UNIVERSIDAD DE SAN PABLO

ESCUELA DE ARTES, CIENCIAS Y HUMANIDADES

OGRAMA DE POSGRADUACIÓN EN MODEI	ROGRAMA DE POSGRADUACIÓN EN MODELA	ROGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELAJ	OGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IF	ROGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELAJE I	OGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA JE DI	OCRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELAJE DE .	OGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELAJE DE SISTI	OGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELAJE DE SISTE	OGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	ROGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	OGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	ROGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (ROGRAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS CO	ROGRAMA DE POSGRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	ROGRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEI	OGRAMA DE POSGRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	OGRAMA DE POSGRADUACIÓN EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	PΒ
GRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODE	GRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA	GRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA I	GRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA JE	CRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELAJE I	CRAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELAJE DE	CRAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELAJE DE	CRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTI	CRAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELAJE DE SISTE	CRAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEM	GRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	GRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	CRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (GRAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	CRAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	GRAMA DE POSGRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEI	GRAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	GRAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	30
RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODEI	RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA	RAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA I	RAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IF	RAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA JE I	RAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA JE DI	RAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELAJE DE .	RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELAJE DE SISTI	RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEJ	RAMA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	RAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	RAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	RAMA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEI	RAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	RAMA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	G
MA DE POSCRADHACIÓN EN MODEI	MA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA	MA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA I	MA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IF	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE J	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DI	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE .	MA DE POSCRADHACIÓN EN MODELAJE DE SISTI	MA DE POSCRADHACIÓN EN MODELAJE DE SISTE	MA DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS (MA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	MA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJ	MA DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJO	MA DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	RΔ
A DE POSCRADHACIÓN EN MODEI	A DE POSCRADUACIÓN EN MODELA	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA I	A DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE I	A DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE	A DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEJ	A DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	A DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMA	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS O	A DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	A DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	A DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEI	A DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	A DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	М
DE POSCRADUACIÓN EN MODEI	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA	DE POSCRADUACIÓN EN MODELA I	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IF	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE I	DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTI	DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEJ	DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEM	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS O	DE POSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	DE POSCRADIJACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEI	DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	DE POSCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	Δ
POSCRADIJACIÓN EN MODEI	POSCRADIJACIÓN EN MODELA	POSCRADIJACIÓN EN MODELA I	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE J	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTI	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTE	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEM	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMA	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS	POSCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS O	POSCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS CO	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJ	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJO	POSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	DE
OSGRADIJACIÓN EN MODEI	OSGRADIJACIÓN EN MODELA	OSCRADIJACIÓN EN MODELA I	OSCRADIJACIÓN EN MODELA IF	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE J	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DI	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE	OSCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTE	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEM	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMA	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS O	OSCRADIJACIÓN EN MODELAJE DE SISTEMAS CO	OSCRADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJ	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJO	OSCRADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	Р
SCRADHACIÓN EN MODEI	SCRADUACIÓN EN MODELA	SCRADUACIÓN EN MODELA I	SCRADHACIÓN EN MODELA IF	SCRADHACIÓN EN MODELA IE I	SCRADHACIÓN EN MODELA IE DE	SCRADHACIÓN EN MODELA IE DE	SCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTI	SCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEJ	SCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	SCRADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	SCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	SCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS <i>(</i>	SCRADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS CO	SCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	SCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJ	SCRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	SCRADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	O_{S}
CRADHACIÓN EN MODEI	CRADHACIÓN EN MODELA	CRADIJACIÓN EN MODELA I	CRADHACIÓN EN MODELA IF	CRADUACIÓN EN MODELA IE I	CRADHACIÓN EN MODELA IE DE	CRADHACIÓN EN MODELA JE DE	CRADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	RADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTE	RADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEM	RADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	RADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	RADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS O	CRADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS CO	PADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	RADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJ	RADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJO	PADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	30
RADIJACIÓN EN MODEI	RADIJACIÓN EN MODELA	RADUACIÓN EN MODELA I	RADIJACIÓN EN MODELA JE	RADUACIÓN EN MODELA IE I	RADUACIÓN EN MODELA IE DI	RADUACIÓN EN MODELA JE DE	RADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	RADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTE	RADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	RADUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	RADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS	RADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS (RADHACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS CO	RADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	RADIJACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJ	RADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJO	RADUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	ŢĘ.
DHACIÓN EN MODEI	ADHACIÓN EN MODELA	ADHACIÓN EN MODELA I	DHACIÓN EN MODELA IF	ADIJACIÓN EN MODELA JE I	ADHACIÓN EN MODELA IE DI	DHACIÓN EN MODELA IE DE	ADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	ADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTE	ADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	ADHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	DHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (DHACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	DUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJO	DUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	Δ
IIACIÓN EN MODEI	IIACIÓN EN MODELA	IIACIÓN EN MODELA I	IIACIÓN EN MODELA IF	DUACIÓN EN MODELA IE I	DUACIÓN EN MODELA IE DE	DUACIÓN EN MODELA JE DE	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTE	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	DUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS (DUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS CO	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	DUACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	DUACIÓN EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLEJOS	Т
IACIÓN EN MODEI	IACIÓN EN MODELA	IACIÓN EN MODELA I	IACIÓN EN MODELA IF	IACIÓN EN MODELA IE I	IACIÓN EN MODELA IE DI	IACIÓN EN MODELA IE DE	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTE	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE I	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	IACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	T(
CIÓN EN MODEI	CIÓN EN MODELA	CIÓN EN MODELA I	CIÓN EN MODELA IF	CIÓN EN MODELA IE I	CIÓN EN MODELA IE DI	CIÓN EN MODELA IE DE	ACIÓN EN MODELA IE DE SISTI	ACIÓN EN MODELA IE DE SISTE	ACIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	ACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	ACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (ACIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE I	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	TΔ
CIÓN EN MODEI	CIÓN EN MODELA	CIÓN EN MODELA I	CIÓN EN MODELA IF	CIÓN EN MODELA IE I	CIÓN EN MODELA IE DI	CIÓN EN MODELA IE DE	CIÓN EN MODELA IE DE SISTI	CIÓN EN MODELA IE DE SISTE	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEM	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS <i>(</i>	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE I	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	CIÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIOS	(
ÓN EN MODEI	ÓN EN MODELA	ÓN EN MODELA I	ÓN EN MODELA IE	ÓN EN MODELA IE I	ÓN EN MODELA IE DI	ÓN EN MODELA IE DE	ÓN EN MODELA IE DE SISTI	ÓN EN MODELA IE DE SISTE	ÓN EN MODELA IE DE SISTEM	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMA	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS (ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	ÓN EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLETOS	T
N EN MODEI	N EN MODELA	N EN MODELA	N EN MODELA IE	N EN MODELA IE I	N EN MODELA IE DI	N EN MODELA IE DE	N EN MODELA IE DE SISTI	N EN MODELA IE DE SISTE	N EN MODELA IE DE SISTEM	N EN MODELA IE DE SISTEMA	N EN MODELA IE DE SISTEMAS	N EN MODELA IE DE SISTEMAS <i>(</i>	N EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	N EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	N EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	N EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	N EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	Ó
EN MODEI	EN MODELA	EN MODELA	EN MODELA IE	EN MODELAJE I	EN MODELA IE DI	EN MODELA IE DE	EN MODELAJE DE SISTI	EN MODELAJE DE SISTE	EN MODELA IE DE SISTEM	EN MODELA IE DE SISTEMA	EN MODELA IE DE SISTEMAS	EN MODELA IE DE SISTEMAS O	EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	EN MODELA JE DE SISTEMAS COMPLE	EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJ	EN MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	N
N MODE	N MODEL	N MODELA	N MODELA IF	EN MODELAJE I	N MODELA IE DI	EN MODELA IE DE	N MODELAJE DE SISTI	N MODELAJE DE SISTE	N MODELA IE DE SISTEM	EN MODELA IE DE SISTEMA	EN MODELA IE DE SISTEMAS	EN MODELA IE DE SISTEMAS O	EN MODELA IE DE SISTEMAS CO	EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLE	EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJ	EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJO	EN MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	F
MODE	MODEL	MODELAI	MODELA IF	MODELAJE I	MODELA IE DI	MODELA IE DE	MODELAJE DE SISTI	MODELAJE DE SISTE	MODELA IE DE SISTEM	MODELA IE DE SISTEMA	MODELA IE DE SISTEMAS	MODELA IE DE SISTEMAS O	I MODELA IE DE SISTEMAS CO	MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	MODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJO	MODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	N
JODE I	AODEL A	AODELA I	JODELA IE	AODELA IE I	MODELA IE DI	MODELA IE DE	MODELA IE DE SISTI	MODELA IE DE SISTE	MODELA IE DE SISTEM	MODELA IE DE SISTEMA	MODELA IE DE SISTEMAS	MODELA IE DE SISTEMAS O	MODELA IE DE SISTEMAS CO	MODELA IE DE SISTEMAS COMPLE	MODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEIC	MODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJOS	1
)DEI	DEL	ODELAI	ODELA IF	ODELA IE I	ODELA IE DI	ODELA IE DE	ODELAJE DE SISTI	ODELAJE DE SISTE	ODELA IE DE SISTEM	ODELA IE DE SISTEMA	ODELA IE DE SISTEMAS	ODELA IE DE SISTEMAS O	ODELA IE DE SISTEMAS CO	ODELAJE DE SISTEMAS COMPLE	ODELA IE DE SISTEMAS COMPLET	ODELA IE DE SISTEMAS COMPLEJO	ODELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	A (
$^{ m DEI}$	DEL	DELA:	DELA IF	DELAJE I	DELA IE DI	DELA IE DE	DELAJE DE SISTI	DELAJE DE SISTE	DELA IE DE SISTEM	DELA IE DE SISTEMA	DELA IE DE SISTEMAS	DELA IE DE SISTEMAS (DELA IE DE SISTEMAS CO	DELA IE DE SISTEMAS COMPLE	DELA IE DE SISTEMAS COMPLEI	DELAJE DE SISTEMAS COMPLEJO	DELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS)I
F.)]	ET.	ELA.	ELA IF	ELAJE I	ELA IE DI	ELA IE DE	ELAJE DE SISTI	ELAJE DE SISTE	ELA IE DE SISTEM	ELA IE DE SISTEMA	ELA IE DE SISTEMAS	ELA IE DE SISTEMAS (ELA IE DE SISTEMAS CO	ELAJE DE SISTEMAS COMPLE	ELAJE DE SISTEMAS COMPLEJ	ELAJE DE SISTEMAS COMPLEJO	ELAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	71
	Γ. Α	[A]	LAIF	LAIEI	LAIE DE	LA IE DE	LAJE DE SISTI	LAJE DE SISTE	LA IE DE SISTEM	LA IE DE SISTEMA	LA IE DE SISTEMAS	LA IE DE SISTEMAS (LA IE DE SISTEMAS CO	LAJE DE SISTEMAS COMPLE	LAJE DE SISTEMAS COMPLEJ	LAJE DE SISTEMAS COMPLEJO	LAJE DE SISTEMAS COMPLEJOS	F.I
A JE DE SI	IE DE SI	DE SI	E SI	E SI	ST		\mathbf{T}^{1}	TE	TEM	TEMA	TEMAS	TEMAS (TEMAS CO	TEMAS COMPLE	TEMAS COMPLEI	TEMAS COMPLEIC	TEMAS COMPLEJOS	S'
A JE DE SIS	IE DE SIS	DE SIS	E SIS	E SIS	STS	S'		F.I	ЕM	ЕМΙΔ	EMAS	EMAS (EMAS CO	EMAS COMPLE	EMAS COMPLEI	EMAS COMPLEIC	EMAS COMPLEJOS	T
A IE DE SISTEMAS COM	IE DE SISTEMAS COM	DE SISTEMAS COM	DE SISTEMAS COM	E SISTEMAS COM	SISTEMAS CON	STEMAS CON	MAS CON	AS CON	S COM	COI	C	١(PLE	PLEI	PLEIC	PLEIOS	/ []
A IE DE SISTEMAS COM	IE DE SISTEMAS COM	DE SISTEMAS COM	DE SISTEMAS COM	E SISTEMAS COM	SISTEMAS COMI	STEMAS COM	MAS COM	AS COMI	S COMI	COMI	COMI	М	/ []	F	$\mathbf{E}\mathbf{I}$	EIC	EIOS	ΡĮ
A JE DE SISTEMAS COMPI	IE DE SISTEMAS COMPI	DE SISTEMAS COMPI	DE SISTEMAS COMPI	E SISTEMAS COMPI	SISTEMAS COMPI	STEMAS COMPI	MAS COMPI	AS COMPI	S COMPI	COMPI	COMPI	мы	лрі		LS	E.I.C	SOLE	Ţ

KYUNG MOO KIM

Algunos modelos epidemiológicos en grafos completos y redes complejas

San Pablo

2019

KYUNG MOO KIM

Algunos modelos epidemiológicos en grafos completos y redes complejas

Versión Corregida

Tesis de Máster presentada a la Escuela de

Artes, Ciencias y Humanidades de la Uni

versidad de San Pablo para la obtención del

título de Máster en Ciencias por el programa

de Posgraduación en Modelaje de Sistemas

Complejos.

Versión corregida conteniendo las alteracio-

nes solicitadas por la comisión evaluadora

en 25 de septiembre de 2019. La versión

original se encuentra en archivo reservado

en la biblioteca da EACH-USP y en la Bi

bioteca Digital de Tesis e Disertaciones de

la USP (BDTD), de acuerdo con la Reso

lución CoPGr 6018, de 13 de octubre de

2011.

Área de concentración

Sistemas Complejos.

Orientador: Prof. Dr. Masayuki Oka Hase

San Pablo

2019

Autorizo a reprodução e divulgação total ou parcial deste trabalho, por qualquer meio convencional ou eletrônico, para fins de estudo e pesquisa, desde que citada a fonte.

CATALOGAÇÃO-NA-PUBLICAÇÃO

(Universidade de São Paulo. Escola de Artes, Ciências e Humanidades. Biblioteca) CRB 8 - 4936

Kim, Kyung Moo

Algunos modelos epidemiológicos en grafos completos y redes complejas / Kyung Moo Kim ; orientador, Masayuki Oka Hase – 2019.

91 f.: il.

Dissertação (Mestrado em Ciências) - Programa de Pós-Graduação em Modelagem de Sistemas Complexos, Escola de Artes, Ciências e Humanidades, Universidade de São Paulo. Versão corrigida.

1. Redes complexas. 2. Epidemiologia - Simulação computacional. 3. Sistemas dinâmicos. I. Hase, Masayuki Oka. II. Título.

CDD 22.ed.- 530.131

Tesis de Máster de autoría de Kim Kyung Moo, bajo el título "Algunos modelos epidemiológicos en grafos completos y redes complejas", presentada a la Escuela de Artes, Ciencias y Humanidades de la Universidad de San Pablo, para obtención del título de Máster en Ciencias por el Programa de Posgraduación de Sistemas Complejos, en la área de concentración Sistemas Complejos, aprobado en 25 de septiembre de 2019 por la Junta Examinadora constituida por los doctores:

Prof. Dr. Camilo Rodrigues Neto

Institución: EACH/USP

Prof. Dra. Karina Valdivia Delgado

Institución: EACH/USP

Prof. Dra. Angélica Sousa de Mata

Institución: UFLA

Parecer: Aprobado

Asignatura:

Parecer: Aprobado

Asignatura:

Parecer: Aprobado

Asignatura:

RESUMEN

KIM, Kyung Moo. Algunos modelos epidemiológicos en grafos completos y redes complejas. 2019. 91 p. Tesis (Máster en Ciencias) - Escuela de Artes, Ciencias y

Humanidades. Universidad de San Pablo, San Pablo, 2019.

Las redes complejas están presentes en varias áreas de conocimiento y ayudan a modelar sistemas de varios agentes interagentes para investigar, por ejemplo, los fenómenos epidemiológicos. En este trabajo, analizamos modelos epidemiológicos clásicos, como el modelo susceptible - infectado - removido, conocido simplemente como modelo SIR, y el modelo susceptible - infectado - susceptible, o SIS, y una revisión de estos modelos en los grafos completos. También definimos y estudiamos el modelo SIS en una red de escala libre, estudiando el umbral epidemiológico y el análisis de estabilidad en campo medio heterogéneo (HMF) y quenched (QMF). Un punto importante de este trabajo es la propuesta de modificaciones en los modelos HMF y QMF en que los contactos con los

vértices infectados son debilitados.

Palabras claves: Redes. Redes complejas. Epidemiológia.

ABSTRACT

KIM, Kyung Moo. Some epidemic models on complete graphs and complex networks. 2019. 91 p. Dissertation (Master of Science) - School of Arts, Science and Humanities. University of São Paulo, São Paulo, 2019.

Complex networks are present in many areas of knowledge and help us to model systems with many interacting agents to investigate, for example, the epidemiological phenomena. In this work, we analyze classic epidemiological models, such as the susceptible - infected - removed model, known simply as the SIR model, and the susceptible - infected - susceptible model, or SIS, and we review these models defined on complete graphs. We also defined and studied the SIS model on a scale-free network, studying the epidemiological threshold and stability analysis in the heterogeneous mean field (HMF) and quenched mean field models (QMF). An important point of this work is the proposal of modifications in the HMF and QMF models where the contact of the infected vertices are weakened.

Keywords: Networks. Complex networks. Epidemiology.

RESUMO

KIM, Kyung Moo. Alguns modelos epidemiológicos em grafos completos e redes

complexas. 2019. 91 p. Dissertação (Mestrado em Ciências) - Escola de Artes, Ciências e

Humanidades. Universidade de São Paulo, São Paulo, 2019.

As redes complexas estão presentes em diversas áreas do conhecimento e ajudam a

modelar sistemas de vários agentes interagentes para investigar, por exemplo, fenômenos

epidemiológicos. Neste trabalho, analisamos modelos clássicos de epidemiologia, como o

modelo suscetível - infectado - removido, conhecido simplesmente como modelo SIR, e

o modelo suscetível - infectado - suscetível, ou SIS, e uma revisão destes modelos nos

grafos completos. Definimos e estudamos, também, o modelo SIS numa rede de livre

escala, estudando o limiar epidemiológico e a análise de estabilidade nos modelos de campo

médio heterogêneo (HMF) e quenched (QMF). Um ponto importante deste trabalho é a

proposta de modificações nos modelos HMF e QMF onde o contato dos vértices infectados

é enfraquecido.

Palavras-chave: Redes. Redes complexas. Epidemiologia

Lista de Figuras

Figura 1 –	Las relaciones entre los nodos pueden ser representados a través de	
	grafos. En la figura podemos observar un grafo simple con 9 vértices $$.	20
Figura 2 –	Esquema del problema de las 7 puentes de Königsberg. En el esquema A	
	podemos observar las dos islas y las puentes de la ciudad. En el esquema	
	B podemos observar el mismo problema a través de grafos	21
Figura 3 –	Grafo completo con 4 vértices	22
Figura 4 –	Fotografía de Ronald Ross	24
Figura 5 –	Esquema del modelo SIS	25
Figura 6 –	Gráfico del modelo SIS con $N=100$ y $\mu=1.0.$ El gráfico A representa	
	el modelo SIS cuando $\lambda=0.1$ y el gráfico B es cuando $\lambda=0.001;$ según	
	$(2.30), \lambda_c = 0.01. \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots \ldots$	27
Figura 7 –	Fotografía de McKendrick y Kermack	28
Figura 8 –	Esquema del modelo SIR	29
Figura 9 –	Modelo SIR con α =0.05 y δ = 1.5. Infectados en el tiempo $t=0$ es	
	$I_0 = 20$, de recuperados es 0 y susceptibles, $S_0 = 80$	30
Figura 10 –	El gráfico muestra la relación entre los susceptibles y infectados en el	
	modelo SIR	32
Figura 11 –	Red regular con grado $k=4$ para cada vértice	34
Figura 12 –	El valor de λ_c indica el limite entre el estado de vértices sanos y	
	infectados. El valor de ρ en el gráfico indica la densidad de infectados	
	estacionaria y el valor de λ indica la tasa de infección	35
Figura 13 –	Ejemplo de red compleja - redes de relaciones sexuales	36
Figura 14 –	Modelo de conexión preferente en la red de Barabási - Albert	38
Figura 15 –	Ejemplo de una sucesión de eventos para el modelo SIS	40
Figura 16 –	Esquema de la solución gráfica de la ecuación (3.6) donde hay una única	
	solución (que es trivial)	43
Figura 17 –	Esquema de la solución de la ecuación (3.6) con solución no trivial	44
Figura 18 –	El gráfico representa la relación entre Θ y ρ versus λ para HMF. En el	
	gráfico consideramos el valor de $\mu=1, m=1, \ldots, \ldots$	46

Figura 19 –	El gráfico representa HMF y HMF modificado. En el gráfico relaciona	
	la probabilidad Θ y $\lambda.$ Consideramos los valores $m=1$ y $\mu=1.$	47
Figura 20 –	El gráfico representa HMF y HMF modificado relacionado a ρ y $\lambda.$ En	
	el gráfico consideramos los valores de $m=1$ y $\mu=1$	48
Figura 21 –	Esquema de las relaciones $y=1$ y $y=g(\Theta)$ del umbral de infección en	
	el modelo HMF modificado. El cruce de las dos curvas constituye la	
	solución no trivial de la ecuación (3.28)	50
Figura 22 –	Gráficos de los modelos QMF y QMF modificado en el grafo completo	
	con $\lambda = 1$, $\mu = 1$ y $N = 100$ vértices	57
Figura 23 –	Conjuntos de vértices no conexos	58
Figura 24 –	Conjunto de N vértices ordenados de forma decreciente (en la iden-	
	tificación) de una red para escoger um vértice con grado mayor que	
	k_m	59
Figura 25 –	Gráfico de relación $\rho \times t$ de QMF en la red BA con diferentes valores	
	de λ , $N = 100$, $\rho_0 = 5/N$, $\mu = 1$, $\alpha = 0.5$; aquí, $\lambda_c = 3.583$	61
Figura 26 –	Gráfico de relación $\rho \times t$ de QMF modificado con diferentes valores de	
	λ . $N = 100, p = 5/N, \mu = 1, \alpha = 0.5$; aquí, $\lambda_c = 3.583$	62
Figura 27 –	Gráfico de relación $\rho \times \lambda$ del modelo QMF modificado con $N=100,$	
	$\rho_0 = 5/100, \mu = 1, \alpha = 0.5$. La estimativa del valor de $\lambda_c = 3.583\dots$	
	con N finito	64
Figura 28 –	Solución de la ecuación (4.53) con $N=100, \lambda=3, (\lambda<\lambda_c=3.583),$	
	$\mu=1.0$ y $\rho_0=5/100$ con 100 repeticiones de condiciones iniciales	65
Figura 29 –	Solución de la ecuación (4.53) con $N=100, \lambda=10 \ (\lambda>\lambda_c=3.583\ldots),$	
	$\rho_0 = 5/N$ y $\mu = 1.0$ con 100 repeticiones de condiciones iniciales	66

Sumario

1	INTRODUCCION	13
2	PRIMERAS DEFINICIONES	17
2.1	Sistema Dinámico Hiperbólico	17
2.1.1	Análisis del entorno del punto estacionario	18
2.2	Teoría de los grafos	20
2.3	Grafos completos y Matriz de adyacencia	22
2.4	Los modelos epidemiológicos Clásicos	24
2.4.1	El modelo Susceptible - Infectado - Susceptible (SIS)	24
2.4.1.1	El modelo matemático	24
2.4.1.2	Estudios analíticos del modelo SIS	26
2.4.2	El modelo Susceptible - Infectado - Recuperado (SIR)	28
2.4.2.1	El planteo matemático	28
2.4.2.2	Algunas observaciones del modelo SIR	30
2.4.2.3	Cálculo de población máxima de infectados	31
2.4.2.4	Estudio analítico de la propiedad estacionaria de susceptibles y recuperados	32
2.5	Modelo SIS en redes regulares	33
2.5.1	Umbral epidemiológico en redes regulares	33
2.6	La red Barabási - Albert	35
2.6.1	Características de la red Barabási - Albert	36
3	MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EN CAMPO MEDIO HETEROGÉN	ΕO
		39
3.1	El modelo SIS definido en campo medio heterogéneo	39
3.1.1	El estado estacionario y el umbral epidemiológico	40
3.1.2	El Modelo SIS aplicado en la red Barabási - Albert	42
3.2	Modelo Campo Medio Heterogéneo modificado	43
3.3	Umbral de infección para el modelo HMF modificado	45
4	MODEO EPIDEMIOLÓGICO EN EL CAMPO MEDIO QUENCHED	51
4.1	Planteo Matemático	51

4.2	Análisis de Estabilidad
4.3	Modelo QMF en grafo completo
4.4	QMF modificado en un grafo completo
4.5	Modelo de Campo Medio Quenched definido en redes libres de escala 57
4.5.1	Algoritmo de generación de una red que obedece una ley de potencia 58
4.5.2	Modelo QMF con enlace "annealed" en una red de libre escala 60
4.5.3	Análisis de estabilidad del sistema
4.5.4	QMF modificado en redes de libre escala
4.5.5	Umbral de infección de los modelos QMF presentados
5	CONSIDERACIONES FINALES
	BIBLIOGRAFÍA
	APÉNDICE A – VALORES PROPIOS DE UNA MATRIZ DE ADYA- CENCIA DE UN GRAFO COMPLETO 76
	APÉNDICE B – EL ESTADO ESTACIONARIO Y ESTABILIDAD DEL SISTEMA DEL MODELO SIS DEFINIDO EN GRAFO COMPLETO
	APÉNDICE C – RELACIÓN ENTRE LAS POBLACIONES DE SUS- CEPTIBLES Y INFECTADOS EN EL ESTADO ESTACIONARIO DEL MODELO SIR EN UN GRAFO COMPLETO
	APÉNDICE D – DEDUCCIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN DE GRADO DEL MODELO DE BARABÁSI - ALBERT 81
	APÉNDICE E – FRACCIÓN DE INFECTADOS EN EL MODELO HMF EN LA RED BARABÁSI - ALBERT 83
	APÉNDICE F – CÁLCULO DE LA EXPRESIÓN ⊖ EN EL MO- DELO HMF MODIFICADO 85

APÉNDICE	G – CÁLCULO DE FRACCIÓN DE VÉRTICES IN-	
	FECTADOS EN EL MODELO HMF Y HMF MO-	
	DIFICADO APLICADO EN LA RED BARABÁSI	
	- ALBERT	87
APÉNDICE	H – LA RELACIÓN ENTRE γ Y α EN EL MODELO	
	QMF DEFINIDO EN UNA RED DE LA ESCALA	
	LIBRE	88
APÉNDICE	I – CÁLCULO DE VALOR PROPRIO DE UNA MA-	
	TRIZ DE ADYACENCIA 'ANNEALED' PARA UNA	
	RED DE LIBRE ESCALA	89
APÉNDICE	J – CRITERIO DE MOLLOY - REED	90

1 INTRODUCCIÓN

Las enfermedades han existido desde el inicio de la historia humana. Observamos que a lo largo de la historia los humanos han enfrentado diferentes dolencias desde la peste negra en la edad media, que trataron de controlar a través de los conocimientos de Hipócrates, hasta gripes y otras enfermedades, como por ejemplo Viruela, Ébola, el SIDA (Síndrome de inmunodeficiencia adquirida) y otras existentes (1).

Desde los tiempos remotos, los científicos querían entender cómo una dolencia puede ser transmitida a través de distintos agentes y el entendimiento de esta última cuestión fue ayudado en los últimos cien años con el avanzo de las ciencias matemáticas, pues modelos matemáticos permiten estudiar todo el mecanismo de transmisión entre diferentes agentes de forma determinista o estocástica (2). Ahora, la cuestión es ¿De dónde y cuándo apareció la palabra "epidemiología"? y ¿Qué significa el término "epidemia"?

El término "epidemia" quiere decir enfermedad que se propaga durante algún tiempo por una región, acometiendo simultáneamente a gran número de personas (3) y la palabra "epidemiología" fue usada a partir del siglo XVI en la obra del español Quinto Tibério Angelerio llamado "Epidemiología siue tractatus de peste" (1, 4), que estudió sobre la peste negra. Así, en los primeros tiempos el término "epidemiología" fue utilizado para las enfermedades contagiosas teniendo mayor cobertura del término en el siglo XXI (1).

La epidemiología, como estudio independiente, surgió en el siglo XVII con el estudio de la epidemiología veterinaria, pero la primera tentativa con el enfoque matemático fue iniciado por el matemático suizo Daniel Bernoulli en 1760, que estudió como una enfermedad podría propagarse en una determinada región (5). En los principios del siglo XX, el inglés Ronald Ross estudió la malaria, logrando un primer modelo matemático de la enfermedad, que más tarde fue conocido como modelo susceptible - infectado - susceptible o simplemente SIS (6, 7, 8). Por otro lado, las investigaciones de McKendrick y Kermack crearon un nuevo modelo matemático en 1927, que es el modelo susceptible - infectado - recuperado (SIR), para entender la peste negra que asoló India en 1905 y este nuevo modelo fue fundamental para impulsar otros estudios de la área (9).

Un caso que se puede estudiar y modelar a través de modelos epidemiológicos es el caso que fue presentado en Suecia en el año 1963 con el brote de viruela. Según el informe de la época obtenida en la página web del gobierno americano (10), la enfermedad ingresó

al continente europeo a través de un hombre sueco que estaba en Australia por algunas semanas y en la vuelta pasó por varios países de sudeste asiático. Así, a través de esta persona se contagiaron las personas cercanas hasta ser considerada una epidemia. Lo que causó con 4 muertes y 27 casos registrados fue el retraso para identificar la dolencia, pues en un primer momento se creyó que sería varicela en adulto (10). Este último caso es interesante desde el punto de vista de la política de salud pública, pues las autoridades no dieron la importancia que deberían haber dada la enfermedad cuando surgieron las primeras víctimas (10).

Un otro caso que se puede modelar a través de modelos epidemiológicos es el Ébola, una enfermedad que fue detectada en África subsahariana occidental en la década de 1970 en las cercanías del rio Ébola, lo que dio nombre a la enfermedad, pero el grande impacto de la enfermedad, y que llegó al conocimiento de la población mundial, fue en 2013, cuando murieron centenas de personas. El hospedero del virus de la Ébola es un murciélago fructífero, y en algunas regiones africanas el hospedero del virus de esta enfermedad puede ser, por ejemplo, chimpancés, antílope salvaje y erizo (puercoespín), y es transmitido para el hombre a través de secreciones corporales (11).

Los dos ejemplos anteriores son algunas enfermedades que pueden ser modeladas con modelos clásicos SIS y SIR. Así, con los modelos matemáticos podemos entender como una enfermedad puede expandirse en una determinada región geográfica y realizar estudios de control (12, 13). Pero los modelos clásicos, inicialmente definidos en los grafos completos (ver definición en el capítulo 2), tienen limitaciones, pues no consideran la realidad de la red de interacciones entre las personas. Así, podemos utilizar otras herramientas que pueden ayudar a un mejor entendimiento de los modelos existentes. Estas nuevas herramientas son las redes complejas. Una red es dicha de compleja cuando presenta una estructura heterogénea que no es observada en redes regulares o homogénea (mayores detalles en el capítulo 2). Las redes complejas presentan varias aplicaciones y una de las áreas es en ciencias sociales, donde estudian las relaciones humanas dentro de la sociedad y también podemos estudiar a través de redes complejas como una enfermedad se puede difundir a través de las redes de contacto social. Los elementos que están presente en la red, los nodos y las aristas, son una forma de representar individuos y sus relaciones, como por ejemplo, las redes sociales y biológicas. Dentro de las redes biológicas, existen las redes de metabolismo biológico, de cadenas alimentares y otras (14, 15, 16, 17).

Un otro punto importante que debemos considerar es la distribución de las concatenaciones

entre los integrantes dentro de la red. En este trabajo vamos a concentrarnos principalmente en la red de Barabási - Albert (18), pues en este tipo de red la distribución de grado sigue la ley de potencia, presente en diversas redes reales (19, 20). Este modelo tiene dos importantes características, que son el crecimiento de la red y el enlace preferente. El modelo presenta también hubs, que son vértices con un número significativamente grande de concatenaciones en la red (14, 18). Todas las características sobre redes que fueron presentadas por Barabási - Albert en su modelo es el punto de partida para el estudio de la epidemiologia aplicada en la red compleja, siendo la primera propuesta debido a Pastor - Satorras y Vespignani (21).

El comportamiento de los individuos dentro de una red puede ser estudiada de la misma forma como se analiza las moléculas en un sistema termodinámico y eses comportamientos de moléculas son estudiados en la física estadística a través de la utilización de conceptos de probabilidad. Dentro de este contexto, la ecuación maestra es una herramienta importante para describir la forma temporal del comportamiento de las moléculas dentro de un sistema. Así, el estudio de epidemiologia puede se beneficiar con los conceptos de la física estadística para entender la propagación de la dolencia dentro de un sistema (22, 23, 24).

Los modelos epidemiológicos que examinaremos serán tratados a través de la aproximación de campo medio. En otras palabras, la complejidad de las interacciones entre los varios agentes será substituyendo por una más simple, que reduce el problema de muchos cuerpos interactuantes en, esencialmente, problema de un único cuerpo, pero que todavia así capture aspectos importantes de la propagación de la epidemia.

Las enfermedades que pueden ser analizadas con relación a los modelos aquí tratados son transmitidos por virus, bacterias y otros agentes biológicos. Utilizaremos modelos matemáticos ya existentes como el SIR y SIS, y sus variantes. Los modelos epidemiológicos aquí tratados son representados a través de un sistema de ecuaciones diferenciales (13, 25). Para poder estudiar los modelos epidemiológicos y las características que presenta, estudiaremos, en primer momento, los sistemas dinámicos, los modelos clásicos de la epidemiologia y la red de Barabási - Albert en el capítulo 2. En la sección 2.1, realizamos el trabajo de encontrar la condición de estabilidad de un sistema hiperbólico. Prestaremos, brevemente, nociones de grafos en las secciones 2.2 y 2.3. En seguida, en la sección 2.4, explicaremos los modelos clásicos SIS y el SIR en grafos completos, y analizaremos los puntos de equilibrios, las soluciones estacionarias y el límite epidemiológico. En la sección 2.5 explicaremos de forma simplificada sobre redes regulares, y resultados de la definición del modelo SIS en

estas redes. En la sección 2.6 introduciremos el estudio de redes complejas, en especial la red de Barabási - Albert, que sigue la distribución de grado de ley de potencia.

En el capítulo 3 introduciremos el trabajo realizado por Pastor- Satorras y Vespignani sobre el modelo epidemiológico SIS definido en una red de Barabási - Albert a través de aproximación de campo medio heterogéneo. En la última sección de este capítulo, vamos a introducir un nuevo modelo siguiendo el enfoque del campo medio heterogéneo (HMF), donde las concatenaciones entre los vértices infectados son debilitadas.

En el capítulo 4 vamos a explicar la aproximación del campo medio quenched, o simplemente QMF. En la primera sección vamos a explicar el trabajo realizado por otros investigadores del punto de vista histórico. Discutiremos a cerca del valor crítico de infección y explicaremos la diferencia entre el modelo HMF y QMF. Proponemos, también, una forma de definir el modelo QMF en redes de libre escala con enlace annealead verificando que una enfermedad puede ser difundida cuando hay un componente gigante en la red (26). Por último, vamos a introducir modificaciones al modelo QMF similares a las que fueron propuestas al modelo HMF para dar pesos menores en los contactos de los vértices infectados y las conclusiones de este trabajo serán presentadas en el capítulo 5.

2 PRIMERAS DEFINICIONES

En este capítulo vamos a introducir los conceptos fundamentales en relación a algunos tópicos básicos para una buena compresión de la tesina. Son presentados asuntos variados, pero que son de interés para que el tema de los siguientes capítulos sean de mejor entendimiento.

2.1 Sistema Dinámico Hiperbólico

Un sistema es un conjunto de objetos agrupados donde existen relaciones de causa y efecto en los fenómenos que ocurren con los elementos del sistema. La dinámica de un sistema puede ser vista en, por ejemplo, los fenómenos biológicos y sociales (13). Dentro de la relación que existe entre los fenómenos biológicos e sociales podemos estudiar la epidemiología.

En esta sección introduciremos una breve descripción de sistema dinámico hiperbólico, abordando los puntos de equilibrio y análisis de estabilidad; en las secciones siguientes utilizaremos estos conceptos para estudiar dos modelos epidemiológicos clásicos.

Para estudiar la estabilidad de un sistema vamos considerar n funciones x_i $(1 \le i \le n)$ que cambian según el tiempo t. Vamos asumir que $x_i : \mathbb{R} \to \mathbb{R}$ es una función de variable real y escribimos la ecuación de evolución temporal del sistema por

$$\frac{d\vec{x}}{dt} = F(\vec{x}),\tag{2.1}$$

siendo que $\vec{x} = \begin{pmatrix} x_1 & \cdots & x_n \end{pmatrix}^T$ e $F(\vec{x}) = \begin{pmatrix} F_1(\vec{x}) & \cdots & F_n(\vec{x}) \end{pmatrix}^T$, con $F_i : \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}$ $(1 \le i \le n)$. La ecuación (2.1) puede ser escrito de la siguiente forma:

$$\begin{cases}
\frac{dx_1}{dt} = F_1(x_1, \dots, x_n) \\
\vdots & \vdots \\
\frac{dx_n}{dt} = F_n(x_1, \dots, x_n).
\end{cases} (2.2)$$

El sistema (2.2) es dicho autónomo porque no depende explícitamente de t. La estabilidad lineal de un sistema es determinada por el comportamiento del entorno de los puntos estacionarios. Así, definimos en primer momento los puntos estacionarios

$$\vec{x}^* = \begin{pmatrix} x_1^* & \cdots & x_n^* \end{pmatrix}^T \tag{2.3}$$

como las soluciones de

$$\frac{dx_1}{dt} = \frac{dx_2}{dt} = \dots = \frac{dx_n}{dt} = 0. \tag{2.4}$$

Consecuentemente,

$$F_1(\vec{x}^*) = \dots = F_n(\vec{x}^*) = 0.$$
 (2.5)

2.1.1 Análisis del entorno del punto estacionario

El análisis de entorno de \vec{x}^* es una herramienta para realizar el estudio del comportamiento del sistema en la proximidad del punto estacionario.

La forma linealizada de la ecuación (2.1) en el entorno del punto \vec{x}^* es dado por el sistema

$$\begin{cases}
\frac{dx_1}{dt} = F_1(\vec{x}^*) + \sum_{i=1}^n \frac{\partial F_1}{\partial x_i} (\vec{x}^*) (x_i - x_i^*) + \cdots \\
\vdots \\
\frac{dx_n}{dt} = F_n(\vec{x}^*) + \sum_{i=1}^n \frac{\partial F_n}{\partial x_i} (\vec{x}^*) (x_i - x_i^*) + \cdots
\end{cases} (2.6)$$

Sabemos que por la expresión (2.5) el sistema de ecuación diferencial (2.6) queda de la siguiente forma:

$$\begin{cases}
\frac{dx_1}{dt} = \sum_{i=1}^n \frac{\partial F_1}{\partial x_i} (\vec{x}^*) (x_i - x_i^*) + \cdots \\
\vdots \\
\frac{dx_n}{dt} = \sum_{i=1}^n \frac{\partial F_n}{\partial x_i} (\vec{x}^*) (x_i - x_i^*) + \cdots,
\end{cases}$$
(2.7)

que resume en

$$\frac{d\vec{x}}{dt} = J(\vec{x}^*)(\vec{x} - \vec{x}^*),\tag{2.8}$$

donde J es la matriz jacobiana

$$J(\vec{x}^*) = \begin{pmatrix} \frac{\partial F_1(\vec{x}^*)}{\partial x_1} & \cdots & \frac{\partial F_1(\vec{x}^*)}{\partial x_n} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial F_n(\vec{x}^*)}{\partial x_1} & \cdots & \frac{\partial F_n(\vec{x}^*)}{\partial x_n} \end{pmatrix}$$

calculada en el punto \vec{x}^* .

Como $\frac{d\vec{x}^*}{dt}=0,$ la ecuación (2.8) puede ser escrita como

$$\frac{d(\vec{x} - \vec{x}^*)}{dt} = J(\vec{x}^*)(\vec{x} - \vec{x}^*). \tag{2.9}$$

Aceptamos que la matriz $J(\vec{x}^*)$ puede ser diagonalizada a través de $J(\vec{x}^*) = SDS^{-1}$, donde

$$D = \begin{pmatrix} \Lambda_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \Lambda_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & \Lambda_n \end{pmatrix}$$
 (2.10)

y D es la matriz de valores propios. Para nuestro estudio vamos considerar el caso hiperbólico, esto es, las partes reales de los valores propios son diferentes de cero, y S es la matriz de los vectores propios \vec{u}_i para $1 \le i \le n$, donde $J(\vec{x}^*)\vec{u}_i = \Lambda_i \vec{u}_i$ con $1 \le i \le n$ y

$$S = \begin{pmatrix} | & \cdots & | \\ \vec{u}_1 & \cdots & \vec{u}_n \\ | & \cdots & | \end{pmatrix}.$$
 En la matriz S cada columna tiene las coordenadas de los vectores

proprios. Escribiendo el vector $\vec{x}(t) - \vec{x}^*$ en la base de los vectores propios, tenemos

$$\vec{x}(t) - \vec{x}^* = \sum_{i=1}^n c_i(t)\vec{u}_i = S\vec{c}(t), \qquad (2.11)$$

donde $\vec{c}(t) = \begin{pmatrix} c_1 & \cdots & c_n \end{pmatrix}^T$ es un vector que corresponde a las coordenadas del vector $\vec{x}(t) - \vec{x}^*$ en la base de los vectores propios. Substituyendo en la ecuación (2.9), obtenemos

$$\frac{d(S\vec{c})}{dt} = J(\vec{x}^*)(S\vec{c}) \tag{2.12}$$

O

$$\frac{d\vec{c}(t)}{dt} = S^{-1}J(\vec{x}^*)S\vec{c} = D\vec{c}(t). \tag{2.13}$$

El sistema (2.13) puede ser escrito como

$$\begin{cases}
\frac{dc_1}{dt} = \Lambda_1 c_1 \\
\vdots & \vdots \\
\frac{dc_n}{dt} = \Lambda_n c_n.
\end{cases}$$
(2.14)

Resolviendo el sistema (2.14) obtenemos

$$c_i = c_i(0) \exp(t\Lambda_i), \ 1 \le i \le n, \tag{2.15}$$

donde $c_i(0)$ es determinado por la condición inicial del sistema. Resultando,

$$\vec{x}(t) - \vec{x}^* = \sum_{i=1}^n c_i \vec{u}_i = \sum_{i=1}^n c_i(0) \exp(t\Lambda_i) \vec{u}_i.$$
 (2.16)

Para que $\lim_{t\to\infty} \vec{x}(t) = \vec{x}^*$, se necesita que $\Lambda_i < 0$ para $1 \le i \le n$. De lo contrario, $\lim_{t\to\infty} \vec{x}(t) \ne \vec{x}^*$. Por tanto, $\Lambda_{max} < 0$ (donde Λ_{max} es el mayor de los valores propios de $J(\vec{x}^*)$) garante la estabilidad del sistema. Así, el umbral de estabilidad dentro del sistema hiperbólico es dado por la condición

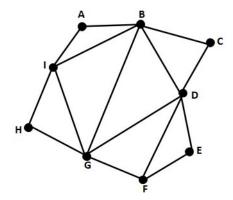
$$\Lambda_{max} = 0. (2.17)$$

2.2 Teoría de los grafos

Un grafo es formado por un conjunto de vértices o nodos y aristas o ramos. Las aristas o ramos muestran las relaciones que hay entre los nodos y estas relaciones pueden ser vistas de forma gráfica como muestra en la figura 1. La teoría de los grafos tiene muchas aplicaciones, como por ejemplo la relación de conocidos entre las personas, colaboración entre investigadores, llamadas telefónicas y enlaces entre sitios de web (27).

La teoría de grafos fue estudiada por primera vez por el matemático suizo Leonhard Euler,

Figura 1 – Las relaciones entre los nodos pueden ser representados a través de grafos. En la figura podemos observar un grafo simple con 9 vértices

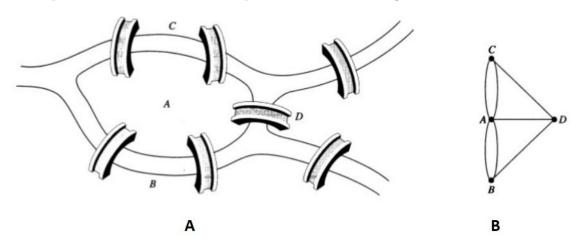


Fuente Kyung Moo Kim, 2019

y cuenta la historia que cuando Euler estaba como integrante de la corte de Catalina II de Rusia, resolvió un problema bastante famoso en la época que hoy es conocido como problema de las siete puentes de la ciudad Königsberg en 1763 (hoy la ciudad de Kaliningrado).

El problema consistía en la siguiente cuestión. Königsberg es una ciudad con islas y, en la época de Euler, tenia siete puentes como la figura 2. El problema era descubrir si era

Figura 2 – Esquema del problema de las 7 puentes de Königsberg. En el esquema A podemos observar las dos islas y las puentes de la ciudad. En el esquema B podemos observar el mismo problema a través de grafos.



Fuente Rosen, K (2009)

posible pasar por todas las puentes en una única vez. Euler mostró que el problema no tenia solución.

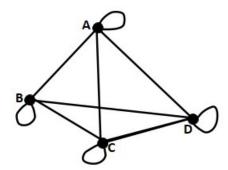
Este problema puede ser considerado como el inicio de la teoría de grafos, pues el problema de las siete puentes de Köningsberg puede ser mapeado en un grafo, donde los vértices corresponden a las extensiones territoriales y las puentes son representados por las aristas de un grafo, como se puede observar en la figura 2B. Los grafos pueden también ser representados a través de una matriz de adyacencia. Una matriz de adyacencia (simple) $A = (a_{ij})$ tiene como su elemento 1 o 0, y denotamos con $a_{ij} = 1$ en la matriz cuando el vértice i y el vértice j están enlazados; caso contrario, será denotado con $a_{ij} = 0$. En el ejemplo de la figura 1 tenemos

$$A = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}. \tag{2.18}$$

Una otra definición importante en la teoría de grafo es la distribución de grado P(k). Se define distribución de grado P(k) como la probabilidad de que un nodo seleccionado de forma aleatoria en la red tenga grado k (19). Históricamente, el estudio epidemiológico sobre redes fue bastante realizado en redes regulares, cuando todos los vértices de la red tienen el mismo grado.

En este trabajo realizaremos inicialmente el estudio de modelos SIR y SIS en los grafos completos; por tanto, también es importante definir el grafo completo. Un grafo es dicho completo cuando todos los vértices están conectados con todos los otros nodos, como por ejemplo el grafo de la figura 3. La matriz de adyacencia de un grafo completo es dado por $a_{ij} = 1$ para todos los pares de vértices i y j. Así, la matriz de la adyacencia del grafo de

Figura 3 – Grafo completo con 4 vértices



Fuente Kyung Moo Kim, 2019

la figura 3 es dado por

2.3 Grafos completos y Matriz de adyacencia

A través de la matriz de adyacencia estudiamos la estructura topológica de la red y el espectro.

El espectro de un grafo finito es el conjunto de valores propios de la matriz de adyacencia y sus multiplicidades. Así, podemos definir el espectro de un grafo G, denotado spect(G), como una matriz $2 \times k$, donde k es el número de valores proprios distintos, y la primera

línea es compuesta por los valores propios de la matriz A(G) que están en orden decreciente según su multiplicidad algebraica (28), o sea,

$$spect(G) = \begin{pmatrix} \lambda_1 & \lambda_2 & \cdots & \lambda_k \\ m(\lambda_1) & m(\lambda_2) & \cdots & m(\lambda_k) \end{pmatrix}, \qquad (2.20)$$

donde $\lambda_1, ..., \lambda_k$ son los valores propios e $m(\lambda_1), ..., m(\lambda_k)$ son las multiplicidades correspondientes de los valores propios de la ecuación característica.

Vamos analizar el grafo G(V, E) completo, esto es, todos los vértices están conectados entre sí y también consideramos que el grafo admite lazos (self-loop). A través del grafo G con n vértices, escribimos la matriz de adyacencia A de tamaño $n \times n$ correspondiente como

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 1 & \cdots & 1 \\ 1 & 1 & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 1 & \cdots & 1 \end{pmatrix}. \tag{2.21}$$

En el caso de matriz (2.21), es considerado la existencia de lazos; por esta razón, en el diagonal principal de la matriz presenta 1's.

Para calcular el valor propio de la matriz A, consideramos $\lambda \in \mathbb{R}$ tal que $\det(A - \lambda I) = 0$ cuya explicación del cálculo fue expuesto en el apéndice A. Así, obtenemos $\lambda = 0$ con multiplicidad n-1 y $\lambda = n$ con multiplicidad 1.

Pero, ¿Que sucedería si en el grafo completo no estaría presente lazo aunque sea una matriz simétrica? En este último caso, los valores propios son $\lambda = -1$ (multiplicidad n-1) y $\lambda = n-1$ (multiplicidad 1). Así, la matriz espectral del sistema (2.21) es

$$\begin{pmatrix} 0 & n \\ n-1 & 1 \end{pmatrix}. \tag{2.22}$$

La matriz espectral para grafos sin lazos es dada por

$$\begin{pmatrix} -1 & n-1 \\ n-1 & 1 \end{pmatrix}. \tag{2.23}$$

2.4 Los modelos epidemiológicos Clásicos

2.4.1 El modelo Susceptible - Infectado - Susceptible (SIS)

El modelo epidemiológico susceptible - infectado - susceptible (SIS) fue una primera tentativa de modelar matemáticamente una epidemia por el médico inglés Ronald Ross (figura 4) en su obra "The prevention of malaria" en 1911. En la obra, el autor realiza una extensa descripción sobre la enfermedad desde el vector (el mosquito transmisor), la prevención y la primera tentativa de un modelo matemático para entender el modus operandi de la enfermedad que se comenzó a estudiar desde 1892, y en 1894 el médico formuló como el mosquito vector transmite la enfermedad y su ciclo de vida (8, 29).



Figura 4 – Fotografía de Ronald Ross

Fuente: nobelprize/prizes/medicine/1902 (© 2019)

2.4.1.1 El modelo matemático

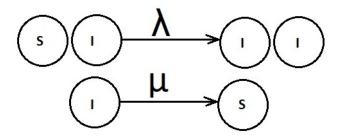
Supongamos que en una región con N habitantes hay un conjunto de personas sanas, pero que pueden adquirir enfermedades por contacto. Estas personas son denominadas de susceptibles cuya denominación será con la letra S. Un otro grupo será de las personas que están infectadas y denominaremos con la letra I (los infectados de las dolencias pueden infectar susceptibles por contacto).

El modelo matemático será descrito a través de un sistema de ecuaciones diferenciales de primera orden y consideraremos el tiempo como una variable continua, pero también puede ser analizado con tiempo discreto.

La ecuación que modela SIS también puede ser utilizada para modelar en otros campos de conocimiento, por ejemplo ciencias químicas. La relación que existe entre química y el modelo SIS es poder entender que las infecciones cumplen un papel de catalizador, pues ocurre apenas vía contacto con otros individuos. La recuperación es espontánea, pues no necesita la presencia de otros miembros para poder recuperarse después de estar infectado. En el modelo, las personas susceptibles, S, se contagiarán de la enfermedad por contacto con un infectado con una tasa λ integrando os grupos de personas infectadas y las personas infectadas se curarán espontáneamente con la tasa μ integrando a los grupos de personas susceptibles.

El esquema a seguir (figura 5) muestra de forma simplificada lo que fue expuesto en los párrafos anteriores.

Figura 5 – Esquema del modelo SIS



Fuente Kyung Moo Kim, 2018

El esquema encima (figura 5) se puede representar a través del sistema

$$\begin{cases}
\frac{dS}{dt} = -\lambda SI + \mu I \\
\frac{dI}{dt} = \lambda SI - \mu I.
\end{cases}$$
(2.24)

Estamos considerando que el modelo está definido en un grafo completo. En la ecuación (2.24), pueden distinguirse dos partes que son la parte negativa y la positiva a la variación de cada población.

La atribución negativa para $\frac{dS}{dt}$ es proporcional tanto a S cuanto a I, o sea, un individuo tiene contacto con todos los miembros de la población de la misma forma y se contagiará de la enfermedad con tasa λ . La atribución positiva para $\frac{dS}{dt}$ es proporcional a los infec-

tados y verificamos que el número de la población total es constante, pues $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0$; consecuentemente,

$$S + I = N. (2.25)$$

El modelo no es realista, pues no consideramos otros factores tanto social y biológico, pero es una primera tentativa para extraer algunas informaciones en relación a la población y enfermedad.

Algunas dolencias que se pueden modelar por el modelo SIS son enfermedades que se puede adquirir en un determinado tiempo, después es curado espontáneamente y puede adquirir nuevamente la enfermedad, por ejemplo, la gripe y algunas dolencias de transmisión sexual, Gonorrea (12).

2.4.1.2 Estudios analíticos del modelo SIS

En esta sección, analizaremos el modelo Susceptible - Infectado - Susceptible (SIS) utilizando métodos analíticos como, por ejemplo, análisis de estabilidad para determinación del limite epidemiológico.

Consideramos la ecuación

$$\frac{dI}{dt} = \lambda(N - I)I - \mu I \tag{2.26}$$

con población constante. La expresión (2.26) fue obtenida substituyendo la ecuación (2.25) en la segunda expresión de (2.24). El estado estacionario del sistema (2.26), que ocurre cuando no existe cambio del sistema a lo largo del tiempo, es la solución de $\frac{dI}{dt} = 0$, o sea,

$$\lambda(N - I_{\infty})I_{\infty} - \mu I_{\infty} = 0; \tag{2.27}$$

luego, la solución es dada por

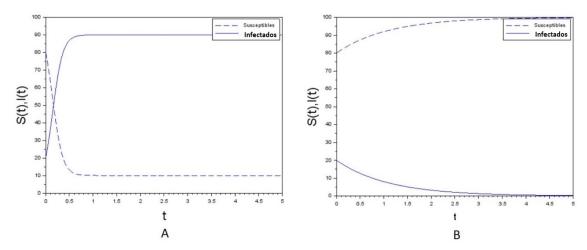
$$I_{\infty} = 0$$
 o $I_{\infty} = N - \frac{\mu}{\lambda}$. (2.28)

Aquí, $I_{\infty} = 0$ corresponde a la erradicación de la enfermedad y $I_{\infty} = N - \frac{\mu}{\lambda}$ indica la persistencia de la dolencia.

Un otro punto importante a considerar cuando estudiamos modelos epidemiológicos es investigar sobre el umbral epidemiológico λ_c . Este último es un punto crítico que separa la situación de persistencia de la enfermedad ($\lambda > \lambda_c$) de la situación de erradicación ($\lambda < \lambda_c$).

Según la sección 2.1, la estabilidad de la solución I_{∞} es dada por

Figura 6 – Gráfico del modelo SIS con N=100 y $\mu=1.0$. El gráfico A representa el modelo SIS cuando $\lambda=0.1$ y el gráfico B es cuando $\lambda=0.001$; según (2.30), $\lambda_c=0.01$.



Fuente: Kyung Moo Kim, 2019

$$\frac{d[\lambda(N-I)I - \mu I]}{dI}\bigg|_{I=I_{\infty}} < 0 \qquad \text{com} \qquad I_{\infty} = 0, \tag{2.29}$$

y obtenemos el limite epidemiológico (λ_c) con la igualdad en lugar de la desigualdad (2.29). Para el modelo SIS, el resultado es

$$\lambda_c = \frac{\mu}{N}.\tag{2.30}$$

Interpretando el término (2.30), observamos que para $\lambda > \lambda_c$ la enfermedad se difunde sobre el sistema y cuando $\lambda < \lambda_c$ la dolencia desaparece. Podemos verificar que en la expresión (2.30), cuando N es grande, el valor de λ_c es bajo. Esto es consecuencia del modelo ser definido en un grafo completo.

La expresión (2.26) puede ser resuelto analíticamente (apéndice B) y la solución es dada por

$$I(t) = \frac{(\lambda - \lambda_c)N}{\lambda + (\frac{(\lambda - \lambda_c)N}{I_0} - \lambda)e^{-(\lambda - \lambda_c)Nt}},$$
(2.31)

donde $I_0 = I(t = 0)$ es la población inicial de los infectados.

Calculando el régimen estacionario obtenemos

$$\lim_{t \to \infty} I(t) = \begin{cases} N - \frac{\mu}{\lambda} & \text{para } \lambda > \lambda_c \\ 0 & \text{para } \lambda < \lambda_c. \end{cases}$$
 (2.32)

La expresión está de acuerdo con lo esperado según el estudio de análisis de estabilidad lineal y la situación es ilustrada en la figura 6 con la expresión (2.31), esto es, cuando

 $\lambda > \lambda_c$, el sistema estabiliza en $I_{\infty} > 0$ (esto puede ser observado en la figura 6A). En el gráfico 6B, cuando $\lambda < \lambda_c$, el número de infectados decae llegando a cero.

2.4.2 El modelo Susceptible - Infectado - Recuperado (SIR)

El modelo SIR fue una propuesta de los matemáticos W.O. Kermack y A.G. Mc Kendrick (figura 7) en los primeros años del siglo XX y lo que difiere en relación al modelo SIS es la introducción de un nuevo estado, los recuperados o removidos, denotado con la letra R.

La historia cuenta que, en los inicios del siglo XX, la India sufrió una ola de plaga negra, pero de un momento a otro la enfermedad desapareció de forma repentina. Para poder explicar este fenómeno, W.O. Kermack y A.G. McKendrick propusieron un modelo matemático en 1927, que explicaría el fenómeno ocurrido en la India y la gripe española que mató millares de personas en 1918, que más tarde fue conocido popularmente como el modelo SIR (9). Antes de 1990, este modelo epidemiológico consideró la condición que los susceptibles se disponían de forma homogénea en el espacio geográfico y el contagio de la enfermedad también era de forma uniforme para todos los actores (30, 31).

Figura 7 – Fotografía de McKendrick v Kermack

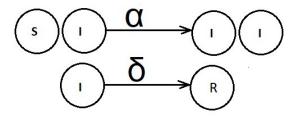
Fuente: devingaffney/when-physicists-talk-about-cat-gifs (®2015)

2.4.2.1 El planteo matemático

El modelo fija un número determinado de población, que denominamos con la letra N, que es dividida en tres grupos. Los susceptibles están formados por las personas sanas que, al entrar en contacto con los individuos enfermos, pueden adquirir la enfermedad. Este grupo lo denominaremos con la letra S. Los infectados son personas enfermas y

denominaremos con la letra I. El último grupo está compuesto por las personas que se recuperaron y se convirtieron inmunes a la enfermedad, o murieron por la causa de la dolencia (una característica de este grupo es la no transmisión de enfermedades). A este último grupo lo denominaremos simplemente de recuperados (o removidos) y designamos con la letra R. El planteo matemático puede ser esquematizado a través del diagrama a seguir. Todo el planteo matemático, que fue esquematizado en la figura 8, puede ser escrito

Figura 8 – Esquema del modelo SIR



Fuente: Kyung Moo Kim, 2018

a través de un sistema de ecuaciones diferenciales de primera orden en relación al tiempo:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\alpha SI \\ \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \delta I \end{cases}$$

$$\begin{cases} \frac{dR}{dt} = \delta I. \end{cases}$$
(2.33)

Las condiciones iniciales de la expresión (2.33) son $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$ y R(0) = 0, donde $S_0 > 0$ y $I_0 > 0$. En la ecuación (2.33) podemos observar que la tasa de infecciones es α y el grupo de infectados es curado de forma espontanea a lo largo del tiempo con una tasa δ . Una vez que los grupos de infectados son recuperados, serán de forma permanente y no serán más infectados o murieron por consecuencia de la dolencia. Nuevamente, el modelo es definido en un grafo completo.

De la ecuación (2.33), podemos observar que $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$ y concluimos que el número de la población es constante, esto quiere decir que

$$S + I + R = N, (2.34)$$

donde N es la población total.

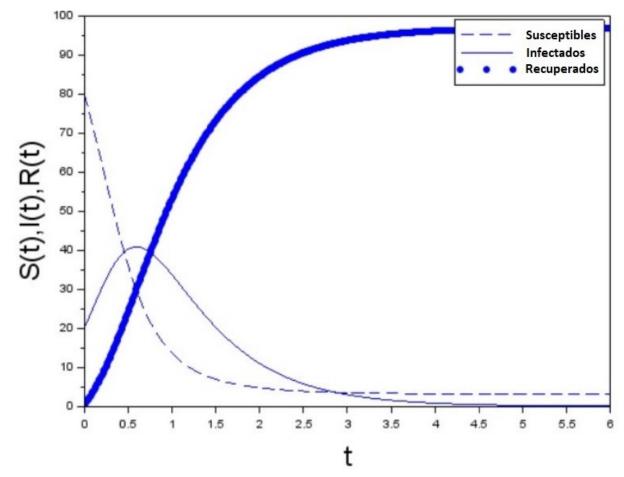


Figura 9 – Modelo SIR con α =0.05 y δ = 1.5. Infectados en el tiempo t = 0 es I_0 = 20, de recuperados es 0 y susceptibles, S_0 = 80.

Fuente: Kyung Moo Kim, 2019

2.4.2.2 Algunas observaciones del modelo SIR

Para análisis del modelo SIR, debemos considerar el estudio de las ecuaciones (2.33) de forma individual. Sean las ecuaciones del modelo SIR

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI,\tag{2.35}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha SI - \delta I \tag{2.36}$$

у

$$\frac{dR}{dt} = \delta I. (2.37)$$

El estado estacionario $\frac{dS}{dt} = \frac{dI}{dt} = \frac{dR}{dt} = 0$ implica $I_{\infty} = 0$, o sea, no hay infectados en el estado estacionario de este modelo.

La ecuación (2.35) demuestra que la población de individuos susceptibles es una función

decreciente de forma monótona para todo t y, por tanto, $S(t) \leq S_0$ para todo t > 0. En la ecuación (2.36), entenderemos que en el instante t = 0 tenemos

$$\left(\frac{dI}{dt}\right)_{t=0} = \alpha I_0 \left(S_0 - r\right), \qquad (2.38)$$

donde

$$r = \frac{\delta}{\alpha}.\tag{2.39}$$

Así, para $S_0 < r$ tenemos S(t) < r para t > 0, pues S es decreciente de forma monótona $(S(t) \le S_0 < r)$. Entonces, $\frac{dI}{dt} = \alpha I(S-r) < 0$ para t > 0. En este caso, no habrá epidemia; caso contrario, tendrá epidemia. En este modelo, podemos definir que tiene epidemia cuando $I(t) > I_0$ para algún t > 0.

Para $S_0 > r$, $(\frac{dI}{dt})_{t=0} > 0$ y la función I(t) crece; por lo tanto, existe epidemia. Sabemos que, posteriormente, I(t) tiende a cero, pues es el estado estacionario, concluyendo que existe I_{max} donde el número de infectados es máximo.

2.4.2.3 Cálculo de población máxima de infectados

Para el cálculo de la expresión I_{max} vamos a considerar las expresiones (2.35) y (2.36),

$$\frac{\frac{dI}{dt}}{\frac{dS}{dt}} = \frac{\alpha SI - \delta I}{-\alpha SI}.$$
(2.40)

De la expresión (2.40) obtenemos

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{r}{S}. ag{2.41}$$

Resolviendo la ecuación diferencial (2.41) llegamos a la solución

$$I + S - r \ln S = k, \tag{2.42}$$

donde k es constante, válido para todo el tiempo, y será fijado usando la condición inicial. Para $t=0, k=I_0+S_0-r\ln S_0$, y finalmente tenemos

$$I = N - S - r \ln \left(\frac{S_0}{S}\right). \tag{2.43}$$

Para condición del extremo $\frac{dI}{dt} = 0$, lo que implica S = r de (2.36), tenemos

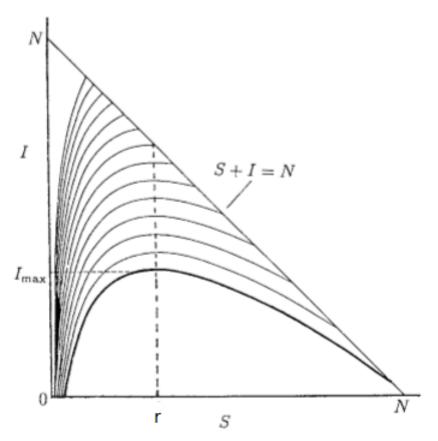
$$I_{max} = N - r - r \ln\left(\frac{S_0}{r}\right). \tag{2.44}$$

2.4.2.4 Estudio analítico de la propiedad estacionaria de susceptibles y recuperados.

Un punto importante para el análisis del modelo SIR es el estudio de límite epidemiológico y análisis de estabilidad. Para estudiar la estabilidad de un sistema tenemos que encontrar los puntos de equilibrio; después, estudiar el comportamiento del sistema en el entorno de los puntos de equilibrio. Este estudio fue realizado de forma generalizada en la sección 2.1.

Como fue mencionado en una subsección anterior, el modelo SIR es modelado en relación al tiempo. Lo interesante para este modelo es estudiar el comportamiento de la ecuación $\frac{dI}{dt}$ del sistema (2.33) y ver cuando la dolencia llega a su máximo contagio y algunas otras cuestiones como, por ejemplo, cuando la enfermedad desaparecerá bajo ciertas condiciones. Podemos observar en la figura 10 que por la condición inicial en el t=0 la infección

Figura 10 – El gráfico muestra la relación entre los susceptibles y infectados en el modelo SIR.



Fuente: Adaptado de Murray (2002, p. 321)

que si $S_0 < r$, el gráfico decrece de forma monótona como vista en la subsección anterior, y si $S_0 > r$, crece hasta alcanzar I_{max} y luego disminuye llegando a cero.

Un otro punto importante a ser discutido es el comportamiento de R en el estado estacionario. En este caso, vamos considerar las ecuaciones (2.35) y (2.37), y dividiendo a ambas expresiones obtenemos

$$\frac{\frac{dS}{dt}}{\frac{dR}{dt}} = \frac{-\alpha SI}{\delta I}.$$
(2.45)

De la expresión (2.45), tenemos la ecuación

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-S}{r},\tag{2.46}$$

donde $r = \frac{\delta}{\alpha}$. Resolviendo la ecuación diferencial (2.46) en el apéndice C, sigue que

$$S_{\infty} = S_0 \exp\left(\frac{-R_{\infty}}{r}\right). \tag{2.47}$$

Aquí, definimos S_{∞} y R_{∞} como los estados susceptibles y de recuperados estacionarios. Podemos concluir que en el modelo SIR la dinámica entre los integrantes no para por falta de los susceptibles, pero es ineficiente en la transmisión de la enfermedad, pues sobra las personas susceptibles en el punto estacionario, S_{∞} , mismo definido la dinámica en un grafo completo.

2.5 Modelo SIS en redes regulares

Antes de comenzar a discutir el modelo SIS definido en la red de Barabási - Albert, analizaremos el modelo epidemiológico en una red regular.

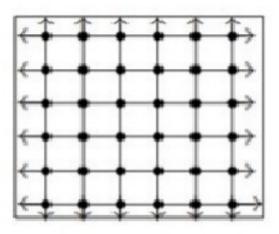
Una red es dicha regular cuando el grado de todos los vértices de una red son iguales, como podemos ver en la figura 11 (32). Vamos a discutir el límite epidemiológico para este tipo de red.

2.5.1 Umbral epidemiológico en redes regulares

Como en los grafos completos, en las redes regulares también debemos analizar el umbral de la infección a partir de la cual una enfermedad puede persistir. En esta sección vamos a mostrar algunos resultados ya demostrados en otros trabajos científicos sobre el asunto.

En las redes regulares, así como en las redes complejas, existe una tasa de infección crítica

Figura 11 – Red regular con grado k = 4 para cada vértice



Fuente: Cabrera et al. (2015)

 λ_c a partir de cual la dolencia persiste en el estado estacionario. Si $\lambda < \lambda_c$, entonces la enfermedad es erradicada, pero si $\lambda > \lambda_c$, la dolencia es persistente. Esta última característica se puede observar en el gráfico 12.

En una red completa de tamaño infinito vemos que el valor del límite epidemiológico es cero, o sea,

$$\lambda_c = 0 \tag{2.48}$$

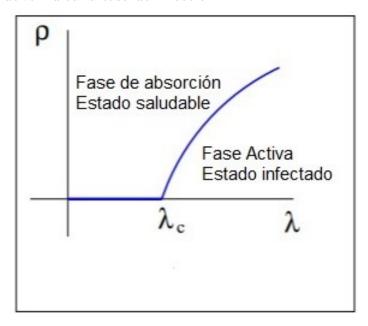
cuando $N \to \infty$ (ver la ecuación (2.30)). Para algunas redes regulares con conectividad finita, los valores de λ_c son mostrados en el cuadro 1. Estos valores fueron obtenidos por medio de simulación. Los valores de λ_c varían según el tipo de red regular, y observamos

Cuadro 1 – Cuadro de valores de tasa de infección crítica en redes regulares

Red Regular	λ_c
1d	$3.2978(2)^{\dagger}, 3.29785(2)^{\ddagger}$
2d Red cuadrada	$1.6488(1)^*, 1.64874(2)\ddagger\ddagger, 1.64872(3)^{\dagger}, 1.64877(3)^{\dagger\dagger}$
3d Red triangular	$1.54780(5)^{\dagger\dagger\dagger}$
2d Triangulación de Delaunay	$1.54266(4)^{\dagger\dagger\dagger}$
3-d Red cúbica	$1.31685(10)^*, 1.31683(2)^{\dagger}, 1.31686(1)^{\dagger\dagger}$
4-d Red hiper cúbica	$1.19511(1)^{\dagger}$
5-d Red hiper cúbica	$1.13847(1)^{\dagger}$

Fuente: $\dagger(33)$, $\ddagger(34)$, *(35), $\dagger\dagger(36)$, $\dagger\dagger\dagger(37)$, $\ddagger\ddagger(38)$

Figura 12 – El valor de λ_c indica el limite entre el estado de vértices sanos y infectados. El valor de ρ en el gráfico indica la densidad de infectados estacionaria y el valor de λ indica la tasa de infección .



Fuente: Adaptado de Pastor - Satorras y Vespegniani (2003, p. 6).

que todos los valores obtenidos a través de simulación del cuadro 1 son positivos.

2.6 La red Barabási - Albert

Las redes complejas comenzaron a ser estudiadas a partir de la mitad del siglo XX con el estudio de grafos aleatorios realizado por dos matemáticos húngaros, P. Erdős y A. Rényi, y de forma independiente por Gilbert (15, 25). Con el surgimiento de red mundial de computadores hacia el final del siglo XX, los investigadores D. Watts y S. Strogatz (17) empezaron a estudiar un tipo de redes aleatorias llamadas redes de pequeño mundo. Pero la grande revolución de redes aleatorias fue con la investigación realizada por los investigadores A.-L. Barabási y R. Albert, en los finales de la década de 1990: las redes de libre escala. Esta última red es formada según las leyes del crecimiento de la red y conexión preferente (14, 19, 18).

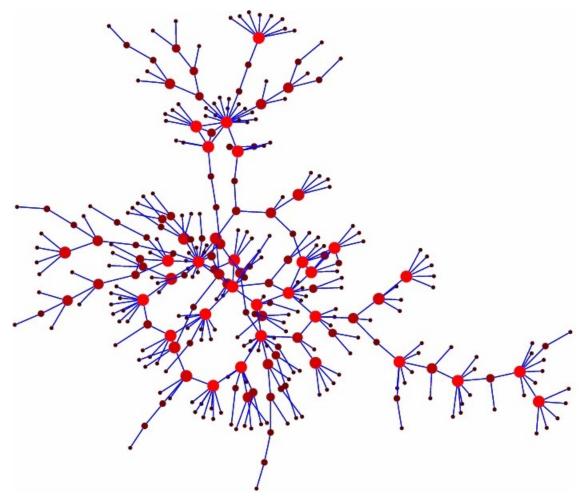


Figura 13 – Ejemplo de red compleja - redes de relaciones sexuales

Fuente: Newman (2003)

2.6.1 Características de la red Barabási - Albert

La red Barabási - Albert (BA) es una red de libre escala propuesto por los físicos A.-L. Barabási e R. Albert en los finales del siglo XX.

El motivo de la importancia del estudio de la red en los días actuales es la existencia de diversas aplicaciones como por ejemplo en áreas de ingeniería, en la área de salud y humanidades (18). En ingeniería, las redes pueden ser utilizadas en los proyectos de redes de carreteras y logística. En área biológica, podemos estudiar, a través de redes, el metabolismo dentro de una célula y las conexiones de neuronas en el sistema nervioso. En humanidades, podemos estudiar, a través de redes, las relaciones sociales entre los distintos grupos sociales y entender el comportamiento de los humanos (18, 20, 39); un

ejemplo es presentado en la figura 13.

Una característica importante de la red de libre escala es que su distribución de grado sigue una ley de potencia, cuya expresión es

$$P(k) = Ak^{-\alpha}. (2.49)$$

En la expresión (2.49) se puede observar que el valor de α varía según el tipo de red estudiado y el valor de A es el factor de normalización, y una red de libre escala que sigue las propiedades de crecimiento de la red y de conexión preferente es denominada de Barabási - Albert. La conexión preferente significa que un nuevo vértice se incorporará en la red pero conectará con mayor probabilidad con aquellos vértices que tienen mayor conexión y los nodos que tienen una cantidad significativamente grande de concatenaciones en la red son llamados de hubs.

La probabilidad Π_i de un vértice i, que tiene grado k_i , ganar un enlace es dado por

$$\Pi_i = \frac{k_i}{\sum_j k_j}.\tag{2.50}$$

Podemos entender la expresión (2.50) de la siguiente forma: un nuevo vértice que se incorpora a la red tiene mayor chance de se conectar con un vértice que posee mayor conexión. También debemos tener en consideración que todos los vértices que entra a la red tienen que realizar al menos un enlace con un integrante a la red. Un ejemplo de la dinámica es mostrada en la figura 14.

El cálculo de distribución de grado en el modelo Barabási - Albert (BA) lleva a

$$P(k) = \frac{2m^2}{k^3},\tag{2.51}$$

donde el valor de m indica el número de conexiones de todos los vértices que entran a la red. Para una red infinita, la media de conexión es dado por

$$\langle k \rangle = 2m. \tag{2.52}$$

Por otro lado, el segundo momento es

$$\langle k^2 \rangle = \infty. \tag{2.53}$$

Las expresiones (2.52) y (2.53), así como la distribución (2.51), serán mostrados en el apéndice D.

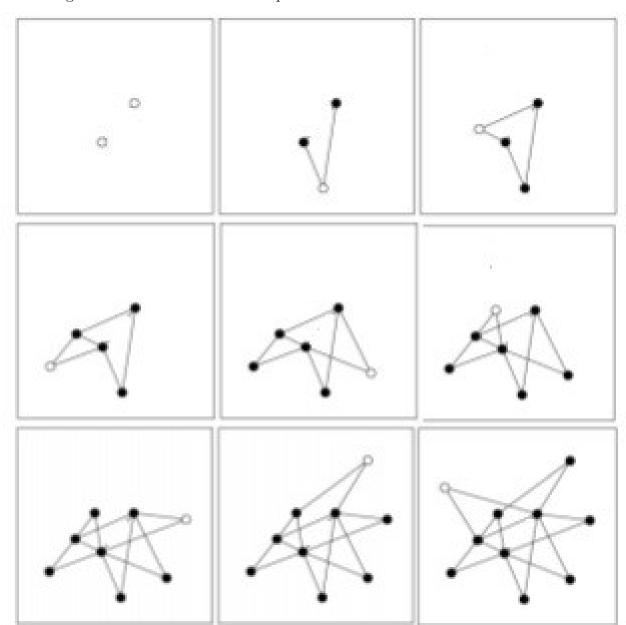


Figura 14 – Modelo de conexión preferente en la red de Barabási - Albert.

Fuente: Adaptado de Barabási - Albert (2016, p. 8)

3 MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EN CAMPO MEDIO HETEROGÉNEO

La definición de modelos epidemiológicos en redes complejas y regulares es importante para entender como una enfermedad puede ser propagada y, así, estudiar como una dolencia puede ser contenida para no ser endémica.

La investigación epidemiológica en redes complejas fue explorada a través de aproximación de campo medio heterogéneo (HMF). La teoría de campo medio es estudiado en la Física de muchos cuerpos, y como el análisis de conjunto de partículas es muy compleja, se busca una aproximación donde se estudia efectivamente una única partícula y su interacción con los demás cuerpos es simplificada (40). Con esta misma idea de campo medio, los autores Pastor - Satorras y Vespegniani estudió el primer modelo epidemiológico en redes complejas. Este trabajo, realizado en las primeras décadas del siglo XXI, estudió como un virus informático se expande en la red mundial de los computadores (41). Utilizando los mismos principios del artículo podemos estudiar como una enfermedad puede ser contagiada entre los humanos o entre humanos y animales, o propagación de rumores (21, 39, 42).

En este capítulo vamos a introducir modelos epidemiológicas en HMF aplicado en los modelos de redes complejas, como por ejemplo, las redes de libre escala de Barabási - Albert explicadas en la sección 2.6. Una nueva abordaje de este modelo considerando poca interacción dentro de la red de un nodo infectado será mostrado en la sección 3.2 y mostraremos las diferencias entre los dos modelos.

3.1 El modelo SIS definido en campo medio heterogéneo

El modelo susceptible - infectado - susceptible (SIS) es uno de los modelos epidemiológicos a ser estudiado sobre la red de Barabási - Albert explicado en la sección 2.6. Consideramos la ecuación maestra que responde al modelo SIS en una rede compleja, que es dada por la expresión

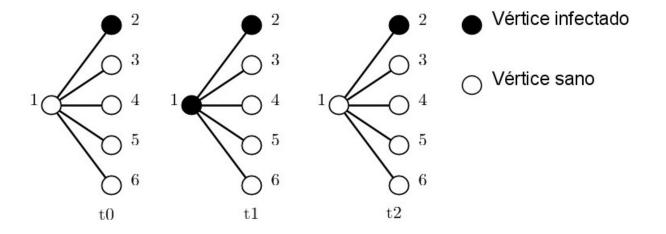
$$\frac{\partial \rho_k(t)}{\partial t} = -\mu \rho_k(t) + \lambda k (1 - \rho_k(t)) \Theta(t), \tag{3.1}$$

donde el valor de ρ_k será considerado como densidad relativa de un vértice infectado con grado k (41, 43). Podemos entender la expresión (3.1) de la siguiente manera: el primer término del segundo miembro indica la fracción de un infectado, con conectividad k en

el instante t, que es curado con una tasa μ integrando a los grupos de los susceptibles. El segundo término del segundo miembro de la ecuación (3.1) indica que la fracción de vértices sanos, $1 - \rho_k$, con k conexiones, tiene la probabilidad $k\Theta$ para apuntar a un vértice infectado, y el vértice sano será infectado con una tasa λ .

Podemos ilustrar a través del esquema de la figura 15 una posible sucesión de eventos dinámicos que pueden ser explicados de la siguiente forma. Sea los instantes de tiempo t_0, t_1

Figura 15 – Ejemplo de una sucesión de eventos para el modelo SIS.



Fuente: Kyung Moo Kim, 2019.

y t_2 con $t_0 < t_1 < t_2$. En el t_0 el vértice 1 está conectado con algunos vértices vecinos. El nodo 1, sano, tiene contacto con el vértice 2, infectado, con probabilidad Θ , y se contagiará con tasa λ en el instante t_1 . En t_2 el nodo 1 se curará con tasa μ espontáneamente.

3.1.1 El estado estacionario y el umbral epidemiológico.

Un punto importante para el estudio de la ecuación (3.1) es saber la expresión del estado estacionario, esto es, $\frac{\partial \rho_k}{\partial t} = 0$. En esta condición, tenemos

$$\rho_k = \frac{\lambda k\Theta}{\mu + \lambda k\Theta}.\tag{3.2}$$

La probabilidad Θ de una conexión concatenar con un nodo infectado es (42)

$$\Theta = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k'} k' P(k') \rho_{k'}. \tag{3.3}$$

Las ecuaciones (3.1) y (3.3) son modelos sin correlación. La forma a considerar correlaciones seria descrito por

$$\frac{\partial \rho_k}{\partial t}(t) = -\mu \rho_k(t) + \lambda k \left[1 - \rho_k(t)\right] \sum_{k'} P(k'|k) \rho_{k'}(t), \tag{3.4}$$

donde P(k'|k) es la probabilidad condicional de un vértice de grado k encontrar un vértice de grado k' y

$$\Theta_k(t) = \sum_{k'} P(k'|k) \, \rho_k'(t), \tag{3.5}$$

donde Θ_k es la probabilidad de un arista que viene de un vértice de grado k enlazar con un vértice infectado. En este trabajo, vamos admitir que los modelos son no correlacionados, esto es, P(k'|k) = P(k') (y, por tanto, $\Theta_k = \Theta$), mismo en redes con correlación como el modelo Barabási - Albert (44), siguiendo el trabajo de Pastor - Satorras y Vespigniani. Substituyendo la expresión (3.2) en la ecuación (3.3), obtenemos

$$\Theta = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left[\frac{\lambda k \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} \right]. \tag{3.6}$$

Algunas observaciones de la expresión (3.6): $0 \le \Theta \le 1$, pues Θ es una probabilidad, y $\Theta = 0$ es una solución trivial en que hay erradicación de la enfermedad.

Consideramos la función $f(\Theta)$ dada por la expresión

$$f(\Theta) = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left[\frac{\lambda k \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} \right],$$
 (3.7)

que es el segundo miembro de (3.6). Calculando el valor para $\Theta = 0$, obtenemos f(0) = 0; además, para $\Theta = 1$, verificamos que $f(1) \le 1$, pues

$$f(1) = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left[\frac{\lambda k}{\mu + \lambda k} \right] \le \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left[\frac{\mu + \lambda k}{\mu + \lambda k} \right] = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k). \tag{3.8}$$

Sabemos que por definición $\sum_k kP(k) = \langle k \rangle$, por tanto verificamos que $f(1) \leq 1$. Una otra observación que debemos hacer es en relación al comportamiento analítico de la función $f(\Theta)$. Así, para estudiar el comportamiento de la función debemos calcular la derivada de la expresión (3.7) y estudiar el crecimiento de la función. Tenemos

$$\frac{df}{d\Theta} = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left[\frac{\lambda k \mu}{(\mu + \lambda k \Theta)^2} \right] > 0 \tag{3.9}$$

y observamos que la función es creciente. Además, verificamos que la función es cóncava, o sea, $\frac{d^2f}{d\Theta^2} < 0$, pues

$$\frac{d^2f}{d\Theta^2} = -\frac{2}{\langle k \rangle} \sum_k kP(k) \left[\frac{(\lambda k)^2 \mu}{(\mu + \lambda k\Theta)^3} \right] < 0.$$
 (3.10)

Como f es una función creciente, cóncava y $0 = f(0) \le f(0) \le f(1) \le 1$, la solución de la ecuación (3.6) puede representar en dos escenarios y esto dependerá del valor de λ .

En las figuras 16 y 17 son mostradas las dos posibilidades de solución gráfica para la ecuación (3.6), donde las curvas $y = \Theta$ y $y = f(\Theta)$ fueron esquematizadas. Los puntos de intersección correspondientes a las soluciones de la ecuación para valores suficientemente pequeños de λ , hay solamente la solución trivial (figura 16), donde $\frac{df(0)}{d\Theta}$ es suficientemente pequeño.

Por otro lado, en la figura 17, para λ mayor y $\frac{df(0)}{d\Theta}$ suficientemente grande, existe una otra solución, distinto de la solución trivial. Notamos que esto ocurre cuando $\frac{df(0)}{d\Theta}>1$ y el umbral epidemiólogico es cuando $\frac{df(0)}{d\Theta}=1$. Esto lleva a

$$\frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left[\frac{\lambda_c k \mu}{(\mu + \lambda_c k \Theta)^2} \right]_{\Theta=0} = 1, \tag{3.11}$$

y, finalmente,

$$\lambda_c = \frac{\mu \langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle}.\tag{3.12}$$

Para una red que sigue una distribución de grado $P(k) \sim k^{-\gamma}$, tenemos

$$\frac{\lambda_c}{\mu} = \begin{cases}
0, & \gamma \le 3 \\
\frac{1}{m} \left(\frac{\gamma - 3}{\gamma - 2} \right), & \gamma > 3.
\end{cases}$$
(3.13)

3.1.2 El Modelo SIS aplicado en la red Barabási - Albert

El modelo de Barabási - Albert, desarrollado en la sección 2.6, puede ser utilizado en los modelos epidemiológicos. Así, consideramos la ecuación (3.12) y la expresión (2.51) para obtener las expresiones del umbral epidemiológico.

Para el modelo de la red Barabási - Albert, el valor del umbral epidemiológico, dado en (3.12), es

$$\lambda_c = 0, \tag{3.14}$$

pues $\langle k^2 \rangle \to \infty$. El valor de ρ_k , que indica la fracción de infectado con grado k, es dado por

$$\rho_k \simeq \frac{k}{m} \exp\left(\frac{-\mu}{\lambda m}\right) \tag{3.15}$$

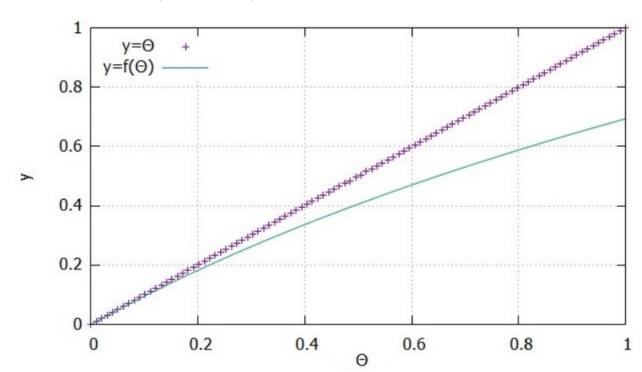


Figura 16 – Esquema de la solución gráfica de la ecuación (3.6) donde hay una única solución (que es trivial).

Fuente: Kyung Moo Kim, 2018.

cuando $\lambda \sim \lambda_c = 0$. Los cálculos son realizados en el apéndice E.

La densidad de los infectados ρ es definido como

$$\rho = \sum_{k} \rho_k P(k), \tag{3.16}$$

y por aproximación continua escribimos la expresión (3.16) como

$$\rho = \int_{m}^{\infty} \rho_k P(k) dk \sim 2 \exp\left(\frac{\mu}{-\lambda m}\right), \tag{3.17}$$

donde fue usado la ecuación (3.15). En la red de Barabási - Albert, si $\lambda > 0$, la enfermedad es persistente, y solo cuando $\lambda = 0$, el valor de ρ es cero en una red infinita. Esto significa que hay erradicación de la enfermedad solamente si $\lambda = 0$. Caso contrario ($\lambda > 0$), tenderá persistencia de la dolencia.

3.2 Modelo Campo Medio Heterogéneo modificado

En esta sección proponemos el modelo de campo medio heterogéneo modificado definido en la red de Barabási - Albert. Por consiguiente, todas las características mencio-

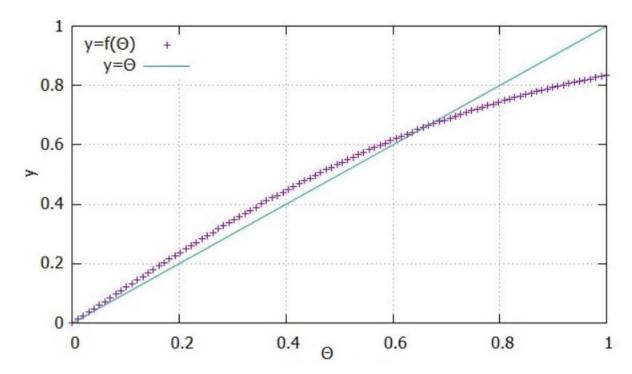


Figura 17 – Esquema de la solución de la ecuación (3.6) con solución no trivial.

Fuente: Kyung Moo Kim, 2018.

nadas en los capítulos anteriores será el inicio sobre el asunto.

Consideramos la ecuación maestra del modelo epidemiológico en el campo medio heterogéneo, esto es,

$$\partial_t \rho_k = -\mu \rho_k + \lambda k (1 - \rho_k) \Theta. \tag{3.18}$$

Con la ecuación $\partial_t \rho_t = 0$, obtenemos la expresión estacionaria del sistema

$$\rho_k = \frac{\lambda k\Theta}{\mu + \lambda k\Theta}.\tag{3.19}$$

Ahora, la probabilidad Θ de un enlace concatenar con un vértice infectado será dado por

$$\Theta = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \rho_k (1 - \rho_k). \tag{3.20}$$

Esta definición es diferente de (3.3) por el factor $1 - \rho_k$ en la sumatoria, que simula una disminución de la participación de vértices infectados en la dinámica. La idea es sugerir que un vértice tiene probabilidad menor de encontrar un nodo infectado que un vértice susceptible, pues el nodo enfermo puede ser menos accesible por tratamiento, por ejemplo. Substituyendo (3.19) en la ecuación (3.20), obtenemos

$$\Theta = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left(\frac{\lambda k \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} \right) \left(1 - \frac{\lambda k \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} \right). \tag{3.21}$$

La expresión Θ en la red de Barabási - Albert para este modelo modificado es dado de forma implícita por la ecuación

$$\Theta = \frac{\lambda m\Theta}{\mu} \left[\ln \left(1 + \frac{\mu}{\lambda m\Theta} \right) - \frac{\mu}{\mu + \lambda m\Theta} \right]. \tag{3.22}$$

Este resultado es demostrado en el apéndice F. Por otro lado, la densidad de los infectados es dado por

$$\rho(\lambda) = \frac{2m\lambda\Theta}{\mu} \left[1 + \left(\frac{\lambda m\Theta}{\mu} \right) \ln \left(\frac{\lambda m\Theta}{\mu + \lambda m\Theta} \right) \right]. \tag{3.23}$$

Esta última expresión es deducida en el apéndice G. El comportamiento de las funciones ρ y Θ en relación a λ son presentados en la figura 18 para el modelo HMF. En la figura 19, representa una comparación entre HMF y su versión modificada de punto de vista del gráfico $\Theta \times \lambda$. Mientras que hay un crecimiento monótono de esta función en el caso HMF, la modificación introducida en el modelo es responsable por un cambio en la probabilidad de concatenación con un vértice infectado. En HMF modificado hay un pico para Θ , que decae en seguida. El efecto de debilitar las concatenaciones de los vértices infectados es, por tanto, sentida de forma contundente para Θ . Este efecto se refleja en valores menores de la densidad de infectados, como muestra en la figura 20. Esto significa que la densidad de infectados crece mismo que la probabilidad de se encontrar un infectado disminuye, mostrando la eficacia de la propagación de la enfermedad en una red de Barabási - Albert.

3.3 Umbral de infección para el modelo HMF modificado

Consideramos la ecuación (3.22), o sea,

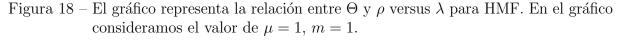
$$\Theta = \frac{\lambda m\Theta}{\mu} \left[\ln \left(1 + \frac{\mu}{\lambda m\Theta} \right) - \frac{\mu}{\mu + \lambda m\Theta} \right]. \tag{3.24}$$

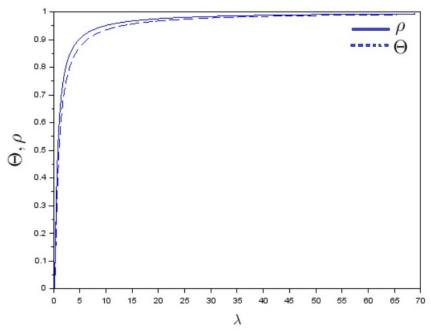
Definiendo $\beta = \frac{\lambda m}{\mu}$, obtenemos

$$\Theta = \beta \Theta \left[\ln \left(1 + \frac{1}{\beta \Theta} \right) - \frac{1}{1 + \beta \Theta} \right]. \tag{3.25}$$

El umbral de infección separa la región donde hay una única solución ($\Theta = 0$) de la región que posee solución diferente de la trivial ($\Theta \neq 0$) en (3.25). Para la búsqueda de la solución diferente del cero, vamos a considerar $\Theta \neq 0$. Entonces, consideramos la relación

$$1 = g(\Theta), \tag{3.26}$$





donde fue definida la función

$$g(\Theta) = \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta \Theta} \right) - \frac{\beta}{1 + \beta \Theta}.$$
 (3.27)

A fin de obtener una solución para (3.26), se debe buscar la intersección de las curvas

$$\begin{cases} y = 1 \\ y = g(\Theta). \end{cases}$$
 (3.28)

Debemos encontrar la solución a la ecuación verificando si la curva $g(\Theta)$ "cruza" a la recta y=1 (ver la figura 21). Vamos analizar la función $g(\Theta)$. Su derivada es

$$g'(\Theta) = \frac{-\beta}{\Theta(\beta\Theta + 1)^2}. (3.29)$$

De esta última expresión vemos que la función es decreciente. Como $0 \le \Theta \le 1$, vamos verificar los limites de $g(\Theta)$. Así,

$$\lim_{\Theta \to 0} g(\Theta) = \infty \tag{3.30}$$

У

$$g(1) = \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right) - \frac{\beta}{1+\beta}. \tag{3.31}$$

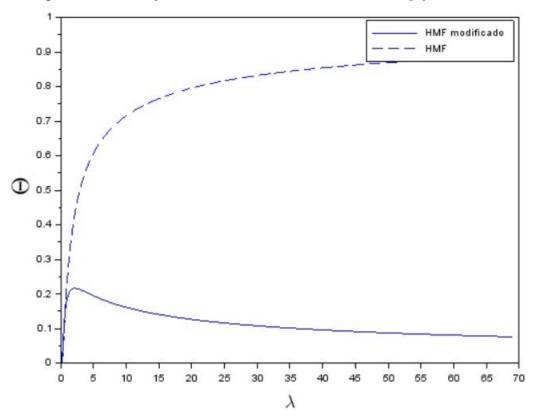


Figura 19 – El gráfico representa HMF y HMF modificado. En el gráfico relaciona la probabilidad Θ y λ . Consideramos los valores m=1 y $\mu=1$.

La cuestión que sobra para responder es si el valor de g(1) es mayor o menos que 1, pues si g(1) es mayor que 1, la ecuación (3.26) no tiene solución. Pero, si $g(1) \le 1$, entonces la ecuación (3.26) tiene solución, mostrando que siempre existe una solución no trivial de (3.24). Esto significa que la enfermedad nunca es erradicada y, por tanto,

$$\lambda_c = 0. (3.32)$$

Ahora, vamos a definir la función

$$h(\beta) = \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right) - \frac{\beta}{1 + \beta},\tag{3.33}$$

que es g(1) en función del parámetro β , y debemos responder la siguiente cuestión: ¿será que existe β tal que $h(\beta) \leq 1$? Para responder esta última cuestión debemos tener en consideración en que $0 \leq \beta = \frac{\lambda m}{\mu}$. Así,

$$h(\beta) = \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right) - \frac{\beta}{1+\beta} = \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right) + \frac{1}{\beta+1} - 1 \le \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right) + \frac{1}{1+0} - 1, \tag{3.34}$$

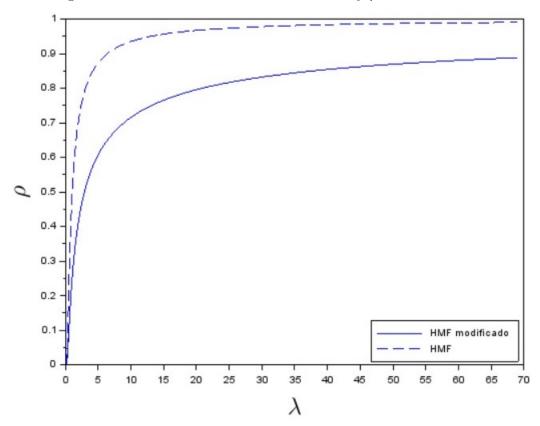


Figura 20 – El gráfico representa HMF y HMF modificado relacionado a ρ y λ . En el gráfico consideramos los valores de m=1 y $\mu=1$.

o, su equivalente,

$$h(\beta) \le \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right). \tag{3.35}$$

Consideramos, ahora, la función

$$\Psi(\beta) = \beta \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right), \tag{3.36}$$

que es el termino del lado derecho de la desigualdad (3.35) y estudiaremos el comportamiento de la función $\Psi(\beta)$; para esto, vamos a derivar la función $\Psi(\beta)$. Así,

$$\Psi'(\beta) = \ln\left(1 + \frac{1}{\beta}\right) - \frac{1}{\beta + 1}.\tag{3.37}$$

Para verificar el crecimiento o decrecimiento de la función $\Psi'(\beta)$, vamos a encontrar la derivada. Así, tenemos

$$(\Psi'(\beta))' = \frac{-1}{\beta(\beta+1)^2} < 0. \tag{3.38}$$

Podemos ver, entonces, que la función $\Psi'(\beta)$ es decreciente. Como

$$\lim_{\beta \to 0} \Psi'(\beta) = \infty \tag{3.39}$$

у

$$\lim_{\beta \to \infty} \Psi'(\beta) = 0, \tag{3.40}$$

la función $\Psi'(\beta)$ es siempre no negativa. Luego, si $\Psi'(\beta) \geq 0$, la función Ψ es no decreciente, y llega a su mayor valor cuando beta tiende para el infinito. Por tanto, como

$$\lim_{\beta \to \infty} \Psi(\beta) = \lim_{\beta \to \infty} \ln \left(1 + \frac{1}{\beta} \right)^{\beta} = 1, \tag{3.41}$$

llegamos a conclusión que

$$\Psi(\beta) \le 1. \tag{3.42}$$

Por tanto,

$$h(\beta) \le \Psi(\beta) \le 1 \Rightarrow h(\beta) \le 1$$
 (3.43)

y, finalmente,

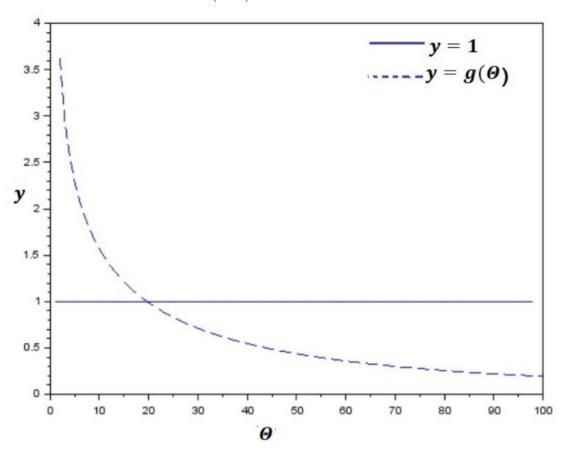
$$g(1) \le 1. \tag{3.44}$$

Con estas últimas características, podemos concluir que

$$\lambda_c = 0 \tag{3.45}$$

para el HMF modificado, siendo este es el mismo resultado obtenido para HMF definido en una red de BA. El debilitamiento de los contactos con vértices infectados no cambió el umbral epidemiológico. Notar que en la región de bajos valores de λ , el comportamiento de los modelos HMF y HMF modificado son semejantes (gráficos 19 y 20).

Figura 21 – Esquema de las relaciones y=1 y $y=g(\Theta)$ del umbral de infección en el modelo HMF modificado. El cruce de las dos curvas constituye la solución no trivial de la ecuación (3.28)



4 MODEO EPIDEMIOLÓGICO EN EL CAMPO MEDIO QUENCHED

El modelo epidemiológico que vamos a explicar será sobre el modelo SIS expuesto en las secciones anteriores definido en el campo medio quenched (QMF). Esta aproximación considera la matriz de la adyacencia de la red, mostrando la relación del vértice i con todos los integrantes de la red (45), al contrario de describir la topología de la red solamente con la distribución de grado como en el modelo HMF. La propuesta del primero trabajo sobre campo medio quenched fue de Kephart y White en los inicios de la década de 1990 cuando ya se observa un aumento de uso de microprocesadores y, consecuentemente, el incremento de cambio de informaciones entre los ordenadores. En el artículo estudia como el cambio de información entre los microprocesadores puede afectar el desempeño de los computadores por causa de los virus caso sea realizado la conmutación entre microprocesadores infectados y los no infectados. Con esta idea básica, fue estudiado el modelo a través del uso de grafos dirigidos (46, 47). La primera infección de computadores a nivel mundial fuera de los laboratorios de los EE.UU, reportada en la década de 1980 y se cree que fue infectado en millares de computadores a través de "Brain", que en español es "cerebro". Este virus fue infectado en dos discos flexibles llamados de Basit y Amjad en Pakistán, v por esta razón el virus también es conocido como virus Pakistaní (46, 47).

4.1 Planteo Matemático

El modelo propone una nueva forma de ver el modelo Susceptible - Infectado - Susceptible (SIS) a través del uso de la matriz de adyacencia $A = (a_{ij})$ del grafo correspondiente (48). Aquí, $a_{ij} = 1$ si los vértices i y j están enlazados y $a_{ij} = 0$ caso contrario. El modelo propuesto considera el tiempo continuo y la conectividad de la red no es necesariamente homogénea. La ecuación maestra que obedece a QMF es dado por la expresión (41, 49)

$$\frac{\partial \rho_i}{\partial t} = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j a_{ij} \rho_j, \tag{4.1}$$

donde ρ_i es la probabilidad del vértice i estar infectado. En la ecuación (4.1) observamos que el primer término $-\mu\rho_i$ indica la contribución negativa en la variación de ρ_i , pues un

vértice infectado se transforma en un nodo susceptible de forma espontánea con tasa μ . En el segundo termino, el vértice i está en el estado susceptible con probabilidad $1 - \rho_i$, y es infectado con tasa λ al estar en contacto con un vecino infectado. La expresión $\sum_j a_{ij}\rho_j$ indica la suma de las probabilidades de infección de los vecinos del vértice i. En este trabajo, así como en la sección anterior, no iremos considerar correlación entre los vértices, como es hecho, por ejemplo, en (50).

4.2 Análisis de Estabilidad

Para estudiar la estabilidad del sistema vamos a considerar el estudio realizado anteriormente en la sección 2.1. Para cada ρ_i con $1 \le i \le n$, vamos escribir la ecuación correspondiente; por tanto, tenemos la expresión (4.1) como

$$\begin{cases}
\frac{\partial \rho_1}{\partial t} = -\mu \rho_1 + \lambda (1 - \rho_1) \sum_j a_{1j} \rho_j \\
\vdots \qquad \vdots \\
\frac{\partial \rho_n}{\partial t} = -\mu \rho_n + \lambda (1 - \rho_n) \sum_j a_{nj} \rho_j.
\end{cases} (4.2)$$

En primer momento, vamos encontrar el punto de equilibrio del sistema (4.2). Utilizando los conceptos ya mencionados en la sección 2.1,

$$\vec{\rho^*} = \begin{pmatrix} 0 & \cdots & 0 \end{pmatrix}^T \tag{4.3}$$

es una solución posible estacionaria, y corresponde a la situación donde la infección no existe. Vamos a estudiar la estabilidad de la solución. Para el estudio de estabilidad, vamos a escribir la ecuación (4.2) en la forma linealizada en relación al punto de equilibrio, esto es,

$$\frac{\partial(\vec{\rho} - \vec{\rho^*})}{\partial t} = J(\vec{\rho^*})(\vec{\rho} - \vec{\rho^*}),\tag{4.4}$$

donde $J(\rho^*)$ es la matriz jacobiana en el punto de equilibrio y es dado por

$$J(\vec{\rho^*}) = \begin{pmatrix} -\mu + \lambda a_{11} & \lambda a_{12} & \dots & \lambda a_{1n} \\ \lambda a_{21} & -\mu + \lambda a_{22} & \dots & \lambda a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \lambda a_{n1} & \lambda a_{n2} & \dots & -\mu + \lambda a_{nn} \end{pmatrix},$$

donde $A = (a_{ij})$ es la matriz de adyacencia y resulta $J(\vec{\rho^*}) = -\mu I + \lambda A$. Para los grafos no dirigidos, la matriz A es simétrica, concluyendo que es diagonalizable.

Sea S la matriz de vectores propios de A y su matriz inversa, S^{-1} . Entonces, $D = S^{-1}AS$, donde

$$D = \begin{pmatrix} \Lambda_1 & 0 & \cdots & 0 \\ 0 & \Lambda_2 & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & \Lambda_n \end{pmatrix}$$

$$(4.5)$$

es la matriz de valores propios de A. De esta forma, la matriz de los valores propios de $J(\vec{\rho}*)$ es $-\mu I + \lambda D$, esto es,

$$\operatorname{diag}(-\mu + \lambda \Lambda_1, ..., -\mu + \lambda \Lambda_n). \tag{4.6}$$

La condición de estabilidad dado por la condición (2.17) determina el umbral de la infección λ_c ; en este caso,

$$-\mu + \lambda_c \Lambda_{max} = 0, \tag{4.7}$$

donde el valor de Λ_{max} es el mayor de los valores proprios de la matriz A; finalmente,

$$\lambda_c = \frac{\mu}{\Lambda_{max}}. (4.8)$$

Como fue dicho anteriormente, el umbral epidemiológico λ_c para el modelo Quenched dependerá del mayor valor propio de la matriz de adyacencia cuyo cálculo fue realizada por Chung et al. (51) y es dado por

$$\Lambda_{max} = \begin{cases}
c_1 \sqrt{k_c} & \text{si} & \sqrt{k_c} > \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \ln^2(N) \\
c_2 \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} & \text{si} & \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} > \sqrt{k_c} \ln(N).
\end{cases}$$
(4.9)

Aquí, el valor k_c representa la mayor conectividad entre de todos los vértices de la red y los valores c_i , con i=1,2, representan constantes de orden 1. El valor de k_c crece con el tamaño en una red de escala libre no correlacionado que se comporta como $P(k) \sim k^{-\gamma}$, siendo $k_c \sim N^{1/2}$ para $\gamma \leq 3$ y $k_c \sim N^{1/(\gamma-1)}$ para $\gamma > 3$ (7).

Con el cálculo del valor de Λ_{max} , fue realizado el cálculo para obtener el umbral epidemiológico en una red de libre escala (con $P(k) \sim k^{-\gamma}$), λ_c , en el modelo QMF cuya expresión es (51)

$$\lambda_c \simeq \begin{cases} \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle} & \text{si} \quad 2 < \gamma < 5/2 \\ \frac{1}{\sqrt{k_c}} & \text{si} \quad \gamma > 5/2. \end{cases}$$
(4.10)

Observamos que cuando el tamaño de la red tiende para el infinito, el valor del umbral epidemiológico tiende para cero (7).

Sobre el valor de λ_c en el modelo QMF han existido varias incongruencias o desacuerdo entre distintos autores que estudiaron sobre el asunto. En primer lugar, la cuestión a ser respondida es la ubicación y la real naturaleza del límite epidemiológico, mostrando tanto analíticamente como por simulación computacional que el desaparecimiento del límite epidemiológico es de forma asintótica en cualquier red que sigue la distribución de grado decayendo a través de la ley de potencia (52, 53). Existen trabajos donde, también, el valor de λ_c difiere a cero. En este último caso, los investigadores dijeron que decae por la ley de potencia y que existe una fase transitoria entre los dos estados que decae lentamente (5).

4.3 Modelo QMF en grafo completo

En esta sección vamos a explicar el modelo QMF cuando la matriz de adyacencia es $a_{ij}=1$ para todo $1 \leq i, j \leq n$. Para esta cuestión consideramos la ecuación QMF dado a seguir:

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j a_{ij} \rho_j. \tag{4.11}$$

Definimos $a_{ij}=1, \forall i,j$, o sea, existe self-loop. Así, la ecuación queda

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j \rho_j. \tag{4.12}$$

Definimos también $\rho = \frac{1}{N} \sum_i \rho_i$ y sumando la última expresión en i, el resultado puede ser escrito como

$$\partial_t \rho = -\mu \rho + \lambda (1 - \rho) \rho N. \tag{4.13}$$

Con $\rho = \frac{I}{N}$, verificamos que la ecuación (4.13) es igual a la ecuación (2.26), cuya solución fue calculada en el apéndice B; por tanto, la solución de la expresión (4.13) es dado por

$$\rho(t) = \frac{\lambda - \lambda_c}{\lambda + \left(\frac{\lambda - \lambda_c}{\rho_0} - \lambda\right) e^{-(\lambda - \lambda_c)Nt}},$$
(4.14)

con $\rho(0) = \rho_0$. Consecuentemente,

$$\lim_{t \to \infty} \rho(t) = \begin{cases} 1 - \frac{\mu}{N\lambda} & \text{para } \lambda > \lambda_c \\ 0 & \text{para } \lambda < \lambda_c. \end{cases}$$
 (4.15)

4.4 QMF modificado en un grafo completo

En un primer momento consideramos la ecuación maestra de modelo Quenched (4.1), esto es,

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j a_{ij} \rho_j. \tag{4.16}$$

Vamos a considerar, inicialmente, el modelo de la ecuación (4.16) en un grafo completo. La modificación que será propuesta es la substitución la matriz de adyacencia a_{ij} por la expresión $(1 - \rho_i)(1 - \rho_j)b_{ij}$, donde b_{ij} es la matriz de adyacencia de la red. Los factores $(1-\rho_i)$ e $(1-\rho_j)$ simulan una disminución efectiva cuando los vértices i y j, respectivamente, son infectados. La idea es asumir que tiene una alteración en la red de contactos cuando un individuo adquiere la infección, siendo su participación disminuida cuando está enfermo. De esta forma, el modelo puede ser descrito por la ecuación

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j (1 - \rho_i) (1 - \rho_j) b_{ij} \rho_j. \tag{4.17}$$

Para el estudio de análisis de estabilidad y otros puntos importantes, vamos primero considerar $b_{ij} = 1$, esto es, cuando la red es completa y existe self-loop. En este caso, la ecuación queda de la siguiente forma:

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j (1 - \rho_i) (1 - \rho_j) \rho_j.$$
 (4.18)

Vamos a definir que

$$\rho = \frac{1}{N} \sum_{i}^{N} \rho_i \tag{4.19}$$

y también

$$\sigma^2 = \frac{1}{N} \sum_{j}^{N} \rho_j^2. \tag{4.20}$$

Substituyendo las expresiones (4.19) y (4.20) en (4.18) sumado em i, tenemos la siguiente expresión:

$$\partial_t \rho = -\mu \rho + \lambda N (1 - 2\rho + \sigma^2)(\rho - \sigma^2). \tag{4.21}$$

Vamos a considerar también la aproximación de $\sigma^2 \approx \rho^2$ en el término (4.21), llegando a la expresión

$$\partial_t \rho = -\mu \rho + \lambda N \rho (1 - \rho)^3. \tag{4.22}$$

Observamos que el lado derecho de la expresión (4.22) es una ecuación de cuarto grado. Vamos, primero, encontrar las soluciones estacionarias. Para esto, precisamos resolver la ecuación

$$-\mu\rho + \lambda N\rho(1-\rho)^3 = 0 \Leftrightarrow \rho \left[-\mu + \lambda N(1-\rho)^3 \right] = 0. \tag{4.23}$$

Notamos que además de la solución trivial $\rho = 0$, existen otras raíces dadas por

$$(1-\rho)^3 = \frac{\mu}{\lambda N}.\tag{4.24}$$

Denotando $a^3 = \frac{\mu}{\lambda N}$, tenemos la siguiente ecuación:

$$(1-\rho)^3 = a^3$$
 o $(1-\rho)^3 - a^3 = 0.$ (4.25)

Por factorización, verificamos que

$$(1-\rho)^3 - a^3 = (1-\rho-a)\left[(1-\rho)^2 + a(1-\rho) + a^2\right] = 0, (4.26)$$

y de la expresión (4.26) observamos que el término cuadrático (en $(1 - \rho)$) tiene raíces complejas, pues el discriminante es $\Delta = a^2 - 4 \times 1 \times a^2 = -3a^2 < 0$. Así, las soluciones estacionarias reales son:

$$\rho = 0 \qquad o \qquad \rho = 1 - \sqrt[3]{\frac{\mu}{\lambda N}}. \tag{4.27}$$

Ahora, debemos estudiar la estabilidad en los puntos donde el sistema llega en el estado estacionario. En este caso, cuando $\rho=0$, la enfermedad es erradicada, y si $\rho=1-\sqrt[3]{\frac{\mu}{\lambda N}}$, la dolencia persistirá en la red. La cuestión que falta responder es encontrar el valor del umbral epidemiológico, esto quiere decir, el valor de λ_c . En este caso, vamos a considerar la ecuación

$$f(\rho) = -\mu \rho + \lambda N \rho (1 - \rho)^3, \tag{4.28}$$

que es el segundo miembro de la expresión (4.22). De acuerdo con los resultados obtenidos en la sección 2.1, el umbral de la infección es obtenida por

$$\frac{df}{d\rho} \Big|_{\rho=0} = \left[-\mu + \lambda_c N (1-\rho)^3 - 3\lambda_c N \rho (1-\rho)^2 \right] \Big|_{\rho=0} = 0, \tag{4.29}$$

o sea,

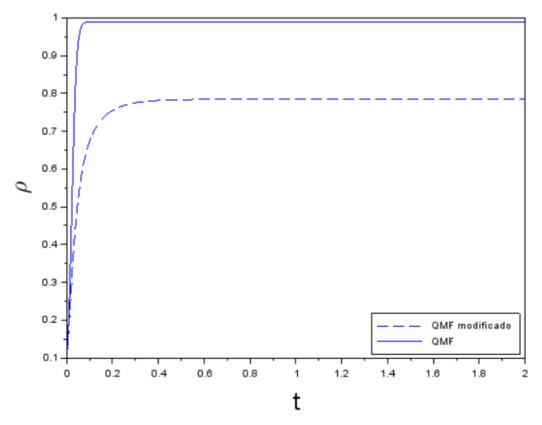
$$\lambda_c = \frac{\mu}{N}.\tag{4.30}$$

Un otro punto importante a ser discutido es comparar este modelo QMF modificado con el modelo usual en un grafo completo. Ambos modelos tiene el mismo umbral epidemiológico

$$\lambda_c = \frac{\mu}{N},\tag{4.31}$$

pero los estados estacionarios infectados de ambos modelos son $\rho(\text{QMF}) = 1 - \frac{\mu}{\lambda N}$ y $\rho(\text{QMF} modificado) = 1 - \sqrt[3]{\frac{\mu}{\lambda N}}$. De esta forma, el estado estacionario infectado del modelo QMF presenta una fracción mayor de infectados que el modelo modificado como muestra la figura 22, pero esta diferencia es disipada cuando $N \to \infty$.

Figura 22 – Gráficos de los modelos QMF y QMF modificado en el grafo completo con $\lambda=1,\,\mu=1$ y N=100 vértices.



Fuente: Kyung Moo Kim, 2019

4.5 Modelo de Campo Medio Quenched definido en redes libres de escala

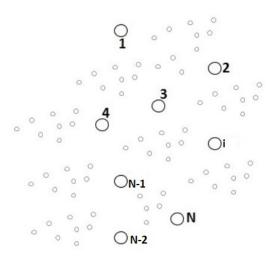
En esta sección trataremos el modelo epidemiológico SIS en el campo medio quenched definido en una red cuya distribución de grado sigue una ley de potencia. Vamos presentar un esquema que genera una red con distribución de grado $P(k) \sim k^{-\gamma}$ a partir de un número fijo de vértices (54). Este procedimiento será usado para definir una matriz de adyacencia efectiva que simula tal red compleja y que será incorporado en el modelo QMF. El precio que se paga para tener tal modelo es el debilitamiento de la característica 'quenched', esto es, iremos a considerar enlaces apenas efectivas entre los vértices, como

será visto más adelante. Como contribución original de este trabajo, vamos a analizar una variante del modelo QMF donde los contactos con los vértices infectados son debilitados.

4.5.1 Algoritmo de generación de una red que obedece una ley de potencia

El algoritmo que presentaremos es basado en los trabajos de Goh-Kahng-Kim y Chung-Lu (54, 55). Vamos a considerar un conjunto de N vértices no enlazados y numerados de 1, ..., N, como muestra la figura 23, y que poseen pesos denominados por,

Figura 23 – Conjuntos de vértices no conexos.



Fuente: Kyung Moo Kim, 2019

respectivamente, $w_1, w_2, ..., w_N$. Estos pesos de los nodos siguen la ley de potencia cuya expresión es dada por

$$w_i = i^{-\alpha}. (4.32)$$

Ahora, dos vértices i y j son conectados con probabilidad p_{ij} dado por la expresión

$$p_{ij} = \frac{w_i w_j}{\sum_{l=1} w_l}. (4.33)$$

La idea es admitir que existe una conexión efectiva entre los vértices i y j dado por p_{ij} , lo cual corresponde a realizar una identificación entre el elemento de la matriz de adyacencia a_{ij} y p_{ij} (45, 56). Luego,

$$a_{i,j} = p_{ij} = \frac{w_i w_j}{\sum_{l=1}^{l} w_l}. (4.34)$$

El grado medio del vértice i es

$$k_i = \sum_{i} a_{ij} = \sum_{i} \left[\frac{w_i w_j}{\sum_{l} w_l} \right] = \frac{w_i \sum_{j} w_j}{\sum_{l} w_l} = w_i. \tag{4.35}$$

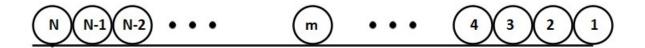
Y como $w_i = i^{-\alpha}$, llegamos a conclusión que $k_i = i^{-\alpha}$. Note que $k_i \le 1$ para todo $1 \le i \le N$. Discutiremos sobre la conectividad de la red más adelante.

Ahora, la cuestión que falta responder es la siguiente: dada una red con N vértices en que cada vértice de la red tiene su grado medio dado por (4.35), entonces ¿Cual es la probabilidad de un vértice tener grado mayor o igual a k_m ? Para responder a esta cuestión consideramos los grados medios de cada uno de los vértices, o sea, $k_N, k_{N-1}, k_{N-2}, ..., k_3, k_2, k_1$ tales que

$$k_N \le k_{N-1} \le k_{N-2} \le \dots \le k_3 \le k_2 \le k_1.$$
 (4.36)

En este contexto, la probabilidad de encontrar un vértice de grado medio mayor o igual a

Figura 24 – Conjunto de N vértices ordenados de forma decreciente (en la identificación) de una red para escoger um vértice con grado mayor que k_m .



Fuente: Kyung Moo Kim, 2019

 k_m es dado por

$$\int_{k_m}^{+\infty} P(k)dk = \frac{m}{N}.$$
(4.37)

En otras palabras, esta probabilidad es la de escoger uno de los vértices 1, ..., m de los N vértices, como es ilustrado en la figura 24. Supongamos que la distribución de grado sigue una ley de potencia con $P(k) \sim k^{-\gamma}$. Ahora, debemos encontrar la relación que existe entre α y γ . Los cálculos son presentados en el apéndice H, y el resultado es

$$\gamma = \frac{1}{\alpha} + 1 \qquad \text{o} \qquad \alpha = \frac{1}{\gamma - 1}. \tag{4.38}$$

Resumiendo, el algoritmo para generar una red con N vértices que sigue una distribución de grado dado por $P(k) \sim k^{-\gamma}$ es:

- 1. Enumerar los vértices de 1 a N.
- 2. Asignar el peso $w_i = i^{-\alpha}$ para cada vértice i $(1 \le i \le N)$, siendo $\alpha = \frac{1}{\gamma 1}$.
- 3. Enlazar cada par posible de vértices i e j con probabilidad p_{ij} dada por (4.33). Vamos, ahora, explicar el modelo QMF con la matriz de adyacencia dada por (4.34).

4.5.2 Modelo QMF con enlace "annealed" en una red de libre escala

El modelo a ser considerado es

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \sum_j a_{ij} \rho_j, \tag{4.39}$$

con

$$a_{ij} = \frac{i^{-\alpha}j^{-\alpha}}{\sum_{l=1}^{N}l^{-\alpha}} \qquad (1 \le i, j \le N), \tag{4.40}$$

obteniendo la ecuación

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \lambda (1 - \rho_i) \frac{i^{-\alpha}}{\sum_{l=1}^N l^{-\alpha}} \sum_j j^{-\alpha} \rho_j.$$
 (4.41)

La solución de esta ecuación es realizada numéricamente y será presentada más adelante de forma conjunta con una versión modificada del QMF. Pero, es posible investigar el umbral de infección analíticamente, como es mostrado a seguir.

4.5.3 Análisis de estabilidad del sistema

El análisis de estabilidad de la ecuación (4.41) es dado de la misma forma que el modelo QMF, por tanto, el valor de limite epidemiológico es dado por la expresión

$$\lambda_c = \frac{\mu}{\Lambda_{max}},\tag{4.42}$$

donde Λ_{max} es el mayor valor proprio de la matriz de adyacencia. En el presente caso, esta matriz es descrita por

$$a_{ij} = \frac{i^{-\alpha}j^{-\alpha}}{z}, \quad \text{com} \quad z = \sum_{l=1}^{N} l^{-\alpha} \quad \text{y} \quad 1 \le i, j \le N.$$
 (4.43)

Ahora, debemos determinar el mayor valor proprio de la matriz

$$A = \begin{pmatrix} \frac{1^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \frac{1^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} & \dots & \frac{1^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ \frac{2^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \frac{2^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} & \dots & \frac{2^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{N^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \dots & \dots & \frac{N^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \end{pmatrix} . \tag{4.44}$$

El cálculo de los valores proprios de esta última matriz es presentado en el apéndice I, y tenemos

$$\Lambda_{max} = \frac{\sum_{l=1}^{N} l^{-2\alpha}}{z}.\tag{4.45}$$

Por tanto, el umbral de infección es

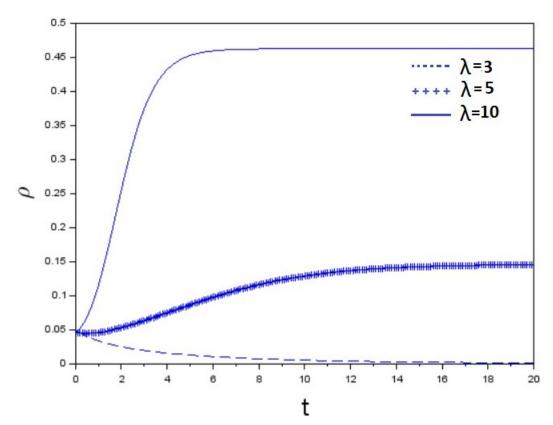


Figura 25 – Gráfico de relación $\rho \times t$ de QMF en la red BA con diferentes valores de λ , $N=100,\ \rho_0=5/N,\ \mu=1,\ \alpha=0.5;\ {\rm aqui},\ \lambda_c=3.583\ldots$

$$\lambda_c = \mu \frac{\sum_{l=1}^{N} l^{-\alpha}}{\sum_{j=1}^{N} j^{-2\alpha}}.$$
(4.46)

Debemos estudiar el comportamiento de cada un de los términos de λ_c ; por tanto, debemos considerar, en primer momento, el termino

$$\sum_{l=1}^{N} l^{-\nu} \tag{4.47}$$

cuando N crece y $\nu \in \mathbb{R}$ con $\nu \geq 0$. Podemos verificar que la expresión (4.47) es convergente para $N \to \infty$ si, y solo si, $\nu > 1$. Cuando $\nu < 1$, la serie es divergente con N, y para $\nu = 1$ es una serie armónica; por tanto, la serie es divergente para $N \to \infty$ (57). Por

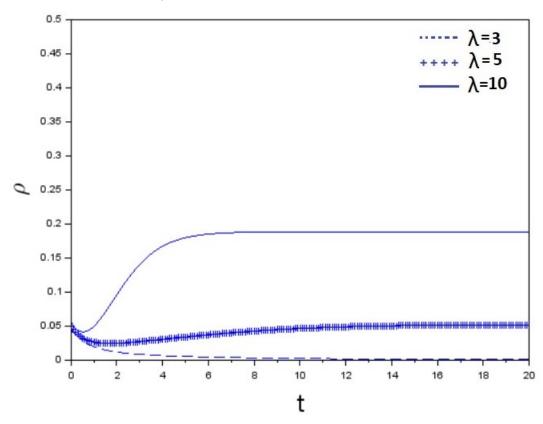


Figura 26 – Gráfico de relación $\rho \times t$ de QMF modificado con diferentes valores de λ . $N=100, \ p=5/N, \ \mu=1, \ \alpha=0.5; \ \mathrm{aqui}, \ \lambda_c=3.583\ldots$

conveniencia, vamos a dividir la expresión (4.47) en diferentes casos según el valor de ν . Así, tenemos

$$\sum_{l=1}^{N} l^{-\nu} \simeq \begin{cases} \frac{N^{1-\nu}}{1-\nu} + \zeta(\nu) + \frac{1}{2}N^{-\nu} - \frac{\nu}{12}N^{-\nu-1} + \mathcal{O}(N^{-\nu-3}) &, \quad 0 \le \nu < 1 \\ \ln N + \gamma + \frac{1}{2N} - \frac{1}{12N^2} + \mathcal{O}(N^{-4}) &, \quad \nu = 1 \end{cases}$$

$$\zeta(\nu) - \frac{N^{1-\nu}}{\nu - 1} + \frac{1}{2}N^{-\nu} - \frac{\nu}{12}N^{-\nu-1} + \mathcal{O}(N^{-\nu-3}) &, \quad \nu > 1.$$

$$(4.48)$$

Ahora, debemos encontrar el valor de λ_c considerando la expresión (4.46); con los términos de (4.48), el resultado es

$$\frac{\lambda_c}{\mu} \simeq \begin{cases}
\frac{1-2\alpha}{1-\alpha}N^{\alpha} &, \quad 0 \leq \alpha < \frac{1}{2} \\
\frac{2\sqrt{N}}{\ln N} &, \quad \alpha = \frac{1}{2} \\
\frac{N^{1-\alpha}}{(1-\alpha)\zeta(2\alpha)} &, \quad \frac{1}{2} < \alpha < 1 \\
\frac{\ln N}{\zeta(2)} &, \quad \alpha = 1 \\
\frac{\zeta(\alpha)}{\zeta(2\alpha)} &, \quad \alpha > 1
\end{cases} \tag{4.49}$$

para $N \sim \infty$.

El umbral de la infección es finito (en redes infinitas) solamente cuando $\alpha > 1$ (que corresponde a $1 < \gamma < 2$), siendo que

$$\lim_{\alpha \to \infty} \lambda_c = \mu. \tag{4.50}$$

Con el valor $\alpha=0.5$, que corresponde a la red de Barabási - Albert, N=100 y $\mu=1$, calculamos el valor de limite crítico (λ_c) utilizando las expresiones (4.46) y (4.48), obteniendo

$$\lambda_c = \frac{18.589...}{5.187} = 3.583.... \tag{4.51}$$

Aunque $\lambda_c \to \infty$ para $N \to \infty$, en redes finitas tenemos un valor finito para el umbral de infección, como se muestra encima. Discutiremos sobre este fato más adelante. La figura 25 ilustra el caso de N=100 en una red de Barabási - Albert ($\alpha=0.5$), donde λ_c es dado en (4.51). Para $\lambda > \lambda_c$, las curvas de infección de la figura 25 tiende a un valor positivo, pero decaen a cero si $\lambda < \lambda_c$.

4.5.4 QMF modificado en redes de libre escala

En esta sección, vamos a introducir las modificaciones presentadas en la sección 4.4 para el modelo QMF definido en una red de libre escala.

En la modificación realizada en este modelo consideramos la ecuación (4.17) y introducimos la expresión

$$b_{ij} = p_{ij} = \frac{i^{-\alpha} j^{-\alpha}}{\sum_{l=1}^{N} l^{-\alpha}} (1 \le i, j \le N), \tag{4.52}$$

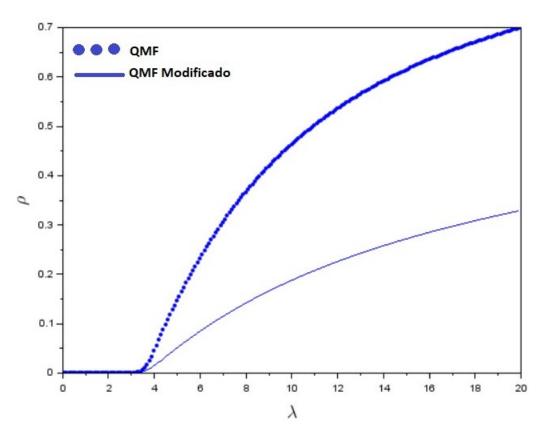


Figura 27 – Gráfico de relación $\rho \times \lambda$ del modelo QMF modificado con $N=100, \rho_0=5/100, \mu=1, \alpha=0.5$. La estimativa del valor de $\lambda_c=3.583\ldots$ con N finito

obteniendo la ecuación

$$\partial_t \rho_i = -\mu \rho_i + \frac{\lambda}{z} (1 - \rho_i)^2 i^{-\alpha} \sum_j j^{-\alpha} \rho_j (1 - \rho_j), \tag{4.53}$$

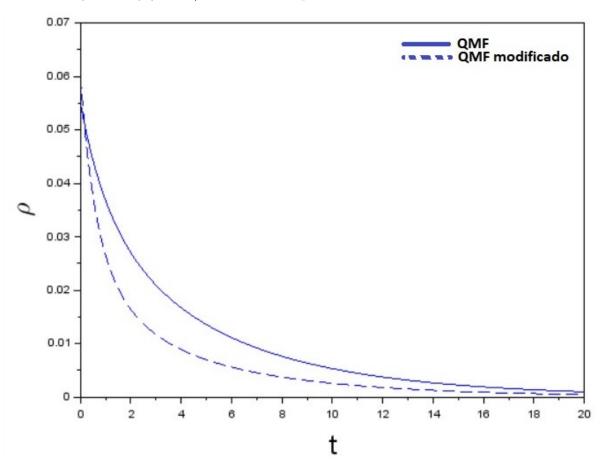
donde

$$z = \sum_{l=1}^{N} l^{-\alpha}.$$
 (4.54)

Realizando el análisis de estabilidad, podemos verificar que tiene el mismo valor de λ_c do modelo QMF en la red de escala libre. Esto es porque la matriz de adyacencia efectiva aqui es $a_{ij} = \frac{i^{-\alpha}j^{-\alpha}}{z}(1-\rho_i)(1-\rho_j)$, y esta forma recupera el caso sin la modificación en el punto $\vec{\rho} = 0$. Esto está de acuerdo con el gráfico de la figura 26, donde observamos la persistencia de la dolencia para $\lambda > \lambda_c$, donde el umbral λ_c es el mismo de (4.51) en una red finita N = 100 de Barabási - Albert. En la figura 27 las curvas de infección de los modelos QMF y la versión modificada asumen valores positivos a partir del mismo punto λ_c .

Las figuras 28 y 29 refuerzan la idea encima, pero demuestran las diferencias entre los modelos QMF y QMF modificado, que tiene valores menores para la fracción de infectados siempre que la dinámica es iniciada. Una peculiaridad observada en el QMF modificado en el caso supercrítico ($\lambda > \lambda_c$) es un breve decaimiento de la curva en el inicio de la dinámica antes del crecimiento de la curva. Esto se debe a la introducción del término de atenuación $(1 - \rho_i)(1 - \rho_j)$ en la ecuación (4.17), que inicialmente anula a contribución positiva a la variación de la probabilidad de infectados, como se puede ver en (4.53). Notar que ese término atenuante elimina el último término de (4.53) para cualquier condición inicial donde los valores de ρ_i son 1 o 0. Como resultado, la variación de cada ρ_i es debido, esencialmente, solamente al término de recuperación $-\mu\rho_i$, que es negativa, haciendo la curva de la densidad de infectados caer en el comienzo de la dinámica.

Figura 28 – Solución de la ecuación (4.53) con $N=100, \lambda=3, (\lambda<\lambda_c=3.583...),$ $\mu=1.0 \text{ y } \rho_0=5/100 \text{ con } 100 \text{ repeticiones de condiciones iniciales.}$



Fuente: Kyung Moo Kim, 2019

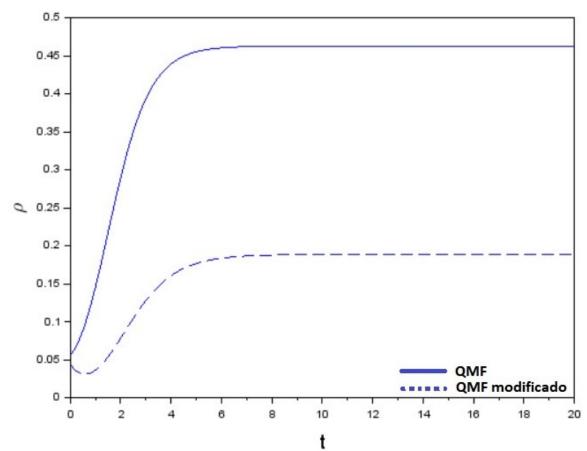


Figura 29 – Solución de la ecuación (4.53) con $N=100, \lambda=10$ ($\lambda>\lambda_c=3.583...$), $\rho_0=5/N$ y $\mu=1.0$ con 100 repeticiones de condiciones iniciales.

4.5.5 Umbral de infección de los modelos QMF presentados

En las secciones anteriores, vimos que los umbrales de infección de los modelos QMF y QMF modificado fue la misma expresión (4.49). Salvo para el caso $\alpha > 1$, todos los puntos críticos λ_c divergen con el tamaño de la red.

Para investigar este punto, note que el grado de cada vértice i fue dado por $k_i = i^{-\alpha}$, con $1 \le i \le N$, como fue visto en (4.35). Esto significa que todos los vértices tienen, efectivamente, grado menor que 1. Así, la red tiene pocas aristas. Estudiaremos la red según el critério de Molloy - Reed (26), que establece un criterio para la existencia de un componente gigante en un grafo no correlacionado entre grados. Una componente gigante es un subgrafo conexo de la red que contiene una fracción finita de todos los vértices. El criterio de Molloy - Reed previene que si

$$\kappa = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \ge 2,\tag{4.55}$$

entonces existe un componente gigante en la red y, por tanto, la red no es disperso de forma que la infección no es impedida de propagar debido a la falta de enlaces entre los vértices. El criterio es deducido en el apéndice J. Para nuestro caso, de (4.46), tenemos

$$\kappa = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} = \frac{\frac{1}{N} \sum_{1}^{N} i^{-2\alpha}}{\frac{1}{N} \sum_{1}^{N} i^{-\alpha}} = \frac{\mu}{\lambda_c}.$$
 (4.56)

Por (4.49), observamos que $\kappa < 1$ para todos los casos. Esto muestra que trabajamos con grafos con pocas conexiones lo que dificultó la propagación de la enfermedad $(\lambda_c \to \infty)$. Para corregir esta anormalidad, podemos definir otro grafo, que continua teniendo una distribución de grado que obedezca a una ley de potencia, pero con más aristas. Vamos a construir este último grafo tal que el número total de grado sea 2mN, como el modelo de BA visto en la sección 2.6 (aquí, 2m es el grado medio de los vértices del grafo). Para esto, es necesario implementar el ítem 3 del algoritmo presentado en la sección 4.5.1 Γ veces. Con esto, se incrementa el número de concatenaciones de la red. Entonces, necesitamos tener

$$\Gamma\left(\sum_{i=1}^{N} k_i\right) = 2mN \quad \text{o} \quad \Gamma = \frac{2m}{\langle k \rangle} = \frac{2mN}{\sum_{i=1}^{N} i^{-\alpha}},$$
 (4.57)

donde $\sum_{i=1}^{N} k_i = N \langle k \rangle$ es el grado total con la implementación del algoritmo una única vez. Consecuentemente, el número de conexiones totales de la red pasa de $N \langle k \rangle$ para $\Gamma N \langle k \rangle$. Así, tenemos una nueva matriz de adyacencia,

$$M = \Gamma\left(a_{ij}\right),\tag{4.58}$$

que es una extensión de la anterior por contener más aristas. Como esta matriz es apenas un múltiplo de (a_{ij}) por un factor Γ (dado en (4.57)), su mayor valor proprio $\overline{\Lambda_{max}}$ es

$$\overline{\Lambda_{max}} = \Gamma \Lambda_{max}, \tag{4.59}$$

donde Λ_{max} se relaciona con λ_c vía (4.42). Entonces, el umbral de infección $\overline{\lambda_c}$ en este caso es

$$\overline{\lambda_c} = \frac{\mu}{\overline{\Lambda_{max}}} = \frac{1}{\Gamma} \frac{\mu}{\Lambda_{max}} = \frac{\lambda_c}{\Gamma}.$$
(4.60)

De (4.48), (4.49), (4.57) y (4.60), tenemos

$$\frac{1}{2m} \frac{1 - 2\alpha}{(1 - \alpha)^2} , \quad 0 \le \alpha < \frac{1}{2}$$

$$\frac{\frac{2}{m \ln N}}{\frac{N^{-(2\alpha - 1)}}{2m(1 - \alpha)^2 \zeta(2\alpha)}} , \quad \frac{1}{2} < \alpha < 1$$

$$\frac{\frac{1}{2m\zeta(2)} \frac{\ln^2 N}{N}}{\frac{1}{2m\zeta(2\alpha)} \frac{1}{N}} , \quad \alpha = 1$$

$$\frac{\zeta^2(\alpha)}{2m\zeta(2\alpha)} \frac{1}{N} , \quad \alpha > 1.$$
(4.61)

Observamos, ahora, que $\overline{\lambda_c} \to 0$ para $N \to \infty$, excepto en el caso $0 \le \alpha < \frac{1}{2}$. Valores menores de α tienden a formar probabilidades de concatenación p_{ij} menos dispares, llegando a ser una red más homogénea que situaciones con α mayores. Como en redes homogéneas tenemos umbrales de infección positivos, existe coherencia con $\overline{\lambda_c} \ne 0$ para valores menores de α .

Finalmente, se aplicamos el critério de Molloy - Reed en la red extendida M (dada en (4.58)), tenemos

$$\overline{\kappa} = \frac{\langle q^2 \rangle}{\langle q \rangle} = \frac{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N q_i^2}{\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N q_i} = \frac{\frac{\Gamma^2}{N} \sum_{i=1}^N k_i^2}{\frac{\Gamma}{N} \sum_{i=1}^N k_i} = \Gamma \kappa, \tag{4.62}$$

donde $q_i = \Gamma k_i$ es el grado de vértice i en la red extendida y κ es dado en (4.56). Entonces,

$$\overline{\kappa} = \frac{\Gamma \mu}{\lambda_c} = \frac{\mu}{\overline{\lambda_c}},\tag{4.63}$$

y vemos de (4.61) que

$$\begin{cases}
2m\left(\frac{(1-\alpha)^2}{1-2\alpha}\right) &, \quad 0 \le \alpha < \frac{1}{2} \\
\frac{m}{2}\ln N &, \quad \alpha = \frac{1}{2} \\
2m(1-\alpha)^2\zeta(2\alpha)N^{2\alpha-1} &, \quad \frac{1}{2} < \alpha < 1 \\
2m\zeta(2)\frac{N}{\ln^2 N} &, \quad \alpha = 1 \\
\frac{2m\zeta(2\alpha)}{\zeta^2(2\alpha)}N &, \quad \alpha > 1,
\end{cases} \tag{4.64}$$

donde $\overline{\kappa}>2$, mostrando que hay un componente gigante en este grafo con más aristas según el criterio de Molloy-Reed.

5 CONSIDERACIONES FINALES

En este trabajo investigamos los modelos epidemiológicos SIS y SIR, abordando los aspectos históricos y analizando estos modelos definidos en grafos completos con énfasis en el umbral epidemiológico. También fue estudiado el modelo SIS definido para campo medio heterogéneo (HMF) para redes no correlaciondas, analizando el umbral epidemiológico sobre redes complejas. Además, como contribución original de deste trabajo, fue realizado el estudio del modelo HMF modificando el modelo original (propuesto por Pastor - Satorras y Vespigniani) para incorporar el debilitamiento de los enlaces de los vértices infectados. Comparando los modelos HMF e HMF modificado, verificamos que el modelo modificado presenta un comportamiento distinto, con un pico de probabilidad de un enlace conectar con un vértice infectado (Θ) y, después del pico, la curva de Θ decae con λ , al contrario del modelo HMF, en que Θ crece con la tasa de infección. Este bajo valor para esta grandeza en el modelo modificado se refleja en una menor densidad de infección (ρ) aunque crece. Esto muestra la eficacia de la propagación de la enfermedad en una red como la de Barabási - Albert, ya que la cantidad de infectados crece con λ mismo con la disminución de la probabilidad de encontrar un vértice infectado.

En este trabajo, usamos la conexión "annealed" para simular una red con distribución de grado que sigue ley de potencia para el modelo QMF. Como consecuencia, obtuvimos un modelo que presenta un umbral de infección infinita (para grafos infinitos) si la red simulada sigue una ley de potencia $P(k) \sim k^{-\gamma}$ con $\gamma \leq 2$ (o $\alpha \leq 1$ en la lenguaje del capítulo 4). En este caso, la infección era impedida de propagar por la falta de conexiones entre los vértices por tener una red dispersa (según el criterio de Molloy - Reed). Esta anormalidad puede ser corregida aumentando más aristas en al red sin afectar la distribución de grado. La inclusión de más concatenaciones debe ser realizada hasta obtener una componente gigante en la red. Después de esta extensión de la red, el umbral de la infección disminuye a cero (para redes infinitas) para $\alpha \geq \frac{1}{2}$, recuperando los resultados de la literatura. Sin embargo, mismo con la corrección, se obtiene una situación en que el umbral de la infección no fue cero (caso $0 \leq \alpha < \frac{1}{2}$). Esto es porque los valores menores de α tiende a tornar la red más "homogénea", y, en esta situación, el umbral de infección es positivo.

Como contribución original de este trabajo, introducimos un cambio similar a la propuesta al modelo HMF para el modelo QMF. En este último caso, obtuvimos solamente una

alteración en la densidad de infectados, que pasó a tener un valor menor. Sin embargo, no fueron verificados cambios significativos, con el umbral de infección siendo el mismo de caso original cuando existe un componente gigante según el critério Molloy - Reed.

Bibliografía

- 1 TRUJILLO, A. Epidemiologia: história, tipos e métodos. *Revista Simbiótica*, v. 3, n. 1, 2016.
- 2 MASSAD, E.; ORTEGA, N. R. S.; SILVEIRA, P. S. P. Métodos quantitativos em medicina. São Paulo, Brasil: Editora Manole Ltda, 2004.
- 3 ESPAÑOLA, R. A.; MADRID, E. *Diccionario de la lengua española*. Real Academia Española, 1992.
- 4 LÓPEZ-MORENO, S.; GARRIDO-LATORRE, F.; HERNÁNDEZ-AVILA, M. Desarrollo histórico de la epidemiología: su formación como disciplina científica. *Salud Pública de México*, v. 42, p. 133–143, 2000.
- 5 LEE, H. K.; SHIM, P.-S.; NOH, J. D. Epidemic threshold of the susceptible-infected-susceptible model on complex networks. *Physical Review E*, v. 87, n. 6, p. 062812, 2013.
- 6 FILHO, N. d. A. Bases históricas da epidemiologia. *Cadernos de Saúde Pública*, v. 2, p. 304–311, 1986.
- 7 CASTELLANO, C.; PASTOR-SATORRAS, R. Thresholds for epidemic spreading in networks. *Physical Review Letters*, v. 105, n. 21, p. 218701, 2010.
- 8 ROSS, R. The prevention of malaria. London, UK: John Murray, 1911.
- 9 SCHIMIT, P. H. T. Modelagem e controle de propagação de epidemias usando autômatos celulares e teoria de jogos. Disponible en : (http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/3/3139/tde-05122011-153541/pt-br.php). Acesso 9 jun.2018.
- 10 CONTROL, C. for D.; CDC, P. et al. Smallpox-stockholm, sweden, 1963. MMWR. Morbidity and mortality weekly report, v. 45, n. 25, p. 538, 1996.
- 11 FRONTEIRA, M. sem. Disponible en : (https://www.msf.org.br/o-que-fazemos/atividades-medicas/ebola). Acesso 13 jul.2019.
- 12 MURRAY, P.; ROSENTHAL, K. S.; PFALLER, M. A. *Microbiología médica*. São Paulo, Brasil: Elsevier Brasil, 2015.
- 13 MONTEIRO, L. H. A. Sistemas Dinâmicos. São Paulo: Editora Livraria da Física, 2006.
- 14 ALBERT, R.; BARABÁSI, A.-L. Statistical mechanics of complex networks. *Reviews of Modern Physics*, v. 74, n. 1, p. 47, 2002.
- 15 ERDŐS, P.; RÉNYI, A. On the evolution of random graphs. *Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci.*, v. 5, n. 1, p. 17–60, 1960.
- 16 EASLEY, D.; KLEINBERG, J. Networks, crowds, and markets: Reasoning about a highly connected world. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2010.

- 17 WATTS, D. J.; STROGATZ, S. H. Collective dynamics of 'small-world'networks. *Nature*, v. 393, n. 6684, p. 440, 1998.
- 18 BARABÁSI, A.-L.; ALBERT, R. Emergence of scaling in random networks. *Science*, v. 286, n. 5439, p. 509–512, 1999.
- 19 BARABÁSI, A.-L. *Network science*. Cambridge, UK: Cambridge University Press, 2016.
- 20 NEWMAN, M. E. J. Networks. Oxford, UK: Oxford University Press, 2018.
- 21 PASTOR-SATORRAS, R.; VÁZQUEZ, A.; VESPIGNANI, A. Dynamical and correlation properties of the internet. *Physical Review Letters*, v. 87, n. 25, p. 258701, 2001.
- 22 TOMÉ, T.; OLIVEIRA, M. J. de. *Dinâmica estocástica e irreversibilidade*. São Paulo: Edusp, 2001. (Acadêmica, 35).
- 23 SALINAS, S. R. *Introdução à física estatística*. São Paulo: Edusp, 1997. (Acadêmica, 9).
- 24 CORRERA, T. C.; FRANK, A. d. C. A equação-mestra: atingindo o equilíbrio. *Química Nova*, v. 34, n. 2, p. 346–353, 2011.
- 25 MONTEIRO, L. H. A. Sistemas Dinâmicos Complexos. São Paulo: Editora Livraria da Física, 2010.
- 26 MOLLOY, M.; REED, B. A critical point for random graphs with a given degree sequence. *Random structures & algorithms*, v. 6, n. 2-3, p. 161–180, 1995.
- 27 ROSEN, K. *Matemática Discreta e suas Aplicações*. São Paulo, Brasil: Grupo A Educação, 2009.
- 28 ABREU, N. M. M. d. et al. Introdução à teoria espectral de grafos com aplicações. *Notas em Matemática Aplicada*, v. 27, p. 25, 2007.
- 29 NOBELPRIZE.ORG. The Nobel Prize in medicine 1902. Disponible en: $\langle \text{https://www.nobelprize.org/prizes/medicine/1902/ross/biographical/} \rangle$. Acesso 10 jun.2019.
- 30 LEWIS, T. G. Network science: Theory and applications. New Jersey, USA: John Wiley & Sons, 2011.
- 31 GAFFNEY, D. When Network Scientists talk about Cat GIFs. Disponible en: \(\text{http://devingaffney.com/when-physicists-talk-about-cat-gifs/} \). Acesso 9 jun.2018.
- 32 CABRERA, C. E. Á.; LOTERO, E. J. A.; UMAÑA, V. G. Modelos epidemiológicos en redes: una presentación introductoria. *Boletín de Matemáticas*, v. 22, n. 1, p. 21–37, 2015.
- 33 SABAG, M. M.; OLIVEIRA, M. J. de. Conserved contact process in one to five dimensions. *Physical Review E*, v. 66, n. 3, p. 036115, 2002.
- 34 JENSEN, I.; DICKMAN, R. Time-dependent perturbation theory for nonequilibrium lattice models. *Journal of Statistical Physics*, v. 71, n. 1-2, p. 89–127, 1993.

- 35 JENSEN, I. Critical behavior of the three-dimensional contact process. *Physical Review A*, v. 45, n. 2, p. R563, 1992.
- 36 DICKMAN, R. Reweighting in nonequilibrium simulations. *Physical Review E*, v. 60, n. 3, p. R2441, 1999.
- 37 OLIVEIRA, M. M. de et al. Contact process on a voronoi triangulation. *Physical Review E*, v. 78, n. 3, p. 031133, 2008.
- 38 VOJTA, T.; FARQUHAR, A.; MAST, J. Infinite-randomness critical point in the two-dimensional disordered contact process. *Physical Review E*, v. 79, n. 1, p. 011111, 2009.
- 39 NEWMAN, M. E. J. The structure and function of complex networks. *SIAM Review*, v. 45, n. 2, p. 167–256, 2003.
- 40 BRUUS, H.; FLENSBERG, K. Many-Body Quantum Theory in Condensed Matter Physics: An Introduction. Oxford, UK: Oxford University Press, 2004. (Oxford Graduate Texts).
- 41 PASTOR-SATORRAS, R.; VESPIGNANI, A. Epidemic spreading in scale-free networks. *Physical Review Letters*, v. 86, n. 14, p. 3200, 2001.
- 42 PASTOR-SATORRAS, R. et al. Epidemic processes in complex networks. *Reviews of Modern Physics*, v. 87, n. 3, p. 925, 2015.
- 43 PASTOR-SATORRAS, R.; VESPIGNANI, A. Epidemics and immunization in scale-free networks. *Handbook of Graphs and Networks, Wiley-VCH, Berlin*, 2003.
- 44 KRAPIVSKY, P. L.; REDNER, S. Organization of growing random networks. *Physical Review E*, v. 63, n. 6, p. 066123, 2001.
- 45 FERREIRA, S. C.; CASTELLANO, C.; PASTOR-SATORRAS, R. Epidemic thresholds of the susceptible-infected-susceptible model on networks: A comparison of numerical and theoretical results. *Physical Review E*, v. 86, n. 4, p. 041125, 2012.
- 46 KEPHART, J. O.; WHITE, S. R. Directed-graph epidemiological models of computer viruses. In: *Computation: the micro and the macro view*. California, USA: IEEE, 1992. p. 71–102.
- 47 HIGHLAND, H. J. The brain virus: fact and fantasy. *Computers and Security*, Elsevier Advanced Technology Publications, v. 7, n. 4, p. 367–370, 1988.
- 48 22 International Symposium on Reliable Distributed Systems, 2003. Proceedings. In: . Florence, Italy: IEEE, 2003. p. 25–34.
- 49 GOLTSEV ALEXANDER V; DOROGOVTSEV, S. N. O. J. G.; MENDES, J. F. Localization and spreading of diseases in complex networks. *Physical Review Letters*, v. 109, n. 12, p. 128702, 2012.
- 50 MATA, A. S.; FERREIRA, S. C. Pair quenched mean-field theory for the susceptible-infected-susceptible model on complex networks. *Europhysics Letters*, v. 103, n. 4, p. 48003, 2013.

- 51 CHUNG, F.; LU, L.; VU, V. Eigenvalues of random power law graphs. *Annals of Combinatorics*, v. 7, n. 1, p. 21–33, 2003.
- 52 BOGUÑÁ, M.; CASTELLANO, C.; PASTOR-SATORRAS, R. Nature of the epidemic threshold for the susceptible-infected-susceptible dynamics in networks. *Physical Review Letters*, v. 111, n. 6, p. 068701, 2013.
- 53 DOROGOVTSEV, S. N. et al. Spectra of complex networks. *Physical Review E*, v. 68, n. 4, p. 046109, 2003.
- 54 GOH, K.-I.; KAHNG, B.; KIM, D. Universal behavior of load distribution in scale-free networks. *Phys. Rev. Lett.*, v. 87, Dec 2001.
- 55 CHUNG, F.; LU, L. Connected components in random graphs with given expected degree sequences. *Annals of combinatorics*, v. 6, n. 2, p. 125–145, 2002.
- 56 DOROGOVTSEV, S. N.; GOLTSEV, A. V.; MENDES, J. F. F. Critical phenomena in complex networks. *Rev. Mod. Phys.*, v. 80, p. 1275–1335, 2008.
- 57 APOSTOL, T. Calculus, Volume I, 2nd Ed One-variable Calculus, with an Introduction to Linear Algebra. New Delhi, India: Wiley India Pvt. Limited, 2007. (Calculus, v. 1).

APÉNDICE A – VALORES PROPIOS DE UNA MATRIZ DE ADYACENCIA DE UN GRAFO COMPLETO.

En esta sección vamos a considerar un grafo completo; esto quiere decir que todos los vértices del grafo están conectados entre sí. Para esta sección vamos a considerar también dos matrices simétricas, una matriz de adyacencia en el cual el grafo presenta lazos y otro donde no tiene lazos.

En primero lugar, vamos considerar G(V, E), un grafo completo que presenta lazos. Por tanto, el matriz de adyacencia A del grafo G(V, E) con n vértices es dado por una matriz cuadrada de orden $n \times n$

$$A = \begin{pmatrix} 1 & 1 & \cdots & 1 \\ 1 & 1 & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 1 & \cdots & 1 \end{pmatrix}. \tag{A.1}$$

Para calcular el valor propio de la matriz A, consideramos $\lambda \in \mathbb{R}$ tal que $\det(A - \lambda I) = 0$. Así,

$$\det\begin{pmatrix} 1 - \lambda & 1 & \cdots & 1 \\ 1 & 1 - \lambda & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 1 & \cdots & 1 - \lambda \end{pmatrix} = 0. \tag{A.2}$$

Para facilitar los cálculos, aplicaremos las propriedades de determinantes y las operaciones aritméticas básicas en dos etapas; así, para primera etapa hagamos $L_j \leftarrow L_j - L_1$ (L_j es la j - enésima linea del determinante) para cada j = 2, ..., n; por tanto,

$$\det \begin{pmatrix} 1 - \lambda & 1 & \cdots & 1 \\ \lambda & -\lambda & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \lambda & 0 & \cdots & -\lambda \end{pmatrix} = 0. \tag{A.3}$$

Para segunda etapa, vamos a realizar as operaciones básicas en relación a las columnas del determinante (A.3). Así, $C_1 \leftarrow C_1 + C_j$ (C_j es la j - enésima columna) para cada j = 2, ..., n, obteniendo

$$\det \begin{pmatrix} n - \lambda & 1 & \cdots & 1 \\ 0 & -\lambda & \cdots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \cdots & -\lambda \end{pmatrix} = 0. \tag{A.4}$$

De la matriz (A.4), concluimos que $\lambda=0$ o $\lambda=n$, donde el valor de n corresponde al número vértice presente en el grafo. El valor $\lambda=0$ tiene multiplicidad n-1 y el valor de $\lambda=n$ tiene multiplicidad 1.

Ahora, vamos a considerar un grafo completo donde no está presente lazos; por tanto, la matriz de adyacencia B del grafo será dado por

$$B = \begin{pmatrix} 0 & 1 & \cdots & 1 \\ 1 & 0 & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 1 & \cdots & 0 \end{pmatrix}. \tag{A.5}$$

Vamos a calcular el valor propio de la matriz B; por lo tanto, vamos a considerar $\lambda \in \mathbb{R}$ tal que $\det(B - \lambda I) = 0$; así, tenemos

$$\det \begin{pmatrix} -\lambda & 1 & \cdots & 1 \\ 1 & -\lambda & \cdots & 1 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 1 & 1 & \cdots & -\lambda \end{pmatrix} = 0. \tag{A.6}$$

Con los mismos procedimientos del caso anterior, tenemos $\lambda = -1$ con multiplicidad n-1 o $\lambda = n-1$ con multiplicidad 1.

APÉNDICE B – EL ESTADO ESTACIONARIO Y ESTABILIDAD DEL SISTEMA DEL MODELO SIS DEFINIDO EN GRAFO COMPLETO

Consideramos el sistema

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\lambda SI + \mu I \\ \frac{dI}{dt} = \lambda SI - \mu I \end{cases}$$
(B.1)

y la expresión

$$S + I = N. (B.2)$$

Substituyendo la ecuación (B.2) en la expresión $\frac{dI}{dt}$ de la ecuación (B.1), tenemos la expresión

$$\frac{dI}{dt} = \lambda(N - I)I - \mu I. \tag{B.3}$$

Igualando $\frac{dI}{dt}$ a cero, obtenemos la ecuación para las soluciones estacionarias I_{∞} como siendo

$$\lambda(N - I_{\infty})I_{\infty} - \mu I_{\infty} = 0, \tag{B.4}$$

y de la ecuación (B.4) resulta

$$I_{\infty} = 0$$
 o $I_{\infty} = N - \frac{\mu}{\lambda}$. (B.5)

Ahora, vamos a determinar el límite epidemiológico. Consideramos la expresión

$$f(I) = \lambda(N - I)I - \mu I, \tag{B.6}$$

que es el segundo miembro de (B.3). Utilizando los conceptos de la sección 2.1, el cálculo del umbral epidemiológico se realiza con

$$\left(\frac{df(I)}{dI}\right)_{I=I_{\infty}=0} = 0;$$
 entonces, $\lambda_c = \frac{\mu}{N}$. (B.7)

Una otra forma de estudiar el comportamiento de la expresión I(t) para el tiempo infinito es a través del cálculo de límite tendiendo para el infinito de la solución de la ecuación (B.3). El cálculo es realizado recurriendo a la técnica de fracciones parciales, como mostraremos a seguir. Consideramos la expresión

$$\frac{dI}{dt} = \lambda(N - I)I - \mu I. \tag{B.8}$$

Utilizando separación de variables y también las operaciones algebraicas básicas, obtenemos la expresión

$$\int \frac{dI}{I(\lambda N - \mu - \lambda I)} = \int dt.$$
 (B.9)

Aplicando fracciones parciales a (B.9), podemos observar que

$$\frac{1}{I(\lambda N - \mu - \lambda I)} = \frac{A}{I} + \frac{B}{\lambda N - \mu - \lambda I},$$
(B.10)

donde los valores A y B son las variables que deben ser encontradas. Realizando las operaciones básicas de fracciones y igualando los dos términos de izquierda y de la derecha a la expresión (B.10), tenemos el sistema

$$\begin{cases} A(\lambda N - \mu) = 1\\ -\lambda A + B = 0, \end{cases}$$
 (B.11)

de lo cual obtenemos $A = \frac{1}{\lambda N - \mu}$ y $B = \frac{\lambda}{N\lambda - \mu}$. Substituyendo en (B.10) los valores de A y B obtenidos, tenemos (B.9) como siendo la ecuación

$$\int \frac{dI}{(\lambda N - \mu)I} + \int \frac{\lambda dI}{(N\lambda - \mu)(N\lambda - \mu - \lambda I)} = \int dt.$$
 (B.12)

Resolviendo la integración de ambos lados de la igualdad y realizando los cálculos,

$$\ln\left(\frac{I}{\lambda N - \mu - \lambda I}\right) = t(\lambda N - \mu) + c, \tag{B.13}$$

donde c es una constante de integración. Usando como condición inicial $I(0) = I_0$, se fija un valor para el constante c. Organizando el resultado, tenemos

$$I(t) = \frac{(\lambda - \lambda_c)N}{\lambda + (\frac{\lambda N - \lambda_c N}{I_0} - \lambda)e^{-(\lambda - \lambda_c)Nt}}.$$
(B.14)

Por último, realizando el cálculo de limite con la expresión (B.14), obtenemos

$$I_{\infty} = \lim_{t \to \infty} I(t) = \begin{cases} N - \frac{\mu}{\lambda} & \lambda > \lambda_c \\ 0 & \lambda < \lambda_c. \end{cases}$$
 (B.15)

APÉNDICE C – RELACIÓN ENTRE LAS POBLACIONES DE SUSCEPTIBLES Y INFECTADOS EN EL ESTADO ESTACIONARIO DEL MODELO SIR EN UN GRAFO COMPLETO

Sea la ecuación

$$\frac{dR}{dt} = \delta I \tag{C.1}$$

y la ecuación

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI. \tag{C.2}$$

Dividiendo (C.2) con (C.1), obtenemos la expresión

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-\alpha SI}{\delta I}.$$
 (C.3)

Aplicando integral a ambos lados, tenemos

$$\int \frac{dS}{S} = \int \frac{-\alpha}{\delta} dR,\tag{C.4}$$

lo que resulta en

$$\ln S = \frac{-\alpha}{\delta} R + C,\tag{C.5}$$

donde C es una constante de integración. Imponiendo la condición inicial de cuando t = 0, $S(0) = S_0$ y R(0) = 0, llegamos al resultado deseado

$$S = S_0 \exp\left(\frac{-R}{r}\right),\tag{C.6}$$

donde $r = \frac{\delta}{\alpha}$. Substituyendo la expresión (C.6) en la ecuación S + I + R = N, obtenemos

$$R = N - S_0 \exp\left(\frac{-R}{r}\right) - I,\tag{C.7}$$

y en el estado estacionario $(I_{\infty} = 0)$, llegamos a la ecuación deseada

$$R_{\infty} = N - S_0 \exp\left(\frac{-R_{\infty}}{r}\right). \tag{C.8}$$

Por fin, también obtenemos

$$S_{\infty} = S_0 \exp\left(\frac{-R_{\infty}}{r}\right),\tag{C.9}$$

pues $S_{\infty} + R_{\infty} = N$ (en el estado estacionario el modelo SIR, tenemos $I_{\infty} = 0$).

APÉNDICE D – DEDUCCIÓN DE LA DISTRIBUCIÓN DE GRADO DEL MODELO DE BARABÁSI - ALBERT

Consideramos un grafo con m_0 nodos que no están enlazados en el instante t = 0 con las siguientes observaciones: 1) A cada paso (discreto) del tiempo, un novo nodo entra al grafo y el nuevo nodo se concatena realizando m concatenaciones entre los diferentes vértices como es ilustrado en la figura 14 con $m_0 = 2$ y m = 2. 2) Consideramos que $m \le m_0$ para no ocurrir múltiplas conexiones.

Consideramos la ley de enlace preferente

$$\Pi(k_i) = \frac{k_i}{\sum_j k_j}.$$
 (D.1)

En el instante t, tendremos $m_0 + t$ vértices y grado total $\sum_j = 2mt$. La tasa de vértice i adquiere la conexión en el grafo es

$$\frac{\partial k_i}{\partial t} = m\Pi(k_i); \tag{D.2}$$

el factor m es consecuencia del nuevo vértice ingresar a la red con m conexiones (tentativas) y Π es la probabilidad de conexión.

Algunas observaciones a considerar en la deducción de la distribución de grado:

- 1) En la realización de cálculos consideramos una aproximación continua del tiempo (válido para $t \gg 1$) y grado.
- 2) La variación de grado k_i está asociado directamente a la probabilidad de conexión al nodo i, y esa probabilidad es admitida como siendo proporcional a k_i .

De todas as observaciones realizadas anteriormente tenderemos, de (D.1) y (D.2), que

$$\frac{\partial k_i}{\partial t} = m \frac{k_i}{2mt},\tag{D.3}$$

donde la condición del contorno es dado por $k_i(t) = m$, siendo que el valor de t_i indica el instante del ingresar el nodo i en la red. Resolviendo la ecuación (D.3) obtenemos

$$k_i = m\sqrt{\frac{t}{t_i}}. (D.4)$$

Asumimos que los nodos son adicionados en el grafo en los mismos intervalos de tiempo, entonces, la probabilidad en el instante t del vértice i hubiese entrado en el grafo en el instante anterior a τ es dado por

$$P(t_i \le \tau) = \frac{\tau}{t}.\tag{D.5}$$

La probabilidad del nodo i tiene grado $k_i(t)$ menor que k en el instante t es

$$P(k_i(t) < k) = \int_0^k P(k', t)dk',$$
 (D.6)

donde P(k,t) es la distribución de grado en el instante t. De las expresiones (D.4) y (D.5) tenemos

$$P(k_i(t) < k) = P\left(m\sqrt{\frac{t}{t_i}} < k\right) = P\left(t_i > \frac{m^2 t}{k^2}\right) = 1 - P\left(t_i \le \frac{m^2 t}{k^2}\right)$$

$$= 1 - \frac{m^2 t}{k^2} \frac{1}{t} = 1 - \frac{m^2}{k^2}.$$
(D.7)

Como

$$P(k) = \lim_{t \to \infty} \frac{\partial}{\partial k} P(k_i(t) < k), \tag{D.8}$$

llega a la conclusión que

$$P(k) = \frac{2m^2}{k^3}. (D.9)$$

El cálculo del grado medio en el modelo de Barabási - Albert es dado por

$$\langle k \rangle = \int_{m}^{k_c} kP(k)dk,$$
 (D.10)

donde k_c es el grado máximo de la red.

Substituyendo (D.9) en (D.10) y calculando la integral obtenemos el grado medio para el modelo de BA,

$$\langle k \rangle = \int_{m}^{k_c} kP(k)dk = 2m - \frac{2m^2}{k_c}.$$
 (D.11)

Ahora, el segundo momento de una conexión en una red de Barabási - Albert es dado por

$$\langle k^2 \rangle = \int_m^{k_c} k^2 P(k) dk = 2m^2 (\ln k_c - \ln m).$$
 (D.12)

Para una red infinita de Barabási - Albert , sabemos que $k_c \to \infty$ (7), lo que lleva a

$$\langle k \rangle = 2m$$
 y $\langle k^2 \rangle = \infty$. (D.13)

APÉNDICE E – FRACCIÓN DE INFECTADOS EN EL MODELO HMF EN LA RED BARABÁSI - ALBERT

La función ρ es la densidad de infectados en la red. Para encontrar el valor de ρ , vamos considerar la expresión

$$\Theta(\lambda) = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \rho_k. \tag{E.1}$$

Consideramos la solución estacionaria de la ecuación (3.1), esto es, $\partial_t \rho_k = 0$. En este caso,

$$\rho_k = \frac{\lambda k\Theta}{\mu + \lambda k\Theta}.\tag{E.2}$$

Reemplazando la expresión (E.2) en la ecuación (E.1), tenemos

$$1 = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left(\frac{\lambda k}{\mu + \lambda k \Theta} \right)$$
 (E.3)

para $\Theta \neq 0$. Estamos buscando por una solución que no sea la trivial ($\Theta \neq 0$). Consideramos, también, la media de conexión y distribución de grado de la red de Barabási - Albert, esto es,

$$\langle k \rangle = 2m \tag{E.4}$$

у

$$P(k) = \frac{2m^2}{k^3},\tag{E.5}$$

donde m es el número de conexión del nuevo vértice entrante. Aproximando el grado del nodo con una variable continua, obtenemos

$$\frac{1}{\lambda m} = \int_{m}^{\infty} \frac{dk}{k(\mu + \lambda k\Theta)}.$$
 (E.6)

La integral (E.6) es calculado a través del método de fracciones parciales, formando

$$\frac{1}{k(\mu + \lambda k\Theta)} = \frac{A}{k} + \frac{B}{\mu + \lambda k\Theta}.$$
 (E.7)

De la expresión (E.7) tenemos el término

$$\frac{1}{k(\mu + \lambda k\Theta)} = \frac{A(\mu + \lambda k\Theta) + Bk}{k(\mu + \lambda k\Theta)}.$$
 (E.8)

Igualando los numeradores de ambos lados de la expresión (E.8), tenemos el sistema de ecuaciones

$$\begin{cases}
A\mu &= 1 \\
A\Theta\lambda + B &= 0.
\end{cases} (E.9)$$

Así, tenemos $A = \frac{1}{\mu}$ y $B = \frac{-\Theta \lambda}{\mu}$; por tanto, llegamos a

$$\frac{1}{m\lambda} = \lim_{R \to \infty} \left[\int_{m}^{R} \frac{1}{\mu} \frac{dk}{k} - \int_{m}^{R} \frac{\lambda \Theta}{\mu} \frac{dk}{\mu + \lambda k \Theta} \right]. \tag{E.10}$$

Finalmente,

$$\frac{\mu}{m\lambda} = \lim_{R \to \infty} \left[\ln(k) - \ln\left(k + \frac{\mu}{\lambda\Theta}\right) \right]_m^R. \tag{E.11}$$

La expresión (E.11) es calculado con la regla de L'Hospital, y con algunos trabajos algebraicos obtenemos

$$\frac{\mu}{\lambda m} = -\ln\left(\frac{m\lambda\Theta}{m\lambda\Theta + \mu}\right). \tag{E.12}$$

De esta forma,

$$\Theta = \frac{\mu}{\lambda m} \left(\frac{1}{e^{\frac{\mu}{\lambda m}} - 1} \right) \tag{E.13}$$

y, substituyendo este valor en (E.2), se tiene

$$\rho_k = \frac{1}{1 + \frac{m}{k} \left(e^{\frac{\mu}{\lambda m}} - 1 \right)}.$$
 (E.14)

En la región próxima a $\lambda_c = 0$, esto es, $\lambda \sim 0$, tenemos

$$\Theta \simeq \frac{\mu}{\lambda m} e^{-\frac{\mu}{\lambda m}} \tag{E.15}$$

у

$$\rho_k \simeq \frac{k}{m} e^{\frac{-\mu}{\lambda m}}.\tag{E.16}$$

Finalmente, con la expresión

$$\rho = \sum_{k} P(k)\rho_k = \int_{m}^{\infty} P(k)\rho_k dk, \qquad (E.17)$$

llegamos a

$$\rho \simeq 2 \exp\left(-\frac{\mu}{m\lambda}\right).$$
(E.18)

APÉNDICE F - CÁLCULO DE LA EXPRESIÓN Θ EN EL MODELO HMF MODIFICADO

Consideramos la expresión

$$\Theta = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \rho_k (1 - \rho_k). \tag{F.1}$$

Consideramos también el estado estacionario de la ecuación maestra del modelo HMF, o sea, soluciones de $\partial_k \rho_k = 0$ para la ecuación (3.1); esto implica

$$\rho_k = \frac{\lambda k\Theta}{\mu + \lambda k\Theta}.\tag{F.2}$$

Substituyendo (F.2) en la ecuación (F.1), obtenemos la expresión

$$\Theta = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k} k P(k) \left(\frac{\lambda k \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} \right) \left(1 - \frac{\lambda k \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} \right). \tag{F.3}$$

Para el cálculo del valor de Θ , vamos a considerar la red de Barabási - Albert. Para este último tenemos que considerar que $P(k) = \frac{2m^2}{k^3}$ y $\langle k \rangle = 2m$. Finalmente, por aproximación continua como visto en el apéndice E, tenemos

$$\Theta = \frac{1}{2m} \int_{m}^{+\infty} \frac{2m^2}{k^3} \frac{k^2 \lambda \mu \Theta}{(\mu + \lambda k \Theta)^2} dk.$$
 (F.4)

Notemos que $\Theta = 0$ es solución de (F.4). Vamos, ahora, encontrar por una otra solución de la ecuación. Para esta última expresión, tomemos $\Theta \neq 0$. Así, tenemos la expresión a seguir:

$$\frac{1}{m\lambda\mu} = \int_{m}^{+\infty} \frac{dk}{k(\mu + \lambda k\Theta)^2}.$$
 (F.5)

La última integración es calculado por medio de fracciones parciales; de esta manera,

$$\frac{1}{k(\mu + \lambda k\Theta)^2} = \frac{A}{k} + \frac{B}{\mu + \lambda k\Theta} + \frac{C}{(\mu + \lambda k\Theta)^2}.$$
 (F.6)

A través de la expresión (F.6), tenemos el sistema de ecuaciones a seguir:

$$\begin{cases}
\mu^2 A &= 1 \\
2\lambda\Theta\mu A + \mu B + C &= 0 \\
\lambda^2\Theta^2 A + B\lambda\Theta &= 0.
\end{cases}$$
(F.7)

Resolviendo el sistema (F.7), obtenemos los resultados a seguir: $A = \frac{1}{\mu^2}$, $B = \frac{-\lambda\Theta}{\mu^2}$ y $C = \frac{-\lambda\Theta}{\mu}$. Finalmente, la integral (F.5) queda de la siguiente forma:

$$\frac{1}{\mu^2} \int_m^{+\infty} \frac{1}{k} dk + \frac{1}{\mu^2} \int_m^{+\infty} \frac{-\lambda \Theta}{\mu + \lambda k \Theta} dk + \frac{1}{\mu} \int_m^{+\infty} \frac{-\lambda \Theta}{(\mu + \lambda k \Theta)^2} dk. \tag{F.8}$$

Resolviendo cada integral del (F.8), obtenemos

$$\left[\ln\left|\frac{\lambda k\Theta}{\mu + k\lambda\Theta}\right| + \frac{\mu}{\mu + \lambda k\Theta}\right]_{m}^{+\infty} = \frac{\mu}{m\lambda}.$$
 (F.9)

De esta forma, la ecuación (F.5) tiene la siguiente forma:

$$\frac{\mu}{\lambda m} = \ln\left(1 + \frac{\mu}{\lambda m\Theta}\right) - \frac{\mu}{\mu + \lambda m\Theta}.$$
 (F.10)

La solución de la ecuación (F.10) deberá ser realizada a través de métodos numéricos.

APÉNDICE G – CÁLCULO DE FRACCIÓN DE VÉRTICES INFECTADOS EN EL MODELO HMF Y HMF MODIFICADO APLICADO EN LA RED BARABÁSI - ALBERT

Consideramos la expresión de fracción de infectados en la red de Barabási - Albert en el caso estacionario, esto es,

$$\rho = \sum_{k} P(k)\rho_k,\tag{G.1}$$

donde

$$P(k) = \frac{2m^2}{k^3}$$
 y $\rho_k = \frac{\lambda k\Theta}{\mu + \lambda k\Theta}$. (G.2)

Aplicando aproximación continua y substituyendo las expresiones de (G.2) en (G.1), tenemos la siguiente expresión a ser calculada:

$$\rho = 2m^2 \lambda \Theta \int_{m}^{+\infty} \frac{dk}{k^2 (\mu + \lambda k \Theta)}.$$
 (G.3)

Utilizando el método de fracciones parciales, obtenemos los términos

$$\frac{1}{k^2(\mu + \lambda k\Theta)} = \frac{A}{k} + \frac{B}{k^2} + \frac{C}{\mu + \lambda k\Theta},\tag{G.4}$$

o, su equivalente,

$$\frac{1}{k^2(\mu + \lambda k\Theta)} = \frac{Ak(\mu + \lambda k\Theta) + B(\mu + \lambda k\Theta) + Ck^2}{k^2(\mu + \lambda k\Theta)}.$$
 (G.5)

Por las igualdades entre las dos fracciones, tenemos que

$$\begin{cases}
B\mu &= 1 \\
A\mu + B\lambda\Theta &= 0 \\
A\lambda\Theta + C &= 0.
\end{cases}$$
(G.6)

Del sistema (G.6), concluimos que

$$A = \frac{-\lambda\Theta}{\mu^2}$$
 , $B = \frac{1}{\mu}$ y $C = \frac{\Theta^2\lambda^2}{\mu^2}$, (G.7)

lo que resulta

$$\rho = 2m^2 \lambda \Theta \left(\int_m^{+\infty} \frac{-\lambda \Theta}{\mu^2 k} dk + \int_m^{+\infty} \frac{dk}{\mu k^2} + \int_m^{\infty} \frac{\lambda^2 \Theta^2 dk}{\mu^2 (\mu + \lambda k \Theta)} \right). \tag{G.8}$$

Resolviendo cada una de las integrales, obtenemos la siguiente expresión:

$$\rho = 2 \left[\frac{\lambda m\Theta}{\mu} + \left(\frac{\lambda m\Theta}{\mu} \right)^2 \ln \left(\frac{\lambda m\Theta}{\mu + \lambda m\Theta} \right) \right]. \tag{G.9}$$

APÉNDICE H – LA RELACIÓN ENTRE γ Y α EN EL MODELO QMF DEFINIDO EN UNA RED DE LA ESCALA LIBRE

Consideramos la ecuación (4.37),

$$\int_{k_m}^{+\infty} P(k)dk = \frac{m}{N}.$$
(H.1)

También consideramos que $k_m = w_m = m^{-\alpha}$, como visto en (4.35); por tanto, tenemos

$$\int_{m^{-\alpha}}^{+\infty} P(k)dk = \frac{m}{N}.$$
(H.2)

A través del cambio de variable $k=u^{-\alpha}$, tenemos $dk=-\alpha u^{-\alpha-1}du$. Además si, $k=m^{-\alpha}$, entonces u=m, y cuando $k=\infty$, tenemos u=0. Por tanto, la nueva integral será

$$\int_{m}^{0} \left(-\alpha u^{-\alpha - 1} du\right) P(u^{-\alpha}) = \frac{m}{N},\tag{H.3}$$

lo que equivale a

$$\int_0^m u^{-\alpha - 1} P(u^{-\alpha}) du = \frac{m}{\alpha N}.$$
(H.4)

Derivando la última expresión en función de m, tenemos

$$\frac{d}{dm} \int_0^m u^{-\alpha - 1} P(u^{-\alpha}) = \frac{d}{dm} \left(\frac{m}{\alpha N}\right). \tag{H.5}$$

Por teorema fundamental de Cálculo, tenemos

$$m^{-\alpha-1}P(m^{-\alpha}) = \frac{1}{\alpha N},\tag{H.6}$$

lo que resulta

$$P(m^{-\alpha}) = \frac{m^{\alpha+1}}{\alpha N},\tag{H.7}$$

y cambiando las variables $m^{-\alpha}=k$, o sea, $m=k^{-\frac{1}{\alpha}}$, tenemos

$$P(k) = \frac{1}{\alpha N} \left(k^{\frac{-1}{\alpha}} \right)^{\alpha + 1} \tag{H.8}$$

o

$$P(k) = \frac{1}{\alpha N} k^{-\left(\frac{1}{\alpha} + 1\right)}.$$
 (H.9)

Finalmente, tenemos

$$\gamma = \frac{1}{\alpha} + 1 \qquad \text{o} \qquad \alpha = \frac{1}{\gamma - 1}$$
(H.10)

si $P(k) \sim k^{-\gamma}$.

APÉNDICE I – CÁLCULO DE VALOR PROPRIO DE UNA MATRIZ DE ADYACENCIA 'ANNEALED' PARA UNA RED DE LIBRE ESCALA

Vamos a considerar la matriz A dado a seguir:

$$A = \begin{pmatrix} \frac{1^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \frac{1^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} & \dots & \frac{1^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ \frac{2^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \frac{2^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} & \dots & \frac{2^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{N^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \dots & \dots & \frac{N^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \end{pmatrix},$$
(I.1)

como visto en (4.44). Luego, para determinar los valores propios Λ , tenemos que calcular $\det(A - \Lambda I) = 0$, por lo tanto,

$$\det \begin{pmatrix} \frac{1^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} - \Lambda & \frac{1^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} & \dots & \frac{1^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ \frac{2^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \frac{2^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} - \Lambda & \dots & \frac{2^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{N^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} & \dots & \dots & \frac{N^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} - \Lambda \end{pmatrix} = 0.$$
 (I.2)

Definiendo L_j como la j - enésima linea, hagamos $L_j \leftarrow L_j - j^{-\alpha}L_1$ para j=2,...,N. Así, obtenemos

$$\det \begin{pmatrix} \frac{1^{-\alpha}1^{-\alpha}}{z} - \Lambda & \frac{1^{-\alpha}2^{-\alpha}}{z} & \dots & +\frac{1^{-\alpha}N^{-\alpha}}{z} \\ 2^{-\alpha}\Lambda & -\Lambda & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ N^{-\alpha}\Lambda & 0 & \dots & -\Lambda \end{pmatrix} = 0.$$
 (I.3)

Definimos, ahora, C_j como la j - enésima columna; hagamos $C_1 \leftarrow C_1 + j^{-\alpha}C_j$ para j = 2, ..., N. De esta forma, tenemos

$$\det \begin{pmatrix} \frac{1}{z} \left[1^{-\alpha} 1^{-\alpha} + 2^{-\alpha} 2^{-\alpha} + \dots + N^{-\alpha} N^{-\alpha} \right] - \Lambda & \frac{1^{-\alpha} 2^{-\alpha}}{z} & \dots & \frac{1^{-\alpha} N^{-\alpha}}{z} \\ 0 & -\Lambda & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & \dots & -\Lambda \end{pmatrix} = 0. \quad (I.4)$$

Así, llegamos a la conclusión que $\Lambda=0$ (degeneración (N-1)) y $\Lambda_{max}=\frac{\sum_{l=1}^{N}l^{-2\alpha}}{z}$ (degeneración 1).

APÉNDICE J - CRITERIO DE MOLLOY - REED

Para una red no correlacionada, el criterio de Molly - Reed predice la existencia de un componente gigante cuando

$$\kappa = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \ge 2. \tag{J.1}$$

Para mostrar este resultado, vamos primero considerar la probabilidad q de una conexión concatenar con un vértice de grado k, que es dado por

$$q(k) = \frac{k}{N\langle k \rangle} NP(k), \tag{J.2}$$

donde $\frac{k}{N\langle k\rangle}$ representa la probabilidad de un dado vértice conectar con un vértice específico de grado k, y $N\langle k\rangle$ es el grado total de la red. El factor NP(k) representa el número total de vértices de grado k. Así, la expresión (J.2) puede ser reescrita como

$$q(k) = \frac{kP(k)}{\langle k \rangle}. (J.3)$$

Ahora, vamos a considerar la probabilidad π de una conexión alcanzar un componente gigante. Para esto, vamos considerar una concatenación que termina en un vértice w, que tiene grado k. Entonces, la probabilidad π está directamente relacionada con la probabilidad de al menos una de las otras k-1 concatenaciones del vértice w alcanzar el componente gigante. Como la probabilidad de ningún de los k-1 concatenaciones llegar a componente gigante es $(1-\pi)^{k-1}$, pues estamos considerando una red no correlacionada, la probabilidad de al menos una de las k-1 concatenaciones llegue a la componente gigante es

$$1 - (1 - \pi)^{k-1}. (J.4)$$

De esta forma, la probabilidad de π es dada por

$$\pi = \sum_{k=1}^{\infty} q(k) \left[1 - (1 - \pi)^{k-1} \right], \tag{J.5}$$

que es la suma en k de las probabilidades de una concatenación terminar en un vértice de grado k y al menos una de las k-1 concatenaciones sobrantes de este vértice alcanzar el componente gigante. Vamos encontrar la solución de la ecuación (J.5) gráficamente. Vamos considerar el sistema

$$\begin{cases}
y = \pi \\
y = h(\pi),
\end{cases}$$
(J.6)

donde

$$h(\pi) = \sum_{k=1}^{\infty} q(k) \left[1 - (1 - \pi)^{k-1} \right].$$
 (J.7)

Las intersecciones entre las curvas (J.6) son las soluciones de (J.5). Como

$$\frac{dh(\pi)}{d\pi} = \sum_{k=1}^{\infty} q(k)(k-1) \left[(1-\pi)^{k-2} \right] > 0$$
 (J.8)

у

$$\frac{d^2h(\pi)}{d\pi^2} = -\sum_{k=1}^{\infty} q(k)(k-1)(k-2)\left[(1-\pi)^{k-3}\right] < 0,$$
 (J.9)

la función h es creciente y cóncava. Notemos que la resolución gráfica de (J.6) tiene las mismas características mostradas en la sección 3.1.1 en la resolución de la ecuación (3.6). De esta forma, si h'(0) < 1, el sistema (J.6) presenta una única solución (trivial) $\pi = 0$, y si $h'(0) \ge 1$, el sistema demuestra una solución no trivial, que es la existencia de un componente gigante en el grafo. Entonces, de (J.8),

$$h'(0) \ge 1 \tag{J.10}$$

lleva a

$$\sum_{k=1}^{\infty} q(k)(k-1) \ge 1 \qquad \text{o} \qquad \sum_{k=1}^{\infty} \frac{kP(k)(k-1)}{\langle k \rangle} \ge 1. \tag{J.11}$$

Finalmente,

$$\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} = \kappa \ge 2 \tag{J.12}$$

para que el sistema presente un componente gigante.