

# Προσομοίωση Διάδοση Ασθενειών σε Δίκτυα

Kevin Haka

Μεταπτυχιακός φοιτητής

Αριθμός Μητρώου: 4440

Υπολογιστική Φυσική

Τμήμα Φυσική

Αριστοτέλειο Πανεπιστήμιο Θεσσαλονίκης

**Μάθημα:** Υπολογιστικές μέθοδοι Εφαρμοσμένης Φυσικής

**Διδάσκαλος:** Μιχάλης Μαραγκάκης

7 Μαρτίου 2025

## Περίληψη

Στη φυσική αρέσκομαστε να κατασκευάζουμε μοντέλα που εξηγούν τα φαινόμενα που παρατηρούμε, καθώς αυτά μας βοηθούν να κατευθύνουμε τα πειράματα και να λαμβάνουμε αποφάσεις. Άλλοτε αυτά τα μοντέλα είναι επιτυχημένα και άλλοτε όχι και τόσο, λόγω της πολύ περίπλοκης φύσης του φαινομένου, μπορεί να χρειαστούν αρκετές προσεγγίσεις. Στη δεύτερη αυτή περίπτωση, αντιμετωπίζουμε τα λεγόμενα προβλήματα συνθέτων συστημάτων (complex systems). Τα συστήματα αυτά χαρακτηρίζονται (Ladyman, 2013) από μη γραμμικότητα, αναδυόμενες ιδιότητες, προσαρμοστικότητα και ανατροφοδότηση, μεταξύ άλλων. Χαρακτηριστικά παραδείγματα τέτοιων συστημάτων είναι το παγκόσμιο κλίμα, ο ανθρώπινος εγκέφαλος, το διαδίκτυο, οι οικονομικές αγορές και πολλά άλλα.

Σε αυτή την εργασία θα ασχοληθούμε με το περίπλοκο σύστημα της διάδοσης ασθενειών σε κοινωνικά δίκτυα. Θα συζητήσουμε τα υπάρχοντα μαθηματικά μοντέλα, τις παραδοχές και τις υποθέσεις που αυτά κάνουν. Θα αναφέρουμε τα θετικά και τα αρνητικά στοιχεία που έχουν, καθώς και θα παρουσιάσουμε ενδεικτικά μερικά από τα αποτελέσματά τους. Στη συνέχεια, θα σκιαγραφήσουμε αναλυτικά τον τρόπο σκέψης και τα βήματα για την ανάπτυξη ενός μοντέλου βασισμένου σε πράκτορες (agent-based model), μιας υπολογιστικής μεθόδου που προσομοιώνει τις αλληλεπιδράσεις πρακτόρων με προκαθορισμένη συμπεριφορά.

Για τα αποτελέσματα θα χρησιμοποιηθεί η μέθοδος Monte Carlo, λόγω της στοχαστικότητας που διέπει αυτού του είδους τις προσομοιώσεις. Οι προσομοιώσεις θα

πραγματοποιηθούν στα τρία πιο συνηθισμένα είδη δικτύων: τα random network (Erdős–Rényi), τα small-world network (Watts–Strogatz) και τα scale-free network (Barabási–Albert). Προς το τέλος, θα μελετηθεί η επίδραση της ανοσίας χωρίς και με στρατηγική, βάσει τριών μετρικών κεντρικότητας: βαθμίδας (degree), μεσολάβησης (betweenness) και εγγύτητας (closeness). Τέλος, θα ακολουθήσουν συμπεράσματα από τα αποτελέσματα, καθώς και προτάσεις για βελτίωση της ρεαλιστικότητας της προσομοίωσης, όπως και χρήσιμες ποσότητες που θα μπορούσαν να συμβάλουν στην κατανόηση του φαινομένου.

## Εισαγωγή

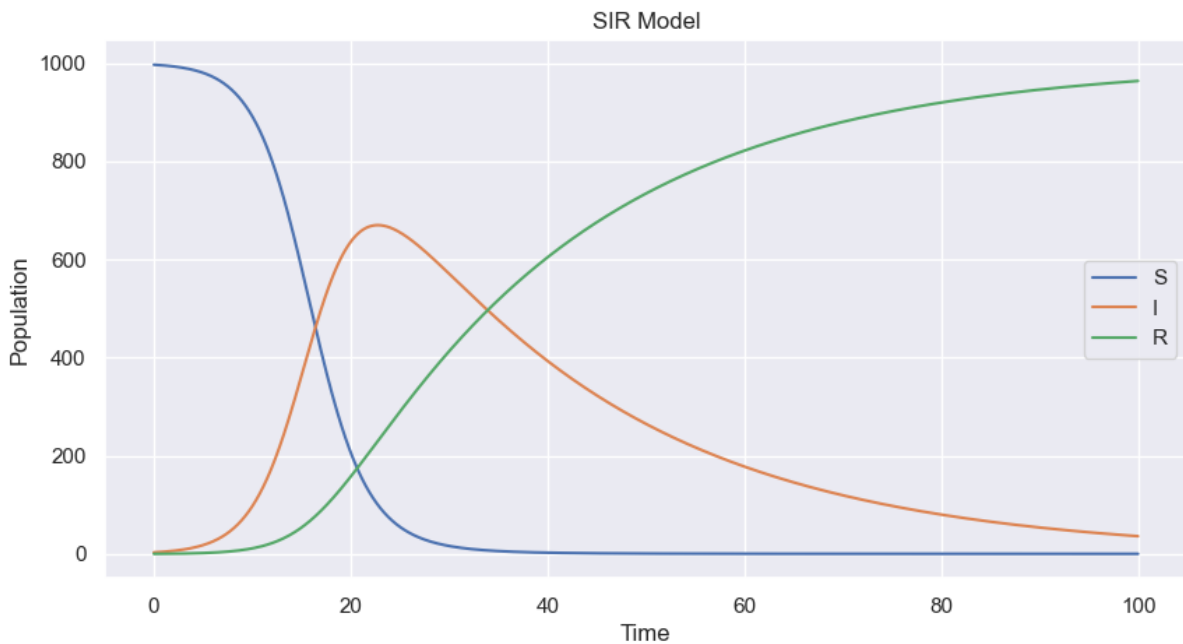
Ένα από τις πρώτες δουλειές στην μαθηματική μοντελοποίηση και αυτή που εισήγαγε το SIR μοντέλο για την κατανόηση και πρόβλεψη της εξέλιξης μολυσματικών ασθενειών, ήταν η δουλειά των A. G. McKendrick και W. O. Kermack, με τίτλο *"A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics"* (Kermack & McKendrick, 1927). Η εργασία τους αυτή είχε επηρεαστεί από προηγούμενες εργασίες, όπως αυτή του Ross (Ross, 1916) και αυτή των Ross και Hudson (Ross & Hudson, 1917), οι οποίοι θεωρούνται και οι θεμελιωτές της μαθηματικής μοντελοποίησης των επιδημιών (Anderson & May, 1991).

Η αρχική μορφή του μοντέλου των McKendrick και Kermack ήταν ένα σύστημα μερικών ολοκληροδιαφορικών εξισώσεων, διότι εξαρτόταν και από την ηλικία της μόλυνσης. Όπως είναι προφανές, αυτό το σύστημα ήταν αρκετά περίπλοκο, και υπό την υπόθεση ότι ο ρυθμός μετάδοσης  $\beta$  (transmission rate) και ο ρυθμός ανάρρωσης  $\gamma$  (recovery rate) είναι ανεξάρτητοι από την ηλικία της μόλυνσης, τότε το μοντέλο απλοποιείται αρκετά και προκύπτει το παρακάτω σύστημα διαφορικών εξισώσεων που αποτελεί το κλασικό SIR μοντέλο. Μια ενδεικτική λύση του συστήματος φαίνεται στην **Εικόνα 1**.

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta}{N}SI \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta}{N}SI - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$



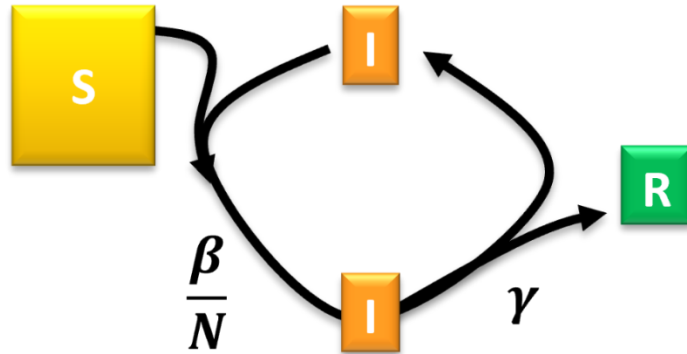
**Εικόνα 1** Διάγραμμα λύσεων των διαφορικών εξισώσεων του μοντέλου SIR με αρχικές τιμές  $S(0)=997$ ,  $I(0)=3$ ,  $R(0)=0$  και με παραμέτρους  $\beta=0.4$ ,  $\gamma=0.04$ .

Το παραπάνω σύστημα αποτελείται από τρεις καταστάσεις: τους ευπαθείς  $S$  (Susceptible), τους μολυσμένους  $I$  (Infected) και τους ανοσοποιημένους/απομακρυσμένους  $R$  (Recovered/Removed). Οι επιτρεπτές μεταβάσεις ανάμεσα στις καταστάσεις φαίνονται στην **Εικόνα 2**. Γενικά, είναι ένα αρκετά απλό μοντέλο. Η ροή της κατάστασης των ατόμων τείνει στο να μεταβούν από την  $S$  στην  $R$ , ενώ δεν υπάρχει μεταβολή στον συνολικό πληθυσμό (**Εξίσωση (4)**).

Ο βασικός αναπαραγωγικός αριθμός είναι ένας δείκτης που μας δείχνει πόσα άτομα αναμένεται να μολύνει ένα μολυσμένο άτομο. Εύκολα καταλαβαίνουμε από τον ορισμό ότι, αν  $R_0 < 1$ , αναμένεται η διάδοση να σταματήσει, ενώ αν  $R_0 > 1$ , η εξάπλωση της ασθένειας θα είναι εκθετική. Τέλος, αν  $R_0 = 1$ , η εξάπλωση θα είναι γραμμική, δηλαδή ο αριθμός των μολυσμένων ανά χρονική στιγμή θα παραμένει σταθερός. Από το μοντέλο SIR, το  $R_0$  υπολογίζεται από την **Εξίσωση (5)**.

Στην πράξη, ο βασικός αναπαραγωγικός αριθμός  $R_0$  ορίζεται με την υπόθεση ότι όλα τα άτομα, εκτός από τους μολυσμένους, είναι ευπαθή – παραδοχή η οποία ισχύει κυρίως στην αρχή μιας επιδημίας, όταν σχεδόν όλοι οι υπόλοιποι θα μπορούσαν να θεωρηθούν ευπαθείς. Καθώς όμως η ασθένεια εξαπλώνεται, γίνεται όλο και δυσκολότερο για τα μολυσμένα άτομα να βρουν νέα ευπαθή για να μολύνουν, ενώ η επαφή μεταξύ μολυσμένων δεν συμβάλλει στη

μετάδοση. Μια πιο κατάλληλη μέτρηση είναι ο αποτελεσματικός αριθμός αναπαραγωγής  $R_t$ , ο οποίος είναι χρονοεξαρτώμενος και παρέχει μια πιο ρεαλιστική εικόνα της μεταδοτικότητας της ασθένειας σε κάθε χρονική στιγμή.



**Εικόνα 2** Μια απλή αναπαράσταση των καταστάσεων του SIR μοντέλου και των δυνατών τους μεταβάσεων.

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \Rightarrow$$

$$\frac{d}{dt}(S(t) + I(t) + R(t)) = 0 \Rightarrow$$

$$\frac{d}{dt}N(t) = 0 \Rightarrow$$

$$N(t) = N(0) = S(0) + I(0) + R(0) \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} \leq 0$$

$$\frac{\beta}{N}SI - \gamma I \leq 0$$

$$\frac{\beta}{N}SI \leq \gamma I$$

$$\frac{\beta}{\gamma} \frac{S}{N} \leq 1 \quad (S \cong N)$$

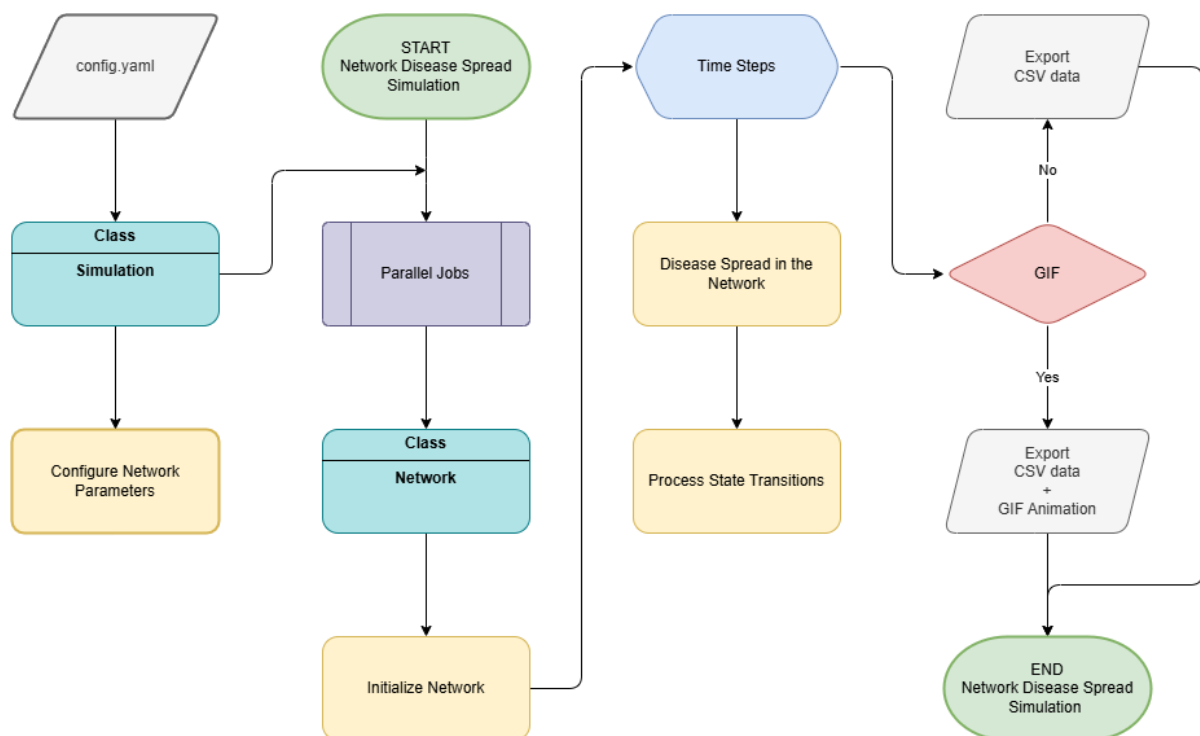
$$\frac{\beta}{\gamma} \leq 1$$

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (5)$$

## Network Disease Spread Simulation (NDSS)

Η προσομοίωση διάδοσης ασθένειας σε δίκτυο, την οποία για λόγους απλότητας θα αναφέρουμε ως NDSS, και η οποία θα αναπτυχθεί παρακάτω, αποτελεί μια σχετικά καλή προσέγγιση της πραγματικότητας, καθώς οι παράμετροι της προσομοίωσης που θα χρησιμοποιήσουμε αντιστοιχούν σε φυσικές ποσότητες. Αν το ερώτημα είναι αν αυτή είναι η πιο ρεαλιστική προσομοίωση που έχει υπάρξει, η απάντηση είναι σίγουρα όχι, καθώς στο τέλος θα προταθούν βελτιώσεις. Ωστόσο, αποτελεί μια πολύ καλή πρώτης τάξης προσέγγιση.

Δυστυχώς, η εξαγωγή των αποτελεσμάτων θα γίνει για έναν πληθυσμό 10.000 ατόμων, αριθμός που θα μπορούσε να αντιστοιχεί σε μια κωμόπολη ή μια μικρή πόλη. Για μεγαλύτερους πληθυσμούς, οι χρόνοι εξαγωγής των αποτελεσμάτων θα αυξάνονταν σημαντικά, καθιστώντας την προσομοίωση υπολογιστικά απαιτητική στο πλαίσιο αυτής της εργασίας.



*Εικόνα 3* Διάγραμμα ροής με τα βασικότερα σημεία της προσομοίωσης.

Στην **Εικόνα 3** παρουσιάζονται τα βασικότερα βήματα της προσομοίωσης σε συνοπτική μορφή, αποφεύγοντας περιττές λεπτομέρειες, καθώς ένα πιο αναλυτικό διάγραμμα ροής θα ήταν περίπλοκο χωρίς να προσφέρει ουσιαστική επιπλέον πληροφορία. Όπου απαιτείται, θα γίνει μια πιο λεπτομερής ανάλυση, συνοδευόμενη από τις αντίστοιχες μαθηματικές σχέσεις που χρησιμοποιούνται. Ας ξεκινήσουμε με το αρχείο `config.yaml` και τις παραμέτρους της προσομοίωσης.

## Παράμετροι προσομοίωσης

Όπως μπορούμε να δούμε στην **Εικόνα 4**, οι παράμετροι της προσομοίωσης είναι οι εξής:

- **time\_step**: Το χρονικό βήμα της προσομοίωσης, μέσω του οποίου προσεγγίζουμε τη συνεχή εξέλιξη του φαινομένου με διακριτά υπολογιστικά βήματα. Όλες οι παράμετροι εκφράζονται σε μονάδες ημερών. Για παράδειγμα, αν **time\_step = 0.01**, η προσομοίωση θα ενημερώνεται κάθε **0.01 ημέρες \* 24 ώρες / ημέρα = 14.4 λεπτά**. Ιδανικά, το **time\_step** πρέπει να είναι όσο το δυνατόν μικρότερο για καλύτερη προσέγγιση της συνέχειας, αλλά αυτό αυξάνει τον υπολογιστικό φόρτο.
- **total\_time**: Καθορίζει τη συνολική διάρκεια της προσομοίωσης σε ημέρες.
- **monte\_carlo\_number**: Ορίζει τον αριθμό των ανεξάρτητων προσομοιώσεων Monte Carlo που θα εκτελεστούν για στατιστική ανάλυση των αποτελεσμάτων.
- **jobs\_number**: Καθορίζει τον αριθμό των πυρήνων που θα χρησιμοποιηθούν για την παράλληλη εκτέλεση των προσομοιώσεων.
- **seed**: Ορίζει τον σπόρο για τη γεννήτρια τυχαίων αριθμών, επιτρέποντας την αναπαραγωγή των αποτελεσμάτων.
- **data\_filename**: Το όνομα του αρχείου στο οποίο θα αποθηκευτούν τα δεδομένα της προσομοίωσης.

Στη συνέχεια, έχουμε τις **παραμέτρους του δικτύου** και τους **κανόνες που διέπουν τη διάδοση της ασθένειας**:

- **graph\_type**: Καθορίζει τον τύπο του δικτύου. Έχουν υλοποιηθεί τα τρία βασικά μοντέλα: **Erdős–Rényi (ER)**, **Barabási–Albert (BA)** και **Watts–Strogatz (WS)**. Με πολύ απλή παρέμβαση στον κώδικα, μπορούν να προστεθούν και άλλα είδη δικτύων.

- **graph\_parameters:** Περιέχει τις παραμέτρους του εκάστοτε δικτύου.
- **initial\_infected\_state:** Καθορίζει την αρχική κατάσταση ενός ατόμου αμέσως μετά τη μόλυνση. Αυτό επιτρέπει τη μοντελοποίηση περισσότερων σταδίων της ασθένειας, όπως **επώαση, ήπια μόλυνση, σοβαρή μόλυνση κ.λπ.**
- **infected\_states:** Ορίζει ποιες καταστάσεις θεωρούνται μολυσμένες. Αυτή η παράμετρος χρησιμοποιείται κυρίως για τη παρακολούθηση των μολυσμένων ατόμων.
- **initial\_nodes\_per\_state:** Ορίζει τον αρχικό αριθμό ατόμων σε κάθε κατάσταση.
- **state\_placement\_strategy:** Επιτρέπει τον **μη τυχαίο** καθορισμό της αρχικής θέσης των ατόμων μιας κατάστασης στο δίκτυο. Αυτό είναι χρήσιμο, π.χ., για τη μελέτη της στρατηγικής εμβολιασμού, όπου οι εμβολιασμοί μπορούν να γίνουν **βάσει κεντρικότητας** όπως **Degree, Betweenness και Closeness**.
- **daily\_contacts\_per\_state:** Καθορίζει τον **μέσο αριθμό επαφών** που αναμένεται να έχει ένα άτομο ανάλογα με την κατάστασή του. Αυτές οι τιμές διατηρούνται **στατιστικά** σε επίπεδο πληθυσμού, αλλά δεν επιβάλλονται αυστηρά σε κάθε άτομο.
- **raw\_transition\_matrix:** Ο αρχικός **πίνακας μεταβάσεων**, ο οποίος εσωτερικά μετασχηματίζεται σε **δεξιά στοχαστικό πίνακα** (δηλαδή, κάθε γραμμή του έχει άθροισμα 1). Ορίζει τις πιθανότητες αλλαγής κατάστασης σε κάθε χρονικό βήμα, βασισμένες σε **αλυσίδες Markov**.
  - Στη **διαγώνιο** του πίνακα ορίζεται ο **μέσος χρόνος παραμονής** (σε μέρες) ενός ατόμου σε κάθε κατάσταση (π.χ., πόσο παραμένει κάποιος σε κατάσταση μόλυνσης πριν αναρρώσει).
  - Οι **εκτός διαγωνίου τιμές** καθορίζουν την πιθανότητα μετάβασης σε άλλες καταστάσεις, βάση αναλογιών.
- **infection\_matrix:** Ορίζει την **πιθανότητα μόλυνσης** κατά την επαφή μεταξύ διαφορετικών καταστάσεων.
  - **Μόνο οι άνω τριγωνικές τιμές συμπληρώνονται**, καθώς οι υπόλοιπες προκύπτουν αυτόματα λόγω συμμετρίας, αλλά με αντίθετο πρόσημο.

- Τα στοιχεία της διαγωνίου είναι **μηδενικά**, καθώς δεν υπάρχει νόημα να μολυνθούν δύο άτομα που βρίσκονται στην ίδια κατάσταση.
- **spreading\_threshold**: Ένα αυθαίρετο όριο που καθορίζει το ποσοστό μόλυνσης πάνω από το οποίο θεωρούμε ότι υπάρχει διάδοση της ασθένειας.

```

1 # Simulation configuration
2 simulation:
3     time_step: 0.1 # Time step for the simulation in days
4     total_time: 70 # Total time for the simulation in days
5     monte_carlo_number: 5 # Number of Monte Carlo simulations to run
6     jobs_number: -1 # Number of jobs to run in parallel (-1 to use all available cores)
7     seed: 2025 # Seed for the random number generator (for random seed leave empty)
8     data_filename: data.csv # Filename to save the simulation data
9
10 # Network configuration
11 network:
12     graph_type: ER # Type of graph (ER: Erdos-Renyi, BA: Barabasi-Albert, WS: Watts-Strogatz)
13     graph_parameters: {p: 0.002} # Parameters for the graph
14     initial_infected_state: I # Initial state of infection
15     infected_states: [I] # States that are considered infected
16     initial_nodes_per_state: {S: 999, I: 1, R: 0} # Initial number of nodes in each state
17     # Strategy for placing a state in the network
18     # Let it empty if strategy is not needed
19     # First element, is the state
20     # Second element, is the strategy based on centrality measures
21     # (D: Degree, B: Betweenness, C: Closeness)
22     state_placement_strategy: []
23     # Average number of contacts per state per day
24     daily_contacts_per_state: {S: 20, I: 5, R: 0}
25     raw_transition_matrix:
26         # Diagonal elements represent the mean time in days staying in the same state.
27         # Use .inf for infinite time.
28         # Off-diagonal elements specify the ratio of each state when it changes.
29         S: [.inf, 0, 0]
30         I: [0, 15, 1]
31         R: [0, 0, .inf]
32     infection_matrix:
33         # Infection matrix values indicate the probability of infection between states.
34         # Only upper triangular values are important, lower triangular values are automatically calculated.
35         # Positive indicates that the first state gets infected
36         # Negative indicates that the first state infects
37         S: [0, 0.05, 0]
38         I: [0, 0, 0]
39         R: [0, 0, 0]
40     # Threshold for considering the infection as widespread (percentage of total population infected)
41     spreading_threshold: 0.2
42     # Visualization configuration
43
44     visualization:
45         color_per_state: {S: '#1F77B4', I: '#D62728', R: '#2CA02C'} # Colors for each state
46         node_scaling_factor: 1e2 # Scaling factor for node sizes
47         background_color: '#F5F5F5' # Background color of the plot
48         figure_size: [10, 6] # Size of the figure
49         produce_gif: True # Set to True to produce a GIF animation, False otherwise
50         gif_filename: animation.gif # Filename to save the animation
51         gif_duration: 5 # Duration of the animation in seconds
52         # Frames per second for the animation
53         # Use fps = 1, 2, 4, 5, 10, 20, 25, 50, 100
54         # Otherwise, the gif_duration will not be conserved
55         gif_fps: 25

```

**Εικόνα 4** Screenshot από το αρχείο config.yaml, όπου καθορίζονται οι παράμετροι της προσομοίωσης.



Τέλος, υπάρχουν και άλλες παράμετροι που σχετίζονται με την **οπτικοποίηση του δικτύου** και τη δημιουργία **animation** της διάδοσης, οι οποίες δεν θα αναλυθούν εδώ.

### Υπολογισμός πίνακα μετάβασης

Αφότου καθορίσουμε τις παραμέτρους που ισχύουν στην προσομοίωση, το επόμενο βήμα, σύμφωνα με το **διάγραμμα ροής** στην **Εικόνα 3**, είναι η **εσωτερική διαμόρφωση** των παραμέτρων του δικτύου. Σε αυτό το στάδιο, υπολογίζονται ποσότητες όπως ο **πίνακας μεταβάσεων (transition\_matrix)** και ο **πίνακας μόλυνσης (infection\_matrix)**, ενώ παράλληλα οι παράμετροι προσαρμόζονται στο **χρονικό βήμα (time\_step)** της προσομοίωσης.

Από όλες τις αλλαγές που πραγματοποιούνται, θα επικεντρωθούμε αποκλειστικά στον **μετασχηματισμό** του **raw\_transition\_matrix** σε **transition\_matrix**. Για να κατανοήσουμε καλύτερα τη διαδικασία, θα χρησιμοποιήσουμε ως παράδειγμα έναν **πίνακα τριών καταστάσεων**, όπως το **SIR μοντέλο**.

Όπως αναφέραμε, η **διαγώνιος** του πίνακα καθορίζει τον **μέσο χρόνο παραμονής** σε κάθε κατάσταση. Συγκεκριμένα:

- **Κατάσταση S (Susceptible):** Ένα άτομο που βρίσκεται στην κατάσταση **S** θα **παραμείνει εκεί επ' άπειρον**, εφόσον δεν υπάρχει μηχανισμός εξόδου (π.χ., φυσικός θάνατος). Δηλαδή, δεν μπορεί να αλλάξει κατάσταση από μόνο του.
- **Κατάσταση I (Infected):** Ένα άτομο που εισέρχεται στην κατάσταση **I** θα παραμείνει σε αυτήν **κατά μέσο όρο 15 ημέρες**, καθώς αυτή είναι η εκτιμώμενη διάρκεια για παράδειγμα της ασθένειας που μελετάμε.
- **Κατάσταση R (Recovered/Removed):** Σύμφωνα με το **SIR μοντέλο**, η κατάσταση **R** θεωρείται **τελική**, πράγμα που σημαίνει ότι ένα άτομο που φτάνει εκεί **παραμένει για πάντα**.

Για τις καταστάσεις στις οποίες ο **χρόνος παραμονής είναι άπειρος (S και R στην περίπτωση μας)**, το άτομο **δεν μπορεί να εξέλθει**, οπότε οι υπόλοιπες τιμές της αντίστοιχης γραμμής του πίνακα θα είναι **0**.

Στην περίπτωση της κατάστασης **I**, όπου ο μέσος χρόνος παραμονής είναι **15 ημέρες**, θα πρέπει να καθορίσουμε τις πιθανότητες μετάβασης στις υπόλοιπες καταστάσεις. Στο **SIR μοντέλο** (όπως φαίνεται και στην **Εικόνα 2**), από την κατάσταση **I** είναι δυνατή μόνο η

μετάβαση προς την **R** ( $\mathbf{I} \rightarrow \mathbf{R}$ ). Εφόσον αυτή είναι η **μοναδική δυνατή μετάβαση**, ορίζουμε την πιθανότητα ως **1** (δηλαδή 100%).

Με βάση τα παραπάνω, διαμορφώνουμε τον **raw\_transition\_matrix**, ο οποίος φαίνεται αμέσως παρακάτω.

$$rawP = \begin{bmatrix} \infty & 0 & 0 \\ 0 & 15 & 1 \\ 0 & 0 & \infty \end{bmatrix}$$

Ο τρόπος με τον οποίο προσομοιώνεται η αλλαγή κατάστασης ενός ατόμου μέσω του πίνακα μεταβάσεων έχει ως εξής: Κάθε άτομο, δεδομένου ότι βρίσκεται σε μια συγκεκριμένη κατάσταση, διαθέτει ένα διάνυσμα πιθανοτήτων (η αντίστοιχη γραμμή του πίνακα μεταβάσεων). Με βάση έναν τυχαίο αριθμό που παράγεται στην προσομοίωση, καθορίζεται σε ποια κατάσταση θα μεταβεί το άτομο, συμπεριλαμβανομένης και της πιθανότητας παραμονής στην ίδια κατάσταση. Η διαδικασία αυτή επαναλαμβάνεται σε κάθε χρονικό βήμα (time\_step), αλλά για απλοποίηση υποθέτουμε ότι πραγματοποιείται καθημερινά.

Η μοντελοποίηση βασίζεται στη γεωμετρική κατανομή (όπως αναφέρεται στην Εξίσωση (6)), όπου η **επιτυχία** ορίζεται ως η μετάβαση σε άλλη κατάσταση με πιθανότητα **p**, ενώ η **αποτυχία** (δηλαδή η παραμονή στην ίδια κατάσταση) έχει πιθανότητα **1 - p**. Σύμφωνα με την γεωμετρική κατανομή, ο μέσος αριθμός προσπαθειών μέχρι την πρώτη επιτυχία δίνεται από τη σχέση (Εξίσωση (7)).

Στην περίπτωσή μας, οι πιθανότητες μετάβασης ορίζονται ως εξής:

- Για την κατάσταση **S**:  $p = 1/\infty = 0$
- Για την κατάσταση **I**:  $p = 1/15$
- Για την κατάσταση **R**:  $p = 1/\infty = 0$

Η πιθανότητα παραμονής στην ίδια κατάσταση, **q**, υπολογίζεται ως το συμπληρωματικό της πιθανότητας μετάβασης:

- Για την κατάσταση **S**:  $q = 1 - 0 = 1$
- Για την κατάσταση **I**:  $q = 1 - 1/15 = 14/15$

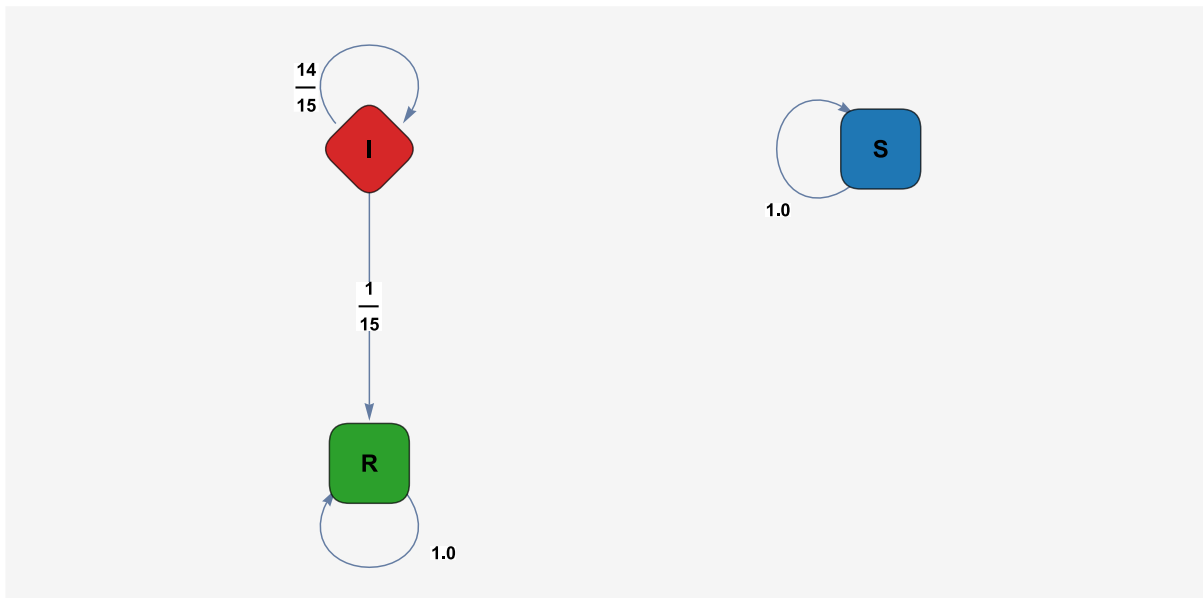
- Για την κατάσταση **R**:  $q = 1 - 0 = 1$

Οι παραπάνω τιμές ( $q$ ) αντιστοιχούν στα διαγώνια στοιχεία του πίνακα μεταβάσεων. Για τον υπολογισμό των υπολοίπων στοιχείων, πολλαπλασιάζουμε την πιθανότητα μετάβασης με την αντίστοιχη αναλογία που δίνεται από τον πίνακα **raw\_transition\_matrix**. Ο τελικός πίνακας μεταβάσεων, ο οποίος περιγράφει την αλυσίδα Markov στην **Εικόνα 5**, παρουσιάζεται παρακάτω.

$$\Pr(X = x) = (1 - p)^{k-1}p \quad \text{για } k = 1, 2, 3, \dots \quad (6)$$

$$E[X] = \frac{1}{p} \quad (7)$$

$$P = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 14/15 & 1/15 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$



**Εικόνα 5** Αλυσίδα Markov για το μοντέλο SIR με ενδεικτικές πιθανότητες μετάβασης.

Μια παρατήρηση σχετικά με τις μεταβάσεις από κατάσταση σε κατάσταση μέσω αλυσίδων Markov είναι ότι αυτή η προσέγγιση δεν αποτελεί απαραίτητα την πιο βέλτιστη μοντελοποίηση. Οι αλυσίδες Markov χαρακτηρίζονται από την μαρκοβιανή ιδιότητα, δηλαδή, της απουσίας μνήμης, επόμενη κατάσταση ενός ατόμου εξαρτάται αποκλειστικά από την τρέχουσα κατάσταση, χωρίς να λαμβάνονται υπόψη οι προηγούμενες καταστάσεις.

Γιατί έχει σημασία αυτό? Εάν για παράδειγμα, ένα άτομο βρίσκεται στην κατάσταση I για n ημέρες, η πιθανότητα να μεταβεί σε άλλη κατάσταση την επόμενη ημέρα παραμένει σταθερή και ίση με την αρχική, ανεξάρτητα από το πόσο καιρό έχει ήδη μείνει στη συγκεκριμένη κατάσταση. Με άλλα λόγια, η πιθανότητα μετάβασης δεν τροποποιείται βάσει της "ηλικίας" της μόλυνσης, είτε προς αύξηση είτε προς μείωση.

### Ανάθεση καταστάσεων στους κόμβους του δικτύου

Ας μεταβούμε στο επόμενο βήμα, το οποίο αφορά την αρχικοποίηση του δικτύου. Η κατασκευή του δικτύου (κομβοί και ακμές) πραγματοποιείται αυτόματα μέσω της βιβλιοθήκης **NetworkX** της γλώσσας **Python**. Αυτό που έχει ιδιαίτερο ενδιαφέρον είναι ο τρόπος με τον οποίο τοποθετούμε τις καταστάσεις στα στοιχεία του δικτύου. Όπως βλέπουμε από τις παραμέτρους του αρχείου **config.yaml**, υπάρχει η μεταβλητή **initial\_nodes\_per\_state**, η οποία καθορίζει τον αριθμό των ατόμων για κάθε κατάσταση. Χρησιμοποιώντας την **initial\_nodes\_per\_state**, δημιουργούμε μια λίστα που περιέχει τις καταστάσεις (π.χ., ["S", "S", "S", "S", "S", "S", "I", "I", "I", ...]), με μήκος ίσο με τον πληθυσμό. Στη συνέχεια, ανακατεύουμε αυτή τη λίστα, και για κάθε κόμβο του δικτύου, του ανατίθεται μια κατάσταση από την ανακατεμένη λίστα. Με αυτόν τον τρόπο καταλήγουμε σε ένα δίκτυο όπου οι αρχικές καταστάσεις κατανέμονται τυχαία.

Σε περίπτωση που εφαρμόζουμε στρατηγική τοποθέτησης, η μόνη διαφορά είναι ότι δίνεται προτεραιότητα στην κατάσταση που σχετίζεται με τη στρατηγική. Δηλαδή, οι κόμβοι ταξινομούνται βάσει συγκεκριμένων μέτρων κεντρικότητας (π.χ., **degree**, **betweenness**, **closeness**) που καθορίζονται από τη στρατηγική, και στους πρώτους από αυτούς τους κόμβους ανατίθεται η στρατηγική κατάσταση. Οι υπόλοιποι κόμβοι λαμβάνουν τυχαία τις καταστάσεις, όπως στην απλή περίπτωση.

Μια ενδιαφέρουσα παρατήρηση είναι ότι η στρατηγική τοποθέτηση μπορεί να δημιουργήσει διαφορές στην στατιστική διατήρηση των αναμενόμενων ημερήσιων επαφών ανά άτομο για κάθε κατάσταση καθώς, παύει να ισχύει μια από τις υποθέσεις (βλέπε

απόδειξη στο παράρτημα). Για παράδειγμα, εάν οι κόμβοι με τις περισσότερες συνδέσεις ανήκουν σε μια συγκεκριμένη κατάσταση, αυτή η κατάσταση θα παρουσιάσει προφανές πλεονέκτημα όσον αφορά τις αναμενόμενες επαφές, επηρεάζοντας έτσι και τις επαφές των ατόμων σε άλλες καταστάσεις. Αν και αυτό μπορεί να αντανακλά την πραγματικότητα, είναι σημαντικό να το έχουμε υπόψη για τη σωστή ερμηνεία των αποτελεσμάτων.

### Διάχυση της ασθένειας

Στη συνέχεια, θα εξετάσουμε την εξάπλωση της ασθένειας στο δίκτυο. Αρχικά, πρέπει να υπολογίσουμε τον συνολικό αριθμό επαφών που πραγματοποιούνται σε μία ημέρα. Σύμφωνα με τη σχέση (8), ο συνολικός αριθμός επαφών ορίζεται ως το άθροισμα του γινομένου του αριθμού ατόμων σε κάθε κατάσταση με τον μέσο ημερήσιο αριθμό επαφών ανά άτομο για την αντίστοιχη κατάσταση, διαιρούμενο δια δύο (διότι κάθε επαφή μετράει για δύο άτομα).

$$TotalContacts = TC = \frac{1}{2} \sum_s (n_s \cdot c_s) \quad (8)$$

Όπου:

- $s$ : Αντιπροσωπεύει τις διάφορες καταστάσεις του συστήματος.
- $n_s$ : Ο αριθμός των ατόμων στην κατάσταση  $s$ .
- $c_s$ : Ο μέσος ημερήσιος αριθμός επαφών ανά άτομο στην κατάσταση  $s$ .

Για να διατηρηθεί ο ημερήσιος αναμενόμενος αριθμός επαφών ανά άτομο για κάθε κατάσταση, πρέπει να εισάγουμε την έννοια των βαρών στο δίκτυό μας. Καταρχάς, θα ήθελα να ξεκαθαρίσω ότι η στοχαστική διατύπωση της επιλογής επαφών αφορά τις ακμές του δικτύου και όχι τους κόμβους. Η επιλογή του δεσμού πραγματοποιείται τυχαία, αλλά κάθε δεσμός επιλέγεται με πιθανότητα που καθορίζεται από τα κανονικοποιημένα βάρη του.

Τα μη κανονικοποιημένα βάρη για κάθε δεσμό ορίζονται ως το γινόμενο του μέσου ημερήσιου αριθμού επαφών ανά άτομο για τις καταστάσεις στις δύο άκρες του (σχέση (9)). Έτσι, οι δεσμοί που συνδέουν καταστάσεις με υψηλό ημερήσιο αριθμό επαφών παρουσιάζουν υψηλότερη πιθανότητα επαφής, ενώ αντίστοιχα οι δεσμοί που συνδέουν καταστάσεις με χαμηλό ημερήσιο αριθμό επαφών έχουν μικρότερη πιθανότητα.

Για τον υπολογισμό των κανονικοποιημένων βαρών για κάθε δεσμό, και κατ' επέκταση την επιλογή των δεσμών που θα έρθουν σε επαφή κάθε ημέρα, ακολουθούμε την παρακάτω διαδικασία:

- **L**: Λίστα με όλους τους δεσμούς του δικτύου.
- **PW**: Λίστα με τα προϋπολογισμένα βάρη για κάθε δεσμό της λίστας **L**, όπως υπολογίζονται από τη σχέση (9).
- **WSum**: Το άθροισμα όλων των προϋπολογισμένων βαρών, σύμφωνα με τη σχέση (10).
- **W**: Λίστα με τα κανονικοποιημένα βάρη, όπως ορίζεται στη σχέση (11).

Από τη λίστα **W** πραγματοποιούμε δειγματοληψία με επανάθεση, επιλέγοντας **TC** ακμές (όπου **TC** είναι ο συνολικός ημερήσιο αριθμός επαφών που υπολογίζεται από την σχέση (8)), με τα κανονικοποιημένα βάρη να καθορίζουν την πιθανότητα επιλογής του εκάστοτε δεσμού. Μια απόδειξη αυτού παρατίθεται στο παράρτημα στο τέλος.

$$PrecomputedWeight = PW_{s1s2} = c_{s1} \cdot c_{s2} \quad (9)$$

$$WSum = \sum_{pw}^{PW} pw \quad (10)$$

$$W = \frac{PW}{WSum} \quad (11)$$

Αν, στην λίστα με τις ακμές που έχουμε δειγματοληπτήσει, όπως αναφέραμε παραπάνω, υπάρχει ένα ζεύγος (π.χ. S-I ή I-S) που αποτελείται από έναν ευπαθή και έναν μολυσμένο, τότε ο ευπαθής μπορεί να αλλάξει κατάσταση, με πιθανότητα που καθορίζεται από τον πίνακα μόλυνσης (*infection\_matrix*).

## Μετάβαση κατάστασης ατόμων

Τέλος, ας αναφερθούμε στον τρόπο με τον οποίο επιτρέπουμε τη μετάβαση των ατόμων σύμφωνα με την αλυσίδα Markov του μοντέλου. Για κάθε δεδομένη κατάσταση, κάθε άτομο

διαθέτει ένα διάνυσμα πιθανοτήτων  $\pi_i$  που αντιστοιχεί στην αντίστοιχη γραμμή του πίνακα μετάβασης (**transition\_matrix**) για την κατάσταση **i**. Η διαδικασία για τη μετάβαση είναι η εξής:

1. Παράγουμε έναν τυχαίο αριθμό **r** από μια συνεχή ομοιόμορφη κατανομή στο διάστημα **[0,1)**.
2. Θέτουμε **j=1** και αρχικοποιούμε το άθροισμα **sum=0**.
3. Προσθέτουμε στο **sum** το **j-οστό** στοιχείο του διανύσματος  $\pi_i$ , δηλαδή **sum = sum +  $\pi_i(j)$** .
4. Εάν **r ≥ sum**, μεταβάλλουμε το **j** κατά **1** (**j = j + 1**), και επαναλαμβάνουμε το βήμα 3.
5. Εάν **r < sum**, τότε ορίζουμε ότι η νέα κατάσταση του ατόμου είναι αυτή που αντιστοιχεί στο **j-οστό** στοιχείο του διανύσματος  $\pi_i$ .

## Αποτελέσματα

### Προσομοίωση μοντέλου SIR

Έχουμε ήδη δει από την **Εικόνα 1** ένα τυπικό διάγραμμα του μαθηματικού μοντέλου SIR. Ήρθε η ώρα να εκτελέσουμε μια προσομοίωση για τις αντίστοιχες καταστάσεις και να συγκρίνουμε τα αποτελέσματα. Οι παράμετροι που θα χρησιμοποιηθούν φαίνονται στην **Εικόνα 6**.

Βασιζόμενοι στον **αριθμό Dunbar (150)**, ο οποίος δηλώνει ένα ανώτατο όριο στις σταθερές κοινωνικές σχέσεις που μπορεί να έχει ένα άτομο (contributors, 2025), και δεδομένου ότι ο πληθυσμός μας δεν είναι ιδιαίτερα μεγάλος, θα θεωρήσουμε ότι ο μέσος αριθμός δεσμών ανά άτομο ( $\langle k \rangle$ ) θα είναι **100**. Οι παράμετροι για τα τρία δίκτυα που θα χρησιμοποιήσουμε υπολογίζονται από τις σχέσεις (12), (13) και (14).

Για τις υπόλοιπες σημαντικές παραμέτρους έχουν επιλεγεί τα εξής:

- **time\_step = 0.01**: Αντιστοιχεί σε ανανέωση του συστήματος κάθε 14.4 λεπτά.

- $p_{sw} = 0.05$  (μόνο για το Small-World): Αυτή η τιμή αντιστοιχεί περίπου σε  $2.5 \cdot 10^6$  επανασυνδέσεις, οι οποίες είναι υπέρ αρκετά για να δημιουργηθούν σύντομα μονοπάτια.
- **Ημερήσιες επαφές ανά άτομο:** Θεωρούμε 20 επαφές για την κατάσταση S και 5 επαφές για την κατάσταση I, δεδομένου ότι η κατάσταση υγείας του ατόμου περιορίζει τις επαφές του.
- **Περίοδος ανάρρωσης:** Οι 7 ημέρες αποτελούν μια λογική επιλογή.
- **Μολυσματικότητα της ασθένειας:** Έχει οριστεί στο 10%, δηλαδή, σε 1 στις 10 S-I επαφές θα υπάρξει μόλυνση.

$$p_{ER} = \frac{\langle k \rangle}{N - 1} \quad (12)$$

$$m_{BA} = \frac{\langle k \rangle}{2} \quad (13)$$

$$k_{WS} = \langle k \rangle \quad (14)$$

Στην **Εικόνα 7**, η οποία δείχνει όλα τα αποτελέσματα από τις 128 προσομοιώσεις για την κατάσταση I (Infected), παρατηρούμε μερικά ενδιαφέροντα γεγονότα. Πρώτον, η συμπεριφορά των προσομοιώσεων φαίνεται παρόμοια, δηλαδή οι καμπύλες μοιάζουν πολύ, καθώς και το μέγιστο που εμφανίζουν είναι περίπου στο ίδιο σημείο. Αυτό που τα ξεχωρίζει είναι η χρονική τους εξέλιξη, δηλαδή σε μερικές η «κατάρρευση» της κοινωνίας είναι πιο γρήγορη και σε μερικές πιο αργή, κάτι το οποίο δεν μπορούσαμε να το δούμε από το μαθηματικό μοντέλο του SIR, το οποίο οφείλεται σε τυχαία γεγονότα που συμβαίνουν σε μια κοινότητα.

Το δεύτερο ενδιαφέρον, που επίσης το κλασικό μοντέλο δεν εξηγεί καθόλου και το οποίο εξηγεί σε πρώτο βαθμό τον λόγο που δεν έχουμε νέες ασθένειες κάθε «*δεύτερη μέρα*», είναι απλώς ότι οι ιοί αυτοί **γεννιούνται και εξαφανίζονται** τόσο σύντομα που δεν καταφέρνουν να εξαπλωθούν. Αυτό μπορεί να οφείλεται σε πολλούς παράγοντες, όπως:

- Τύχη



- Η περίοδος επώασης να είναι πολύ σύντομη
- Ο ιός να **επιδεινώνει** την υγεία του ατόμου τόσο πολύ και γρήγορα, ώστε να οδηγεί στον θάνατο του ξενιστή του πριν αυτός τον μεταφέρει.
- κτλ.

```

1  # Simulation configuration
2  simulation:
3      time_step: 0.01 # Time step for the simulation in days
4      total_time: 50 # Total time for the simulation in days
5      monte_carlo_number: 128 # Number of Monte Carlo simulations to run
6      jobs_number: -1 # Number of parallel jobs (-1: use all available CPU cores)
7      seed: # Seed for the random number generator (for random seed leave empty)
8      data_filename: data_ER.csv # Filename to save the simulation data
9
10 # Network configuration
11 network:
12     graph_type: ER # Type of graph (ER: Erdos-Renyi, BA: Barabasi-Albert, WS: Watts-Strogatz)
13     graph_parameters: {p: 0.01} # Parameters for the graph
14     initial_infected_state: I # Initial state of infection
15     infected_states: [I] # States that are considered infected
16     initial_nodes_per_state: {S: 9999, I: 1, R: 0} # Initial number of nodes in each state
17     # Strategy for placing a state in the network
18     # Let it empty if strategy is not needed
19     # First element, is the state
20     # Second element, is the strategy based on centrality measures
21     # (D: Degree, B: Betweenness, C: Closeness)
22     state_placement_strategy: []
23     # Average number of contacts per state per day
24     daily_contacts_per_state: {S: 20, I: 5, R: 0}
25     raw_transition_matrix:
26         # Diagonal elements represent the mean time in days staying in the same state.
27         # Use .inf for infinite time.
28         # Off-diagonal elements specify the ratio of each state when it changes.
29         S: [.inf, 0, 0]
30         I: [0, 7, 1]
31         R: [0, 0, .inf]
32     infection_matrix:
33         # Infection matrix values indicate the probability of infection between states.
34         # Only upper triangular values are important, lower triangular values are automatically calculated.
35         # Positive indicates that the first state gets infected
36         # Negative indicates that the first state infects
37         S: [0, 0.1, 0]
38         I: [0, 0, 0]
39         R: [0, 0, 0]
40     # Threshold for considering the infection as widespread (percentage of total population infected)
41     spreading_threshold : 0.2

```

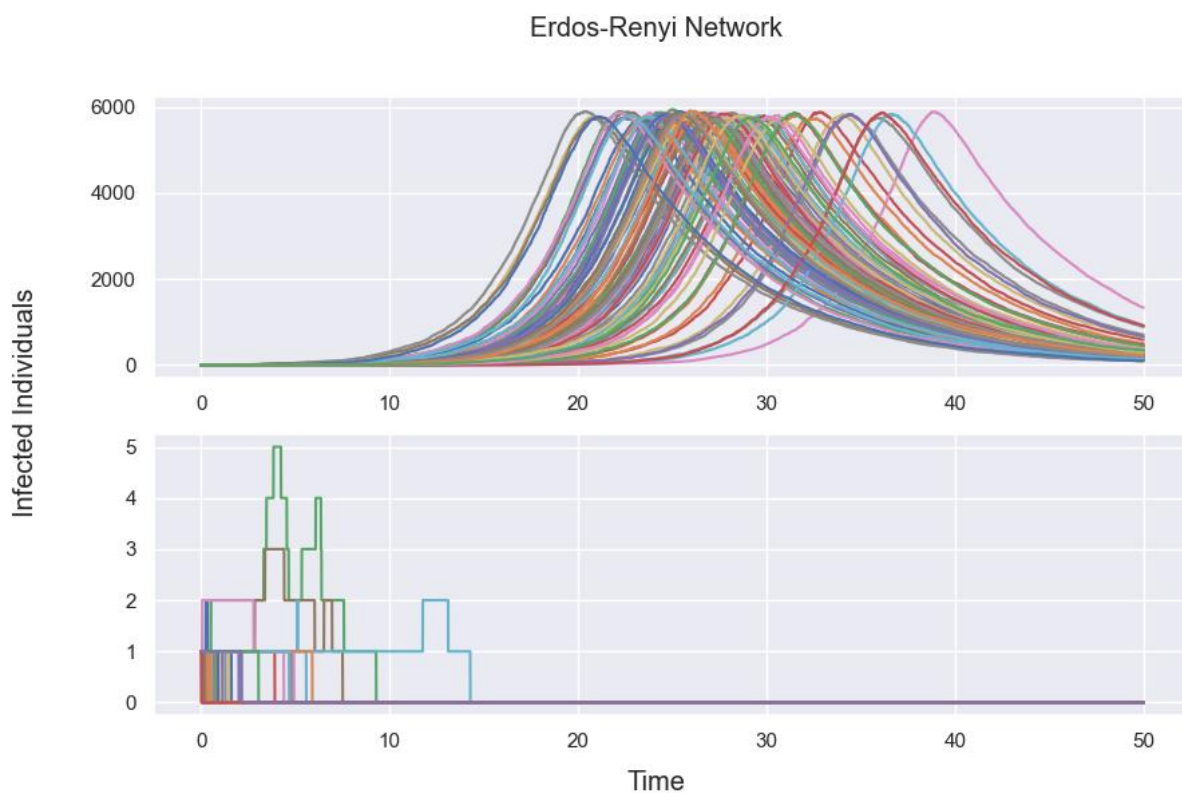
**Εικόνα 6** Παράμετροι για την προσομοίωση των καταστάσεων SIR.

Στην **Εικόνα 8** βλέπουμε την εξάπλωση της ασθένειας ανά δίκτυο. Αυτό που παρατηρούμε είναι ότι, αν και η μορφή των καμπύλων για την κάθε κατάσταση είναι παρόμοια, η χρονική τους εξέλιξη δεν συμπίπτει καθόλου. Το **scale-free** δίκτυο φαίνεται να είναι αυτό που διαδίδεται και «εξαντλεί» τον πληθυσμό πιο γρήγορα, πράγμα λογικό, καθώς τα **hubs** σε

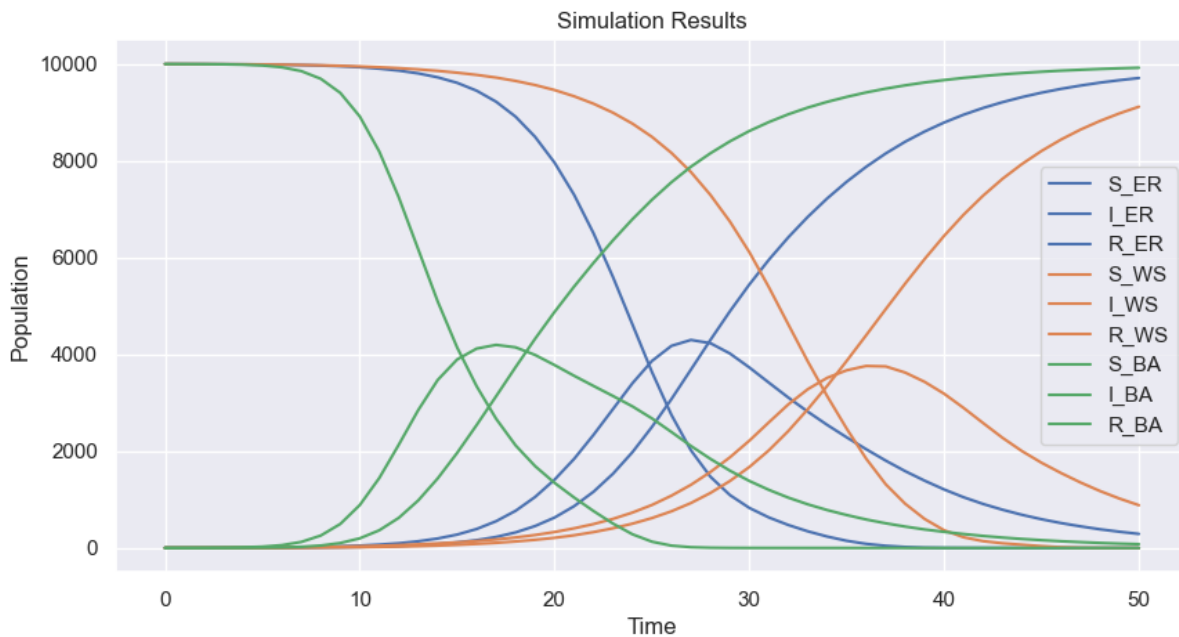
αυτό το είδος δικτύου παίζουν σημαντικό ρόλο στη γρήγορη εξάπλωση της πληροφορίας (στην περίπτωση μας, της ασθένειας).

Δεύτερο στη σειρά έχουμε το **τυχαίο δίκτυο**, λόγω της στενής σχέσης που έχουν τα όλα μέλη μεταξύ τους, η ασθένεια μεταδίδεται με έναν ενδιάμεσο ρυθμό αλλά απροβλημάτιστα. Όπως φαίνεται και στον **Πίνακα 1**, το **τυχαίο δίκτυο** είχε τη μεγαλύτερη πιθανότητα (**73%**) εξάπλωσης της ασθένειας, σε αντίθεση με το **scale-free**, το οποίο, ναι μεν μεταδίδεται γρήγορα, αλλά πρέπει πρώτα η ασθένεια να φτάσει σε **hub** ώστε να προκαλέσει ζημιά. Καθώς αυτό φαίνεται να είναι δύσκολο, η ασθένεια τερματίζει πρόωρα, με πιθανότητα εξάπλωσης να έχει τη χαμηλότερη (**62%**).

Όσον αφορά το **small-world**, τα πράγματα δεν είναι ξεκάθαρα. Έχει την πιο αργή εξάπλωση της ασθένειας, αλλά δεν είναι αυτό με τη μικρότερη πιθανότητα εξάπλωσης (**66%**). Πιθανολογώ πως μπορεί να οφείλεται στο **clustering** που εμφανίζει αυτό το είδος δικτύου. Η ασθένεια μεταδίδεται άνετα στα μέλη ενός **cluster** λόγω της υψηλής συνδεσιμότητας ανάμεσά τους, αλλά η διάδοσή της καθυστερεί λόγω της μετάβασης από **cluster** σε **cluster**, η οποία πρέπει να γίνει μέσω **γεφυρών (bridges)**.



**Εικόνα 7** 128 εξελίξεις της κατάστασης **Infected (I)**, για τις παραμέτρους της **Εικόνα 6**. Στο πάνω διάγραμμα παρουσιάζονται οι περιπτώσεις όπου η ασθένεια κατάφερε να διαδοθεί, ενώ στο κάτω εκείνες όπου τερματίστηκε νωρίς.



**Εικόνα 8** Διάγραμμα με τις μέσες εξελίξεις των καταστάσεων  $S$ ,  $I$  και  $R$  για τους τρεις τύπους δικτύων: *random* (Erdős–Rényi), *small-world* (Watts–Strogatz) και *scale-free* (Barabási–Albert).

**Πίνακας 1** Συγκεντρωτικός πίνακας για τις εξαπλώσεις και μη της ασθένειας στα τρία βασικά δίκτυα: *random* (Erdős–Rényi), *small-world* (Watts–Strogatz) και *scale-free* (Barabási–Albert).

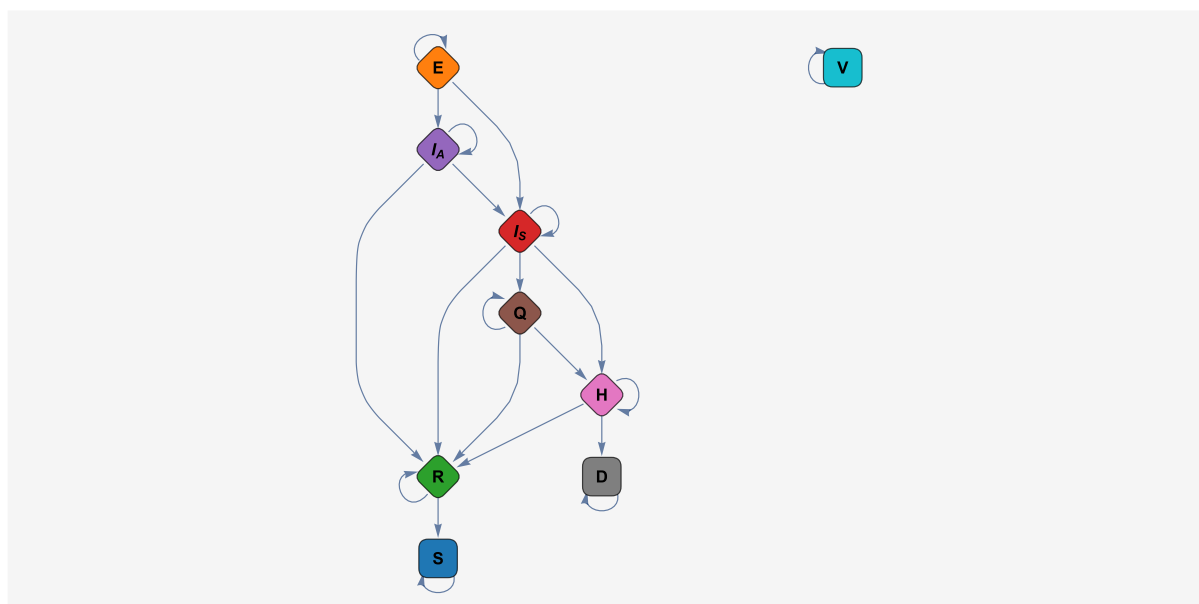
	Εξαπλώθηκε	Δεν εξαπλώθηκε	Ποσοστό εξάπλωσης
<i>Random</i>	93	35	73%
<i>Small-World</i>	85	43	66%
<i>Free-Scale</i>	80	48	62%

## Προσομοίωση Πολυκαταστατικής Μοντελοποίησης

Σε αυτήν την ενότητα, θα φτιάξουμε μια **υπέρ το δέον προσομοίωση**, η οποία θα αποκαλύψει καλύτερα τις δυνατότητες των **agent-based μοντέλων** σε σύγκριση με τα πιο **κλασικά μαθηματικά μοντέλα** σε τόσο περίπλοκα φαινόμενα. Παράλληλα, θα παρέχει μια πιο ακριβή εικόνα του τι συμβαίνει στην πραγματικότητα. Στον **Πίνακας 2** βλέπουμε τις καταστάσεις που θα χρησιμοποιήσουμε, ενώ στην Error! Reference source not found. απεικονίζονται οι επιτρεπτές μεταβάσεις, όπως περιγράφονται αναλυτικά παρακάτω.

**Πίνακας 2** Τα ονόματα των καταστάσεων για την πολυκαταστατική προσομοίωση, μαζί με μια σύντομη περιγραφή για την κάθε μια.

Κατάσταση	Περιγραφή
<b>S (Susceptible)</b>	Ευπαθείς στο νόσημα.
<b>E (Exposed)</b>	Άτομα που έχουν εκτεθεί αλλά δεν μεταδίδουν ακόμη (περίοδος επώασης).
<b>I<sub>A</sub> (Infected Asymptomatic)</b>	Μολυσμένοι χωρίς συμπτώματα.
<b>I<sub>S</sub> (Infected Symptomatic)</b>	Μολυσμένοι με συμπτώματα.
<b>Q (Quarantined)</b>	Άτομα σε καραντίνα.
<b>H (Hospitalized)</b>	Νοσηλευόμενοι σε νοσοκομείο.
<b>R (Recovered)</b>	Έχει αναρρώσει.
<b>D (Deceased)</b>	Θάνατος από την ασθένεια.
<b>V (Vaccinated)</b>	Εμβολιασμένοι (με μερική ή πλήρη ανοσία).



**Εικόνα 9** Μαρκοβιανή αλυσίδα για την πολυκαταστατική προσομοίωση.

Όπως μπορούμε να δούμε στον **Πίνακα 2** ή/και στην **Εικόνα 9**, ο αριθμός των καταστάσεων συνολικά είναι εννέα. Η λογική για τις μεταβάσεις έχει ως εξής:

- Ένας ευπαθής (**S**) θα παραμείνει εκεί έως ότου μολυνθεί, οπότε θα μεταβεί στην κατάσταση εκτεθειμένος (**E**).
- Ένας εκτεθειμένος (**E**), μετά την περίοδο επώασης, μπορεί να μεταβεί είτε ως ασυμπτωματικός (**I<sub>A</sub>**) είτε ως συμπτωματικός (**I<sub>S</sub>**).

- Σε έναν ασυμπτωματικό ( $I_A$ ) μπορεί να εμφανιστούν συμπτώματα ( $I_S$ ) κάποια στιγμή ή να αναρρώσει ( $R$ ).
- Ένας συμπτωματικός ( $I_S$ ) έχει τρία σενάρια: να τεθεί σε **καραντίνα** ( $Q$ ), να νοσηλευτεί ( $H$ ) ή να αναρρώσει ( $R$ ).
- Από την **καραντίνα** ( $Q$ ), τα σενάρια είναι είτε να **αναρρώσει** ( $R$ ) είτε να νοσηλευτεί ( $H$ ).
- Ένας νοσηλευόμενος ( $H$ ) μπορεί να **καταλήξει** ( $D$ ) ή να **αναρρώσει** ( $R$ ).
- Ένας που πέρασε την ασθένεια ( $R$ ) μπορεί κάποια στιγμή να ξαναγίνει **ευπαθής** ( $S$ ), καθώς τα αντισώματα εξασθενούν.
- Ένας εμβολιασμένος ( $V$ ), για τα χρονικά πλαίσια που εκτελούμε την προσομοίωση μπορούμε να θεωρήσουμε ότι δεν θα αλλάξει κατάσταση.

Τον ακατέργαστο πίνακα μεταβάσεων (**raw\_transition\_matrix**) τον ορίζουμε όπως παρακάτω, με γραμμές και στήλες να αντιστοιχούν στη σειρά καταστάσεων του **Πίνακας 2**. Οι μέσοι χρόνοι παραμονής σε κάθε κατάσταση και τα ποσοστά μετάβασης στις υπόλοιπες καταστάσεις δεν βασίζονται σε πραγματικά δεδομένα, αλλά αποτελούν εκτιμήσεις του συγγραφέα.

$$rawTransitionMatrix = \begin{pmatrix} \infty & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & 0.7 & 0.3 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 7 & 0.4 & 0 & 0 & 0.6 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 7 & 0.5 & 0.3 & 0.2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 10 & 0.2 & 0.8 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 20 & 0.8 & 0.2 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 180 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \infty & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \infty \end{pmatrix}$$

Για τις μέσες επαφές την ημέρα ανά κατάσταση, ορίζουμε το παρακάτω διάνυσμα. Έχει γίνει η υπόθεση ότι οι καταστάσεις **S**, **E**, **I<sub>A</sub>**, **R** και **V** να έχουν την ίδια τιμή (**15**), καθώς:

- **S, E, I<sub>A</sub>**: Κυκλοφορούν ελεύθερα (λόγω άγνοιας της μόλυνσης ή ασυμπτωματικής κατάστασης).
- **R, V**: Έχουν ανοσία και αισθάνονται ασφαλείς.

Για την κατάσταση **Is**, θεωρούμε ότι η παρουσία συμπτωμάτων και η επίγνωση της μόλυνσης οδηγεί σε περιορισμό των επαφών. Για τις καταστάσεις **Q** και **H**, λόγω αυστηρής απομόνωσης ή νοσηλείας, οι επαφές είναι ελάχιστες.

$$dailyContactsPerState = \{S: 15, E: 15, IA: 15, IS: 5, Q: 1, H: 1, R: 15, D: 0, V: 15\}$$

Η μεταδοτικότητα της ασθένειας ορίζεται ως εξής:

- Μόνο η **S** είναι ευπαθής και μπορεί να μολυνθεί.
- **IA, Is, Q, H** μπορούν να μεταδώσουν τον ιό:
  - **IA**: Χαμηλή μεταδοτικότητα (5%) λόγω χαμηλού ιικού φορτίου.
  - **Is, Q, H**: Υψηλότερη μεταδοτικότητα (10%) λόγω υψηλού ιικού φορτίου.

Ο αρχικός πληθυσμός ορίζεται σε δύο σενάρια:

- Χωρίς εμβολιασμένους

$$initialNodesPerState = \{S: 9990, E: 0, IA: 10, IS: 0, Q: 0, H: 0, R: 0, D: 0, V: 0\}$$

- Με εμβολιασμένους (~10%)

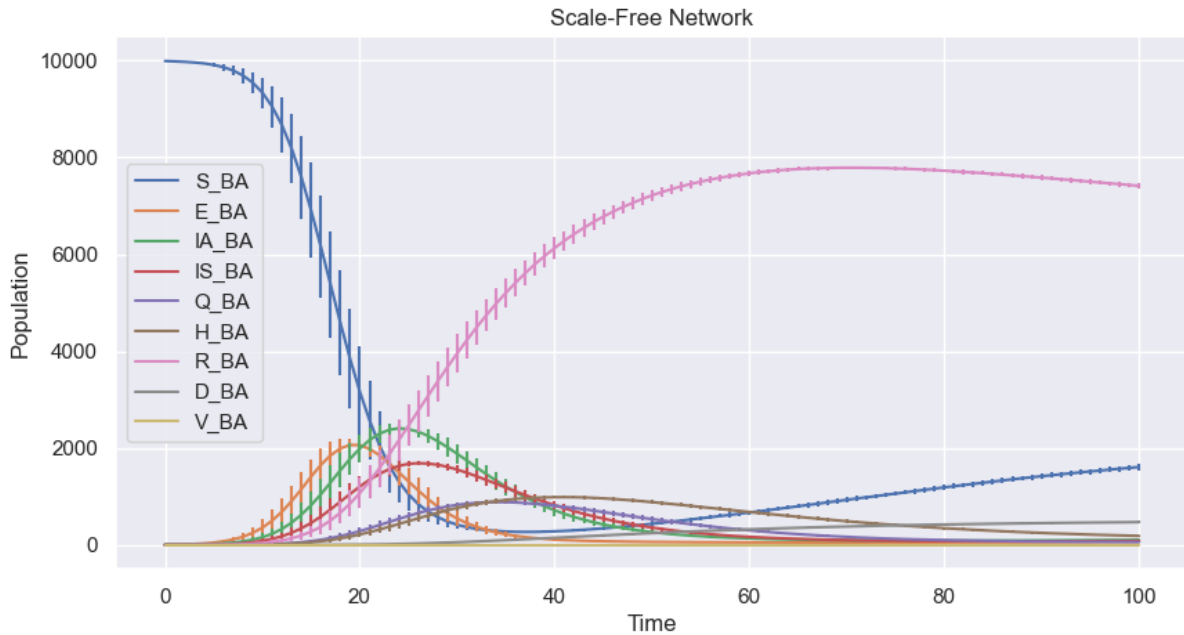
$$initialNodesPerState = \{S: 9000, E: 0, IA: 10, IS: 0, Q: 0, H: 0, R: 0, D: 0, V: 990\}$$

Οι υπόλοιπες παράμετροι είναι παρόμοιες με την περίπτωση του SIR (Εικόνα 6).

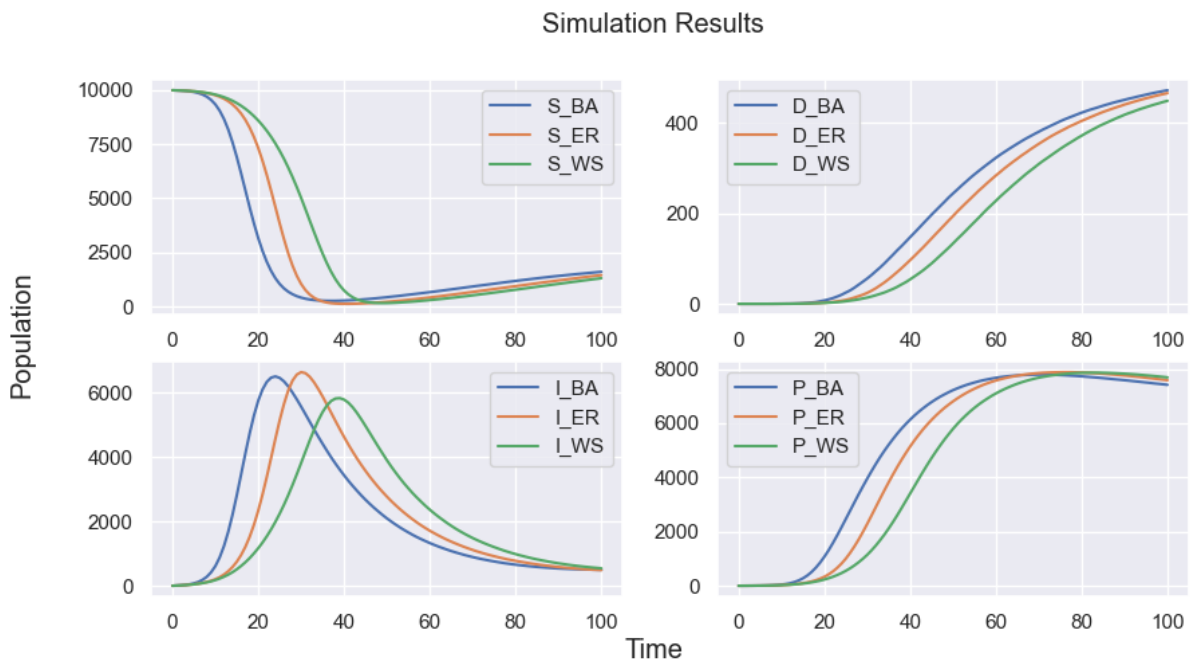
Στην Εικόνα 10 παρουσιάζεται ένα ενδεικτικό διάγραμμα από τα αποτελέσματα της πολυκαταστατικής προσομοίωσης για το δίκτυο τύπου **scale-free**. Παρόμοια αποτελέσματα παρατηρούνται και για τα υπόλοιπα δίκτυα. Λόγω της υψηλής πληροφορίας που εμπεριέχεται σε αυτά τα διαγράμματα, ομαδοποιούμε τις καταστάσεις ως εξής:

- **I (infected)**: Συνδυασμός των καταστάσεων **E** (εκτεθειμένοι), **IA** (ασυμπτωματικοί μολυσμένοι), **Is** (συμπτωματικοί μολυσμένοι), **Q** (καραντίνα) και **H** (νοσηλευόμενοι).
- **P (protected)**: Συνδυασμός των καταστάσεων **R** (αναρρώσαντες) και **V** (εμβολιασμένοι).

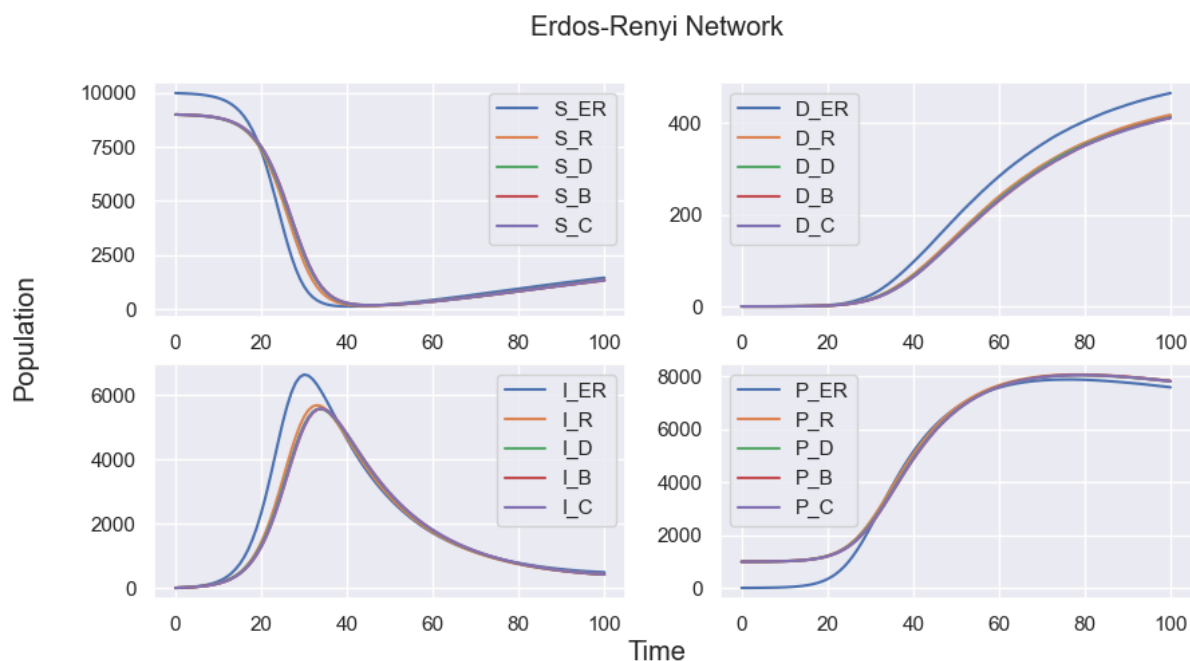
Αυτή η ομαδοποίηση μας επιτρέπει να απλοποιήσουμε την ανάλυση και την παρουσίαση των δεδομένων, διευκολύνοντας την κατανόηση της δυναμικής της επιδημίας στα διάφορα δίκτυα.



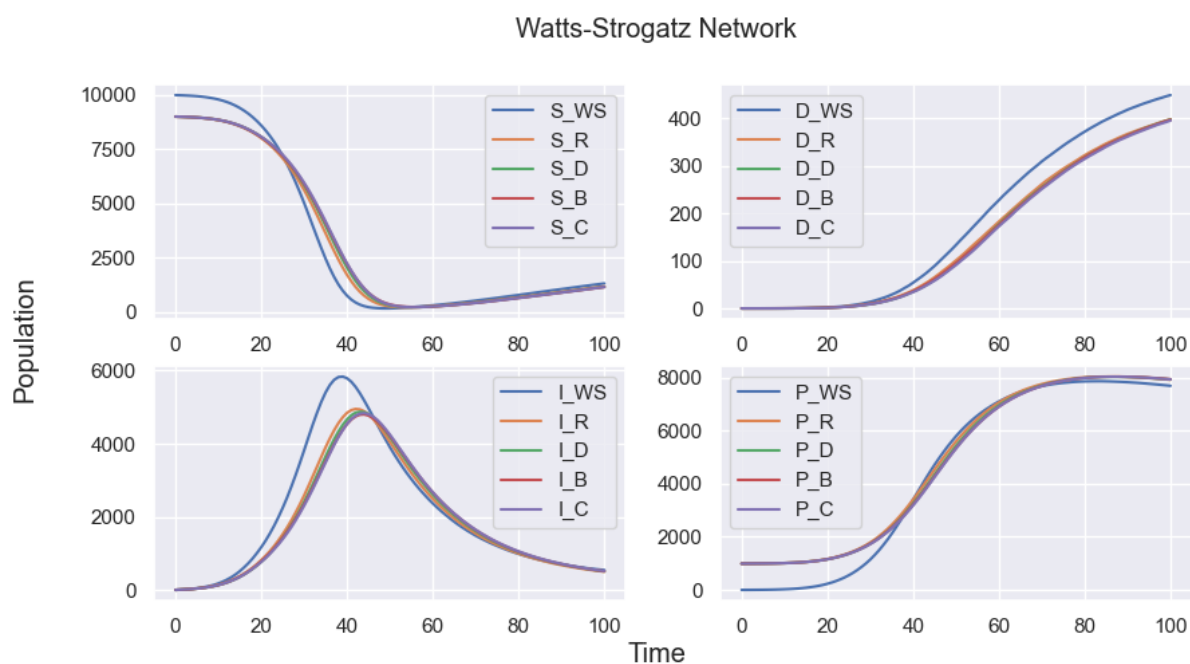
**Εικόνα 10** Γράφημα από την πολυκαταστατική προσομοίωση για το δίκτυο scale-free. Οι καμπύλες των καταστάσεων μαζί με την τυπική τους απόκλιση.



**Εικόνα 11** Διαγράμματα σύγκρισης των καταστάσεων  $S$  (Susceptible),  $I$  (Infected),  $P$  (Protected),  $D$  (Deceased) για τα τρία δίκτυα, random, small-world και scale-free.

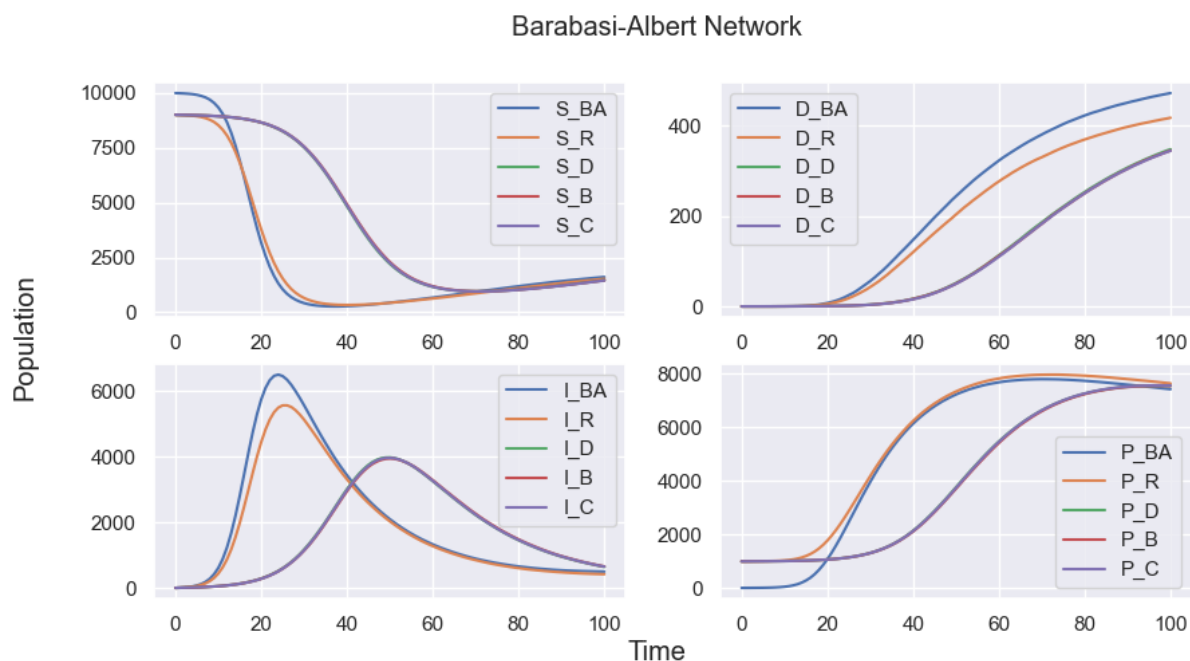


**Εικόνα 12** Σύγκριση επίδρασης στρατηγικών εμβολιασμού στο τυχαίο δίκτυο. ER: χωρίς εμβολιασμό, R: τυχαίος εμβολιασμός, βάση κεντρικότητας D: βαθμίδας (degree), B: μεσολάβησης (betweenness) και C: εγγύτητας (closeness).



**Εικόνα 13** Σύγκριση επίδρασης στρατηγικών εμβολιασμού στο δίκτυο μικρού κόσμου. WS: χωρίς εμβολιασμό, R: τυχαίος εμβολιασμός, βάση κεντρικότητας D: βαθμίδας (degree), B: μεσολάβησης (betweenness) και C: εγγύτητας (closeness).





**Εικόνα 14** Σύγκριση επίδρασης στρατηγικών εμβολιασμού στο δίκτυο ελεύθερης κλίμακας. BA: χωρίς εμβολιασμό, R: τυχαίος εμβολιασμός, βάση κεντρικότητας D: βαθμίδας (degree), B: μεσολάβησης (betweenness) και C: εγγύτητας (closeness).

Από την **Εικόνα 11** διαπιστώνουμε τα ίδια ευρήματα που παρατηρήσαμε και στο μοντέλο SIR. Η κύρια διαφορά ανάμεσα στα δίκτυα είναι η ταχύτητα εξάπλωσης της ασθένειας. Αν και δεν συμπεριλαμβάνεται στην προσομοίωση, είναι γνωστό πως ένας χαμηλότερος ρυθμός εξάπλωσης της ασθένειας θα οδηγήσει σε πιο ελεγχόμενη κατάστασή από τις υγειονομικές αρχές, με αποτέλεσμα μικρότερο αριθμό αποθανόντων (Lytras & Tsiodras, 2022). Αυτό που είναι ενδιαφέρον όμως, είναι πως φαίνεται να υπάρχει θετική συσχέτιση αναμεσα στον ρυθμό διάδοσης μιας ασθένειας με τον τελικό αριθμό των αποθανόντων. Αυτό το τελευταίο μπορούμε να το παρατηρήσουμε από την καμπύλη των αποθανόντων (D) του small-world, καθώς την τελευταία ημέρα της προσομοίωσης (την εκατοστή), οι αποθανόντες είναι λιγότεροι σε σύγκριση με τα άλλα δύο δίκτυα, οι μολυσμένοι είναι περίπου οι ίδιοι, ενώ οι προστατευόμενοι είναι ελαφρώς περισσότεροι.

Από τις **Εικόνα 12**, **Εικόνα 13**, **Εικόνα 14**, μπορούμε να παρατηρήσουμε την επίδραση του εμβολιασμού στην εξάπλωση της ασθένειας σε κάθε δίκτυο, αλλά και ειδικότερα την επίδραση των στρατηγικών. Τα αποτελέσματα είναι σαφή, ο εμβολιασμός αυτός καθαυτός έχει θετική επίδραση στην μειώνοντας του ρυθμού εξάπλωσής της ασθένειας.

Ωστόσο, οι στρατηγικές εμβολιασμού στα δίκτυα **random** και **small-world**, δεν παρουσιάζουν σημαντική διαφορά μεταξύ τους. Διαφορετική φαίνεται να είναι η κατάσταση

στο **scale-free** δίκτυο, όπου οι τρεις στρατηγικές (βασισμένες σε **βαθμίδα (degree)**, **μεσολάβηση (betweenness)**, και **εγγύτητα (closeness)**) επίσης δεν διαφέρουν μεταξύ τους σημαντικά, εντούτοις η επίδρασή τους ακόμα και στο 10% είναι τεράστια. Αντίθετα, ο **τυχαίος εμβολιασμός**, αν και έχει κάποια επίδραση, δεν πλησιάζει καν στην αποτελεσματικότητα των άλλων στρατηγικών.

## Συμπεράσματα

Όπως μπορέσαμε να διαπιστώσουμε από τα αποτελέσματα αυτής της εργασίας, οι προσομοιώσεις σε δίκτυα προσφέρουν μια ισχυρή προσέγγιση για τη μελέτη της διάδοσης ασθενειών στην κοινωνία και όχι μόνο. Παρόλο που οι προσομοιώσεις αυτές παρουσιάζουν σημαντικές δυνατότητες, συνοδεύονται από υψηλό υπολογιστικό κόστος. Για την εξαγωγή των παραπάνω αποτελεσμάτων, ή ακόμη πιο περίπλοκων και ρεαλιστικών σε εύλογο χρονικό διάστημα, απαιτείται μεγάλη υπολογιστική ισχύς.

Σε αντίθεση, τα μαθηματικά μοντέλα, αν και δύσκολο ή αδύνατο να αναπτυχθούν για εξαιρετικά πολύπλοκα φαινόμενα, όταν υπάρχουν, παρέχουν αποτελέσματα άμεσα και με ελάχιστους πόρους. Για να υπογραμμίσουμε τη διαφορά, μια πρόχειρη εκτίμηση για την εκτέλεση των προσομοιώσεων αυτής της εργασίας, χρησιμοποιήθηκαν πάνω από 6.000 CPU-hours στην ιδρυματική συστοιχία «Αριστοτέλης». Για να εξαχθούν τα ίδια αποτελέσματα σε έναν προσωπικό υπολογιστή με 6 πυρήνες, θα απαιτούνταν περισσότερες από 41 μέρες συνεχούς λειτουργίας.

Αν και δεν ήταν εφικτό λόγω της ήδη πολύ μεγάλης έκτασης της εργασίας, θα παρατεθούν μερικές ιδέες για πιθανές μελλοντικές προεκτάσεις στο πλαίσιο του μαθήματος. Παρά το γεγονός ότι αναφέρθηκε, δεν πραγματοποιήθηκαν υπολογισμοί για τον βασικό αναπαραγωγικό αριθμό ( $R_0$ ) ή τον αποτελεσματικό αναπαραγωγικό αριθμό ( $R_i$ ) στις προσομοιώσεις. Η ενσωμάτωση τέτοιων μετρήσεων θα αποτελούσε μια σημαντική βελτίωση, καθώς θα επέτρεπε την παρακολούθηση του ρυθμού εξάπλωσης της ασθένειας σε πραγματικό χρόνο.

Ένα άλλο φαινόμενο που λαμβάνει χώρα συχνά στην πραγματικότητα κατά τη διάδοση μιας ασθένειας είναι οι τυχαίες επαφές με αγνώστους (π.χ., σε MMM, εμπορικά κέντρα). Στις προσομοιώσεις, αν και οι επαφές εντός δικτύου προέκυπταν τυχαία, αυτές περιορίζονταν

μόνο σε άτομα με προϋπάρχοντα δεσμό (δηλαδή, κοινωνικές σχέσεις). Η προσθήκη επαφών με άγνωστους θα ενίσχυε τον ρεαλισμό του μοντέλου.

Επίσης, ένα ενδιαφέρον ερώτημα αφορά τη εποχικότητα της μεταδοτικότητας, δηλαδή, η πιθανότητα μετάδοσης του ιού να μεταβάλλεται περιοδικά με βάση την εποχή. Επιπλέον, η μελέτη της επίτευξης ανοσίας της αγέλης σε κάθε τύπο δικτύου θα μπορούσε να αποκαλύψει κρίσιμες πληροφορίες για τον έλεγχο επιδημιών.

Μια παράμετρος που δεν δόθηκε αρκετή σημασία σε αυτή την εργασία είναι η **pws** (πιθανότητα επανασύνδεσης) στο μοντέλο Watts-Strogatz για δίκτυα small-world. Η διερεύνηση της επίδρασής της έχει ένα ενδιαφέρον στο πώς οι ασθένειες μεταδίδονται ανάμεσα σε κοινότητες μέσω γεφυρών.

Για ακόμη πιο ρεαλιστική προσέγγιση, θα μπορούσαν να εφαρμοστούν:

- **Δυναμικός πληθυσμός:** Προσομοίωση αύξησης/μείωσης του πληθυσμού λόγω γεννήσεων, θανάτων.
- **Χωρική απόσταση:** Εισαγωγή πιθανοτήτων επαφής που εξαρτώνται από τη γεωγραφική εγγύτητα (π.χ., πιο πιθανές επαφές σε 5 χλμ. παρά σε 50 χλμ.).
- **Κινητικότητα ατόμων:** Μοντελοποίηση τυχαίων περιπάτων ή μετακινήσεων αντί στατικών κόμβων.

Ο κώδικας που αναπτύχθηκε για τις ανάγκες αυτής της εργασίας είναι διαθέσιμος ανοιχτά στο GitHub προφίλ μου ([github.com/KevinHaka](https://github.com/KevinHaka)) και μπορεί να χρησιμοποιηθεί ελεύθερα από οποιοδήποτε και για οποιαδήποτε λόγο.

## Αναφορές

Anderson, R. M. & May, R. M., 1991. *Infectious diseases of humans : dynamics and control*. s.l.:OUP Oxford.

contributors, W., 2025. *Dunbar's number*. [Online]  
Available at:

[https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Dunbar%27s\\_number&oldid=1279579676](https://en.wikipedia.org/w/index.php?title=Dunbar%27s_number&oldid=1279579676)

Kermack, W. O. & McKendrick, A. G., 1927. A contribution to the mathematical theory of epidemics. 115(772).

Ladyman, J. L. J. & W. K., 2013. What is a complex system?. Volume 3.

Lytras, T. & Tsiodras, S., 2022. Total patient load, regional disparities and in-hospital mortality of intubated COVID-19 patients in Greece, from September 2020 to May 2021. *Scandinavian Journal of Public Health*, 50(6), pp. 671 - 675.

Ross, R., 1916. An application of the theory of probabilities to the study of a priori pathometry.—Part I. 92(638).

Ross, R. & Hudson, H. P., 1917. An application of the theory of probabilities to the study of a priori pathometry.—Part II. 93(650).

## Παράρτημα

### Απόδειξη Διατήρησης των Ημερήσιων Επαφών

Παρακάτω θα αποδείξουμε ότι η μέθοδος επιλογής κόμβων που παραθέσαμε στην υποενότητα «Διάχυση της ασθένειας» διατηρεί υπό προϋποθέσεις που θα αναφέρουμε στην συνέχεια, τον μέσο ημερήσιο αριθμό επαφών ανά άτομο για κάθε κατάσταση.

#### 1. Ορισμοί και Βασικές Υποθέσεις

- Έστω ότι έχουμε ένα δίκτυο με  $N$  κόμβους και μέσο αριθμό συνδέσεων ανά κόμβο  $d$ .
- Οι κόμβοι κατανέμονται τυχαία μεταξύ των καταστάσεων που ανήκουν στο σύνολο  $\mathbf{S}$ . Για κάθε κατάσταση  $i \in \mathbf{S}$ , υπάρχουν  $n_i$  κόμβοι,  $0 \leq n_i \leq N$ , όπου:

$$\sum_{i \in \mathbf{S}} n_i = N \quad (15)$$

- Σε κάθε κατάσταση  $i \in \mathbf{S}$  αντιστοιχούμε μία τιμή  $c_i$  (με  $c_i \geq 0$ ), που αντιπροσωπεύει τον μέσο ημερήσιο αριθμό επαφών ανά άτομο στην κατάσταση  $\mathbf{i}$ .
- Ορίζουμε το μη κανονικοποιημένο βάρος μιας ακμής που ενώνει δύο κόμβους (οι οποίοι βρίσκονται στις καταστάσεις  $\mathbf{i}$  και  $\mathbf{j}$ ) όπως στην σχέση (16).

$$w_{ij} = c_i \cdot c_j \quad (16)$$

#### 2. Καθορισμός Αριθμού Ακμών για Συνδυασμούς Καταστάσεων

Για να συνυπολογίσουμε τον μέσο αριθμό ακμών μεταξύ κόμβων που ανήκουν σε διάφορες καταστάσεις, ορίζουμε:

- Για  $i \neq j$ :

$$N_{ij} = \frac{d}{N-1} n_i \cdot n_j \quad (17)$$

- Για  $i = j$ :

$$N_{ii} = \frac{d}{N-1} \binom{n_i}{2} = \frac{d}{N-1} \frac{n_i(n_i-1)}{2} \quad (18)$$

### 3. Ορισμός του Συνολικού Βάρους του Δικτύου

Το συνολικό βάρος  $W_{eff}$  του δικτύου, λαμβάνοντας υπόψη όλους τους πιθανούς συνδυασμούς ακμών, δίνεται από την σχέση (19) όπου  $W$  είναι το βάρος του πλήρες συνδεδεμένου δικτύου όπου η σχέση του δίνεται από το (20).

$$\begin{aligned} W_{eff} &= \sum_{\substack{i,j \in \mathcal{S} \\ i \leq j}} w_{ij} \cdot N_{ij} \\ W_{eff} &= \sum_{i \in \mathcal{S}} w_{ii} \cdot N_{ii} + \sum_{\substack{i,j \in \mathcal{S} \\ i < j}} w_{ij} \cdot N_{ij} \\ W_{eff} &= \frac{d}{N-1} \sum_{i \in \mathcal{S}} c_i^2 \cdot \frac{n_i(n_i-1)}{2} + \frac{d}{N-1} \sum_{\substack{i,j \in \mathcal{S} \\ i < j}} c_i \cdot c_j \cdot n_i \cdot n_j \\ W_{eff} &= \frac{d}{N-1} W \end{aligned} \quad (19)$$

$$\begin{aligned} W &= \sum_{i \in \mathcal{S}} c_i^2 \cdot \frac{n_i(n_i-1)}{2} + \sum_{\substack{i,j \in \mathcal{S} \\ i < j}} c_i \cdot c_j \cdot n_i \cdot n_j \\ W &= \frac{1}{2} \left( \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i^2 \cdot c_i^2 - \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i \cdot c_i^2 \right) + \sum_{\substack{i,j \in \mathcal{S} \\ i < j}} c_i \cdot c_j \cdot n_i \cdot n_j \end{aligned}$$

$$W = \frac{1}{2} \left( \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i^2 \cdot c_i^2 + \sum_{\substack{i, j \in \mathcal{S} \\ i < j}} c_i \cdot c_j \cdot n_i \cdot n_j - \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i \cdot c_i^2 \right)$$

$$W = \frac{1}{2} \left[ \left( \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i \cdot c_i \right)^2 - \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i \cdot c_i^2 \right]$$

$$W = \frac{1}{2} (V^2 - B) \quad (20)$$

$$V = \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i \cdot c_i \quad (21)$$

$$B = \sum_{i \in \mathcal{S}} n_i \cdot c_i^2 \quad (22)$$

#### 4. Υπολογισμός Πιθανοτήτων Επιλογής Ακμών

Οι πιθανότητες επιλογής μιας ακμής  $i - j$  δίνονται ως εξής:

- Για  $i \neq j$ :

$$P_{ij} = \frac{n_i \cdot n_j \cdot c_i \cdot c_j}{W} \quad (23)$$

- Για  $i = j$ :

$$P_{ii} = \frac{n_i \cdot (n_i - 1) \cdot c_i^2}{2W} \quad (24)$$

#### 5. Συχνότητα Εμφάνισης Κάθε Κατάστασης

Δεδομένου ότι μια ακμή  $i - j$  συμβάλλει μία φορά, ενώ μια ακμή  $i - i$  μετρά δύο φορές στην εμφάνιση της κατάστασης  $\mathbf{i}$ , ορίζουμε την συχνότητα εμφάνισης της κατάστασης  $\mathbf{i}$  ως:

$$A_i = \sum_{j \in \mathcal{S}} P_{ij} + 2P_{ii}$$

$$\begin{aligned}
A_i &= \frac{n_i \cdot c_i}{W} \sum_{\substack{j \in S \\ j \neq i}} n_j \cdot c_j + 2 \frac{n_i \cdot (n_i - 1) \cdot c_i^2}{2W} \\
A_i &= \frac{n_i \cdot c_i}{W} (V - n_i \cdot c_i + n_i \cdot c_i - c_i) \\
A_i &= \frac{2 \cdot n_i \cdot c_i \cdot (V - c_i)}{V^2 - B}
\end{aligned} \tag{25}$$

## 6. Υπολογισμός Αναμενόμενου Αριθμού Επαφών Ανά Κατάσταση

Αν πολλαπλασιάσουμε το  $A_i$  με έναν αριθμό  $M$  (που αντιπροσωπεύει τον αριθμό επιλογών ακμών με επανάθεση) και διαιρέσουμε με  $n_i$  (τον αριθμό κόμβων στην κατάσταση  $\mathbf{i}$ ), λαμβάνουμε τον αναμενόμενο αριθμό επαφών ανά κόμβο για την κατάσταση  $\mathbf{i}$  μετά από  $M$  επιλογές, το οποίο συμβολίζουμε με  $m_i$ .

$$\begin{aligned}
m_i &= \frac{A_i \cdot M}{n_i} = \frac{2 \cdot n_i \cdot c_i \cdot M \cdot (V - c_i)}{n_i \cdot (V^2 - B)} \\
m_i &= \frac{2 \cdot c_i \cdot M \cdot (V - c_i)}{(V^2 - B)}
\end{aligned} \tag{26}$$

Για να έχουμε  $m_i = c_i$  (δηλαδή, ο αναμενόμενος αριθμός επαφών ανά κόμβο ισούται με τον ορισμένο  $c_i$ ), πρέπει:

$$M = \frac{V^2 - B}{2 \cdot (V - c_i)} \tag{27}$$

Υποθέτοντας ότι  $n_i - 1 \cong n_i$  (δηλαδή,  $n_i \gg 1$ ), τότε η σχέση (22) απλοποιείται περαιτέρω και οδηγεί στο:

$$M = \frac{V}{2} \tag{28}$$

**Συμπέρασμα:**

Έχουμε αποδείξει ότι για  $M = \frac{V}{2}$ , ισχύει  $m_i = c_i$ , δηλαδή ο αναμενόμενος αριθμός επαφών ανά κόμβο για κάθε κατάσταση  $i$  είναι ακριβώς ο μέσος ημερήσιος αριθμός επαφών  $c_i$  που ορίσαμε. Οι βασικές υποθέσεις που κάναμε είναι:

- Η κατανομή των κόμβων στο δίκτυο είναι εντελώς τυχαία.
- Αριθμός των κόμβων ανά κατάσταση είναι πολύ μεγαλύτερος της μονάδας ( $n_i \gg 1$ ) έτσι ώστε  $n_i - 1 \cong n_i$ .

## Οπτικοποίηση

Μια απλή οπτικοποίηση της διάδοσης ασθένειας σε δίκτυο small-world με 10% ανοσίας τυχαία κατανεμημένη, από την ενότητα "*Προσομοίωση Πολυκαταστατικής Μοντελοποίησης*".

Κατάσταση	Χρώμα	Κατάσταση	Χρώμα	Κατάσταση	Χρώμα
S (Ευπαθείς)	Γαλάζιο	I <sub>s</sub> (Συμπτωματικοί)	Κόκκινο	R (Αναρρωθέντες)	Πράσινο
E (Εκτεθειμένοι)	Πορτοκαλί	Q (Καραντίνα)	Ροζ	D (Αποθανόντες)	Γκρι
I <sub>A</sub> (Ασυμπτωματικοί)	Μωβ	H (Νοσηλευόμενοι)	Καφέ	V (Εμβολιασμένοι)	Κυανό

