# Universidade Federal de São Paulo

# Instituto de Ciência e Tecnologia



# Relatório de Modelagem Computacional Projeto 04 - Propagação de Informação

Propagação de Epidemias em Redes

Celso Gabriel Vieira Robeiro Lopes (123119), Felipe Hikari Kawahama (112197), Lucas Eduardo Nogueira Gonçalves (122055).

Prof. Dr. Marcos Gonçalves Quiles

São José dos Campos Junho, 2018

# 1.1 INTRODUÇÃO AO CONCEITO DE PROPAGAÇÃO DE INFORMAÇÃO

A propagação é um termo usado em diferentes situações, tais como propagação de informação, de doenças, de boatos, entre outros. Um dos casos especiais é a propagação de doença, em que um determinado momento pode virar uma epidemia, criando uma transição na propagação. Porém, na literatura de redes complexas, o termo epidemia regularmente refere-se ao processo de propagação da doença ou qualquer outro elemento [...]

(COTACALLAPA, Moshe, 2015, p.29)

# 1.2 DEFINIÇÃO:

Seja P um conjunto,  $S, I, R, S^*, M \subseteq P$ , denotaremos |P| como a quantidade de elementos no conjunto P e de maneira análoga, aos subconjuntos. Além disso  $|P| = |S| + |I| + |S^*| + |M|$ .

Tome P como uma população e S as pessoas de P que são suscetíveis a uma certa doença e I como os infectados, R as pessoas que se recuperaram da doença e adquiriram imunidade,  $S^*$  apenas as que se recuperaram, mas não adquiriram imunidade e M as que morreram devido à doença.

# 1.3 MODELO I: SUSCETÍVEL - INFECTADO (SI)

O modelo SI consiste de um modelo de propagação de doenças com um simples parâmetro de probabilidade ( $\beta$ ) que define se um individuo não infectado (suscetível) que possua alguma relação com um infectado será infectado depois de um periodo de tempo.

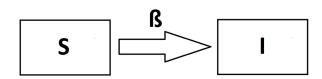


Figura 1: Representação esquemática do Modelo SI.

# 1.4 MODELO II: SUSCETÍVEL - INFECTADO - RECUPERADO (SIR)

O modelo SIR consiste de um modelo de propagação de doenças com dois parâmetros de probabilidade  $(\beta, \gamma)$ . Onde  $\beta$  define se um individuo não infectado (suscetível) que possua alguma relação com um infectado será infectado depois de um periodo de tempo e  $\gamma$  define se o mesmo a chance de se recuperar, ou seja, voltar ao seu estado inicial, além disso adquire imunidade a doença.

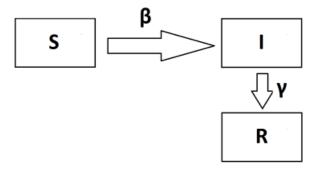


Figura 2: Representação esquemática do Modelo SIR.

# 1.5 MODELO III: SUSCETÍVEL - INFECTADO - SUSCETÍVEL\* (SIS\*)

O modelo SIS\* consiste de um modelo de propagação de doenças com três parâmetros de probabilidade  $(\beta, \gamma, \alpha)$ . Onde  $\beta$  define se um individuo não infectado (suscetível) que possua alguma relação com um infectado será infectado depois de um período de tempo,  $\gamma$  define se o mesmo a chance de se recuperar e  $\alpha$  a probabilidade dele voltar para estado anterior de suscetível.

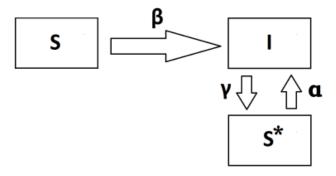


Figura 3: Representação esquemática do Modelo SIS\*.

1.6 MODELO IV: SUSCETÍVEL - INFECTADO - SUSCETÍVEL\* - MORTO (SIS\*M)

O modelo SIS\*M consiste de um modelo de propagação de doenças com três parâmetros de probabilidade iguais aos do Modelo III. A diferença deste modelo é que definimos um parâmetro representando o tempo de infecção do indivíduo, assim se um indivíduo permanece na classe dos infectados por todo esse tempo, este morre e não participa mais da dinâmica do sistema.

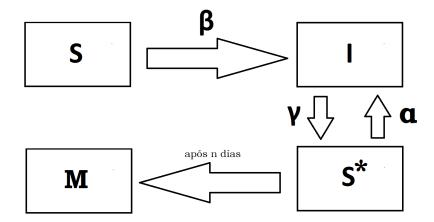


Figura 4: Representação esquemática do Modelo SIS\*.

#### 2.1 REDE REGULAR

Nas redes regulares todos os nós apresentam o mesmo grau, ou seja cada neurônio se liga ao mesmo número de neurônios que os outros.

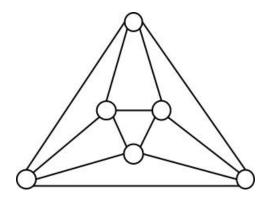


Figura 5: Exemplo de uma rede regular.

Fonte: https://goo.gl/gZViLZ

# 2.2 ERDÖS-RÉNYI

Nas redes aleatórias (Erdös-Rényi) os nós são ligados aleatoriamente. Neste modelo, todos possuem a mesma probabilidade de receber novas ligações.

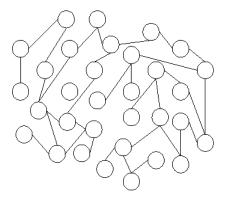


Figura 6: Exemplo de uma rede aleatória.

Fonte: https://goo.gl/qgZUfR

# 2.3 BARABÁSI-ALBERT

Nas redes livres de escala (Barabási-Albert), temos que em cada novo passo é criado um nó no qual têm origem em outras ligações, existindo como que uma dinâmica de imitação, como se alguns nós atraíssem outros. O modelo apresenta grau de conectividade muito baixo, porque apenas alguns nós se encontram com várias conexões, enquanto outros possuem poucas ligações. Aqui, consideramos que os novos vértices têm probabilidade maior de se ligarem aos vértices com maior número de arestas incidentes a ele.

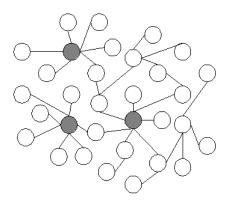


Figura 7: Exemplo de uma rede livre de escala.

Fonte: https://goo.gl/JHqUTq

#### 2.4 MODULARIZADA

Nas redes modularizadas, temos blocos de subgrafos separados, mas ainda conectados por alguns vertices de modo que todo nó consiga, através de algum caminho, se relacionar com o outro. Neste trabalho vamos utilizar subredes Barabási-Albert em cada módulo.

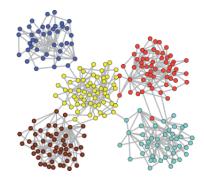


Figura 8: Exemplo de uma rede modular.

Fonte: https://goo.gl/6MRR66

#### 3.1 MATERIAIS

O código para a simulação foi feito na linguagem C, no software Code::Blocks. Enquanto que para gerar os gráficos da próxima seção, foram utilizados os dados provenientes da simulação do código em C que foram impressos em um arquivo .txt para gerar os gráficos nos software R e Microsoft Excel.

#### 3.2 OBJETIVOS

Temos como objetivo estudar e apresentar resultados referentes aos diversos modelos de propagação de epidemias em redes complexas, no caso, Regular, Erdös-Rényi, Barabási-Albert e Modularizada, de modo que possamos analisar qual a mais efetiva, a mais suscetível entre outros tópicos referentes a epidemia. Vamos utilizar os modelo dos processos de propagações de doenças apresentados, em suas versões discretas.

# 4.1 SIMULAÇÃO 1

#### Analisando o Modelo SI

Nas simulações desse modelo, o resultado esperado é o da infecção de todos os indivíduos que interagem com infectados, já que não consideramos a possibilidade de recuperação da doença. Vamos checar em diferentes casos se os resultados são consistentes:

#### 4.1.1 *Simulação 1.1*

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 50\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Modularizada;

Grau médio da rede - 5.



# 4.1.2 Simulação 1.2

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 50\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Aleatória;

Grau médio da rede - 4.



# 4.1.3 Simulação 1.3

# Parâmetros:

População - 1000;

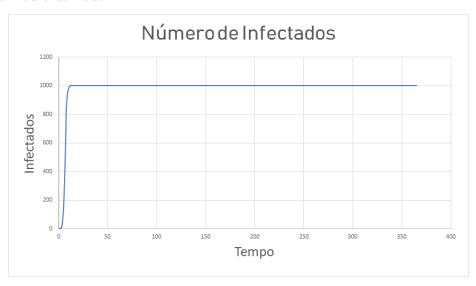
Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 50\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Livre de Escala;

Grau médio da rede - 4.



#### 4.1.4 *Simulação 1.4*

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 50\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 4.



#### 4.1.5 Conclusão

Note que, apesar de termos os mesmos parâmetros em todas as simulações para cada tipo de rede, temos uma diferença na taxa de crescimento da população de infectados. Já que nas redes modularizadas e livres de escala, a infecção de toda a população se deu mais rápida que na rede aleatória e regular, com mais destaque na última, isso se deve à própria construção das topologias, já que nos dois primeiros tipos de rede, se infectarmos um vértice com muitos ligações a doença se espalhará mais rapidamente, enquanto que nas últimas duas, a distribuição das ligações é mais uniforme (mais notoriamente na rede regular). Além disso, na rede aleatória, não ocorreu a infecção de todos os indivíduos da rede. Isso se deve ao fato de que, como a rede gerada foi aleatória e o grau médio de cada vértice é relativamente pequeno, temos alguns nós que não interagem (se ligam) com outros e portanto nunca vão se infectar a menos que comecem a simulação infectados.

# 4.2 SIMULAÇÃO 2

#### Analisando o Modelo SIR

Nas simulações desse modelo, o resultado esperado é a erradicação da doença em algum momento, decorrente do fato que consideramos que o indivíduo após se infectar com a doença, tem uma probabilidade de recuperação e caso isso ocorra, a pessoa em questão adquire imunidade e não pode mais ser infectada. Por isso, haverá algum momento em que não existirá muitos indivíduos suscetíveis a doença e além disso, os infectados também possuem a probabilidade de se recuperarem. Deduzimos, portanto que o número de infectados pela doença vai zerar durante a simulação. Vamos checar os resultados para cada caso:

# 4.2.1 *Simulação 2.1*

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 250;

Rede analisada - Livre de Escala;

Grau médio da rede - 2.





# 4.2.2 Simulação 2.2

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

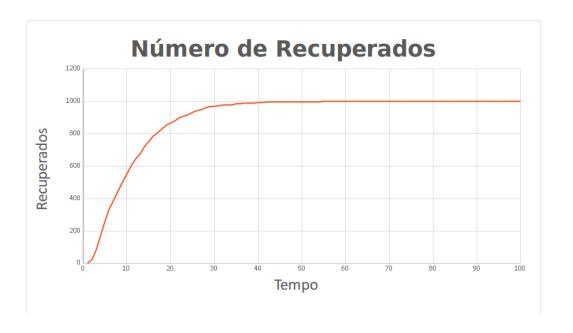
Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 250;

Rede analisada - Modularizada;

Grau médio da rede - 5.





# 4.2.3 Simulação 2.3

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

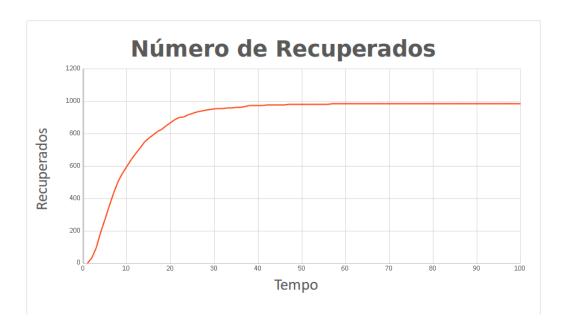
Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Aleatória;

Grau médio da rede - 8.





# 4.2.4 Simulação 2.4

Parâmetros: População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 250;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 8.





# 4.2.5 Simulação 2.5

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 4.





# 4.2.6 Simulação 2.6

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Quantidade inicial de infectados - 250;

Rede analisada - Aleatória;

Grau médio da rede - 4.





#### 4.2.7 Conclusão

Note que nas primeiras quatro simulações, mesmo com uma probabilidade de infecção significativa e uma de recuperação relativamente baixa, além de começarmos com 25% da população já infectada, o resultado obtido dessas simulações ainda é que a doença é erradicada, condizendo com o esperado. Todas tem um comportamento bem similar: devido ao alto grau médio e aos outros parâmetros já citados, temos um rápido crescimento da população de infectados, mas logo depois, temos um rápido decrescimento também, pois os infectados já não tem muitas pessoas pra infectar considerando todos os que adquiriram imunidade somado ao fato de eles mesmos terem a probabilidade de se recuperarem.

Em especial, podemos citar a simulação 2.5, por seu comportamento singular se comparada às outras simulações: começamos com apenas um infectado, mantemos os outros parâmetros e tomamos o grau médio da rede como sendo 4. Como podemos observar, não temos uma explosão da população de infectados como nos outros casos e por isso, sempre temos indivíduos para infectar (ainda mais considerando a representação "circular"desse tipo de rede), então ficamos em um certo equilíbrio por um bom tempo. Mas chegando ao final da simulação, acabamos percorrendo a rede inteira e não temos mais quem infectar e assim, sobre apenas os infectados restantes esperar a sua recuperação.

# 4.3 SIMULAÇÃO 3

#### Analisando o Modelo $SIS^*$

Nesse modelo, já temos uma dinâmica mais interessante. Como os recuperados ainda possuem uma probabilidade de se infectarem novamente, podemos ter casos em

que o sistema entra em equilíbrio. Assim como podemos ter casos em que a doença seja erradicada pois a probabilidade do recuperado se infectar novamente é menor que a de se infectar pela primeira vez (o que nos dá um modelo um pouco mais factível, levando em consideração como funciona o sistema imunológico de uma população). Assim, vamos analisar os casos:

# 4.3.1 Simulação 3.1

### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 25\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 90\%$ ;

Probabilidade de recaída -  $\alpha = 20\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 500;

Rede analisada - Livre de Escala;

Grau médio da rede - 2.





# 4.3.2 Simulação 3.2

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 25\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 90\%$ ;

Probabilidade de recaída -  $\alpha=20\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 2.





# 4.3.3 Simulação 3.3

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 65\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 35\%$ ;

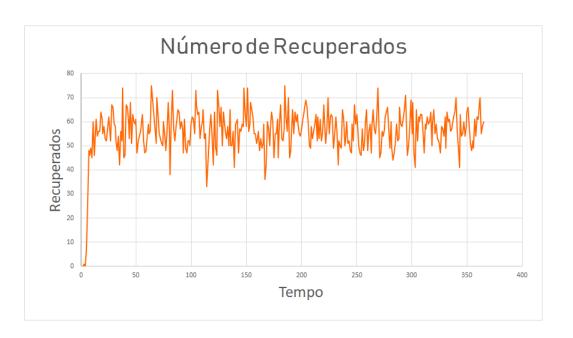
Probabilidade de recaída -  $\alpha=50\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Modularizada;

Grau médio da rede - 5.





# 4.3.4 Simulação 3.4

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 65\%$ ;

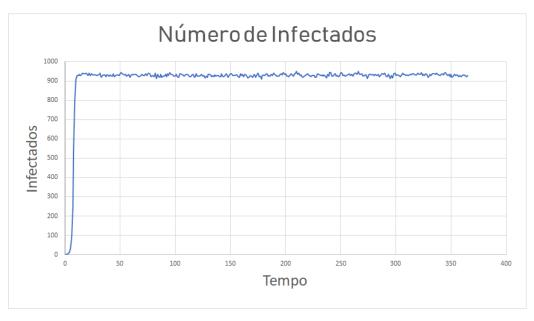
Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 35\%$ ;

Probabilidade de recaída -  $\alpha=50\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 1;

Rede analisada - Aleatório;

Grau médio da rede - 8.





# 4.3.5 Simulação 3.5

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 25\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 90\%$ ;

Probabilidade de recaida -  $\alpha=20\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 500;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 2.





# 4.3.6 Simulação 3.6

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 65\%$ ;

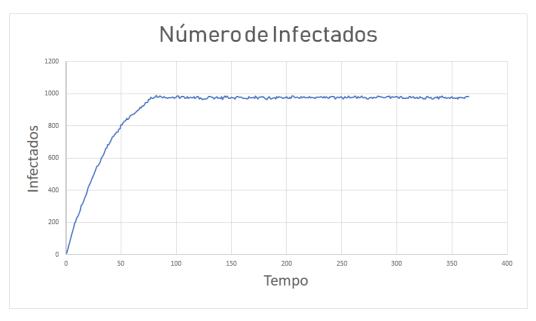
Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 35\%$ ;

Probabilidade de recaida -  $\alpha=50\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 10;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 4.





#### 4.3.7 Conclusão

Dos possíveis casos citados no parágrafo introdutório para as simulações desse modelo, temos em (3.3;3.4 e 3.6), os casos em que o sistema entrou (aparentemente) em um certo equilíbrio entre infectados e recuperados, enquanto que em (3.1;3.2 e 3.5), ocorrem os casos em que a doença é erradicada. Contudo, no segundo caso, é fácil de perceber o por quê disso: fixamos probabilidades de infecção e recaída muito baixas além do grau ser pequeno também enquanto que a probabilidade de recuperação foi bem alta, portanto mesmo fixando uma quantidade inicial de infectados extremamente alta, a doença se extinguiu.

Agora, com um conjunto de parâmetros mais razoáveis, e redes mais conectadas, obtemos um certo equilíbrio no sistema. Não podemos afirmar com tanta certeza que atingimos um equilíbrio, pois o número de iterações não foi tão significativo, contudo é um bom indicativo de que, com os parâmetros adotados, e uma população bem conectada, a doença não será erradicada.

# 4.4 SIMULAÇÃO 4

#### Analisando o Modelo $SIS^*E$

O modelo utilizado para essa simulação, se assemelha com o utilizado nas simulações 2 no fato de que ambos apresentam a possibilidade de "remoção" de indivíduos da dinâmica do sistema. No Modelo II, isso é representado pela recuperação dos indivíduos infectados e, por consequência a obtenção de imunidade contra a doença, não participando mais no processo de propagação. No caso do Modelo IV, isso pe representado pela morte dos indivíduos infectados: após um número fixo de iterações se o indivíduo infectado ainda não se recuperou da doença, então ele morre e não pode

ser mais infectado nem infectar os seus vértices vizinhos. Portanto, podemos esperar resultados semelhantes: a total erradicação da doença, mas a pergunta que fica é "A custo de quantas vidas?".

# 4.4.1 Simulação 4.1

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 365 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 20\%$ ;

Probabilidade de recaída -  $\alpha=15\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 1;

Dias para morte - 5;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 8.







# 4.4.2 Simulação 4.2

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 80\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 20\%$ ;

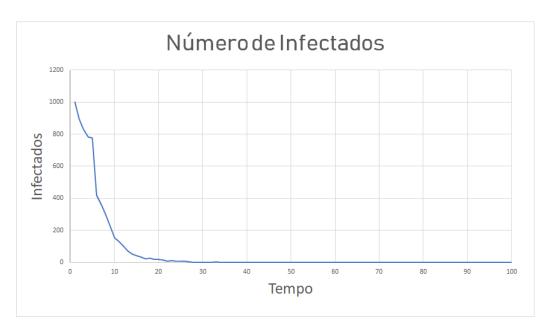
Probabilidade de recaída -  $\alpha=15\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 999;

Dias para morte - 5;

Rede analisada - Aleatória;

Grau médio da rede - 8.







# 4.4.3 Simulação 4.3

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 75\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 20\%$ ;

Probabilidade de recaída -  $\alpha = 50\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 100;

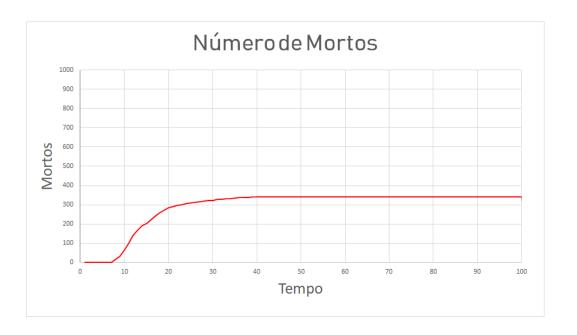
Dias para morte - 7;

Rede analisada - Livre de Escala;

Grau médio da rede - 2.







# 4.4.4 Simulação 4.4

# Parâmetros:

População - 1000;

Período - 100 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 75\%;$ 

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

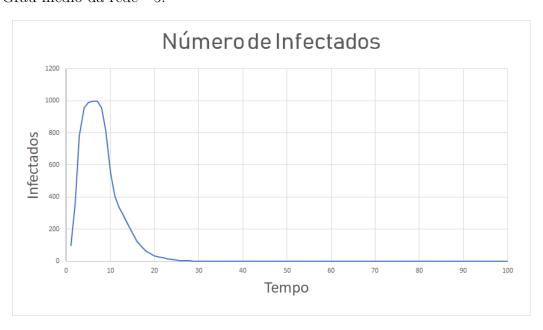
Probabilidade de recaída -  $\alpha=70\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 100;

Dias para morte - 7;

Rede analisada - Modularizada;

Grau médio da rede - 5.







# 4.4.5 Simulação 4.5

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 200 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 75\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

Probabilidade de recaída -  $\alpha=70\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 100;

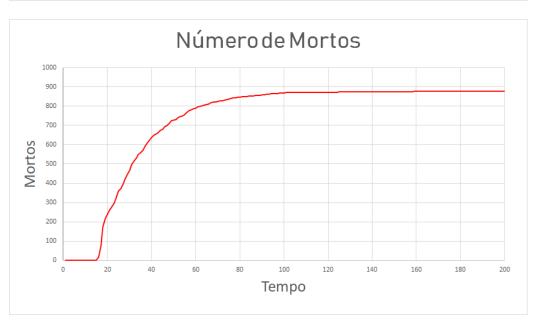
Dias para morte - 15;

Rede analisada - Modularizada;

Grau médio da rede - 5.







# 4.4.6 Simulação 4.6

#### Parâmetros:

População - 1000;

Período - 700 dias;

Probabilidade de infecção -  $\beta = 75\%$ ;

Probabilidade de recuperação -  $\gamma = 10\%$ ;

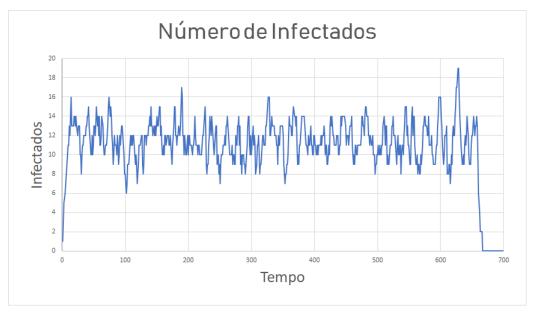
Probabilidade de recaída -  $\alpha = 70\%$ 

Quantidade inicial de infectados - 1;

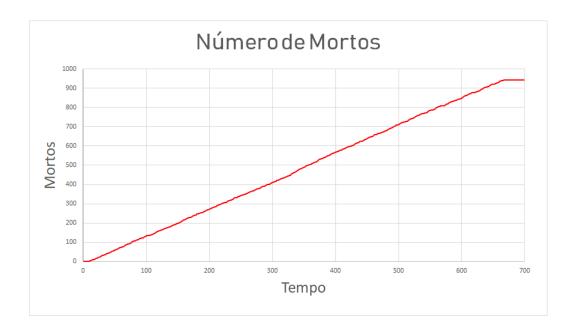
Dias para morte - 6;

Rede analisada - Regular;

Grau médio da rede - 2.







#### 4.4.7 Conclusão

Note que em todas simulações, temos a erradicação da doença. Mesmo começando com 999 infectados, em 4.2 e fixando uma probabilidade de infecção muito alta em uma rede com grau médio 8 "apenas" cerca de 700 pessoas morreram, enquanto que pouco mais de 300 sobreviveram à doença. Outra simulação interessante a se considerar é a 4.4, em que embora em um intervalo de tempo logo no começo da simulação, todos ficam doentes decorrente do tipo de rede que estamos usando (Modular) e os altos índices de infecção e recaída, além de um número significativo de infectados inicialmente; entretanto, mesmo com todos esses fatores a favor da doença, esta foi erradicada sobrando pouco menos de 70 pessoas na rede. As simulações que mais demoraram para erradicarem a doença foram na 4.1, na 4.5, mas principalmente na 4.6. Na primeira, como começamos com 1 infectado e estamos com uma rede regular (mesmo sendo de alto grau) a doença se propaga lenta mas certamente, até que dê uma volta completa na rede e não haja mais tantos vértices para serem infectados; mesmo tendo um número pequeno de infectados por iteração, ainda foi uma das simulações em que mais pessoas morreram, devido ao longo tempo até que a doença se extinguisse e o próprio caráter da rede. Enquanto que na 4.5 é interessante observar que demorou para erradicar a doença devido ao fato de que estamos considerando o tempo até a morte do indivíduo infectado como sendo 15 dias, ou seja o infectado fica mais tempo infectado, aumentando a chance de seus vizinhos ficarem doentes, pois o tempo até sua morte aumentou. Na última, temos uma explicação parecida com a da simulação 4.1, mas aqui o grau médio é menor e a probabilidade  $\alpha$  é maior.

# REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- [1] F. M. COTACALLAPA, Modelos de Propagação de epidemias em redes complexas, São Paulo, 2015, disponível em http://www.teses.usp.br/teses/disponiveis/100/100132/tde-04052015-091411/publico/fmoshecorrigida.pdf.
- [2] M. H. Ribeiro, Modelos Matemáticos em Epidemiologia, Rio Claro, 2012.