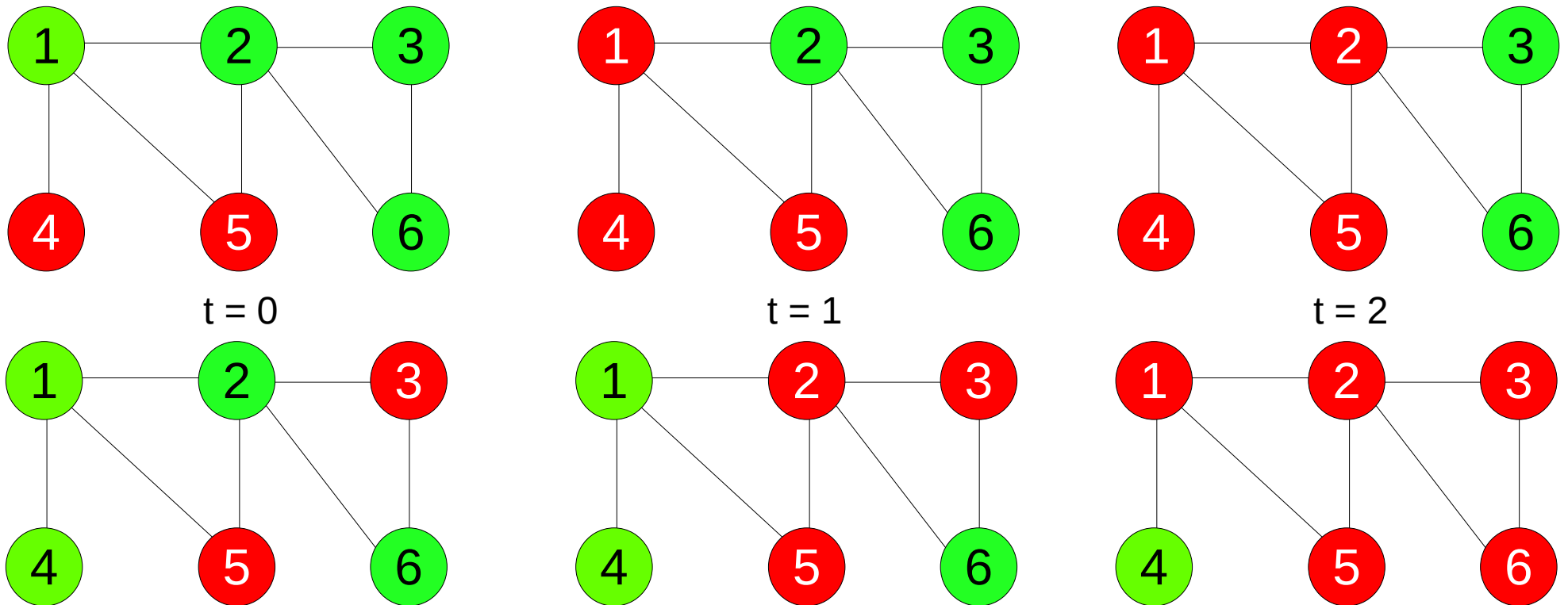
- Define como e quando vértice pode ser infectado
 - determinístico ou aleatório
 - tempo discreto ou contínuo
- Modelo de Threshold (discreto e determinístico)
 - vértice infectado em $t+1$ se possui ao menos k vizinhos infectados no tempo t
- Modelo Exponencial (contínuo e aleatório)
 - taxa de infecção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

Muitos modelos e variações!

Modelo de Threshold

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

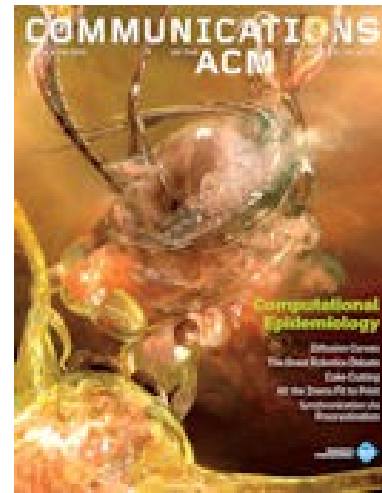
■ Ex: $k = 2$



- 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

$$q = 1 - e^{-\beta/\gamma} \quad \leftarrow \begin{array}{l} \beta: \text{taxa de transmissão (virulência)} \\ 1/\gamma: \text{tempo até recuperação} \end{array}$$

- 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

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

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

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

- 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

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

- 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!