



Politechnika Warszawska  
Wydział Elektroniki i Technik Informacyjnych

Grafy i Sieci (GIS)

---

# TEORIA GRAFÓW W MODELOWANIU EPIDEMII

SPRAWOZDANIE 1

---

*Michał Dobrzański*  
*mdobrzezan@mion.elka.pw.edu.pl*

*Maciej Janusz Krajsman*  
*M.Krajsman@stud.elka.pw.edu.pl*

Opiekun projektu:  
*mgr inż. Łukasz Błaszczuk*

5 listopada 2016

## 1 Szczegółowy opis merytoryczny zadania

Zadaniem projektowym jest **zaimplementowanie modelu SIS** rozwoju epidemii, zbadanie jego właściwości na grafach modelujących populację ludzi, w których wierzchołek odpowiada konkretnej osobie. Należy również porównać otrzymane wyniki z modelem ciągłym dla epidemii opisanym równaniami różniczkowymi.

Zadanie będzie polegało na **wygenerowaniu odpowiednich grafów losowych**, a następnie na uruchomieniu **algorytmu propagacji epidemii** (zgodnego z modelem SIS) dla wierzchołków tych grafów.

Otrzymane wyniki zostaną zestawione z wynikami otrzymanymi za pomocą równań różniczkowych. Dla przejrzystości utworzone zostaną wykresy porównujące oba podejścia. Dobór prezentowanych parametrów dla osi wykresów zostanie określony w trakcie tworzenia projektu.

## 2 Skrócony opis wykorzystywanych algorytmów

Do zrealizowania projektu potrzebny będzie algorytm generujący grafy losowe (sieci przypadkowe ewoluujące) według **modelu sieci Barabasiiego-Albert**.

W skrócie zaproponowana przez autorów **ewolucja sieci** (czyli zmiany struktury sieci w kolejnych odstępach czasowych) opisywana jest przez dołączanie nowych węzłów do istniejącej już sieci. Ten proces realizuje **regułę preferencyjnego dołączania**, która mówi o tym, że prawdopodobieństwo, że nowy wierzchołek utworzy połączenie do jednego ze starszych wierzchołków jest wprost proporcjonalne do stopnia wierzchołka starszego.

W każdej kolejnej chwili czasowej (kolejnym kroku ewolucji) dodawany jest **jeden nowy wierzchołek oraz stała (określona parametrem) liczba nowych krawędzi**.

Początkowo sieć Barabasiiego-Albert jest grafem pełnym (całkowicie połączony klaster węzłów).

### 2.1 Model SIS

**Model SIS** opiera się na zestawie równań różniczkowych, które opisują **rozprzestrzanie się chorób zakaźnych**. Służy do określania, czy dana choroba **zaniknie**, czy

**ustali się** na konkretnym poziomie. Jest najbardziej ogólnym modelem matematycznym tego zjawiska — nie uwzględnia np. przypadków nosicielstwa i uodpornienia, istnienia osobników w fazie utajonej choroby czy urodzeń chorych. Stan populacji w tym modelu opisany jest **tylko jedną zmienną ( $I$ )**, która reprezentuje liczbę osobników zainfekowanych. Założenia modelu:

- Jednostki mogą znajdować się w jednym z dwóch stanów:
  - S (susceptible)** (*ang. podatni*) — jednostki zdrowe, podatne na zakażenie
  - I (infected)** (*ang. zainfekowani*) — jednostki chore, mogące zakażać
- $S(t)$  = liczba jednostek zdrowych
- $I(t)$  = liczba jednostek chorych
- $N$  = liczebność populacji.  $N = S(t) + I(t)$ ,  $N = \text{const.}$  → Liczba urodzeń jest równa liczbie zgonów
- Jednostki rodzą się zdrowe
- Do zakażenia może dojść na skutek kontaktu jednostki zdrowej i chorej
- $\mu$  = współczynnik urodzeń/zgonów,  $\mu = \text{const.}$
- $\gamma$  = współczynnik ozdowień,  $\gamma = \text{const.}$

Równania opisujące model:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu(N - S) + \gamma I \quad (1)$$

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

Gdzie (1) określa tempo zmian liczebności grupy S (zdrowych), a (2) — w grupie I (chorych).

## Bibliografia

- [1] Fronczak Agata, Fronczak Piotr „Świat sieci złożonych”,  
Wyd. I, Warszawa, wyd. PWN, 2009, ISBN: 978-83-01-15987-0.