

University Of Thessaly



Complex Networks

ECE434

---

## Problem Set 4\_5

---

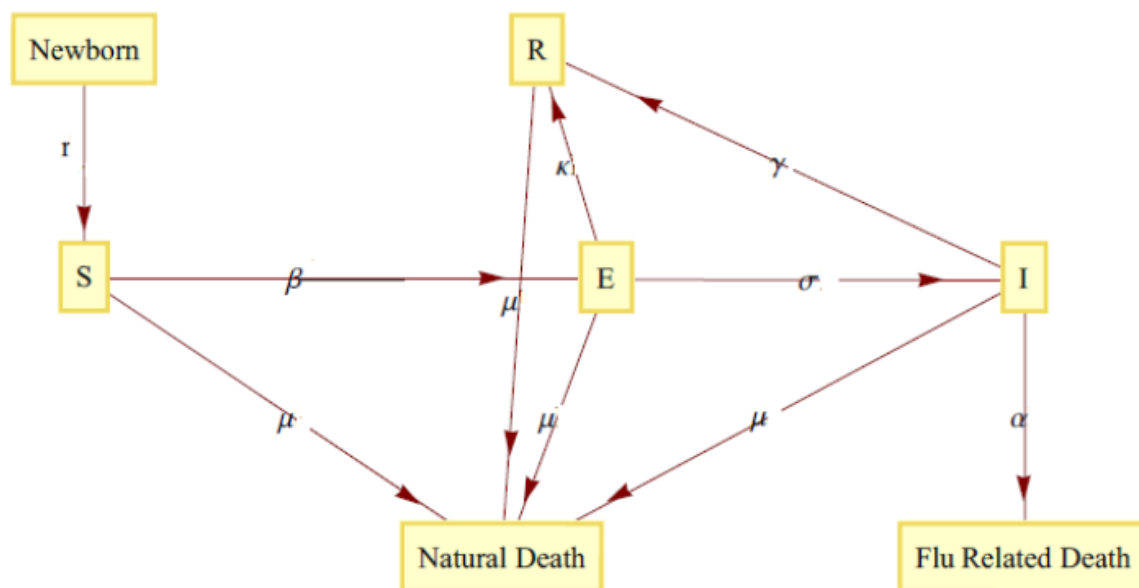
**Authors:**

Lefkopoulou Eleni-Maria - 2557

Karanika Athanasia - 2530

30 Ιουνίου 2021

## Πρόβλημα-01



Σύμφωνα με το μοντέλο SEIR έχουμε 4 ομάδες/πληθυσμούς. Αρχικά τους susceptibles οι οποίοι είναι αυτοί που έχουν μολυνθεί από την ασθένεια. Επίσης έχουμε τους infected ή αλλιώς exposed οι οποίοι έχουν εκτεθεί και δεν μεταδίδουν και τους infectious οι οποίοι είναι μολυσμένοι και μεταδίδουν. Τέλος έχουμε τους recovered οι οποίοι έχουν ανακάμψει. Στην άσκηση έχουμε τις εξής διαφοροποιήσεις στο μοντέλο ότι έχουμε άτομα που γεννιούνται με ρυθμό  $r$  έχουμε άτομα που πεθαίνουν με ρυθμό  $\mu$  από φυσικά αίτια και άτομα που πεθαίνουν από την ασθένεια με ρυθμό  $\alpha$ . Επίσης μια αλλαγή είναι ότι οι infected μολύνουν κι αυτοί εκτός από τους infectious. Οι διαφορικές εξισώσεις που προκύπτουν είναι :

$$\frac{dS(t)}{dt} = r \cdot N - \beta \cdot S(t) \cdot (I(t) + E(t)) - \mu \cdot S(t)$$

$$\frac{dE(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot (I(t) + E(t)) - \mu \cdot E(t) - \kappa \cdot E(t) - \sigma \cdot E(t)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \sigma \cdot E(t) - \alpha \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot I(t)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma \cdot I(t) + \kappa \cdot E(t) - \mu \cdot R(t)$$

Παρατηρούμε ότι έχουμε  $S(t) \cdot (I(t) + E(t))$  διότι μπορούν και οι exposed να μολύνουν ως ασυμπτωματικοί.

Για τις τιμές μεταβλητών :

$$\beta = 3.6 \text{ weeks}^{-1}$$

$$\mu = 3.85 \times 10^{-4} \text{ weeks}^{-1}$$

$$r = 5 \times 10^{-1} \text{ weeks}^{-1}$$

$$\sigma = 0.5 \text{ weeks}^{-1}$$

$$\kappa = 1.3 \text{ weeks}^{-1}$$

$$\alpha = 0.065 \text{ weeks}^{-1}$$

$$\gamma = 1.4 \text{ weeks}^{-1}$$

Όσον αφορά τις αρχικές τιμές έχω  $E(0)=0$   $R(0)=0$  και κάνουμε δοκιμές για διάφορα  $S(0)$  και  $I(0)$  όπου βλέπουμε και τις αντίστοιχες γραφικές για κάθε πείραμα. Στα plot ισχύει η εξής αντιστοιχία :

$$x1 = S(t)$$

$$x2 = E(t)$$

$$x3 = I(t)$$

$$x4 = R(t)$$

Ο κώδικας είναι ο εξής :

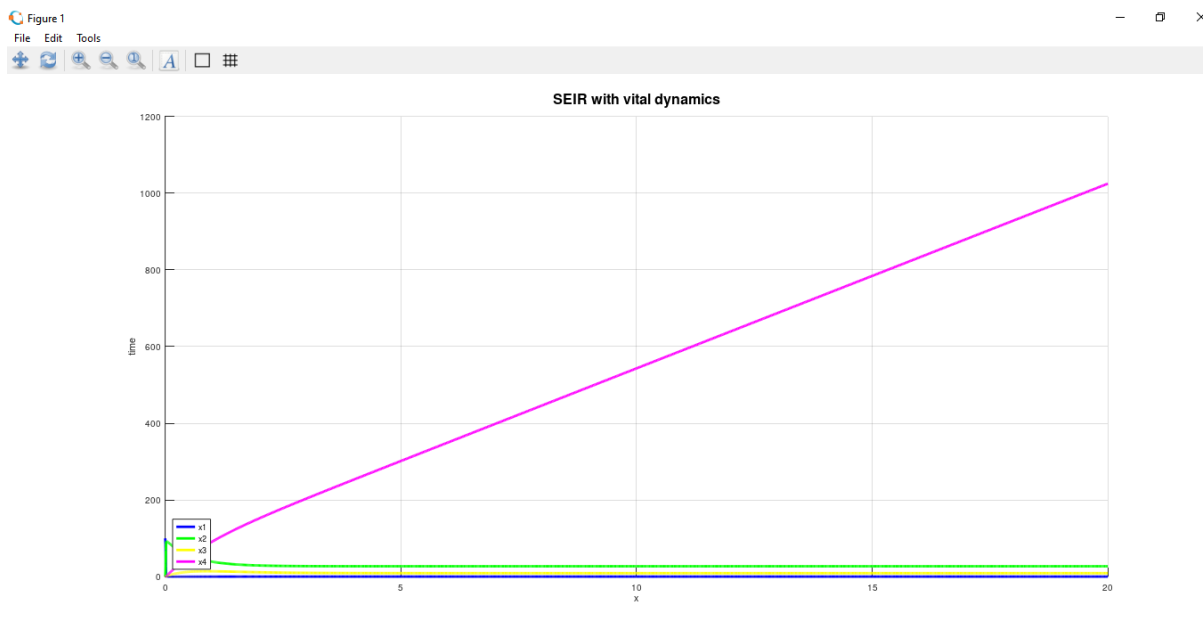
```
odefun.m x run.m x
1
2 line_color = ['b' 'g' 'y' 'm'];
3 s0 =100;
4 i0=10
5 [t,x] = ode45(@odefun,[0,20], [s0,0,i0,0],s0+i0)
6
7 ca = cell(1, length(line_color));
8 period = 100;
9
10
11 for k = 1 : length(line_color)
12 ca{k} = sprintf('x%d', k);
13 hold on
14
15 plot(t, x(:,k),'-', 'Color', line_color(k),'LineWidth',2)
16 grid on;
17 end
18
19
20
21 title('SEIR with vital dynamics','FontSize',16)
22 ylabel('time')
23 xlabel('x')
24
25 legend(ca, 'Location', 'southwest')
```

```

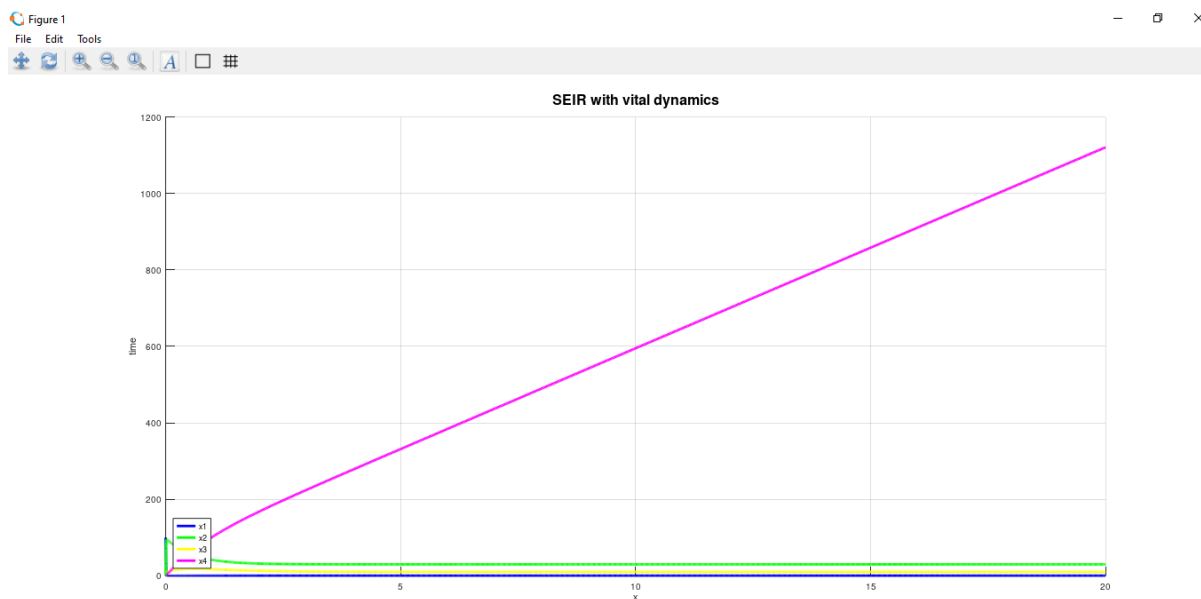
odefun.m x run.m x
1  ## Copyright (C) 2021 User
2  ##
3  ## This program is free software: you can redistribute it and/or modify
4  ## it under the terms of the GNU General Public License as published by
5  ## the Free Software Foundation, either version 3 of the License, or
6  ## (at your option) any later version.
7  ##
8  ## This program is distributed in the hope that it will be useful,
9  ## but WITHOUT ANY WARRANTY; without even the implied warranty of
10 ## MERCHANTABILITY or FITNESS FOR A PARTICULAR PURPOSE. See the
11 ## GNU General Public License for more details.
12 ##
13 ## You should have received a copy of the GNU General Public License
14 ## along with this program. If not, see <https://www.gnu.org/licenses/>.
15 ##
16 ## -*- texinfo -*-
17 ## @deftypefn {} {@var{retval} =} odefun (@var{input1}, @var{input2})
18 ##
19 ## @seealso{}
20 ## @end deftypefn
21 ##
22 ## Author: User <User@DESKTOP-UV50P3I>
23 ## Created: 2021-06-30
24
25 function xdot =odefun(t,x,k)
26
27     xdot = [-3.6 * (x(3)+x(2)) - 3.85 * 1^(-4) , 0,0,0 ; 3.6 * (x(3)+x(2)) ,
28             - 3.85 * 10^(-4) - 1.3 - 0.5, 0 ,0; 0 , 0.5 , -0.065 - 1.4 - 3.85 * 10^(-4),
29             0 ;0, 1.3 , 1.4 , -3.85 * 10^(-4)]*x+0.5*[k;0;0;0];
30 end
31

```

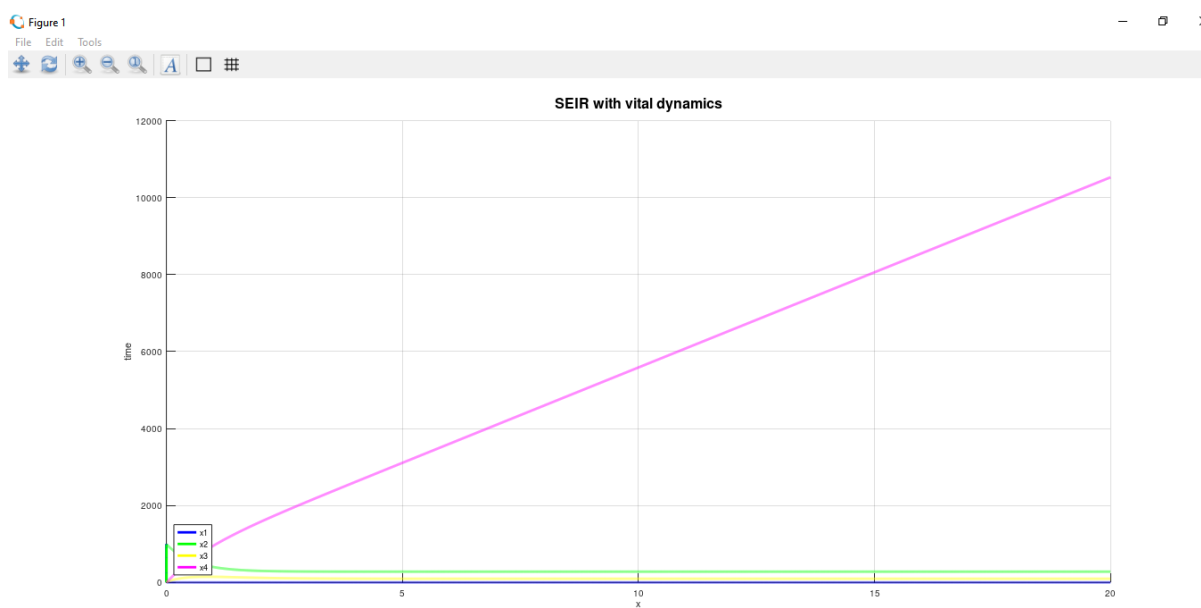
Παρακάτω φαίνονται μερικές από τις δοκιμές που κάναμε για τη δοκιμή του μοντέλου.  
Για  $S(0)=100$   $I(0)=1$



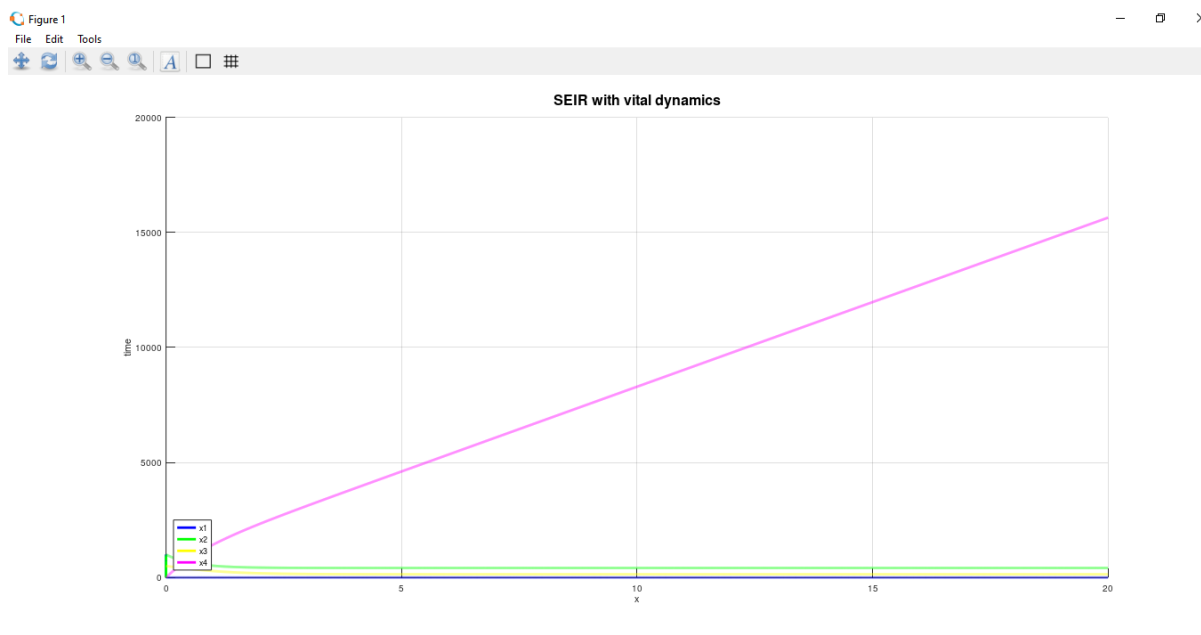
Για  $S(0)=100$   $I(0)=10$



Γ1α S(0) = 1000 I(0) = 10



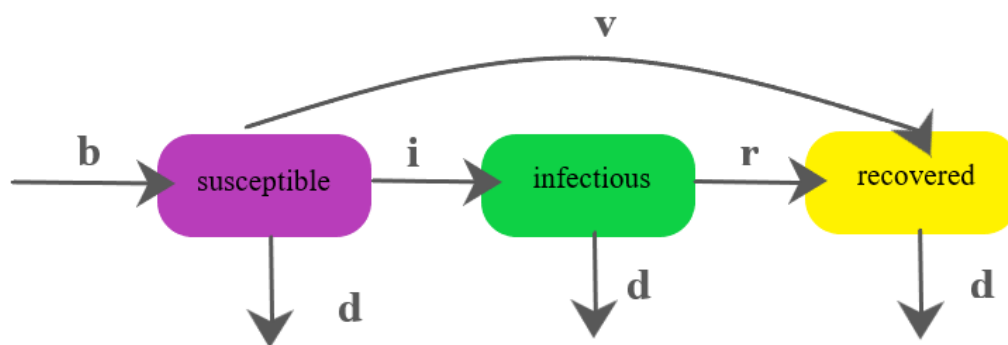
Γ1α S(0) = 1000 I(0) = 500



Παρατηρούμε ότι οι recovered είναι μια αυξουσα συνάρτηση ...και στη διάρκεια των εβδομάδων ολο ένα και αυξάνονται ...αυτό είναι λογικό καθώς όλο και κάποιος αρρωσταίνει ή εκτείνεται στον ιο και συνεπώς όλο και κάποιος καταλήγει με ανοσία. Οι susceptibles μειώνονται γιατί αν και έχουμε γεννήσεις έχουμε και θανάτους και αρκετούς που έρχονται σε επαφή με μολυσμένους άρα εκτείνονται.

## Πρόβλημα-02

Το μοντέλο SIR βασίζεται στο ότι σε πολλές ιογενείς ασθένειες το σώμα παράγει μόνιμη ανοσία, δηλαδή αφού κάποιος μολυνθεί και νοσήσει, κατόπιν δεν μπορεί να ξαναμολυνθεί. Το SIR περιγράφει πολύ καλά ασθένειες όπως η ανεμοβλογιά και η ιλαρά και περιγράφεται από 3 βασικές ομάδες. Τους susceptible που είναι ο πληθυσμός που δεν έχει νοσήσει. Τους infectious που είναι αυτοί που είναι μολυσμένοι και τους recovered που είναι αυτοί που έχουν αναρρώσει και έχουν ανοσία. Μπορούμε να αλλάξουμε τις εξισώσεις του SIR προσθέτοντας σαν συνθήκη πως κάποιοι εμβολιάζονται πριν νοσήσουν και έτσι αποκτάνε κατευθείαν ανοσία. Υποθέτουμε πως οι εμβολιασμοί γίνονται με ρυθμό  $\nu$ . Επίσης έχουμε τους φυσικούς θανάτους οι οποίοι γίνονται με ρυθμό  $d$ . Και τέλος έχουμε τις γεννήσεις που για τις ανάγκες του προβλήματος υποθέτουμε πως είναι ένας σταθερός αριθμός  $b$ . Οι susceptible γίνονται infectious με ρυθμό  $i$  ενώ οι infectious αναρρώνουν και γίνονται recovered με ρυθμό  $r$ . Παρακάτω φαίνεται το σχήμα που περιγράφει το αλλαγμένο SIR.



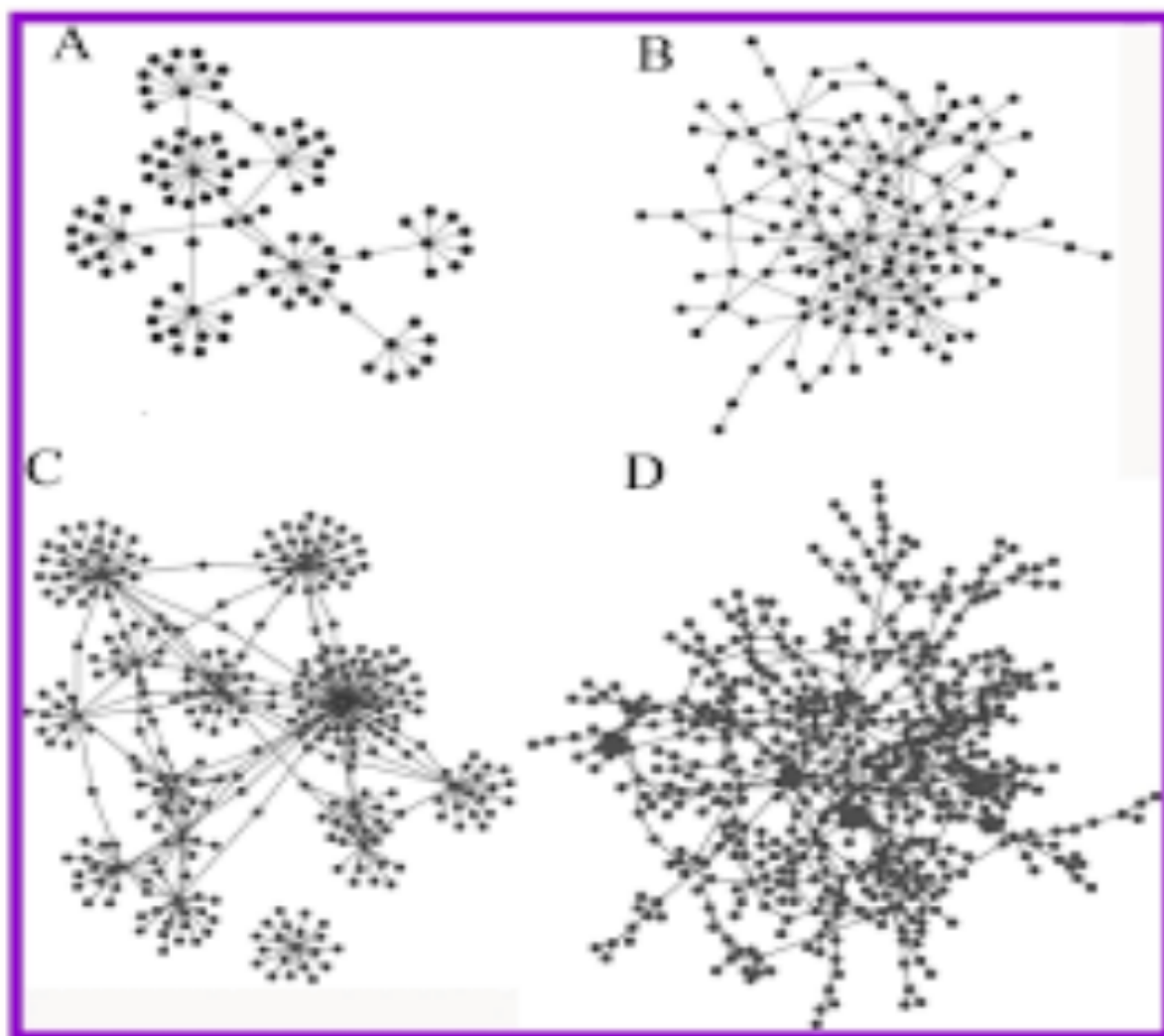
Οι διαφορικές εξισώσεις που προκύπτουν είναι :

$$\frac{dS(t)}{dt} = b - i \cdot S(t) \cdot I(t) - d \cdot S(t) - v \cdot S(t)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = i \cdot S(t) \cdot I(t) - d \cdot I(t) - r \cdot I(t)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = r \cdot I(t) + v \cdot S(t) - d \cdot R(t)$$

## Πρόβλημα-03



Assortativity ή assortative mixing είναι η προτίμηση κόμβων ενός δικτύου να προσκολλώνται σε άλλους κόμβους με τους οποίους είναι όμοιοι κατά κάποιο τρόπο . Παρόλο που το μέτρο ομοιότητας συχνά ποικίλει συνήθως η assortativity εξετάζεται με τους βαθμούς των κόμβων. Για παράδειγμα ένας κόμβος που είναι υψηλής σημασίας μεγάλου βαθμού ή αλλιώς hub αν συνδέεται με άλλους hub κομβους το δίκτυο μπορεί να χαρακτηριστεί assortative. Αλλιώς είναι disassortative . Όσον αφορά τα δωθέντα δίκτυα έχουμε :

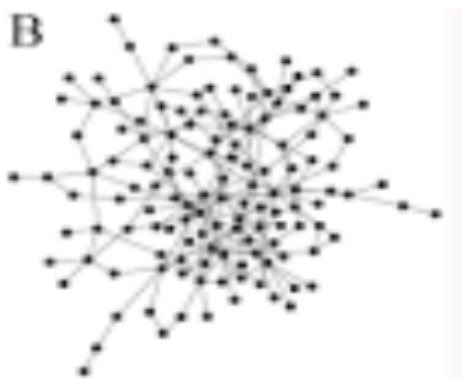
”

Το δίκτυο A είναι **dissortative** καθώς οι hub κόμβοι δεν συνδέονται με άλλους hub κόμβους αλλά όπως φαίνεται μεσολαβούν μεταξύ τους μη σημαντικοί κόμβοι

”







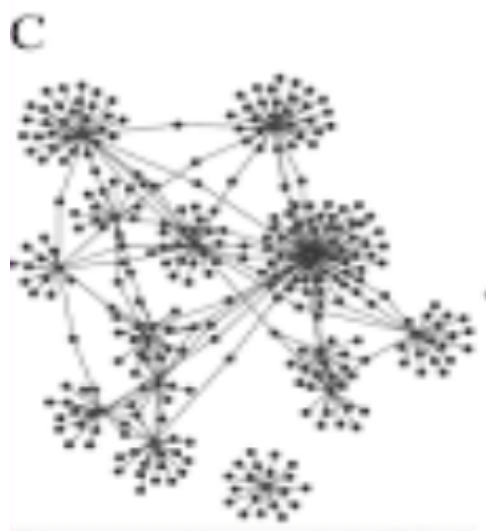
”

Το δίκτυο B είναι **assortative** καθώς βλέπουμε hub κόμβους να συνδέονται με άλλους hub κόμβους .

”

Το δίκτυο C είναι **dissortative** καθώς οι hub κόμβοι δεν συνδέονται με άλλους hub κόμβους αλλά όπως φαίνεται μεσολαβούν μεταξύ τους μη σημαντικοί κόμβοι.

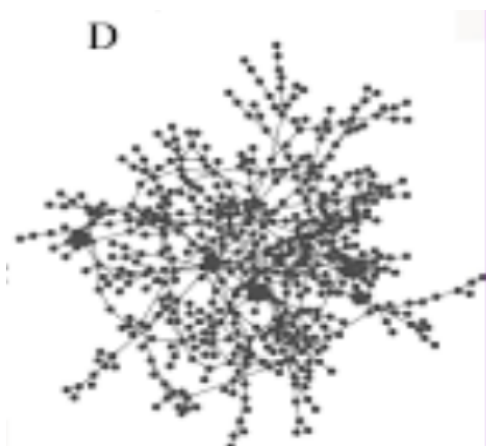
”



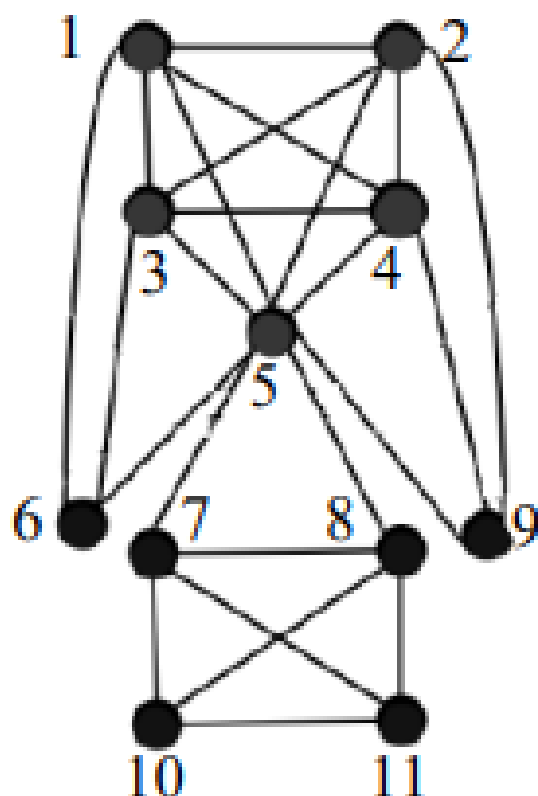
”

Το δίκτυο D είναι **assortative** καθώς υπάρχει μια ομοιότητα στον βαθμό των κόμβων οι οποίοι συνδέονται.

”



## Πρόβλημα-04



Ο PCI index ενός κόμβου είναι  $k$  αν δεν υπάρχουν περισσότεροι από  $k$  1-hop γείτονες του κόμβου με degree μεγαλύτερο του από  $k$ .

### Node 1

1-hop neighbor	its degree
2	5
4	5
3	5
5	8
6	3

increasing number	degree
1	8
2	5
3	5
4	5
5	3

Άρα  $PCI(1) = 4$

### Node 2

1-hop neighbor	its degree
1	5
4	5
3	5
5	8
9	3

increasing number	degree
1	8
2	5
3	5
4	5
5	3

$$\text{Apra PCI}(2) = 4$$

### Node 3

1-hop neighbor	its degree
1	5
2	5
4	5
5	8
6	3

increasing number	degree
1	8
2	5
3	5
4	5
5	3

$$\text{Apra PCI}(3) = 4$$

### Node 4

1-hop neighbor	its degree
1	5
2	5
3	5
5	8
9	3

increasing number	degree
1	8
2	5
3	5
4	5
5	3

$$\text{Apra PCI}(4) = 4$$

### Node 5

1-hop neighbor	its degree
1	5
2	5
3	5
4	5
6	3
9	3
7	4
8	4

increasing number	degree
1	5
2	5
3	5
4	5
5	4
6	4
7	3
8	3

$$\text{Apra PCI}(8) = 4$$

### Node 6

1-hop neighbor	its degree
1	5
3	5
5	8

increasing number	degree
1	8
2	5
3	5

$$\text{Apra PCI}(6) = 3$$

### Node 9

1-hop neighbor	its degree
2	5
4	5
5	8

increasing number	degree
1	8
2	5
3	5

$$\text{Apra PCI}(9) = 3$$

**Node 7**

1-hop neighbor	its degree
5	8
8	4
11	3
10	3

increasing number	degree
1	8
2	4
3	3
4	3

$$\text{Apra PCI}(7) = 3$$

**Node 8**

1-hop neighbor	its degree
5	8
7	4
11	3
10	3

increasing number	degree
1	8
2	4
3	3
4	3

$$\text{Apra PCI}(8) = 3$$

**Node 10**

1-hop neighbor	its degree
7	4
8	4
11	3

increasing number	degree
1	4
2	3
3	3

$$\text{Apra PCI}(10) = 3$$

**Node 11**

1-hop neighbor	its degree
7	4
8	4
11	3

increasing number	degree
1	4
2	3
3	3

$$\text{Apra PCI}(11) = 3$$

Εφόσον υπολογίσαμε τα PCI των κόμβων πρέπει να υπολογίσουμε και σε ποιο shell ανήκουν. Η διαδικασία για να βρούμε τα shells είναι η εξής . Υπολογίζω τα degrees των κόμβων και ξεκινάω από αυτούς που έχουν το μικρότερο και τους αφαιρώ και αντίστοιχα αφαιρώ όσους μετά την αφαίρεση μένουν με μικρότερο ή ίσο degree από αυτό που ορίσαμε ως μικρότερο πριν την έναρξη της συγκεκριμένης επανάληψης του αλγορίθμου. Οι κόμβοι που αφαιρούνται στην ίδια επανάληψη ανήκουν στο ίδιο shell.

1-hop neighbor	its degree
1	5
2	5
3	5
4	5
5	8
6	3
7	4
8	4
9	3
10	3
11	3

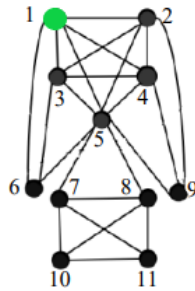
Άρα θα ξεκινήσουμε τον αλγόριθμο για τους κόμβους που έχουν degree 3 , αφού δεν υπάρχουν κόμβοι με degree 1 ή 2. Μερά τη λήξη του αλγορίθμου προκύπτουν τα παρακάτω 2 shells :

Shell για  $k=3$  : 9,6,10,11,8,7

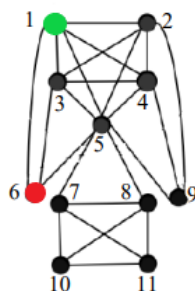
Shell για  $k=4$  : 1,2,3,4,5

Σύμφωνα με την εκφώνηση θέλω να ξεκινήσω μία μόλυνση contagion από τον κόμβο με το μεγαλύτερο PCI , όμως έχουμε πολλούς κόμβους με  $pci=4$  οπότε επιλέγουμε αυτόν με το μικρότερο id. Δηλαδή θα ξεκινήσουμε μια μόλυνση από τον κόμβο 1. Το μοντέλο contagion είναι το Linear Threshold με κατώφλι 0.29 , που σημαίνει

ότι για να μολυνθεί ένας κόμβος πρέπει να έχει μολυνθεί πάνω από το 29% των γειτόνων του.



Αρχίζουμε τη μόλυνση από τον κόμβο 1



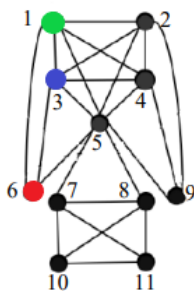
Εξετάζουμε τους γείτονες του 1.

Για τον 2 έχουμε 15 μολυσμένους δηλαδή το  $20\% = 0,2 < 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση δεν πάει στον 2 .

Για τον 3 έχουμε 15 μολυσμένους δηλαδή το  $20\% = 0,2 < 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση δεν πάει στον 3 .

Για τον 4 έχουμε 15 μολυσμένους δηλαδή το  $20\% = 0,2 < 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση δεν πάει στον 4 .

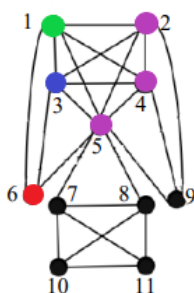
Για τον 6 έχουμε 13 μολυσμένους δηλαδή το  $33,3\% = 0,333 > 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση πάει στον 6 .



Εξετάζουμε τους γείτονες του 6 που μολύνθηκε στο προηγούμενο στάδιο.

Για τον 3 έχουμε 25 μολυσμένους δηλαδή το  $40\% = 0,4 > 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση πάει στον 3 .

Για τον 5 έχουμε 28 μολυσμένους δηλαδή το  $25\% = 0.25 < 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση δεν πάει στον 5 .



Εξετάζουμε τους γείτονες του 3 που μολύνθηκε στο προηγούμενο στάδιο.

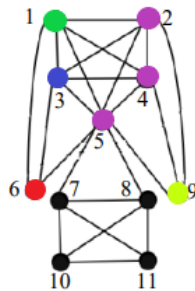
Για τον 5 έχουμε 38 μολυσμένους δηλαδή το  $37.5\% = 0.375 > 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση πάει στον 5 .

Για τον 2 έχουμε 25 μολυσμένους δηλαδή το  $40\% = 0.4 > 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση πάει στον 2 .

Για τον 4 έχουμε 25 μολυσμένους δηλαδή το  $40\% = 0.4 > 0.29$  που



είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση πάει στον 4 .



Εξετάζουμε τους γείτονες του 2,4,5 που δεν έχουν ακόμα μολυνθεί...επειδή αυτοί μολύνθηκαν στο προηγούμενο στάδιο και άρα πιθανώς να άλλαξαν τα ποσοστά.

Για τον 9 έχουμε 33 μολυσμένους δηλαδή το  $100\% = 1 > 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση πάει στον 9 .

Για τον 7 έχουμε 14 μολυσμένους δηλαδή το  $25\% = 0.25 < 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση δεν πάει στον 7 .

Για τον 8 έχουμε 14 μολυσμένους δηλαδή το  $25\% = 0.25 < 0.29$  που είναι το κατώφλι. Άρα η μόλυνση δεν πάει στον 8 .

Η μόλυνση σταματάει εδώ.

Οι μολυσμένοι κόμβοι ή αλλιώς οι κόμβοι στους οποίους θα εξαπλωθεί η μόλυνση είναι οι 1,2,3,4,5,6,9.

Παρατηρούμε ότι η μόλυνση δεν επεκτείνεται σε όλο το δίκτυο-γράφημα και αυτό συμβαίνει διότι υπάρχει μία κοινότητα με πυκνότητα-density μεγαλύτερη από 29% που είναι το κατώφλι και άρα καταφέρνει να κάνει block το cascade και να σταματήσει την εξάπλωση. Η κοινότητα αυτή είναι η 7,8,10,11 και αν παρατηρήσουμε για τον 7 ισχύει ότι  $\text{inner\_links} = 3$  ,  $\text{total\_links} = 4$  άρα  $d_7 = 3/4 = 75\%$ . Όμοια και ο 8 έχει  $d_8 = 3/4 = 75\%$ . Επομένως η κοινότητα που έμεινε αμόλυντη είχε density 75% και άρα μπλόκαρε τη μόλυνση-σταμάτησε την εξάπλωση.