

INENCO

CONICET

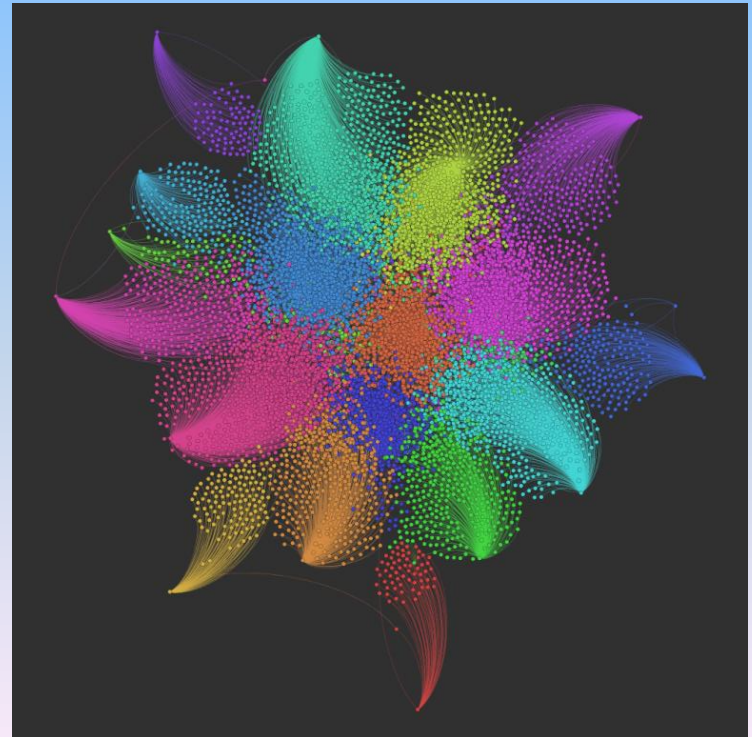


# DINAMICA DE INFECCION EN REDES SCALE- FREE

Autores:

**María del Valle Rafo**  
**Juan Pablo Aparicio**

Instituto de Investigaciones en  
Energía no convencional.  
Universidad Nacional de Salta



# Resumen

1) Redes o Grafos

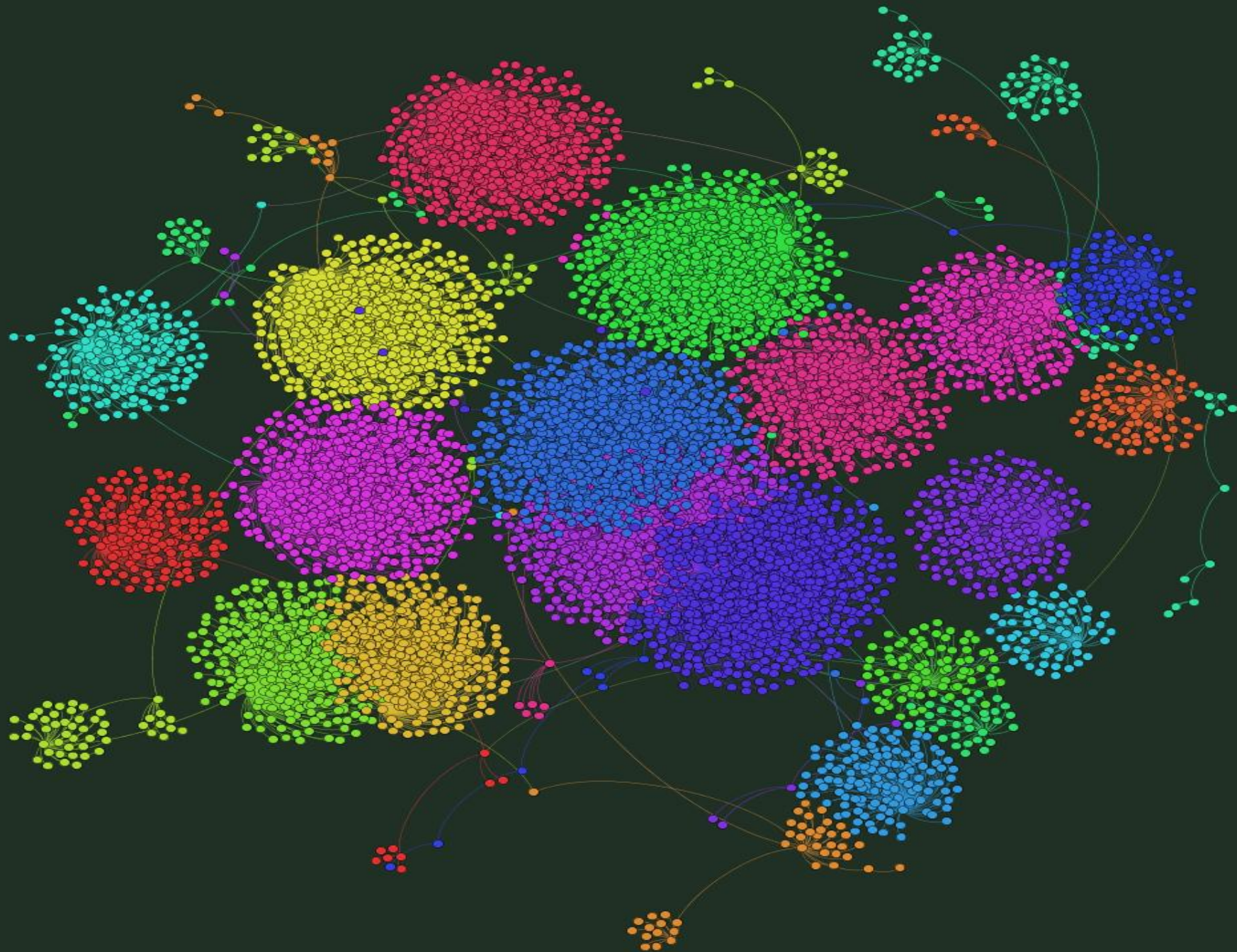
2) Redes Scale- Free

3) Aproximación de una Red Scale-Free por una red mas simple

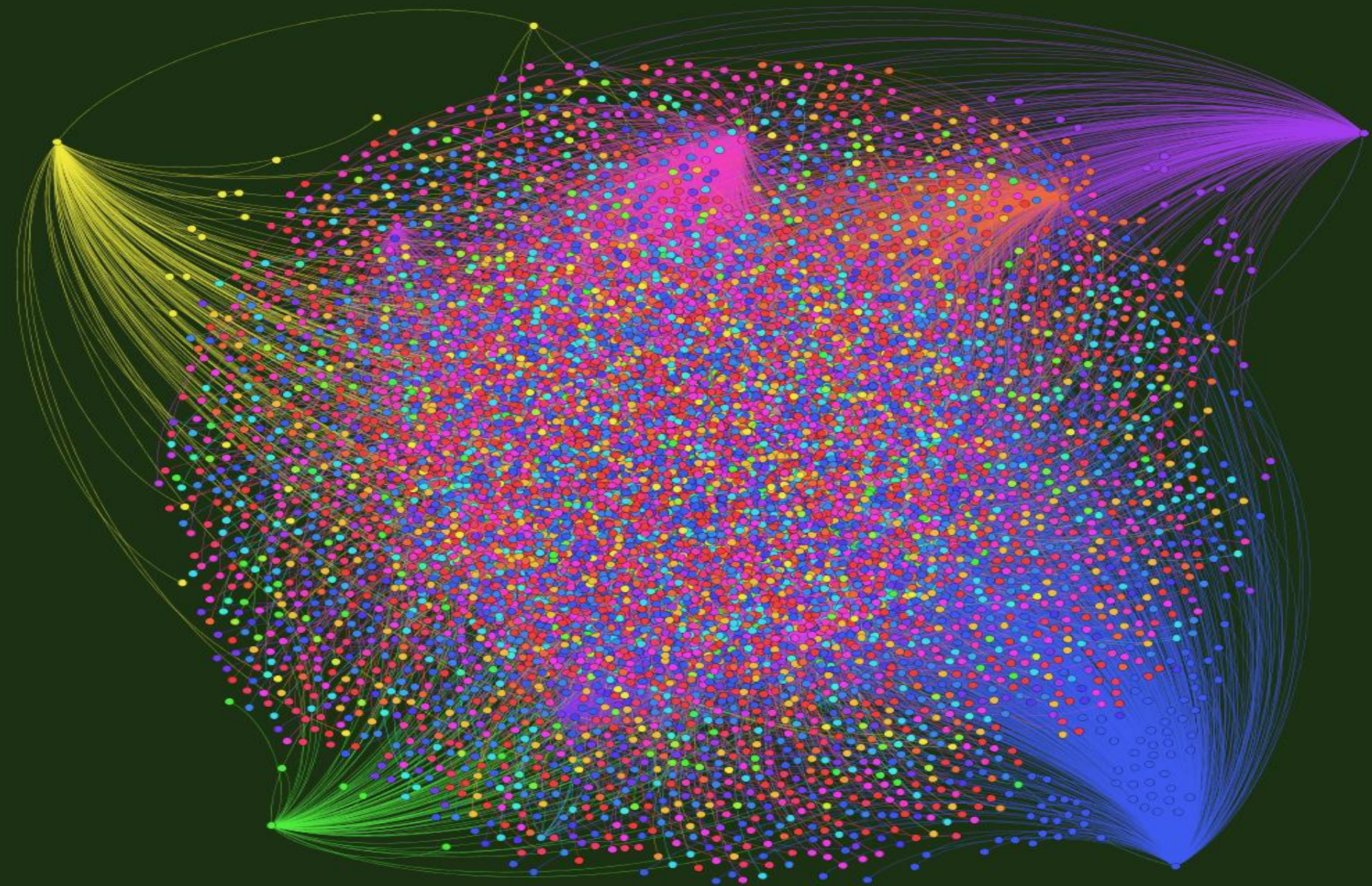
4) Resultados

## 1). Redes o Grafos

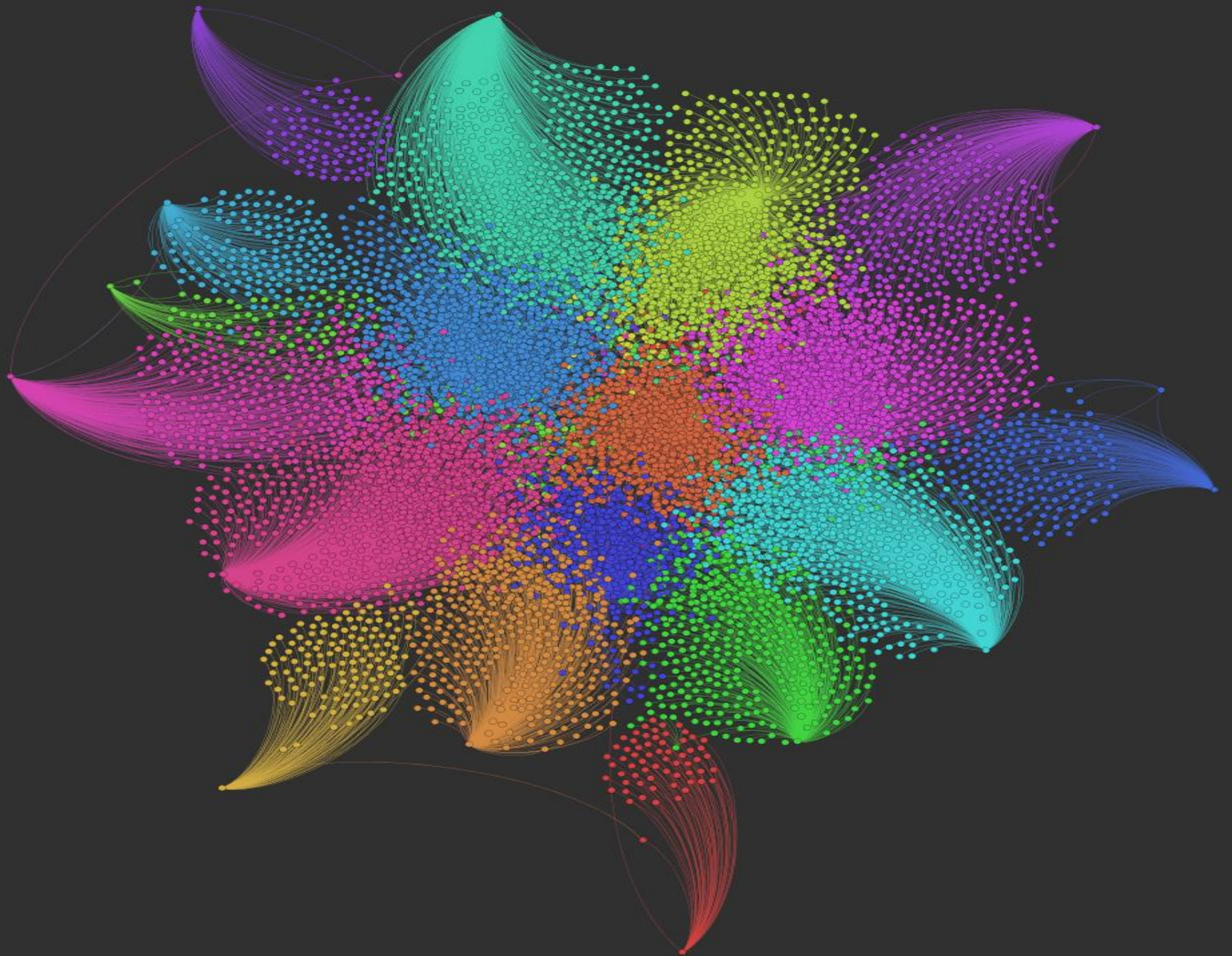
Una red o un grafo es un conjunto de nodos o vértices conectados entre sí, las líneas que unen a los nodos se llaman aristas. El número de conexiones de un dado nodo se conoce como su grado.







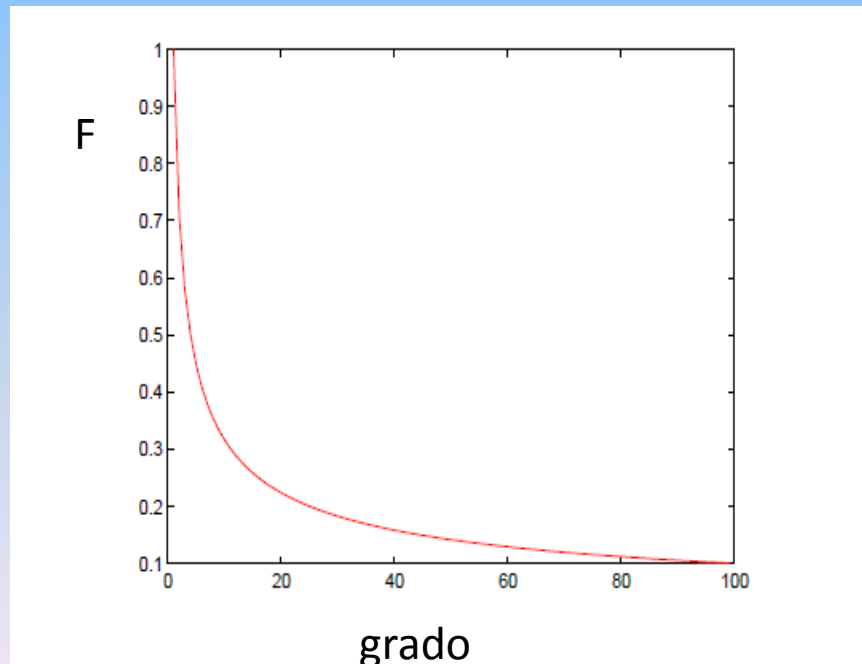




## 2) Redes Scale- Free

La estructura de la red de contactos juega un papel fundamental en la dinámica de infección en una población.

Las Redes con una distribución de grado aproximadamente potencial, son denominadas redes Scale-Free, (Barabasi and Albert, 1999; Li et al. 2005)



## Creación de la red Scale-Free

En este trabajo las redes Scale-Free se crearon utilizando el algoritmo de conexión preferencial (Barabasi & Albert, 1999).

A partir de  $N_0$  nodos todos con igual peso se agregaron en forma secuencial  $N-N_0$  nodos, donde la probabilidad de conexión con los nodos existentes es proporcional al número de conexiones que el nodo posee en dicho momento.

En este tipo de redes la mayoría de los nodos tienen grado bajo y unos pocos poseen una alta conectividad (super-propagadores)

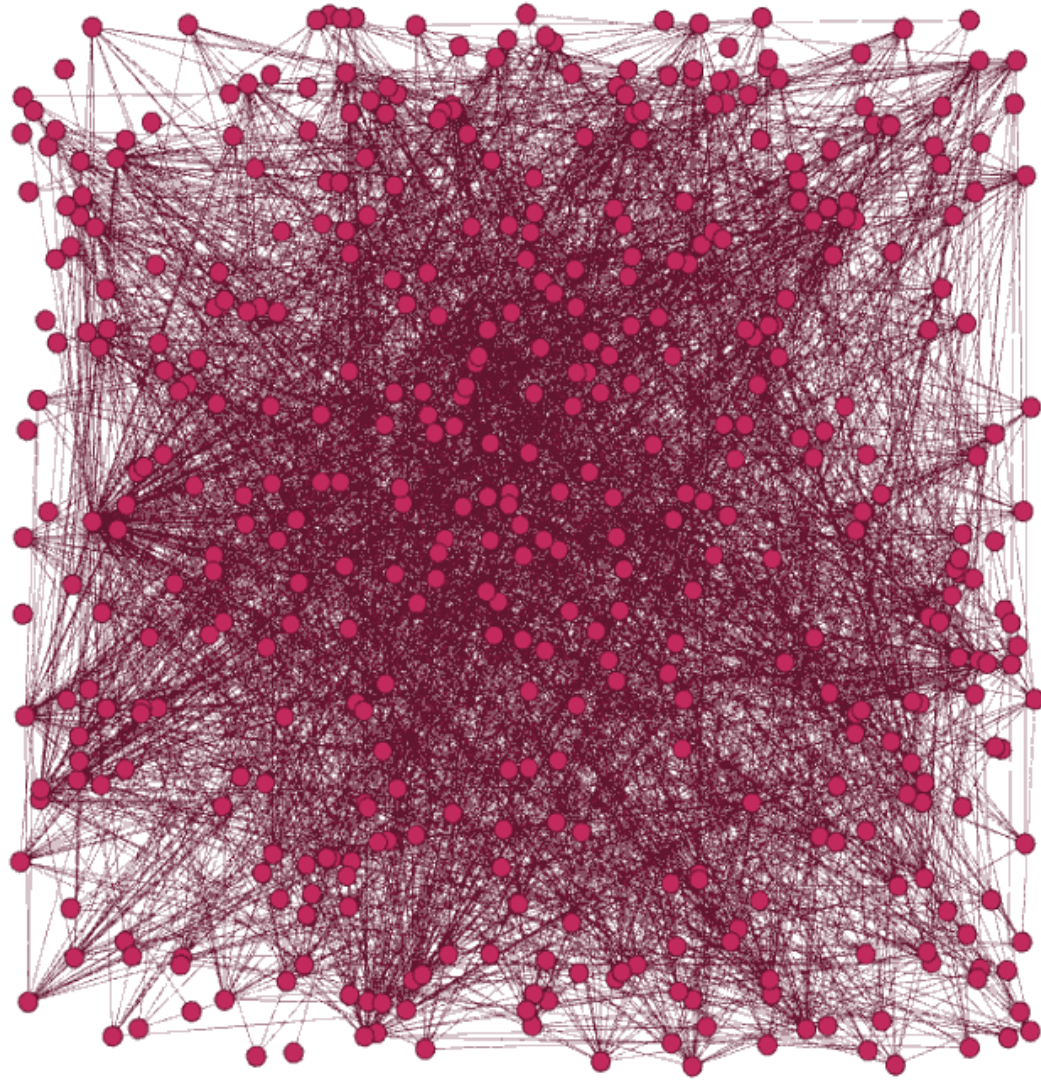


# Ejemplo: Mis Amigos en Facebook

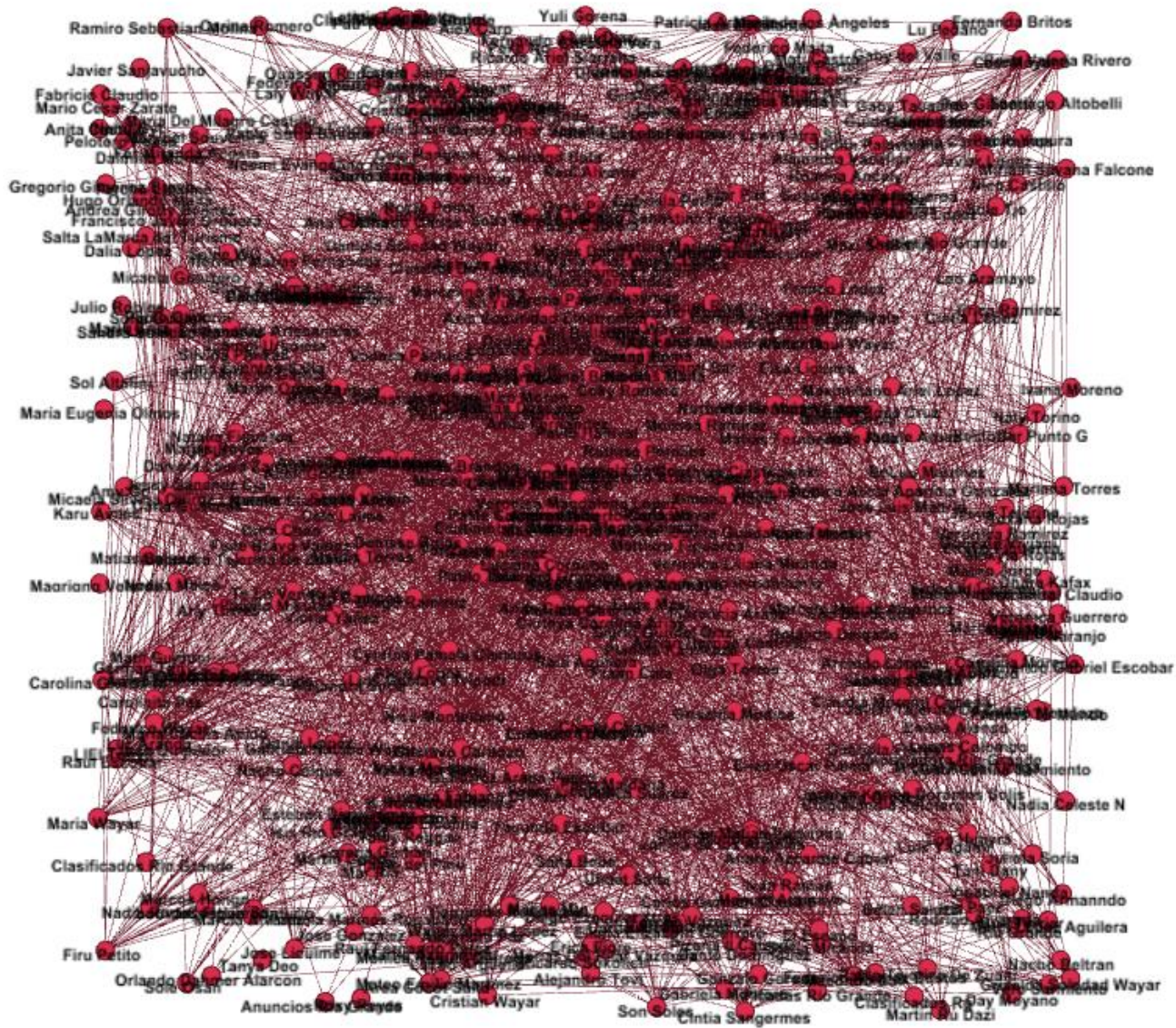
Las Redes Sociales pueden ser descritas como grafos con una topología (generalmente) compleja. La red social Facebook tiene una estructura aproximadamente *scale-free*.

Consideramos a los “Amigos” como los nodos de la red y se estableció que dos nodos tienen una relación o arista cuando se encuentren en la lista de amigos.

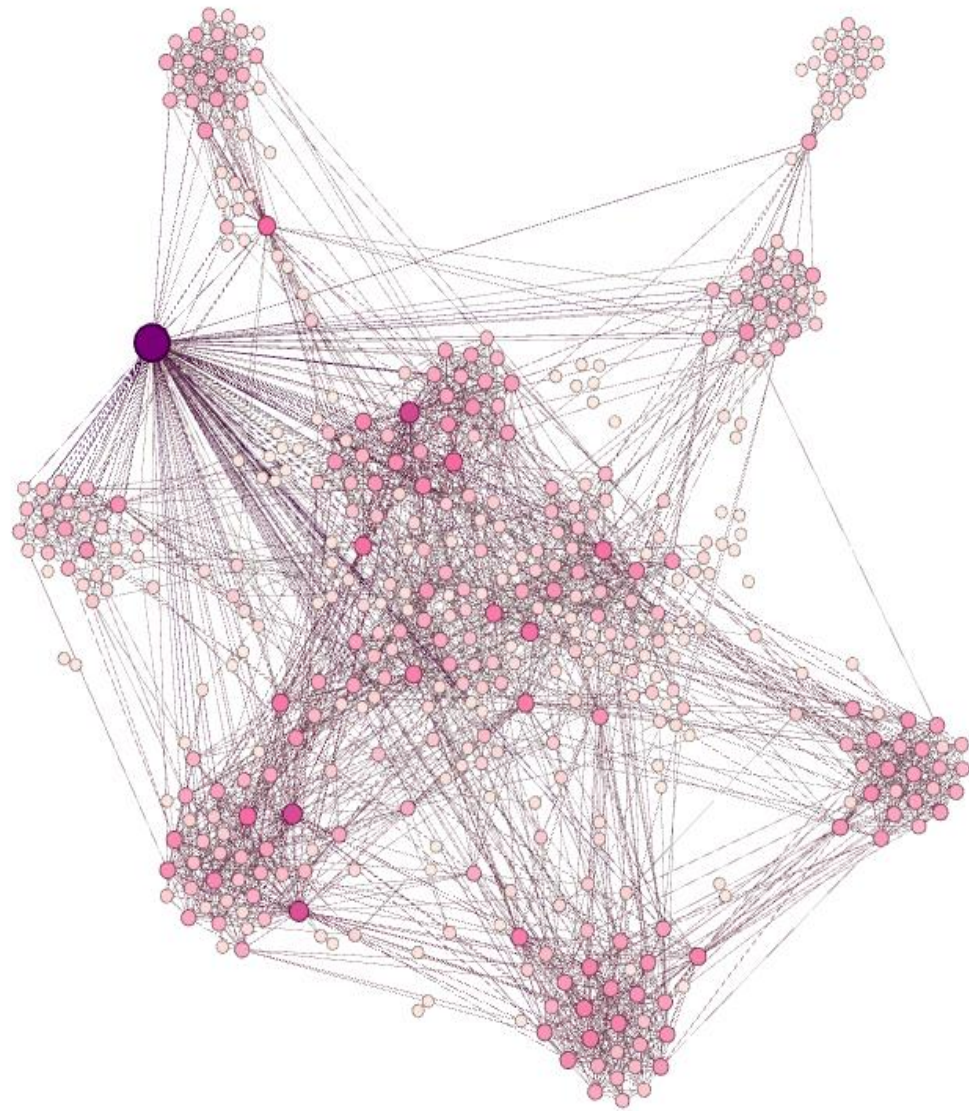
La distribución de grado es aproximadamente potencial. Lo que vamos a ver de los 448 nodos, cual de ellos tiene el más alto grado o cual de ellos tiene una alta conectividad.







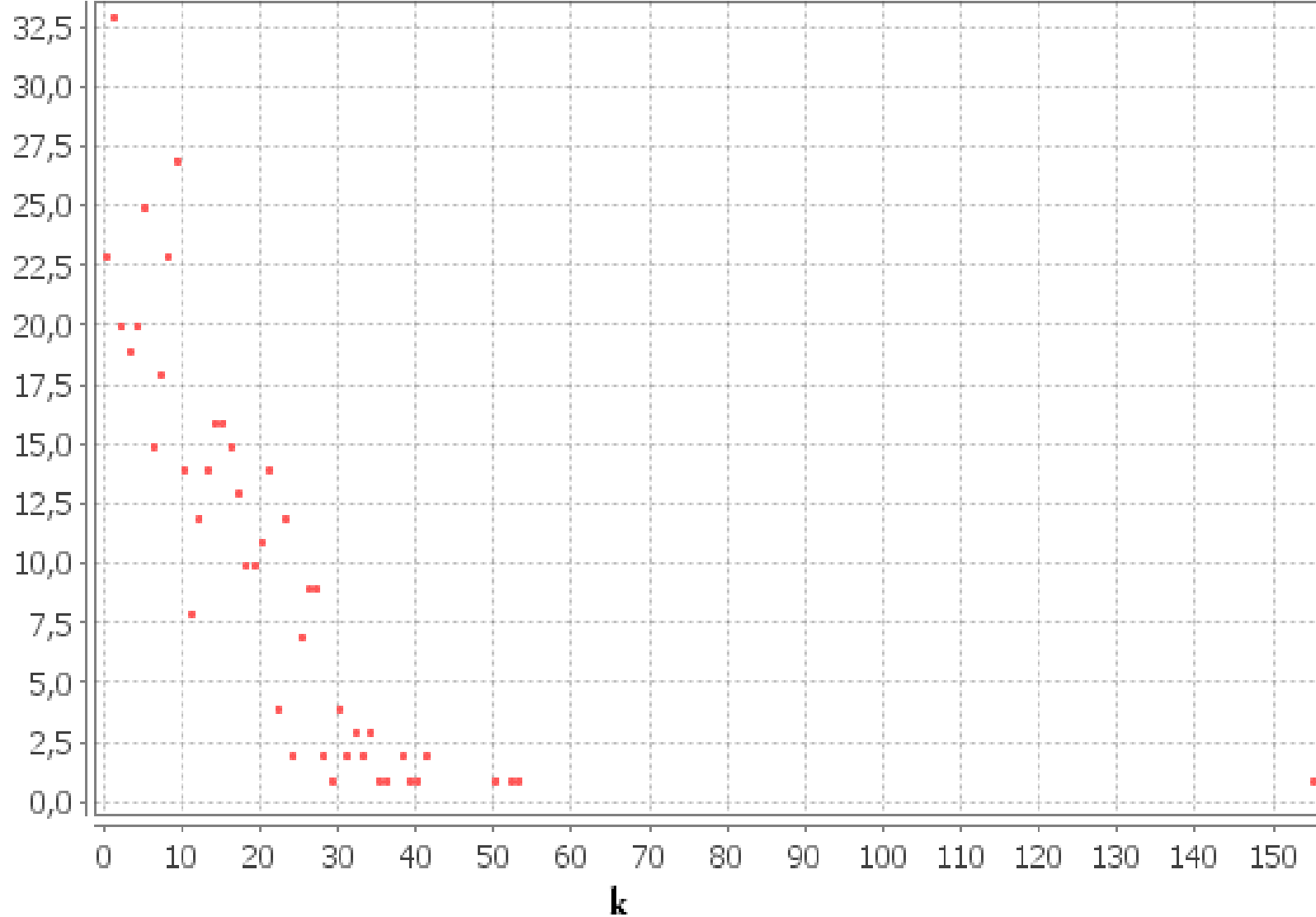






$P(k)$

Distribución de Grado





### 3) Aproximación de una Red Scale-Free por una red mas simple.

#### Modelado de la Transmisión

Un nodo puede estar en uno de tres estados posibles: susceptible, infectado, o recuperado.

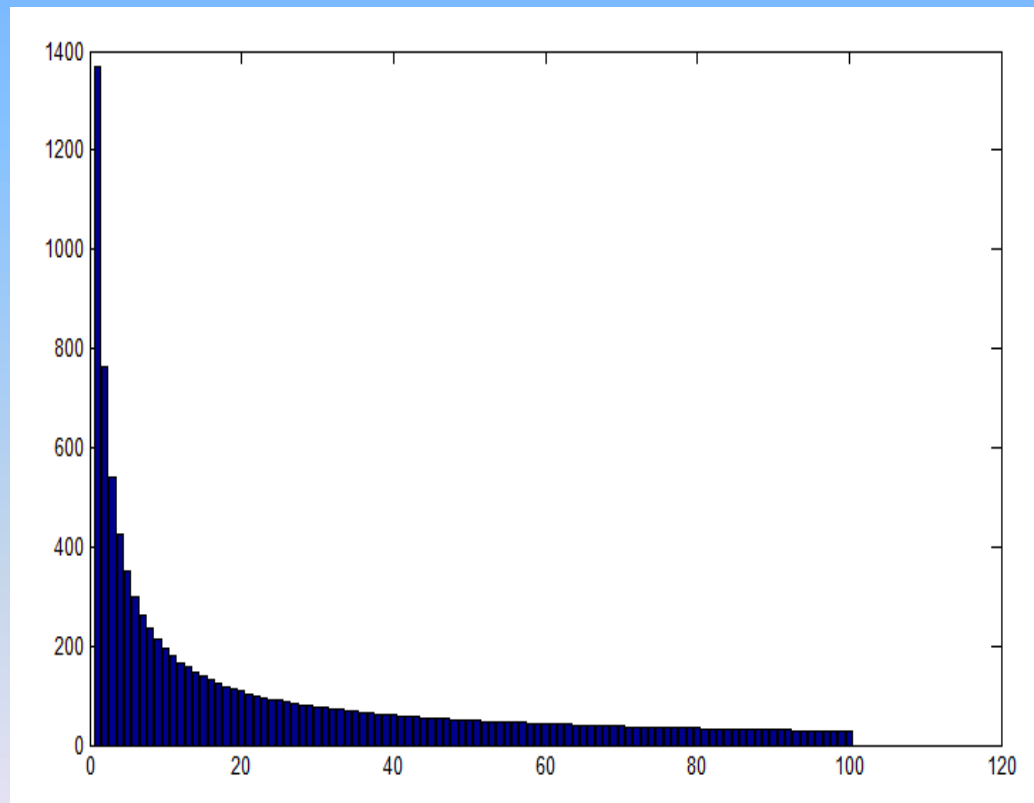
Un nodo susceptible en contacto con un nodo infectado tiene una probabilidad de contagio por unidad de tiempo  $\tau$ . Por lo tanto la probabilidad de contagio en un intervalo  $\delta t$  en tales circunstancias está dado por  $P(S \rightarrow I, \delta t) = 1 - \exp(-\tau \delta t)$ .

Asumimos que el periodo infeccioso tiene distribución exponencial con parámetro  $\gamma$  y por lo tanto el periodo infeccioso medio es  $\gamma^{-1}$ .

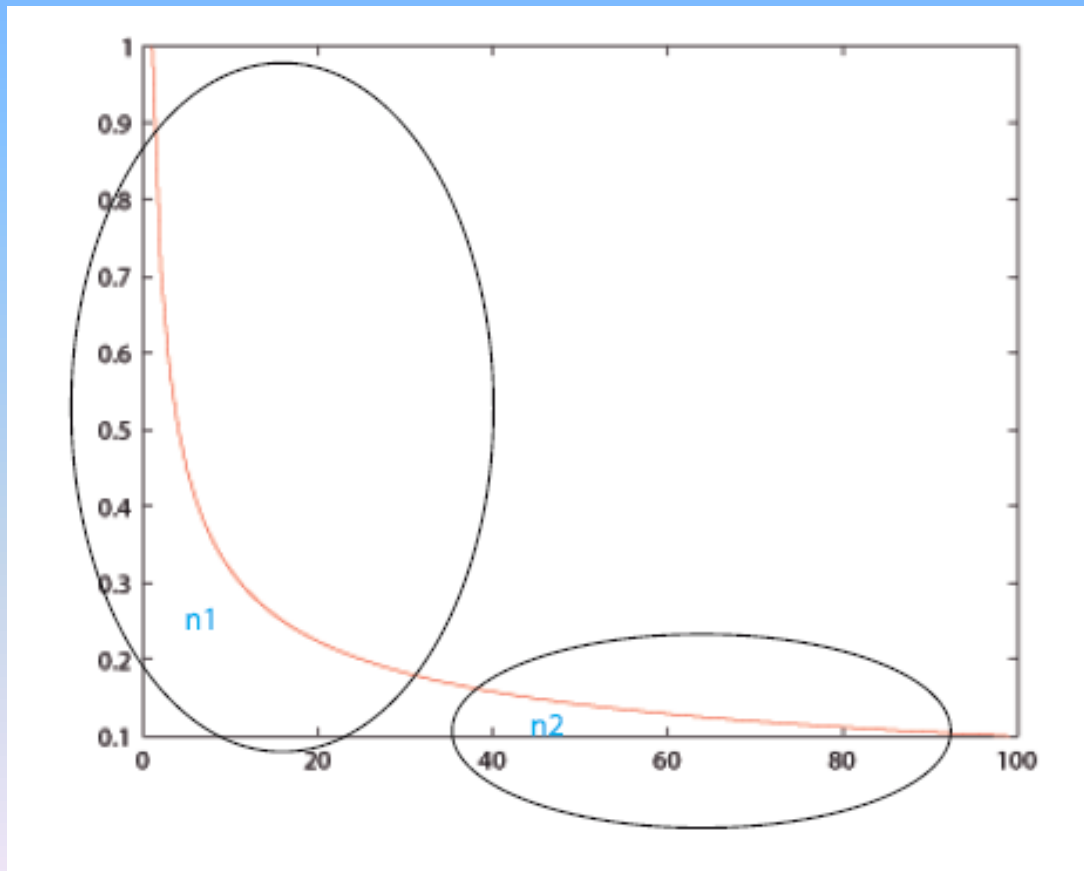
La probabilidad de que un individuo infectado infecte a un individuo susceptible en el periodo infeccioso resulta entonces  $\rho = \tau / (\tau + \gamma)$ .

En este trabajo consideramos una población constante  $N = S + I + R$  y redes estáticas donde los nodos recuperados permanecen inmunes por siempre.

En una red Scale-Free de las utilizadas hay  $N_1$  nodos con grado  $n_1$ ,  $N_2$  nodos con grado  $n_2$ , ...,  $N_{100}$  nodos con grado  $n_{100}$  talque  $n_{i+1} \gg n_i$ .



Creamos redes aleatorias con una distribución mucho más simple. En este caso dividimos la distribución de grado en dos, es decir, hay solo  $N_1$  nodos con grado  $n_1$  y  $N_2$  nodos con grado  $n_2$  con  $n_2 \gg n_1$ . Para abreviar llamaremos a estas redes “2n”.





Para estas redes mas simples un modelo de campo medio se obtiene de la siguiente manera.

$S_i, I_i, R_i$  representan las poblaciones de nodos susceptibles, infectados y recuperados en la población  $i$  y ahora consideraremos  $N=N_1+N_2$ .

Un individuo de la población  $N_i$  tiene  $n_i$  contactos repartidos con probabilidades  $N_j/N$  entre las poblaciones  $N_j$  ( $j=1,2$ ).

A lo largo de cada contacto la infección tiene lugar a tasa  $\tau$ .

Por lo tanto un nodo infectado de la población  $i$  produce en promedio  $n_i(N_j/N)(S_j/N_j) \tau$  infecciones por unidad de tiempo en la población  $N_j$  puesto que en promedio solo la fracción  $S_j/N_j$  de los contactos en la población  $j$  serán susceptibles. Bajo estas hipótesis la dinámica está gobernada por

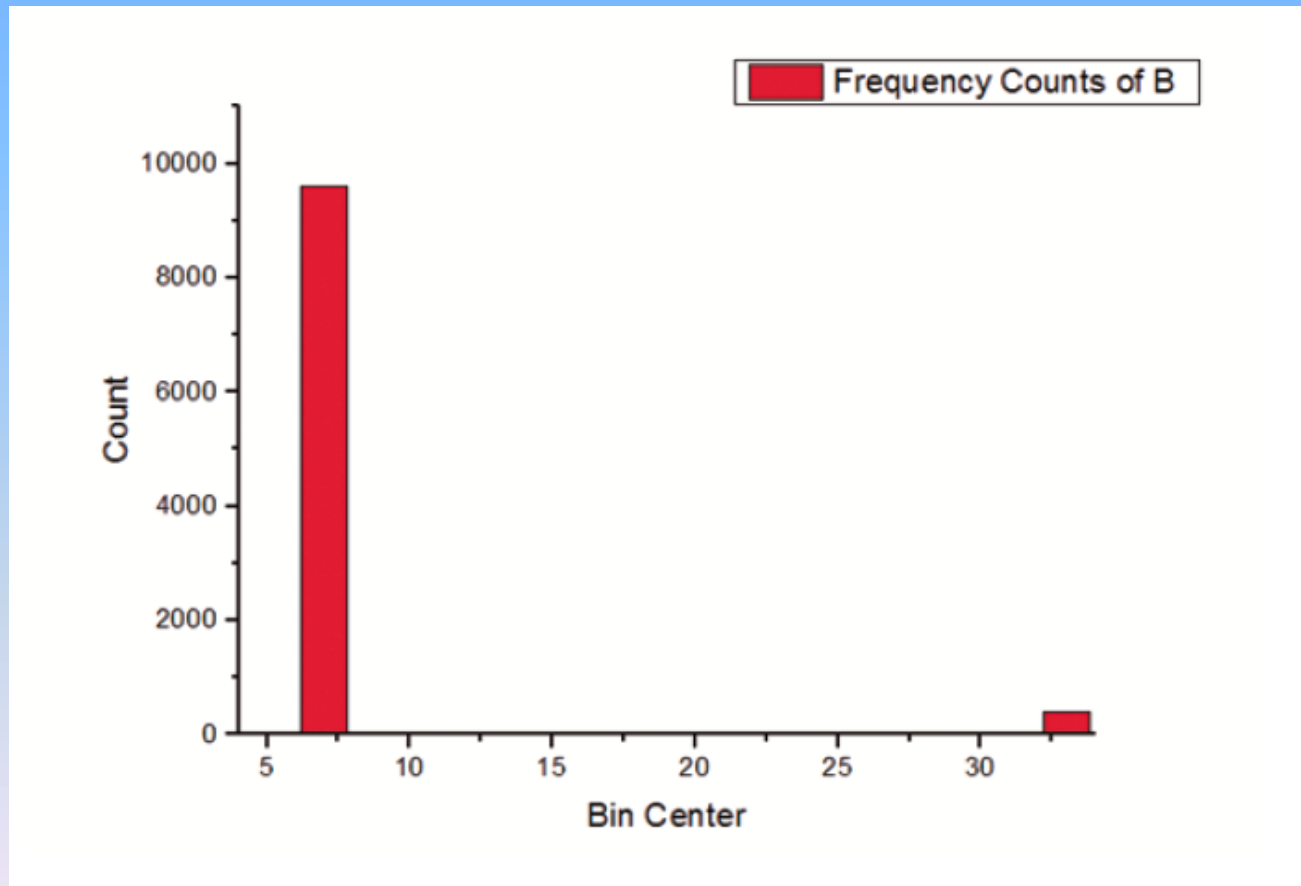
$$\dot{S}_i = -FS_i$$

$$\dot{I}_i = FS_i - \gamma I_i \quad i=1,2 \quad (1)$$

$$\dot{R}_i = \gamma I_i$$

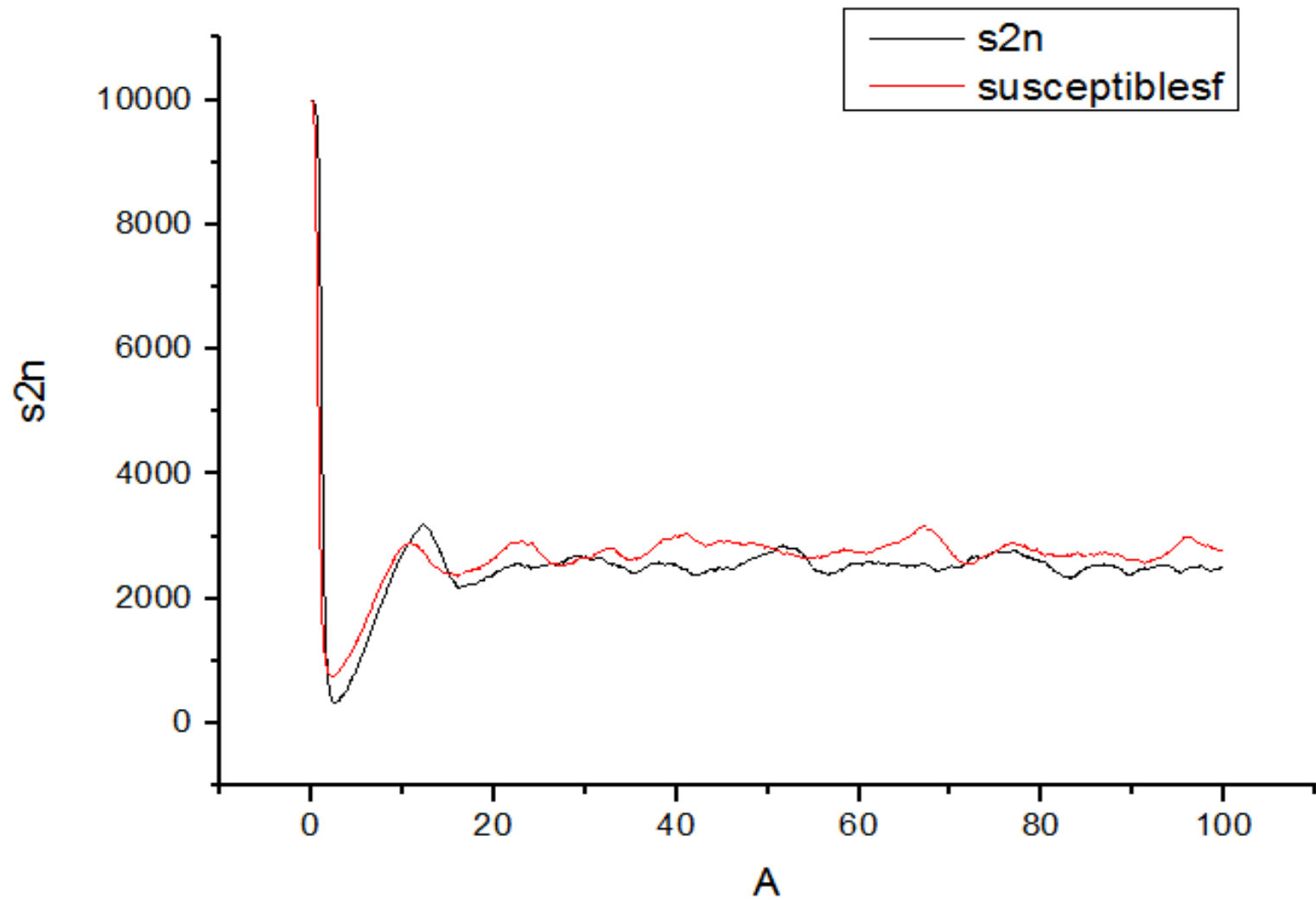
donde  $F = \tau (n_1 I_1 + n_2 I_2) / N$  es la fuerza de infección y resulta independiente de la población.

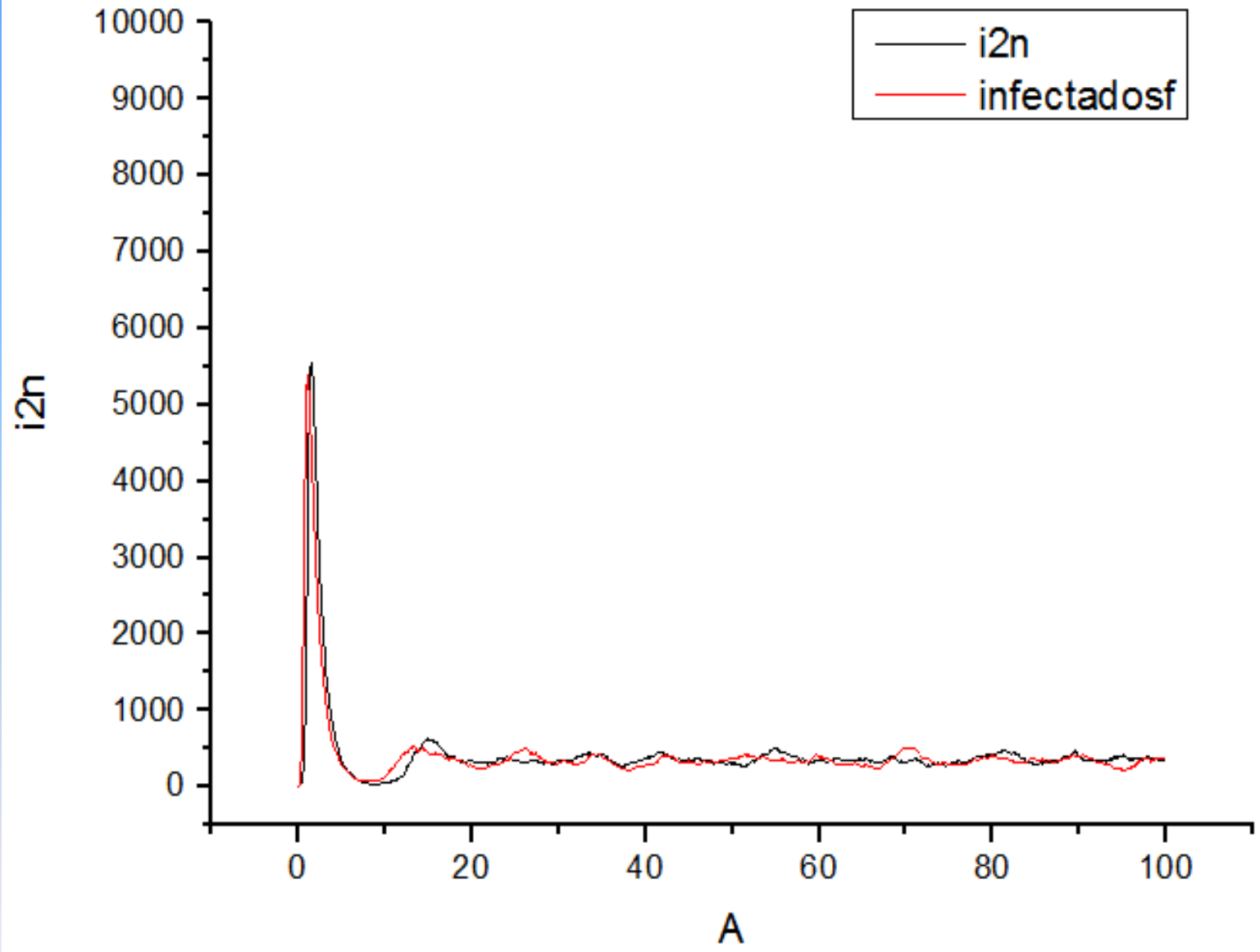
Si consideramos el grado medio  $n=8$  (el mismo valor se utilizó en todas las redes consideradas) y  $N = N_1 + N_2$  talque  $N_1 = 9600$  y  $N_2 = 400$  por lo tanto se tendrá  $n_1 = 7$  y  $n_2 = 32$ , de forma que la media y varianza coincidan con las de la red Scale-Free.

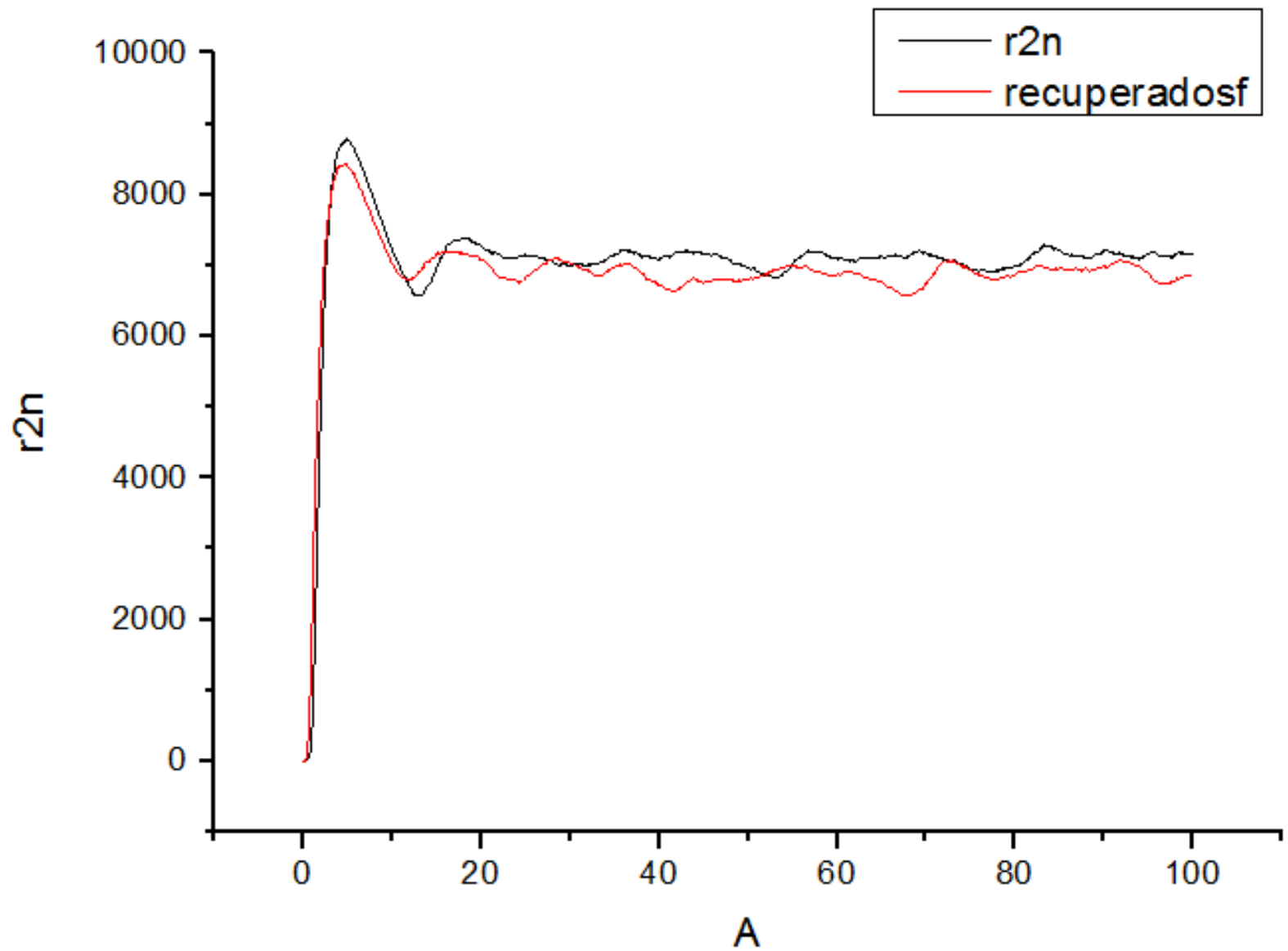




Se simularon epidemias y se obtuvieron los siguientes gráficos

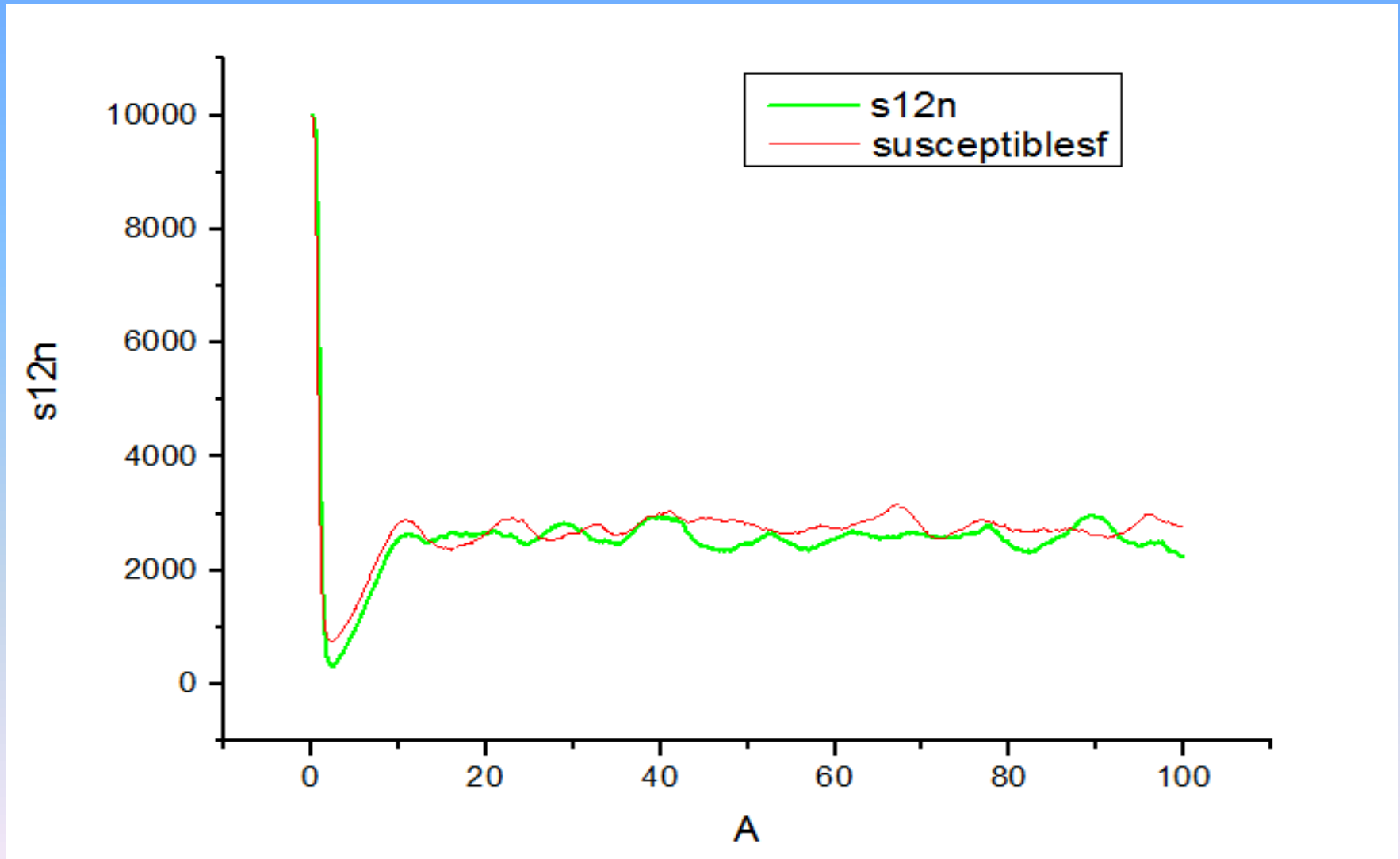


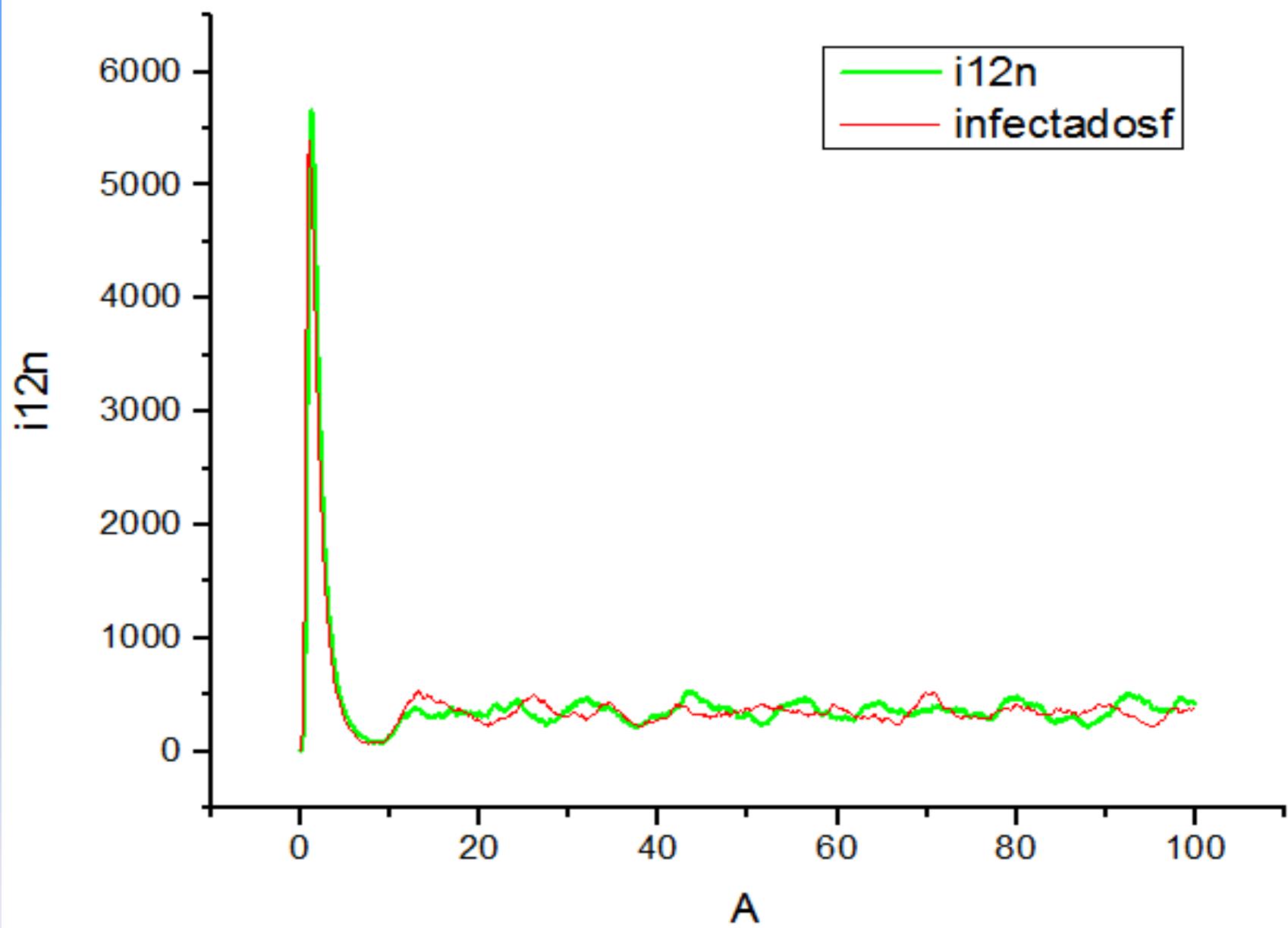


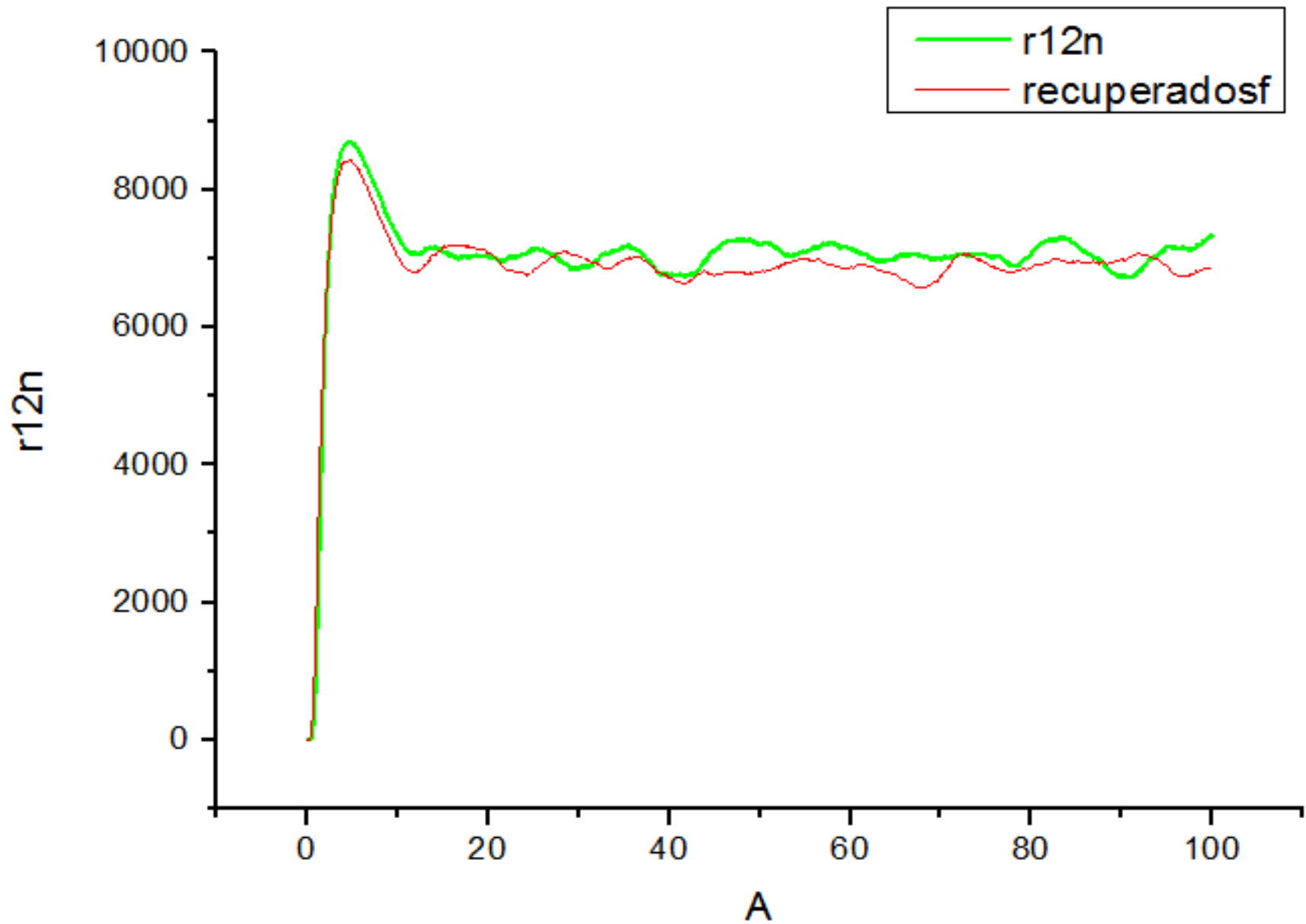




Si consideramos  $N_1 = 9800$  y  $N_2 = 200$ , por lo tanto se tendrá  $n_1 = 7$  y  $n_2 = 57$ , simulando epidemias, se obtienen los siguientes gráficos

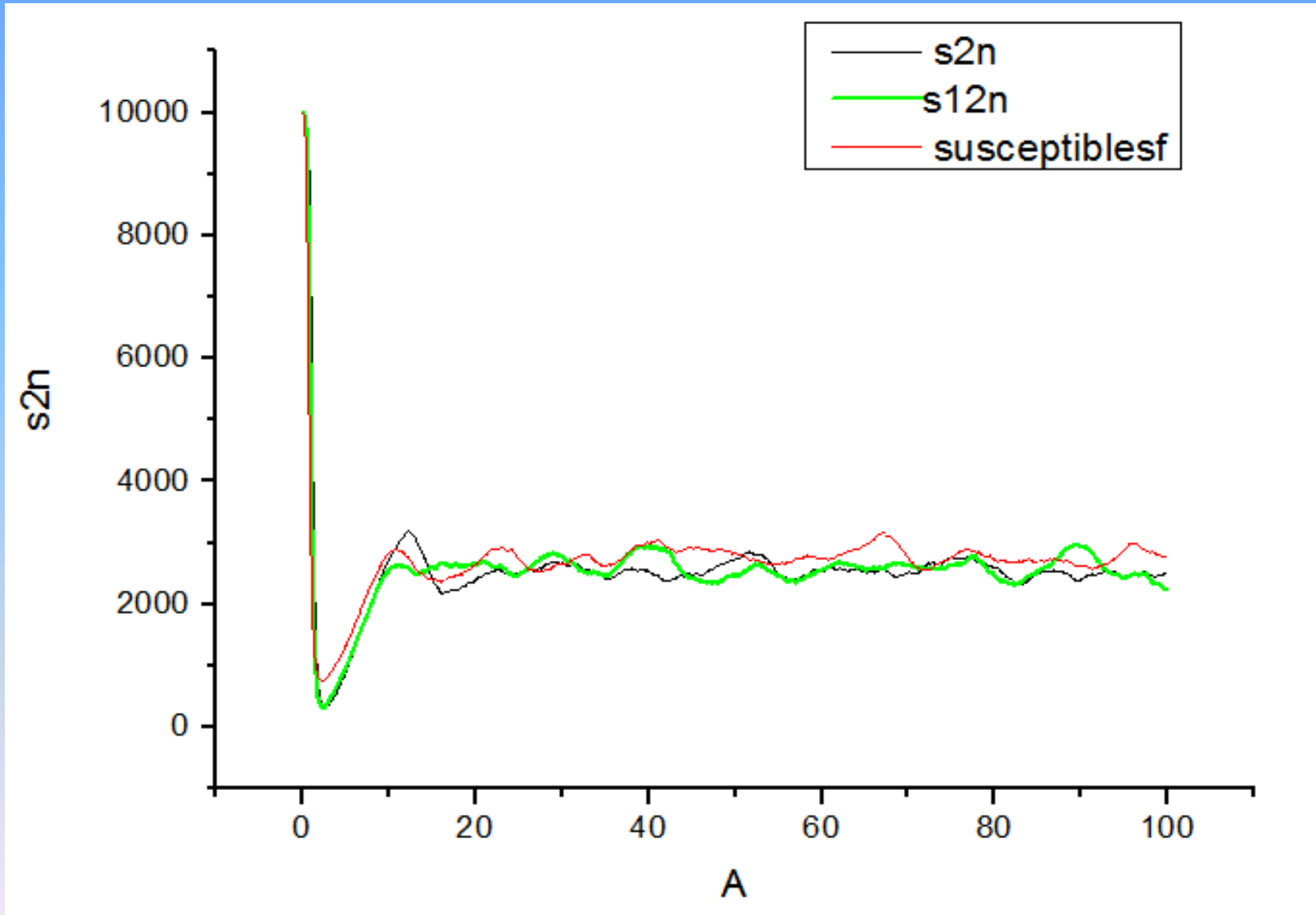


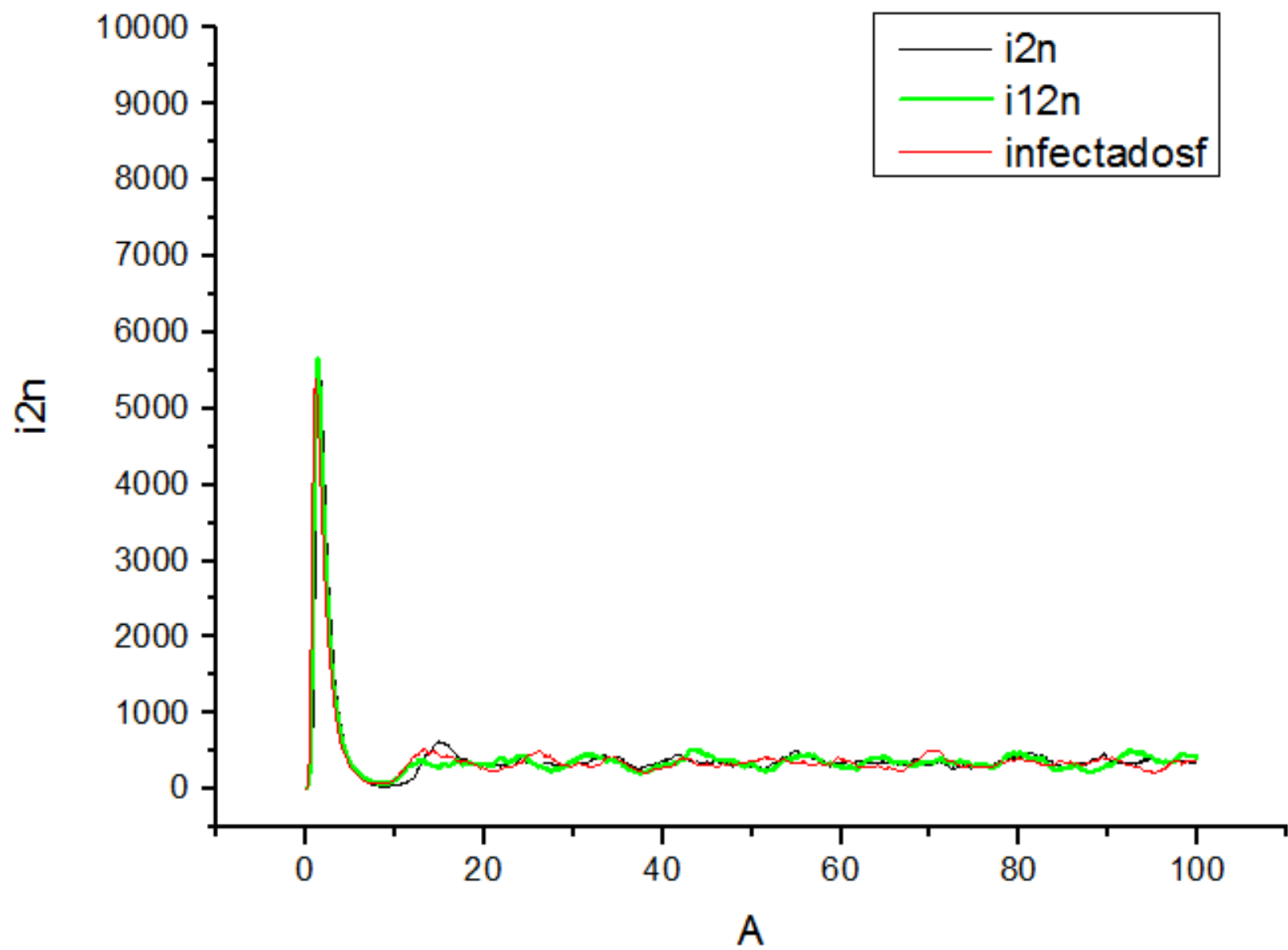


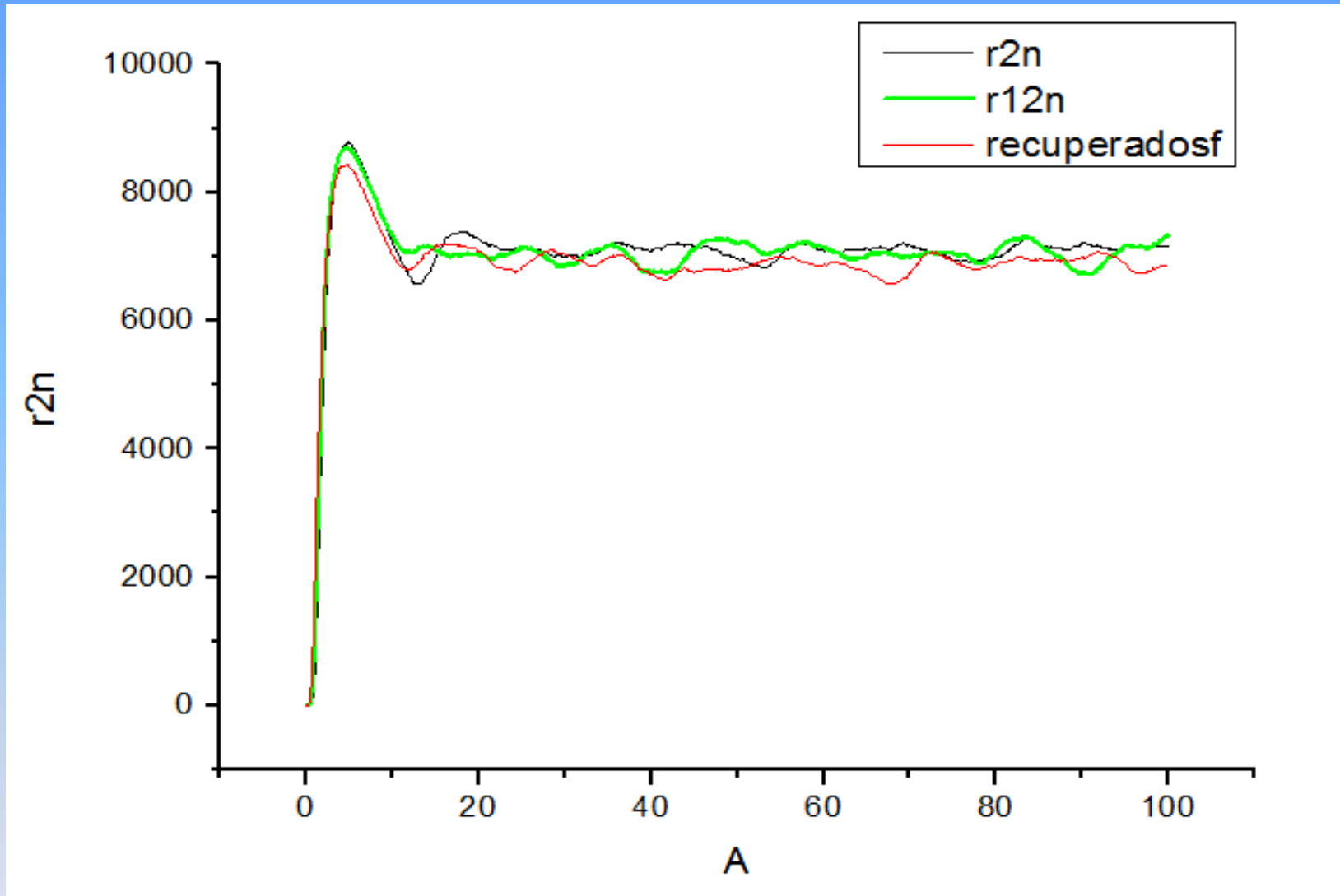




Graficándolas todas juntas obtenemos

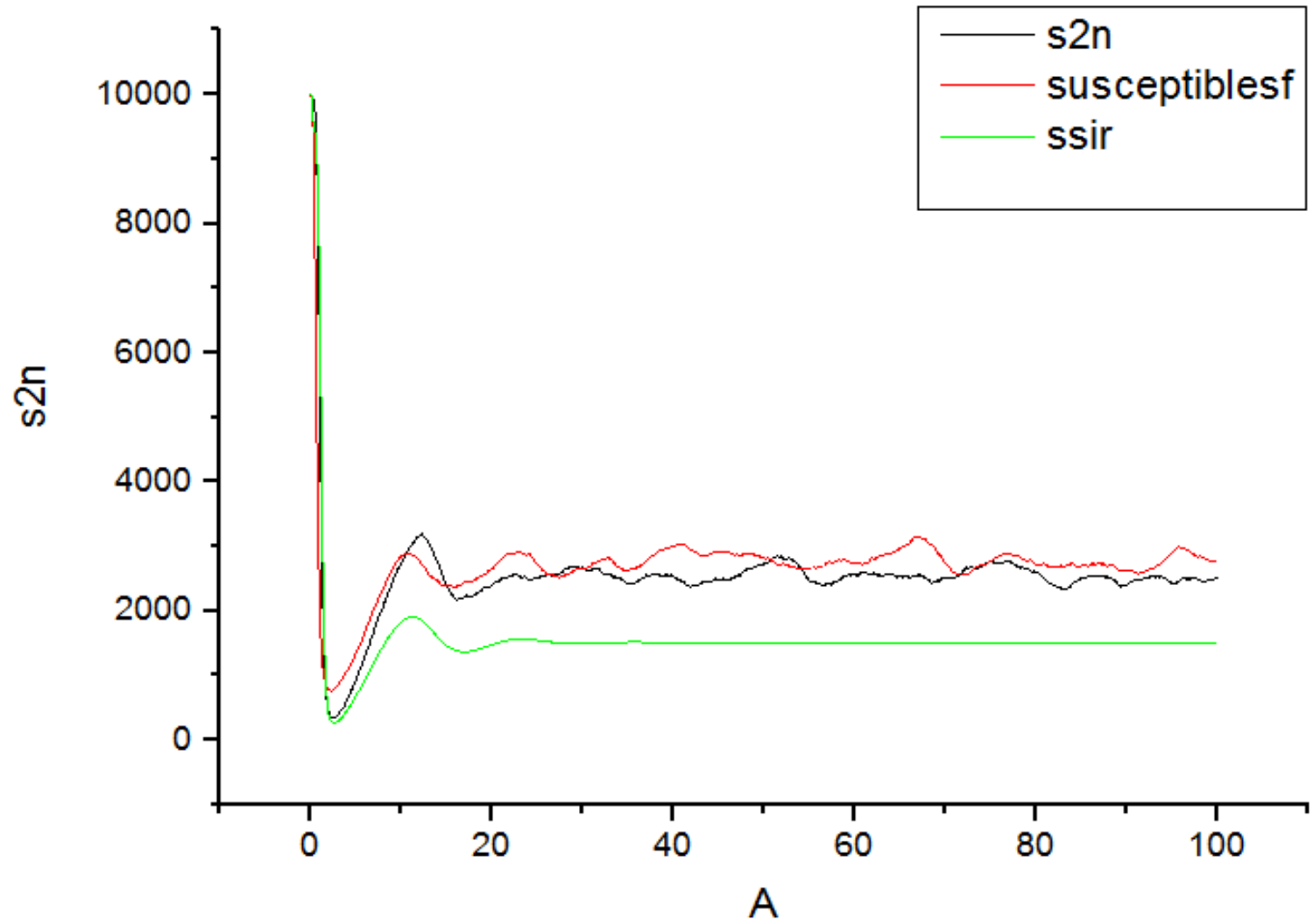


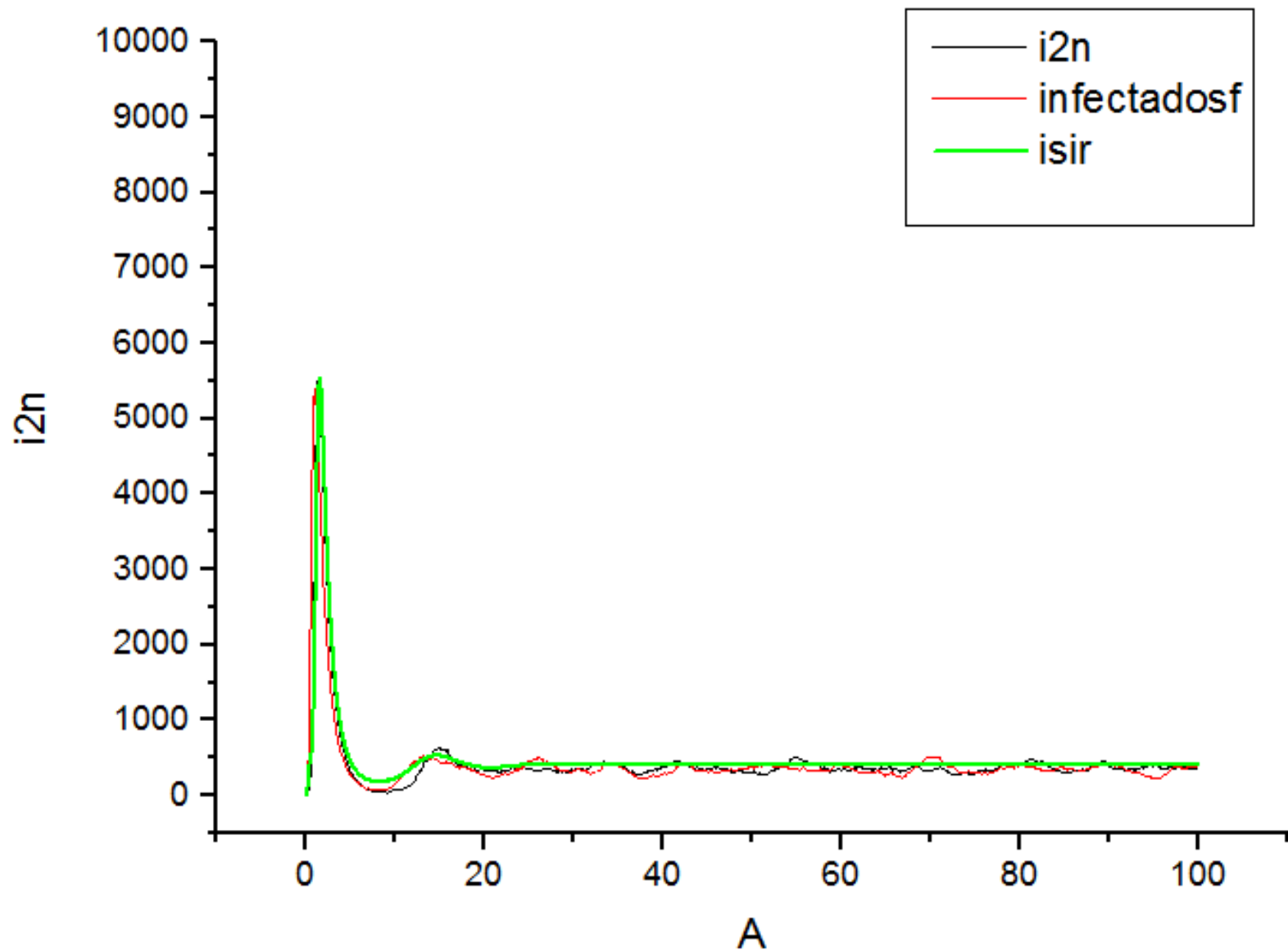


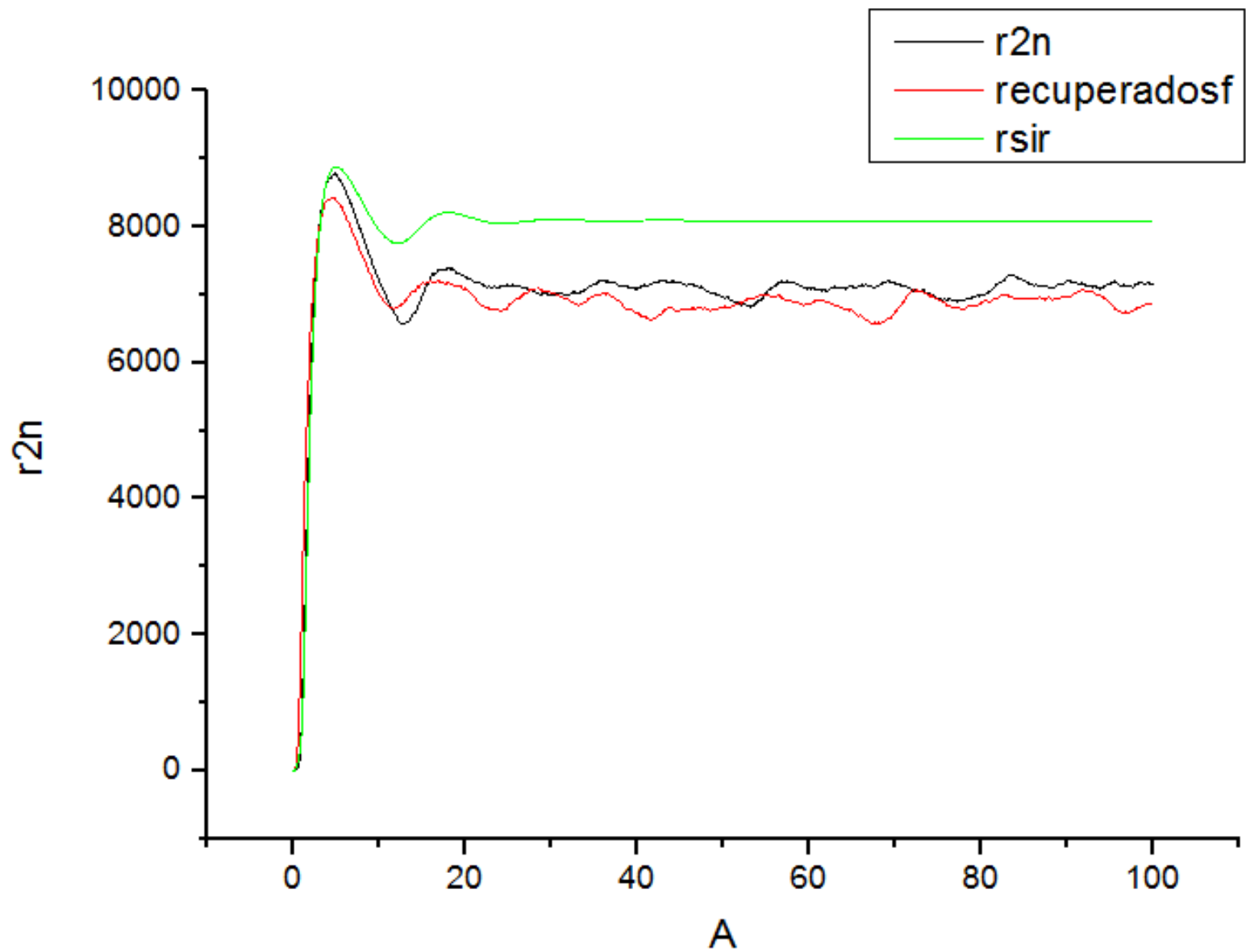


Si se sigue cambiando los valores de  $N_1$ ,  $N_2$ ,  $n_1$  y  $n_2$ , y simulamos epidemias, se observa que la evolución del número de nodos infectados resulta muy similar en la red SF y la 2n.









Nuestra aproximación de campo medio (1) capturó tanto el pico de la epidemia como la duración de la misma. Aquí es importante destacar que se consideró que los infectados iniciales eran todos pertenecientes a la población de mayor grado.

Para el modelo (1) calculamos el número reproductivo básico utilizando el método de la matriz de próxima generación (van den Driessche and Watmough 202).

$$\mathcal{R}_0 = \left( n_1 \frac{N_1}{N} + n_2 \frac{N_2}{N} \right) \frac{\tau}{\gamma} = n \frac{\tau}{\gamma}$$

y por lo tanto resulta igual al número reproductivo básico de un modelo para una población homogénea con grado igual al grado medio  $n$ .



## CONCLUSIONES:

Modelos simples de tipo SIR para una población homogénea proveen una buena descripción de la dinámica (Aparicio and Pascual 2007). Sin embargo ha sido remarcado que estas aproximaciones fallan para redes del tipo SF (Bansal et al. 2007).

Como mostramos en este trabajo, la red con solo dos grados posibles utilizada aquí, se observa que la evolución del número de nodos infectados resultó muy similar en la red SF y la  $2n$ . Es de hecho que nuestra red es un modelo simple para una población donde un pequeño grupo de super-propagadores juega un rol principal en la dinámica de infección.

El modelo de campo medio para nuestra red con dos grados, siguiendo la línea de los modelos estándar de acción de masas, captura bien la dinámica en el caso de epidemia única considerada. Sin embargo es sabido que el número reproductivo básico obtenido de modelos como el (1) no se corresponde con los obtenidos considerando la estructura de la red (Aparicio and Pascual 2007). Mejoras a nuestra aproximación serán presentadas en el futuro.

**¡Muchas gracias!**