

Spreading Processes

Patrick Michl

Universität Heidelberg, Fakultät für Mathematik und Informatik

Seminar "Complex Networks", am 01. Juli 2010

Einleitung

Spreading Processes umfassen Vorgänge in Netzwerken, bei denen sich von wenigen Knoten (Seeds) ausgehend bestimmte Zustände bzw. Informationen verteilen. Die Modellierung erfolgt dabei mittels zeitdiskreter dynamischer Systeme.

Defintion: Dynamisches System

Ein *dynamisches System* bezeichnet das Modell eines zeitabhängigen Prozesses, dessen Verlauf nur vom Anfangszustand, aber nicht vom Anfangszeitpunkt abhängt

- Homogeneous Mixing

Zur Analyse von Epidemien werden unter anderem das SIR-Modell und das SIS-Modell verwendet.

A simple line drawing of a man's face, looking upwards with wide, circular eyes and a slightly open mouth, suggesting surprise or awe.

◀ ◻ ▶ ◀ ◻ ▶ ◀ ≡ ▶ ◀ ≡ ▶ ≡ ↺ 🔍 ↻

SIR-Modell



Susceptible



Infected

SIR-Modell



Susceptible



Infected



Removed

SIS-Modell



Susceptible

SIS-Modell



Susceptible



Infected

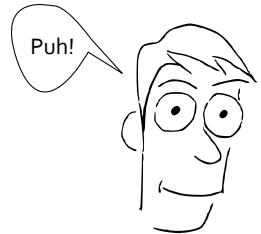
SIS-Modell



Susceptible



Infected



Susceptible

Definition: SIS-Modell

Die Knoten eines Netzwerkes teilen sich in zwei Klassen: S , I . Benachbarte Knoten i und j vollziehen bei jedem Zeitschritt mit den Wahrscheinlichkeiten λ und μ folgende Zustandsänderungen:

- 1 $S(i) + I(j) \xrightarrow{\lambda} I(i) + I(j)$ (Infektion)
- 2 $I(i) \xrightarrow{\mu} S(i)$ (Heilung)

Die betrachteten Größen sind die Anteile der Klassen an der Gesamt-Population: $s(t)$ und $\rho(t)$

Definition: SIS-Modell

Die Knoten eines Netzwerkes teilen sich in zwei Klassen: S , I .
Benachbarte Knoten i und j vollziehen bei jedem Zeitschritt mit den Wahrscheinlichkeiten λ und μ folgende Zustandsänderungen:

- ❶ $S(i) + I(j) \xrightarrow{\lambda} I(i) + I(j)$ (Infektion)
- ❷ $I(i) \xrightarrow{\mu} S(i)$ (Heilung)

Die betrachteten Größen sind die Anteile der Klassen an der Gesamt-Population: $s(t)$ und $\rho(t)$

Anwendung

Modellierung von heilbaren Krankheiten z.B. zur Abschätzung der Dauer der Epidemie: Also ein t_{\max} , so dass gilt $\lim_{t \rightarrow t_{\max}} \rho(t) = 0$

- Zur Bestimmung von r_∞ und t_{\max} reicht es jeweils das Verhältnis $\sigma = \frac{\lambda}{\mu}$ zu betrachten.

- Zur Bestimmung von r_∞ und t_{\max} reicht es jeweils das Verhältnis $\sigma = \frac{\lambda}{\mu}$ zu betrachten.
- Besonderes Interesse gilt dabei den Prognosen eines Modelles bei verschiedenen Populationsgrößen. Bei einer unendlichen Population lassen sich *Phasenübergänge* bestimmen.

SIR-Modell: $\sigma_{c,SIR}$	SIS-Modell: $\sigma_{c,SIS}$
$r(\infty) \neq 0$ für $\sigma > \sigma_{c,SIR}$	$t_{\max} = \infty$ für $\sigma > \sigma_{c,SIS}$
$r(\infty) = 0$ für $\sigma < \sigma_{c,SIR}$	$t_{\max} \neq \infty$ für $\sigma < \sigma_{c,SIS}$

- Zur Bestimmung von r_∞ und t_{\max} reicht es jeweils das Verhältnis $\sigma = \frac{\lambda}{\mu}$ zu betrachten.
- Besonderes Interesse gilt dabei den Prognosen eines Modelles bei verschiedenen Populationsgrößen. Bei einer unendlichen Population lassen sich *Phasenübergänge* bestimmen.

SIR-Modell: $\sigma_{c,SIR}$	SIS-Modell: $\sigma_{c,SIS}$
$r(\infty) \neq 0$ für $\sigma > \sigma_{c,SIR}$	$t_{\max} = \infty$ für $\sigma > \sigma_{c,SIS}$
$r(\infty) = 0$ für $\sigma < \sigma_{c,SIR}$	$t_{\max} \neq \infty$ für $\sigma < \sigma_{c,SIS}$

- Der Wert $\sigma_{c,SIR}$ ($\sigma_{c,SIS}$) gibt bei gegebenem σ somit an, ob eine räumlich (zeitlich) beschränkte Ausbreitung der Epidemie wahrscheinlich ist. Trotz der unterschiedlichen Modellierung und Interpretation zeigt sich bei gleichen Netzwerk, das gilt:
 $\sigma_{c,SIR} = \sigma_{c,SIS}$

Daher reicht es bei unterschiedlichen Netzwerken jeweils nur ein Modell zu betrachten ...

Daher reicht es bei unterschiedlichen Netzwerken jeweils nur ein Modell zu betrachten ... wir wählen hierfür das SIR-Modell



1 Einleitung

2 Epidemien

- Modellierung
- Homogeneous Mixing
- Unkorrelierte Netzwerke
- Korrelierte Netzwerke

3 Gerüchte

- Modellierung
- Homogeneous Mixing

Homogeneous Mixing Hypothese

Bei der Annahme einer stets homogenen Vermischung der Population werden bei jedem Zeitschritt zu einem erkrankten Individuum jeweils k zufällige gesunde Kontakte ausgewählt.

Ansatz

Damit ergibt sich folgender Ansatz:

$$\frac{ds(t)}{dt} = -\lambda k \rho(t) s(t) \quad (1)$$

$$\frac{dr(t)}{dt} = \mu \rho(t) \quad (2)$$

$$\frac{d\rho(t)}{dt} = \lambda k \rho(t) s(t) - \mu \rho(t) \quad (3)$$

Lösung

- Zur Lösung verwenden wir folgende Anfangsbedingungen:
 $s(0) \approx 1$, $\rho(0) \approx 0$, $r(0) = 0$.
- Durch Teilen der Gleichung 1 durch 2, sowie anschließende Integration mit den Anfangsbedingungen erhalten wir:

$$s(t) = e^{-\lambda k r(t)}$$

- Mit der Bedingung $s(\infty) + \rho(\infty) + r_\infty = 1$, sowie $\rho(\infty) = 0$ folgt die implizite Gleichung:

$$r_\infty = 1 - e^{-\sigma k r_\infty}$$

- Diese Gleichung hat immer die triviale Lösung $r_\infty = 0$

Lösung

- Eine Nicht-triviale Lösung erhalten wir nach dem *Satz der impliziten Funktion* genau dann, wenn gilt:

$$\frac{d}{dr_{\infty}} (e^{-\sigma k r_{\infty}} + r_{\infty} - 1) > 0$$

- Dies ist aber äquivalent zu der Bedingung: $\sigma > \frac{1}{k}$
- Somit folgt: $\sigma_c = \frac{1}{k}$

Interpretation

Der ermittelte Wert ist eng mit der sogenannten Reproduktionsrate R_0 verwandt, welche angibt wie viele gesunde Personen eine kranke Person infiziert. Dabei gilt $R_0 = \frac{\lambda}{\mu} k = \sigma k$. Der Erwartung entsprechend ist bei der Annahme einer homogenen Vermischung der Population R_0 genau dann 1, wenn σ gleich σ_c ist.

1 Einleitung

2 Epidemien

- Modellierung
- Homogeneous Mixing
- **Unkorrelierte Netzwerke**
- Korrelierte Netzwerke

3 Gerüchte

- Modellierung
- Homogeneous Mixing

Unkorrelierte Netzwerke

Einen strukturierteren Ansatz zur Modellierung von Epidemien ermöglicht die Einbeziehung von statistischen Kontaktinformationen in Form eines Wahrscheinlichkeitsmaßes für die Anzahl der Kanten: $P[k]$.

Bei *unkorrelierten Netzwerken* gilt für die zwei aufeinander folgende Kanten(Grade) k und k' : $P[k|k'] = P[k]P[k']$.

Lösung

- Zu den Gleichungen 4, 5 und 6 gilt: $s_k(t) + \rho_k(t) + r_k(t) = 1$ (Normierung)
- Daraus folgt: $r(t) = \sum_k P[k] r_k(t)$
- Zur Lösung verwenden wir folgende Anfangsbedingungen:
 $\rho_k(0) \approx 0$, $s_k(0) \approx 1$ und $r_k(0) = 0$, $\forall k$.
- Durch Integration der Gleichung 6 mit den Anfangsbedingungen erhalten wir:

$$s_k(t) = e^{-\lambda k \phi(t)}$$

wobei gilt: $\phi(t) = \int_0^t \Theta(t') dt' \stackrel{5}{=} \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k k P[k] r_k(t)$

Lösung

- Analog zur Lösung bei homogener Vermischung ergibt sich die Bedingung:

$$\frac{1}{\langle k \rangle} \sum_k k P[k] (\sigma k) > 1$$

- Der linke Teil der Gleichung ist aber identisch mit $\sigma \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}$.
Damit folgt:

$$\sigma_c = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle}$$

Interpretation

Der ermittelte Wert entspricht der Erwartung, da: Eine höhere Konnektivität $\langle k \rangle$ die Ausbreitung fördert und eine höhere Fluktuation $\langle k^2 \rangle$ die Ausbreitung hemmt.

1 Einleitung

2 Epidemien

- Modellierung
- Homogeneous Mixing
- Unkorrelierte Netzwerke
- Korrelierte Netzwerke

3 Gerüchte

- Modellierung
- Homogeneous Mixing

Korrelierte Netzwerke

In korrelierten Netzwerken ist die bedingte Wahrscheinlichkeit $P[k|k']$ für zwei aufeinander folgende Kanten(Grade) k und k' im Allgemeinen nicht das Produkt ihrer Einzelwahrscheinlichkeit. Zur Modellierung wird daher eine Korrelationsmatrix C mit den Einträgen $C_{i,j} = iP[j|i]$ verwendet. Dabei kann gezeigt werden, dass für den maximalen Eigenwert Λ_{\max} von C gilt:

$$\sigma_c = \frac{1}{\Lambda_{\max}}$$

Interpretation

σ_c ist also der minimale Wert so dass ein Eigenwert Λ existiert mit $\Lambda\sigma_c = 1$ und damit $r(t)$ auf diesem Eigenraum nicht verschwindet.

1 Einleitung

2 Epidemien

- Modellierung
- Homogeneous Mixing
- Unkorrelierte Netzwerke
- Korrelierte Netzwerke

3 Gerüchte

- Modellierung
- Homogeneous Mixing

Zur Analyse von Gerüchten ...

Definition: DK-Modell

Das DK-Modell (nach Daley und Kendal) ordnet die Knoten eines Netzwerkes wiederum drei Klassen zu: Uninformierte I, Information-Verbreiter S und Genervte (bzw. Inaktive) R.

Die Dynamik ähnelt dabei dem SIR-Modell, jedoch mit einem wesentlichen unterschied: Informations-Verbreiter werden nie inaktiv ohne äußeres Zutun:

- ① $I(i) + S(j) \xrightarrow{\lambda} S(i) + S(j)$ (Information)
- ② $S(i) + S(j) \xrightarrow{\alpha} R(i) + S(j)$ (Annihilation)
- ③ $R(i) + R(j) \xrightarrow{\alpha} R(i) + R(j)$ (Annihilation)

Die betrachteten Größen sind wieder die Anteile der Klassen an der Gesamt-Population: $i(t)$, $s(t)$ und $r(t)$

Ansatz

$$\frac{di(t)}{dt} = -\lambda ki(t)s(t) \quad (8)$$

$$\frac{dr(t)}{dt} = \alpha ks(t)(s(t) + r(t)) \quad (9)$$

$$\frac{ds(t)}{dt} = \lambda ki(t)s(t) - \alpha ks(t)(s(t) + r(t)) \quad (10)$$

Lösung

- Zur Lösung verwenden wir bei der einer Populationsgröße N folgende Anfangsbedingungen: $i(0) = \frac{(N-1)}{N}$, $s(0) = \frac{(1)}{N}$ und $r(0) = 0$, sowie die Normierungsbedingung:

$$i(t) + s(t) + r(t) = 1$$
- Analog zum SIR-Modell erhalten wir die Gleichung:

$$r_\infty = 1 - e^{-\beta r_\infty}$$

Dabei ist $\beta = 1 + \frac{\lambda}{\alpha}$.

- Mittels dem Satz der impliziten Funktion ergibt sich wieder eine Bedingung für die Auflösbarkeit nach r_∞ : $\frac{\lambda}{\alpha} > 0$

