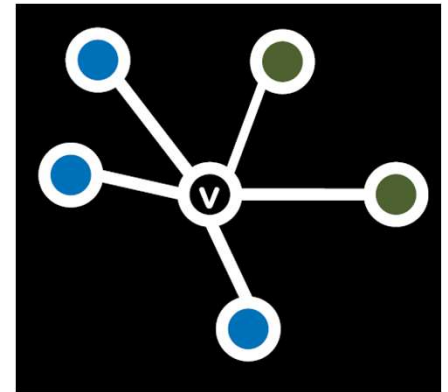


Contagio probabilistico e Modelli di influenza

Modelli per il Network Cascade

Finora abbiamo visto: modelli basati sulle decisioni

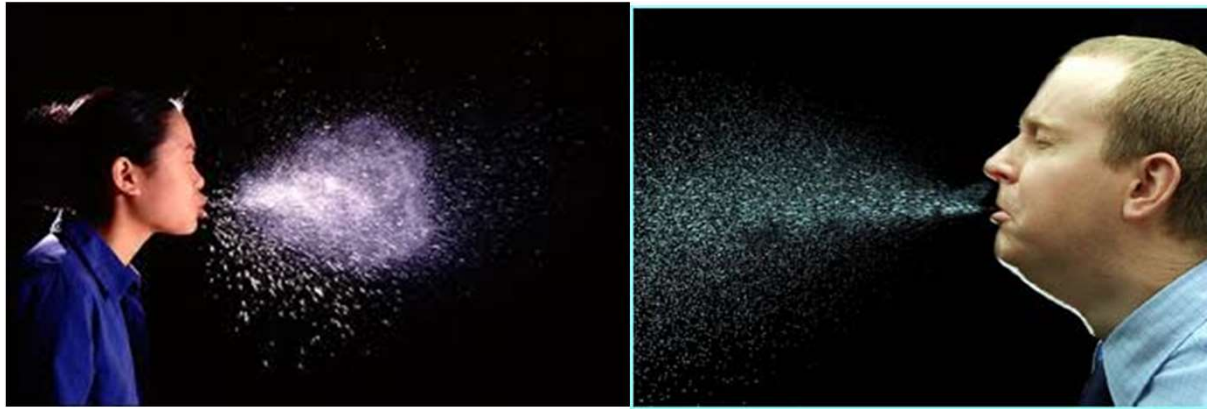
- basati sul profitto
- deterministici
- “node centric”: un nodo osserva le decisioni dei suoi adiacenti e prende una decisione
- richiede la conoscenza di molti dati



Ora vedremo: modelli probabilistici

- si prendono decisioni osservando i dati
- si perde “il perché si fanno le cose”
- epidemic spread

Epidemie



Capire come si diffonde un virus o una epidemia è di grande interesse per

- la sanità
- i sociologi
- i matematici

La **rete dei contatti** tra i vari soggetti ha chiaramente un ruolo importante per il diffondersi di una epidemia

Epidemie

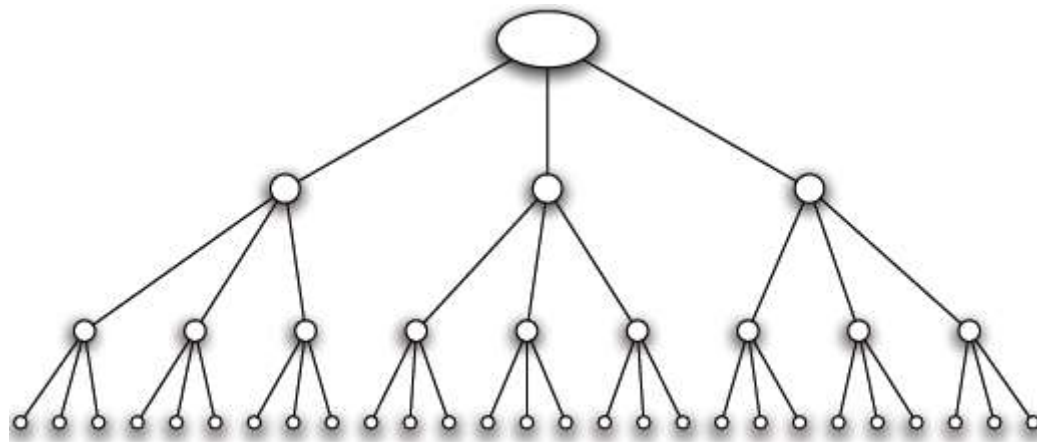
- la diffusione di una epidemia è modellata attraverso un **processo casuale** su un grafo (rappresentante la rete dei contatti)
- le domande a cui rispondere sono:
 - come cresce la popolazione infetta?
 - l'epidemia coprirà la maggior parte della rete?
 - come possiamo contenere la diffusione dell'epidemia?

La **diffusione delle idee** e lo **spread di influenza** può essere modellato come una epidemia.

Un semplice modello

Branching process: Una persona trasmette la malattia a ciascuna persona che incontra indipendentemente con probabilità p

- una persona infetta incontra k (nuove) persone mentre è contagioso
- l'infezione progredisce in ondate (waves)

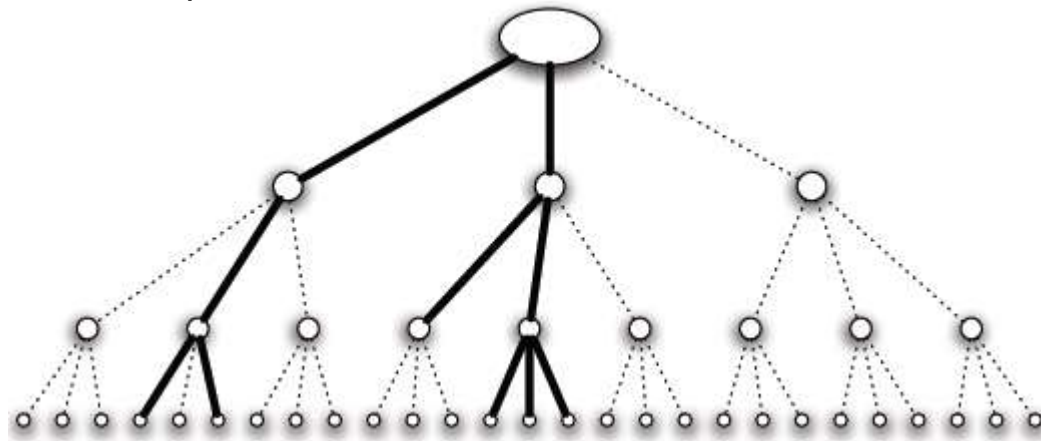


La rete di contatti è
un **albero** con
branching factor **k**

Diffusione dell'infezione

- siamo interessati al numero di persone infette e alla durata del processo di infezione
- questo dipende dalla probabilità di infezione p e dal branching factor k

Esempio 1



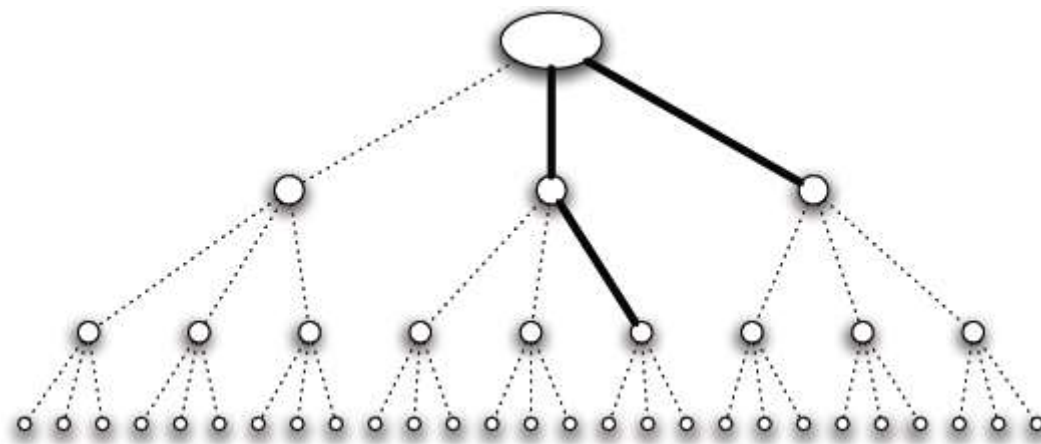
l'epidemia sopravvive
dopo tre step

un'epidemia aggressiva
con alta probabilità di
infezione

Diffusione dell'infezione

- siamo interessati al numero di persone infette e alla durata del processo di infezione
- questo dipende dalla probabilità di infezione p e dal branching factor k

Esempio 2



l'epidemia **si ferma**
dopo due step

un'epidemia lieve con
bassa probabilità di
infezione

Basic reproductive number

Basic reproductive number (R_0) : il numero aspettato di nuovi casi di malattia causati da un singolo individuo

$$R_0 = kp$$

Teorema

- (a) Se $R_0 < 1$ allora con probabilità 1, l'infezione *terminerà* dopo un numero finito di step
- (b) Se $R_0 > 1$ allora con probabilità maggiore di 0, l'infezione *persisterà* infettando almeno una persona in ciascuna ondata

Dimostrazione

X_n : variabile casuale indicante il numero di nodi infetti a livello n nell'albero (dopo n step)

X_n^i : variabile casuale indicante il numero di nodi infetti a livello n nel sottoalbero i -simo (dopo n step), per $i=1, \dots, k$

$q_n = \Pr[X_n \geq 1]$: probabilità che esiste almeno 1 nodo infetto dopo n step

$q^* = \lim_{n \rightarrow \infty} q_n$: probabilità nodi infetti quando $n \rightarrow \infty$

Dimostrazione

Ciascun figlio della radice comincia un branching process di lunghezza $n-1$

Valutiamo q_n

$$q_n = \Pr[X_n \geq 1]$$

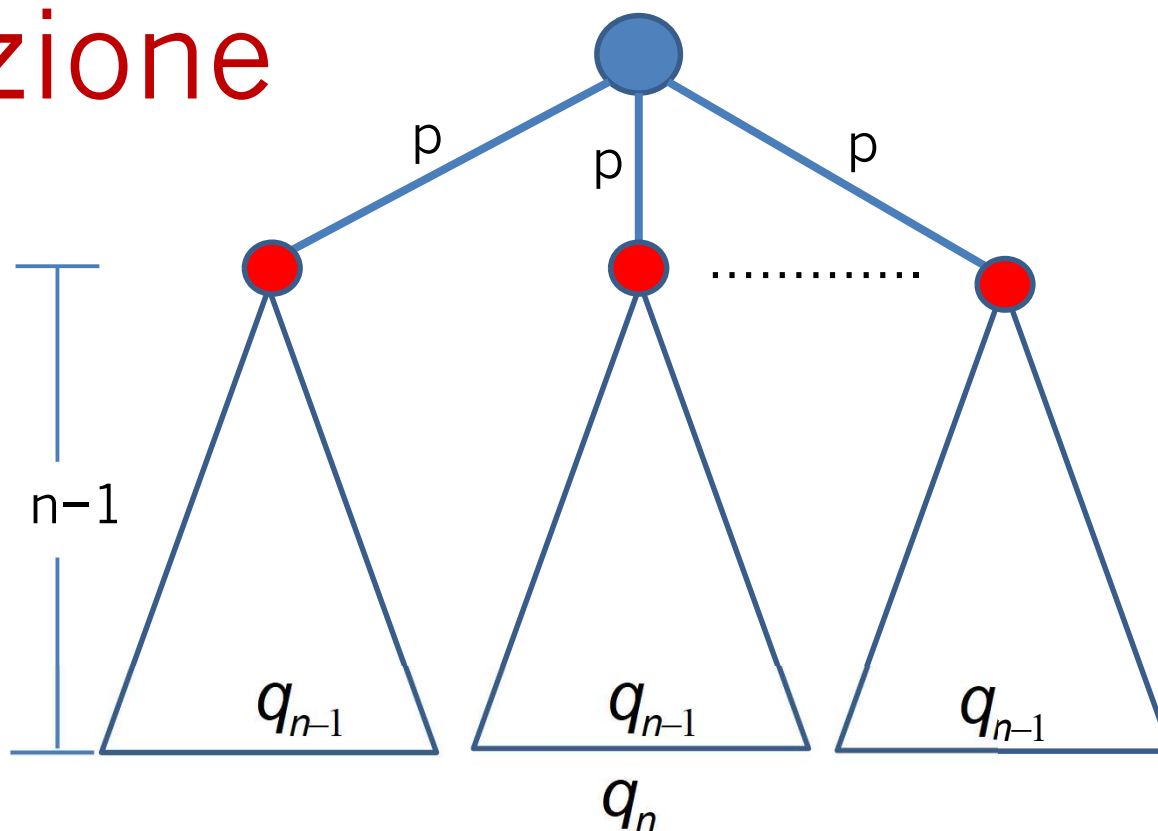
$$= 1 - \Pr[X_n \leq 0]$$

$$= 1 - \{\Pr[X_n^1 \leq 0] \Pr[X_n^2 \leq 0] \dots \Pr[X_n^k \leq 0]\}$$

$$= 1 - \{(1 - \Pr[X_n^1 \geq 1])(1 - \Pr[X_n^2 \geq 1]) \dots (1 - \Pr[X_n^k \geq 1])\}$$

$$= 1 - \{(1 - q_{n-1}p)(1 - q_{n-1}p) \dots (1 - q_{n-1}p)\}$$

$$= 1 - (1 - pq_{n-1})^k$$

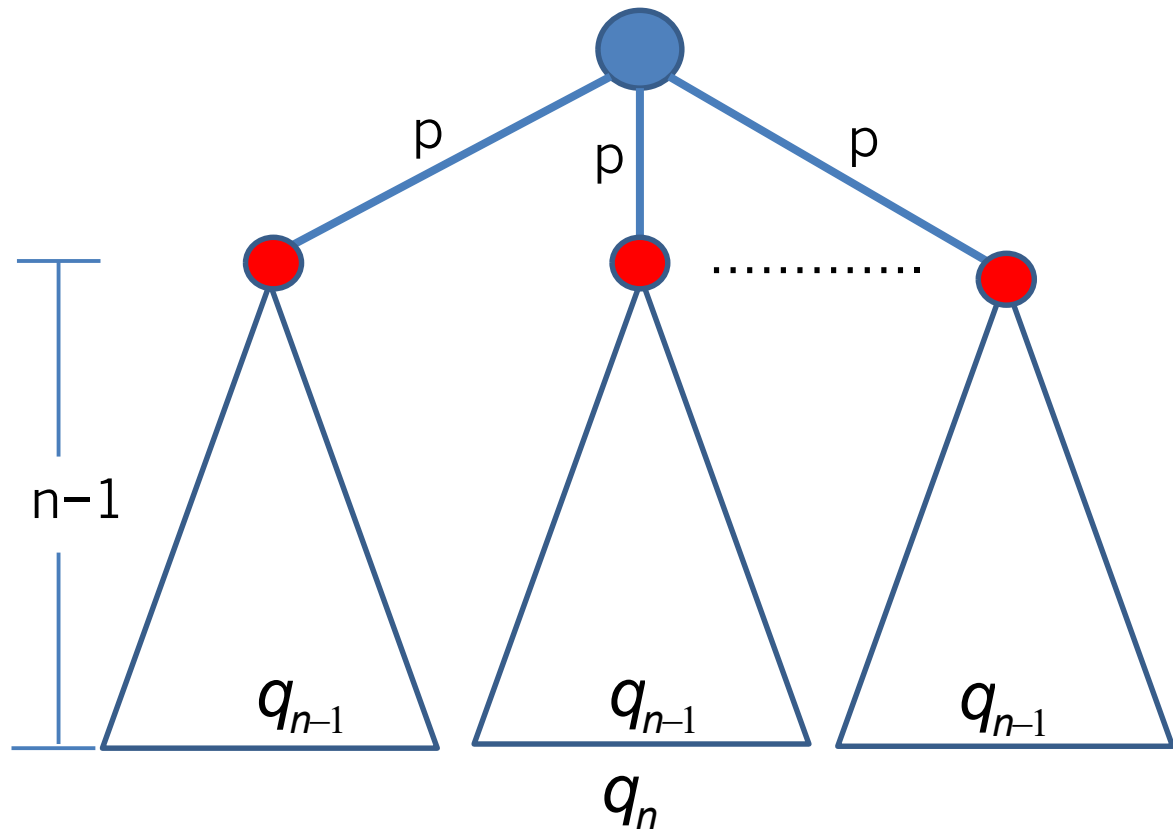


Dimostrazione

Ciascun figlio della radice
comincia un branching
process di lunghezza $n-1$

$$q_n = 1 - (1 - pq_{n-1})^k$$

Se $f(x) = 1 - (1 - px)^k$
allora $q_n = f(q_{n-1})$



Considerando che $q_0 = 1$

Abbiamo una serie di valori: $1, f(1), f(f(1)), f(f(f(1))), \dots$

Vogliamo trovare il valore a cui converge questa serie

Dimostrazione

Proprietà della funzione $f(x) = 1 - (1 - px)^k$

$$f(0) = 0$$

$$f(1) = 1 - (1 - p)^k < 1$$

$f'(x) = pk(1 - px)^{k-1} > 0$ la nostra funzione è
crescente e concava

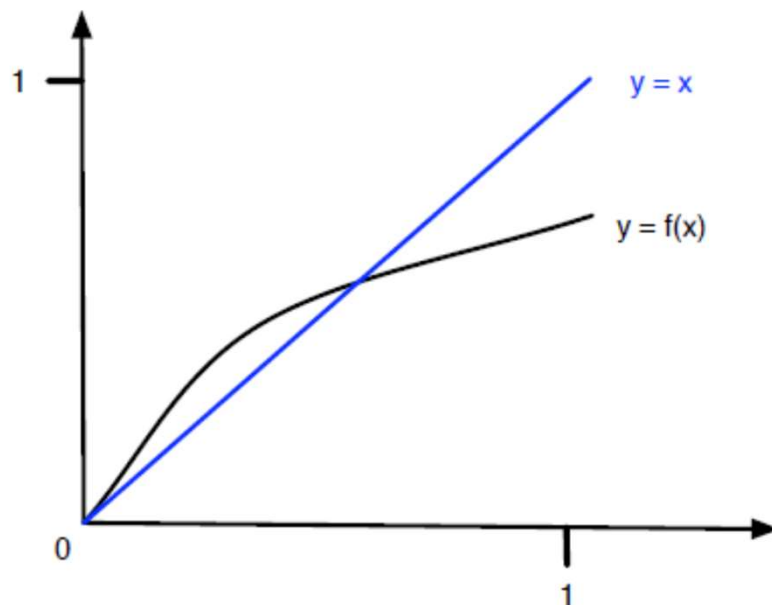
$$f'(0) = pk = R_0$$

Dimostrazione

$$\begin{aligned} f(0) &= 0 & f(1) &= 1 - (1-p)^k < 1 \\ f'(x) &= pk(1-px)^{k-1} > 0 & f'(0) &= pk = R_0 \end{aligned}$$

Caso 1. $R_0 = pk > 1$

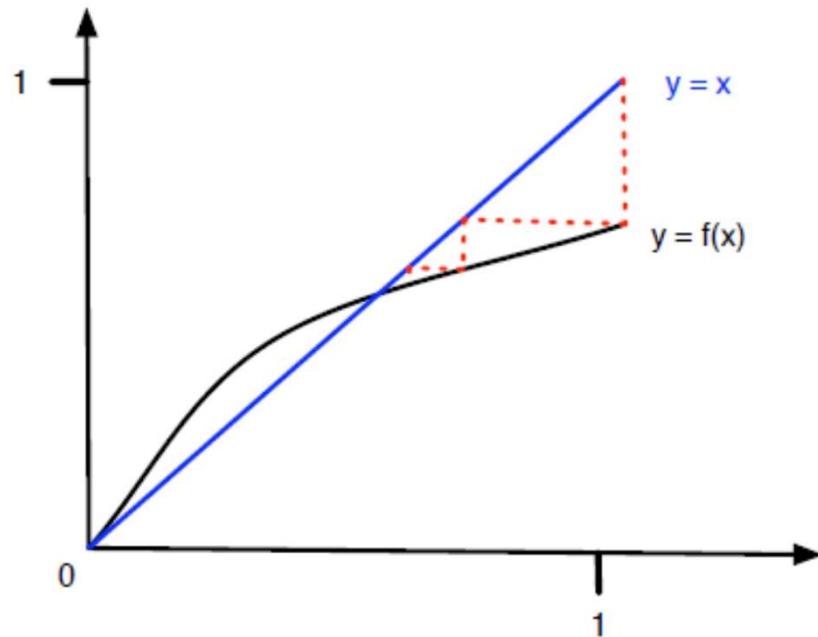
La funzione parte sopra la retta $y = x$
ma poi passa sotto



$f(x)$ attraversa la retta
 $y = x$ in qualche punto

Dimostrazione

A partire dal valore 1, ripetute applicazioni della funzione $f(x)$ convergeranno in un valore $q^* = q_n = f(q_n)$ che coincide con l'intersezione tra la funzione e la retta



Ricorda che $f(1) < 1$ quindi la retta $y=x$ è sopra la funzione in $x=1$.

Considera che il punto di intersezione tra $f(x)$ e $y=x$ coincide con il punto in cui $f(x)=x$ che è il punto di convergenza della nostra serie, che quindi vale $x=f(x) > 0$

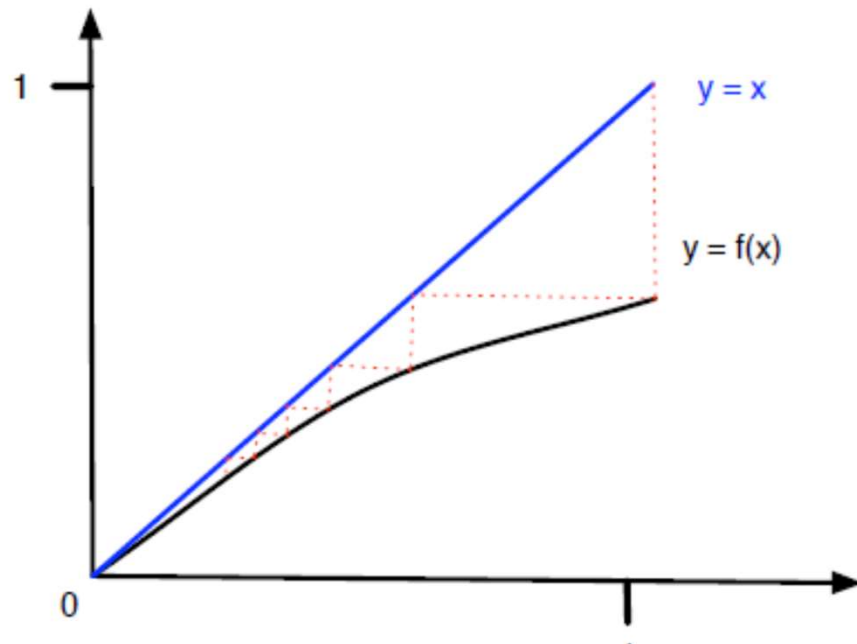
Quindi da un certo step in poi la prob che esista un nodo infetto è sempre la stessa ed è > 0

Dimostrazione

$$\begin{aligned} f(0) &= 0 & f(1) &= 1 - (1-p)^k < 1 \\ f'(x) &= pk(1-px)^{k-1} > 0 & f'(0) &= pk = R_0 \end{aligned}$$

Caso 2. $R_0 = pk < 1$

La funzione parte sotto la retta $y = x$
ripetute applicazioni della funzione $f(x)$ convergono
a zero



Modelli per la diffusione di malattie

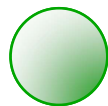
Ora considereremo modelli per la diffusione di malattie più complessi del branching model

SIR model

- Ciascun nodo può essere in uno dei seguenti stati:
 - **Susceptible**: in salute ma non immune
 - **Infected**: ha il virus e può propagarlo attivamente
 - **Removed**: (immune o morto) ha il virus ma non è più attivo
- Parametro p : la **probabilità** che un nodo Infetto contagi un adiacente Susceptible
- Diagramma di stato di un nodo:



Susceptible



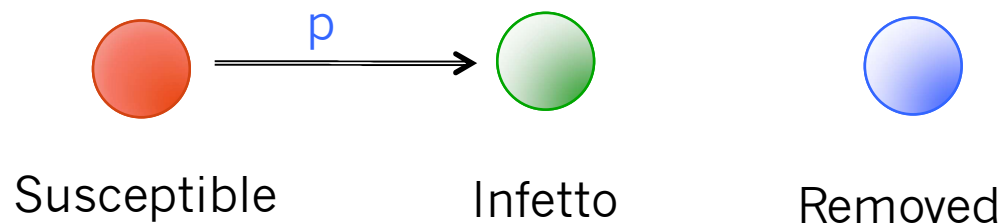
Infetto



Removed

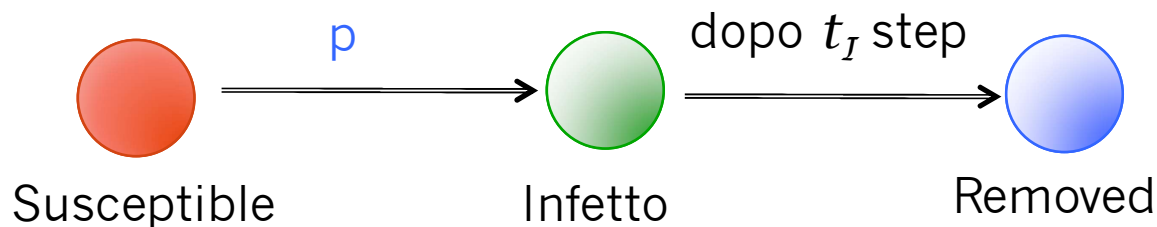
SIR model

- Ciascun nodo può essere in uno dei seguenti stati:
 - **Susceptible**: in salute ma non immune
 - **Infected**: ha il virus e può propagarlo attivamente
 - **Removed**: (immune o morto) ha il virus ma non è più attivo
- Parametro p : la **probabilità** che un nodo Infetto contagi un adiacente Susceptible
- Diagramma di stato di un nodo:



SIR process

- Inizialmente tutti i nodi sono in uno stato S(usceptible), eccetto pochi nodi che sono nello stato I(nfetto)
- Un nodo infetto rimane tale per t_I step.
 - caso semplice: $t_I = 1$
- In ciascuno dei t_I step, il nodo I(nfetto) ha probabilità p di infettare un qualunque adiacente S(usceptible)
 - p : probabilità di infettare
- Dopo t_I step, il nodo è R(removed)

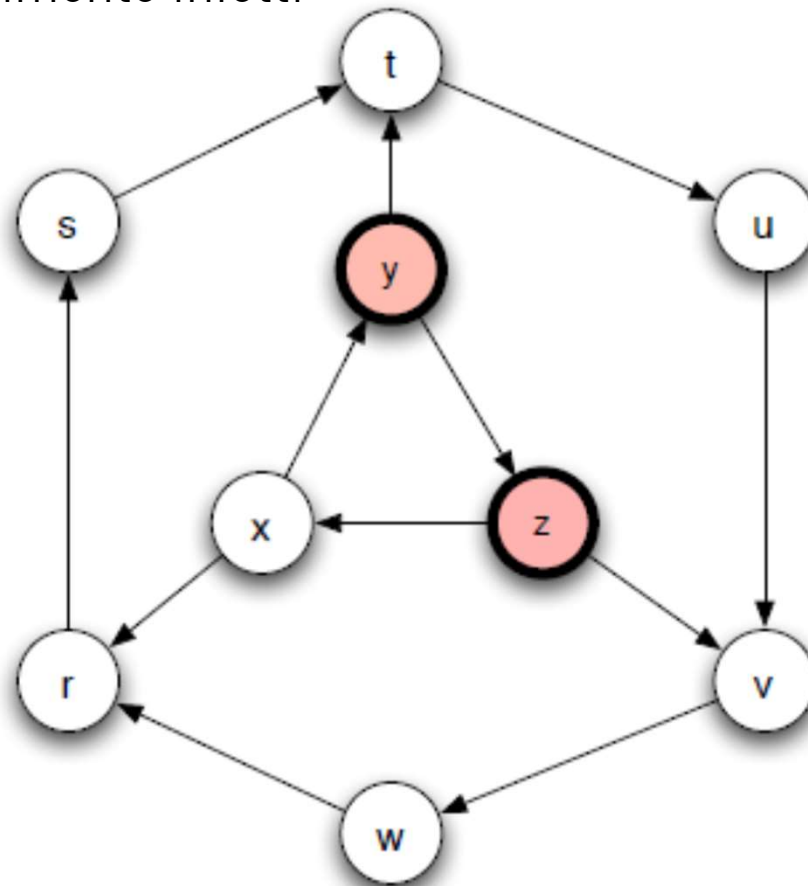


Esempio

$S=\{y,z\}$

insieme di nodi inizialmente infetti

$t_I = 1$

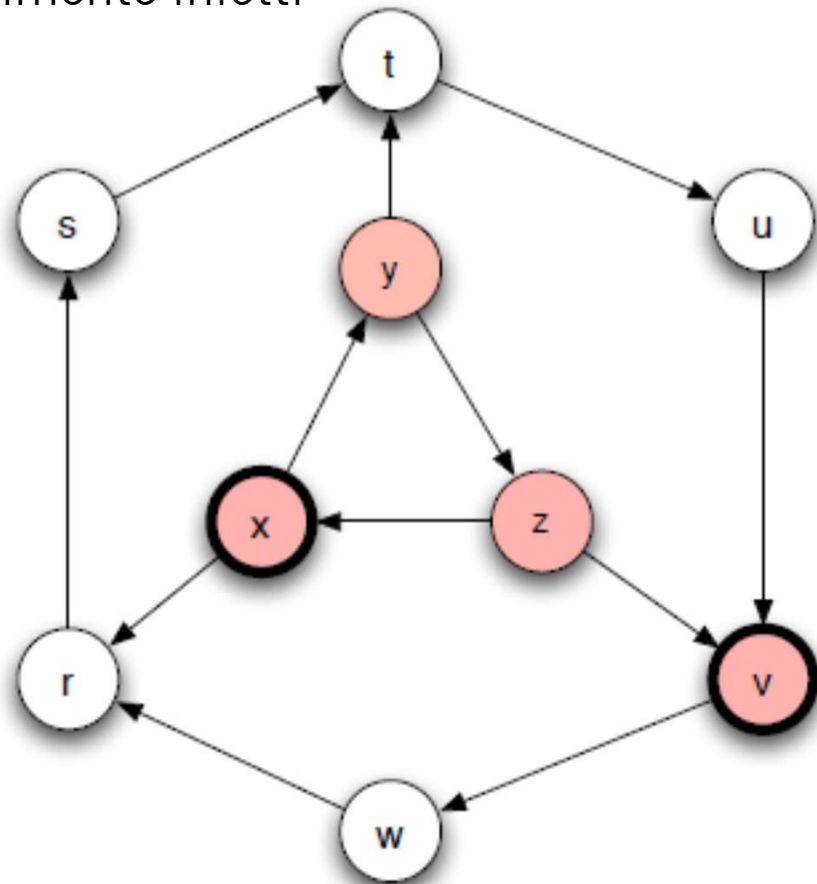


Esempio

$S=\{y,z\}$

insieme di nodi inizialmente infetti

$t_I = 1$

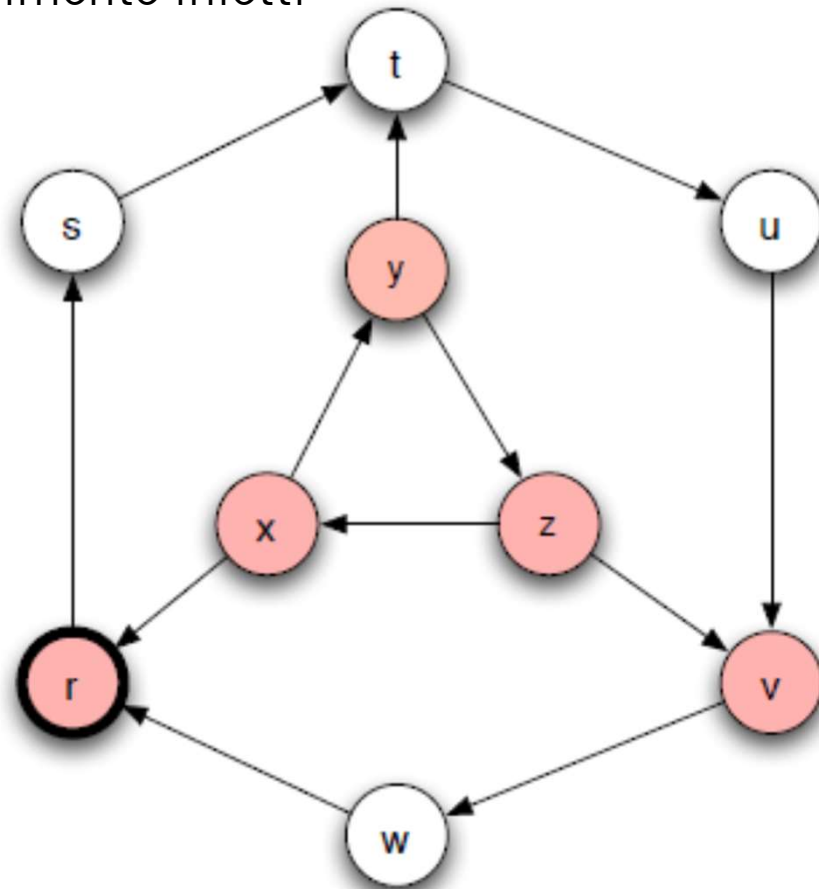


Esempio

$S = \{y, z\}$

insieme di nodi inizialmente infetti

$t_I = 1$

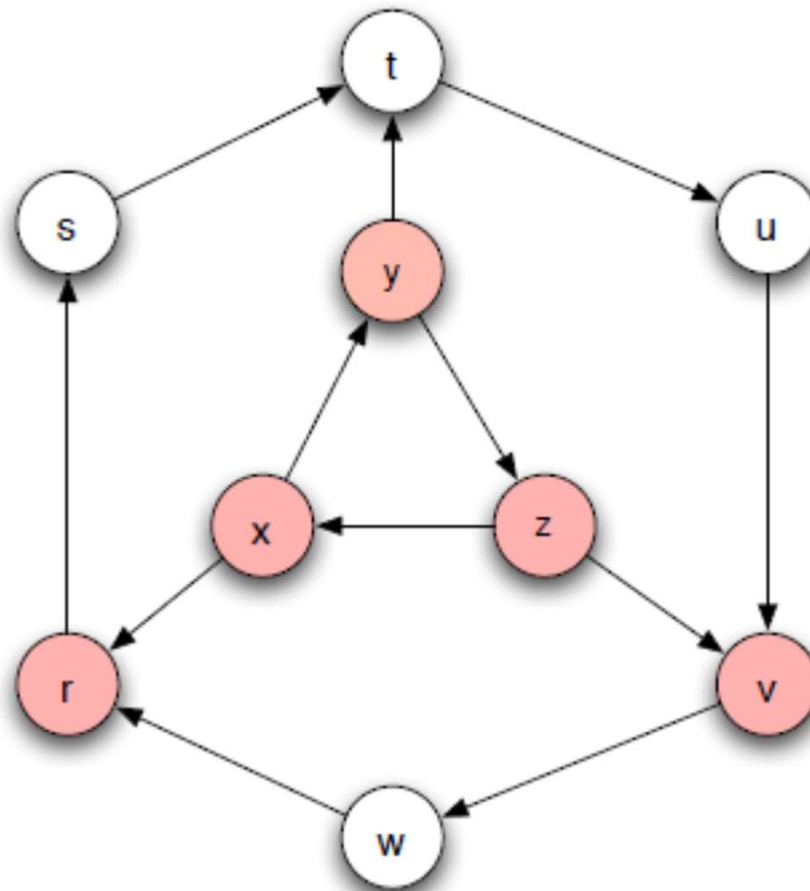


Esempio

$S = \{y, z\}$

insieme di nodi inizialmente infetti

$t_I = 1$



SIR e Branching process

- Il branching process è un caso speciale in cui il grafo è un albero (e il nodo infetto iniziale è la radice)
 - l'esistenza di triangoli (cioè la possibilità di essere infettato da più adiacenti) fa una “grande” differenza
- Nel modello SIR, il basic reproductive number non dà necessariamente informazioni

SIR e Branching process

Esempio

Assumiamo $p=2/3$

R_0 = il numero aspettato di nuovi casi causati da un singolo nodo infetto = $4/3 > 1$

Probabilità di fallire a ciascun livello e quindi di fermarsi $\geq (1/3)^4 = 1/81$

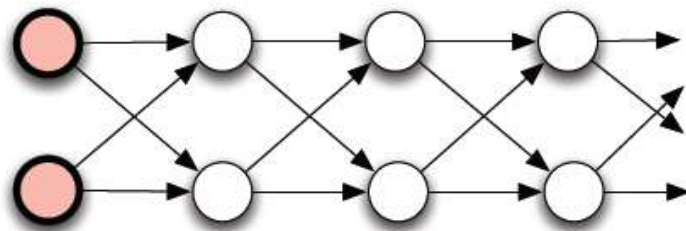


Figure 21.3: In this network, the epidemic is forced to pass through a narrow “channel” of nodes. In such a structure, even a highly contagious disease will tend to die out relatively quickly.

Percolation

Percolation: la rete è vista come una serie di “pipe” (canali) che possono trasportare dei liquidi; tali canali possono essere **aperti**, o **chiusi**

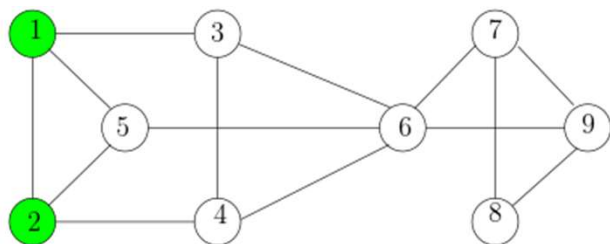
- Se il liquido entra nella rete da un nodo, riuscirà a raggiungere la maggior parte della rete?
 - la rete è **pervasiva**?

SIR e Percolation

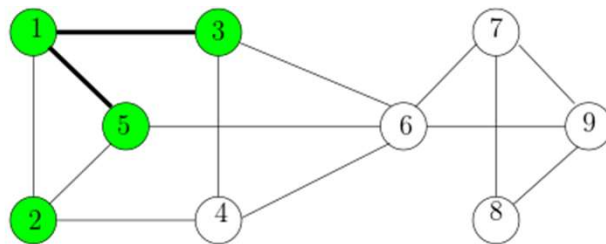
C'è una connessione tra il modello SIR e la Percolation

- Quando un virus è trasmesso da u a v , l'arco (u,v) è **attivato** con probabilità p
- Possiamo assumere che le attivazioni degli archi avvengano in anticipo, così da considerare il grafo input come costituito dai **sol** **archi attivi**
- Quali nodi saranno infettati?
 - i nodi **raggiungibili** dai nodi infettati inizialmente
- Abbiamo così trasformato il **processo SIR dinamico** in uno **statico**
 - questa è essenzialmente la percolation (pervasiione) del grafo

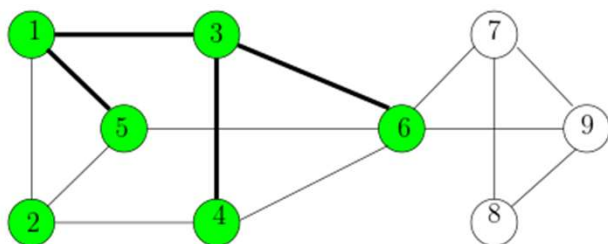
Esempio



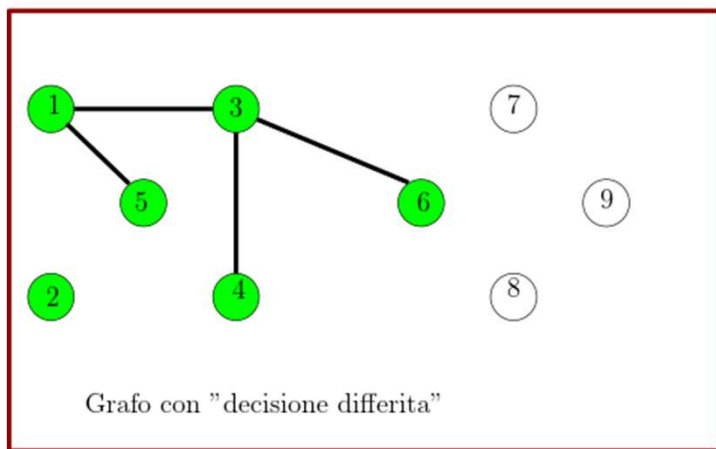
Step 0



Step 1



Step 2



Esempio

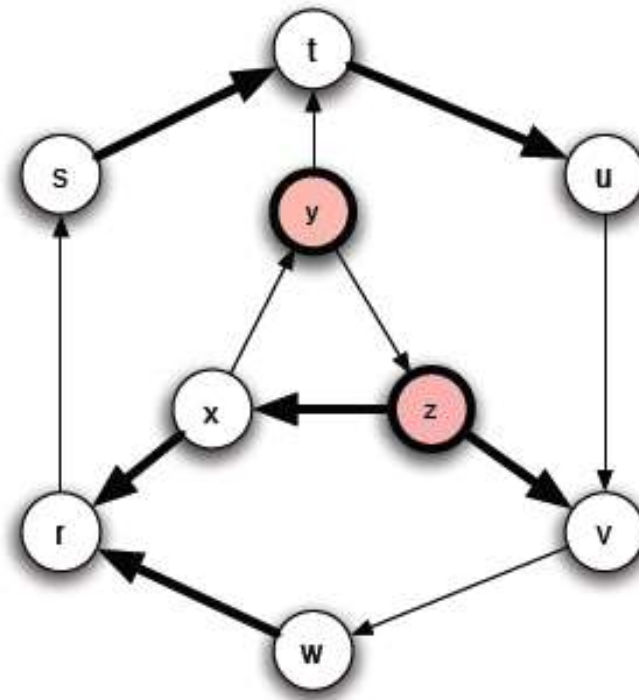
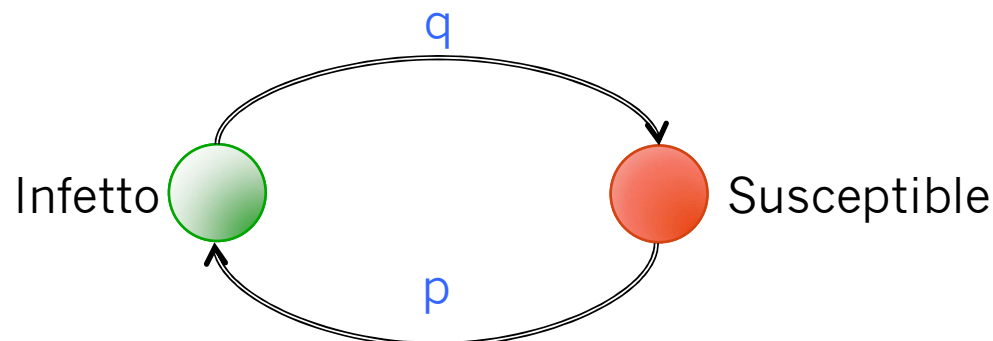


Figure 21.4: An equivalent way to view an SIR epidemic is in terms of *percolation*, where we decide in advance which edges will transmit infection (should the opportunity arise) and which will not.

SIS model

Susceptible – Infected – Susceptible

- Susceptible: in salute ma non immune
- Infected: ha il virus e può attivamente propagarlo
- Un nodo **Infetto** contagia un adiacente **Susceptible** con probabilità p
- Un nodo **Infetto** diventa **Susceptible** di nuovo con probabilità q (o dopo t_I step)
 - nella versione semplificata del modello: $q=1$
- Lo stato dei nodi si alterna tra **Infetto** e **Susceptible**



Esempio

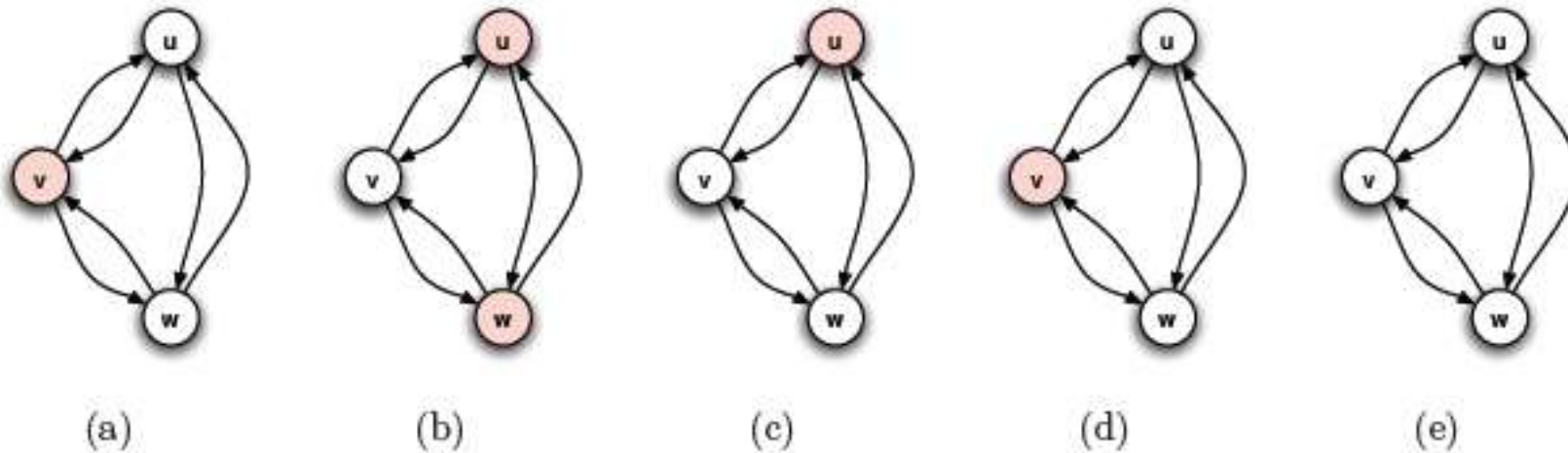


Figure 21.5: In an SIS epidemic, nodes can be infected, recover, and then be infected again. In each step, the nodes in the Infectious state are shaded.

Quando non vi sono più nodi infetti, il virus muore

Vi sono delle condizioni affinché il virus muoia?

SIS model

Epidemic threshold

tasso di natalità del virus

La forza del virus = p/q

tasso di mortalità del virus

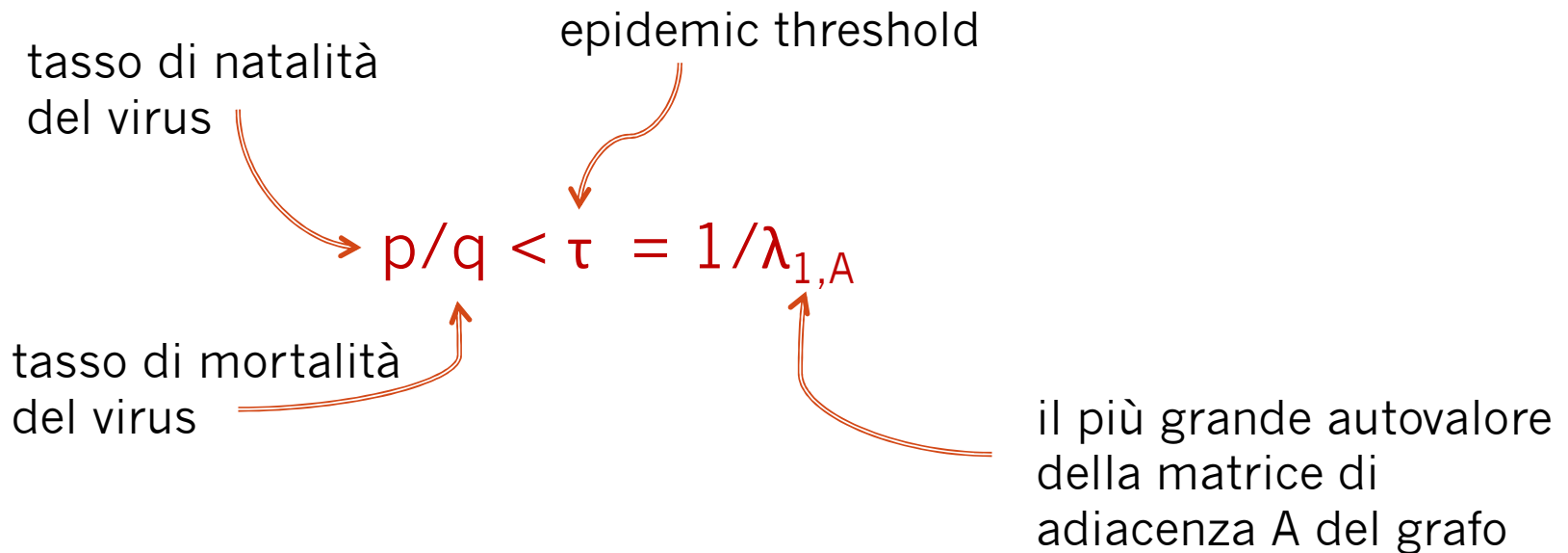
L'**epidemic threshold** τ di un grafo G è la soglia al disotto della quale il contagio non può avvenire, cioè $p/q < \tau$

Dato un grafo, quale è il suo epidemic threshold?

SIS model

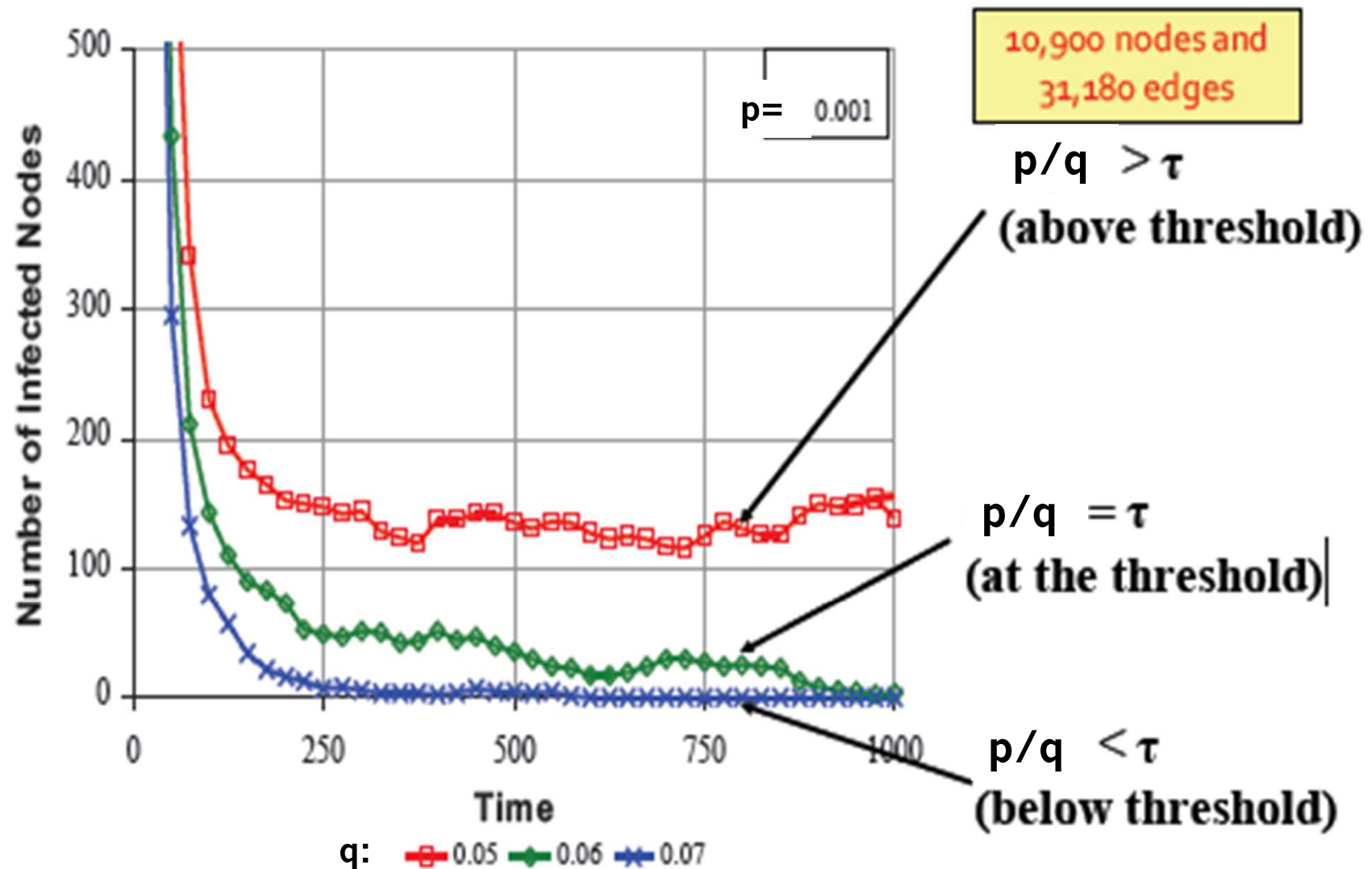
Epidemic threshold

Non c'è contagio se :



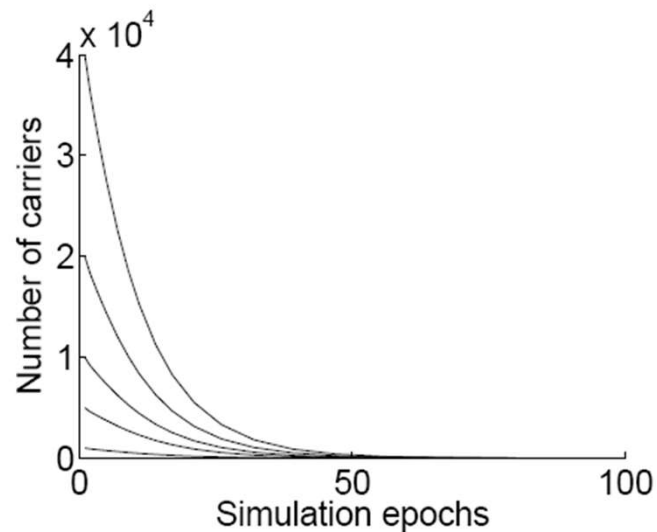
Y. Wang, D. Chakrabarti, C. Wang, C. Faloutsos. *Epidemic Spreading in Real Networks: An Eigenvalue Viewpoint*. SRDS 2003

Esperimenti (AS graph)

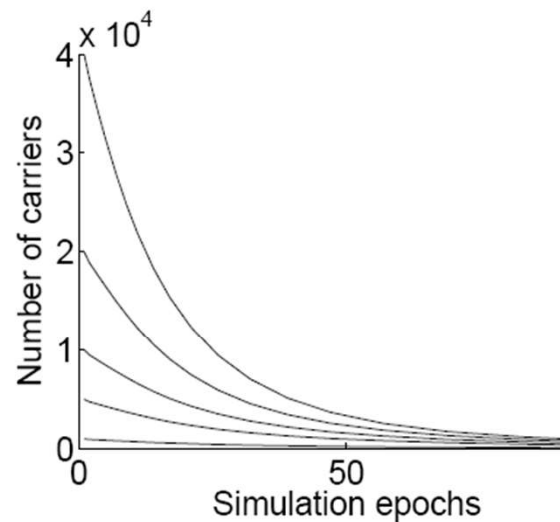


Esperimenti

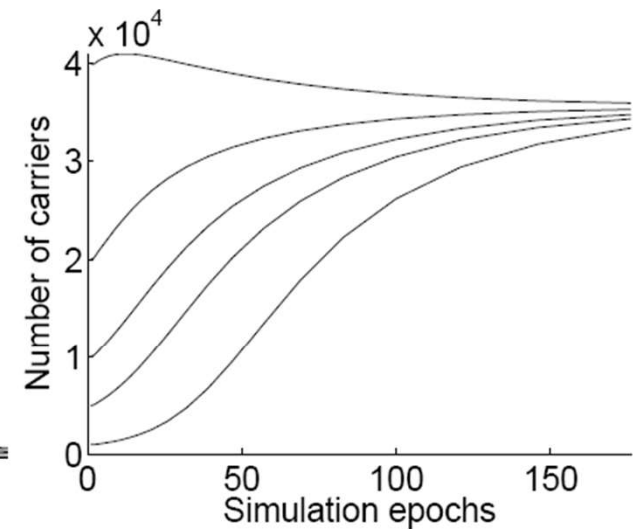
Ha importanza il numero di persone che sono infette inizialmente?



(a) Below the threshold,
 $p/q = 0.912$

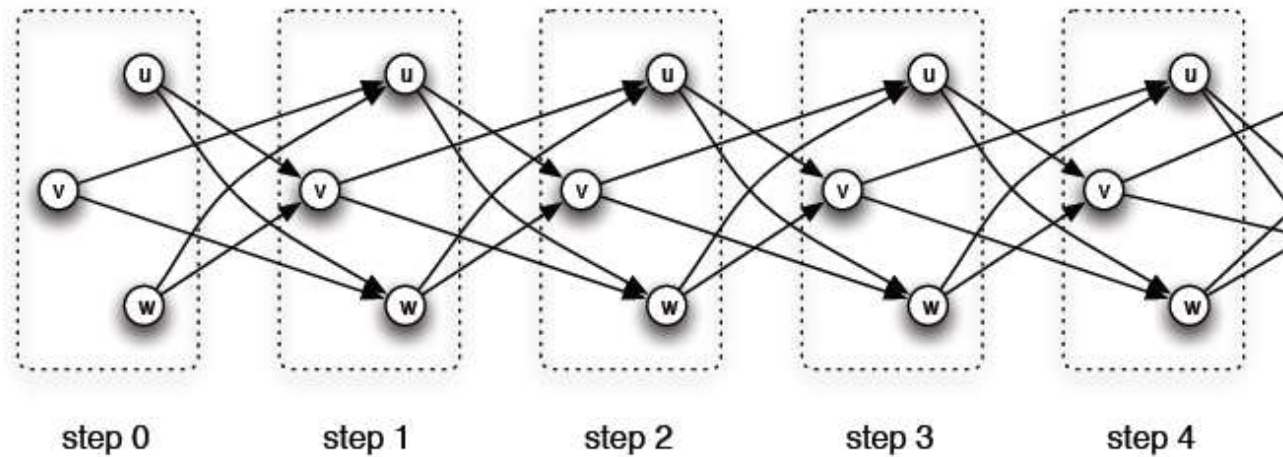


(b) At the threshold,
 $p/q = 1.003$

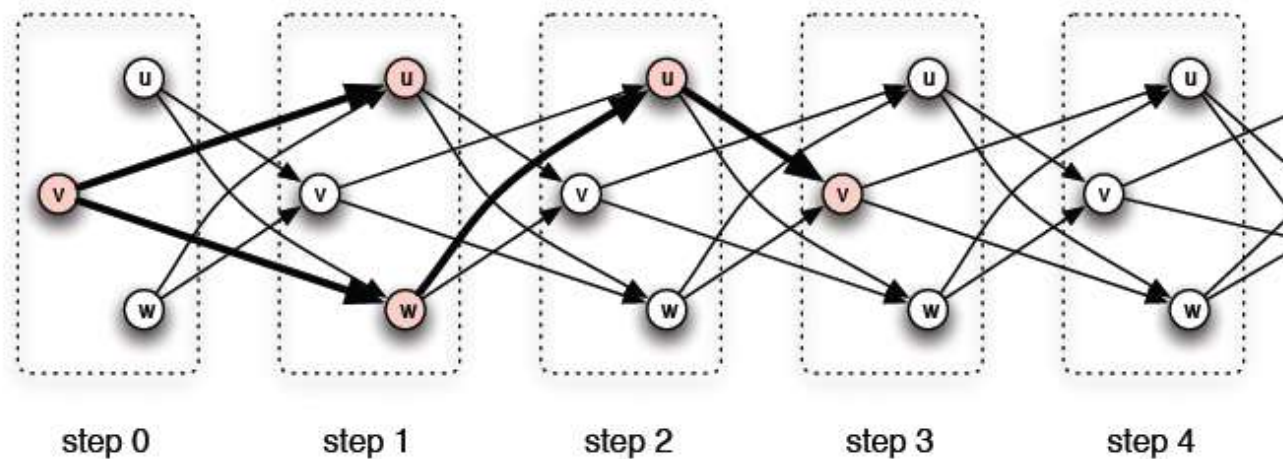


(c) Above the threshold,
 $p/q = 1.1$

SIS e SIR



(a) To represent the SIS epidemic using the SIR model, we use a “time-expanded” contact network

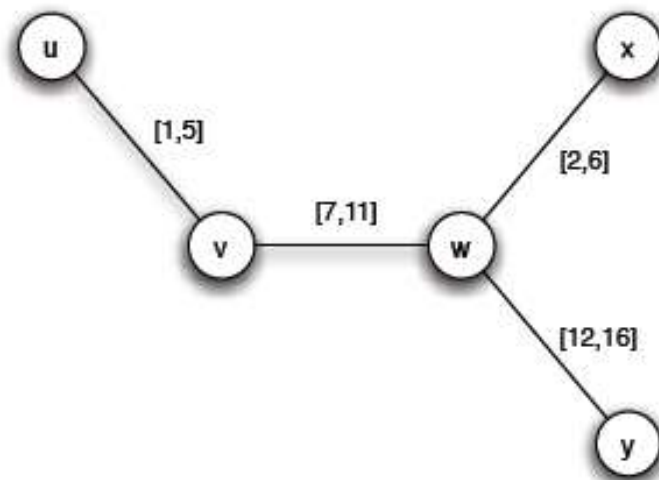


(b) The SIS epidemic can then be represented as an SIR epidemic on this time-expanded network.

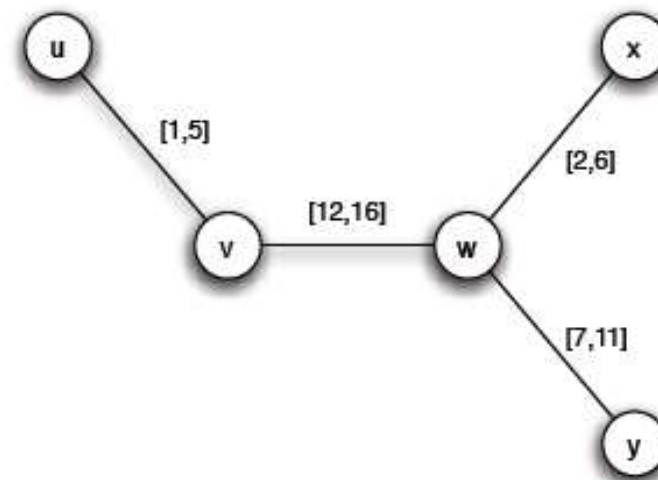
Figure 21.6: An SIS epidemic can be represented in the SIR model by creating a separate copy of the contact network for each time step: a node at time t can infect its contact neighbors at time $t + 1$.

Generalizzazione: Tempi di attivazione

L'infezione può avvenire solo all'interno di una fissata finestra di attivazione



(a) In a contact network, we can annotate the edges with time windows during which they existed.

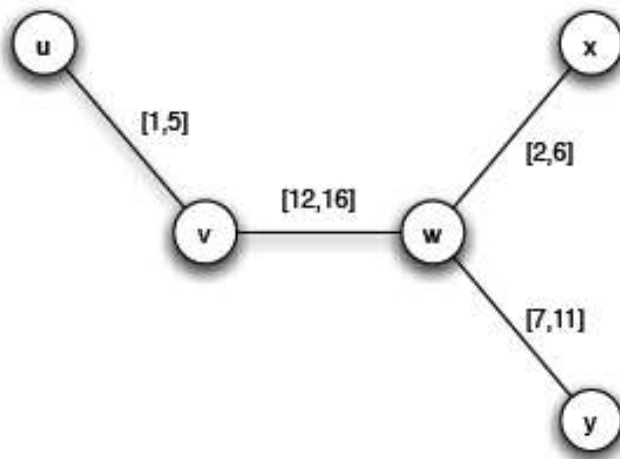


(b) The same network as in (a), except that the timing of the w-v and w-y partnerships have been reversed.

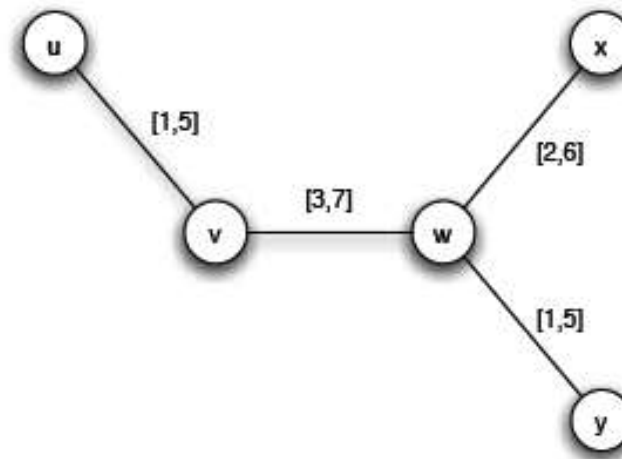
Figure 21.8: Different timings for the edges in a contact network can affect the potential for a disease to spread among individuals. For example, in (a) the disease can potentially pass all the way from u to y , while in (b) it cannot.

Concorrenza

Importanza della concorrenza – favorisce il **branching**



(a) *No node is involved in any concurrent partnerships*



(b) *All partnerships overlap in time*

Figure 21.10: In larger networks, the effects of concurrency on disease spreading can become particularly pronounced.

SIRS

- Inizialmente, alcuni nodi sono **Infetti** mentre tutti gli altri sono **Susceptible**
- Ciascun nodo u che diventa Infetto, rimane tale per un fissato numero di step t_I . Durante ciascuno di questi t_I step, u ha una probabilità p di infettare ciascuno dei suoi adiacenti
- Dopo t_I step, u non è più infetto. Diventa **Removed** per un fissato numero t_R di step. Durante ciascuno di questi t_R step, u non può essere infetto né trasmettere la malattia.
- Dopo t_R step nello stato **Removed**, nodo u ritorna ad essere **Susceptible**