

# Relatório — Propagação de informação em rede

Bruno Kenji Sato  
kenji.sato21@unifesp.br

Guilherme Gímenes Diogo  
guilherme.gímenes@unifesp.br

Leonardo Loureiro Costa  
leonardo.costa@unifesp.br

**Resumo**—Entender o fluxo de informações em rede é chave para compreender o comportamento de doenças epidemiológicas. Neste relatório será apresentada a modelagem matemática do crescimento de uma população de patógenos em um determinado indivíduo e, também, como ela se espalha em uma rede livre de escala.

## I. INTRODUÇÃO

### A. Modelos matemáticos

Para modelar o comportamento do patógeno no corpo do indivíduo serão utilizadas as equações 1 e 2; a primeira modela uma curva logística; a segunda, uma parábola.

$$\frac{dV}{dt} = V \cdot (1 - \frac{V}{k}) \cdot 0,1 \quad (1)$$

Onde:

$V(t)$  : População do patógeno em um indivíduo  $t$   
 $\frac{dV}{dt}$  : Taxa de variação do crescimento  
 $k$  : Limite da população

$$\frac{dC}{dt} = \gamma \cdot C \quad (2)$$

Onde:

$C$  : Representa o sistema imunológico  $t$   
 $\frac{dC}{dt}$  : Taxa de variação do sistema imunológico  
 $\gamma$  : Eficiência do sistema imunológico

Para esta simulação serão consideradas as seguintes proposições:

- A população de patógeno cresce de forma logística, isto é: atinge uma população máxima, a qual não ultrapassa.
- Um indivíduo pode estar em 1 de três estados: suscetível, infectado — mas não transmissor —, e infectado e transmissor.
- A doença não é mortal e não há possibilidade de reinfecção.

### B. Redes e Grafos

Para as simulações serão utilizados grafos gerados aleatoriamente, redes livres de escalas no modelo Barabási–Albert [1]. Essas redes proporcionam um grafo similar aos das relações interpessoais humanas: "the rich gets richer— há muitos indivíduos com poucas conexões e poucos indivíduos com muitas conexões.

## II. PROCEDIMENTO

A fim de obter os resultados da simulação o método de Euler foi aplicado nas equações diferenciais para a obtenção das equações 3 e 4.

$$\Delta V = V \cdot (1 - \frac{V}{k}) \cdot 0,1 \cdot \Delta t \quad (3)$$

Onde:

$V(t)$  : População do patógeno em um indivíduo  $t$   
 $k$  : Limite da população

$$\Delta C = \gamma \cdot C \cdot \Delta t \quad (4)$$

Onde:

$C$  : Representa o sistema imunológico  $t$   
 $\gamma$  : Eficiência do sistema imunológico

Desta forma é possível assumir um valor para  $\Delta t$ , para este relatório o valor utilizado será 0,01s.

Para este relatório serão analisadas 4 situações diferentes, dentre elas:

- 1) Simulação exemplo do modelo.
- 2) Análise da influência da intensidade do sistema imunológico de um indivíduo na quantidade de infectados transmissores.
- 3) Análise da influência do grau de conexão da rede no número de elementos infectados transmissores.
- 4) A influência do limiar de transmissibilidade no número total de infectados.

Para os itens 2 – 4 serão realizadas 10 simulações, todas com "seeds" aleatórias, de modo a obter uma maior precisão nas afirmações realizadas sobre os resultados, dado que o algoritmo é estocástico.

Para todas as simulações o primeiro infectado será sempre o de índice 0, via de regra será o infectado com segundo maior grau de conexão.

### III. RESULTADOS

#### A. Situação 1

Para ilustrar o funcionamento da simulação o modelo foi testado com os parâmetros da tabela I.

Parâmetros	Valores
Tmax	1000
DT	0.01
k	100
$\theta$	60
p	0.1%
N	20
M	4
pMin	0.01
pMax	0.08
seed	10
graphSeed	10
$\Omega$	10

Tabela I

O grafo utilizado está ilustrado na figura 1

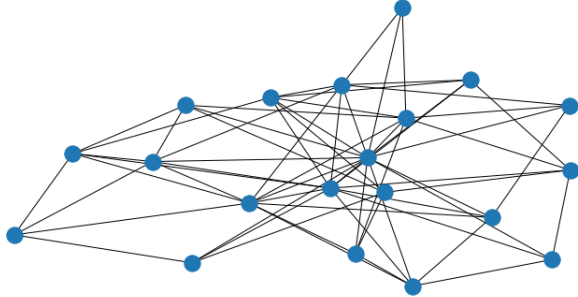


Figura 1: Grafo de uma rede com 20 elementos

Observam-se na figura 2 cinco gráficos, o de cima apresenta curvas, onde cada uma ilustra a população de patógenos dentro de cada indivíduo. Observa-se o crescimento inicialmente logístico que rapidamente decai exponencialmente. Uma linha em  $y = 60$  exemplifica o limiar que define se uma pessoa é ou não transmissora da doença.

Os três gráficos centrais mostram, respectivamente, da esquerda para a direita, a distribuição de

graus do grafo gerado, um histograma de graus, e o tempo em que cada indivíduo transmissor primeiro teve sua população de patógenos igual ou superior a 60 — ordenados em ordem crescente.

O último gráfico apresenta a quantidade de elementos transmissores da doença dado um determinado instante  $t$ .

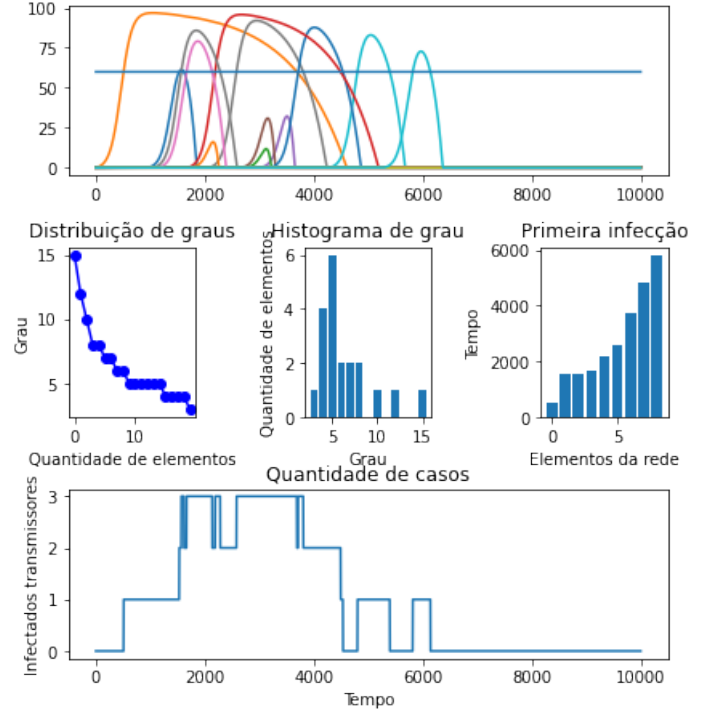


Figura 2

#### B. Situação 2

Para as simulações da situação 2 e das seguintes foi utilizada a rede da figura 3, uma rede livre de escala, com 500 elementos e grau médio 4. De modo a manter uma uniformidade da rede, variando apenas os parâmetros da simulação e dos eventos estocásticos, os grafos gerados para cada uma das simulações possuem a mesma "seed" — base para gerar números pseudoaleatórios — de geração.

A partir desse grafo foi simulado como a doença se espalharia. Os parâmetros utilizados estão presentes na tabela II. Onde Tmax representa o tempo máximo da simulação em segundos; DT, o passo de integração; k, a saturação da população de patógenos;  $\theta$ , o limiar de transmissão; N, o número de elementos da rede; M, metade do grau médio de conexão; pMin e pMax, os parâmetros que definem

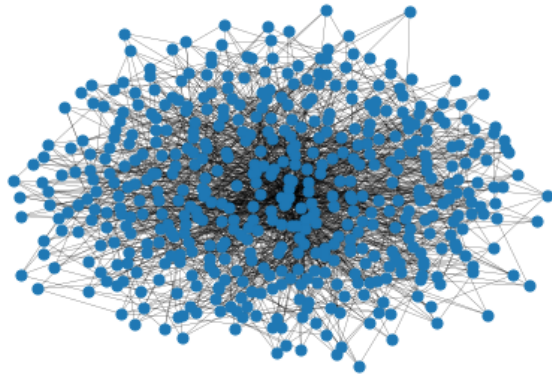


Figura 3: Grafo de uma rede com 500 elementos

Parâmetros	Valores
Tmax	1500
DT	0.01
k	100
$\theta$	60
p	0.1%
N	500
M	2
pMin	—
pMax	—
seed	—
graphSeed	10
$\Omega$	10

Tabela II

Simulações	pMin	pMax
SI Bom	0.04	0.10
SI Normal	0.01	0.08
SI Ruim	0.01	0.04

Tabela III

o sistema imunológico do indivíduo; seed, a seed aleatória dos parâmetros estocásticos da simulação; graphSeed, a seed do grafo da figura 3; e  $\Omega$ , a taxa de amostragem da simulação.

A "seed" não possui valor fixo na tabela II pois seu valor foi gerado durante a simulação, utilizando o tempo real como parâmetro. pMin e pMax variaram segundo a tabela III.

A partir desses valores foram feitas 10 simulações para cada situação da tabela III. O gráfico da figura 4 mostra o número médio de infectados em função do tempo de cada uma das situações da eficiência do sistema imunológico. Observa-se que para valores maiores de pMin e pMax o número de casos

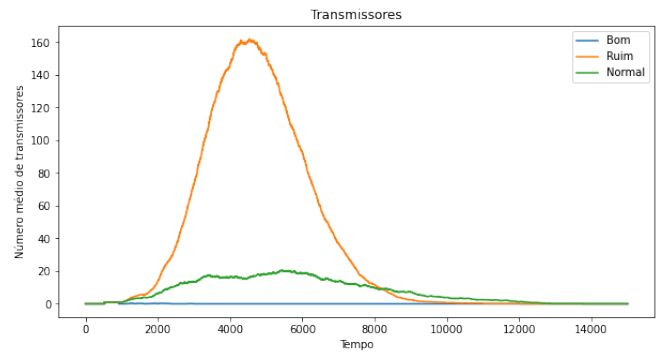


Figura 4: Média de 10 simulações da população transmissora da doença em função do tempo

diminui; para valores menores, aumenta.

As Simulações com o sistema imunológico bom resultaram em uma média de apenas 2,2 pessoas infectadas, com um desvio padrão de 1,4; as com o SI normal resultaram em uma média de 115,5 pessoas, com um desvio padrão de 26,3; as com o SI ruim resultaram em uma média de 447,6 pessoas, com um desvio padrão de 15,3 pessoas.

Dessa forma é possível afirmar que o número de infectados é maior quanto menos eficiente for o sistema imunológico.

### C. Situação 3

Analogamente à situação 2, na situação 3 foram feitas 10 simulações para cada condição, sendo estas: uma rede de grau 2, uma rede de grau 4, e uma rede de grau 6. Os parâmetros da simulação estão presentes na tabela IV. A seed utilizada também é baseada no tempo real da simulação.

Parâmetros	Valores
Tmax	1500
DT	0.01
k	100
$\theta$	60
p	0.1%
N	500
M	—
pMin	0.01
pMax	0.08
seed	—
graphSeed	10
$\Omega$	10

Tabela IV

Observa-se na figura 5 que quanto maior é o grau de conexão, mais pessoas se infectam com o patógeno ao ponto de se tornarem transmissoras.



Figura 5: Média de 10 simulações da população transmissora da doença em função do tempo

A média do número de transmissores para a rede de grau 2 é de 25 pessoas, com desvio padrão de 12,4; para a rede de grau 4 a média é de 108,6 pessoas e o desvio padrão de 55,5; para a rede de grau 6 a média é de 189,3 pessoas e o desvio padrão de 25,7.

Evidencia-se, portanto, que o aumento no grau de conexão da rede também influencia diretamente na quantidade de pessoas infectadas e na quantidade de pessoas transmissoras por unidade de tempo.

#### D. Situação 4

Analogamente às situações 2 e 3, na situação 4 foi testada a quantidade de infectados da rede quando o limiar de transmissibilidade é menor que o usual.

Os valores utilizados na simulação estão presentes na tabela V. Os valores de  $\theta$  são 40 para as primeiras 10 simulações e 60 para as outras 10.

Parâmetros	Valores
Tmax	1500
DT	0.01
k	100
$\theta$	—
p	0.1%
N	500
M	2
pMin	0.01
pMax	0.08
seed	—
graphSeed	10
$\Omega$	10

Tabela V

Observa-se que na figura 6 há um aumento na quantidade de infectados transmissores quando o limiar de transmissibilidade é mais baixo. Analogamente a um sistema imunológico ruim: quanto mais fácil for para um patógeno levar um indivíduo a um estado de transmissor, com mais força a doença se espalhará na rede.

A média do número de transmissores para a rede de transmissibilidade 40 é de 206,6 pessoas, com desvio padrão de 73,7; para a rede de transmissibilidade 60 a média é de 125,1 pessoas e o desvio padrão de 36,7.

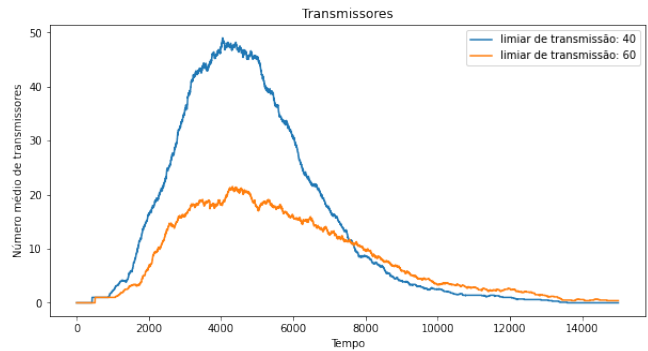


Figura 6: Média de 10 simulações da população transmissora da doença em função do tempo

## IV. CONCLUSÃO

A partir das simulações realizadas e das proposições assumidas a respeito do modelo matemático é possível concluir alguns aspectos do comportamento de doenças em rede, estes são:

- 1) Quanto maior for a janela de exposição ao patógeno maior será a probabilidade de um indivíduo saudável contrair a doença de um indivíduo infectado transmissor com quem esta pessoa tenha contato.
- 2) Quanto maior for o grau de conexão da rede maior será, em média, o número de pessoas infectadas. Dessa forma, assumir que um distanciamento social reduz o grau de conexão da rede implica na redução do número total de infectados pela doença.
- 3) Quanto menor for o limiar de transmissibilidade maior será o número de infectados.

## REFERÊNCIAS

- [1] Albert-László Barabási and Réka Albert. Emergence of scaling in random networks. *science*, 286(5439):509–512, 1999.