

# Testing

by M. E. J. Newman

UNIVERSIDADE DE SÃO PAULO  
Departamento de Computação e Matemática



presented by Kaique M. M. Oliveira

06 de Dezembro de 2023

- 1 Introdução
- 2 O Modelo SIR
  - Descrição Matemática
  - Número Básico de Reprodução
  - Tamanho da Epidemia
- 3 Modelo SIR em Grafos
  - Modelo de Configuração Percolado
  - Funções Geradas
  - Tamanho da epidemia
  - Exemplos
- 4 Referências

# Introdução

## O que está por vir?

O objetivo é generalizar o modelo SIR de Kermack e McKendrick, um modelo que assume população homogênea e taxa de contato e remoção fixas, para um modelo onde em grafos com a distribuição de graus quaisquer, com taxas de infecção e remoção sendo também distribuições quaisquer.

# Modelo de Kermack e McKendrick

## Modelo SIR

- $s, i, r :=$  Percentual de Suscetíveis, Infectados e Removidos;
- $\beta, \gamma :=$  Taxa média de Contato e de Remoção por tempo;
- O modelo é dado por 
$$\begin{cases} \frac{ds}{dt} = -\beta is; \\ \frac{di}{dt} = \beta is - \gamma i; \text{ onde } s + i + r = 1; \\ \frac{dr}{dt} = \gamma i. \end{cases}$$
- Note que a taxa de infecção é homogênea, ou seja, a chance de um indivíduo infectado contaminar outra pessoa é sempre a mesma, independente da pessoa.
- Soluções analíticas para o modelo são difíceis de encontrar, o que não nos impede de tirar conclusões importantes sobre o comportamento do modelo.

# Modelo de Kermack e McKendrick

## Número Básico de Reprodução

- Suponha que a população suscetível seja 1. O Número Básico de Reprodução  $R_0$  é o número médio de pessoas que a doença é transmitida antes da pessoa ser imunizada. Note que, se  $R_0 > 1$  a doença cresce, já se  $R_0 < 1$ , a doença decresce. O limiar epidemiológico é definido quando  $R_0 = 1$ .
- No modelo SIR, a doença cresce quando  $\frac{di}{dt} > 0$ . Supondo que  $s = 1$  obtemos

$$0 < \frac{di}{dt} = \beta i s - \gamma i \iff 0 < \beta i - \gamma i \iff i < \frac{\beta}{\gamma} i \iff 0 < \frac{\beta}{\gamma}$$

ou seja,  $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$  denota o início da epidemia.

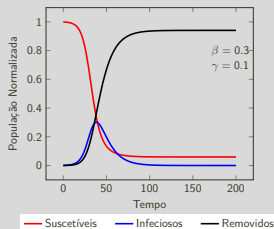
# Modelo de Kermack e McKendrick

## Tamanho da Epidemia

- O tamanho da epidemia no modelo SIR nunca é igual a 1 independente se  $R_0 \gg 1$  (onde  $R_0 < \infty$ ), ou seja

$$s_\infty = 1 - r_\infty > 0, \quad \forall R_0 \in \mathbb{R}.$$

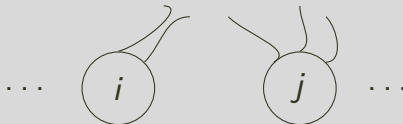
A demonstração deste fato é envolvida, eis um modelo visual interativo para exploração: [geogebra](#)



# Modelo de Configuração Percolado

## Modelo de Configuração

- Dada uma sequência de graus  $(k_i)_{i \in \mathbb{N}}$ , o grafo é selecionado de forma uniforme e aleatória do conjunto de todos os grafos possíveis gerados por esta sequência. A figura abaixo representa o algoritmo:



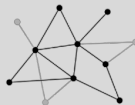
- No algoritmo acima, a chance de duas pontas se conectarem é sempre a mesma, independente das pontas.
- O próximo passo é generalizar a escolha da sequência  $(k_i)_{i \in \mathbb{N}}$  a partir de uma distribuição de graus  $p_k$  de nossa escolha, qualquer que seja ela.

## Percolação por Ligações

- Considere um grafo qualquer. Dada uma probabilidade  $\phi$ , o processo de percolação por ligações é definido como o processo de ocupação de ligações aleatoriamente com probabilidade  $\phi$ . Veja o exemplo abaixo.



(a)  $\phi = 1$



(b)  $\phi = 0.7$



(c)  $\phi = 0.3$



(d)  $\phi = 0$

- Estamos interessados em analisar o espaço de todos os grafos de configuração com distribuição de grau  $p_k$  e percolação  $T$ , como definiremos a seguir



## Taxa Média de Transmissão

- Considere um par de indivíduos conectados  $i$  e  $j$ , sendo  $i$  infeccioso e  $j$  suscetível;
- Seja  $r_{ij}$  a probabilidade de  $i$  infectar  $j$ ;
- Suponha que  $i$  permanece infectado por um tempo total  $\tau_i$ ;
- A probabilidade  $1 - T_{ij}$  que  $i$  não transmitirá a doença para  $j$  é

$$1 - T_{ij} = \lim_{\delta t \rightarrow 0} (1 - r_{ij}\delta t)^{\tau_i/\delta t} = e^{-r_{ij}\tau_i}.$$

- Logo a probabilidade de Transmissão é dada por

$$T_{ij} = 1 - e^{-r_{ij}\tau_i}. \quad (1)$$

## Taxa Média de Transmissão

- Note que podemos escolher  $r_{ij}$  e  $\tau_i$  da maneira que quisermos. Em particular, consideremos que  $r_{ij}$  e  $\tau_i$  são variáveis aleatórias *i.i.d* (independentes e identicamente distribuídas) escolhidas a partir das distribuições  $P(r)$  e  $P(\tau)$ , respectivamente.
- Definimos  $T$  como a média (valor esperado) de  $T_{ij}$  sobre a distribuição de probabilidade conjunto de  $P(r)$  e  $P(\tau)$ , i.e

$$T = \langle T_{ij} \rangle = 1 - \int_0^\infty \int_0^\infty P(r)P(\tau)e^{-r\tau} dr d\tau \quad (2)$$

- Uma conclusão que o valor  $T$  nos fornece é que, globalmente (uma parte não trivial da população), as diferenças locais (individuais) são niveladas e não afetam o comportamento da doença em nível populacional.

## Algumas Observações

- Considere um surto de uma doença partindo de um indivíduo, em uma rede, com transmissibilidade  $T$ . Marque como "ocupado" todas as ligações onde ocorre transmissão. O tamanho total do surto é o tamanho do componente do grafo que o indivíduo inicial participa.
- O processo descrito acima é idêntico ao modelo de percolação por ligações com taxa  $T$
- Por fim, o nosso modelo epidemiológico será matematicamente descrito pelo processo de percolação por ligações com taxa  $T$  sobre uma rede condigurada.

# Funções Geradoras

## Distribuição do Grau

- Considere a função geradora para a distribuição de graus  $p_k$

$$g_0(x) = \sum_{k=0}^{\infty} p_k x^k = p_0 + p_1 x + p_2 x^2 + \dots$$

Algumas propriedades da função geradora são

- $p_k = \frac{g^{(k)}(0)}{k!}$ ,    •  $\langle 1 \rangle = g_0(1) = 1$ ,    •  $\langle k \rangle = g'_0(1)$ ,    ...
- $\langle k^n \rangle = \left( z \frac{\delta}{\delta z} \right)^k g_0(z) \Big|_{z=1}$ .
- $g_0(\sum_{k=1}^n X)(z) = [g_0(z)]^n$

## Distribuição do Grau Excedente

- Note que a distribuição de graus tendo seguido uma aresta é proporcional a  $kp_k$ . Logo, sua função geradora é dada por

$$\frac{\sum kp_k x}{\sum kp_k} = x \frac{G'_0(x)}{G'_0(1)}.$$

- Logo, a função geradora  $G_1$  da distribuição de graus excedente é

$$G_1(x) = \frac{G'_0(x)}{G'_0(1)} = \frac{G'_0(x)}{z}, \quad (3)$$

onde  $z = G'_0(1)$ .

## Distribuição das Ligações Ocupadas

- Faremos a mesma análise que a de cima mas, desta vez, sobre o modelo de percolação de ligações.
- A probabilidade de que um vértice tenha  $m$  de suas  $k$  arestas ocupadas é dado por  $\binom{k}{m} T^m (1 - T)^{k-m}$ . A distribuição  $G_0(x; T)$  do número de ligações ocupadas será dado por:

$$G_0(x; T) = \sum_{m=0}^{\infty} \sum_{k=m}^{\infty} \binom{k}{m} T^m (1 - T)^{k-m} x^m \quad (4)$$

$$= \sum_{k=0}^{\infty} p_k \sum_{m=0}^k \binom{k}{m} T^m (1 - T)^{k-m} x^m \quad (5)$$

$$= \sum_{k=0}^{\infty} p_k (1 - T + xT)^k = G_0(1 + (x - 1)T). \quad (6)$$

# Tamanho da epidemia

- Analogamente, a distribuição de ligações ocupadas excedentes é dada por

$$G_1(x; T) = G_1(1 + (x - 1)T). \quad (7)$$

## Distribuição do Tamanho dos Surtos da Doença

- Seja  $P_s(T)$  a distribuição dos surtos de tamanho  $s$  para uma transmissibilidade  $T$ , o que equivalentemente é a distribuição dos componentes no modelo de percolação. Seja  $H_0(x; T)$  a sua função gerados correspondente, ou seja,

$$H_0(x; T) = \sum_{s=0}^{\infty} P_s(T) x^s. \quad (8)$$

- Seguindo a mesma lógica que anteriormente,  $H_1(x; T)$  é a função geradora para a distribuição dos componentes excedentes. É possível que  $H_0$  e  $H_1$  satisfazem:

$$H_1(x; T) = xG_1(H_1(x; T), T), \quad (9)$$

$$H_0(x; T) = xG_0(H_1(x; T), T). \quad (10)$$

- Solucionando as equações acima, analiticamente ou numericamente, é possível encontrar a distribuição dos surtos  $P_s(T)$  de tamanho dados por

$$P_s(T) = \frac{H_0^{(k)}(0)}{k!} \quad (11)$$



## Média dos Surtos

- Apesar de nem sempre conseguirmos encontrar a distribuição  $P_s(T)$  dos surtos em forma fechada, a média  $\langle s \rangle$  do tamanho dos surtos é sempre possível de se encontrar, como segue:

$$\langle s \rangle = H'_0(1; T) = 1 + G'_0(1; T)H'_1(1; T). \quad (12)$$

Então

$$\langle s \rangle = 1 + \frac{TG'_0(1)}{1 - TG'_1(1)} \quad (13)$$

- Note que  $\langle s \rangle$  diverge quando  $TG'_1(1) = 1$ , tal ponto define o quando surto não ficará mais confinado a um número finito de casos (lembrando que a nossa análise depende que  $n \gg 1$ ).

## Tamanho da epidemia

- As nossas definições de  $H_0$  e  $H_1$  das equações (9) e (10) foram feitas supondo que não existem auto-ligações em um próprio nó ou múltiplas ligações entre dois nós. Logo  $H_0$  e  $H_1$  estão definidos fora do componente gigante e podemos encontrar o tamanho  $S(T)$  da epidemia fazendo

$$H_0(1; T) = \sum_{s=0}^{\infty} P_s = 1 - S(T). \quad (14)$$

Então  $S(T) = 1 - G_0(H_1(1; T); T)$ . Portanto, a probabilidade de um surto com transmissão  $T$  se tornar uma epidemia é simplesmente  $S(T)$ .

## Grau dos Infectados

- Test
- Como  $H_1$  só está definido fora do componente gigante, então  $H_1(1; T)$  é a probabilidade de um nó não estar conectado a epidemia via um de seus vizinhos. É possível mostrar que a média  $z_{out}$  dos graus fora da epidemia é

$$z_{out} = \frac{H_1(1; T)[1 - T + H_1(1; T)]}{1 - S} z. \quad (15)$$

E que a média  $z_{in}$  dentro dos graus dentro da epidemia é

$$z_{out} = \frac{1 - H_1(1; T)[1 - T + H_1(1; T)]}{S} z. \quad (16)$$

Como esperado  $z_{out} < z$  e  $z_{in} \geq z$  e, também, se um nó tem grau  $k$ , conforme  $k \rightarrow \infty$  a chance dele se infectar é 1.

# Exemplo

## Distribuição segundo Lei de Potência

- Seja  $p_k = Ck^\alpha e^{-k/\kappa}$ ,  $k \geq 1$ , onde  $C, \alpha, \kappa \in \mathbb{R}$  e  $C = Li_\alpha(e^{-1/\kappa})$ .
- Sejam  $P(r)$  e  $P(\tau)$  distribuições discretas e uniformes para  $N$  nós e valor fixo  $0 \leq r \leq r_{max}$  e  $0 \leq \tau \leq r_{max}$  escolhido.
- Então  $T_{ij} = 1 - (1 - r_{ij})^{\tau_i} = 1 - (1 - r)^\tau$ , então.
- $T = \langle T_{ij} \rangle = 1 - \sum_{r=0}^n \sum_{\tau=0}^n \left( \frac{1}{r^{n-1}} \frac{1}{\tau^{n-1}} (1 - r)^\tau \right)$
- $G_0(x) = \frac{Li_\alpha(xe^{-1/\kappa})}{Li_\alpha(e^{-1/\kappa})}$ ;      •  $G_0(x) = \frac{Li_{\alpha-1}(xe^{-1/\kappa})}{xLi_{\alpha-1}(e^{-1/\kappa})}$ ;
- $G_1(x) = \frac{Li_{\alpha-1}(e^{-1/\kappa})}{Li_{\alpha-2}(e^{-1/\kappa}) - Li_{\alpha-1}(e^{-1/\kappa})}$ ;

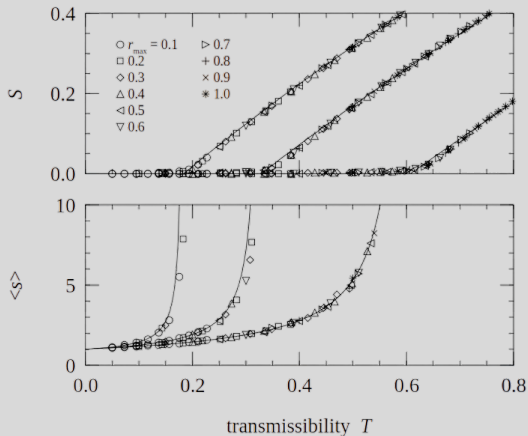
# Exemplo

## Distribuição segundo Lei de Potência

- $\langle s \rangle = 1 + \frac{T[\text{Li}_{\alpha-1}(e^{-1/\kappa})]^2}{\text{Li}_{\alpha}(e^{-1/\kappa})[(T+1)\text{Li}_{\alpha-1}(e^{-1/\kappa}) - T\text{Li}_{\alpha-2}(e^{-1/\kappa})]}$ ;
- O tamanho  $S$  da epidemia não pode ser achada de forma fechada, mas pode ser numericamente aproximada, como visto anteriormente. A proxima figura representa a soluções aproximadas para  $N = 100000, \alpha = 2$ , para cada  $\kappa = 5, 10$  e  $15$ . Sob as mesmas condições, também é representada a simulação de 10000 surtos para cada grafo gerado com para cada par  $(P(r), P(\tau))$  onde  $P(r) = 0.1/N, 0.2/N, \dots, 1/N$  e  $P(\tau) = 1/N, 2/N, \dots, 10/N$ .

# Exemplo

## Distribuição segundo Lei de Potência



# Referências



M. E. J. Newman,  
Spread of epidemic disease on networks.  
*Phys. Rev. E*, 66(1):016128, 2002.



M. E. J. Newman, S. H. Strogatz, and D. J. Watts,  
Random graphs with arbitrary degree distributions and their  
applications.  
*Phys. Rev. E*, 64(2):026118, 2001.



M. E. J. Newman  
*Networks*.  
Oxford University Press, 2018.