

Contagion Graph — Simulación SIR en redes

Una pequeña comparación de las propiedades estructurales de
redes Erdős-Rényi, Barabási-Albert y Watts-Strogatz

Luis E Cardoso & Johnel Cunningham

Departamento de Ciencias de Matemáticas

Universidad de Puerto Rico-Recinto Mayagüez

December 5, 2025

Materia: Análisis de Algoritmos
Código: COMP4017
Profesor: Dr. Alcibiades Bustillo

1 Introducción

1.1 Modelo epidemiológico SIR

El modelo SIR es un conjunto de ecuaciones diferenciales acopladas que ayudan a describir la propagación de una enfermedad en una población en función de los susceptibles $S(t)$, infectados $I(t)$ y los recuperados $R(t)$. Este sistema se puede representar formalmente como:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI, \quad \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I, \quad \frac{dR}{dt} = \gamma I. \quad (1)$$

Donde β es la tasa de contagio y γ la tasa de recuperación. El otro criterio a tener presente es el número básico de reproducción, que es la razón entre la tasa de contagio y la tasa de recuperación, $R_0 = \beta/\gamma$. Si el $R_0 > 1$, la infección crece; si $R_0 < 1$, la infección decrece.

1.2 Modelos con grafos

Una forma de abordar este problema es mediante grafos. En este trabajo se mostrará como resolver este problema mediante tres modelos, Erdős–Rényi; Barabási–Albert; Watts–Strogatz, considerando sus limitaciones y sus consideraciones conceptuales en cada método.

La idea general que siguen estos métodos es considerar una cantidad N de personas y los modelos van a asumir que los nodos, será cada individuo; los vértices, muestra el contacto entre ellas y una probabilidad (p) de que cualquier par de personas estén conectadas por una arista.

1.2.1 Modelo Erdős–Rényi (ER)

La idea principal de este modelo es considerar que cada par de personas tiene la misma probabilidad p de estar conectadas, independientemente de quién o como esté distribuido el grupo social. El formalismo matemático de este modelo consisten en crear un grafo aleatorio $G(N, p)$ con N individuos y una probabilidad p de que exista una arista entre cualquier par de nodos y si esta arista existe hay una probabilidad de exista un contagio entre esos dos nodos (personas). Indicando que para cada par de nodos (i, j) , la arista existe con probabilidad p , independientemente de las demás aristas. La idea del algoritmo para crear el grafo Erdős–Rényi es la siguiente:

Algorithm 1 Grafo Erdős–Rényi $G(N, p)$

1: Cargamos parámetros p , N	▷ p Probabilidad, N Número de personas
2: for cada par de puntos (i, j) con $i < j$ do	
3: r_1 = Número aleatorio	
4: Si $r_1 \leq p$, agregar una arista entre i y j .	
5: end for	
6: return Procesamos(G)	

1.2.2 Modelo Barabási–Albert (BA)

En el modelo BA no asume una conexión totalmente aleatoria como el ER, sino que se basa en dos mecanismos que imitan el crecimiento real de las redes. La primera es que el grafo no es de tamaño fijo, sino que va aumentando en cada paso en el tiempo; segundo, cuando un nuevo nodo se une a la red, no se conecta al azar, sino que tiene una mayor probabilidad de conectarse a los nodos que ya tiene muchas conexiones. La probabilidad, $\Pi(i)$, de que un nuevo nodo se conecte a un nodo ya existente, es:

$$\Pi(i) = \frac{k_i}{\sum_j k_j} \quad (2)$$

Donde $\sum_j k_j$ es la suma total de los grados de todos los nodos existentes. La idea del algoritmo sería la siguiente:

Algorithm 2 Barabasi–Albert $G(N, m)$

```
1: Cargamos parámetros  $N, m, m_0$  ▷  $m$  Número de arista que cada nodo crea  
                                     ▷  $m_0$  Número de nodos iniciales  
2: Crear  $m_0$  nodos conectados entre sí  
3: While hasta tener  $N$  grados  
4: for  $i = m_0 + 1$  hasta  $N$  do  
5:     Seleccionar  $m$  nodos existentes para conectar  
6:     for  $j = 1$  hasta  $m$  do  
7:         seleccionar el nodo  $i$  es:  $\frac{k_i}{\sum_j k_j}$   
8:         Conectar el nuevo nodo a los  $m$  nodos seleccionados  
9:     end for  
10:    Actualizar los grados  
11: end for  
12: Return  $G(N, m)$ 
```

1.2.3 Modelo Watts–Strogatz (WS)

Este modelo abarca este problema desde una perspectiva más social. Se basa principalmente en dos ideas claves. La primera es que los vecinos más cercanos son los que tiene mayor probabilidad de contagio; y la segunda, es que puedo contagiar a cualquier persona con una serie finita de pasos. El algoritmo, que establece esas relaciones, es el siguiente:

Algorithm 3 Watts–Strogatz $G(N, k, p)$

```
1: Cargamos parámetros  $N, k, p$  ▷  $k$  Grado de cada nodo (vecinos)  
2: Disponer los  $N$  nodos en un anillo (círculo)  
3: Etiquetar nodos como  $0, 1, 2, \dots, N - 1$   
                                     ▷  $p$  Probabilidad de contagio  
4: for cada nodo  $i = 0$  hasta  $N-1$  do  
5:     for cada vecino  $j$  de  $i$  do  
6:         Con probabilidad  $p$ : eliminar la arista y reconectar  $i$  a un nodo aleatorio  $k$   
                                     ▷ El nodo  $k$  no vecino de  $i$   
7:         Con probabilidad  $(1-p)$ : dejar la arista como está  
8:         Procesar nuevo enlace  $(i, k)$   
9:     end for  
10: end for  
11: Return  $G(N, k, p)$ 
```

1.3 Procesamiento de los grafos

Una vez creadas los grados asociados a cada modelo (ER, BA, WS), el siguiente algoritmo es el encargado de procesar el grafo e ir estableciendo una relación entre los susceptibles, los infectados y los recuperados. El algoritmo es el siguiente:

1.4 Complejidad temporal:

Algoritmo 1: En la generación del grafo, hay $N(N + 1)/2$ pares posibles y cada par se evalúa una vez con probabilidad p , por lo tanto, su complejidad es $O(N^2)$.

Algoritmo 2: Se tiene dos ciclos for y en la línea ocho de este algoritmo se tiene una operación de suma al conectar un nuevo nodo. Por lo tanto, para ese algoritmo el tiempo de complejidad será de $O(mN^2)$.

Algoritmo 3: En la línea cuatro y cinco de este algoritmo se está procesando cada arista del grafo. Lo cual su tiempo de complejidad estará dado como el total de las aristas del grafo $O(Nk/2)$

Algoritmo 4: En la fase de infección para cada nodo se revisan todos vecinos y la cantidad de vecino estará en gran medida relacionada con la probabilidad p . Por lo tanto, su complejidad será $O(pN^2)$. En la fase de recuperación se analiza todos los nodos, de esta forma su complejidad será $O(N)$. Si

Algorithm 4 Solucionar el SIR

```
1: Condiciones iniciales para  $S_0, I_0, R_0$ 
2: While  $I(t) = 0$  ▷ Cuando no hay infectados, se termina
3:   for  $t = 0$  to  $T_{Max}$  do
4:     for nodos en el grafo do ▷ Fase de infección
5:       for cada vecino del nodo do
6:          $r_1 =$  número aleatorio
7:         Si  $r_1 \leq \beta$ , marcar como infectado, agregar a  $I(t)$ 
8:       end for
9:     end for
10:    for Nodos en el grafo do ▷ Fase de recuperación
11:       $r_2 =$  número aleatorio
12:      Si  $r_2 \leq \gamma$ , marcar como recuperado, agregar a  $R(t)$ .
13:    end for
14:  end for
15: return Procesamos( $S(t), I(t), R(t)$ )
```

ahora consideramos el ciclo for de la línea cinco que está relacionado con el tiempo, el tiempo de complejidad de este algoritmo será $O(T_{Max}pN + T_{Max}N^2)$.

2 Resultados

En esta sección se muestran los resultados para los diferentes experimentos numéricos. Para el modelo SIR, un número inicial de infectados igual a cinco. Además, se tiene un valor de $\beta = 0.3$, $\gamma = 0.1$. Para los grafos se usará un $N = 500$ y top-k de 20.

2.1 Primer Experimento

En este primer experimento, para que la comparación sea justa y las diferencias sean puramente por la topología y no por la cantidad de conexiones, debemos asegurarnos de que todos los grafos tengan el mismo Grado Promedio. Para eso, los parámetros de simulación para los tres grafos son $N = 500$ y los parámetros específicos para cada red se muestran en la Tabla 1.

Table 1: Parámetros de los modelos de redes complejas ($N = 500$)

Modelo de Red	Nodos	Aristas	Grado promedio
Erdős-Rényi $G(500, 0.008)$	500	1021	4.08
Barabási-Albert ($m=2$)	500	997	3.99
Watts-Strogatz ($k=4, p=0.1$)	500	1000	4.00

En las Figuras 1-3 se muestran los resultados de las simulaciones cuando todos los grafos tienen un grado promedio cercano a cuatro. Se puede observar que el comportamiento de los tres métodos sigue una estructura similar. También se evidencia que las estrategias de mitigación (betweenness y degree centrality) generan un pequeño retardo en el tiempo comparado con el pico sin intervenciones, y logran reducir el valor del pico de infectados, como se muestra en la Figura 4.

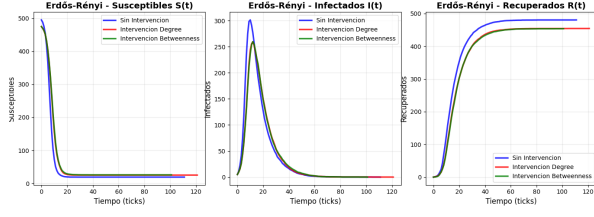


Figure 1: Erdős-Rényi

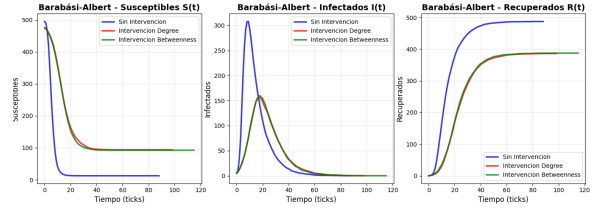


Figure 2: Barabási-Albert

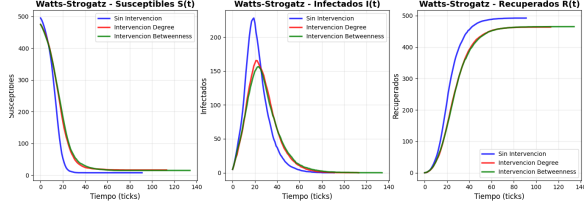


Figure 3: Watts-Strogatz

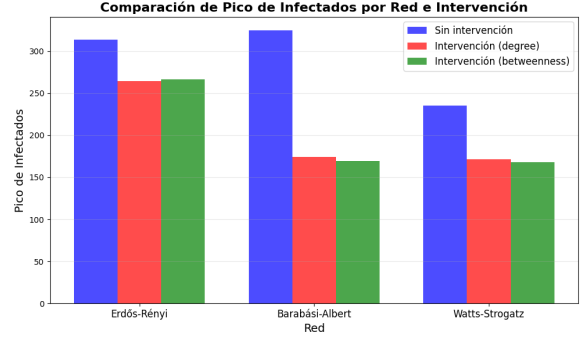


Figure 4: Comparación de picos

2.2 Segundo experimento

En este segundo experimento, se cambiaron los parámetros de simulación para construir los grafos de cada red. En este caso, estos parámetros se muestran en la tabla 2.

Table 2: Parámetros de los modelos de redes complejas ($N = 500$)

Modelo de Red	Nodos	Aristas	Grado promedio
Erdős-Rényi $G(500, 0.02)$	500	2577	10.31
Barabási-Albert ($m=4$)	500	1990	7.96
Watts-Strogatz ($k=4, p=0.05$)	500	1000	4.00

En este segundo experimento, la probabilidad de contagio para la red ER aumento, lo que hace que la red tenga más aristas y las estrategias de mitigación sea poco eficientes para este experimento, como se muestra en la figura 5. De manera similar ocurre con la red BA en la Figura 6, pero en este caso, el grado promedio de la red es menor, lo que hace que las estrategias de mitigación sea más eficiente comparada con la red ER y los picos de infectado en las dos redes muestran comportamiento consistente. En la red WS de la Figura 7, las estrategias de mitigación muestran mejor comportamiento que las en los anteriores resultados. También se puede notar que el pico de infectado es considerablemente menor a la red ER y BA.

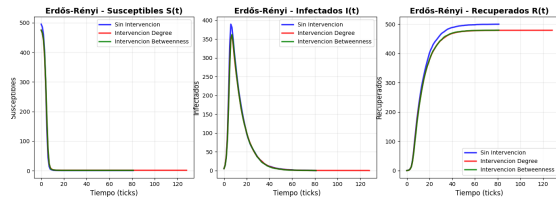


Figure 5: Erdős-Rényi 2

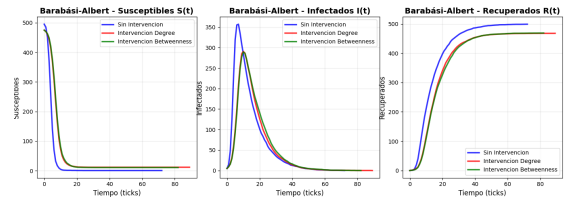


Figure 6: Barabási-Albert 2

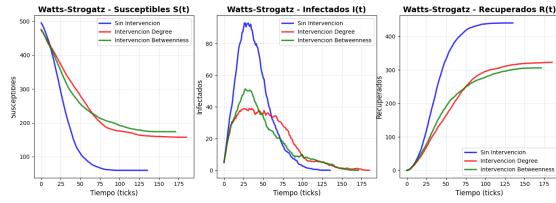


Figure 7: Watts-Strogatz 2

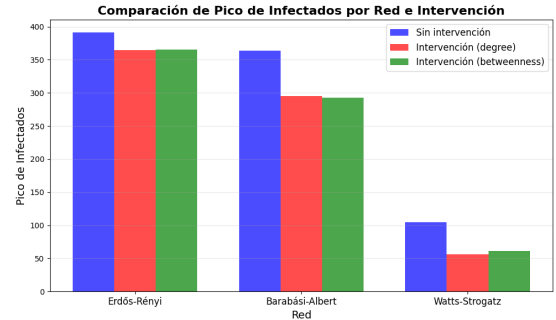


Figure 8: Comparación de picos 2

En Figuras 8-10, se muestran las comparaciones de los picos obtenidos con las tres redes, se puede observar que para la red ER y BA su comportamiento es similar en todos resultados de simulación, caso que no ocurre con la red WS donde se muestra que el pico de la epidemia es más pequeño y tardío que las otras dos redes. Esto se puede entender, como que la población en ese modelo es demasiado dispersa y por eso es tan baja la tasa de contagio.

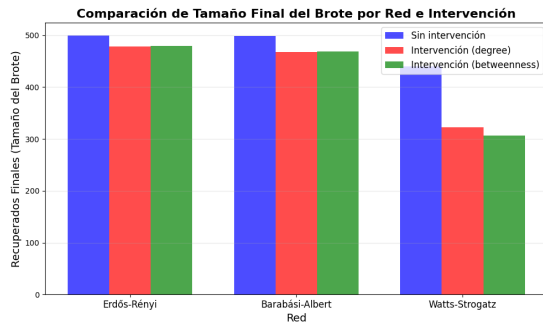


Figure 9: Tamaño final de brote

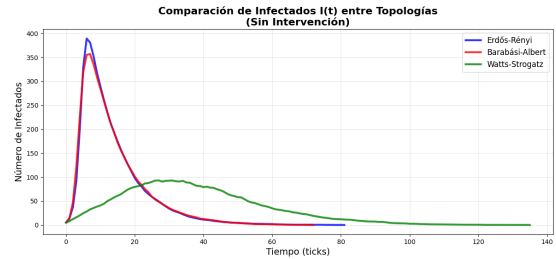


Figure 10: Comparación de infectados

3 Discusión de límites

Cada modelo se usa para representar las relaciones interpersonales de las personas en una sociedad, sin embargo, no somos tan fáciles de modelar en un grafo. En otras palabras, no hay un grafo que encapsule todas las acciones que el ser humano hace, en este caso, cuando hay alguna pandemia. El modelo de Erdős-Rényi asume que todas las aristas son independientes y que todas tienen la misma probabilidad de ser creada, pero en la red social usualmente se crean "clusters" hacia las personas mejores conocidos. Por lo tanto, no toma en consideración eso. por ejemplo, todos encontrarse en el mismo lugar (e.g. Walmart) y todos terminan infectados. Luego está el modelo de Barabási-Albert, que tiene la capacidad de crecer y puede simular esa característica humana de la preferencia. Estos modelos se llaman "scale-free". Este modelo es limitado porque para que se pueda aproximar a ser "scale-free" se necesita tener la capacidad de aumentar en aristas y que los nodos tengas la característica de preferencia. Si falta una o la otra no llegará a ser "scale-free". Finalmente, está el modelo de Watts-Strogatz que está limitado por tener un número fijo de nodos para empezar, y que la distribución de grados entre los nodos no es realista.