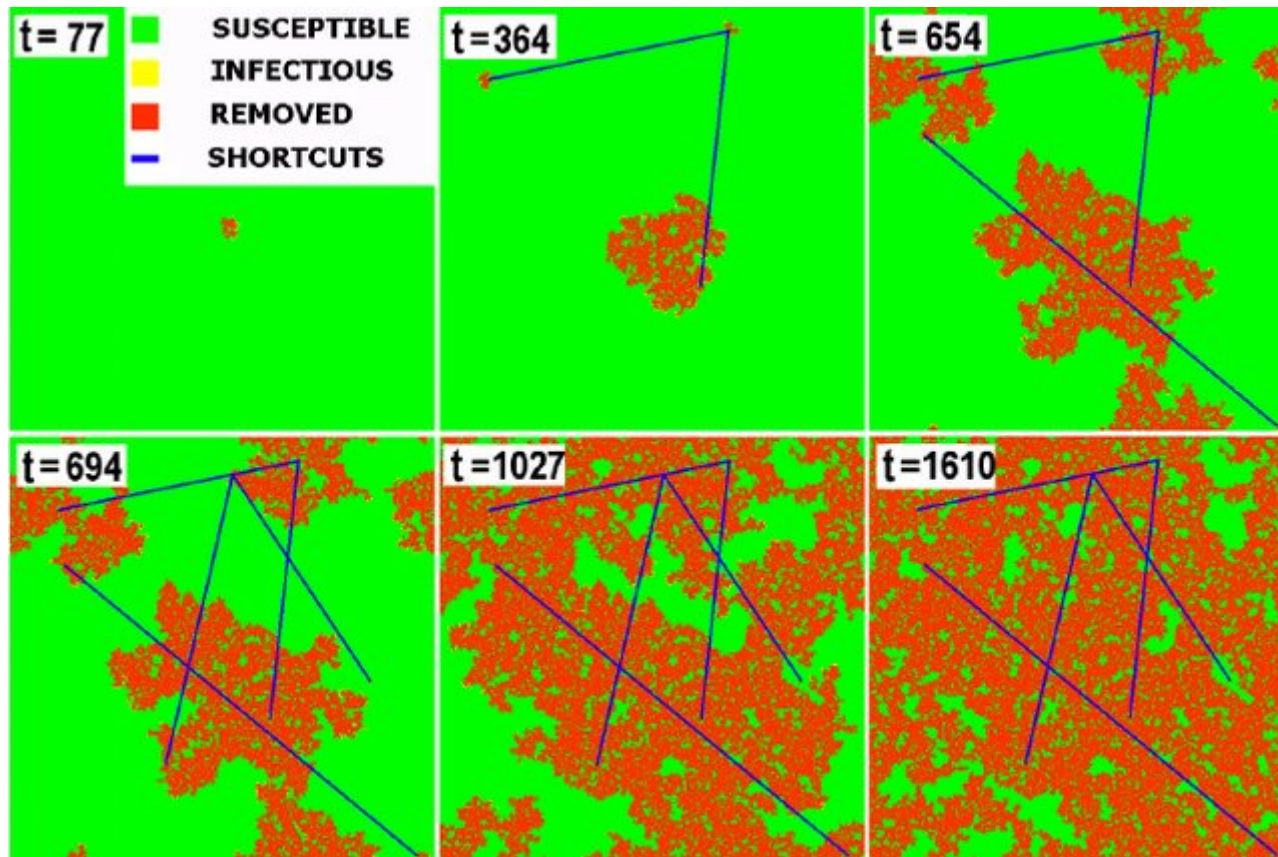


# Epidemias en networks



# Epidemiología

## Percolación en Networks complejos

Percolación usual fue en redes regulares de  $N$  nodos

El problema de la Percolación es considerar lattices regulares embebidas en un espacio  $D$ -dimensional

Esto es equivalente a trabajar en un espacio  $N-1$  dimensional donde cada nodo puede estar ligado a  $N-1$  nodos.

Vamos a buscar aquel punto en el que el sistema esta compuesto de muchos fragmentos pequeños y ante un modificación infinitesimal de i.e.  $p$  (la proba de ocupación de un nodo) pasa a tener una componente gigante.

El problema de la transición de percolación : Newman MEJ SIAM rev **45** 167

Sea un random network, no dirigido, no correlacionado, con

1) distribución de grado  $P(k)$

2)  $q$  la proba que un nodo elegido al azar no de a un nodo que pertenece al cluster infinito

Sea

$$\frac{kP(k)}{\langle k \rangle}$$

la proba de que un nodo random nos conecte a un nodo de grado  $k$  ( $\langle k \rangle$  es la norma)

Sea

$$q^{k-1}$$

la proba de que los  $(k-1)$  nodos restantes no esten conectados

Entonces la proba de uqe un nodo elegido al azar no este conectado al infinito es

$$q = \sum_k \frac{kP(k)}{\langle k \rangle} q^{k-1}$$

Entonces la proba de uqe un nodo elegido al azar no este conectado al infinito es

$$q = \sum_k \frac{kP(k)}{\langle k \rangle} q^{k-1}$$

$q=1$  es siempre solución

Sea ahora  $P_g$  que es la proba de una dado nodo de pertenecer al cluster gigante.

$$P_g = 1 - \sum_k P(k) q^k$$

$q=1$  correponde a  $P_g = 0$  o sea ausencia de cluster percolante.

Hay que buscar las otras soluciones y entonces se propone

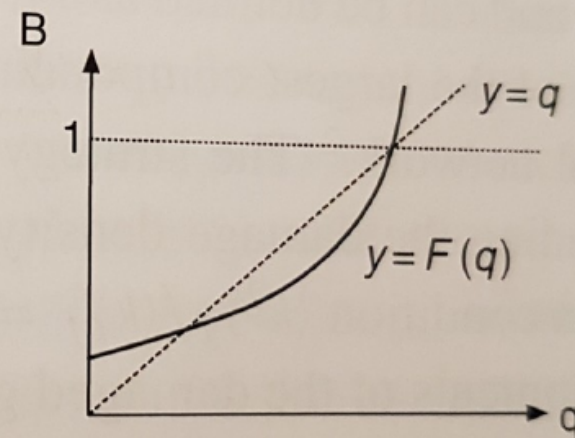
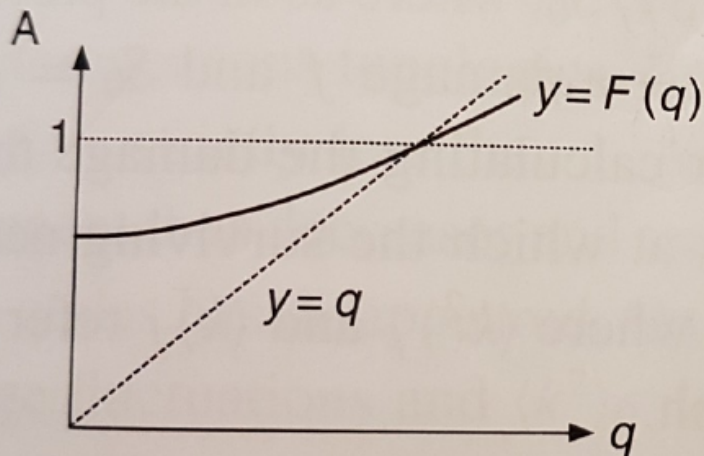
$$q = F(q) = \sum_k k P(k) q^{k-1} \frac{1}{\langle k \rangle}$$

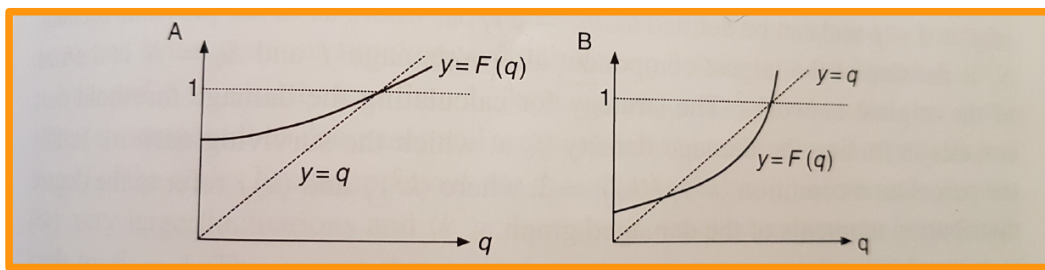
donde

$$F(0) = \frac{P(1)}{\langle k \rangle} \quad F(1) = 1$$

Ademas

$$F'(q) > 0 \quad F''(q) > 0 \quad \text{para } 0 < q < 1$$





Para que ocurra la situación B es necesario que la pendiente de  $F(q)$  en  $1=q$  sea mayor que la pendiente de  $y=q \Rightarrow$

$$\left[ \frac{d}{dq} \left( \sum_k \frac{kP(k)}{\langle k \rangle} q^{k-1} \right) \right]_{q=1} > 1$$

$$\left[ \frac{d}{dq} \left( \sum_k \frac{kP(k)}{\langle k \rangle} q^{k-1} \right) \right]_{q=1} > 1$$

$$\left[ \frac{1}{\langle k \rangle} \frac{d}{dq} \left( \sum_k kP(k) q^{k-1} \right) \right]_{q=1} > 1$$

$$\frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k kP(k)(k-1) > 1$$

$$\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} - 1 > 1$$

$$\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} - 1 > 1$$

O sea que la relacion es

$$\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} > 2$$

Esta es la condicion de percolacion e introducimos el parametro de heterogeneidad

$$\kappa = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}$$

Esto es estrictamente valido para redes totalmente descorrelacionadas con  $N \rightarrow$  infinito

Se puede demostrar que el umbral de percolacion marca el el punto critico de la transicion de fase entre  $\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} < 2$  sin cluster percolante y numerosos fragmentos

“pequeños” a la region con presencia de una componente gigante  $\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} > 2$

Para un network de Erdos Renyi en los que los links se toman con probabilidad  $\mathbf{p}$  ,  
 $\langle k \rangle = \mathbf{pN} \rightarrow p_c = 1/N$



## Daños y resiliencia

Si se desarrolla un proceso epidemico sobre una red, los links estan asociados a los caminos por los que se propagan las enfermedades. Un mecanismo para evitar la propagacion de la misma es mediante (en ppo.) la ruptura de links.

Estudiamos un proceso de "percolacion inversa"

El estado inicial es tal que todos los nodos están ligados por vecinos inmediatos.

Supongamos que  $f=0$  denota que todos los nodos están ocupados. Entonces también denota el estado con  $p=1$  (proba de ocupación).

Si se elimina una fracción  $f$  de nodos ocupados (se los desocupa) el problema es equivalente a  $p \rightarrow (1-f)$  existira entonces un  $f_c=1-p_c$  que la fracción crítica que marca un umbral tal que marca el paso del fragmento percolante a una serie de fragmentos.

Entonces aparece una transicion de fase al pasar de una situacion a la otra.

Sea el parametro de orden

$$P_G = \frac{S_f}{S_0}$$

Donde  $S_f$  es el tamaño del fragmento mayor despues del "daño"  $f$  y donde  $S_0 = N$  es el tamaño original del network.

De acurdo a lo visto antes, encontrar  $f_c$  es equivalente a encontrar el valor para el cual se cumple

$$\frac{\langle k^2 \rangle_f}{\langle k \rangle_f} = 2$$

con  $\langle k \rangle_f$  el correspondiente al network dañado.

Comenzamos con un network con distribucion de grado

$$P_0(k)$$

empezamos con  $P_0(k) \rightarrow \langle k \rangle_0, \langle k^2 \rangle_0$  y luego del daño  $P_f(k) \rightarrow \langle k \rangle_f, \langle k^2 \rangle_f$

Phys.Rev.Lett. **85**, 4626

Ante este proceso un nodo con grado  $k_0$  luego del daño quedara en grado  $k$  con probabilidad

$$\binom{k_0}{k} (1-f)^k f^{k_0-k}$$

de donde resulta la densidad de probabilidad  $P_f(k)$  sumando lo anterior sobre todo posible valor de  $k_0$

$$P_f(k) = \sum_{k_0 \geq k} P_0(k_0) \binom{k_0}{k} (1-f)^k f^{k_0-k}$$

de donde resulta la densidad de probabilidad  $P_f(k)$  sumando lo anterior sobre todo posible valor de  $k_0$

$$P_f(k) = \sum_{k_0 \geq k} P_0(k_0) \binom{k_0}{k} (1-f)^k f^{k_0-k}$$

Si con esto se calcula cosas uno obtiene

$$\langle k \rangle_f = (1-f) \langle k \rangle_0$$

$$\langle k^2 \rangle_f = (1-f)^2 \langle k^2 \rangle_0 + f(1-f) \langle k \rangle_0$$

$f_c$  es tal que si  $f > f_c$  no hay componente gigante.

Para satisfacer el criterio de  $\frac{\langle k^2 \rangle_f}{\langle k \rangle_f} < 2 \rightarrow \langle k^2 \rangle_f < 2 \langle k \rangle_f \rightarrow$

$$(1-f)^2 \langle k^2 \rangle_0 + f(1-f) \langle k \rangle_0 < 2(1-f) \langle k \rangle_0$$

De donde

$$(1-f)\langle k^2 \rangle_0 + f\langle k \rangle_0 < 2\langle k \rangle_0$$

Que resulta

$$f > 1 - \frac{\langle k \rangle_0}{\langle k^2 \rangle_0 - \langle k \rangle_0}$$

y de allí

$$f_c = 1 - \frac{\langle k \rangle_0}{\langle k^2 \rangle_0 - \langle k \rangle_0} = 1 - \frac{1}{\kappa - 1}$$

con  $\kappa = \langle k^2 \rangle_0 / \langle k \rangle_0$

$$f_c = 1 - \frac{\langle k \rangle_0}{\langle k^2 \rangle_0 - \langle k \rangle_0} = 1 - \frac{1}{\kappa - 1}$$

con  $\kappa = \langle k^2 \rangle_0 / \langle k \rangle_0$

De donde podemos observar :

1) Si las fluctuaciones de grado están acotadas,  $\langle k^2 \rangle_0$  es menor que 1 y entonces  $f_c$  es estrictamente menor que 1  $\rightarrow$  cuanto más nodos se retiran el tamaño de la componente más grande decrece.

2) Si es una densidad de probabilidad es de "cola larga" o "heavy tailed"  $\langle k^2 \rangle_0$  diverge y entonces la componente gigante está presente siempre (excepto para  $f_c = 1$ ) Es infinitamente robusta!, pero esto es así para  $N \rightarrow$  infinito. Pero en los sistemas reales las redes son siempre finitas luego las fluctuaciones son finitas.

# Epidemiologia

Modelos compartamentales y suposición de homogeneidad

Estos son los modelos mas simples

Clasificamos a la poblacion "en compartimentos" de acuerdo a su estado

Los fundamentales son:

S	puede contraer la infeccion	susceptible	
I	esta contagiado	infectado	
R	deja de participar del juego	removido	sano o muerto

Vamos a considerar un sistema con N individuos

Sea  $X^{[m]}(t)$  el numero de individuos en el estado [m] a tiempo t

Se satisface  $N = \sum_m X^{[m]}(t)$

Tenemos 2 clases de procesos

1) espontaneos , por ejemplo la transicion de  $I \rightarrow R$  , decimos espontaneos porque no necesitan de la interaccion con otro agente

2) interacciones binarias , para que un  $S \rightarrow I$  necesitamos la interaccion de un S con un I

Para 1)

Tenemos que la variacion de  $X^{[m]}(t)$  es

$$\sum_h v_h^m a_h X^{[h]}$$

donde

$a_h$  es el ritmo de transicion desde la clase  $[h]$

$v_h^m = 1, 0, -1$  es el cambio en el numero  $X^{[m]}(t)$  debido al proceso espontaneo desde o a  $[h]$

Para 2) que son los del tipo  $S+I=2I$

Tenemos que la variacion de  $X^{[m]}(t)$  es

$$\sum_{h,g} v_{h,g}^m a_{h,g} N^{-1} X^{[h]} X^{[g]} + \sum_h v_h^m a_h X^{[h]}$$



Dado lo anterior podemos plantear ahora

$$\partial_t X^{[m]} = \sum_{h,g} v_{h,g}^m a_{h,g} N^{-1} X^{[h]} X^{[g]} + \sum_h v_h^m a_h X^{[h]}$$

Donde ahora las cantidades  $X^{[m]}(t)$  son continuas.

Se debe satisfacer

$$\sum_m \partial_t X^{[m]}(t) = 0$$

La aproximacion continua determinista deja de lado fluctuaciones

Los modelos epidemiologicos basicos son

SI  
SIS  
SIR

## El modelo mas sencillo es el SI:

La probabilidad que un nodo adquiera la infección de un vecino es para un intervalo de tiempo  $dt$

$$\beta dt$$

$\beta$  es el ritmo de dispersión de la infección.

La evolucion de este modelo esta completamente dado por

$$i(t) = \frac{I(t)}{N}$$

Entonces tenemos que tomar en cuenta que cada nodo infectado “intenta” infectar un nodo susceptible, tenemos que la probabilidad de contagiar en  $dt$  al susceptible con  $n$  vecinos infectados es

$$1 - (1 - \beta dt)^n$$

Dejando de lado las fluctuaciones, cada nodo susceptible con  $k$  conexiones va a tener  $n=ki$  vecinos infectados.

Si  $\beta dt \ll 1$  entonces  $1 - (1 - \beta dt)^n \simeq \beta k i dt$  donde aparece explicitamente la dependencia en  $k$

Suponemos que el número de vecinos es el mismo para todos

$$k_i = \langle k \rangle$$

La correspondiente ecuación de evolución es

$$\frac{di(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle i(t) [1 - i(t)]$$

con  $[1 - i(t)] = s(t)$  donde  $S(t)/N = s(t)$

### **Exploramos ahora el modelo SIS**

Ahora debemos incorporar un parámetro  $\mu$  que es el ritmo al que nodos infectados pasan al estado susceptible.

$$\frac{di(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle i(t) [1 - i(t)] - \mu i(t)$$

donde  $[1 - i(t)] = s(t)$  debe satisfacerse a todo tiempo

## Exploramos ahora el modelo SIR

Ahora  $\mu$  corresponde al pasaje de infectado a recuperado.

Resulta ahora el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\frac{ds(t)}{dt} = -\beta \langle k \rangle i(t) [1 - r(t) - i(t)]$$

$$\frac{di(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle i(t) [1 - r(t) - i(t)] - \mu i(t)$$

$$\frac{dr(t)}{dt} = \mu i(t)$$

De acuerdo a esto todos los infectados terminaran en el estado recuperado.

$\mu$  Establece una escala  $1/\mu$  que comparamos con  $1/\beta$  y resulta que

si  $1/\mu < 1/\beta$  el proceso es dominado por la recuperación natural de infectados a susceptibles o recuperados (según el caso)

si  $1/\mu \gg 1/\beta$  el spreading es mucho mas rapido que la recuperación. Luego es como un SI

## La aproximación lineal y el umbral epidémico

Como se comportan los modelo sencillos anteriores en las etapas primeras de la evolucion.

A tiempos muy cortos  $i(t)$  es pequeño y podemos dejar de lado los terminos cuadraticos.

Para el SI  $\frac{di(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle i(t)[1-i(t)]$

$$\frac{di(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle i(t) \rightarrow i(t) \simeq i_0 e^{\beta \langle k \rangle t} \rightarrow i(t) \simeq i_0 e^{t/\tau}$$

Donde  $\tau = (\beta \langle k \rangle)^{-1}$  es la escala temporal de la prevalencia de la infección

En el modelo SI todos evolucionan al estado I

La solución de este modelo es

$$i(t) = \frac{i_0 \exp(t/\tau)}{1 + i_0 (\exp(t/\tau) - 1)}$$

La aproximación lineal para SIS y SIR es tal que despreciando los términos cuadráticos en  $i^2$

$$\frac{di(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle i(t) - \mu i(t)$$

La correspondiente solución es

$$i(t) \simeq i_0 e^{t/\tau}$$

Donde

$$\tau^{-1} = \beta \langle k \rangle - \mu$$

este término a diferencia de lo que ocurre en SI puede tener valores tanto positivos como negativos así que hay soluciones que decaen y no propagan la infección.

Surge entonces el concepto de *umbral epidémico* }

Si  $\beta < \mu/\langle k \rangle \rightarrow \tau < 0$

La condicion de umbral epidemico se escribe

$$\tau^{-1} = \mu(R_0 - 1) > 0$$

Con  $R_0 = \beta\langle k \rangle/\mu$  el ritmo basico de reproduccion.

