

DOCTORADO EN CIENCIA Y TECNOLOGIA

Evaluado y acreditado por la Comisión Nacional de Evaluación y Acreditación Universitaria (CONEAU).
Resolución N° 1178/11. Calificación "B".

Dinámica de Transmisión de Enfermedades en Redes de Contactos Estructuradas

Trabajo de tesis para optar por el título de Doctor en Ciencia y Tecnología de la Universidad
Nacional de General Sarmiento

Autora: María del Valle Rafo

Director: Juan Pablo Aparicio

Fecha: 29 de Marzo de 2017

DOCTORADO EN CIENCIA Y TECNOLOGIA

Evaluado y acreditado por la Comisión Nacional de Evaluación y Acreditación Universitaria (CONEAU).
Resolución N° 1178/11. Calificación "B".

FORMULARIO "E" TESIS DE POSGRADO

Niveles de acceso al documento autorizados por el autor

El autor de la tesis puede elegir entre las siguientes posibilidades para autorizar a la UNGS a difundir el contenido de la tesis: a

- a) *Liberar el contenido de la tesis para acceso público.*
- b) *Liberar el contenido de la tesis solamente a la comunidad universitaria de la UNGS.*
- c) *Retener el contenido de la tesis por motivos de patentes, publicación y/o derechos de autor por un lapso de cinco años.*

- a. Título completo del trabajo de Tesis: Dinámica de Transmisión de Enfermedades en Redes de Contactos Estructurales.
- b. Presentado por: Rafo, María del Valle
- c. E-mail del autor: maria_rafo@hotmail.com
- d. Estudiante del Posgrado: Doctorado en Ciencia y Tecnología
- e. Institución o Instituciones que dictaron el Posgrado: Instituto de Ciencias, Universidad Nacional de General Sarmiento.
- f. Para recibir el título de:
 - a) Grado académico que se obtiene: Doctor
 - b) Nombre del grado académico: Doctora en Ciencia y Tecnología
- g. Fecha de la defensa: 29 / 03 / 2017
- h. Director de la Tesis: Aparicio, Juan Pablo
- i. Tutor de la Tesis: Romanelli, Lilia
- j. Colaboradores con el trabajo de Tesis: -
- k. Descripción física del trabajo de Tesis: 199 páginas (incluyendo el formulario E)
- l. Alcance geográfico y/o temporal de la Tesis: El alcance geográfico de la presente tesis es internacional mientras se investigue la aplicación de las Redes *Scale Free*.
- m. Temas tratados en la Tesis: *Scale Free- Network-* Número Reproductivo Básico

DOCTORADO EN CIENCIA Y TECNOLOGIA

Evaluado y acreditado por la Comisión Nacional de Evaluación y Acreditación Universitaria (CONEAU).
Resolución N° 1178/11. Calificación "B".

n. Resumen en español: En este trabajo se estudiarán los efectos que la estructura de las redes de contacto y las características epidemiológicas de la transmisión tienen sobre la dinámica de las enfermedades infecciosas. Consideraremos al menos cuatro tipos de redes: aleatorias, *small-world*, *scale-free* y redes sociales. Estas últimas son redes bipartitas en las cuales un individuo posee ciertos contactos durante parte del tiempo y otros contactos durante el restante. Se desarrollarán algoritmos para crear los distintos tipos de redes y luego se las caracterizarán topológicamente mediante la distribución del grado, longitud de camino medio y el coeficiente de agrupamiento. A través de simulaciones extensivas se estudiarán las consecuencias dinámicas de las distintas topologías. Posteriormente se estudiará cómo cambia la dinámica cuando la enfermedad es transmitida por vectores como el caso del Dengue. En particular importancia para la aplicación de los resultados a estrategias de control o contención será determinar bajo qué condiciones es posible obtener una estimación empírica del número reproductivo básico a partir de los primeros valores de incidencia de nuevos casos observados. Finalmente obtendremos modelos simples de campo medio que capturen la dinámica observada con los simuladores desarrollados.

o. Resumen en portugués: Este artigo analisa os efeitos que a estrutura das redes e as características epidemiológicas de transmissão têm sobre a dinâmica de doenças infecciosas serão estudados. Consideramos pelo menos quatro tipos de redes: aleatório, pequeno-mundo, sem escala e redes sociais. Estes últimos são redes bipartidas em que um indivíduo tem certos contatos durante uma parte do tempo e de outros contatos para o restante. Os algoritmos foram desenvolvidos para a criação de diferentes tipos de redes e, em seguida, o topologicamente caracteriza-se por grau de distribuição, o comprimento e a meio caminho coeficiente de agrupamento. Através de simulações extensas consequências dinâmicas de diferentes topologias estudadas. Posteriormente, estudaram as alterações dinâmicas como quando a doença é transmitida por vetores tais como o caso de Dengue. Particular importância para a aplicação de resultados para controlar ou estratégias de contenção irá determinar em que condições é possível obter uma estimativa empírica o número básico de reprodução a partir dos primeiros valores incidência de novos casos observados. Finalmente temos modelos simples que capturam a dinâmica do meio-campo observado com simuladores desenvolvidos.

p. Resumen en inglés: In this paper we will study the effects that the structure of the contact networks and the epidemiological characteristics of the transmission have on the dynamics of the infectious diseases. We will consider at least four types of networks: random, small-world, scale-free and social networks. The latter are bipartite networks in which an individual has certain contacts during part of the time and other contacts during the rest. Algorithms will be developed to create the different types of networks and then they will be characterized topologically by the distribution of the degree, average path length and clustering coefficient. Through extensive simulations the dynamic consequences of the different topologies will be studied. Later it will be studied how the dynamics changes when the disease is transmitted by vectors like the case of Dengue. Particularly important for the application of the results to control or containment strategies will be to determine under what conditions it is possible to obtain an empirical estimate of the basic reproductive number from the first incidence values of new cases observed. Finally we will obtain simple models of medium field that capture the dynamics observed with the developed simulators.

q. Aprobado por (Apellidos y Nombres del Jurado): Dr. Momo Fernando, Dr. Saravia Leandro y Dr. Coviella Carlos.

DOCTORADO EN CIENCIA Y TECNOLOGIA

Evaluated and accredited by the National Commission of Evaluation and Accreditation of Universities (CONEAU).
Resolución N° 1178/11. Calificación "B".

Firma y aclaración de la firma del Presidente del Jurado:

Firma de la autora de la tesis:

DOCTORADO EN CIENCIA Y TECNOLOGIA

Evaluado y acreditado por la Comisión Nacional de Evaluación y Acreditación Universitaria (CONEAU).
Resolución N° 1178/11. Calificación "B".

Dinámica de Transmisión de Enfermedades en Redes de Contactos Estructuradas

Aportes Originales:

La presente tesis aporta resultados originales en los capítulos 3 a 7 donde se ve:

En el capítulo 3, si bien en el comienzo es introductorio, al final del mismo presentamos resultados originales donde se deduce la distribución para el número de casos secundarios producidos por un caso índice cuando el Coeficiente de agrupamiento es nulo. Se muestra que, contra lo esperado, la distribución no es binomial y se utiliza el resultado para calcular el número reproductiva básico para redes aleatorias con coeficiente de agrupamiento nulo.

En el capítulo 4, se realiza una caracterización estadística de redes aproximadamente *Scale-Free* obtenidas con el algoritmo de conexión preferencial. Luego se estudian las características topológicas de las redes, como por ejemplo, longitud de camino medio o coeficiente de agrupamiento y también se ve las características de las epidemias en *Scale-Free* (SF o BA). En particular se analiza la estructura de una red social Facebook y se muestra que estas redes tienen un comportamiento *Scale-Free* pero a diferencia de las redes de este tipo usualmente consideradas presenta un alto coeficiente de agrupamiento.

En el capítulo 5, se desarrolla y analiza un modelo de red simple (que llamamos 2G) para las redes de tipo *Scale-Free*. Se muestra que a pesar de la simplificación extrema adoptada las características topológicas principales así como la dinámica de las epidemias en las mismas son en muchos casos indistinguibles de las obtenidas con las redes mucho más complejas de distribución potencial. Utilizando este modelo simple se presentan algunas aplicaciones.

En el capítulo 6, se deducen modelos de Campo medio para redes 2G. Luego se calcula el número reproductivo para el nuevo modelo de campo medio y se muestra que el parámetro umbral del modelo de campo medio aproxima al valor del número reproductivo básico de la red 2G. Además se muestra que las soluciones numéricas del modelo de campo medio capturan tanto los transientes como el equilibrio endémico de las epidemias observadas en redes 2G (y *Scale-Free*).

En el capítulo 7, se desarrollan nuevos modelos de redes para poblaciones estructuradas en sitios de lugares de convivencia. Estas redes presentan una pequeña longitud de camino medio, como las redes aleatorias de Erdos-Renyi, pero un alto coeficiente de agrupamiento, como las redes regulares. Se estudia la estructura topológica y las epidemias en estas redes. Finalmente se desarrolla un modelo equivalente pero que prescinde del uso explícito de una matriz de adyacencia. Este nuevo enfoque es utilizado con éxito para modelar la transmisión de enfermedades transmitidas por vectores en el marco de una teoría de redes, uno de los objetivos centrales de esta tesis.

DOCTORADO EN CIENCIA Y TECNOLOGIA

Evaluado y acreditado por la Comisión Nacional de Evaluación y Acreditación Universitaria (CONEAU).
Resolución N° 1178/11. Calificación "B".

Agradecimientos:

A Díos, por darme fuerzas para no bajar los brazos en cada una de las adversidades que se me presentaron, y por siempre acompañarme a transitar este camino tan complejo que es la vida.

A mi Director Juan Pablo Aparicio, porque sin él nunca hubiera podido llegar a concretar esta tesis.

A mi padre, hermana y cuñado que siempre me dieron su apoyo incondicional.

A todos mis amigos que me acompañaron durante todo este tiempo.

A la mejor mamá del mundo que desde el cielo me guía.

Al CONICET por financiar todo mi Doctorado.

A la Universidad Nacional de General Sarmiento, por brindarme la posibilidad de hacer mi Doctorado a la distancia.

Al jurado por leer esta tesis y por sus consejos para mejorarla.



*Dale a cada día
la posibilidad de ser
el mejor día de tu vida.*

Índice

1. Introducción	1
2. Conceptos Básicos y Metodología	7
2.1. Redes de contactos y grafos	7
2.2. Matriz de Adyacencia	10
2.3. Longitud de camino medio y coeficiente de agrupamiento . . .	13
2.4. Distribución de Grado	16
2.5. Distintas Redes de Contactos y como construirlas	17
2.5.1. Grafos Regulares	18
2.5.2. Grafos aleatorios	19
2.5.3. Redes <i>Small-World</i>	23
2.5.4. Redes de sitios de convivencia	27
2.5.5. Redes <i>Scale-Free</i>	27
2.6. Modelando la transmisión en redes de contactos	34
2.7. Modelos de campo medio	35
2.7.1. Soluciones del sistema 2.11	42
2.7.2. Cálculo de \mathfrak{R}_0 para el sistema 2.11	44
2.8. Modelo con transmisión por vectores	46
2.9. Soluciones del sistema 2.13	48

2.10. Cálculo de \mathfrak{R}_0 para el sistema 2.13	52
3. Número Reproductivo Básico para redes de contacto	55
3.1. Resultados preliminares	56
3.2. Cálculo de \mathfrak{R}_0 en redes con coeficiente de agrupamiento nulo	59
3.3. Cálculo de \mathfrak{R}_0 en redes con coeficiente de agrupamiento alto	61
3.4. El Número Reproductivo Básico \mathfrak{R}_0 para Redes <i>Small-World</i>	63
3.5. Estimaciones empíricas del número reproductivo básico	66
4. Caracterización estadística de las Redes <i>Scale-Free</i>	69
4.1. Estructura de las Redes <i>Scale Free</i>	69
4.2. Creando redes con un algoritmo de conexión preferencial	71
4.2.1. El efecto de N_0 en el grado máximo y la variabilidad	71
4.2.2. Características Topológicas: Distribución de grado, Longitud de camino medio y Coeficiente de agrupamiento	75
4.3. Características de las epidemias en redes BA	86
4.3.1. Número reproductivo básico	86
4.3.2. Epidemias Únicas	89
4.3.3. Dinámica vital y equilibrio endémico	90
4.4. Aplicación: Mis Amigos en Facebook	91
5. Un modelo simple para redes <i>Scale-Free</i>	97
5.1. El modelo	97
5.1.1. Conectando los nodos	101
5.1.2. Caracterización topológica de las redes 2G y comparación	101
5.1.3. Comparación de las epidemias	102
5.2. Algunas aplicaciones	111

5.2.1. Estimación de \mathfrak{R}_0	111
5.2.2. Proporción susceptible y \mathfrak{R}_0	117
6. Modificaciones al Modelo de Campo Medio Clásico	123
6.1. Modelos de campo medio para redes <i>Scale-Free</i>	127
6.1.1. Dinámica en redes 2G	129
6.1.2. Epidemias únicas	135
6.2. Cálculo de \mathfrak{R}_0 para el modelo de campo medio	144
6.3. Simulaciones para $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$, las redes 2G y SF	148
7. Redes de sitios de convivencia	155
7.1. Caracterización de las redes y la dinámica de transmisión en ellas	162
7.1.1. Distribución de grado, coeficiente de agrupamiento y longitud de camino medio	162
7.1.2. Epidemias en redes de sitios de convivencia	163
7.2. Estimaciones empíricas de \mathfrak{R}_0 y Modelo de campo medio	166
7.3. Incorporando la transmisión por vectores en redes de contacto	169
7.3.1. Incorporando las poblaciones de vectores	172
8. Conclusiones	175

Capítulo 1

Introducción

La estructura de las redes de contacto juega un papel fundamental en la dispersión de enfermedades transmisibles ([13], [26], [31], [33]). El conocimiento, aunque sea parcial, de tal estructura permite determinar mejores estrategias de control ([26], [47]) o explicar porque en algunos casos no se observan epidemias esperadas [32]. También se puede observar que simulando epidemias en redes de contactos muestran resultados significativamente diferentes que los obtenidos con los muy populares modelos epidemiológicos determinísticos basados en ecuaciones diferenciales ordinarias bajo las hipótesis de mezcla homogénea y la ley de acción de masas.

Sin embargo, los contactos epidemiológicos de un individuo dependen de las características de la enfermedad. Por ejemplo, la tuberculosis se transmite principalmente entre individuos que comparten espacios cerrados en forma frecuente y prolongada. En cambio, los contactos casuales parecen jugar un rol menor en la transmisión pero para la gripe, tales contactos son de fundamental importancia. Sin embargo, poco se sabe acerca de cómo afecta la estructura de contactos de enfermedades transmitidas por vectores, como el dengue, en la dinámica y patrones de transmisión.

Se sabe que una red es un conjunto de nodos con conexiones entre algunos de ellos.

Los conceptos que permiten caracterizar parcialmente la estructura de una red son la distribución de grado (es la probabilidad de que un nodo tenga grado k), la longitud de camino medio (entre dos nodos es el número mínimo promedio de conexiones que separan dos nodos escogidos al azar) y el coeficiente de agrupamiento (que es la probabilidad de que dos nodos estén conectados entre sí dado que cada uno está conectado con un tercero).

Si bien los modelos de redes de contactos representan una descripción mucho más realista, traen también aparejados nuevos problemas. Por un lado, dado un sistema parásito-hospedador tal red es muy difícil de elucidar. Por otro lado, la obtención de soluciones analíticas y/o numéricas es mucho más costosa que en el caso de los modelos más simples. Debido a estas y otras razones es que con un considerable esfuerzo se han dedicado a encontrar modelos simplificados que capturen la esencia de las dinámicas observadas en estos modelos más complejos. Para el caso de redes aleatorias y redes *small-world* se ha encontrado que con un conocimiento parcial acerca del proceso de transmisión y utilizando las primeras observaciones de la incidencia de nuevos casos, es posible parametrizar modelos simples de ecuaciones diferenciales ordinarias donde gran parte del efecto de la red en la dispersión de la enfermedad queda contabilizado por el Número Reproductivo Básico [4]. El número reproductivo básico (\mathfrak{R}_0) es un concepto central en epidemiología. Usualmente se define como el número esperado de casos secundarios que produce un infeccioso típico en una población totalmente susceptible. Si $\mathfrak{R}_0 > 1$ una epidemia es altamente probable, mientras que para $\mathfrak{R}_0 < 1$ es altamente improbable. Esta definición está basada en la hipótesis de mezcla homogénea, sin embargo cuando esto no ocurre, sobre todo cuando existe un coeficiente de agrupamiento alto, esta definición no es adecuada ([3], [11]). Para el presente caso no se sabe cuál es el papel que juega la estructura de contactos al resultar la enfermedad transmitida indirectamente a través de los vectores. La gran mayoría de los modelos para dengue consisten en sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias (ver por ejemplo, [1], [2], [20], [21], [40], [41],[42]), aunque recientemente se publicaron algunos

modelos especialmente explícitos y estocásticos ([35], [36]).

El objetivo general que nos planteamos en este trabajo es determinar los efectos que la estructura de las redes de contacto y las características epidemiológicas de la transmisión tienen sobre la dinámica de las enfermedades infecciosas. Para avanzar en esto se realizó lo siguiente:

Desarrollamos, implementamos y caracterizamos topológicamente distintas redes de contactos tales como las redes Aleatorias, *Small World*, *Scale-Free* o Libre de Escala y Redes Sociales. Además incorporamos y estudiamos el efecto de la transmisión por vectores en la dinámica de transmisión de enfermedades. También determinamos bajo que condiciones es posible obtener una estimación empírica del Número Reproductivo Básico a partir de los primeros valores de incidencia de nuevos casos observados. Y por último, obtuvimos modelos simples de campo medio que capturan la dinámica observada con los simuladores desarrollados anteriormente.

Ésta tesis se organiza de la siguiente manera: los capítulos 2 y 3 son introductorios. En ellos se presentan las principales definiciones, un repaso de la teoría y metodología utilizadas y una revisión de los antecedentes del tema. Es decir, en el capítulo (2) repasamos las principales definiciones de la teoría de grafos. También se ven redes aleatorias con coeficiente de agrupamiento casi nulo: distribución para \mathfrak{R}_0 y cálculo de la media. Además vemos el problema para redes con alto coeficiente de agrupamiento, por ejemplo redes *small-world*. Por último, presentamos las teorías determinísticas de campo medio.

Los resultados originales de esta tesis se concentran en los capítulos 3 a 7 donde se ve:

En el capítulo 3, Si bien en el comienzo es introductorio, al final del mismo presentamos resultados originales donde se deduce la distribución para el número de casos secundarios producidos por un caso índice cuando el coeficiente de agrupamiento es nulo. Se muestra que, contra lo esperado, la distribución no es binomial y se utiliza el resultado para calcular el número reproductiva básico para redes aleatorias con coeficiente de agrupamiento nulo.

En el capítulo 4, se realiza una caracterización estadística de redes aproximadamente *Scale-Free* obtenidas con un algoritmo de conexión preferencial que llamaremos redes de Barabasi- Albert (BA). Luego se estudian las características topológicas de las redes, como por ejemplo, longitud de camino medio o coeficiente de agrupamiento y también se ve las características de las epidemias en *Scale-Free* (SF o BA). En particular se analiza la estructura de una red social Facebook y se muestra que estas redes tienen un comportamiento *Scale-Free* pero a diferencia de las redes de este tipo usualmente consideradas presenta un alto coeficiente de agrupamiento.

En el capítulo 5, se desarrolla y analiza un modelo de red simple (que llamamos 2G) para las redes de tipo *Scale-Free*. Se muestra que a pesar de la simplificación extrema adoptada las características topológicas principales así como la dinámica de las epidemias en las mismas son en muchos casos indistinguibles de las obtenidas con las redes mucho más complejas de distribución potencial. Utilizando este modelo simple se presentan algunas aplicaciones.

En el capítulo 6, se deducen modelos de Campo medio para redes 2G. Luego se calcula el número reproductivo para el nuevo modelo de campo medio y se muestra que el parámetro umbral del modelo de campo medio aproxima al valor del número reproductivo básico de la red 2G. Además se muestra que las soluciones numéricas del modelo de campo medio capturan tanto los trasientes como el equilibrio endémico de las epidemias observadas en redes 2G (y *Scale-Free*).

En el capítulo 7, se desarrollan nuevos modelos de redes para poblaciones estructuradas en sitios de lugares de convivencia. Estas redes presentan una pequeña longitud de camino medio, como las redes aleatorias de Erdos-Renyi, pero un alto coeficiente de agrupamiento, como las redes regulares. Se estudia la estructura topológica y las epidemias en estas redes. Finalmente se desarrolla un modelo equivalente pero que prescinde del uso explícito de una matriz de adyacencia. Este nuevo enfoque es utilizado con éxito para modelar la

transmisión de enfermedades transmitidas por vectores en el marco de una teoría de redes, uno de los objetivos centrales de esta tesis.

Finalmente en el capítulo 8 presentamos las conclusiones de este trabajo.

Capítulo 2

Conceptos Básicos y Metodología

2.1. Redes de contactos y grafos

Una red de contactos esta compuesta por una población de individuos (nodos) y un conjunto de contactos entre ellos (aristas). Solo se considera los contactos que pueden contribuir a la transmisión de la enfermedad. En el caso más simple estos contactos permanecen fijos en el tiempo. Para estas redes estáticas es útil modelar la red de contactos como un grafo.

A continuación se presentarán las principales definiciones y conceptos de la teoría de grafos:

Definición: *Un grafo está formado por una terna y se denota $G = (N, A, P)$ donde N es el conjunto de nodos o vértices, A es el conjunto de aristas y P es una función de las aristas tal que cada $P(a) = \{p, q\}$ donde p, q son nodos que se denominan extremos de la arista (puede ser que $p = q$).*

Cuando G es un grafo, G_N denota sus nodos, G_A sus aristas y G_p su función de aristas. En un grafo se pueden encontrar lazos (aristas cuyos extremos coinciden), aristas múltiples (más de una arista conectando los mismos vértices) y vértices aislados (no están

conectados a ningún otro vértice).

Un ejemplo de un grafo G :

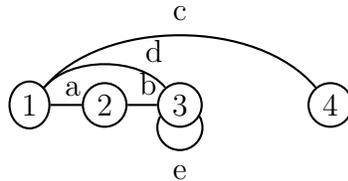


Figura 2.1: Grafo G

En donde sus nodos, aristas y función de arista son:

$$G_N = \{1, 2, 3, 4\}$$

$$G_A = \{a, b, c, d, e\}$$

$$P(a) = \{1, 2\}$$

$$P(b) = \{2, 3\}$$

$$P(c) = \{1, 4\}$$

$$P(d) = \{1, 3\}$$

$$P(e) = \{3\}$$

También se puede definir grafos dirigidos donde cada arista tiene una dirección de recorrido. La definición formal es la siguiente:

Definición: *Un grafo dirigido está formado por una terna y se denota $G = (N, A, P)$ donde N es el conjunto de nodos o vértices, A es el conjunto de aristas dirigidas y P es una función de las aristas tal que cada $P(a) = \{p, q\}$ donde p, q son nodos que se denominan extremos inicial y extremo final de la arista respectivamente.*

Un ejemplo de un grafo dirigido :

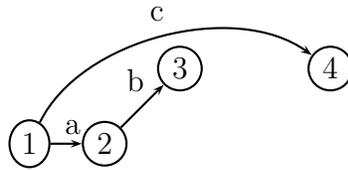


Figura 2.2: Grafo G dirigido

Otras definiciones importantes son:

Definición: *EL grafo $G_1 = (N_1, A_1, P_1)$ es un subgrafo del grafo $G = (N, A, P)$ si $N_1 \subseteq N$, $A_1 \subseteq A$ y $P_1 \subseteq P$.*

Definición: *Un camino en un grafo $G = (N, A, P)$ es una sucesión (posiblemente vacía) “a” de aristas tal que existe una sucesión “p” de nodos tal que para cada a_i , $P(a_i) = \{p_i, p_{i+1}\}$. La sucesión “p” se llama un recorrido del camino “a”.*

Una sucesión de aristas no siempre es un camino, porque puede suceder que no exista un recorrido. Por ejemplo, en la figura 2.1 la sucesión c, b no es un camino, la sucesión a, b sí es un camino y su recorrido es 1,2,3. La sucesión a sólo tiene dos recorridos 1,2 y 2,1.

Para cualquier nodo p la sucesión de solo p es recorrido del camino vacío. A veces se prohíbe que un camino repita aristas (aunque su recorrido sí puede repetir nodos).

Definición: *Los nodos p, q de un grafo son conexos (p es conexo con q) si existe un camino que empieza en p y termina en q .*

Definición: *Un grafo es conexo si todos sus pares de nodos son conexos.*

Definición: *Un camino no nulo cuyo recorrido empieza y termina en el mismo nodo y*

que no repite ninguna arista se llama ciclo. Si cada arista del grafo aparece en un ciclo se llama ciclo de Euler.

Definición: El grado de un nodo p en un grafo $G = (N, A, P)$ es el número de aristas “ a ” tal que $P(a) = \{p, q\}$ con $q \neq p$, más dos veces el número de aristas “ a ” tal que $P(a) = \{p\}$.

Un resultado importante es que un grafo sin nodos aislados tiene ciclo de Euler si y sólo si es conexo y cada nodo tiene grado par.

Definición: Un camino de Euler es un camino que pasa por cada arista exactamente una vez.

Otro resultado importante es: Un grafo conexo tiene camino de Euler si y sólo si tiene sólo dos nodos de grado impar.

2.2. Matriz de Adyacencia

Un grafo se lo puede representar mediante una matriz que indique las conexiones. Formalmente lo anterior se define de la siguiente manera,

Definición: Si el grafo G tiene n vértices, se llama matriz de adyacencia de G a la matriz cuadrada de orden n , $M = (m_{ij})_{n \times n}$, donde $m_{ij} = 1$ si hay una arista entre el nodo i y nodo j mientras que $m_{ij} = 0$ en caso contrario.

Entonces en un grafo el número de unos en cada fila o columna es el número de aristas incidentes en el vértice correspondiente a esa fila o columna. Mientras que en un grafo dirigido, el número de unos de cada fila se corresponde con el número de aristas salientes desde ese vértice y el número de unos de cada columna indica el número de aristas que llegan a ese vértice. A continuación se ve un ejemplo de Grafo no dirigido:

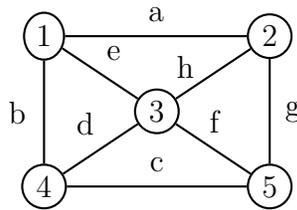


Figura 2.3: Grafo no dirigido

Tal que la matriz del grafo de la figura 2.3 es:

$$M = \begin{array}{c|ccccc} & 1 & 2 & 3 & 4 & 5 \\ \hline 1 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ 2 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 3 & 1 & 1 & 0 & 1 & 1 \\ 4 & 1 & 0 & 1 & 0 & 1 \\ 5 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \end{array}$$

Y un ejemplo de Grafo dirigido:

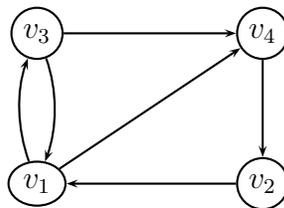


Figura 2.4: Grafo dirigido

y la matriz del grafo dirigido de la figura 2.4 es:

$$M = \begin{array}{c|cccc} & v_1 & v_2 & v_3 & v_4 \\ \hline v_1 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ v_2 & 1 & 0 & 0 & 0 \\ v_3 & 1 & 0 & 0 & 1 \\ v_4 & 0 & 1 & 0 & 0 \end{array}$$

Otros conceptos importantes son:

Definición: Un grafo G es llamado bipartito si existe al menos una partición de N en dos conjuntos N_1 y N_2 de forma tal que cada arista que une i con j satisface que $i \in N_1$ para cada $j \in N_2$.

En palabras simples la definición anterior dice que: un grafo es bipartito si el conjunto de vértices puede dividirse en dos subconjuntos disjuntos de N , donde cada arista de G tiene un vértice en cada subconjunto de N .

Definición: La distancia entre dos vértices v_1 y v_2 de G , que se denotara como $d_G(v_1; v_2)$, se define como el largo de la trayectoria más corta que conecta los vértices v_1 y v_2 . Si no existe una trayectoria entre v_1 y v_2 , entonces, $d_G(v_1; v_2) = \infty$.

En otras palabras, la distancia mide el número de aristas que separan un vértice de otro por el camino más corto posible. La siguiente figura muestra la distancia entre el nodo 1 al nodo 7:

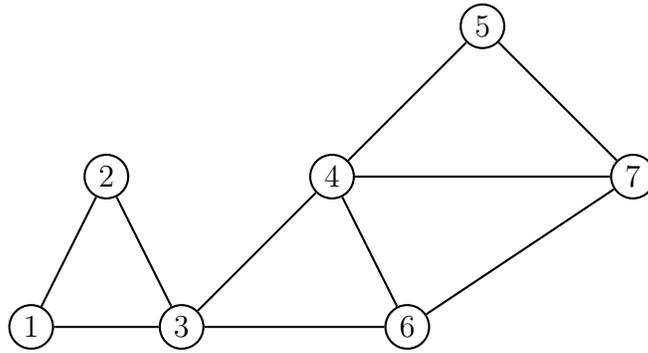


Figura 2.5: Distancia entre dos nodos $d_G(1, 7) = 3$

2.3. Longitud de camino medio y coeficiente de agrupamiento

La longitud de camino medio (L) de la red es el promedio de la distancia entre dos nodos de la red, formalmente se escribe:

$$L = \frac{1}{n(n-1)} \sum_{i,j} d_G(i, j)$$

es decir, la longitud de camino medio da una idea de cual es la distancia esperada entre dos nodos elegidos al azar.

Si el grafo es dirigido, la distancia promedio tiene dos variantes:

- Distancia promedio dirigida: para trazar un camino es necesario recorrer las aristas en el sentido que indican. Es, por lo tanto, más restrictiva.
- Distancia promedio no dirigida: se calcula igual que en una red no dirigida, convirtiendo todos los enlaces en no direccionales.

El coeficiente de agrupamiento (o *clustering coefficient*) de un vértice es la probabilidad de que dos contactos de ese nodo estén en contacto entre sí (y por lo tanto los tres vértices forman un triángulo). En términos coloquiales el coeficiente de agrupamiento es

la probabilidad de que dos de mis “amigos” sean “amigos” entre sí. Para el caso de un grafo *completo*, en el cual cada nodo está en contacto con todos los nodos del grafo, el coeficiente de agrupamiento es uno. Lo anterior se puede escribir formalmente de la siguiente manera: Sea $G = (N, A)$ un grafo, donde N es el conjunto de nodos y A es un conjunto de aristas. Sea e_{ij} una arista que conecta los nodos i y j . Los vecinos V para un vértice v_i se define como aquellos vértices conectados de tal forma que :

$$V_i = \{\{v_j\} : e_{ij} \in A \vee e_{ji} \in A\}$$

Para un grafo dirigido, e_{ij} es distinto de e_{ji} , y por lo tanto para cada vecino V_i hay $k_i(k_i-1)$ enlaces que podrían existir entre los vértices vecinos (donde k_i es el grado del vértice i para el total (entrantes + salientes)). De esta forma el coeficiente de agrupamiento en los grafos dirigidos está dado por:

$$C_i = \frac{|e_{jk}|}{k_i(k_i - 1)} \quad : \quad v_j, v_k \in V_i, \quad e_{jk} \in A$$

En un grafo no dirigido se tiene que los enlaces e_{ij} y e_{ji} son iguales. Por lo tanto, si un vértice v_i posee k_i vecinos, entonces existirían $\frac{k_i(k_i-1)}{2}$ enlaces entre los vértices vecinos. De esta forma el coeficiente de agrupamiento de grafos no-dirigidos pueden está dado por:

$$C_i = \frac{2|e_{jk}|}{k_i(k_i - 1)} \quad : \quad v_j, v_k \in V_i, \quad e_{jk} \in A$$

Por lo tanto, el coeficiente de agrupamiento de la red se lo define como la media de los coeficientes de agrupamiento de todos los vértices de la red [53].

$$C = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n C_i \tag{2.1}$$

Como el coeficiente de agrupamiento va entre 0 y 1 entonces se dirá a un valor que es muy alto cuando se acerque a 1 y pequeño o muy bajo cuando se acerque a 0.

En las siguientes figuras se muestran coeficientes de agrupamiento o clustering C_i para distintas configuraciones simples.

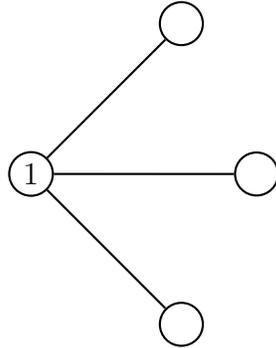


Figura 2.6: El coeficiente de agrupamiento de $C_1 = 0$

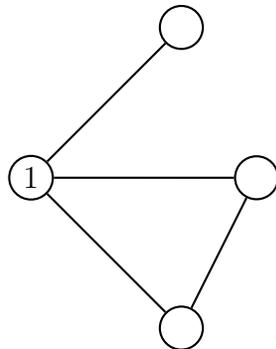


Figura 2.7: El coeficiente de agrupamiento de $C_1 = \frac{1}{3}$

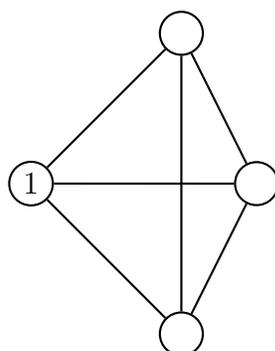


Figura 2.8: El coeficiente de agrupamiento de $C_1 = 1$

2.4. Distribución de Grado

La distribución de grado en una red, $P(k)$, es la probabilidad de que un nodo tenga grado k . En una red dada, con un número finito de nodos, la distribución es la fracción de nodos cuyo grado es k . Es decir, si la red posee una cantidad de n nodos en total y n_k de ellos poseen grado k , entonces la distribución de frecuencias es $\frac{n_k}{n}$. Si una red de n nodos se crea con algún algoritmo para el cual se espera que la distribución sea $P(k)$ entonces $\frac{n_k}{n}$ converge a $P(k)$ cuando $n \rightarrow \infty$.

Por ejemplo, si se considera el siguiente grafo:

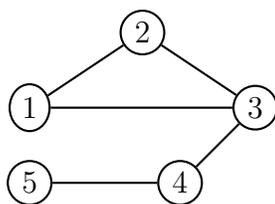


Figura 2.9: Grafo

por inspección se puede ver que los grados de los nodos son:

$$\text{grado}(1) = 2$$

$$\text{grado}(2) = 2$$

$$\text{grado}(3) = 3$$

$$\text{grado}(4) = 2$$

$$\text{grado}(5) = 1$$

Entonces la distribución de grados es:

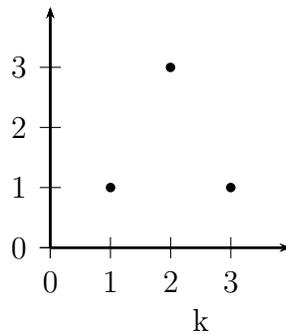


Figura 2.10: Distribución de grados $P(k)$

2.5. Distintas Redes de Contactos y como construirlas

En esta sección se caracterizarán topológicamente diferentes tipos de redes o grafos de contacto tales como los grafos regulares, grafos aleatorios de Erdos-Renyi, redes *Small-World* y redes *Scale-Free*. Se verá la longitud de camino medio y coeficiente de agrupamiento en cada caso. Además se discutirán algoritmos para crear dichas redes.

2.5.1. Grafos Regulares

Un grafo regular es aquel en el cual todos los vértices tienen el mismo grado y no hay componentes aleatorias. Un grafo con vértices de grado k se denomina k -regular. La distribución de grado es entonces $P(j) = \delta_{jk}$.

Un caso de particular interés es el grafo completo. Un grafo completo con n vértices es un grafo n -regular. A continuación, se presentan algunos ejemplos de grafos regulares:

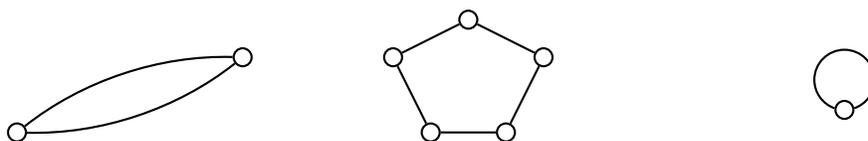


Figura 2.11: Grafo 2-regular

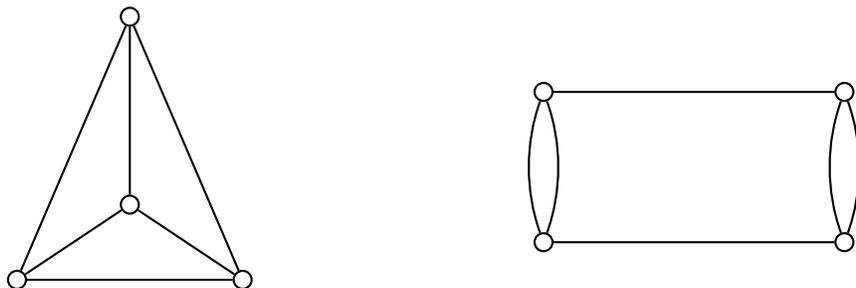


Figura 2.12: Grafo 3-regular

En una red regular todos los nodos son equivalentes y para cada nodo los contactos están establecidos de antemano. Por ejemplo, si se considera la red regular de la figura 2.13 y

se numera los nodos se sabe que para cualquier nodo j sus contactos son los nodos $j - 2$, $j - 1$, $j + 1$, $j + 2$ (teniendo en cuenta que el nodo-2 es en realidad el $N - 1$, etc.).

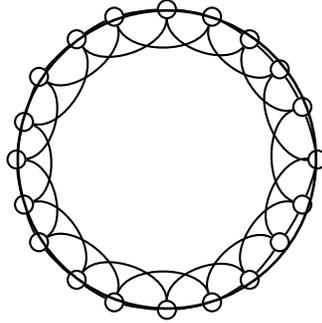


Figura 2.13: Red regular.

Los grafos regulares se caracterizan por presentar altos valores del coeficiente de agrupamiento y de la longitud de camino medio.

2.5.2. Grafos aleatorios

A diferencia de un grafo regular, en un grafo aleatorio los contactos de cada nodo no se conocen *a priori*, aunque naturalmente están definidos, por ejemplo, a través de la matriz de adyacencia. Esta diferencia entre grafos regulares y aleatorios, se aprecia mas claramente en los métodos para construir redes.

Hay dos formas de construir redes que no siempre son equivalentes:

Por un lado, se tiene el “método configuracional” en el cual primero se asigna a cada uno de los N nodos un grado dado utilizando la distribución de grado deseada $P(k)$. Luego se conectan los nodos entre sí, por ejemplo al azar, teniendo en cuenta de no repetir contactos, y de evitar redes desconectadas. Con este método la distribución de grado

obtenida es, por construcción, exactamente la prefijada.

En este trabajo se utilizó un “método dinámico” para construir las redes. En este método se establece una regla para incorporar aristas, de a una y en forma secuencial, entre pares de nodos.

Por ejemplo, si se considera una red aleatoria simple cuya distribución de grado es igual a la de un grafo n -regular, $P(k) = \delta_{kn}$, o sea todos los grados tienen el mismo grado n , pero a diferencia de un grafo regular, los contactos de cada nodo se eligen al azar entre los $N - 1$ nodos disponibles teniendo en cuenta que todo nodo debe tener grado n y de evitar redes desconectadas. En esta red aleatoria, si bien la distribución de grado es la misma que la de un grafo n -regular, las redes son topológicamente muy diferentes. Mientras que para el grafo regular tanto el coeficiente de agrupamiento como la longitud de camino medio son altos, en cambio la red aleatoria tiene un coeficiente de agrupamiento que converge a cero a medida que aumenta el tamaño de la red y una longitud de camino medio mucho menor que la del grafo regular.

Redes de Erdős-Rényi

Si se considera una red con N nodos. Un algoritmo dinámico para crear una red de Erdős-Rényi consiste en seleccionar dos nodos al azar y conectarlos si es que ya no fueron conectados previamente. Si se repite el proceso m veces eligiendo un par de nodos en cada turno al final se habrá establecido como máximo m enlaces entre parejas de nodos. Si m es un valor pequeño con respecto al valor total de nodos muchos de los nodos estarán desconectados, mientras que por el contrario otros nodos estarán formando pequeñas islas.

En cambio, si m es grande en comparación con el número total de nodos n , es muy posible que casi todos los nodos estén conectados entre sí.

Cálculo de la distribución de grado $P(k)$

Para calcular la distribución de grado $P(k)$ en la red aleatoria generada con el modelo Erdős – Rényi, primero se calcula la probabilidad p_c de que un par de nodos elegidos al azar estén conectados entre sí. En una red de N nodos, n_p es el número total de posibles pares de nodos y está definido por:

$$n_p = \binom{N}{2} = \frac{N(N-1)}{2}$$

Como el número de pares de nodos conectados por el modelo es m , se tiene que la expresión analítica de la probabilidad p_c es:

$$p_c = \frac{m}{n_p} = \frac{2m}{N(N-1)}$$

Si se toma un nodo particular al azar de la red generada y se lo denomina v_j , el número de pares de nodos que pueden contener a v_j sería $N-1$, ya que v_j se puede conectar con exactamente $N-1$ nodos restantes de la red. Pero sin embargo, puede que no estuviera v_j en los m enlaces generados. Entonces se supone que puede estar en k de ellas. Así la probabilidad que estuviera v_j contenido en k pares de nodos de las $N-1$ posibles es:

$$P(k) = \binom{N-1}{k} p_c^k (1-p_c)^{N-1-k}$$

ésta fórmula es una distribución binomial para m y N de valor finito. Si la red empieza a crecer hasta llegar a valores grandes del número de nodos (N) y de enlaces (m) hasta que: $n \rightarrow \infty$ y $m \rightarrow \infty$. De esta forma se tiene:

$$z = \frac{2m}{N}$$

tal que permanece en valores completamente finitos y la distribución de grado $P(k)$ converge a una distribución de Poisson con media z ,

$$P(k) = e^{-z} \frac{z^k}{k!}$$

Un ejemplo de una red aleatoria con $N = 10000$ nodos y una probabilidad de conexión $p = 0,0015$ lo muestra la siguiente figura:

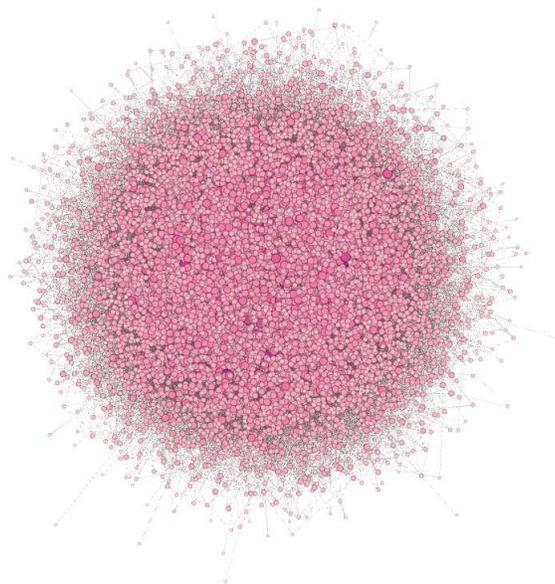


Figura 2.14: Grafo aleatorio con $N = 10000$ nodos y una probabilidad de conexión $p = 0,0015$.

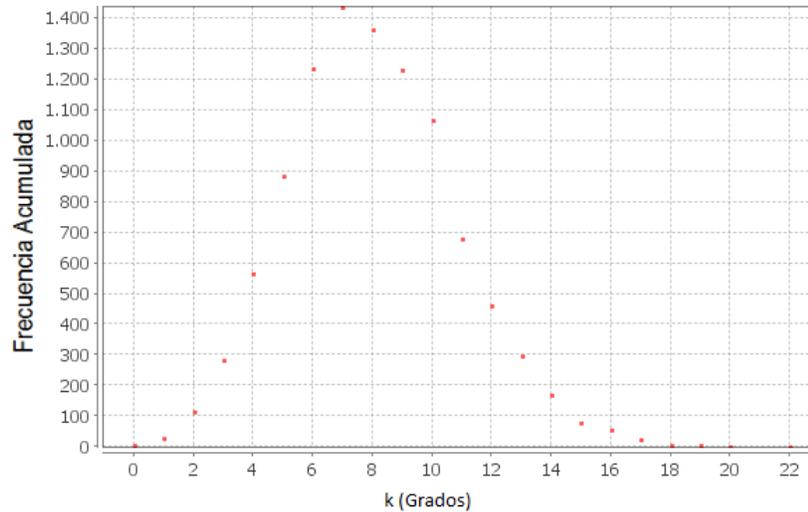


Figura 2.15: Distribución de Grado del grafo de la figura 2.14

2.5.3. Redes *Small-World*

En un famoso estudio, conocido como el *small-world experiment*, Stanley Milgram envió cartas a 296 individuos en el Medio Oeste Americano. Cada destinatario recibió junto con la carta instrucciones de enviarla a una dada persona en Boston. En el caso de que éstas personas no conocieran al destinatario final debían enviarla a un conocido de ellas con las instrucciones recibidas. A pesar de que sólo 64 de 296 mensajes alcanzaron el objetivo, lo lograron hacer con una media de alrededor de 6 pasos intermedios. A éste efecto Milgram lo denominó efecto de “mundo pequeño” o efecto *Small-World*, y se conoce popularmente como el fenómeno de los seis grados de separación.

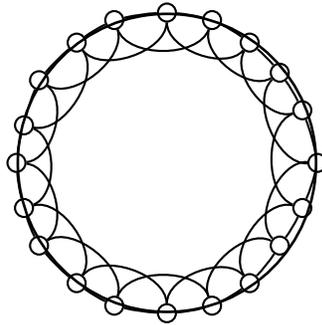
Recientemente el experimento de Milgram fue replicado a escala mundial utilizando cadenas de mensajes electrónicos [39] y, sorprendentemente se volvió a confirmar la regla de los seis grados de separación.

Se ve entonces que una característica de las redes sociales es la de poseer una pequeña longitud de camino medio, como las redes aleatorias, pero además las redes sociales poseen un alto coeficiente de agrupamiento como las redes regulares.

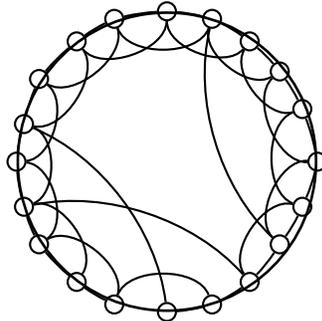
El modelo de redes *small-world* propuesto por Watts y Strogatz produce redes con éstas dos características. En esencia una red *small-world* es una red regular donde una fracción p de las aristas se distribuye al azar.

Así cuando $p = 0$, se tiene un grafo regular, mientras que cuando $p = 1$ el grafo es aleatorio, como se ve en la siguiente figura:

Regular



Small-world



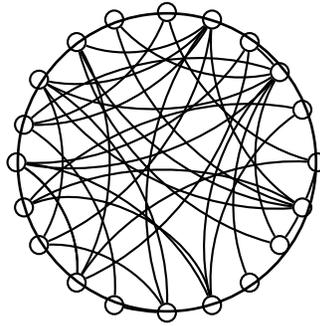
Aleatorio

Figura 2.16: Diferentes Grafos dependiendo de la probabilidad p .

El hecho de que solo se mueva un extremo de la arista o de que una arista no puede ser un ciclo, y que solo se pueda establecer una arista entre dos nodos hace que éste modelo sea poco limitado y dificulta que se pueda seguir creando el grafo aleatorio con este criterio. Es por esto, por lo que comenzaron a surgir otras variantes del mismo. Una variante fue propuesta independientemente por Monasson [44] y por Newman y Watts [33], que obtuvo mucha popularidad, no vuelve a recolocar las aristas, sino que además de las aristas que ya había, añade aristas, creando *shortcuts*, (caminos cortos o atajos). En este caso, el parámetro p debería gobernar la densidad de aristas atajos. Por esto, p es definida como la probabilidad de que sea creada una arista *shortcut* en cualquier lugar del grafo. Entonces, el número total de *shortcuts* es Lkp y el grado medio $2nk(1 + p)$ siendo n el número de vértices y k el grado que tienen los vértices (recordar que el grafo es regular). Este último modelo tiene la propiedad, de que ningún vértice estará desconexo del resto de la red.

Propiedades de las redes *Small-World*

Si se calcula el coeficiente de agrupamiento de una red *small-world* por el procedimiento original se obtiene el siguiente valor [17]:

$$C = \frac{3(k-1)}{2(2k-1)}(1-p)^3 \quad (2.2)$$

Si se calcula con el modelo de Newman [33] se obtiene:

$$C = \frac{3(k-1)}{2(2k-1) + 4kp(p+2)} \quad (2.3)$$

El estudio del comportamiento de L y C en zonas próximas a los extremos permite extraer empíricamente ciertas conclusiones:

$$\text{Si } p \rightarrow 0 \Rightarrow L \sim \frac{n}{2k}, \quad C \sim \frac{3}{4}$$

entonces el coeficiente de agrupamiento (ecuación (2.2)) cuando $p = 0$ (grafo regular) es $\frac{3}{4}$.

Cuando se acerca al otro extremo

$$p \rightarrow 1 \Rightarrow \approx L_{random} \sim \frac{\ln(n)}{\ln(k)}, \quad C \approx C_{random} \sim \frac{k}{n}$$

entonces el coeficiente de agrupamiento (ecuación (2.2)) cuando $p = 1$ (grafos aleatorio) es nulo para $n \rightarrow \infty$.

La longitud de camino medio cambia su escala cuando p alcanza un determinado valor. Para valores pequeños de la misma, varía linealmente, mientras que para valores mayores lo hace de forma logarítmica.

Para valores intermedios de p como, por ejemplo, puede ser $p \approx 0,01$, el valor de L es mucho menor que el de C . Éste sería aproximadamente el caso de las *small-world*, redes en las cuales la longitud de camino medio es pequeña (igual que en redes aleatorias) y el coeficiente de agrupamiento es grande (igual que en redes regulares).

2.5.4. Redes de sitios de convivencia

Otro modelo de redes sociales con características similares a las redes *small-world* discutidas es una red en la que los individuos de la población comparten sitios tales como casas o lugares de trabajo [11]. En esta tesis se las llamará “Redes Sociales” para abreviar. Aquí se consideró una colección de casas y lugares de trabajo. En cada uno de estos sitios los individuos están en contacto entre sí, dicho de otra forma en cada lugar se tiene un subgrafo completo. A cada integrante de una casa se le asigna un lugar de trabajo al azar. De esta forma habitantes de distintas casas pueden estar en contacto a través de compartir un mismo lugar de trabajo. Por construcción estas redes tienen un alto coeficiente de agrupamiento pero una corta longitud de camino medio.

2.5.5. Redes *Scale-Free*

Las redes de Erdos-Renyi presentan una baja variabilidad en la distribución de grado. En efecto en tales redes la distribución es aproximadamente Poisson y por lo tanto, la varianza es igual a la media. Una red regular presenta varianza nula y una red *Small-World* presenta una varianza intermedia, que dependerá del valor del parámetro de desorden p , entre una regular y una de Erdos-Renyi.

Sin embargo, en muchos casos se observan redes con una alta variabilidad en la distribución de grado.

Todo comenzó cuando Barabási y Albert en 1999 [29], encontraron que habían diferencias entre los modelos realizados y las redes reales. Las conclusiones a las que llegaron son las siguientes:

-La mayoría de los modelos realizados para redes parten de n nodos aislados. Luego, a esos nodos con una probabilidad p se les van añadiendo aristas. Es decir, son sistemas cerrados. Sin embargo, la mayoría de las redes reales son sistemas abiertos que crecen

con la incorporación de nuevos elementos. Por ejemplo, la WWW crece al tiempo que se añada nuevas páginas web.

-En la mayoría de los modelos la incorporación de aristas no depende del grado de los nodos. Las aristas se colocan aleatoriamente. Sin embargo, esto no siempre es así, por ejemplo, una página web lo más probable es que tenga enlaces a documentos que ya tienen una gran cantidad de enlaces, ya que al tener estos muchos enlaces, es más probable que sea encontrada en búsquedas y cada vez será más conocida.

Por lo tanto, el modelo BA que propusieron Barabási y Albert, se lo explica a continuación.

A. Modelo de Barabási-Albert

Barabási-Albert propusieron el siguiente algoritmo dinámico para generar redes con alta variabilidad que se conoce como método de “conexión preferencial”.

1. Fase de crecimiento:

Se empieza con un pequeño número de nodos, m_0 . Cada cierto tiempo (no tiene porque ser intervalos iguales) se va incorporando un nuevo nodo, uniéndolo con m aristas ($m \leq m_0$) a n nodos existentes ya en el grafo.

2. Fase de conexión preferencial:

Cuando se añade un nuevo nodo, se elige a qué otros nodos se lo unirá. Se asume que la probabilidad de que un nuevo nodo sea conectado a otro nodo i depende del grado k_i del nodo i

$$\prod k_i = \frac{k_i}{\sum_j k_j} \quad (2.4)$$

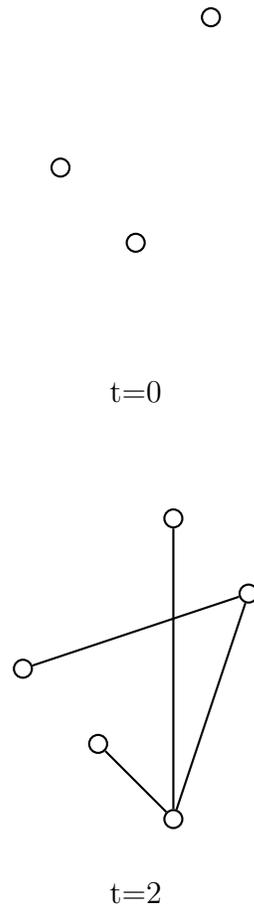
Después de t intervalos de tiempo, se tiene $n = t + m_0$ nodos y mt aristas.

Siguiendo estas dos fases, se obtendrán redes con una distribución de grado aproximadamente potencial, es decir,

$$P(k) \sim k^{-\gamma} \quad (2.5)$$

A continuación se verá la ilustración del modelo Barábasi- Albert y sus variantes:

Modelo BA: Para $m_0 = 3, m = 2$. En $t = 0$ el sistema consiste en $m_0 = 3$ vértices aislados. En cada intervalo de tiempo, un vértice será incorporado. Luego, será conectado a $m = 2$ vértices, preferentemente a vértices con alta conectividad. En $t = 2$ hay $m_0 + t = 5$ vértices y $mt = 4$ aristas. En $t = 3$ el sexto vértice es incorporado (aristas conectadas a los vértices de mayor grado).



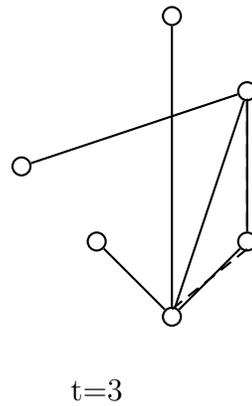
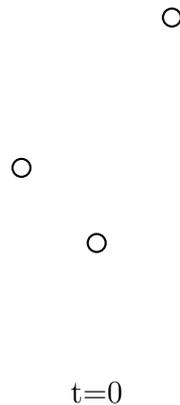


Figura 2.17: Modelo BA

Modelo A: Para $m_0 = 3$ y $m = 2$. En $t = 0$, el sistema consiste en $m_0 = 3$ vértices aislados. En cada intervalo de tiempo, un vértice será incorporado. Luego, será conectado a $m = 2$ vértices ya presentes de forma aleatoria. En $t = 2$ había 4 vértices y 4 aristas, como sucedía en la figura(2.17). En $t = 3$, el sexto vértice es incorporado (aristas añadidas en discontinuo). El nuevo vértice puede ser conectado con igual probabilidad al resto de los vértices del sistema.



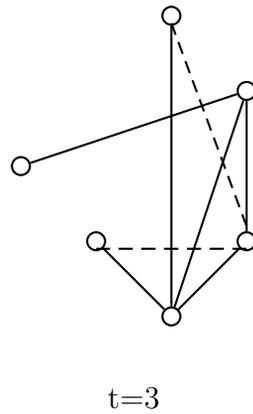
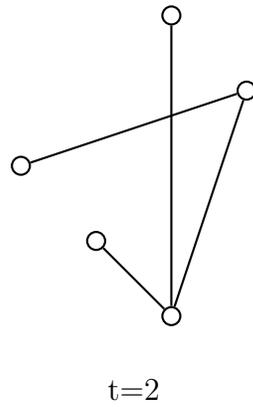
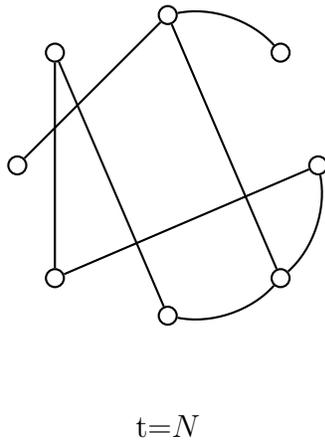
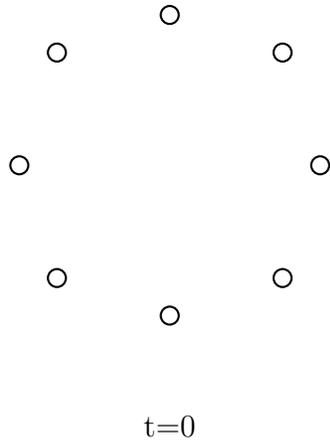
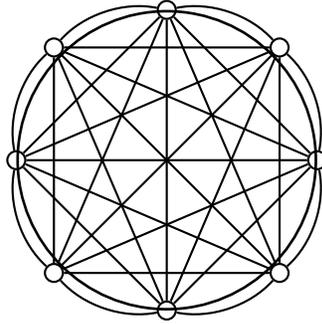


Figura 2.18: Modelo A

Modelo B: Para $n = 8$ nodos. El número de vértices es fijo. Para cada intervalo de tiempo, una nueva arista es introducida entre un vértice seleccionado aleatoriamente y otro cuyo proceso de selección es preferencial.





$$t = (N - 1)N$$

Figura 2.19: Modelo B

B. Propiedades de las redes creadas con el modelo Barabási- Albert

1. Longitud de Camino Medio:

La mejor aproximación a la longitud de camino medio es [17],

$$l = A \ln(n - C) + B \quad (2.6)$$

2. Coeficiente de agrupamiento:

No existe un resultado analítico de este coeficiente para este modelo.

Las redes creadas con el modelo de Barabási-Albert presentan una longitud de camino medio y un coeficiente de agrupamiento pequeños. Más recientemente, Klemm and Eguiluz [29] han propuesto un modelo alternativo para construir redes *Scale-Free* manteniendo un alto coeficiente de agrupamiento.

2.6. Modelando la transmisión en redes de contactos

Cada nodo de la red puede estar en distintos estados epidemiológicos. Aquí se considerará tres estados posibles *susceptible* (un nodo que puede adquirir la infección), *infectado* (se considerará que tal nodo es también infeccioso y puede transmitir por lo tanto la infección) y *recuperado* (un nodo que ya no es infeccioso y que adquirió además inmunidad y por lo tanto no puede infectarse).

En todas las redes que se consideraron en este trabajo se utilizaron grafos no dirigidos con una probabilidad por arista y unidad de tiempo de transmisión de la infección constante τ .

La probabilidad de que la infección se transmita entre un nodo susceptible en un intervalo δt es entonces

$$P(S \rightarrow I, \delta t) = 1 - e^{-\tau \delta t} \quad (2.7)$$

Para realizar las simulaciones suele ser conveniente considerar dos “capas” de información, en una se guarda el estado actual de cada uno de los nodos mientras que en la otra, la capa futura, se actualiza sus valores dependiendo de los eventos que hayan tenido lugar en un intervalo δt .

Los nodos se recorren secuencialmente, si el estado del nodo es infectado, se prueba a cada uno de sus contactos susceptibles por infección utilizando la ecuación 2.7. Los nodos que resulten infectados pasan a ser infectados en la capa futura, luego se prueba si el nodo puede recuperarse en forma análoga. Por simplicidad se considera una tasa de recuperación constante γ . Esto es equivalente a considerar que el período infeccioso está exponencialmente distribuido. Dicho de otra forma el tiempo desde la infección hasta recuperación, conocido como el período infeccioso, es una variable estocástica cuya función de densidad de probabilidad es $\gamma e^{-\gamma s}$ y la acumulada $F(t) = \int_0^t \gamma e^{-\gamma s} ds = 1 - e^{-\gamma t}$. El valor esperado del período infeccioso medio es

$$\int_0^{\infty} e^{-\gamma s} ds = \frac{1}{\gamma}.$$

2.7. Modelos de campo medio

Uno de los objetivos fundamentales de este trabajo es encontrar modelos simples de campo medio que capturen adecuadamente la dinámica observada en la transmisión de enfermedades en redes complejas. Los modelos más simple de este tipo son los clásicos modelos del tipo de Kermack-McKendrick [28] que se describe a continuación.

Los modelos se formulan en términos de clases de individuos. Los individuos en una población pertenecen siempre a una y sólo una clase. Frecuentemente, se les llama compartimentos a las clases. Se usa la sigla *SIR* para describir un modelo con tres clases o compartimentos. La clase susceptible, *S*, la clase de los infectados, *I*, y la clase removidos o recuperados, *R*, que contiene a aquellos individuos que no están infectados y por alguna razón (frecuentemente por haber adquirido inmunidad) no pueden ser infectados. El orden de las letras en la sigla es una forma de indicar que los individuos pasan del estado susceptible hacia el infeccioso y del infeccioso a la clase de los recuperados. Es importante notar que los individuos en la clase *R* están dentro de la población.

De modo similar, la sigla *SIS* refiere a un sistema con dos compartimentos, susceptibles e infectados y el orden de las letras indica el pasaje de susceptibles a infectados y de infectados a susceptibles al recuperarse sin adquirir inmunidad (como ocurre frecuentemente con las enfermedades debidas a bacterias).

Hay muchas otras variantes de modelos de compartimentos, uno de los más frecuentes distingue un estado de latencia indicado como *E* según lo cual, un individuo de esa clase ha sido infectado pero no tiene aún, capacidad para transmitir la infección.

Cada clase es una función que indica el número de individuos de la población que pertene-

cen a esa clase en un tiempo t . Es decir, para el modelo SIR , se tienen las funciones $S(t)$, $I(t)$, $R(t)$ denotando el número de individuos susceptibles, infectados y recuperados en el tiempo t , respectivamente. Se asume que esas funciones son diferenciables con respecto al tiempo, lo cuál es válido para poblaciones grandes y no debería ser del todo adecuado para poblaciones pequeñas. Un modelo SIR basado en los desarrollos de Kermack y McKendrick [28] al que se toma como referencia muchas veces es

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI/N \quad (2.8)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI/N - \gamma I \quad (2.9)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (2.10)$$

El modelo está basado en las siguientes hipótesis:

1. Cada infectado está en contacto con N individuos (donde N representa la totalidad de la población), siendo β la tasa de transmisión de la infección por individuo, por unidad de tiempo.
2. La tasa según la cual los infectados pasan a recuperados es γ , y es una tasa por individuo, por unidad de tiempo.
3. No hay muertes ni nacimientos: la población no se regenera y las únicas muertes posibles son las causadas por la infección, en cuyo caso los individuos siguen contando como pertenecientes a la población, pero recuperados.

En vista de la hipótesis 1, como un infectado está en contacto con N individuos, una porción $\frac{S}{N}$ de los cuales son susceptibles, cada miembro de I produce en promedio, $\beta \frac{S}{N}$ casos adicionales en una unidad de tiempo. Es decir que una cantidad I de infectados produce $\beta I \frac{S}{N}$ nuevos casos por unidad de tiempo. Una interpretación alternativa, pero igualmente válida, se obtiene de considerar el razonamiento desde la perspectiva de los

susceptibles. Un individuo susceptible tiene N contactos y una fracción $\frac{I}{N}$ de ellos están infectados. La frecuencia con la que ese contacto consigue transmitir la infección es β .

La hipótesis 2 necesita una explicación más detallada. Para un tiempo cualquiera, pero determinado, sea u la cantidad de individuos infectados. Si una fracción γ dejan de estar infectados por cada unidad de tiempo. Entonces $u(s)$ denota la cantidad de los que permanecen infectados luego de un tiempo s , es decir

$$\frac{du}{ds} = -\gamma u$$

La solución de esa ecuación diferencial es

$$u(s) = ue^{-\gamma s}$$

Eso significa que, para un individuo infectado i cualquiera, la probabilidad de que continúe infectado en un tiempo s posterior es

$$P[i \in I, \forall t \in [t_0, t_0 + s]] = e^{-\gamma s}$$

Si bien aquí se están utilizando probabilidades, hay que aclarar que luego el modelo es puramente determinístico.

Además se supone que esa probabilidad no depende del tiempo inicial, sino sólo de la longitud del período, o sea s . Con lo cual, se puede escribir

$$P[i \in I, \forall t \in [0; s]] = e^{-\gamma s}$$

Lo que se asume realmente es que el tiempo durante el cual un individuo permanece infectado (período infeccioso) se distribuye exponencialmente, con parámetro γ . Es decir, la función de densidad de probabilidad es $\gamma e^{-\gamma s}$ y la acumulada $F(t) = \int_0^t \gamma e^{-\gamma s} ds = 1 - e^{-\gamma t}$. El valor esperado del período infeccioso medio es

$$\int_0^{\infty} e^{-\gamma s} ds = \frac{1}{\gamma}$$

Luego, para un intervalo de tiempo Δt , pequeño, una cantidad $(\frac{\Delta t}{1/\gamma})I$ de infectados abandona su actual estado (de infección).

Por supuesto, valores negativos de S , I y R carecen por completo de sentido; cuando $S = 0$ o $I = 0$ el sistema alcanza un estado de equilibrio trivial. Como puede verse por la ecuación (2.9), si $S > 0$ y $I > 0$ entonces $\frac{dI}{dt} > 0$ siempre que $\beta S/N - \gamma > 0$. O sea, siempre que $\frac{S}{N} > \frac{\gamma}{\beta}$. Si ese es el caso, como un crecimiento de I lleva a un decrecimiento de S , luego de un tiempo se tiene $\frac{S}{N} \leq \frac{\gamma}{\beta}$ y entonces I comienza a decrecer.

Si se vuelven a mirar las condiciones para las cuales $\frac{dI}{dt} > 0$ entonces en el comienzo del sistema, la población posee una cantidad $I(0)$ de infectados iniciales y el resto de la población es una cantidad $S(0)$ de individuos susceptibles. Si inicialmente no hay recuperados $S(0) \simeq N$ dado que el número inicial de infectados es muy pequeño comparado con el total de la población, si $\frac{S(0)}{N} = 1 \leq \frac{\gamma}{\beta}$, o sea $\frac{S(0)\beta}{N\gamma} \leq 1$ entonces la población de infectados se extingue con rapidez. Por el contrario, si $\frac{\beta}{\gamma} > 1$ entonces I crece hasta que $S \leq \frac{\gamma}{\beta}$ y luego decrece. La cantidad

$$\frac{\beta}{\gamma}$$

es un valor umbral. Si es mayor que 1 tiene lugar la epidemia y sino, no.

Al valor umbral se lo llamará número reproductivo básico y se lo denotará como \mathfrak{R}_0 . Para éste caso en particular

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

y puede ser definido como la cantidad de casos secundarios producido por un individuo infectado promedio, en una población enteramente susceptible. La expresión para \mathfrak{R}_0 no

siempre será la misma. Tampoco la definición que se acaba de enunciar. Pero la idea permanecerá siempre: el número reproductivo básico es un valor umbral de modo que siempre que sea mayor que 1 producirá un brote epidémico.

Si se considera el caso simple de un grafo completo de tamaño N . La tasa de infección es τ por arista, luego un infectado produce un número esperado de $(N - 1)\tau$ infecciones por unidad de tiempo si todos los contactos fueran susceptibles. A medida que progresa la epidemia solo una fracción $\frac{S}{N}$ de los contactos es susceptible (donde S es el número de nodos susceptibles en la red). Por lo tanto

$$\frac{dS}{dt} = -(N - 1)\tau I \frac{S}{N}$$

Dado que los nodos infectados se recuperan en promedio a tasa γ

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= (N - 1)\tau I \frac{S}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{aligned}$$

Para el caso de una red completa, todos los nodos están en contacto entre sí y esto permite garantizar que cada infectado tiene la fracción $\frac{S}{N}$ de sus contactos susceptibles. Se llamará a este caso *mezcla homogénea fuerte*. Sin embargo, en poblaciones reales grandes la hipótesis de que cada individuo está en contacto con todo el resto de la población es claramente poco realista.

Si se considera que un individuo (promedio) tiene una cantidad n de contactos con $n \ll N$ y que estos contactos están repartidos al azar, entonces los contactos de cada individuo representan una muestra aleatoria de la población y por lo tanto, la proporción de ellos que es susceptible puede ser estimada como la proporción global $\frac{S}{N}$.

Luego la cantidad esperada de casos producidos por un infectado es

$$n\tau \frac{S}{N}$$

con lo cual I nodos infectados producirán

$$\tau n \frac{S}{N} I$$

infecciones por unidad de tiempo y la evolución de los nodos infectados estará dado por

$$\frac{dI}{dt} = n\tau I \frac{S}{N} - \gamma I$$

Por último, es posible incorporar el efecto de la renovación de la población por nacimientos y muertes no debidas a la infección. En este caso se va a asumir que la tasa de mortalidad es igual a la tasa de natalidad. Cada individuo que sale del sistema es reemplazado inmediatamente por un individuo susceptible. Si μ es la tasa de muerte por unidad de tiempo, una porción μ de los individuos de cualquiera de los compartimentos abandona el sistema para ser reemplazado por la misma cantidad de individuos susceptibles. El efecto en el modelo es una salida desde todos los compartimentos a una tasa μ y la incorporación de μN miembros susceptibles.

El sistema de ecuaciones correspondiente es

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \tau n \frac{SI}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \tau n \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases}$$

Si se escribe $\beta = \tau n$ el sistema queda

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (2.11)$$

Del sistema 2.11 se obtiene,

Cerca de $t = 0$ se tiene $I(0) = 1$ y $S(0) = N \implies \frac{dI}{dt} > 0$ si $\beta \frac{S(0)}{N} - \gamma - \mu > 0$ lo que implica que si $\frac{\beta}{\gamma + \mu} > 1$ se tiene epidemia en caso contrario no existe la epidemia.

Soluciones numéricas del sistema 2.11 con $S(0) = 79999$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$ y $\beta = 4$ son

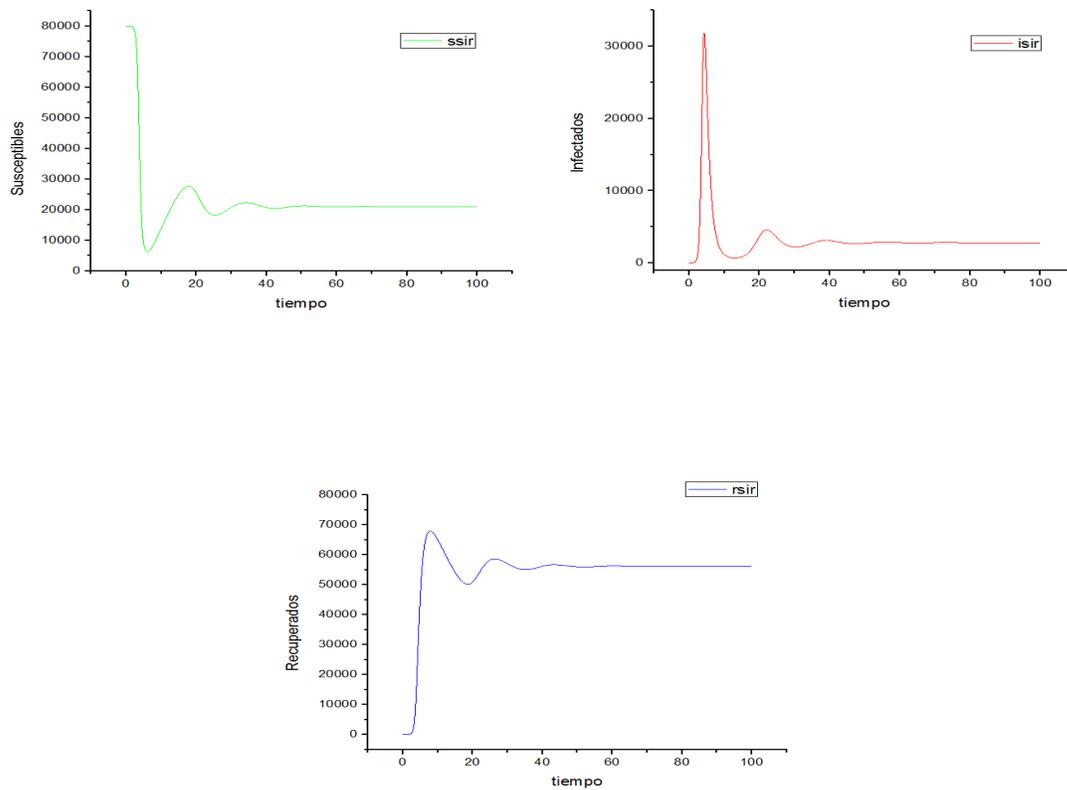


Figura 2.20: Susceptibles, Infectados y Recuperados del Sistema 2.11

2.7.1. Soluciones del sistema 2.11

Como el modelo 2.11 es un sistema de ecuaciones diferencial ordinaria no lineal entonces lo primero que se hace es linealizar y como $\frac{dR}{dt} = -\frac{dS}{dt} - \frac{dI}{dt}$ entonces el sistema se simplifica a un sistema con dos ecuaciones.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I \end{cases} \quad (2.12)$$

Primero se calcula los puntos fijos

Si $\frac{dI}{dt} = 0$ entonces $\beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I = (\beta \frac{S}{N} - \gamma - \mu)I = 0$ de aquí se obtiene que si $I = 0$ entonces $S = N$ y $\beta \frac{S}{N} - \gamma - \mu = 0$, por lo tanto $S = \frac{N(\gamma + \mu)}{\beta} = \frac{N}{\mathfrak{R}_0}$ y si se reemplaza en la ecuación $\mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S = 0$ se obtiene

$$\begin{aligned} \mu N - \beta \frac{\gamma + \mu}{\beta} I - \mu \frac{N(\gamma + \mu)}{\beta} &= 0 \implies \mu N \frac{\beta}{\beta} - \beta \frac{\gamma + \mu}{\beta} I - \mu \frac{N(\gamma + \mu)}{\beta} = 0 \implies \mu N \beta - \beta(\gamma + \mu)I - \\ \mu N(\gamma + \mu) &= 0 \implies -\beta(\gamma + \mu)I = \mu N(\gamma + \mu) - \mu N \beta \implies I = -\left(\frac{\mu N(\gamma + \mu) - \mu N \beta}{\beta(\gamma + \mu)} \right) = \\ \left(\frac{-\mu N(\gamma + \mu) + \mu N \beta}{\beta(\gamma + \mu)} \right) &= \left(\frac{\mu N \frac{\beta}{\gamma + \mu} - \mu N}{\beta} \right) = \frac{\mu N(\mathfrak{R}_0 - 1)}{\beta} \end{aligned}$$

Finalmente los puntos fijos son

$$(S = N, I = 0) \text{ y } (S = \frac{N}{\mathfrak{R}_0}, I = \frac{\mu N(\mathfrak{R}_0 - 1)}{\beta})$$

Luego se calcula la matriz jacobiana y se evalúa en los puntos fijos:

Para $x_0 = (S = N, I = 0)$ se obtiene

$$J|_{x_0} = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I}{N} - \mu & -\frac{\beta S}{N} \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - \gamma - \mu \end{bmatrix} \Bigg|_{x_0} = \begin{bmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta - \mu - \gamma \end{bmatrix}$$

Si la $traza = -\mu + \beta - \mu - \gamma \neq 0$ y $\beta - \mu - \gamma > 0 \implies \mathfrak{R}_0 = \frac{\beta}{\mu+\gamma} > 1$, el determinante $= \Delta$ es negativo por lo tanto $x_0=(S = N, I = 0)$ es un punto silla, en cambio si $\mathfrak{R}_0 < 1$ el determinante es positivo y luego hay que ver si $traza^2 - 4\Delta$ es positivo, negativo o igual a cero, según los valores de los parámetros se puede decir si es un nodo, un espiral o si en ese punto viven estrellas o nodos degenerados.

Si la $traza = -\mu + \beta - \mu - \gamma = 0$ entonces el punto fijo sería un centro estable, pero esto no se cumple porque si $traza = -\mu + \beta - \mu - \gamma = 0 \implies \mathfrak{R}_0 = 1 + \frac{\mu}{\mu+\gamma}$ entonces

$$\text{si } \mathfrak{R}_0 < 1 \implies 1 + \frac{\mu}{\mu+\gamma} < 1 \implies \frac{2\mu+\gamma}{\mu+\gamma} < 1 \implies 2\mu + \gamma < \mu + \gamma \implies 2 < 1 \text{ absurdo.}$$

si $\mathfrak{R}_0 > 1 \implies \mathfrak{R}_0 = 1 + \frac{\mu}{\mu+\gamma} \implies \mathfrak{R}_0 - \frac{\mu}{\mu+\gamma} = 1$, luego $\mathfrak{R}_0 - \frac{\mu}{\mu+\gamma} > -\frac{\mu}{\mu+\gamma}$, además $-\frac{\mu}{\mu+\gamma} < 1 - \frac{\mu}{\mu+\gamma} < 1$, entonces $\mathfrak{R}_0 - \frac{\mu}{\mu+\gamma} > 1$ absurdo.

Para $x_0=(S = \frac{N}{\mathfrak{R}_0}, I = \frac{\mu N(\mathfrak{R}_0-1)}{\beta})$ se obtiene

$$J|_{x_0} = \begin{bmatrix} -\frac{\beta I}{N} - \mu & -\frac{\beta S}{N} \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - \gamma - \mu \end{bmatrix} \Bigg|_{x_0} = \begin{bmatrix} \frac{\mu(-\beta+\gamma+\mu)}{\mu+\gamma} - \mu & -\mu - \gamma \\ \frac{-\mu(-\beta+\gamma+\mu)}{\mu+\gamma} & 0 \end{bmatrix}$$

Si la $traza = \frac{\mu(-\beta+\gamma+\mu)}{\mu+\gamma} - \mu \neq 0$ y el determinante es negativo entonces $x_0=(S = \frac{N}{\mathfrak{R}_0}, I = \frac{\mu N(\mathfrak{R}_0-1)}{\beta})$ es un punto silla, en cambio si el determinante es positivo, luego hay que ver si $traza^2 - 4\Delta$ es positivo, negativo o igual a cero, según los valores de los parámetros se puede decir si es un nodo, un espiral o si en ese punto viven estrellas o nodos degenerados.

Si la $traza = \frac{\mu(-\beta+\gamma+\mu)}{\mu+\gamma} - \mu = 0$ entonces el punto fijo sería un centro estable pero esto no se cumple porque si $traza = \frac{\mu(-\beta+\gamma+\mu)}{\mu+\gamma} - \mu = 0 \implies \mathfrak{R}_0 = 0 \implies \beta = 0$.

La siguiente figura muestra el diagrama fase del sistema 2.11 para $N = 80000$, $\mu = 0,05$, $\beta = 4$ y $\gamma = 1$;

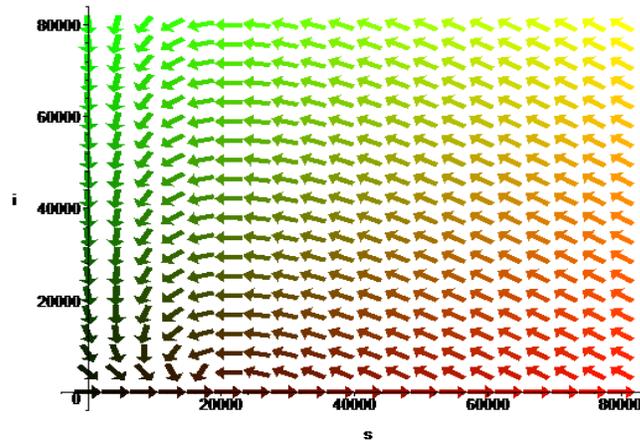


Figura 2.21: Diagrama Fase del Sistema 2.11

Por lo tanto, muestra que para esos valores los dos puntos fijos son inestables.

2.7.2. Cálculo de \mathfrak{R}_0 para el sistema 2.11

Se calculará \mathfrak{R}_0 del sistema 2.11 con la matriz de próxima generación [54] de la siguiente manera

Primero se escriben los vectores de aporte y disminución de las clases infectadas

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \frac{\beta SI}{N} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix} (\gamma + \mu)I \\ -\mu N + \beta \frac{SI}{N} - \mu S \\ -\gamma I + \mu R \end{bmatrix}$$

El primer vector se compone de los términos que suman individuos a las clases infectadas.

El segundo contiene los términos que restan individuos a las clases infectadas. El compar-

timiento infectado es I entonces para el sistema(2.11) se define el equilibrio libre de la enfermedad (que en ingles se lo escribe *disease free equilibrium*=DFE) como

$$x_0 = (I^0, S^0, R^0) = (0, S^0, R^0)$$

Del sistema (2.11) se obtienen las siguientes igualdades

$$\begin{aligned}\mu N - \mu S &= 0 \implies S^0 = N \\ R^0 &= 0\end{aligned}$$

entonces DFE es

$$x_0 = (0, N, 0)$$

Se derivan los vectores \mathcal{F} y \mathcal{V} con respecto al compartimiento infectados I y luego se evalúa en x_0

$$F|_{x_0} = \frac{\partial \mathcal{F}}{\partial I} = \left[\frac{\partial I}{\partial I} \right] \Big|_{x_0} = \left[\frac{\beta S}{N} \right] \Big|_{x_0} = \beta$$

$$V|_{x_0} = \frac{\partial \mathcal{V}}{\partial I} = \left[\frac{\partial I}{\partial I} \right] \Big|_{x_0} = \left[\gamma + \mu \right] \Big|_{x_0} = \gamma + \mu$$

Luego se calcula V^{-1}

$$V^{-1} = \frac{1}{\gamma + \mu}$$

Se multiplica las matrices F y V^{-1}

$$FV^{-1} = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$$

Por último, se calcula el radio espectral, es decir, el máximo de los autovalores de la matriz de próxima generación

$$\mathfrak{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = |\text{máx}(\lambda_i)| = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$$

2.8. Modelo con transmisión por vectores

En esta sección se estudiará el efecto de la transmisión por vectores en la dinámica de transmisión de enfermedades. Aquí los vectores serán los mosquitos. A continuación se definirán los parámetros que se consideraron:

$M = M_s + M_i$ es la población de vectores (en este caso los mosquitos).

$N = S + I + R$ es la población de humanos.

b = Tasa de picadura de los mosquitos (es decir, el número de picadura por unidad de tiempo por individuo).

p_h = la probabilidad que un humano se infecte por picadura.

p_m = la probabilidad que un mosquito se infecte por picadura.

μ_m = la tasa de mortalidad de los mosquitos o vectores.

μ = la tasa de mortalidad de los humanos.

γ = tasa de recuperación.

Se considera que un humano susceptible se puede infectar porque lo pica un mosquito infectado y cuando se infecta pasa a ser infeccioso, mientras que un mosquito susceptible se puede infectar porque pica a un humano infectado. Los mosquitos infecciosos no se recuperan son infecciosos hasta que mueren. Además de las bM picaduras por unidad de

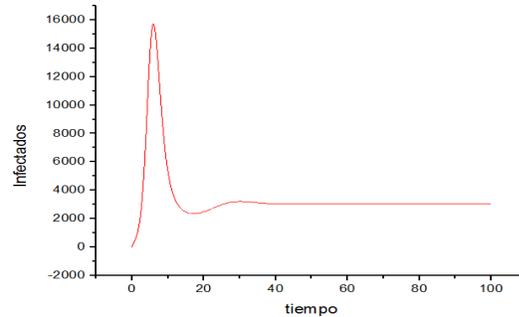
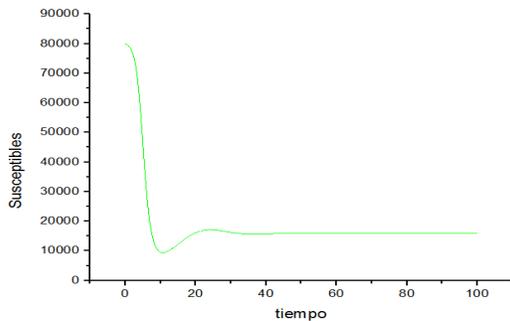
tiempo $\frac{M_i}{M}$ son de vectores infectados, y $\frac{S}{N}$ son sobre humanos susceptibles. Entonces, lo anterior se traduce en el siguiente modelo determinístico:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - p_h b M_i \frac{S}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = p_h b M_i \frac{S}{N} - (\mu + \gamma) I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \\ \frac{dM_s}{dt} = \mu_m M - p_m b M_s \frac{I}{N} - \mu_m M_s \\ \frac{dM_i}{dt} = p_m b M_s \frac{I}{N} - \mu_m M_i \end{cases} \quad (2.13)$$

Del sistema (2.13) se obtiene

Cerca de $t = 0$ se tiene $I(0) = 1, M_s(0) = M, S(0) = N \implies \frac{dI}{dt} > 0$ si $p_h b M_i \frac{S}{N} - (\mu + \gamma) I = p_h b M_i - (\mu + \gamma) > 0$ lo que implica que si $\frac{p_h b M_i}{\mu + \gamma} > 1$ y también $\frac{dM_i}{dt} > 0 \implies M_i \approx \frac{p_m b M}{\mu_m N}$ reemplazando se obtiene $\frac{p_h p_m b^2 M}{(\mu + \gamma) \mu_m N} > 1$ tal que si se cumple esto se tiene epidemia en caso contrario no existe la epidemia.

Soluciones numéricas del sistema 2.13 con $S(0) = 79990, I(0) = 10, R(0) = 0, M_s = 40000, M_i = 320, p_h = 0,25, p_m = 0,25, b = 10, \gamma = 1, \mu = 0,05, \mu_m = 0,5$



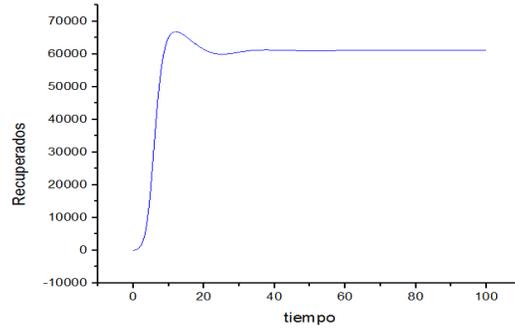


Figura 2.22: Susceptibles, Infectados y Recuperados del Sistema 2.13

2.9. Soluciones del sistema 2.13

Como el modelo 2.13 es un sistema de ecuaciones diferencial ordinaria no lineal entonces lo primero que se hace es linealizar y como $\frac{dR}{dt} = -\frac{dS}{dt} - \frac{dI}{dt}$, el sistema se simplifica a un sistema con 4 ecuaciones.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - p_h b M_i \frac{S}{N} - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = p_h b M_i \frac{S}{N} - (\mu + \gamma) I \\ \frac{dM_s}{dt} = \mu_m M - p_m b M_s \frac{I}{N} - \mu_m M_s \\ \frac{dM_i}{dt} = p_m b M_s \frac{I}{N} - \mu_m M_i \end{cases} \quad (2.14)$$

Primero se calculan los puntos fijos

Si $\frac{dI}{dt} = 0$ entonces $p_h b M_i \frac{S}{N} - (\mu + \gamma) I = 0 \implies I = \frac{p_h b M_i S}{N(\mu + \gamma)}$ si se reemplaza esta igualdad en $\frac{dM_i}{dt} = 0$ se obtiene $\frac{p_m b M_s p_h b M_i S}{N^2(\mu + \gamma)} - \mu_m M_i = 0 \implies (\frac{p_m b M_s p_h b S}{N^2(\mu + \gamma)} - \mu_m) M_i = 0$ de aquí se obtiene que si $M_i = 0$ entonces $I = 0$, $S = N$ y $M_s = M$. En cambio si $M_i \neq 0$ se tiene $S = \frac{\mu_m N^2(\mu + \gamma)}{p_m b p_h b M_s}$, $M_s = \frac{\mu_m M}{p_m b \frac{I}{N} \mu_m}$, $M_i = \frac{\mu_m N}{p_h b \frac{S}{N} - \mu}$ reemplazando cada termino se llega a que los puntos fijos son

$$(S = N, I = 0, M_s = M, M_i = 0) \text{ y } (S = \frac{(\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu_m \mu) N^2}{(\mu N + M b p_h) p_m b},$$

$$I = \frac{-N \mu (-M b^2 p_h p_m + N \mu_m \gamma + \mu N \mu_m)}{(\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu) p_m b}, M_s = \frac{\mu_m (\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu)}{p_h b (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu_m \mu)},$$

$$M_i = \frac{-\mu (-M b^2 p_h p_m + N \mu_m \gamma + \mu N \mu_m)}{p_h b (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu_m \mu)})$$

Luego se calcula la matriz jacobiana y se evalúa en los puntos fijos:

Para $x_0 = (S = N, I = 0, M_s = M, M_i = 0)$ se obtiene

$$J|_{x_0} = \begin{bmatrix} \frac{-p_h b M_i}{N} - \mu & 0 & 0 & \frac{-p_h b S}{N} \\ \frac{p_h b M_i}{N} & -\gamma - \mu & 0 & \frac{p_h b S}{N} \\ 0 & \frac{-p_m b M_s}{N} & \frac{-p_m b I}{N} - \mu_m & 0 \\ 0 & \frac{p_m b M_s}{N} & \frac{p_m b I}{N} & -\mu_m \end{bmatrix} \Bigg|_{x_0} = \begin{bmatrix} -\mu & 0 & 0 & -p_h b \\ 0 & -\gamma - \mu & 0 & p_h b \\ 0 & -p_m b \frac{M}{N} & -\mu_m & 0 \\ 0 & p_m b \frac{M}{N} & 0 & -\mu_m \end{bmatrix}$$

Por el criterio de Routh Hurwitz, se estudia la estabilidad del punto fijo $x_0 = (S = N, I = 0, M_s = M, M_i = 0)$ se tiene que el polinomio característico es

$$\mu^2 \mu_m^2 + \mu \mu_m^2 \gamma - \mu \mu_m p_m b^2 p_h \frac{M}{N} + (2\mu \mu_m \gamma + 2\mu^2 \mu_m + 2\mu \mu_m^2 + m \mu_m^2 \gamma - \mu p_m b^2 p_h \frac{M}{N} - \mu_m p_m b^2 p_h \frac{M}{N}) \lambda +$$

$$(\mu \gamma + 4\mu \mu_m + 2\mu_m \gamma + \mu_m^2 + \mu^2 + p_m b^2 p_h \frac{M}{N}) \lambda^2 + (\gamma + 2\mu_m + 2\mu) \lambda^3 + \lambda^4$$

Si alguno de los coeficientes del polinomio es cero o negativo, ante la presencia de al menos un coeficiente positivo, hay una raíz, o raíces imaginarias o que tiene partes reales positivas. En tal caso, el sistema no es estable. La condición necesaria, pero no suficiente, para la estabilidad es que todos los coeficientes de la ecuación estén presentes y tengan signo positivo.

Si todos los coeficientes del polinomio $a_0 \lambda^n + a_1 \lambda^{n-1} + \dots + a_{n-1} \lambda + a_n = 0$ son positivos, se ordenan los coeficientes en renglones y columnas de acuerdo con el patrón o arreglo siguiente:

$$\begin{array}{cccccc}
 \lambda^n & a_0 & a_2 & a_4 & a_6 & \dots \\
 \lambda^{n-1} & a_1 & a_3 & a_5 & a_7 & \dots \\
 \lambda^{n-2} & b_1 & b_2 & b_3 & b_4 & \dots \\
 \lambda^{n-3} & c_1 & c_2 & c_3 & c_4 & \dots \\
 \lambda^{n-4} & d_1 & d_2 & d_3 & d_4 & \dots \\
 \vdots & \vdots & \vdots & & & \dots \\
 \lambda^2 & e_1 & e_2 & & & \\
 \lambda^1 & f_1 & & & & \\
 \lambda^0 & g_1 & & & &
 \end{array}$$

Los coeficientes $b_1, b_2, b_3, \dots, c_1, c_2, c_3, \dots, d_1, d_2, \dots$, etc., se evalúan del modo siguiente:

$$\begin{aligned}
 b_1 &= \frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1} & c_1 &= \frac{b_1 a_3 - a_1 b_2}{b_1} \\
 b_2 &= \frac{a_1 a_4 - a_0 a_5}{a_1} & c_2 &= \frac{b_1 a_5 - a_1 b_3}{b_1} & d_1 &= \frac{c_1 b_2 - b_1 c_2}{c_1} \\
 b_3 &= \frac{a_1 a_6 - a_0 a_7}{a_1} & c_3 &= \frac{b_1 a_7 - a_1 b_4}{b_1} & d_2 &= \frac{c_1 b_3 - b_1 c_3}{c_1} \\
 & \vdots & & & &
 \end{aligned}$$

La evaluación continúa hasta que todas las restantes son cero.

El criterio de estabilidad de Routh- Hurwitz plantea que el número de raíces de la ecuación con partes reales positivas es igual al número de cambios de signo de los coeficientes de la primera columna del arreglo, entonces la condición necesaria y suficiente para que todas las raíces de la ecuación se encuentren en el semiplano izquierdo del plano λ es que todos los coeficientes de la ecuación sean positivos y que todos los términos de la primera columna del arreglo tengan signo positivo.

$$\begin{aligned}
 \text{Para } x_0 = (S = \frac{\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu_m \mu) N^2}{(\mu N + M b p_h) p_m b}, I = \frac{-N \mu (-M b^2 p_h p_m + N \mu_m \gamma + \mu N \mu_m)}{(\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu) p_m b}, M_s = \frac{\mu_m (\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu)}{p_h b (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu_m \mu)}, \\
 M_i = \frac{-\mu (-M b^2 p_h p_m + N \mu_m \gamma + \mu N \mu_m)}{p_h b (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu_m \mu)} \text{ se obtiene}
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 J|_{x_0} &= \begin{bmatrix} \frac{-p_h b M_i}{N} - \mu & 0 & 0 & \frac{-p_h b S}{N} \\ \frac{p_h b M_i}{N} & -\gamma - \mu & 0 & \frac{p_h b S}{N} \\ 0 & \frac{-p_m b M_s}{N} & \frac{-p_m b I}{N} - \mu_m & 0 \\ 0 & \frac{p_m b M_s}{N} & \frac{p_m b I}{N} & -\mu_m \end{bmatrix} \Bigg|_{x_0} = \\
 &= \begin{bmatrix} \frac{-\mu(p_h b^2 M p_m - N \mu_m \gamma - \mu N \mu_m)}{(\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m) N} - \mu & 0 & 0 & \frac{-p_h (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m) N}{(\mu N + p_h b M) p_m} \\ \frac{\mu(p_h b^2 M p_m - N \mu_m \gamma - \mu N \mu_m)}{(\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m) N} & -\gamma - \mu & 0 & \frac{p_h (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m) N}{(\mu N + p_h b M) p_m} \\ 0 & \frac{-p_m \mu_m (\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu)}{p_h (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m) N} & \frac{-\mu(p_h b^2 M p_m - N \mu_m \gamma - \mu N \mu_m)}{\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu} - \mu_m & 0 \\ 0 & \frac{p_m \mu_m (\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu)}{p_h (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m) N} & \frac{\mu(p_h b^2 M p_m - N \mu_m \gamma - \mu N \mu_m)}{(\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu)} & -\mu_m \end{bmatrix} \\
 &= \begin{bmatrix} A & 0 & 0 & B \\ C & -\gamma - \mu & 0 & D \\ 0 & E & F & 0 \\ 0 & G & H & -\mu_m \end{bmatrix}
 \end{aligned}$$

Por el criterio de Routh Hurwitz, se estudia la estabilidad del punto fijo $x_0 = (S = \frac{\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m N^2}{(\mu N + M b p_h) p_m b}, I = \frac{-N \mu (-M b^2 p_h p_m + N \mu_m \gamma + \mu N \mu_m)}{(\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu) p_m b}, M_s = \frac{\mu_m (\mu N \gamma + \mu^2 N + M p_h b \gamma + M p_h b \mu)}{p_h (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m)}, M_i = \frac{-\mu (-M b^2 p_h p_m + N \mu_m \gamma + \mu N \mu_m)}{p_h (\mu b p_m + \mu_m \gamma + \mu \mu_m)})$ se tiene que el polinomio característico es

$$\begin{aligned}
 &A \mu F \mu_m - A G D F + A \gamma F \mu_m + A E H D + C G B F - C E H B + (-A \mu \mu_m + A F \mu_m + A \mu F + \\
 &A \gamma F - \gamma F \mu_m - C G B - A \gamma \mu_m - \mu F \mu_m - E H D + G D F + A G D) \lambda + (-A \mu + A F - A \mu_m - \\
 &\mu F + \mu \mu_m - F \mu_m - G D - A \gamma - \gamma F + \gamma \mu_m) \lambda^2 + (-A + \mu - F + \mu_m + \gamma) \lambda^3 + \lambda^4
 \end{aligned}$$

Si alguno de los coeficientes del polinomio es cero o negativo, ante la presencia de al menos un coeficiente positivo, hay una raíz, o raíces imaginarias o que tiene partes reales positivas. En tal caso, el sistema no es estable. La condición necesaria, pero no suficiente, para la estabilidad es que todos los coeficientes de la ecuación estén presentes y tengan signo positivo.

Si todos los coeficientes del polinomio $a_0 \lambda^n + a_1 \lambda^{n-1} + \dots + a_{n-1} \lambda + a_n = 0$ son positivos, se realiza el mismo procedimiento que se explico anteriormente con el otro punto fijo.

2.10. Cálculo de \mathfrak{R}_0 para el sistema 2.13

Se calculará \mathfrak{R}_0 del sistema 2.13 con la matriz de próxima generación [54] de la siguiente manera

Primero se escriben los vectores de aporte y disminución de las clases infectadas

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \frac{p_h b M_i S}{N} \\ \frac{p_m b M_s I}{N} \\ 0 \\ 0 \end{bmatrix}$$

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix} (\gamma + \mu)I \\ \mu_m M_i \\ -\mu_N + p_h b M_i \frac{S}{N} + \mu S \\ -\mu_m M + p_m b M_s \frac{I}{N} + \mu_m M_s \end{bmatrix}$$

El primer vector se compone de los términos que suman individuos a las clases infectadas. El segundo contiene los términos que restan individuos a las clases infectadas. Los compartimientos infectados son I y M_i entonces para el sistema 2.13 se define el equilibrio libre de la enfermedad (DFE) como

$$x_0 = (I^0, M_i^0, S^0, M_s^0) = (0, 0, S^0, M_s^0)$$

Del sistema (2.13) se obtienen las siguientes igualdades

$$\begin{aligned} \mu N - \mu S &= 0 \implies S^0 = N \\ \mu_m M - \mu M_s &= 0 \implies M_s^0 = M \end{aligned}$$

entonces DFE es

$$x_0 = (0, 0, N, M)$$

Se derivan los vectores \mathcal{F} y \mathcal{V} con respecto al compartimiento infectados I, M_i y luego se evalúa en x_0

$$F|_{x_0} = \frac{\partial \mathcal{F}}{\partial I, M_i} = \left[\begin{array}{cc} \frac{\partial I}{\partial I} & \frac{\partial I}{\partial M_i} \\ \frac{\partial M_i}{\partial I} & \frac{\partial M_i}{\partial M_i} \end{array} \right] \Big|_{x_0} = \left[\begin{array}{cc} 0 & \frac{p_h b S}{N} \\ \frac{p_m b M_s}{N} & 0 \end{array} \right] \Big|_{x_0} = \left[\begin{array}{cc} 0 & p_h b \\ \frac{p_m b M}{N} & 0 \end{array} \right]$$

$$V|_{x_0} = \frac{\partial \mathcal{V}}{\partial I, M_i} = \left[\begin{array}{cc} \frac{\partial I}{\partial I} & \frac{\partial I}{\partial M_i} \\ \frac{\partial M_i}{\partial I} & \frac{\partial M_i}{\partial M_i} \end{array} \right] \Big|_{x_0} = \left[\begin{array}{cc} \gamma + \beta & 0 \\ 0 & \mu_m \end{array} \right]$$

Luego se calcula V^{-1}

$$V^{-1} = \left[\begin{array}{cc} \frac{1}{\gamma + \beta} & 0 \\ 0 & \frac{1}{\mu_m} \end{array} \right]$$

Se multiplica las matrices F y V^{-1}

$$FV^{-1} = \left[\begin{array}{cc} 0 & \frac{p_h b}{\mu_m} \\ \frac{p_m b M}{N(\gamma + \beta)} & 0 \end{array} \right]$$

Por último, se calcula el radio espectral, es decir, el máximo de los autovalores de la matriz de próxima generación

$$\mathfrak{R}_0 = \rho(FV^{-1}) = |\text{máx}(\lambda_i)| = \sqrt{\frac{p_m p_h b^2 M}{(\gamma + \mu) \mu_m}}$$

En el modelo 2.13 descrito anteriormente, se considero $\mathfrak{R}_0^2 = \frac{p_m p_h b^2 M}{(\gamma + \mu) \mu_m}$.

Finalmente, lo que se vio en este capítulo es un repaso de las principales definiciones de la teoría de grafos. También se estudio diferentes redes, como por ejemplo las redes aleatorias con coeficiente de agrupamiento casi nulo, y por último, se presento las teorías determinísticas de campo medio.

Capítulo 3

Número Reproductivo Básico para redes de contacto

El número reproductivo básico, según la definición estándar, es el número esperado de casos secundarios producidos por un infectado típico en una población enteramente susceptible. Sin embargo, esta definición no es adecuada cuando la enfermedad se transmite en redes de contacto estáticas como las que se consideran en este trabajo. Aún en el caso más simple de una red aleatoria con coeficiente de agrupamiento nulo, el *caso índice* (el infeccioso que se introduce en la población totalmente susceptible) no es representativo ya que posee todos sus contactos susceptibles. Sin embargo, un infectado de la segunda generación (se considera segunda generación a todos los casos producidos por el *caso índice*) posee todos sus contactos susceptibles excepto el contacto que le transmitió la enfermedad. La diferencia entre la primera generación y las siguientes es más apreciable aún en las redes con alto coeficiente de agrupamiento. En este caso, los casos producidos por el caso índice compiten entre sí por los contactos compartidos susceptibles y por lo tanto, decrece el número de casos producidos por cada infectado. Para una red infinita toda generación, excepto la primera son equivalentes. En una red finita a medida que transcurre

la epidemia va disminuyendo la población susceptible y por lo tanto las generaciones ya no son equivalentes desde el punto del potencial de reproducción de la enfermedad. Por esta razón el número reproductivo básico se define como la tasa de reproducción de infectados al *inicio de la epidemia* para evitar efectos de la disminución de susceptibles. Aquí se considera la segunda generación de infectados y por lo tanto la siguiente definición ([3], [11]):

Definición: *El número reproductivo básico es el número esperado de casos producidos por un infectado típico de la segunda generación.*

3.1. Resultados preliminares

Dada una red determinada por su matriz de adyacencia entonces se conocen los contactos de cada uno de los nodos en la misma. En este trabajo se asumió que todas las aristas son iguales en el sentido de que la probabilidad de infección por unidad de tiempo y por contacto (que se denota por τ) es la misma a lo largo de cada arista conectada al nodo infectado.

Luego, la probabilidad de que se transmita la enfermedad cuando un nodo susceptible está en contacto con un nodo infectado un tiempo s está dado por

$$P(S \rightarrow I, s) = 1 - e^{-\tau s}$$

Primero se calcula el número de casos producidos por un nodo infectado de tipo estrella y grado i . En este caso el nodo infectado tiene i contactos que no son contactos entre sí, o sea el coeficiente de agrupamiento de tal nodo es nulo.

Si el período infeccioso es fijo y de valor T entonces la probabilidad de que la infección se transmita por una arista durante todo el período infeccioso es

$$\rho = 1 - e^{-\tau T}$$

Como el nodo está en contacto con i nodos susceptibles y la probabilidad de transmisión es ρ y ésta es independiente para cada nodo se tiene un experimento de Bernoulli repetido i veces, y por lo tanto, la distribución para el número de casos producidos (r_0) es binomial con media $i\rho$ [22].

En este trabajo sin embargo se consideró el caso en que el período infeccioso está distribuido exponencialmente. En tal caso se vió que la densidad de probabilidad de la duración del período infeccioso está dada por

$$f(s) = \gamma e^{-\gamma s}$$

donde el período infeccioso medio es $T = \frac{1}{\gamma}$.

En este caso la probabilidad de transmisión por arista durante todo el período infeccioso es

$$\rho = \int_0^{\infty} s f(s) ds = \frac{\tau}{\tau + \gamma}$$

En efecto, como se verá a continuación, la distribución para la variable estocástica r_0 no es binomial.

La probabilidad de que se produzcan exactamente k infecciones entre los i contactos durante un período de tiempo s está dado por

$$P\{r_0 = k, t = s\} = \binom{i}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{i-k}$$

puesto que el período infeccioso puede tomar cualquier valor entre cero e infinito con distribución de probabilidad $f(s)$, entonces la probabilidad de que se produzcan exactamente k infecciones durante todo el período infeccioso está dado por

$$P\{n_i = k\} = \int_0^\infty \binom{n}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{n-k} \gamma e^{-\gamma s} ds$$

como se puede observar no es una distribución binomial. Se puede corroborar que es una función de masa de probabilidad

$$\begin{aligned} \sum_{k=0}^n p_{n_i}(k) &= \sum_{k=0}^n \int_0^\infty \binom{n}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{n-k} \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \int_0^\infty \left(\sum_{k=0}^n \binom{n}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{n-k} \right) \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \int_0^\infty \left(\sum_{k=0}^n \binom{n}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{n-k} \right) \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \int_0^\infty \gamma e^{-\gamma s} ds = 1 \end{aligned}$$

Se debe calcular ahora el valor esperado de r_0

$$\begin{aligned} \langle r_0 \rangle &= \sum_{k=0}^i k p(k) \\ &= \sum_{k=0}^i \int_0^\infty k \binom{n}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{i-k} \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \int_0^\infty \sum_{k=0}^i \left(k \binom{i}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{i-k} \right) \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \int_0^\infty \sum_{k=0}^i \left(k \binom{i}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{i-k} \right) \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \int_0^\infty i(1 - e^{-\tau s}) \gamma e^{-\gamma s} ds \\ &= \frac{i\tau}{\tau + \gamma} = i\rho \end{aligned}$$

Se ve que si bien la distribución de r_0 no es binomial, ni siquiera aproximadamente, el valor medio es igual al obtenido asumiendo una distribución binomial.

En el caso considerado de un grafo estrella $\langle r_0 \rangle$ es el número reproductivo básico. En este caso no existen casos producidos por los casos secundarios ya que éstos están solo en contacto con el nodo central que juega las veces de caso índice. Con estos resultados se calculará, o estimará cuando el cálculo no sea posible, el número reproductivo básico para distintas redes utilizadas en este trabajo.

3.2. Cálculo de \mathfrak{R}_0 en redes con coeficiente de agrupamiento nulo

Se considera primero el caso simple de una red aleatoria con variabilidad nula en la distribución de grado. En tal caso la distribución de grado es $P(k) = \delta_{kn}$, el grado medio es el grado de cada nodo n .

En este caso simple un infectado de la segunda generación fue infectado por un caso de la primera generación con grado n (ya que todos los nodos tienen grado n). Como el coeficiente de agrupamiento es nulo cada caso secundario tiene $n-1$ contactos susceptibles puesto que el único contacto infectado es el caso índice, que fue el que transmitió la infección. En tal caso el número reproductivo básico resulta

$$\mathfrak{R}_0 = (n-1) \frac{\tau}{\tau + \gamma} = (n-1)\rho$$

Luego se considera el caso general de una red aleatoria, con coeficiente de agrupamiento nulo, con una distribución de grado arbitraria pero con sus primeros dos momentos finitos. Un nodo con grado i tiene i veces mas probabilidades de infectarse que un nodo con grado uno (pues está en contacto con k veces mas nodos). Puesto que la representación de nodos con grado i está dada por la distribución de grado $P(i)$, la probabilidad de que un caso secundario tenga grado i es

$$\Pi(i) = \alpha i P(i)$$

donde α se obtiene de la condición de normalización, entonces

$$\sum \Pi(i) = 1 \implies \sum i P(i) \alpha = \alpha \sum i P(i) = \alpha n = 1 \implies \alpha = \frac{1}{n}$$

y $n = \sum i P(i)$ es el grado medio. Por lo tanto se tiene que

$$\Pi(i) = \frac{i P(i)}{n}$$

Si un caso secundario tiene grado i entonces el número esperado de casos producidos es $(i-1)\rho$ como se vió en el párrafo anterior. Finalmente promediando sobre todos los grados posibles se obtiene:

$$\begin{aligned} \mathfrak{R}_0 &= \sum (i-1)\rho \Pi(i) = \frac{\rho}{n} \sum (i-1) i P(i) \\ &= \frac{\rho}{n} \left(\sum i^2 P(i) - \sum i P(i) \right) = \frac{\rho}{n} \left(\sum i^2 P(i) - n \right) \\ &= \frac{\rho}{n} \left(VAR + n^2 - n \right) = \rho \left(\frac{VAR}{n} + (n-1) \right) \\ &= \left((n-1) + \frac{VAR}{n} \right) \rho \end{aligned} \tag{3.1}$$

Este importante resultado muestra que el número reproductivo básico no solo depende del grado medio (en este caso el término $(n-1)\rho$) si no también de la varianza de la distribución (un resultado obtenido en modelos determinísticos para poblaciones heterogéneas por May and Anderson [45]).

Para una red Erdos-Renyi la distribución de grado es Poisson y por lo tanto, la varianza es igual a la media y entonces

$$\mathfrak{R}_0 = \left[(n - 1) + \frac{var}{n} \right] \rho = n\rho$$

Sin embargo, para una red *Scale-Free*, la varianza puede ser mucho mas grande que la media de la distribución y por lo tanto, el número reproductivo básico puede resultar mucho mas grande que el correspondiente a una red de Erdos-Renyi (para la misma media). De hecho en una red infinita la varianza puede resultar infinita y en tal caso el número reproductivo básico también resulta infinito ([13], [31]).

3.3. Cálculo de \mathfrak{R}_0 en redes con coeficiente de agrupamiento alto

En redes con alto coeficiente de agrupamiento el enfoque anterior no funciona ya que los nodos infectados de la segunda generación (o de cualquier otra) compiten entre sí por una proporción significativa de los mismos contactos. Para ejemplificar el problema se verá una estimación del número reproductivo básico para una red regular. En particular se considera una grilla en la cual cada nodo está en contacto con sus ocho vecinos más cercanos. Para evitar problemas en los bordes se considera que éste mosaico se encuentra sobre un toro.

Estos contactos son de dos tipos: 4 en la esquinas (denominado tipo *A*) y quedando los otros 4 (denominado tipo *B*). Por simplicidad, se asume que los casos secundarios compiten entre sí por contactos susceptibles pero no compiten con otra generación de infectados (como los casos fuentes propios o los casos ternarios). Los casos fuentes producen i casos secundarios con probabilidad $\rho^i(1 - \rho)^{n-i}$. Por cada uno de estos casos, varias configuraciones son posibles y por lo tanto, se puede calcular el número esperado aproximadamente de los casos ternarios producido por los casos secundarios que da lugar a un polinomio de grado 11. Aquí se presenta una aproximación mas simple que funciona igualmente bien,

donde muestra los diferentes tipos de casos secundarios para ilustrar la competición por susceptibles.

C			
D	A	B'	A''
E	B	0	
	A'		

donde un caso secundario de tipo A compite con casos secundarios del tipo B o C porque sus respectivos vecindarios se superponen.

En vez de calcular las correspondientes probabilidades para las diferentes configuraciones, se considera que una fracción ρ de contactos de la fuente son infectados. Entonces si se tiene un caso secundario de tipo A (como lo muestra el cuadro anterior), se asume que A es infectado con nivel 1, mientras que el nodo B es infectado con nivel ρ , luego el nodo D es infectado ya sea por A o B en proporciones $\frac{1}{1+\rho}$ y $\frac{\rho}{1+\rho}$ respectivamente. Así, el número promedio de casos ternarios de tipo D producido por casos secundarios de tipo A es dado aproximadamente por $\frac{\rho}{1+\rho}$.

Más específicamente, la contribución para \mathfrak{R}_0 de un caso secundario de tipo A puede ser estimado como sigue:

Un caso secundario A infectará un contacto C con probabilidad ρ (ya que no existe competición con otros casos secundarios).

El número promedio de casos ternarios de tipo D producido por los casos secundarios de tipo A es dado por $\frac{\rho}{1+\rho}$.

Un caso secundario A infectará un contacto E con probabilidad $\frac{\rho}{1+2\rho}$ porque E se comparte con B y A' .

Finalmente, el caso secundario A infectará un contacto B o B' con probabilidad $\rho(1 - \rho)$.

De todas estas contribuciones, el número esperado de casos ternarios producido por casos secundarios del tipo A es

$$\mathfrak{R}_0^A = \rho + \frac{2\rho}{1+\rho} + \frac{2\rho}{1+2\rho} + 2(1-\rho)\rho = \rho \left(3 - 2\rho + \frac{2\rho}{1+\rho} + \frac{2\rho}{1+2\rho} \right)$$

De una forma similar, el número esperado de casos ternarios producido por un caso secundario de tipo B es

$$\mathfrak{R}_0^B = \frac{2\rho}{1+\rho} + \frac{\rho}{1+2\rho} + 4(1-\rho)\rho = \rho \left(4 - 4\rho + \frac{2}{1+\rho} + \frac{1}{1+2\rho} \right)$$

Finalmente, el número reproductivo básico se convierte

$$\mathfrak{R}_0^{sp} = \frac{1}{2}(\mathfrak{R}_0^A + \mathfrak{R}_0^B) = \frac{1}{2}\rho \left(7 - 6\rho + \frac{4}{1+\rho} + \frac{3}{1+2\rho} \right) \quad (3.2)$$

3.4. El Número Reproductivo Básico \mathfrak{R}_0 para Redes *Small-World*

Un individuo promedio en la red *small-world* tendrá n contactos. La probabilidad que ese individuo tiene i contactos de larga distancia depende del parámetro ϕ y es aproximadamente binomial, es decir

$$P(i, \phi) = \binom{n}{i} (1-\phi)^{n-i} \phi^i$$

En otras palabras, un individuo promedio tendrá i contactos con larga distancia (y $n-i$ contactos locales) con probabilidad $P(i, \phi)$. Los casos de distancias grandes no competirán en el límite de una red de tamaño infinito para individuos susceptibles con otros casos. Se asume que los contactos con distancias grandes producen \mathfrak{R}_0^{dm} infecciones entre sus contactos (es decir, para ϕ pequeño hay una pequeña variedad en la distribución del

número de contactos de los nodos y por lo tanto $\mathfrak{R}_0^{rdm} \sim (n-1)\rho$, mientras para una red Poisson $\mathfrak{R}_0^{rdm} = np$, aquí se usará $\mathfrak{R}_0^{rdm} = np$).

Un hecho que complica el cálculo de \mathfrak{R}_0 para redes *small-world* es que el número de casos ternarios producidos por casos secundarios depende en el tipo y número de contactos del caso índice propio. Por ejemplo, si se supone que todos los contactos del caso índice son contactos locales (el caso índice no tiene contactos con distancia grande). El caso secundario propio puede tener algún contacto con distancia grande (en este caso, no más de 5, pero por simplicidad se asume que el máximo número es n , ya que para ϕ pequeño se tiene $P(i > 5) \simeq 0$, mientras para ϕ grandes $P(0) \simeq 0$, por lo tanto n es una aproximación bastante buena) con probabilidad $P(0)$, un caso secundario tendrá solamente contactos locales. En este caso, él produce un caso ternario promedio \mathfrak{R}_0^{sp} (esto es equivalente a los casos en que todos los contactos del caso índice tiene solamente contactos del tipo local) con probabilidad $P(2)$, un caso secundario tendrá dos contactos con distancia grande (o solamente dos de los contactos del caso índice tendrá un contacto con distancia grande). En general, un caso secundario tendrá i contactos con distancia grande con probabilidad $P(i)$.

Luego, el caso índice tiene solamente contactos locales (que ocurren con probabilidad $P(0)$), pero a su vez hay i contactos con distancia grande entre los contactos de esos vecinos locales, el número esperado de casos ternarios ya no es mas igual a \mathfrak{R}_0^{sp} . Este número puede en su lugar ser estimado como sigue:

Dado que un caso secundario se convierte en infectado, él tendrá solamente contactos locales con probabilidad $\frac{n-i}{n}$ o un contacto con distancia grande con probabilidad $\frac{i}{n}$. Él producirá, respectivamente para estos dos casos diferentes, un promedio de infecciones ternarias de \mathfrak{R}_0^{sp} y \mathfrak{R}_0^{rdm} , promediando todos los valores de i , se obtiene

$$\mathfrak{R}_0(0) = \sum_{i=0}^n P(i, \phi) \left(\frac{n-i}{n} \mathfrak{R}_0^{sp} + \frac{i}{n} \mathfrak{R}_0^{rdm} \right)$$

donde el caso índice tiene solamente contactos locales.

Si se considera ahora el caso en que la infección índice sólo tiene un contacto con distancia grande, con probabilidad $P(1)$. El caso índice infectará su contacto con distancia grande con probabilidad proporcional a $\frac{1}{n}$, pero otra vez, los contactos locales $n - 1$ de los casos índice puede tener entre ellos contactos con distancia grande. Como en los anteriores cálculos, si hay i contactos con distancia grande entre los contactos locales de los caso índice, entonces el número esperando de casos ternarios producidos por estos es dado por

$$\mathfrak{R}_0^{av} = \sum_{i=0}^n P(i, \phi) \left(\frac{n-i}{n} \mathfrak{R}_0^{sp} + \frac{i}{n} \mathfrak{R}_0^{rdm} \right)$$

Sin embargo, en el caso secundario están los contactos de distancia grande del caso índice, el producirá \mathfrak{R}_0^{rdm} casos ternarios. Por lo tanto, el número total de casos ternarios producido por los casos secundarios de un infectado índice con solamente un contacto con distancia grande se convierte

$$\mathfrak{R}_0(1) = \frac{n-1}{n} \mathfrak{R}_0^{av} + \frac{1}{n} \mathfrak{R}_0^{rdm}$$

En general, si el caso índice tiene exactamente i contactos de larga distancia, el número de casos ternarios producido por un caso secundario promedio está dado por

$$\mathfrak{R}_0(i) = \frac{n-1}{n} \mathfrak{R}_0^{av} + \frac{i}{n} \mathfrak{R}_0^{rdm}$$

El número reproductivo básico para una red *small-world* se obtiene como promedio de todas estas posibilidades

$$\mathfrak{R}_0^{sw}(\phi) = \sum_{i=0}^n P(i, \phi) \mathfrak{R}_0(i) = \sum_{i=0}^n P(i, \phi) \left(\frac{n-i}{n} \mathfrak{R}_0^{av} + \frac{i}{n} \mathfrak{R}_0^{rdm} \right)$$

3.5. Estimaciones empíricas del número reproductivo básico

Para redes con coeficiente de agrupamiento despreciable se mostró que el número reproductivo básico se puede calcular en forma analítica exacta (expresión 3.1). Para redes con alto coeficiente de agrupamiento el cálculo suele ser muy complicado, en muchos casos es difícil encontrar una expresión analítica, y por lo general se tienen solo expresiones aproximadas como 3.2.

Afortunadamente en un modelo de redes se puede conocer empíricamente el valor del número reproductivo básico. En efecto los nodos que se eligen (al azar) como infectados al inicio conforman la primera generación (de infectados). Todos los casos producidos por ellos son etiquetados como infectados de la segunda generación. Los infectados por estos a su vez se etiquetan como infectados de la tercera generación y así. Finalmente se calcula el cociente de los infectados de la tercera generación sobre infectados de la segunda generación y se obtiene así un valor de una variable estocástica que se llamará r_0 . Ahora se debe promediar y para ello se realiza repeticiones de simulaciones independientes (o sea cada simulación se realiza con una semilla distinta para el generador de secuencias pseudoaleatorias) y luego se promedia. De esta forma se puede obtener tanto el valor medio, que corresponde a una estimación de \mathfrak{R}_0 , como el correspondiente error estándar y se puede evaluar qué tan buenas son las estimaciones del número reproductivo básico. En la figura 3.1 se muestra que la aproximación 3.2 es una buena aproximación del número reproductivo básico.

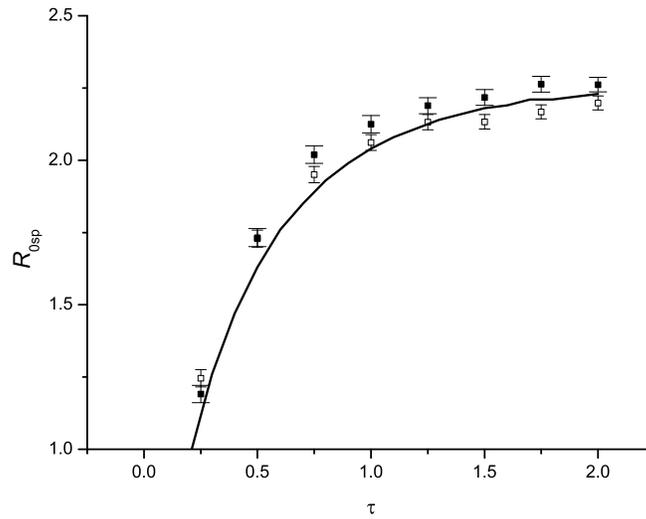


Figura 3.1: Comparación entre las estimaciones empíricas del número reproductivo básico y la estimación teórica 3.2 de una Red Espacial.

Finalmente, en este capítulo si bien al comienzo es introductorio, al final se obtiene el siguiente resultado: se deduce la distribución para el número de casos secundarios producidos por un caso índice cuando el coeficiente de agrupamiento es nulo y se muestra que, contra lo esperado, la distribución no es binomial. Luego se utiliza el resultado para calcular el número reproductiva básico para redes aleatorias con coeficiente de agrupamiento nulo.

Capítulo 4

Caracterización estadística de las Redes *Scale-Free*

4.1. Estructura de las Redes *Scale Free*

La estructura de la red de contactos juega un papel fundamental en la dinámica de infección en una población. Las redes aleatorias más simples son las de Erdos-Renyi [15] en donde la distribución de grado es Poisson. En estas redes el grado medio de la distribución es también el grado más probable y la variabilidad es baja en el sentido de que la probabilidad de encontrar nodos con grado superior a la media decrece en forma exponencial. Este no es el caso de las *Scale-Free* (redes de escala libre) que siguen una distribución de grado potencial ([29], [30]), $f(k) \sim k^{-\beta}$, como se ve en la siguiente figura:

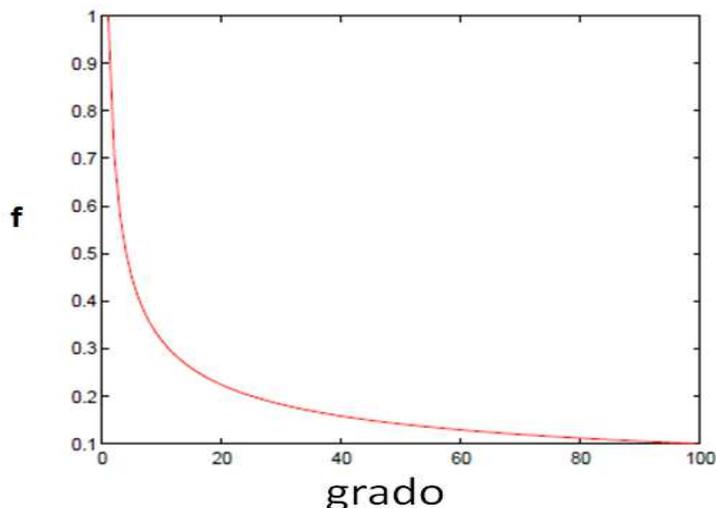


Figura 4.1: Distribución de grado para las redes SF.

Se puede ver que la distribución acumulada, y su complemento también siguen una distribución potencial. En efecto la distribución acumulada es

$F(k) \equiv \sum_0^k f(j) \equiv P(j \leq k)$ entonces $P(j > k) = 1 - F(k)$ y se tiene que $P(K > k) = 1 - F(k) \approx ck^{-\alpha}$ con $0 < c < \infty$. Entonces se obtiene que:

Para $1 < \alpha < 2$ se tiene F tiene varianza infinita y media finita.

Para $0 < \alpha \leq 1$ se tiene F tiene que tanto la varianza como la media son infinitas.

Si al complemento de la distribución acumulada se toma log en ambos miembros se tiene

$$\log(P(K > k)) = \log(ck^{-\alpha}) = \log(c) - \alpha \log(k)$$

Por lo tanto, el gráfico de k versus $1 - F(k)$ en una escala doble logarítmica resulta una recta de pendiente $-\alpha$. Para una red ideal con distribución de grado potencial tanto la distribución de grado como la acumulada son equivalentes. Sin embargo, en redes reales o las obtenidas con algoritmos dinámicos como el de conexión preferencial, para determinar el carácter potencial de la distribución conviene utilizar las frecuencias acumuladas [30].

En general se dirá que una red es *scale-free* si presenta una distribución *asintóticamente* potencial.

La varianza de la distribución de grado de estas redes es muy superior a las de Erdos-Renyi y en particular el grado medio no es representativo de la población. En este caso la aproximación desarrollada en Aparicio y Pascual [4] no funciona como ha sido remarcado en Bansal [18]. Como se verá, el problema principal consiste en considerar que en redes con distribuciones de grado de alta variabilidad, la media (y eventualmente la varianza) sean representativas de toda la red.

4.2. Creando redes con un algoritmo de conexión preferencial

En este trabajo se consideran redes creadas con el método de Barabasi y Albert [29] (que de ahora en más se llamará redes BA o SF) utilizando el método de conexión preferencial. Las redes creadas presentan una distribución aproximadamente potencial. En el algoritmo desarrollado se fija el grado medio n y el número de nodos N . Se tienen que distribuir entonces $\frac{nN}{2}$ aristas. Inicialmente se considera N_0 nodos equivalentes. Luego se agrega un nodo y se lo conecta a alguno de los N_0 eligiéndolos con igual probabilidad. Los nodos agregados aumentan su grado en uno. Se continúa el proceso teniendo en cuenta que la probabilidad de seleccionar algunos de los nodos pertenecientes a la red cuando se agrega un nodo nuevo es proporcional al grado presente del nodo. El procedimiento continua hasta que todas las aristas fueron distribuidas entre los N nodos. En las secciones siguientes se estudiará las características topológicas de las redes así construidas.

4.2.1. El efecto de N_0 en el grado máximo y la variabilidad

Las redes *Scale-Free* se crearon utilizando el algoritmo de conexión preferencial [29]. A partir de N_0 nodos todos con igual peso se agregaron en forma secuencial $N - N_0$ nodos,

donde la probabilidad de conexión con los nodos existentes es proporcional al número de conexiones que el nodo posee en dicho momento. Tanto la variabilidad como el grado máximo obtenidos en este proceso dependen de N_0 . La secuencia pseudo-aleatoria es determinada por un parámetro que se llamará semilla (seed). Se fija esta semilla para que la red sea siempre igual y después solo se hacen muchas simulaciones donde lo que varía es la epidemia. Las semillas se eligen de tal manera que las *SF* tengan las varianzas y asimetrías aproximadamente iguales. Entonces se calcula el grado máximo y la varianza para diferentes valores de N_0 y N con $n = 8$ y $n = 16$. A través de las siguientes gráficas se podrá observar el efecto que produce N_0 para diferentes redes SF.

Para $N = 80000$ con $n = 8$ se tiene con promedio de 100 realizaciones los siguientes valores:

N_0	Grado Máximo Promedio	Mínimo del Grado Máximo	Máximo del grado Máximo	Varianza Promedio	Asimetría Promedio
10	807,34	339	1475	78,65	19898,89
50	530,31	343	870	67,20	9366,18
100	422,06	289	751	61,63	6338,85
150	366,27	228	590	58,64	5128,72

Como se puede observar en la tabla el grado máximo, la varianza y la asimetría van disminuyendo a medida que N_0 es mas grande. A continuación se grafican diferentes redes *Scale-Free* haciendo que N_0 sea igual a 10, 50, 100 y 150.

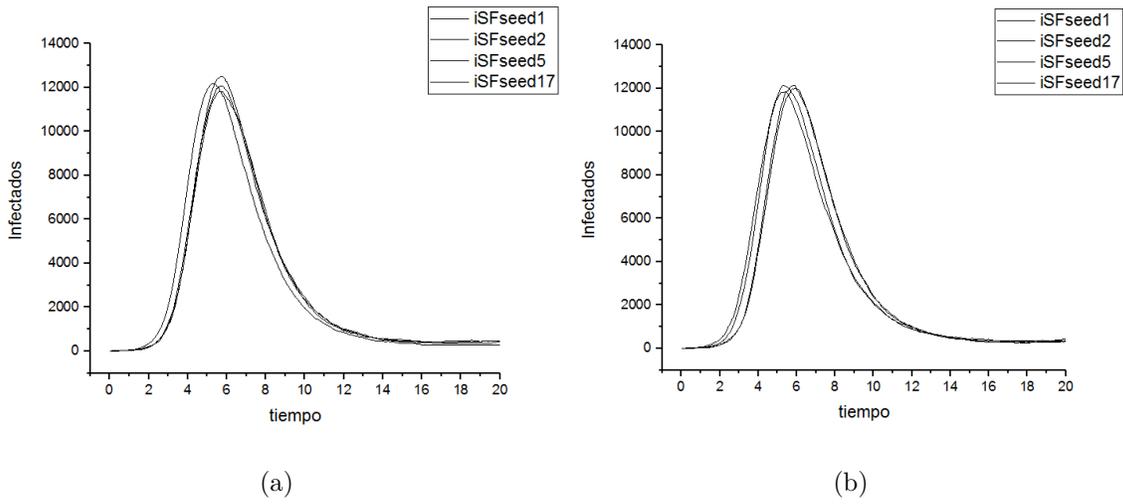


Figura 4.2: a) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 10$. b) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 50$.
 Para $N = 80000$ con $n = 8$.

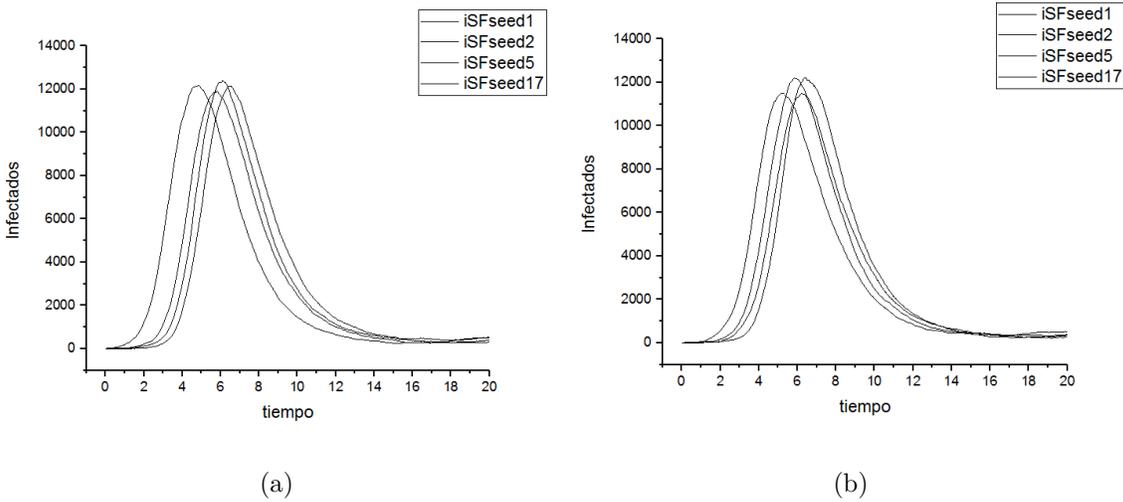


Figura 4.3: a) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 100$. b) Infectados en redes *SF* con
 $N_0 = 150$. Para $N = 80000$ con $n = 8$.

Para $N = 80000$ con $n = 16$ se tiene con promedio de 100 realizaciones los siguientes valores:

N_0	Grado Máximo Promedio	Mínimo del Grado Máximo	Máximo del grado Máximo	Varianza promedio	Asimetría Promedio
10	1146,55	459	2062	168,21	56225,27
50	753,56	509	1189	145,39	26561,44
100	601	413	1091	134,37	18097,47
150	523,46	325	847	128,43	14679,83

Como se puede observar en la tabla también el grado máximo y la varianza de la distribución de grado van disminuyendo a medida que N_0 es más grande. A continuación se graficaron diferentes redes *scale-free* haciendo que N_0 sea igual a 10, 50, 100, 150.

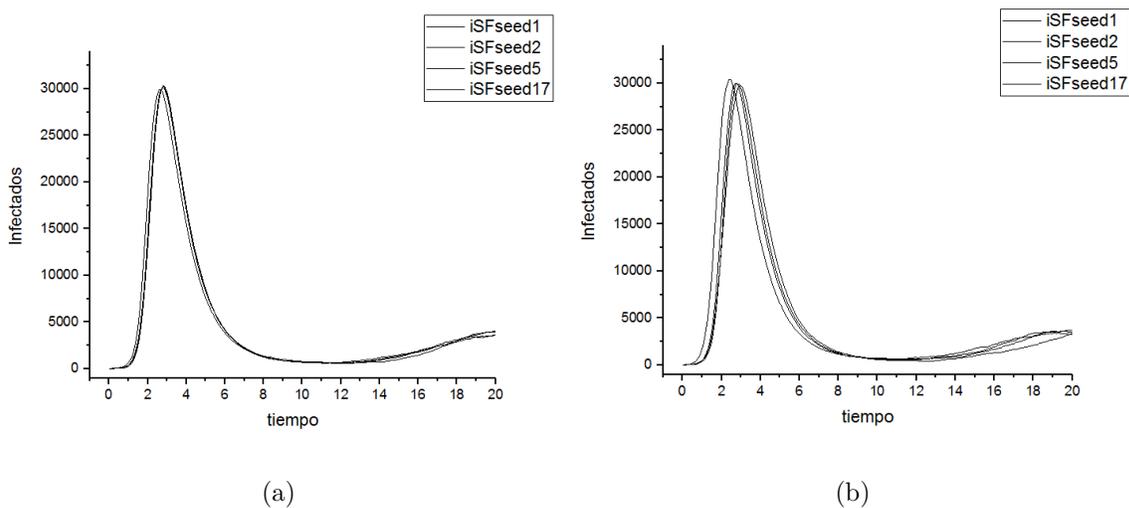


Figura 4.4: a) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 10$. b) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 50$. Para $N = 80000$ con $n = 16$.

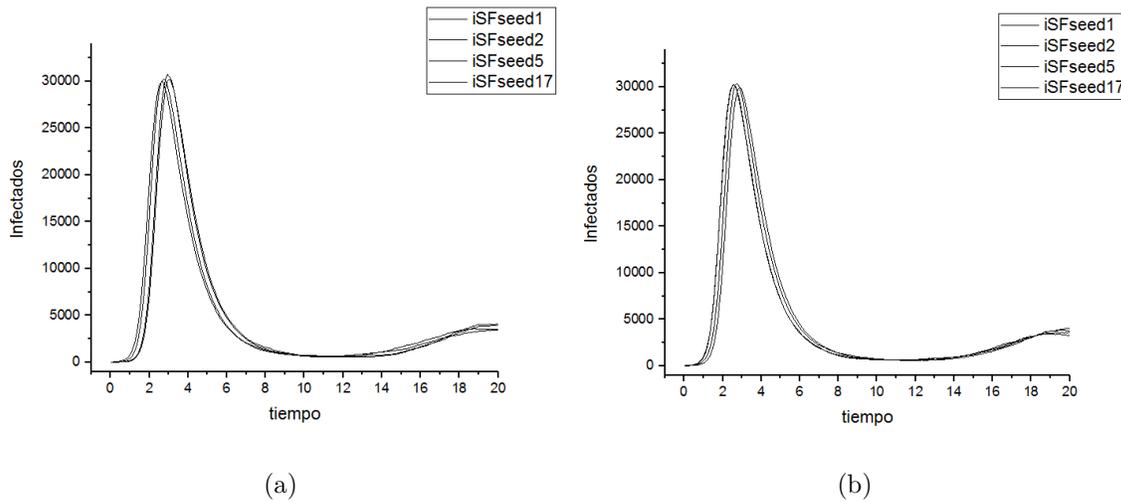


Figura 4.5: a) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 100$. b) Infectados en redes *SF* con $N_0 = 150$. Para $N = 80000$ con $n = 16$.

A través de las anteriores gráficas se puede observar el efecto que produce N_0 para diferentes redes *SF*, es decir, para N_0 muy bajo las población de redes creadas presenta una variabilidad mucho mas grande, y debido a esto es posible seleccionar algunas con una distribución mas aproximadamente potencial. Por lo tanto, de todos los anteriores valores para N_0 se observa más variabilidad cuando N_0 es igual a 10. Además se calcularon para los anteriores N_0 el grado máximo promedio, mínimo del grado máximo, máximo del grado máximo, varianza promedio y asimetría promedio, aquí se vió que mientras más grande es N_0 esos valores van disminuyendo.

4.2.2. Características Topológicas: Distribución de grado, Longitud de camino medio y Coeficiente de agrupamiento

Como se ha visto las redes creadas con el algoritmo de conexion preferencial, presentan una distribución de grado aproximadamente potencial. Para una red de tamaño N dado se calcula la frecuencia asociada con cada grado $\frac{n_k}{N}$ donde n_k es el número observado de

nodos con grado k . Estas frecuencias no suelen ser las más adecuadas para determinar el carácter potencial de la distribución ya que en particular presentan una dispersión muy grande en los grados altos, con muchas frecuencias nulas. Es conveniente utilizar el complemento de las frecuencias acumuladas [30], $F(k) = 1 - \sum \frac{n_k}{N}$. Utilizando lo anterior, se verá que la distribución asintótica es aproximadamente potencial para $N = 80000$ con $n = 8$ y $n = 16$ considerando dos casos diferentes. Entonces,

Para $N = 80000$ con $n = 8$

Se eligen dos diferentes casos: El primer caso se elige viendo el mínimo del grado máximo y el segundo caso se elige viendo el máximo del grado máximo entonces para $N_0 = 10$ se elegirá los 3 y 20, para $N_0 = 50$ se elegirá 69 y 12, para $N_0 = 100$ se elegirá 41 y 72 y para $N_0 = 150$ se elegirá 46 y 95. Con los valores anteriores se cálculo lo siguiente:

N_0	casos	Coefficiente de Agrupamiento	Longitud de camino medio	Máximo del Pico	Tiempo del pico
10	3	0,000483	3,639	12274	5,10
	20	0,000356	3,403	12094	4,59
50	69	0,000345	4,798	12196	6,05
	12	0,000350	4,602	11657	5,95
100	41	0,000286	4,582	12339	7,40
	72	0,000317	4,604	11865	6,25
150	46	0,000272	4,400	12061	5,55
	95	0,000311	3,764	11750	5,20

Como el coeficiente de agrupamiento toma valores entre 0 y 1, por lo tanto se considera que una red posee un bajo coeficiente de agrupamiento si este es mucho menor que 1, entonces según la tabla anterior para una red aleatoria el coeficiente de agrupamiento es muy bajo entre 0,000272 y 0,000483. Además una longitud de camino medio es baja si es del orden de 1, entonces las redes presentan también una longitud de camino medio muy baja entre 3,403 y 4,798.

Como se puede ver en las siguientes figuras, la distribución asintótica es aproximadamente potencial con exponente α entre -1,71 y -2,59, donde el caso que representa el mínimo del grado máximo se lo gráfica de color negro y el caso que representa el máximo del grado máximo se lo gráfica de color verde.

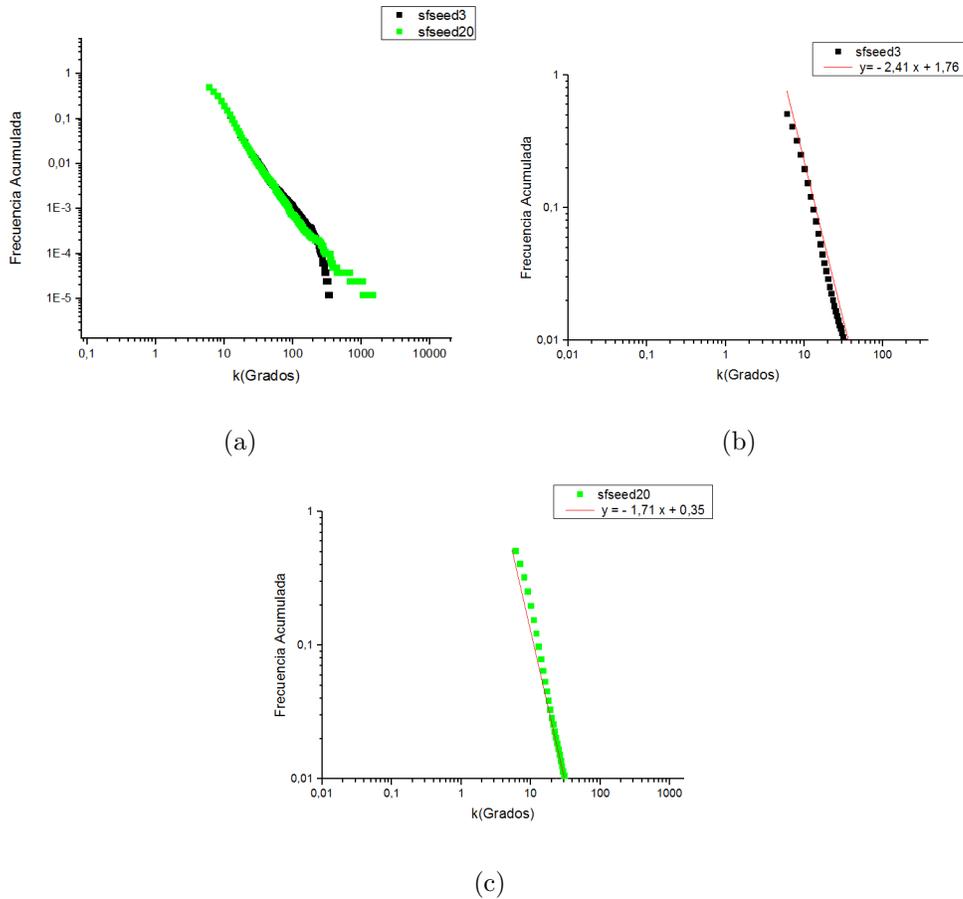


Figura 4.6: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 10$ con $N = 80000$ y $n = 8$.

Para $N_0 = 50, 100, 150$ se procede en forma análoga obteniendo

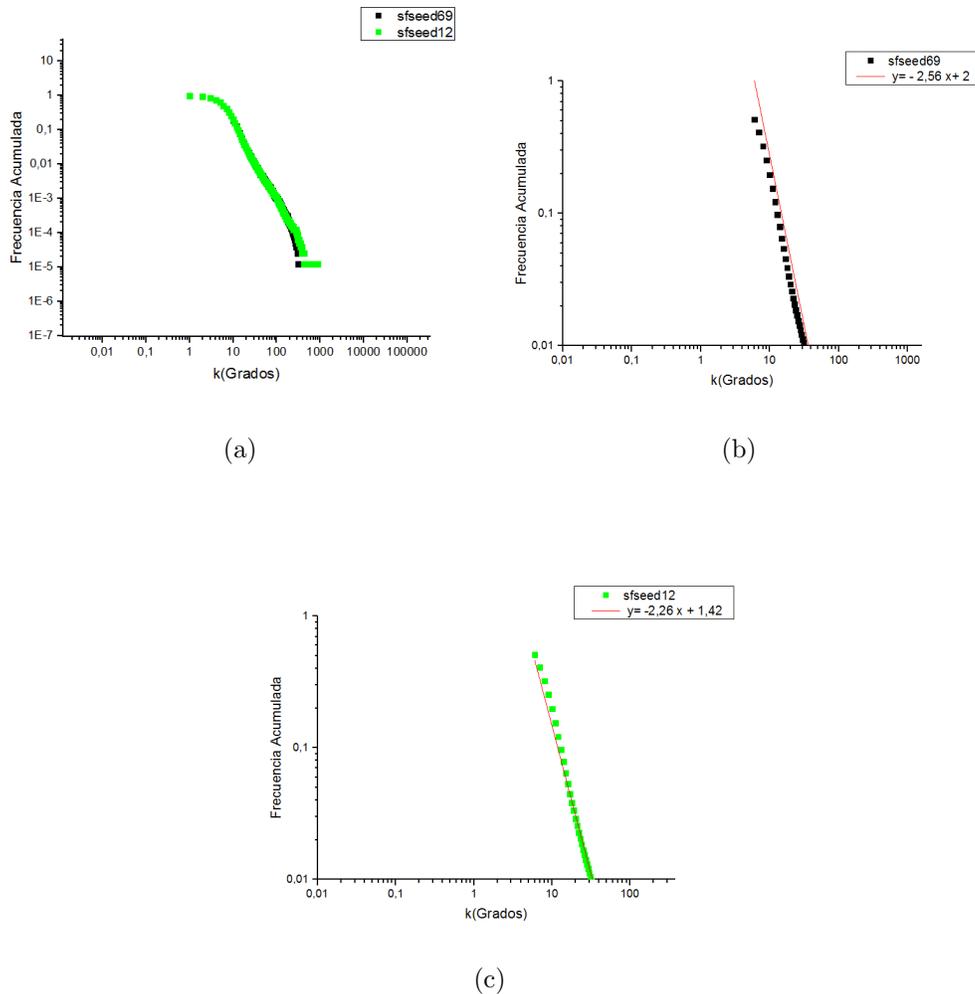


Figura 4.7: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 50$ con $N = 80000$ y $n = 8$.

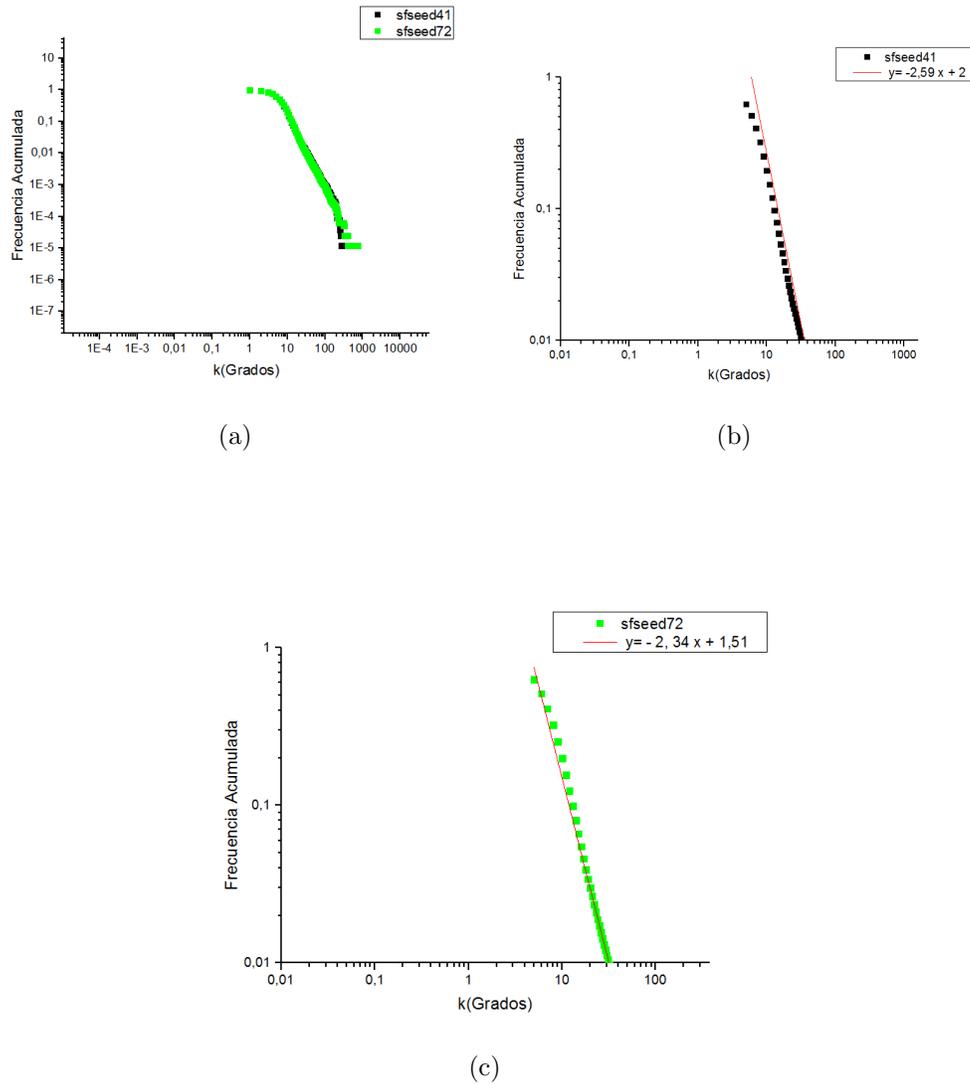


Figura 4.8: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 100$ con $N = 80000$ y $n = 8$.

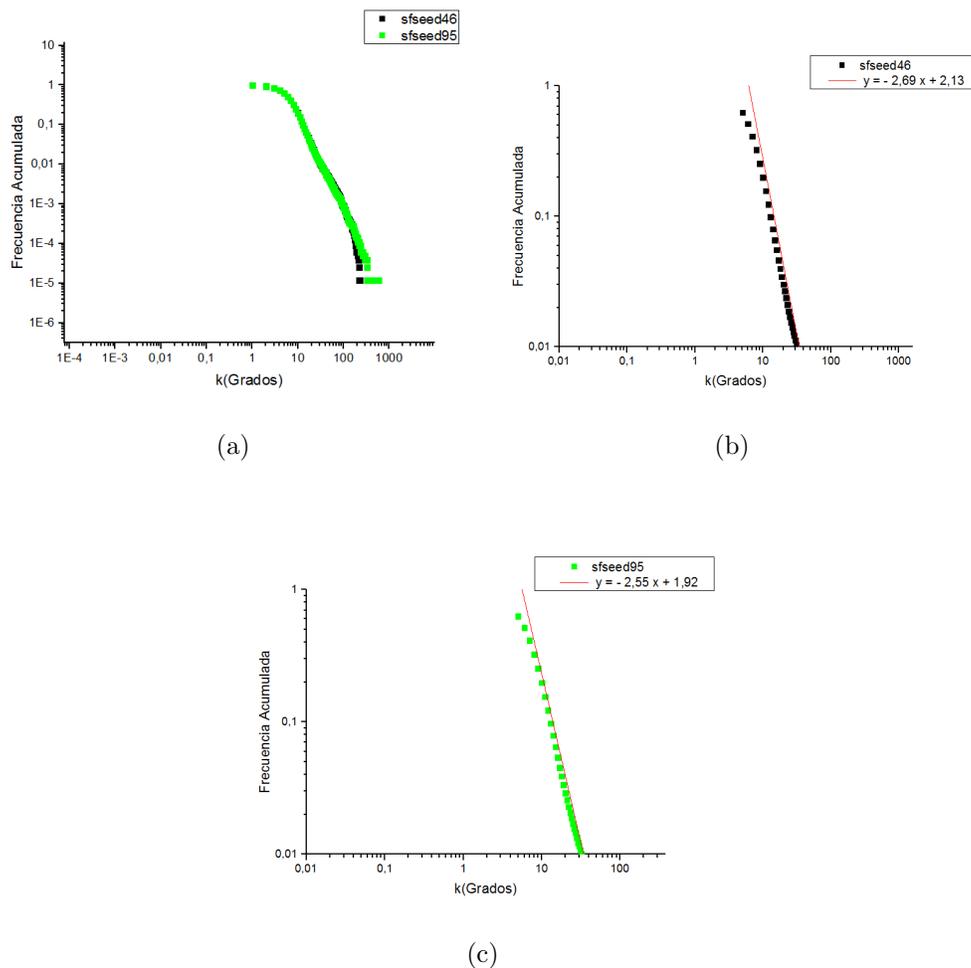


Figura 4.9: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 150$ con $N = 80000$ y $n = 8$.

Se realiza el mismo trabajo anterior pero ahora cambiando n .

Para $N = 80000$ con $n = 16$

De la misma manera se tomaron dos diferentes casos, el primer caso se elige viendo el mínimo del grado máximo y el segundo caso se elige viendo el máximo del grado máximo entonces para $N_0 = 10$ se elegirá 3 y 20, para $N_0 = 50$ se elegirá 78 y 12, para $N_0 = 100$ se elegirá 41 y 72 y para $N_0 = 150$ se elegirá 46 y 95. Con los valores anteriores se cálculo lo siguiente:

N_0	casos	Coefficiente de Agrupamiento	Longitud de camino medio	Máximo del Pico	Tiempo del pico
10	3	0,000525	3,083	30641	2,84
	20	0,000524	2,884	30178	2,39
50	78	0,000428	3,051	30221	2,85
	12	0,000454	3,777	30208	2,85
100	41	0,000430	3,687	29941	2,84
	72	0,000409	3,793	30383	2,79
150	46	0,000398	3,662	30292	2,79
	95	0,000431	3,175	30106	2,75

Como es de esperar para una red aleatoria el coeficiente de agrupamiento es muy bajo entre 0,000398 y 0,000525 . Las redes presentan también una longitud de camino medio muy baja entre 2,884 y 3,793.

Como se puede ver en las siguientes figuras, la distribución asintótica es aproximadamente potencial con exponente α entre -2,29 y -2,59, donde el caso que representa el mínimo del grado máximo se lo gráfica de color negro y el caso que representa el máximo del grado máximo se lo gráfica de color verde.

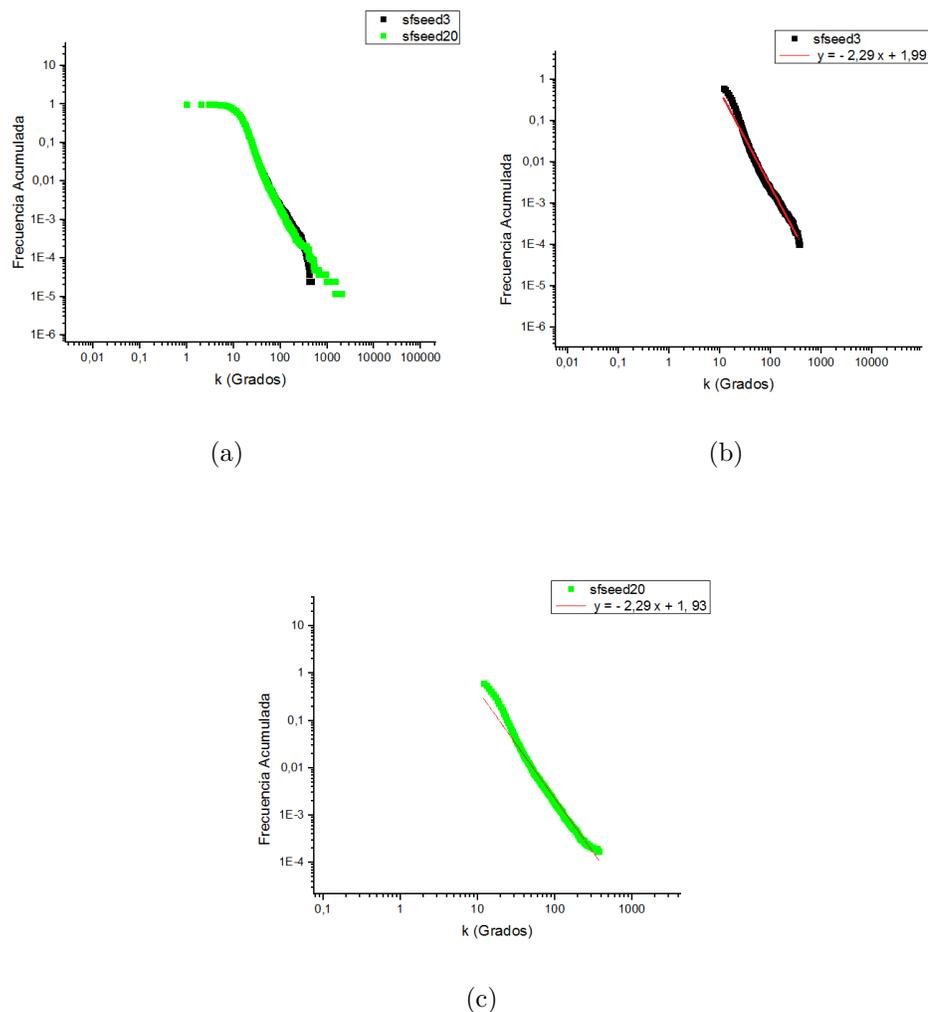


Figura 4.10: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 10$ con $N = 80000$ y $n = 16$.

Para $N_0 = 50, 100, 150$ se procede en forma análoga obteniendo

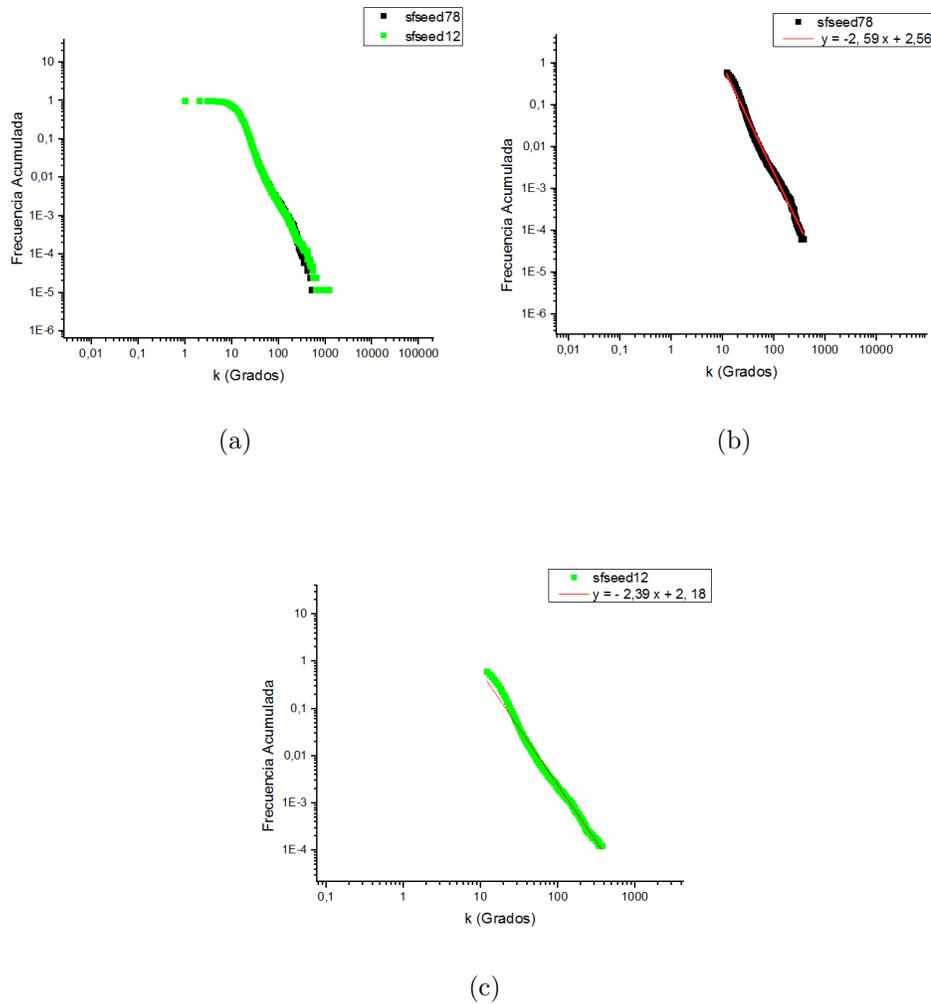


Figura 4.11: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 50$ con $N = 80000$ y $n = 16$.

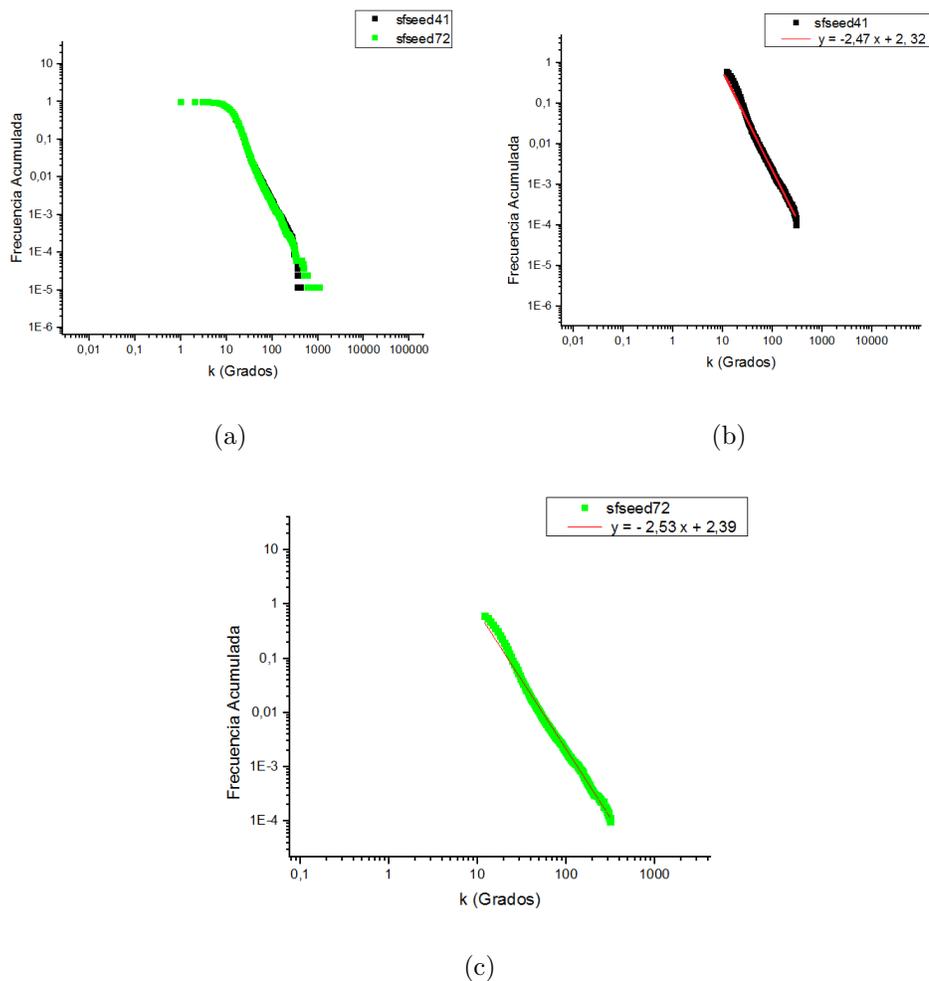


Figura 4.12: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 100$ con $N = 80000$ y $n = 16$.

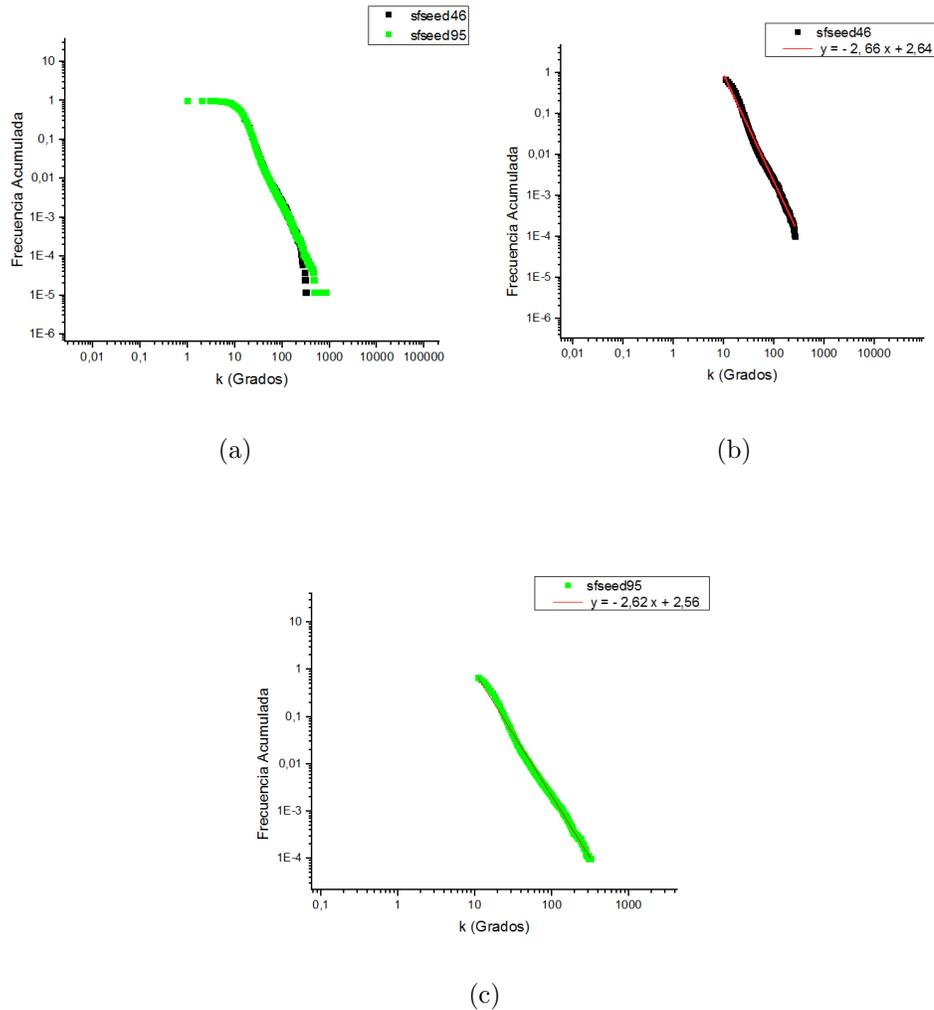


Figura 4.13: a) Distribución de frecuencias típica para el mínimo del grado máximo (negro) y el máximo del grado máximo (verde) son redes creadas con el algoritmo *BA* descrito en el texto. b) Regresión lineal del caso que representa el mínimo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. c) Regresión lineal del caso que representa el máximo del grado máximo donde se han eliminado algunos puntos del comienzo y la cola de la distribución de frecuencias. Para $N_0 = 150$ con $N = 80000$ y $n = 16$.

Las distintas redes creadas son relativamente similares (grado máximo y varianza son similares entre las distintas redes). Se eligieron dos casos, el primer caso se eligió viendo el mínimo del grado máximo y el segundo caso viendo el máximo del grado máximo para $N_0 = 10, 50, 100, 150$, se tomaron los extremos para ver cuánto varían. Luego se calculó el coeficiente de agrupamiento, longitud de camino medio, máximo del pico y tiempo del pico y se observa que las redes construidas poseen un muy bajo coeficiente de agrupamiento y longitud de camino medio, y que el máximo del pico y tiempo del pico se tiene mejor aproximaciones cuando $n = 16$.

Como se crearon las redes utilizando el algoritmo de conexión preferencial se puede observar en las figuras donde se grafican las distribuciones de frecuencias típicas que en la cola de la distribución de frecuencias (observada en una red dada) se aleja de la distribución potencial. Para evitar que las variaciones de conectividad de la red confundan las variaciones propias de las epidemias simuladas, se eligieron algunas redes, las que presentaban distribución mas aproximadamente potencial, y luego se realizaron los estudios de dinámica de transmisión siempre utilizando las mismas redes.

4.3. Características de las epidemias en redes BA

4.3.1. Número reproductivo básico

Dado que las redes de BA creadas son aleatorias y con coeficiente de agrupamiento casi nulo se espera que el número reproductivo básico esté dado por (ver capítulo 3)

$$\mathfrak{R}_0 = \left[(n - 1) + \frac{var}{n} \right] \rho. \quad (4.1)$$

Para una red específica creada con el algoritmo de conexión preferencial el grado medio está determinado por construcción. Sin embargo, la varianza dependerá de cada red en particular.

Para una dada red la varianza es conocida, ya que se conoce la distribución de frecuencia de grado de la misma. Por lo tanto, para cada valor de ρ se puede calcular el número reproductivo básico utilizando 4.1, por otro lado utilizando la misma red se puede estimar empíricamente el valor del número reproductivo básico como se detalló en el capítulo 3. Los resultados están en un excelente acuerdo entre el valor teórico y el empírico como se puede ver a continuación

Para $N = 80000$ con $n = 8$, se toman diferentes redes creadas con el algoritmo de conexión preferencial y considerando el error estándar se obtiene

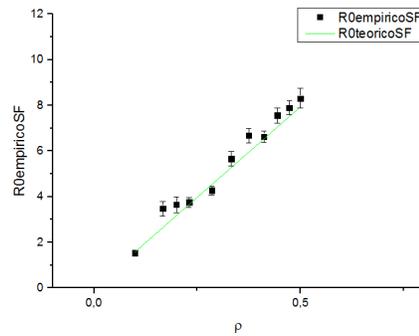


Figura 4.14: Comparación entre los valores empírico de \mathfrak{R}_0 y el valor teórico 4.1 con $n = 8$. Las barras indican el error estándar.

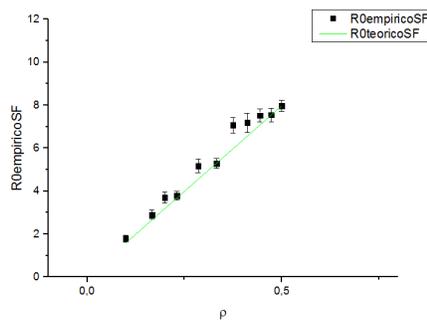


Figura 4.15: Comparación entre los valores empírico de \mathfrak{R}_0 y el valor teórico 4.1 con $n = 8$. Las barras indican el error estándar.

Para el grado medio $n = 16$ se toman diferentes redes creadas con el algoritmo de conexión preferencial y considerando el error estándar se obtiene

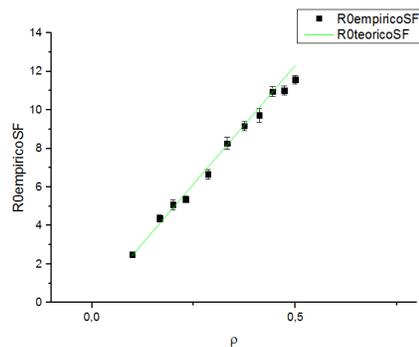


Figura 4.16: Comparación entre los valores empírico de \mathfrak{R}_0 y el valor teórico 4.1 con $n = 16$. Las barras indican el error estándar.

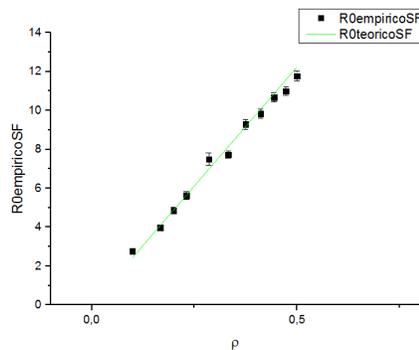


Figura 4.17: Comparación entre los valores empírico de \mathfrak{R}_0 y el valor teórico 4.1 con $n = 16$. Las barras indican el error estándar.

Por lo tanto, se puede observar que el \mathfrak{R}_0 teórico 4.1 coincide dentro del error con las estimaciones empíricas mientras mas grande sea n .

4.3.2. Epidemias Únicas

Cuando la mortalidad es nula solo se puede tener un pico epidémico y el equilibrio endémico no es posible ya que en el equilibrio el número de infectados es cero. La siguiente figura muestra una simulación típica correspondiente a una epidemia única

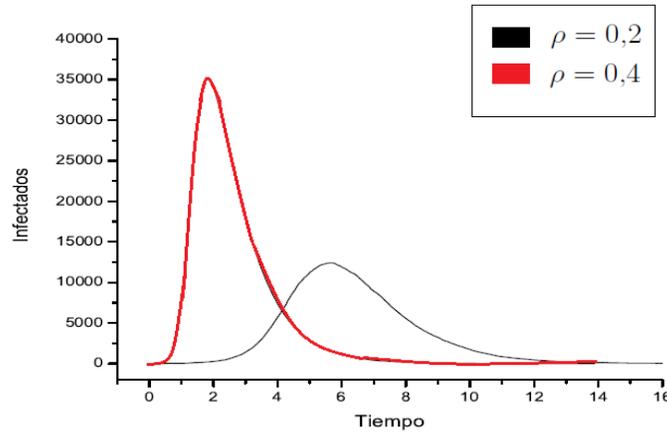


Figura 4.18: Epidemias en una red BA de 80000 nodos con mortalidad nula, para $\rho = 0,2$ y $\rho = 0,4$.

Para distintos valores de la probabilidad de transmisión ρ se computó el pico epidémico, el tiempo al que ocurre y el tamaño final de la epidemia. Es decir, utilizando una red SF se computaron los resultados de 50 realizaciones para el valor máximo de la población infectada (pico), el tiempo al que ocurre (t_p) y el tamaño final de la epidemia (TE es la proporción del número total de infectados sobre el número total de la población, en el curso de la epidemia), para distintos valores de ρ . Los resultados se muestra en la siguiente tabla:

ρ	pico	t_p	TE
0.2	12076	5,44	0,636
0.3	24550	2,99	0,829
0.4	35006	1,94	0,913
0.5	43607	1,34	0,954

Cuadro 4.1: Promedio de 50 realizaciones. Para una red SF. TE tamaño de la epidemia.

Para la red seleccionada, con grado medio $n = 8$, la varianza de la distribución de frecuencias del grado es 81.25, por lo tanto el número reproductivo básico resulta

$$\mathfrak{R}_0 = 17,15\rho$$

4.3.3. Dinámica vital y equilibrio endémico

Cuando se considera la tasa de mortalidad y la tasa de nacimiento iguales, por ejemplo $\mu = 0,05$, las simulaciones muestran que puede existir un equilibrio endémico por períodos prolongados. Para la red elegida en la figura 4.19 se muestra la evolución de la fracción susceptible.

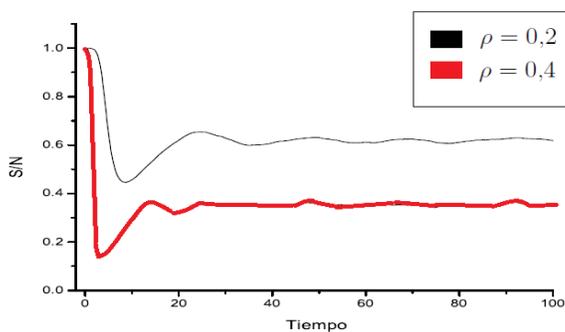


Figura 4.19: Evolución de la fracción susceptible en una red BA de 80000 nodos para $\rho = 0,2$ y $\rho = 0,4$.



Por la gráfica 4.19 se obtiene lo siguiente:

Para $\rho = 0,2$ el número reproductivo básico resulta $\mathfrak{R}_0 = 3,43$ y entonces $\frac{1}{\mathfrak{R}_0} = 0,29$ es significativamente mas baja que la observada en las simulaciones, cuyo promedio luego de los trasientes es $\langle \frac{S}{N} \rangle = 0,618$.

Para $\rho = 0,4$ el número reproductivo básico resulta $\mathfrak{R}_0 = 6,83$ y entonces $\frac{1}{\mathfrak{R}_0} = 0,146$ que nuevamente es significativamente mas baja que la observada en las simulaciones, cuyo promedio luego de los trasientes es $\langle \frac{S}{N} \rangle = 0,35$.

En ambos casos se ve que la proporción susceptible promedio en el régimen estacionario es un poco superior al doble de la esperada en una red de Erdos-Renyi y que la igualdad $\langle \frac{S}{N} \rangle = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$ no se cumple para las redes *Scale-Free*.

4.4. Aplicación: Mis Amigos en Facebook

Para conocer el mundo de las redes sociales desde una perspectiva totalmente distinta a la de ser un simple usuario de alguna red social, se utiliza la teoría de grafos para poder representar las redes sociales, en este caso la red social que se utiliza es Facebook. A través de un programa, se pudo obtener mis amigos de Facebook entonces el conjunto de datos son: Mis Amigos, que serán los nodos (448 nodos) y se establecerá que dos nodos tienen una relación o arista en el supuesto que estén en la lista de amigos (2777 aristas) como se puede ver en el siguiente gráfico:

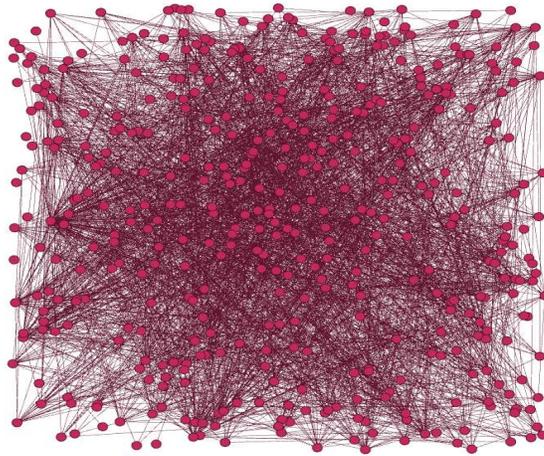


Figura 4.20: Grafo con 448 nodos y 2777 aristas.

Para que se vea que todos los nodos tienen el nombre de alguno de Mis Amigos se muestra el siguiente gráfico

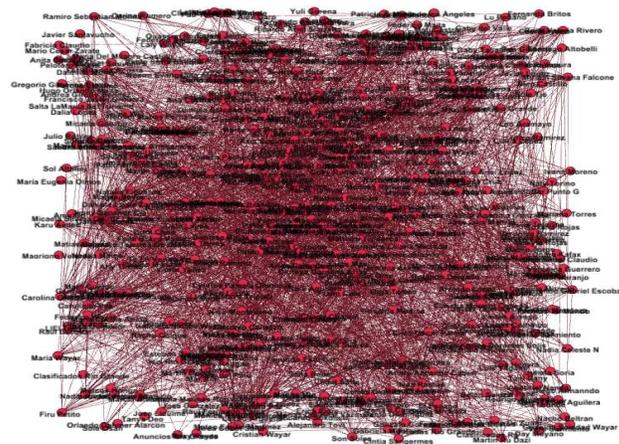


Figura 4.21: Grafo con los 448 nodos etiquetados.

Si se dibuja la distribución de grado de la red que sale de Mis Amigos en Facebook se puede observar que tiene la siguiente distribución

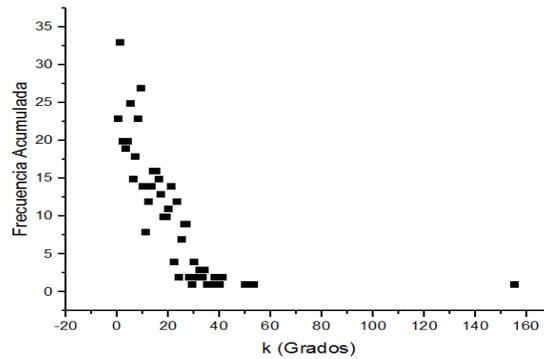


Figura 4.22: Distribucion de grado.

Si la gráfica anterior se realiza utilizando escalas logarítmicas en ambos ejes se obtiene

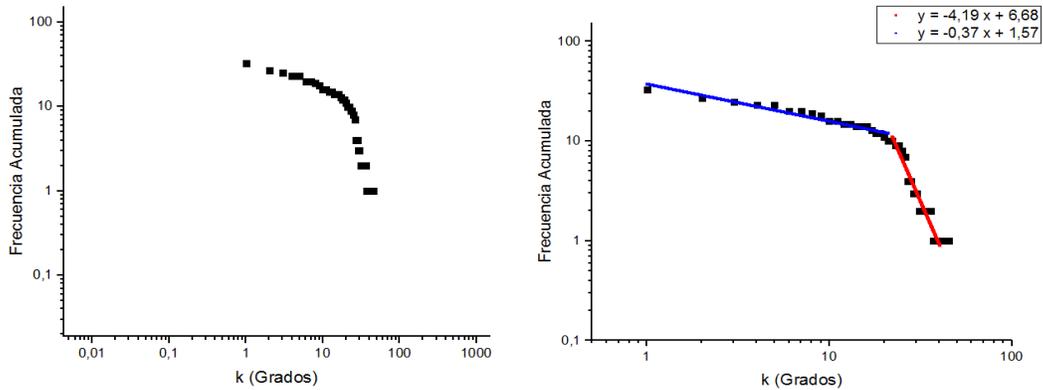


Figura 4.23: Distribución de grado en escala log-log y también se grafica la regresión lineal.

Se puede observar un ajuste para dos regiones, ambas potenciales. La primera tiene un exponente pequeño, en cambio la segunda es mas grande, pero lo que importa para que

una red sea *Scale-Free* es que sea potencial en la cola y como se puede observar en la gráfica anterior la cola es potencial.

En la siguiente figura se puede ver que un nodo tiene una alta conectividad

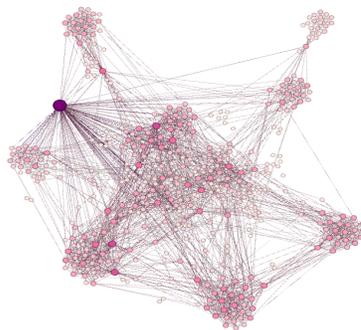


Figura 4.24: El nodo con el más alto grado.

Tal que si al gráfico anterior se le agregan las etiquetas a los nodos se muestra cual de Mis Amigos tiene el grado mas grande como se ve en la siguiente figura

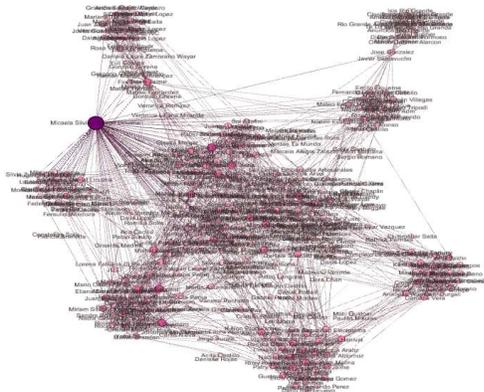


Figura 4.25: El nodo con el más alto grado y su etiqueta.

También se han calculado el coeficiente de agrupamiento: 0,444 y longitud de camino medio: 2,962 y es interesante destacar que el coeficiente de agrupamiento es muy alto, a diferencia de las redes BA que tienen coeficiente de agrupamiento casi nulo.

Por lo tanto, se ha podido observar que la red social Facebook presenta una distribución de grado aproximadamente potencial con exponente cercano a -0,37 (la primera región) y -4,19 (la segunda región) como lo indica la gráfica 4.23, y para que una red sea *Scale-Free* es que sea potencial en la cola, entonces si se descarta la primera región y se considera solo la segunda región que justamente es la cola y además es potencial entonces se puede decir que Facebook tiene una estructura aproximadamente *Scale-Free*.

Observar que a pesar que Facebook tiene una distribución aproximadamente potencial, como las redes BA pero tiene una gran diferencia, el coeficiente de agrupamiento es muy alto, a diferencia de las redes BA que tienen coeficiente de agrupamiento casi nulo. Con estos resultados se abre un nuevo camino para estudiar en el futuro como sería la dispersión de enfermedades en este tipo de redes.

Capítulo 5

Un modelo simple para redes

Scale-Free

Las redes *Scale-Free* son redes complejas con alta variabilidad en la distribución de grado lo que dificulta el análisis de las mismas. En este capítulo se presenta y se analiza un modelo de red simple cuyas características son muy similares a las de una red *Scale-Free*. Aplicaciones del nuevo modelo se presentan en este capítulo.

5.1. El modelo

Como se ha visto en el capítulo anterior las redes *Scale-Free*, como las del modelo BA, poseen una distribución de grado con alta variabilidad y se observa mas esa variabilidad cuando N_0 es igual a 10. La distribución (aproximadamente) potencial hace que estas redes tengan una mayoría de nodos con grados bajos y unos pocos con un grado muy alto (a estos últimos se los llama super-propagadores que juegan un rol principal en la dinámica de infección, se los denomina así porque estos nodos tienen muchos contactos y de esa manera propagan las enfermedades más rápido). Aquí se considera una aproximación que



a primera vista puede parecer extrema: una red con solo dos grados n_1 y n_2 , con $n_1 \ll n_2$.

Para abreviar a estas nuevas redes con solo dos grados se las llamarán redes “2G”, esta red solo tiene dos tipos de nodos muchos con bajo grado y pocos super-propagadores.

Para construir una de estas redes se necesita determinar el número de nodos con grado n_1 (que se llamará N_1) y el número de nodos con grado n_2 (que se llamará N_2) y luego establecer una regla para distribuir las aristas entre los nodos. La idea es que estas redes resulten una representación simple de una red de tipo *Scale-Free* por eso se impondrán ciertas condiciones. Se deben determinar cuatro valores (n_1 , n_2 , N_1 y N_2), es decir, se necesitan cuatro condiciones. Primero ambas redes deben tener el mismo número de nodos N entonces $N_1 + N_2 = N$. Luego se pide que los tres primeros momentos de la distribución de grado de la red compleja coincidan (lo más aproximadamente posible) con los de la nueva red. O sea el grado medio (n), la varianza (var) y la asimetría de la red *Scale-Free* deben ser los más aproximados posibles a los correspondientes momentos de la red 2G.

Es decir,

1. $N = N_1 + N_2$

2. $n = \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{N}$

3. $var = \frac{N_1}{N}(n_1 - n)^2 + \frac{N_2}{N}(n_2 - n)^2$ tal que se cumple $var_{2G} \approx var_{SF}$

4. $asimetría = \frac{N_1}{N}(n_1 - n)^3 + \frac{N_2}{N}(n_2 - n)^3$ tal que se cumple $asimetría_{2G} \approx asimetría_{SF}$

Dado que los valores n_i , N_i son enteros en general la igualdad no podrá ser cumplida y en tal caso se buscan las mejores aproximaciones, es decir los enteros mas cercanos.

Teniendo en cuenta que el algoritmo de conexión preferencial produce redes con distribuciones aproximadamente potenciales pero con una gran variabilidad entre ella (ver tablas en el capítulo anterior) los valores de la redes 2G se elegirán para cada red BA en particular.

Si se tiene N_1 nodos con grado 1, N_2 nodos con grado 2, \dots , N_j nodos con grado j talque $j + 1 \gg j$, entonces la distribución de grado para j grados se muestra en la siguiente gráfica

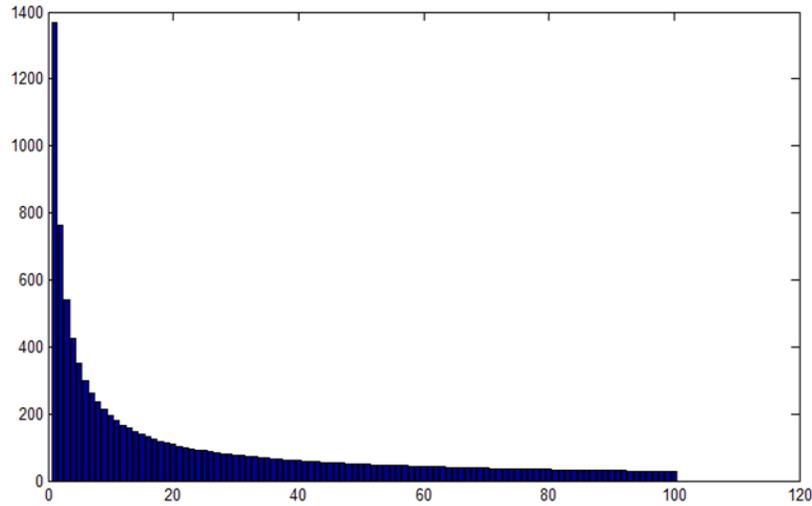


Figura 5.1: Distribución de grado que tiene $j = 100$ grados

Cada columna que se obtiene del gráfico anterior representa una ecuación diferencial, por ejemplo, para estudiar estas redes se debería trabajar con j ecuaciones diferenciales, y si j es muy grande se haría imposible entonces la motivación para simplificar una red *Scale-Free*, es reducir el número de ecuaciones diferenciales, por eso se propone una red aleatoria con una distribución mucho más simple, esto consiste en dividir la distribución de grado en dos, es decir, hay solo N_1 nodos con grado n_1 y N_2 nodos con grado n_2 con $n_2 \gg n_1$. Lo anterior se muestra en el siguiente gráfico

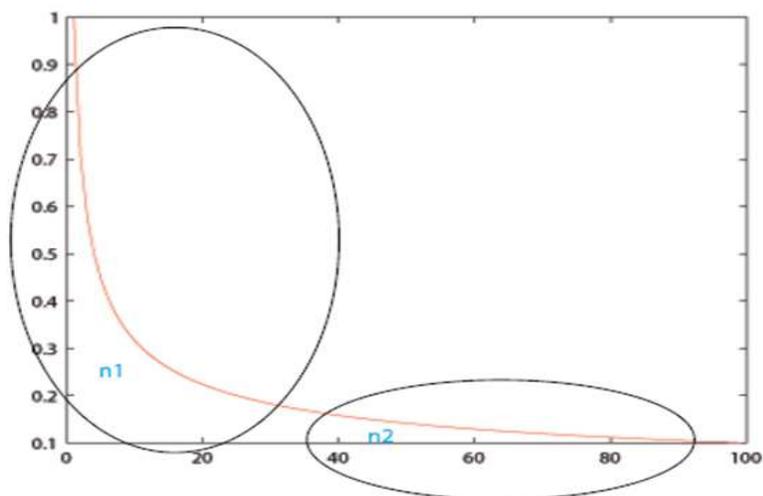


Figura 5.2: Como se dividirá la distribución de grado.

Para poder entender lo anterior, se realiza el siguiente ejemplo de una red $2G$ donde se considera el grado medio $n = 8$, $N = N_1 + N_2$ con $N_1 = 9600$, $N_2 = 400$, $n_1 = 7$ y $n_2 = 32$. Gráficamente sería lo siguiente

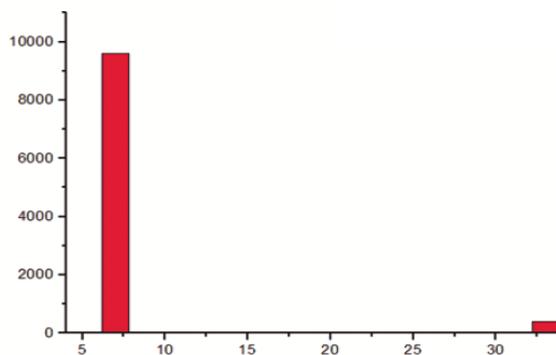


Figura 5.3: Distribución de una red $2G$ con $N_1 = 9600$, $N_2 = 400$, $n_1 = 7$, $n_2 = 32$ y $n = 8$.

5.1.1. Conectando los nodos

El algoritmo de conexión preferencial produce redes con nodos con un alto grado. Sin embargo, los últimos nodos en agregarse a la red tienen grado bajo y alta probabilidad de conectarse con nodos de alta conectividad. Para emular esta estructura de contactos el algoritmo que se realiza es como sigue:

Una vez determinados los valores de N_1 , N_2 , n_1 y n_2 con $N_2 \ll N_1$ y $n_2 \gg n_1$, se comienza a recorrer los nodos de la población pequeña N_2 asignando cada uno de sus n_2 contactos al azar (y por lo tanto se espera que una fracción $\frac{N_i}{N}$ sean nodos de la población N_i). Finalmente se reparten los contactos restantes de los nodos de la población N_1 entre sí teniendo en cuenta de no repetir contactos y de que cada nodo tenga exactamente grado n_1 .

5.1.2. Caracterización topológica de las redes 2G y comparación

Para las redes creadas con el algoritmo se calcula el coeficiente de agrupamiento y la longitud de camino medio, luego se los compara con los correspondientes valores obtenidos en las redes complejas BA. Los resultados se presentan en las siguientes tablas.

Para $N = 80000$ con $n = 8$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$ y $n_2 = 176$

seed	VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF	Clustering 2G	Clustering SF	Camino Medio 2G	Camino Medio SF
1	70,21	70,90	11794,81	11692,14	0,000277	0,000416	4,842	3,575
2		71,37		10518,01	0,000258	0,000406	5,182	4,836
5		70,23		10317,32	0,000282	0,000436	5,529	3,785
17		67,83		9801,84	0,000286	0,000461	5,476	3,739

El coeficiente de agrupamiento para las 2G es muy bajo entre 0,000258 y 0,000286, igual



que para las redes SF que está entre 0,000406 y 0,000461. Las redes 2G presentan una longitud de camino medio entre 4,842 y 5,529 y las SF tienen entre 3,575 y 4,836.

Para $N = 80000$ con $n = 16$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$ y $n_2 = 217$

seed	VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF	Clustering 2G	Clustering SF	Camino Medio 2G	Camino Medio SF
1	150,98	150,70	30146,73	31761,42	0,000396	0,000476	4,092	3,016
2		153,76		30006,85	0,000412	0,000478	4,193	4,033
5		151,22		29041,28	0,000410	0,000515	4,187	3,256
17		145,65		27398,96	0,000388	0,000553	4,182	3,158

El coeficiente de agrupamiento para las 2G es muy bajo entre 0,000388 y 0,000412, igual que para las redes SF que esta entre 0,000476 y 0,000553 . Las redes 2G presentan una longitud de camino medio entre 4,092 y 4,193 y las SF tienen entre 3,016 y 4,033.

5.1.3. Comparación de las epidemias

Para el caso en que no existe reemplazo de nodos recuperados o infectados por nodos susceptibles se tienen epidemias únicas. El tamaño final de la epidemia para distintos casos así como el tamaño del pico y el tiempo al que ocurre se obtuvieron para las redes 2G y se las comparó con las correspondientes redes BA. Cuando se consideran nacimientos y muertes se pueden observar simulaciones en que las poblaciones alcanzan valores de equilibrio endémico. En tales caso se compararon los valores promedio de la proporción susceptible $\langle \frac{S}{N} \rangle$ en el régimen estacionario con los valores correspondientes para redes BA, como se pueden apreciar en las siguientes tablas.

Para $N = 80000$ con $n = 8$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$ y $n_2 = 176$

Tamaño final de la epidemia 2G	Tamaño final de la epidemia SF	Máximo del pico 2G	Máximo del pico SF	Tiempo del Pico 2G	Tiempo del Pico SF
29433	30212	9873	12188	5,85	5,45
30590	31073	10107	12217	6,25	5,75
30125	31443	9822	12468	6,70	6,05
Promedio: 30049,33	Promedio: 30926,25	Promedio: 9934	Promedio: 12343,5	Promedio: 6,26	Promedio: 5,75

Se puede ver que el tamaño final de la epidemia, el máximo del pico y tiempo del pico tanto en 2G como SF son similares. Lo mismo se realiza cambiando n .

Para $N = 80000$ con $n = 16$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$ y $n_2 = 217$

Tamaño final de la epidemia 2G	Tamaño final de la epidemia SF	Máximo del pico 2G	Máximo del pico SF	Tiempo del Pico 2G	Tiempo del Pico SF
53395	52588	29754	30219	3,35	2,85
53406	52747	29684	29952	3,25	2,65
53519	52764	29481	30132	2,95	2,80
Promedio: 53440	Promedio: 52699,66	Promedio: 29639,66	Promedio: 30101	Promedio: 3,18	Promedio: 2,76

Se puede ver también que el tamaño final de la epidemia, el máximo del pico y tiempo del pico tanto en 2G como SF son similares en ambos tipos de redes.

En los siguientes gráficos se puede observar la comparación entre la evolución temporal de susceptibles, infectados y recuperados obtenidos con ambos tipo de redes.

Para $N = 80000$ con $n = 8$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$ y $n_2 = 176$ para diferentes redes creadas con el algoritmo de conexión preferencial

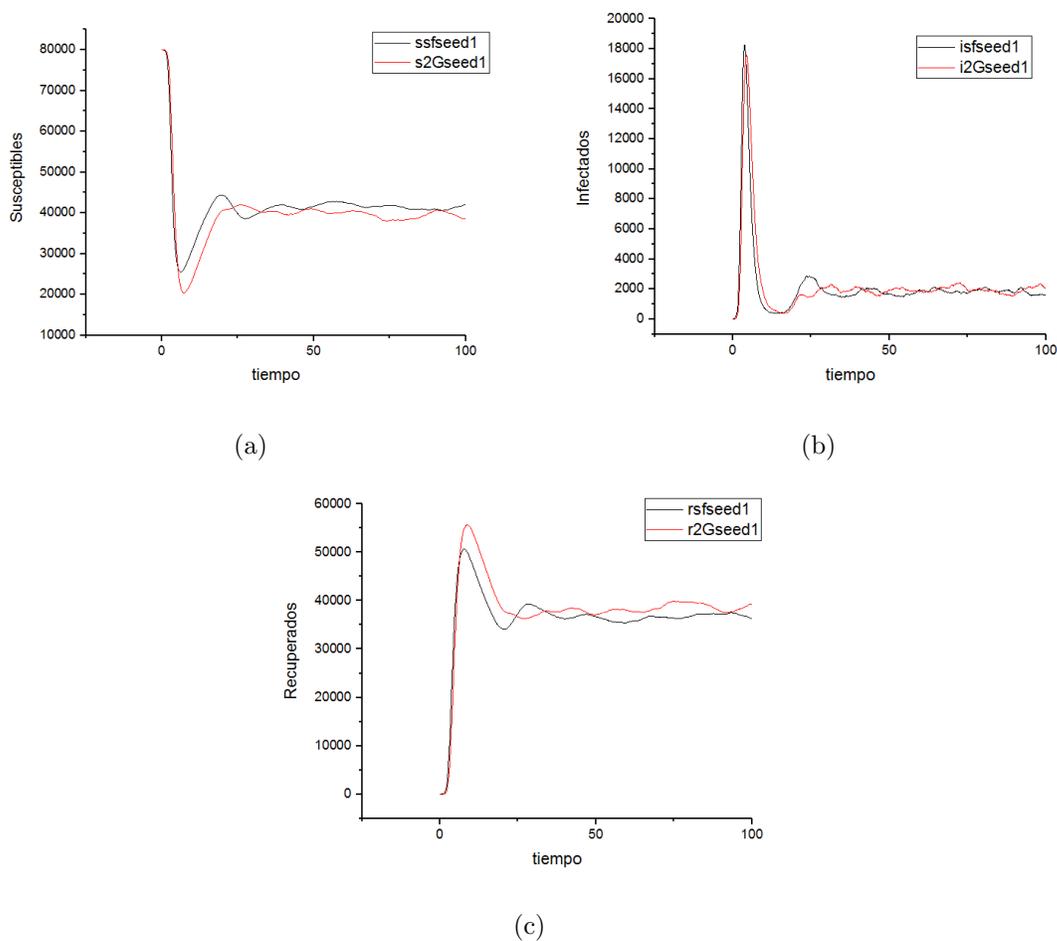


Figura 5.4: a) Susceptibles en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo) . b) Infectados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo) . c) Recuperados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 8$, $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$, $\rho = 0,25$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$.

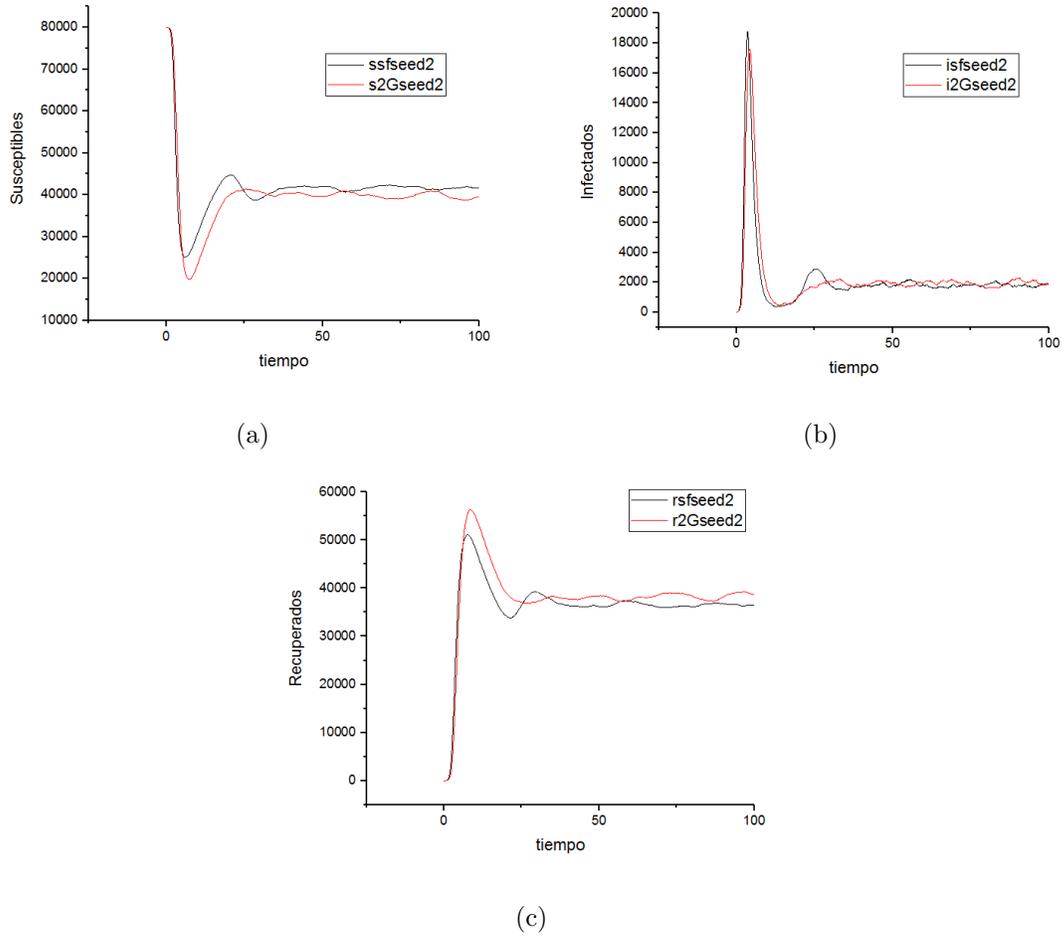


Figura 5.5: a) Susceptibles en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). b) Infectados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). c) Recuperados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 8$, $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$, $\rho = 0,25$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$.

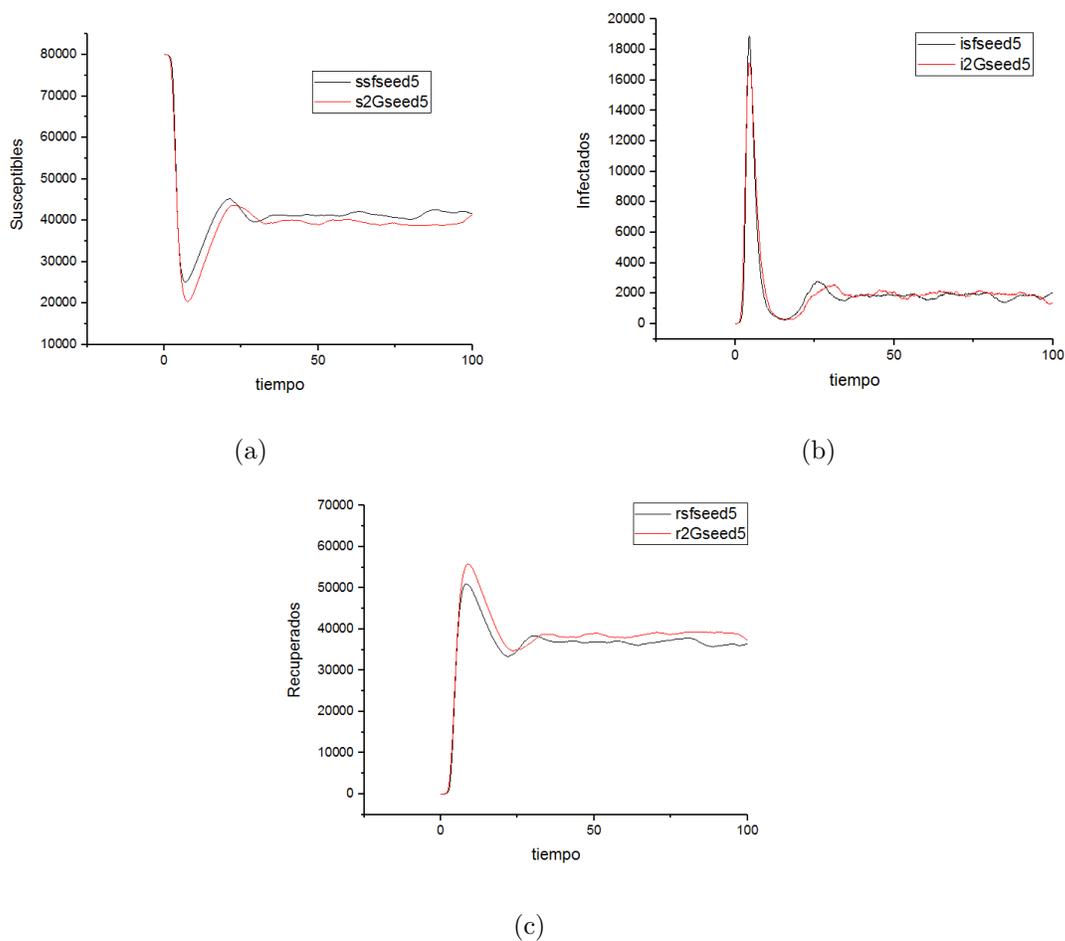


Figura 5.6: a) Susceptibles en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). b) Infectados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). c) Recuperados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 8$, $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$, $\rho = 0,25$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$.

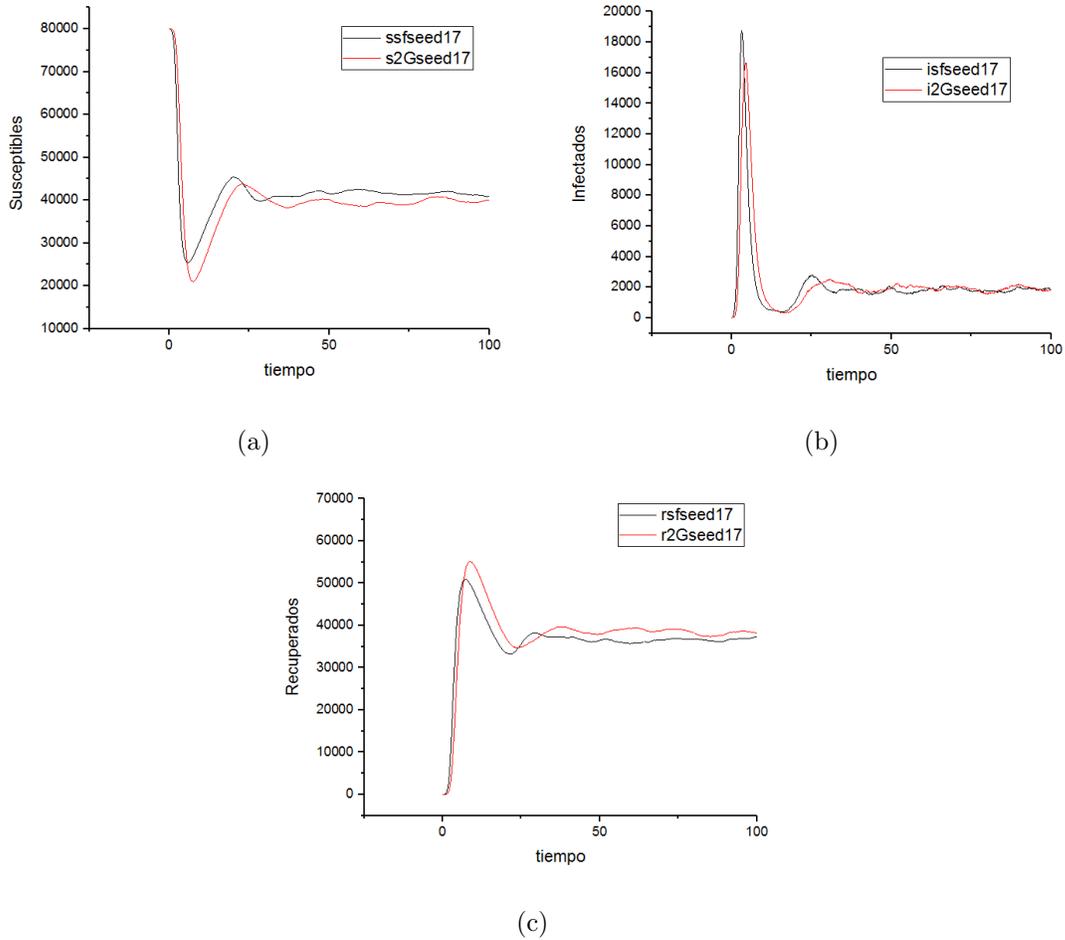


Figura 5.7: a) Susceptibles en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). b) Infectados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). c) Recuperados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 8$, $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$, $\rho = 0,25$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$.

Lo mismo se realiza cambiando n

Para $N = 80000$ con $n = 16$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$ y $n_2 = 217$ para diferentes redes creadas con el algoritmo de conexión preferencial

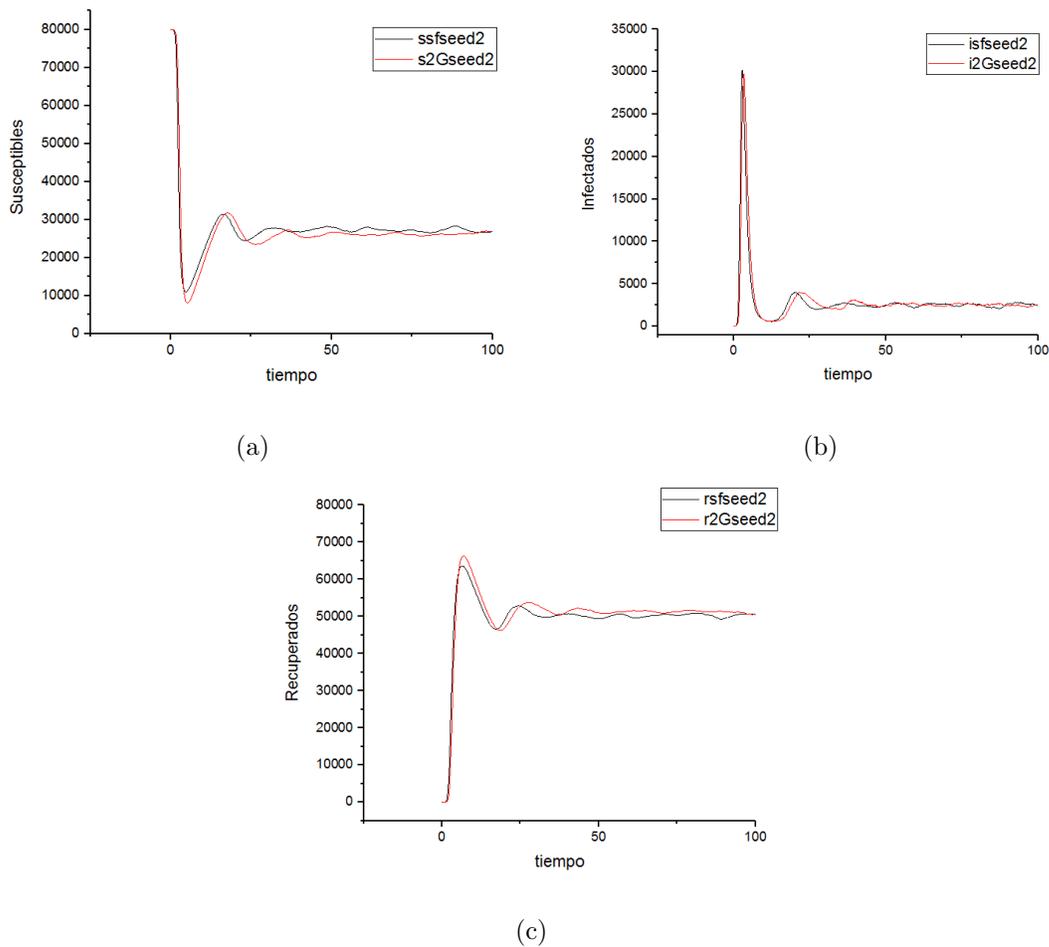


Figura 5.8: a) Susceptibles en redes SF (negro) y $2G$ (rojo). b) Infectados en redes SF (negro) y $2G$ (rojo). c) Recuperados en redes SF (negro) y $2G$ (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 16$, $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$, $n_2 = 217$, $\rho = 0,2$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$

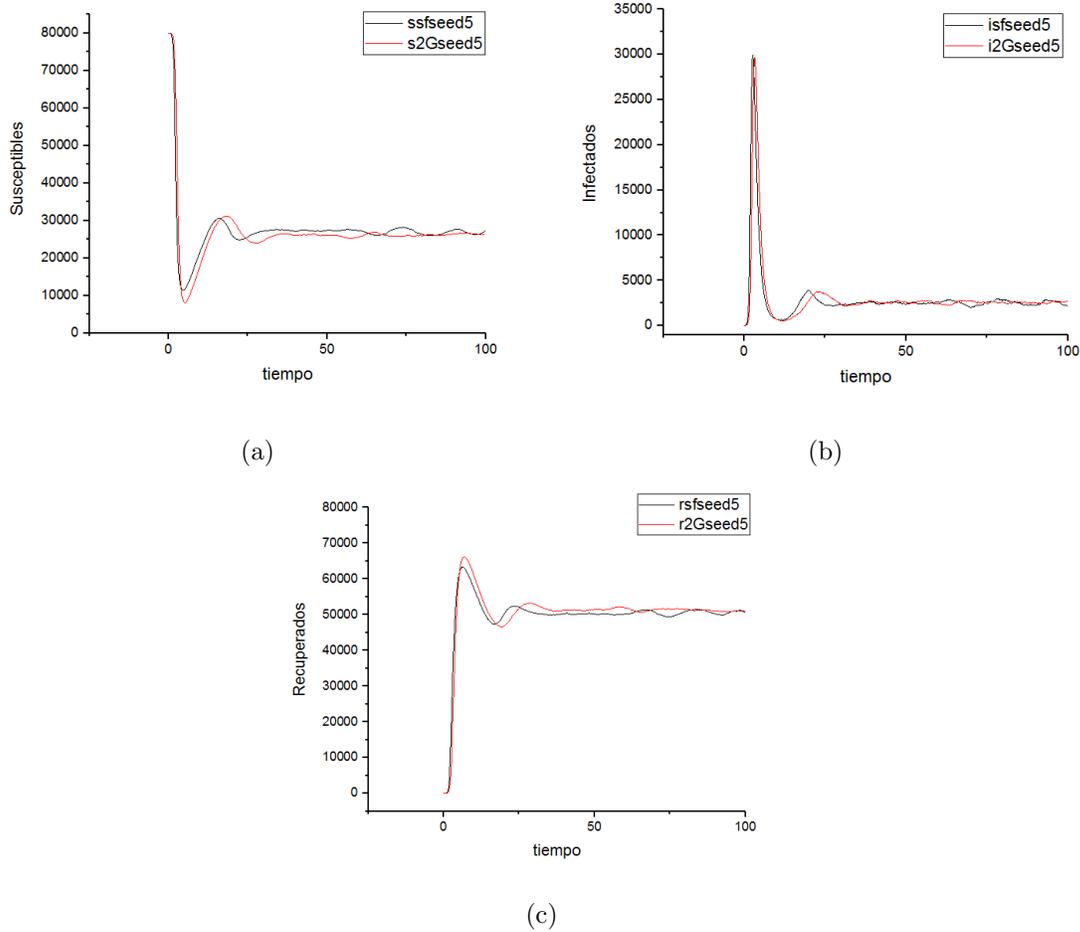


Figura 5.9: a) Susceptibles en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). b) Infectados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). c) Recuperados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 16$, $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$, $n_2 = 217$, $\rho = 0,2$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$

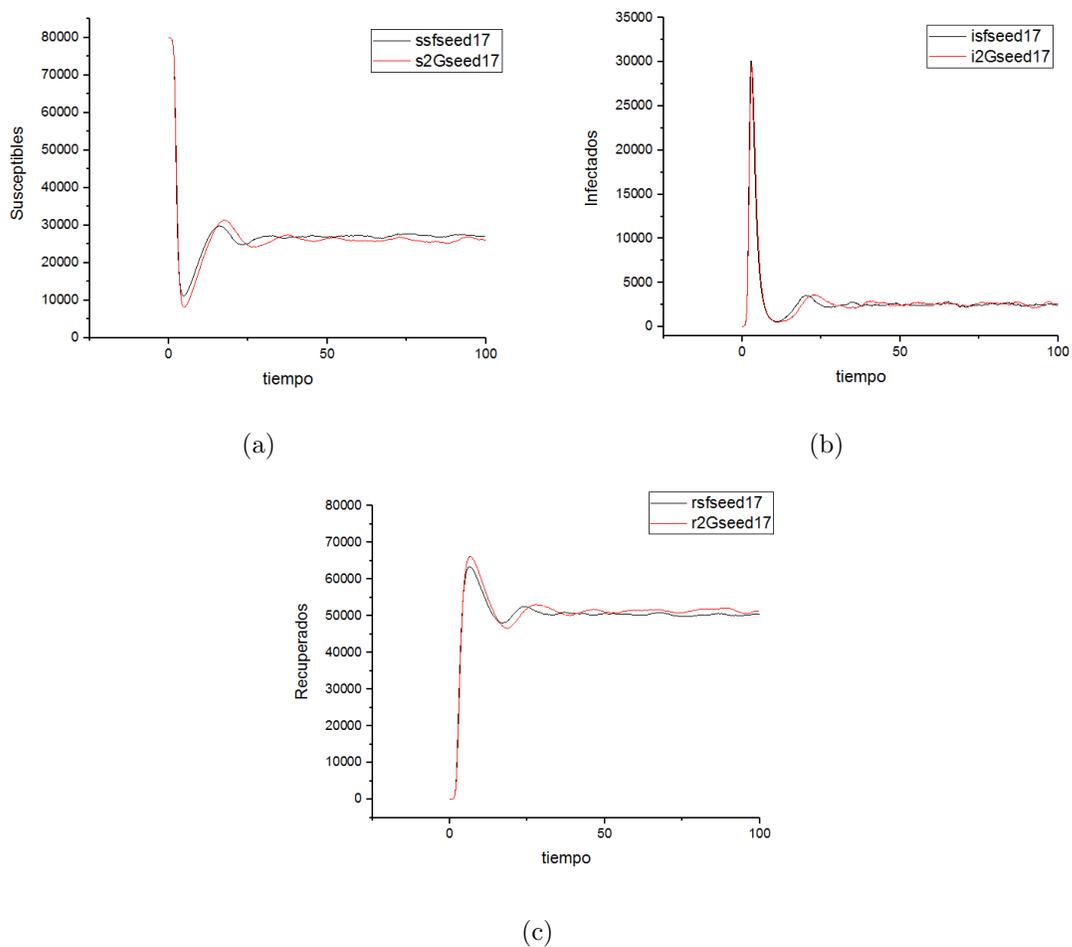


Figura 5.10: a) Susceptibles en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). b) Infectados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). c) Recuperados en redes *SF* (negro) y *2G* (rojo). Para $N = 80000$ con $n = 16$, $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$, $n_2 = 217$, $\rho = 0,2$ y $\mathfrak{R}_0 = 4,9$

Si se sigue cambiando los valores de N_1 , N_2 , n_1 y n_2 , para diferentes redes creadas con el algoritmo de conexión preferencial, se observa que la evolución del número total de nodos infectados resulta muy similar en la red *SF* y la *2G*.

5.2. Algunas aplicaciones

5.2.1. Estimación de \mathfrak{R}_0

Se sabe que la población total es $N = N_1 + N_2$ talque los i contactos de N_1 tiene grado n_1 con probabilidad $P_1 = \frac{N_1}{N}$ y los j contactos de N_2 tiene grado n_2 con probabilidad $P_2 = \frac{N_2}{N}$.

Si hay un caso secundario entonces se tendrán n_1 contactos con probabilidad Π_1 donde $\Pi_1 = n_1 P_1 \alpha$ y se tendrán n_2 contactos con probabilidad Π_2 donde $\Pi_2 = n_2 P_2 \alpha$ y α es la normalización, se obtiene

$$\Pi_1 + \Pi_2 = n_1 P_1 \alpha + n_2 P_2 \alpha = \alpha(n_1 P_1 + n_2 P_2) = 1$$

entonces

$$\alpha = \frac{1}{n_1 P_1 + n_2 P_2} = \frac{1}{n_1 \frac{N_1}{N} + n_2 \frac{N_2}{N}} = \frac{N}{n_1 N_1 + n_2 N_2} \quad (5.1)$$

Como $n = n_1 \frac{N_1}{N} + n_2 \frac{N_2}{N}$ entonces la ecuación (5.1) se puede escribir $\alpha = \frac{1}{n}$ o $n = \frac{1}{\alpha}$

Por definición de varianza se tiene lo siguiente



$$\begin{aligned}
VAR &= \frac{N_1(n - n_1)^2 + N_2(n - n_2)^2}{N} = \frac{N_1}{N} \left(\frac{1}{\alpha} - n_1 \right)^2 + \frac{N_2}{N} \left(\frac{1}{\alpha} - n_2 \right)^2 = \\
&= \frac{N_1}{N} \left(\frac{1}{\alpha^2} - \frac{2n_1}{\alpha} + n_1^2 \right) + \frac{N_2}{N} \left(\frac{1}{\alpha^2} - \frac{2n_2}{\alpha} + n_2^2 \right) = \\
&= \frac{N_1}{N} n_1^2 - \frac{2}{\alpha} \frac{N_1}{N} n_1 + \frac{N_1}{N} \frac{1}{\alpha^2} + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{2}{\alpha} \frac{N_2}{N} n_2 + \frac{N_2}{N} \frac{1}{\alpha^2} = \\
&= \frac{N_1}{N} n_1^2 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{2}{\alpha} \left(\frac{N_1}{N} n_1 + \frac{N_2}{N} n_2 \right) + \frac{1}{\alpha^2} \left(\frac{N_1}{N} + \frac{N_2}{N} \right)
\end{aligned}$$

Como $\frac{N_1}{N} n_1 + \frac{N_2}{N} n_2 = n = \frac{1}{\alpha}$ y $\frac{N_1}{N} + \frac{N_2}{N} = 1$ entonces

$$VAR = \frac{N_1}{N} n_1^2 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{2}{\alpha} \left(\frac{1}{\alpha} \right) + \frac{1}{\alpha^2} (1) = \frac{N_1}{N} n_1^2 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{1}{\alpha^2}$$

$$\begin{aligned}
\mathfrak{R}_0^{red} &= (n_1 - 1)\rho\Pi_1 + (n_2 - 1)\rho\Pi_2 = \rho[(n_1 - 1)\Pi_1 + (n_2 - 1)\Pi_2] = \\
&= \rho[(n_1 - 1)n_1 P_1 \alpha + (n_2 - 1)n_2 P_2 \alpha] = \rho\alpha[(n_1 - 1)n_1 P_1 + (n_2 - 1)n_2 P_2] = \\
&= \rho\alpha[P_1 n_1^2 - P_1 n_1 + P_2 n_2^2 - P_2 n_2] = \rho\alpha \left[\frac{N_1}{N} n_1^2 - \frac{N_1}{N} n_1 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{N_2}{N} n_2 \right] = \\
&= \rho\alpha \left[\frac{N_1}{N} n_1^2 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \left(\frac{N_1}{N} n_1 + \frac{N_2}{N} n_2 \right) \right] = \rho\alpha \left[\frac{N_1}{N} n_1^2 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{1}{\alpha} \right]
\end{aligned}$$

Se suma y se resta $\frac{1}{\alpha^2}$ y se obtiene

$$\begin{aligned}
\mathfrak{R}_0^{red} &= \rho\alpha \left[\frac{N_1}{N} n_1^2 + \frac{N_2}{N} n_2^2 - \frac{1}{\alpha^2} + \frac{1}{\alpha^2} - \frac{1}{\alpha} \right] = \rho\alpha \left[VAR + \frac{1}{\alpha^2} - \frac{1}{\alpha} \right] = \\
&= \rho \left[\alpha VAR + \alpha \frac{1}{\alpha^2} - \alpha \frac{1}{\alpha} \right] = \rho \left[\alpha VAR + \frac{1}{\alpha} - 1 \right] = \frac{VAR\rho}{n} + (n - 1)\rho
\end{aligned}$$

Por lo tanto el valor teórico para la red $2G$ es

$$\mathfrak{R}_0^{red} = \frac{VAR\rho}{n} + (n - 1)\rho$$

Que es el valor esperado en general para una red aleatoria con bajo coeficiente de agrupamiento (que se ha visto en el capítulo 3).

Utilizando las redes *2G* se obtuvieron estimaciones empíricas del número reproductivo básico y se las comparó con las correspondientes para redes BA. Los resultados se muestran en las siguientes tablas:

Para $N = 80000$ con $n = 8$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79740$, $n_1 = 7$, $N_2 = 260$, $n_2 = 154$ y $\mathfrak{R}_0^{red} = (n - 1)\rho + \frac{VAR\rho}{n}$

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	$\mathfrak{R}_0^{empirico2G}$	$\mathfrak{R}_0^{empiricoSF}$	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	1,72	1,54	1,56	1,57
0,2	0,17	3,05	3,48	2,63	2,64
0,25	0,20	3,26	3,65	3,16	3,17
0,3	0,23	3,97	3,75	3,64	3,66
0,4	0,29	4,98	4,27	4,51	4,53
0,5	0,33	5,27	5,66	5,26	5,29
0,6	0,38	6,43	6,68	5,92	5,95
0,7	0,41	6,93	6,63	6,50	6,53
0,8	0,44	7,46	7,56	7,02	7,05
0,9	0,47	7,57	7,89	7,48	7,51
1	0,50	8,02	8,30	7,89	7,93

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
70,27	70,90	10113,44	11692

Gráficamente si se tiene en cuenta el error estándar se obtiene

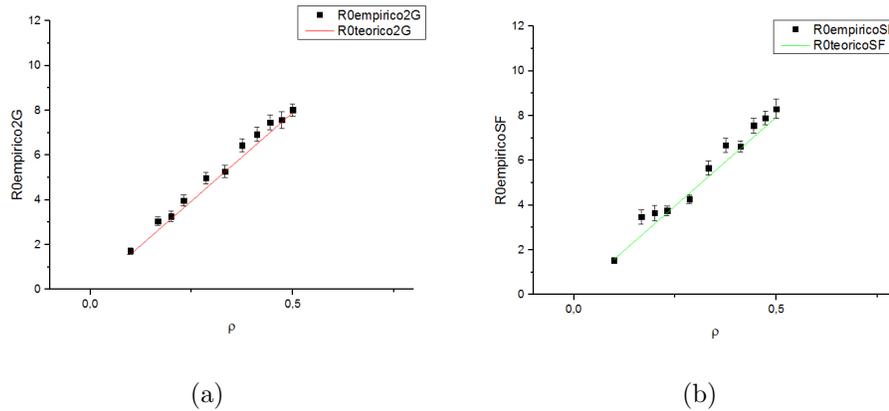


Figura 5.11: a) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 8$ para una red 2G. b) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 8$ para una red SF. Las barras indican el error estándar.

Si se toman otros valores $N_1 = 79775$, $n_1 = 7$, $N_2 = 225$, $n_2 = 166$ para el grado medio $n = 8$ se obtiene

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	$\mathfrak{R}_0^{empirico2G}$	$\mathfrak{R}_0^{empiricoSF}$	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	1,69	1,79	1,58	1,58
0,2	0,17	3,02	2,90	2,65	2,65
0,25	0,20	3,41	3,69	3,18	3,18
0,3	0,23	4,05	3,79	3,67	3,67
0,4	0,29	4,94	5,17	4,54	4,55
0,5	0,33	5,18	5,29	5,30	5,31
0,6	0,38	6,13	7,07	5,96	5,97
0,7	0,41	6,68	7,18	6,55	6,56
0,8	0,44	8,04	7,52	7,07	7,08
0,9	0,47	8,26	7,54	7,53	7,54
1	0,50	8,36	7,96	7,95	7,96

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
71,20	71,37	11092,38	10518,01

Gráficamente si se tiene en cuenta el error estándar se obtiene

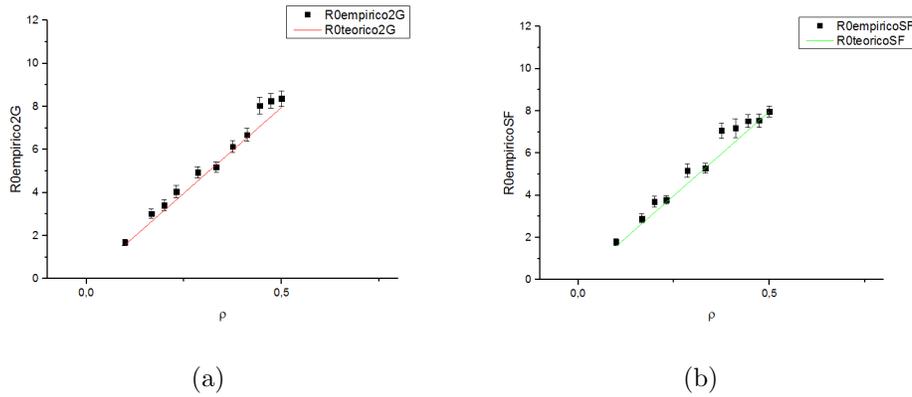


Figura 5.12: a) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 8$ para una red 2G. b) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 8$ para una red SF. Las barras indican el error estándar.

Para el grado medio $n = 16$ se han tomado los siguiente valores $N_1 = 79685$, $n_1 = 15$, $N_2 = 315$, $n_2 = 213$

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	$\mathfrak{R}_0^{empirico2G}$	$\mathfrak{R}_0^{empiricoSF}$	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	2,62	2,50	2,44	2,44
0,2	0,17	4,15	4,38	4,10	4,10
0,25	0,20	5,19	5,08	4,92	4,92
0,3	0,23	5,66	5,35	5,68	5,68
0,4	0,29	7	6,66	7,03	7,03
0,5	0,33	8,25	8,27	8,20	8,20
0,6	0,38	9,53	9,17	9,23	9,23
0,7	0,41	10,17	9,72	10,13	10,13
0,8	0,44	10,56	10,96	10,94	10,94
0,9	0,47	10,92	11,02	11,66	11,66
1	0,50	11,54	11,57	12,31	12,31

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
153,80	153,76	30102,66	30006,85

Gráficamente si se tiene en cuenta el error estándar se obtiene

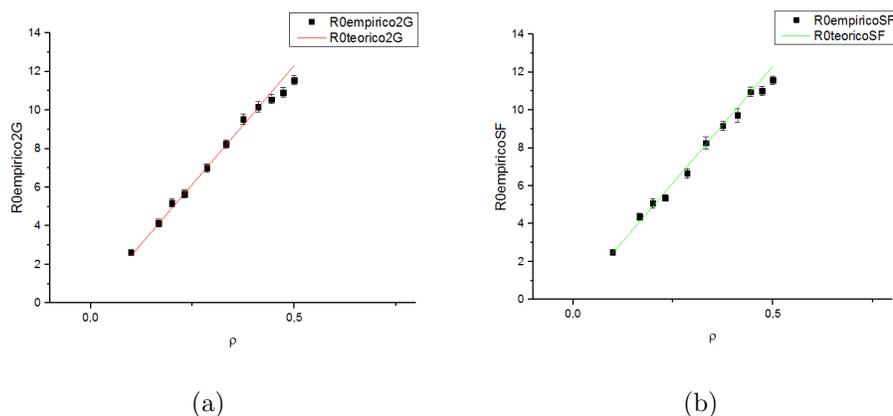


Figura 5.13: a) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 16$ para una red 2G. b) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 16$ para una red SF. Las barras indican el error estándar.

Si se toman otros valores $N_1 = 79699$, $n_1 = 15$, $N_2 = 301$, $n_2 = 216$ para el grado medio $n = 16$ se obtiene

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	$\mathfrak{R}_0empirico2G$	$\mathfrak{R}_0empiricoSF$	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	2,59	2,76	2,42	2,42
0,2	0,17	4,49	3,98	4,08	4,08
0,25	0,20	4,89	4,86	4,89	4,89
0,3	0,23	5,94	5,62	5,65	5,64
0,4	0,29	7,19	7,49	6,99	6,99
0,5	0,33	7,44	7,73	8,16	8,15
0,6	0,38	8,83	9,29	9,18	9,17
0,7	0,41	9,80	9,83	10,08	10,07
0,8	0,44	10,43	10,67	10,87	10,87
0,9	0,47	10,83	10,99	11,59	11,58
1	0,50	11,31	11,77	12,23	12,23

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
151,49	151,22	30009,90	29041,28

Gráficamente si se tiene en cuenta el error estándar se obtiene

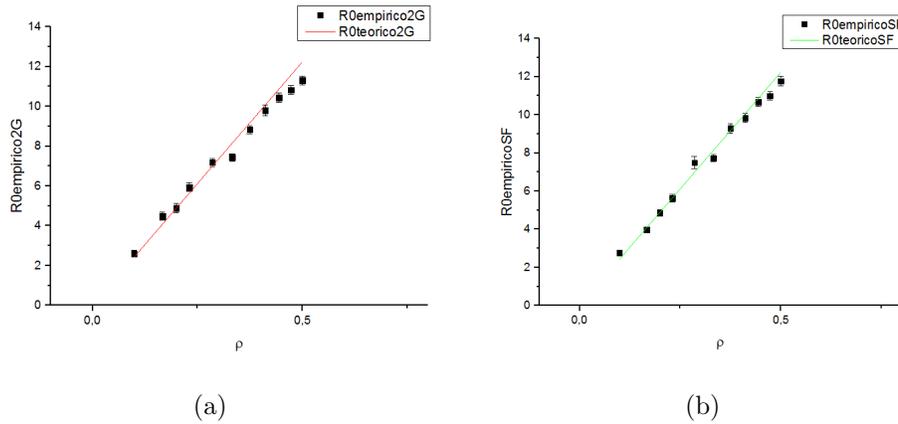


Figura 5.14: a) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 16$ para una red 2G. b) Comparación entre los valores empírico y teórico de \mathfrak{R}_0 con $n = 16$ para una red SF. Las barras indican el error estándar.

Como se puede ver a través de todas estas gráficas mientras más grande sea n mejor se aproxima el \mathfrak{R}_0 empírico al \mathfrak{R}_0 teórico de las dos redes.

5.2.2. Proporción susceptible y \mathfrak{R}_0

En el capítulo anterior se mostró que si bien las redes BA (y las redes 2G) son aleatorias, en el equilibrio endémico no se cumple la relación $\langle \frac{S}{N} \rangle = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$. Esto indica que los contactos de un infectado típico no forman una muestra aleatoria de la población y por lo tanto la fracción susceptible de los contactos de los infectados en el régimen estacionario no coinciden con la proporción susceptible global. Utilizando el modelo simple de redes 2G se puede efectivamente demostrar que este es el caso. En efecto:

En el principio de una epidemia se tiene

$$\frac{S}{N} \cong 1$$

Si se multiplica lo anterior por \mathfrak{R}_0 entonces



$$\mathfrak{R}_0 \frac{S}{N} \cong \mathfrak{R}_0 > 1$$

Por lo tanto la condición de equilibrio para redes es

$$\left(\frac{S}{N}\right)_{eq} = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$$

que también se puede escribir de la siguiente manera

$$\left(\frac{N}{S}\right)_{eq} = \mathfrak{R}_0$$

Esta condición de equilibrio se cumple para redes completas o redes Poisson, pero para redes *SF* no se cumple y por lo tanto tampoco para el modelo simple *2G*, como se muestra a continuación:

Se tiene

$$1) \mathfrak{R}_0^{red} = \frac{VAR\rho}{n} + (n-1)\rho$$

$$\begin{aligned} 2) VAR &= \frac{N_1(n-n_1)^2 + N_2(n-n_2)^2}{N} = \frac{N_1}{N}(n^2 - 2nn_1 + n_1^2) + \frac{N_2}{N}(n^2 - 2nn_2 + n_2^2) \\ &= \frac{N_1}{N}n^2 - \frac{N_1}{N}2nn_1 + \frac{N_1}{N}n_1^2 + \frac{N_2}{N}n^2 - \frac{N_2}{N}2nn_2 + \frac{N_2}{N}n_2^2 \end{aligned}$$

$$3) n = \frac{n_1N_1 + n_2N_2}{N} \text{ entonces } nN = n_1N_1 + n_2N_2$$

$$4) N = N_1 + N_2$$

Si se reemplaza *VAR* en \mathfrak{R}_0^{red} se obtiene

$$\begin{aligned}
 \mathfrak{R}_0^{red} &= \frac{VAR\rho}{n} + (n-1)\rho \\
 &= \rho \frac{N_1}{nN} n^2 - \rho \frac{N_1}{nN} 2nn_1 + \rho \frac{N_1}{nN} n_1^2 + \rho \frac{N_2}{nN} n^2 - \rho \frac{N_2}{nN} 2nn_2 + \rho \frac{N_2}{nN} n_2^2 + \rho n - \rho \\
 &= \rho n \frac{N_1 + N_2}{N} - 2\rho \left(\frac{N_1 n_1}{N} + \frac{N_2 n_2}{N} \right) + \frac{\rho}{nN} \left(N_1 n_1^2 + N_2 n_2^2 \right) + \rho n - \rho \\
 &= \rho n - 2\rho n + \frac{\rho}{nN} \left(N_1 n_1^2 + N_2 n_2^2 \right) + \rho n - \rho \\
 &= \frac{\rho}{nN} \left(N_1 n_1^2 + N_2 n_2^2 \right) - \rho \\
 &= \frac{\rho}{nN} \left(N_1 n_1^2 + N_2 n_2^2 - nN \right) \\
 &= \frac{\rho}{n_1 N_1 + n_2 N_2} \left(N_1 n_1^2 + N_2 n_2^2 - (n_1 N_1 + n_2 N_2) \right) \\
 &= \rho \left((n_1^2 - n_1) \frac{N_1}{n_1 N_1 + n_2 N_2} + (n_2^2 - n_2) \frac{N_2}{n_1 N_1 + n_2 N_2} \right)
 \end{aligned}$$

Si se supone que se cumple

$$\left(\frac{N}{S} \right)_{eq} = \mathfrak{R}_0$$

reemplazando lo anterior y considerando $N = \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n}$ se obtiene

$$\begin{aligned}
 \left(\frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{nS} \right)_{eq} &= \rho \left((n_1^2 - n_1) \frac{N_1}{n_1 N_1 + n_2 N_2} + (n_2^2 - n_2) \frac{N_2}{n_1 N_1 + n_2 N_2} \right) \\
 \left(\frac{n_1 N_1}{nS} + \frac{n_2 N_2}{nS} \right)_{eq} &= \frac{\rho(n_1^2 - n_1)}{n_1 N_1 + n_2 N_2} N_1 + \frac{(n_2^2 - n_2)}{n_1 N_1 + n_2 N_2} N_2 \\
 \frac{n_1}{nS_{eq}} N_1 + \frac{n_2}{nS_{eq}} N_2 &= \frac{\rho(n_1^2 - n_1)}{n_1 N_1 + n_2 N_2} N_1 + \frac{(n_2^2 - n_2)}{n_1 N_1 + n_2 N_2} N_2
 \end{aligned}$$



como se cumple la igualdad se tendría que

$$\frac{n_1}{nS_{eq}} = \frac{\rho(n_1^2 - n_1)}{n_1 N_1 + n_2 N_2} \text{ entonces } S_{eq} = n_1 \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n\rho(n_1^2 - n_1)}$$

de la misma forma se obtiene

$$\frac{n_2}{nS_{eq}} = \frac{\rho(n_2^2 - n_2)}{n_1 N_1 + n_2 N_2} \text{ entonces } S_{eq} = n_2 \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n\rho(n_2^2 - n_2)}$$

entonces

$$n_1 \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n\rho(n_1^2 - n_1)} = n_2 \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n\rho(n_2^2 - n_2)}$$

talque

$$\frac{n_1}{n_1^2 - n_1} \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n\rho} = \frac{n_2}{n_2^2 - n_2} \frac{n_1 N_1 + n_2 N_2}{n\rho}$$

$$\frac{n_1}{n_1^2 - n_1} = \frac{n_2}{n_2^2 - n_2}$$

$$\frac{n_1}{n_1(n_1 - 1)} = \frac{n_2}{n_2(n_2 - 1)}$$

$$\frac{1}{n_1 - 1} = \frac{1}{n_2 - 1}$$

$$(n_1 - 1) = (n_2 - 1)$$

$$n_1 = n_2$$

entonces se obtiene $n_1 = n_2$ y esto es falso ya que se sabe que $n_1 \neq n_2$.

Por lo tanto para redes $2G$ (al igual que en las redes SF) no se cumple

$$\left(\frac{N}{S}\right)_{eq} \neq \mathfrak{R}_0$$

Finalmente, en este capítulo se desarrollo y analizo un modelo de red simple, $2G$, para las redes de tipo *Scale-Free* y se mostró que a pesar de la simplificación extrema adoptada las características topológicas principales así como la dinámica de las epidemias en las mismas son en muchos casos indistinguibles de las obtenidas con las redes mucho más complejas de distribución potencial, y por ultimo, utilizando este modelo simple se realizaron algunas aplicaciones.



Capítulo 6

Modificaciones al Modelo de Campo Medio Clásico

Se conocen como modelos de campo medio a los modelos en los cuales las influencias de los individuos se promedian y por lo tanto, se observa la contribución media de estos en la evolución de la epidemia. Los modelos mas simples de campo medio son los modelos determinísticos como los de Kermack y McKendrik (capítulo 2).

Los modelos de campo medio ofrecen una descripción sencilla, accesible analítica y numéricamente, independientemente del tamaño de la población. Estos modelos cuentan con una larga tradición y han hecho posibles desarrollos importantes en la teoría epidemiológica.

Se considera el caso simple de una red completa de tamaño $N \gg 1$ y un modelo de transmisión *SIR*. Todos los nodos están en contacto entre sí. Se dirá en este caso que existe mezcla homogénea fuerte. Un infectado está en contacto con $N - 1 \sim N$ individuos de los cuales $\frac{S}{N}$ son susceptibles. Si τ es la probabilidad de transmisión por contacto y unidad de tiempo ($\tau \ll 1$ pues $R_0 = N \frac{\tau}{\tau + \gamma} \sim N \frac{\tau}{\gamma}$ que es de orden $\mathcal{O}(1)$). Entonces la población de infectados evoluciona en promedio como

$$\frac{dI}{dt} = N\tau I \frac{S}{N} - \gamma I = (\tau S - \gamma)I$$

La condición umbral se la puede obtener de la condición $\frac{dI}{dt} > 0$ al inicio de la epidemia cuando $S \simeq N$. Entonces la condición de epidemia es $\frac{\tau N}{\gamma} > 1$ que en este caso coincide con $\mathfrak{R}_0 > 1$.

En el caso de existir un equilibrio endémico, $I_{eq} > 0$ se tiene que $\frac{S_{eq}}{N} = \frac{\gamma}{N\tau} = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$.

Sin embargo, la hipótesis de que todos los individuos están en contacto entre sí es poco realista para redes grandes. Si se considera ahora que cada individuo está en contacto efectivo con sólo un número (promedio) n de individuos, mucho menor que N . En el caso de una red aleatoria de Erdos-Renyi, la variabilidad es pequeña y el coeficiente de agrupamiento casi nulo. En tal caso, se llamará mezcla homogénea débil, se tiene que la tasa de incremento de la población de infectados, por unidad de tiempo es $n_e \tau \frac{S}{N} I$ y la ecuación de campo medio es (n_e es el número esperado de contactos). En una red estática como las que se han considerado en este trabajo, el número esperado de contactos promedio es $n - 1$ pues de los n contactos que en promedio tiene un individuo uno es infectado con seguridad, el contacto que transmitió la infección. Sin embargo en el capítulo 3, se vió que en una red aleatoria con coeficiente de agrupamiento nulo el número esperado de contactos está dado por [45]

$$n_e = (n - 1) + \frac{var}{n}$$

que para una red de Erdos -Renyi resulta $n_e = n$.

$$\frac{dI}{dt} = \left(n\tau \frac{S}{N} - \gamma \right) I \tag{6.1}$$

Pero el parámetro umbral en este caso es $\frac{n\tau}{\gamma}$ que no coincide con el número reproductivo básico $\mathfrak{R}_0 = \frac{n\tau}{\tau + \gamma}$.

En particular se ve que si $\tau > \gamma$ entonces un individuo infectado promedio en una población totalmente susceptible produciría un valor esperado de casos adicionales mayor que el número total de sus contactos, n .

En caso de existir equilibrio endémico, de acuerdo al modelo 6.1, se tiene $\frac{S_{eq}}{N} = \frac{\gamma}{n_e\tau}$. Sin embargo en este caso se espera (y las simulaciones lo confirman) que en la red se verifique $\frac{\langle S_{eq} \rangle}{N} \simeq \frac{1}{\mathfrak{R}_0} = \frac{1}{n\rho}$ (con $\rho = \frac{\tau}{\tau+\gamma}$).

El modelo 6.1 captura muy ajustadamente la evolución del pico epidémico pero falla en predecir los valores de equilibrio. Esto se puede corregir [4] con modificaciones al modelo de campo medio 6.1.

Para ello se utilizará el número reproductivo básico, definido y calculado en el capítulo 3 como parámetro para el modelo de ecuaciones. En primer término, un individuo infectado produce casos adicionales de la infección sólo durante un período de tiempo infeccioso efectivo t_{eff} , que es menor que el período infeccioso medio $\frac{1}{\gamma}$. En efecto el tiempo al cual se produce la última infección entre los contactos de un nodo infectado siempre es menor al tiempo en la que ese nodo se recupera. Se separará el período infeccioso efectivo del período infeccioso medio de la siguiente manera

$$\frac{1}{\gamma} = \frac{1}{\gamma_{eff}} + \frac{1}{g}$$

Donde $t_{eff} = \frac{1}{\gamma_{eff}}$ y $\frac{1}{g}$ es una parte del período infeccioso medio en el cual el individuo no puede contagiar a sus contactos.

Al inicio de la epidemia, se supone una población enteramente susceptible, cada infectado genera en promedio $\frac{\mathfrak{R}_0\tau}{\gamma}$ casos adicionales. A medida que la epidemia avanza, algunos de los contactos de un individuo infectado están también infectados. Se dirá que la fracción de los contactos susceptibles es $\frac{S}{N}$, por lo tanto la cantidad promedio de casos adicionales por infectado es $\frac{\mathfrak{R}_0 S}{N}$, durante un período de tiempo $\frac{1}{\gamma_{eff}}$. Eso significa que la tasa de transmisión, por contacto, por unidad de tiempo es $\gamma_{eff}\mathfrak{R}_0\frac{S}{N}$. La dinámica de la población

infecciosa es, entonces

$$\frac{dI}{dt} = \gamma_{eff} \left(\mathfrak{R}_0 \frac{S}{N} - 1 \right) I$$

Por otra parte, aquellos individuos infectados, luego del tiempo infeccioso efectivo, siguen infectados pero sin posibilidad de contagiar. Se utilizará un nuevo compartimiento, llamado Y que toma en cuenta esos casos. Por último, se agrega una tasa de mortalidad por individuo por unidad de tiempo (independiente de la infección) que se llamará μ . El sistema de ecuaciones diferenciales es

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \gamma_{eff} \mathfrak{R}_0 \frac{S}{N} I - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \gamma_{eff} \mathfrak{R}_0 \frac{S}{N} I - \gamma_{eff} I \\ \frac{dY}{dt} = (\gamma_{eff} - \mu) I - (g + \mu) Y \\ \frac{dR}{dt} = gY - \mu R \end{cases} \quad (6.2)$$

Claramente, el parámetro de umbral de este sistema es \mathfrak{R}_0 y además $\frac{S_{eq}}{N} = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$. Para redes de Erdos-Renyi este modelo de campo medio modificado captura todo el desarrollo de la epidemia.

Sin embargo este modelo no logra representar las epidemias simuladas en las redes *scale-free*, como fue remarcado en [18] y como se ve en las siguientes figuras

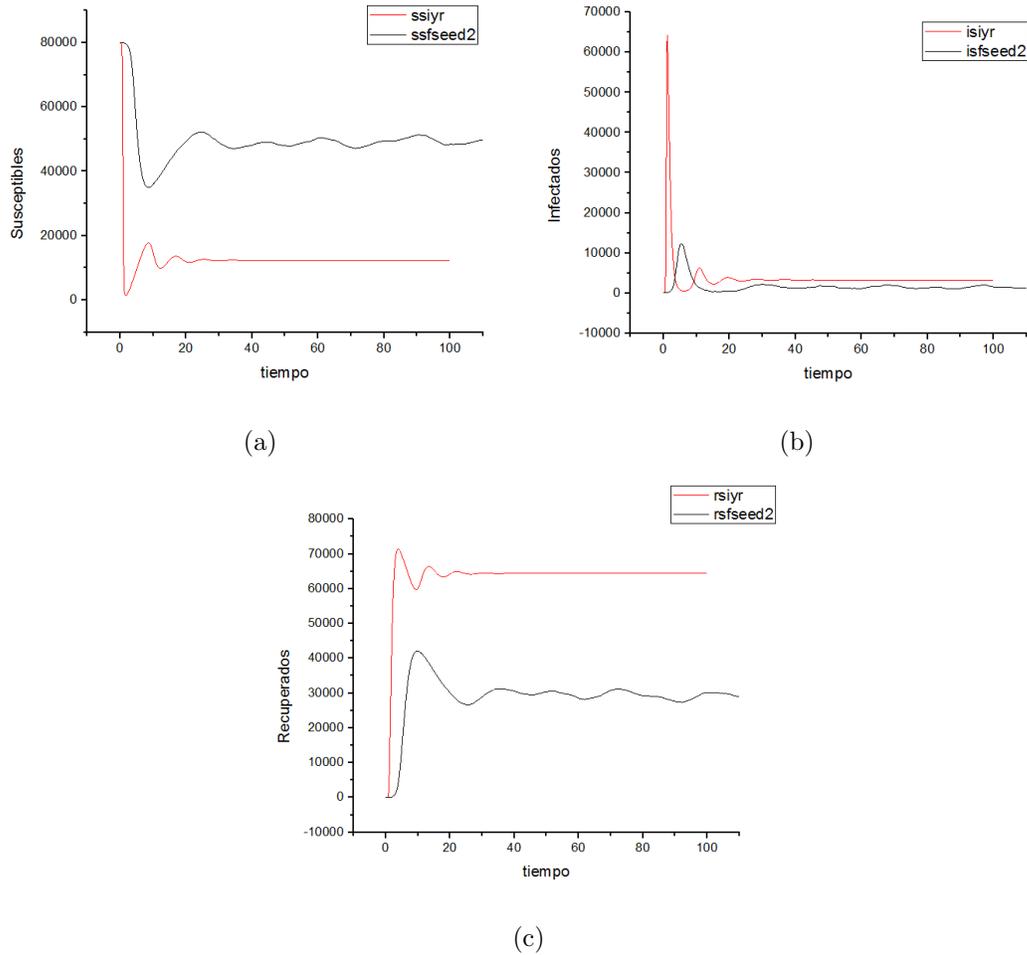


Figura 6.1: a) Susceptibles del sistema 6.2 (rojo) y simulación obtenida de una red SF (negro). b) Infectados del sistema 6.2 (rojo) y simulación obtenida de una red SF (negro). c) Recuperados del sistema 6.2 (rojo) y simulación obtenida de una red SF (negro). Para $\mathfrak{R}_0 = 6,49$ con $n = 8$ y $N = 80000$.

6.1. Modelos de campo medio para redes *Scale-Free*

El modelo simple 6.2 falla completamente en describir epidemias en redes *scale-free*. En lo que sigue se explicará porque ocurre esto y se mostrará como a partir de un análisis

de la estructura de la red puede proponerse un modelo de campo medio que ajuste las epidemias observadas en redes *scale-free*.

A diferencia de las redes de Erdos-Renyi, las redes de Barabasi-Albert (o redes *scale-free* en general) son redes con una estructura compleja y una alta variabilidad en la distribución de grado (producto de la distribución potencial característica de estas redes). En particular el grado medio no es en absoluto representativo de la población. Esto es particularmente claro en el modelo $2G$ en donde no existe ningún nodo con el grado medio (en una red Erdos-Renyi la mayoría de los nodos tienen grado igual al grado medio o cercano al él).

No deja de resultar llamativo que el modelo SIR clásico

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \mu S - n_e \tau I \frac{S}{N} \\ \frac{dI}{dt} = n_e \tau I \frac{S}{N} - (\gamma + \mu) I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \end{cases} \quad (6.3)$$

describa las epidemias únicas (con $\mu = 0$) con gran precisión, contra lo que se espera, si se considera $n_e = n$, o sea n_e es el grado medio (n), sin tener en cuenta la varianza de la distribución. Sin embargo, al igual que en el caso de las redes de Erdos-Renyi, este modelo falla en reproducir los valores de equilibrio endémico.

En lo que sigue se consideran redes $2G$ como modelos de redes complejas con alta variabilidad en la distribución de grado y se propondrá un modelo de campo medio para las redes $2G$.

6.1.1. Dinámica en redes 2G

Epidemias únicas y modelado de la transmisión

Primero se considera el caso en donde no hay dinámica vital, o sea no se consideran nacimientos (ni muertes) y por lo tanto, no puede existir equilibrio endémico y las epidemias son únicas, en el sentido que, luego de la misma, la población infectada se extingue. Bajo la hipótesis simple de que los contactos de cada individuo se reparten al azar, y por lo tanto la probabilidad de que un contacto sea con un nodo de la población N_i ($i=1,2$) es $\frac{N_i}{N}$, un modelo de campo medio que describe la estructura de la red como se puede ver en [46] es

$$\begin{cases} \frac{dS_i}{dt} = -FS_i \\ \frac{dI_i}{dt} = FS_i - \gamma I_i \\ \frac{dR_i}{dt} = \gamma I_i \end{cases} \quad (6.4)$$

donde $F = \tau \left(\frac{n_1 I_1 + n_2 I_2}{N} \right)$ es la fuerza de infección y resulta independiente de la población. Se consideran dos casos diferente de transmisibilidad ($\rho = 0,2$ y $\rho = 0,4$) y se toman los siguientes valores $n_1 = 7$, $N_1 = 9800$, $n_2 = 57$, $N_2 = 200$, de tal forma que el grado medio es 8 (el mismo valor se utilizó en todas las redes consideradas) y la varianza 49 similar a las redes BA utilizadas. Además la evolución del número de nodos infectados resulta muy similar en la red BA y la $2G$.

Sin embargo, para baja transmisibilidad se observa que la estructura de la red juega un papel importante, con evolución de las epidemias significativamente distintas en redes BA o $2G$ respecto de la observada en redes ER como se ve a continuación

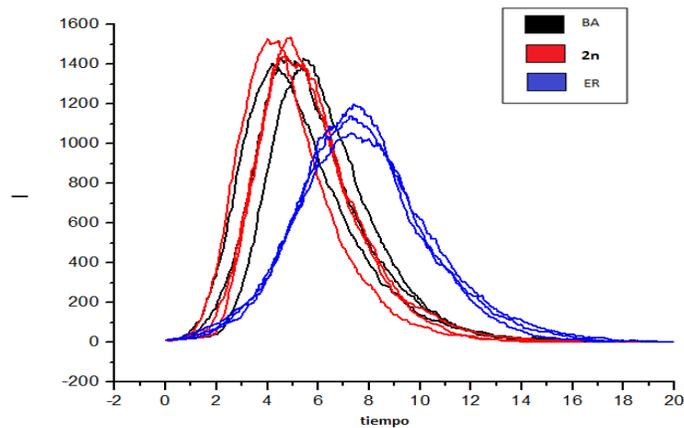


Figura 6.2: Dinámica de infección en distintas redes. La evolución del número total de nodos infectados es muy similar en redes BA y la red aleatoria con dos grados. Sin embargo, ambas son claramente distintas a la observada en una red ER . En este caso se considera una baja transmisión por contacto ($\rho = 0,2$).

Para alta transmisibilidad ($\rho = 0,4$) la dinámica resultó prácticamente independiente de la estructura de la red como se observa en la siguiente figura:

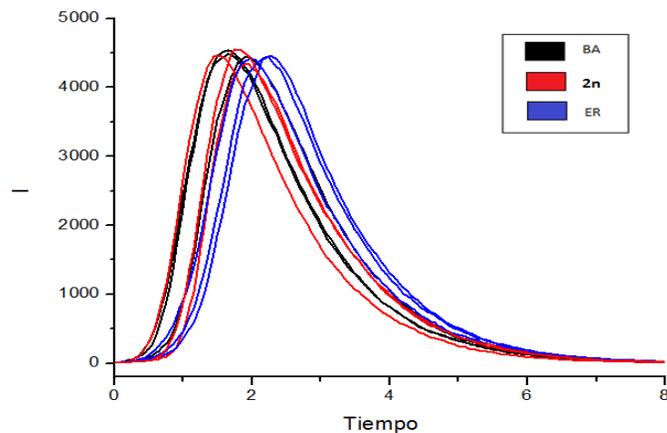


Figura 6.3: Para alta transmisibilidad ($\rho = 0,4$) la dinámica de infección es prácticamente independiente de la estructura de las redes consideradas.

Luego se realizan los siguientes gráficos que muestran tres realizaciones obtenidas con la red aleatoria $2G$ y las soluciones de (6.4) para el caso de baja transmisibilidad ($\rho = 0,2$) y para el caso de alta transmisibilidad ($\rho = 0,4$).

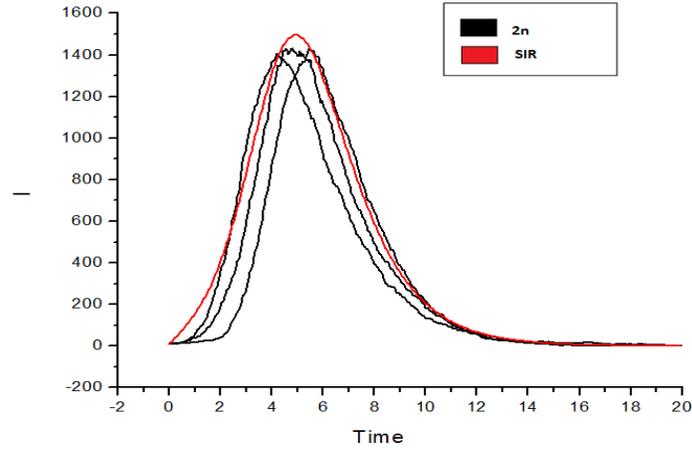


Figura 6.4: Simulaciones de la red aleatoria $2G$ (negro) y una solución de (6.4) (rojo) para el caso de baja transmisibilidad ($\rho = 0,2$).

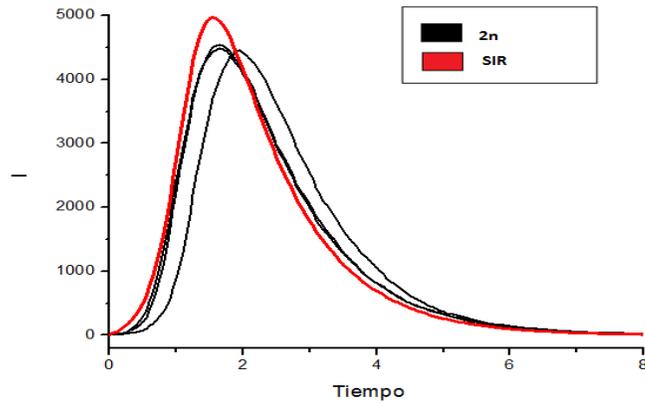


Figura 6.5: Simulaciones de la red aleatoria $2G$ y una solución de (6.4) (rojo) para el caso de alta transmisibilidad ($\rho = 0,4$).

Sin embargo en todos los casos la aproximación de campo medio (6.4) capturó tanto el pico de la epidemia como la duración de la misma. Aquí es importante destacar que se consideró que los infectados iniciales eran todos pertenecientes a la población de mayor grado.

Para el modelo (6.4) se calculó el número reproductivo básico utilizando el método de la matriz de próxima generación [12].

El resultado es un promedio pesado de los números reproductivos básicos de cada población aislada,

$$\mathfrak{R}_0 = \left(n_1 \frac{N_1}{N} + n_2 \frac{N_2}{N} \right) \frac{\tau}{\gamma} = n \frac{\tau}{\gamma}$$

Por lo tanto, resulta igual al número reproductivo básico de un modelo para una población homogénea con grado igual al grado medio n .

Sin embargo, en las redes $2G$ que se han construido no se cumple que la probabilidad de conexión con nodos de la población i sea proporcional a dicha población.

Para comprender aspectos de la dinámica es útil considerar la evolución de los nodos infectados I_1 e I_2 , en las poblaciones N_1 y N_2 respectivamente. En la siguiente figura se ve que durante la fase epidémica la infección de nodos con gran grado está sobrerrepresentada. O sea, la proporción de nodos de la población N_2 sobre el total de infectados, $\frac{I_2}{I}$ es muy superior a lo que debería esperarse de acuerdo a la representación de estos nodos en la población total ($\frac{N_2}{N}$).

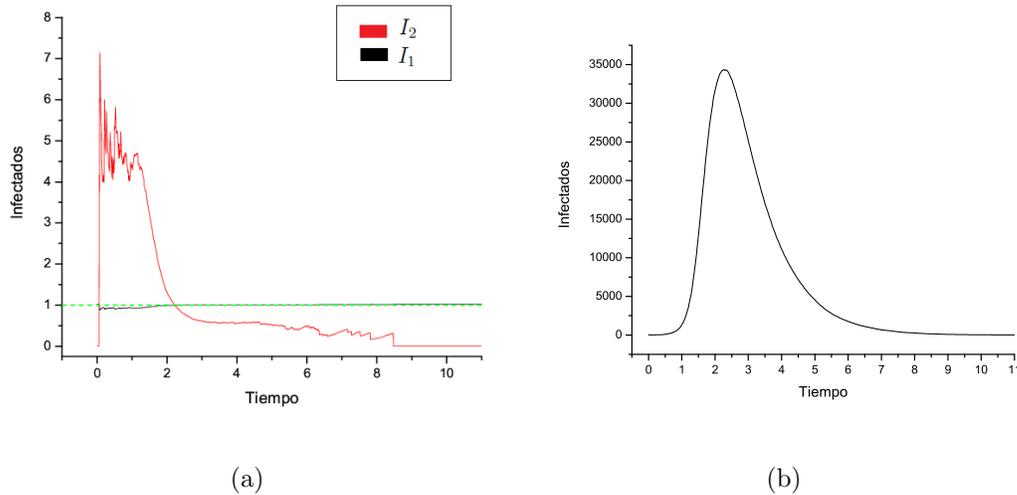


Figura 6.6: a) Contribución relativa de los nodos infectados I_1 e I_2 , en las poblaciones N_1 y N_2 respectivamente, en una red 2G. b) Evolución de los casos totales $I = I_1 + I_2$. $n = 8$, $N = 80000$, $n_1 = 7$, $n_2 = 57$, $N_1 = 78400$, $N_2 = 1600$, $\rho = 0,4$.

En la figura 6.6 a) se muestra la contribución relativa de cada población de nodos infectados: $\frac{I_i/I}{N_i/N}$, es decir, como I_1 esta cerca de 1 no esta contribuyendo mucho en la población al inicio de la epidemia, en cambio I_2 esta contribuyendo casi 7 veces en la población al inicio de la epidemia, estos son los nodos de alta conectividad. La infección progresa mas rápidamente en la población de nodos con alta conectividad para luego prácticamente extinguirse cuando la epidemia alcanza su pico. Por lo anterior no todos los contactos se reparten al azar como se asumió en el comienzo. Por eso cuando se utiliza el algoritmo para la creación de las redes 2G (ver capítulo 5) se asigna al azar cada uno de los n_2 contactos de los nodos de alta conectividad N_2 . Por lo tanto, la probabilidad que un nodo de N_2 esté en contacto con un nodo de la población N_1 es $p_{21} = \frac{N_1}{N}$, mientras que la probabilidad de contacto con nodos de la población N_2 es $p_{22} = \frac{N_2}{N}$.

El resto de los contactos se reparte solo entre los nodos de la población N_1 ya que todos los contactos de los nodos en N_2 ya quedaron asignados.

Del total de contactos de la población N_2 , n_2N_2 , la proporción $\frac{N_1}{N}$ es con nodos de la población N_1 . Entonces, del total de contactos de la población N_1 , n_1N_1 , la cantidad $n_2N_2\frac{N_1}{N}$ es con nodos de N_2 . Por lo tanto la probabilidad de que un nodo en N_1 esté en contacto con un nodo de N_1 es

$$p_{11} = \frac{n_1N_1 - n_2N_2(N_1/N)}{n_1N_1} = 1 - \frac{n_2N_2}{n_1N}$$

y la probabilidad de que un nodo de N_1 esté en contacto con un nodo de la población N_2 se obtiene como $p_{12} = 1 - p_{11}$. En resumen, la matriz de probabilidades de que un nodo de la población i esté en contacto con un nodo de la población j es:

$$\begin{aligned} p_{12} &= \frac{n_2N_2}{n_1N_1} \frac{N_1}{N} = \frac{n_2N_2}{n_1N} \\ p_{11} &= 1 - p_{12} = 1 - \frac{n_2N_2}{n_1N} \\ p_{21} &= \frac{N_1}{N} \\ p_{22} &= \frac{N_2}{N} \end{aligned}$$

La transmisión se modela como se describe a continuación:

Un nodo infectado de la población N_1 produce \mathfrak{R}_{01} infecciones durante todo su período infeccioso cuando todos los nodos son susceptibles.

Durante el curso de la epidemia el número de infecciones se verá disminuido por las correspondientes fracciones susceptibles de las poblaciones.

Así, un nodo infectado en N_1 tiene probabilidad p_{11} de estar en contacto con otro nodo de N_1 , y durante un período (efectivo) $\frac{1}{\gamma_{eff}}$ producirá (en promedio)

$$\gamma_{eff} p_{11} \mathfrak{R}_{01} \frac{S_1}{N_1}$$

infecciones en la población N_1 y

$$\gamma_{eff} p_{12} \mathfrak{R}_{01} \frac{S_2}{N_2}$$

infecciones en la población N_2 . Análogamente se obtiene la tasa de transmisión de nodos infectados de la población N_2 .

Finalmente un modelo de campo medio, incluyendo dinámica vital, es

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS_1}{dt} = \mu N_1 - (\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{11} I_1 + \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{21} I_2) \frac{S_1}{N_1} - \mu S_1 \\ \frac{dI_1}{dt} = (\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{11} I_1 + \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{21} I_2) \frac{S_1}{N_1} - \gamma_{eff} I_1 \\ \frac{dY_1}{dt} = (\gamma_{eff} - \mu) I_1 - (g_1 + \mu) Y_1 \\ \frac{dR_1}{dt} = g_1 Y_1 - \mu R_1 \\ \frac{dS_2}{dt} = \mu N_2 - (\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{12} I_1 + \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{22} I_2) \frac{S_2}{N_2} - \mu S_2 \\ \frac{dI_2}{dt} = (\gamma_{eff} p_{12} \mathfrak{R}_{01} I_1 + \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{22} I_2) \frac{S_2}{N_2} - \gamma_{eff} I_2 \\ \frac{dY_2}{dt} = (\gamma_{eff} - \mu) I_2 - (g_2 + \mu) Y_2 \\ \frac{dR_2}{dt} = g_2 Y_2 - \mu R_2 \end{array} \right. \quad (6.5)$$

6.1.2. Epidemias únicas

Un modelo simple para epidemias únicas como en [46], pero teniendo en cuenta estructura de la conectividad de las redes 2G es:

$$\begin{aligned}\frac{dS_1}{dt} &= -\mathcal{F}_1 S_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \mathcal{F}_1 S_1 - \gamma I_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= \gamma I_1 \\ \frac{dS_2}{dt} &= -\mathcal{F}_2 S_2 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \mathcal{F}_2 S_2 - \gamma I_2 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \gamma I_2\end{aligned}\tag{6.6}$$

donde \mathcal{F} es la fuerza de infección en cada caso,

$$\begin{aligned}\mathcal{F}_1 &= \frac{(n_{p1}p_{11}I_1 + n_{p2}p_{21}I_2)\tau}{N_1} \\ \mathcal{F}_2 &= \frac{(n_{p1}p_{12}I_1 + n_{p2}p_{22}I_2)\tau}{N_2}\end{aligned}$$

Donde n_{pi} es el número promedio de contactos efectivos que tiene un nodo en la población N_i . Éste número está entre n_i , el grado del nodo, y $n_i - 1$, si se considera que de los n_i contactos uno está infectado con seguridad (el nodo del cual se transmitió la infección).

Se consideran dos casos diferente de transmisibilidad ($\rho = 0,2$ y $\rho = 0,4$) y se vuelven a tomar los siguientes valores $n_1 = 7$, $N_1 = 9800$, $n_2 = 57$, $N_2 = 200$, de tal forma que el grado medio es 8 (el mismo valor se utilizó en todas las redes consideradas) y la varianza 49 similar a las redes BA utilizadas. Se realizan los siguientes gráficos que muestran tres realizaciones obtenidas con la red aleatoria $2G$ y las soluciones de (6.6) para el caso de baja transmisibilidad ($\rho = 0,2$) y para el caso de alta transmisibilidad ($\rho = 0,4$).

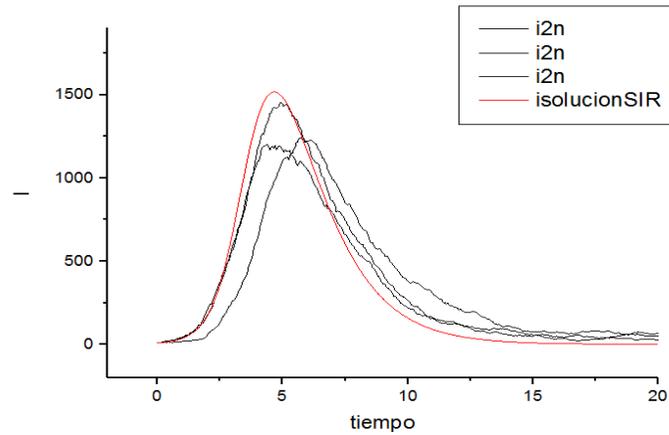


Figura 6.7: Simulaciones de la red aleatoria $2G$ (negro) y una solución de (6.6) (rojo) para el caso de baja transmisibilidad ($\rho = 0,2$).

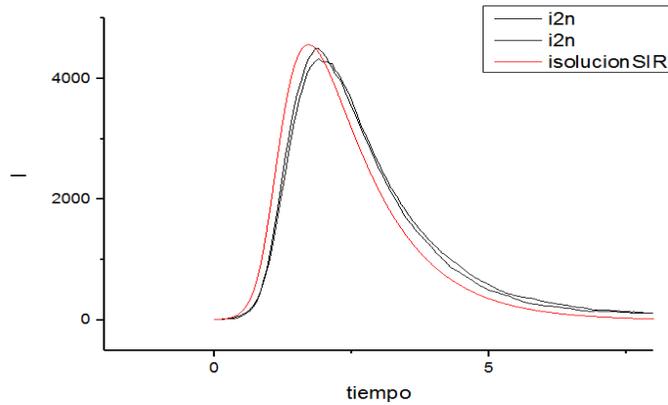


Figura 6.8: Simulaciones de la red aleatoria $2G$ y una solución de (6.6) (rojo) para el caso de alta transmisibilidad ($\rho = 0,4$).

Se observa en todos los casos la aproximación de campo medio (6.6) capturó tanto el pico de la epidemia como la duración de la misma. Aquí es importante destacar que se consideró que los infectados iniciales eran todos pertenecientes a la población de mayor

grado.

Luego, utilizando una red 2G se computaron los resultados de 50 realizaciones para el valor máximo de la población infectada (pico), el tiempo al que ocurre (t_p) y el tamaño final de la epidemia (TE es número total de infectados en el curso de la epidemia), para distintos valores de ρ . Los resultados se muestran en la siguiente tabla

ρ	pico	t_p	TE
0.2	10540± 40	6.57± 0.08	0.61±0.001
0.3	23331	3.511	0.88
0.4	35076.82	2.2454	0.96671
0.5	44898.94	1.4978	0.99184

Cuadro 6.1: Promedios de 50 realizaciones. Para $n = 8$ con $n_1=7$, $n_2=57$, $N_1=78400$, $N_2=1600$. TE tamaño de la epidemia.

Tanto el modelo 6.6 como el modelo 6.5 reproducen las observaciones con muy buena aproximación cómo se observa en las tablas 6.2, 6.3, 6.4, 6.5.

ρ	pico	t_p	TE
0.2	9808	8.10	0.54
0.3	23074	4.15	0.783
0.4	36026	2.63	0.896
0.5	47294	1.79	0.948

Cuadro 6.2: Modelo 6.5, $R_{0i} = (n_i - 1)\rho$. Para $n = 8$ con $n_1=7$, $n_2=57$, $N_1=78400$, $N_2=1600$. TE tamaño de la epidemia.

ρ	pico	t_p	TE
0.2	12369	6.94	0.616
0.3	26548	3.71	0.839
0.4	39872	2.38	0.93
0.5	50909	1.62	0.967

Cuadro 6.3: Modelo 6.5, $R_{0i} = n_i\rho$. Para $n = 8$ con $n_1=7$, $n_2=57$, $N_1=78400$, $N_2=1600$.
TE tamaño de la epidemia.

ρ	pico	t_p	TE
0.2	12030	5.96	0.683
0.3	25033	3.22	0.915
0.4	36125	2.05	0.982
0.5	45295	1.37	0.997

Cuadro 6.4: Modelo 6.6, $n_{pi} = n_i - 1$. Para $n = 8$ con $n_1=7$, $n_2=57$, $N_1=78400$, $N_2=1600$.
 TE tamaño de la epidemia.

ρ	pico	t_p	TE
0.2	14332	5.29	0.752
0.3	27853	2.91	0.943
0.4	38833	1.85	0.99
0.5	47664	1.24	0.999

Cuadro 6.5: Modelo 6.6, $n_{pi} = n_i$. Para $n = 8$ con $n_1=7$, $n_2=57$, $N_1=78400$, $N_2=1600$.
 TE tamaño de la epidemia.

Dinámica vital y equilibrio endémico

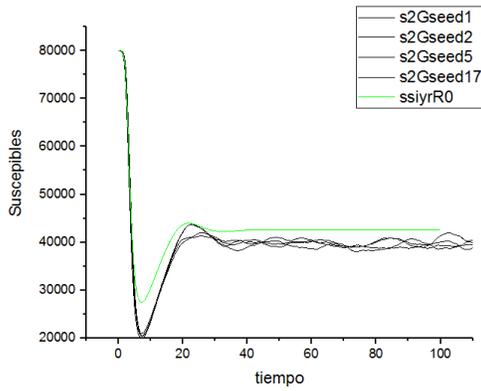
El modelo de campo medio propuesto 6.5 no solo captura adecuadamente los transientes si no también los valores de equilibrio endémico.

En las siguientes figuras se muestra la comparación de las epidemias obtenidas con una red 2G y soluciones del sistema 6.5.

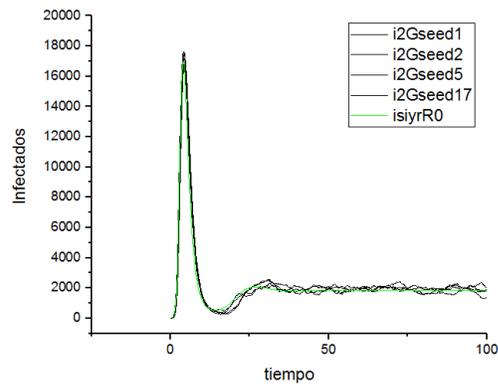
Para el caso de una red de $N = 80000$ nodos con grado medio $n = 8$ con $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$ y $\rho = 0,25$. Teniendo en cuenta los siguientes parámetros

$$\mathfrak{R}_{01} = \frac{(n_1-1)\tau}{\gamma+\tau}, \mathfrak{R}_{02} = \frac{(n_2-1)\tau}{\gamma+\tau}, \gamma = 1, \gamma_1 = 1, \gamma_2 = 1, \rho = 0,2, \tau_1 = \frac{\rho\gamma}{(1,0-\rho)}, \gamma_{eff} = \gamma + \tau_1,$$

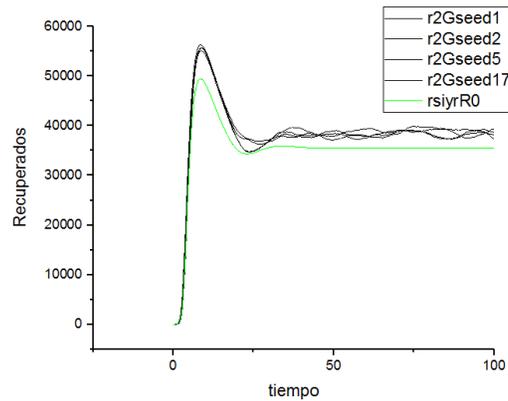
$$g_1 = \frac{\gamma_1\gamma_{eff}f_1}{\gamma_{eff}f_1 - \gamma_1}, g_2 = \frac{\gamma_2\gamma_{eff}f_2}{\gamma_{eff}f_2 - \gamma_2} \text{ se obtiene}$$



(a)



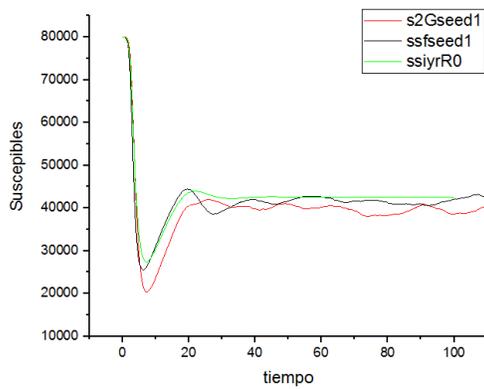
(b)



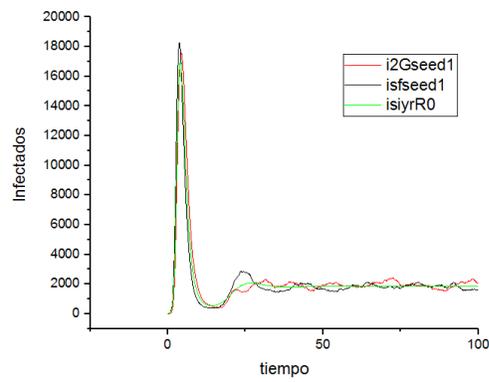
(c)

Figura 6.9: a) Susceptibles del sistema 6.5 (verde) y simulaciones de $2G$ (negro). b) Infectados del sistema 6.5 (verde) y simulaciones de $2G$ (negro). c) Recuperados del sistema 6.5 (verde) y simulaciones de $2G$ (negro). Para $n = 8$ con $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$, $\rho = 0,25$ y $N = 80000$.

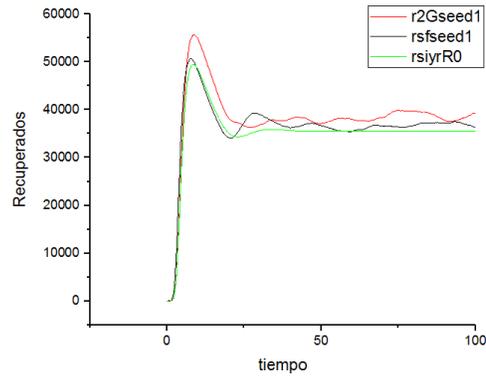
En la siguiente figura se compara una solución del sistema (6.5) con simulaciones de la red creada “ $2G$ ” y una red Scale-Free se obtiene para $N = 80000$:



(a)



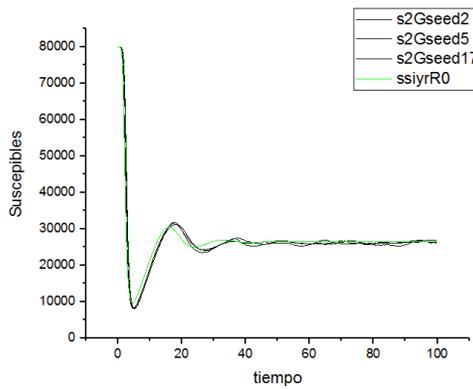
(b)



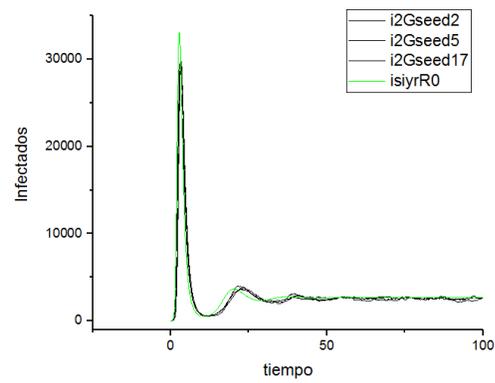
(c)

Figura 6.10: a) Susceptibles del sistema 6.5 (verde), de una red $2G$ (rojo) y de una red SF (negro). b) Infectados del sistema 6.5 (verde), de una red $2G$ (rojo) y de una red SF (negro). c) Recuperados del sistema 6.5 (verde), de una red $2G$ (rojo) y de una red SF (negro). Para $n = 8$ con $N_1 = 79801$, $n_1 = 8$, $N_2 = 199$, $n_2 = 176$, $\rho = 0,25$ y $N = 80000$.

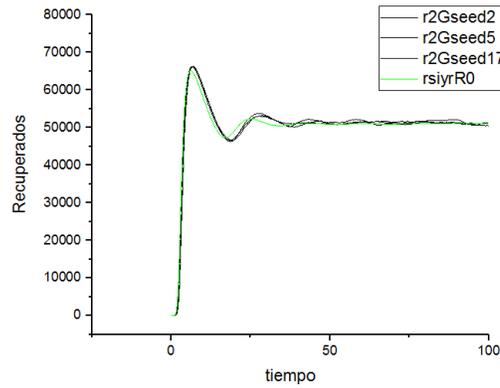
Para $N = 80000$ con $n = 16$ con $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$ y $n_2 = 217$ y $\rho = 0,2$



(a)



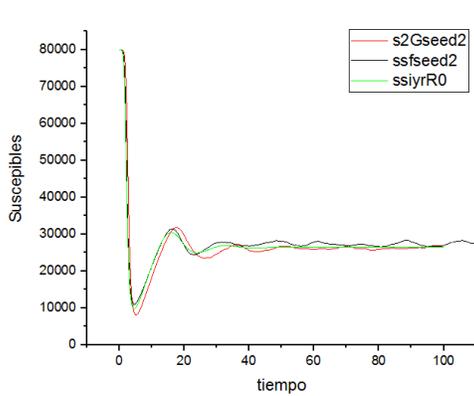
(b)



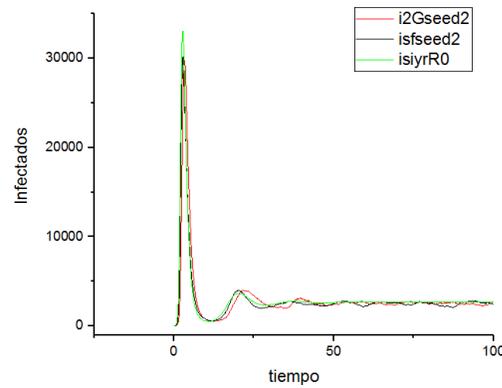
(c)

Figura 6.11: a) Susceptibles del sistema 6.5 (verde) y simulaciones de $2G$ (negro). b) Infectados del sistema 6.5 (verde) y simulaciones de $2G$ (negro). c) Recuperados del sistema 6.5 (verde) y simulaciones de $2G$ (negro). Para $n = 16$ con $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$, $n_2 = 217$, $\rho = 0,2$ y $N = 80000$.

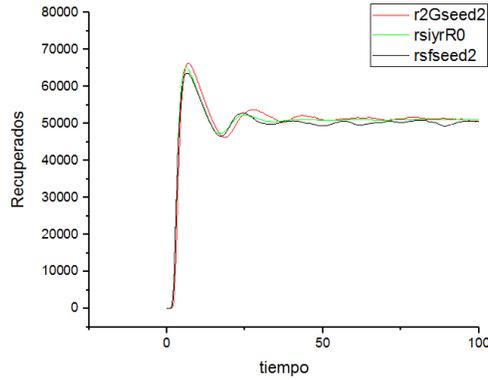
En la siguiente figura se comparan las soluciones del sistema (6.5) con simulaciones de la red creada “ $2G$ ” y una red Scale-Free se obtiene para $N = 80000$:



(a)



(b)



(c)

Figura 6.12: a) Susceptibles del sistema 6.5 (verde), de una red $2G$ (rojo) y de una red SF (negro). b) Infectados del sistema 6.5 (verde), de una red $2G$ (rojo) y de una red SF (negro). c) Recuperados del sistema 6.5 (verde), de una red $2G$ (rojo) y de una red SF (negro). Para $n = 16$ con $N_1 = 79703$, $n_1 = 15$, $N_2 = 297$, $n_2 = 217$, $\rho = 0,2$ y $N = 80000$.

Finalmente, lo que se realizó aquí es proponer una extensión del modelo de campo medio desarrollado en Aparicio y Pascual [4] y se puede observar que se obtienen excelentes acuerdos entre las epidemias simuladas en las redes con dos grados ($2G$), las libres de escalas o *scale-free* (BA) y las obtenidas con el modelos de campo medio (6.5).

6.2. Cálculo de \mathfrak{R}_0 para el modelo de campo medio

Se calculará \mathfrak{R}_0 del sistema(6.5) con la matriz de próxima generación [54] como se muestra a continuación:

Primero se escriben los vectores de aporte y disminución de las clases infectadas

$$\mathcal{F} = \begin{bmatrix} \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{01}p_{11}I_1\frac{S_1}{N_1} + \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{02}p_{21}I_2\frac{S_1}{N_1} \\ (\gamma_{eff} - \mu)I_1 \\ \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{01}p_{12}I_1\frac{S_2}{N_2} + \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{02}p_{22}I_2\frac{S_2}{N_2} \\ (\gamma_{eff} - \mu)I_2 \end{bmatrix}$$

$$\mathcal{V} = \begin{bmatrix} \gamma_{eff}I_1 \\ (g_1 + \mu)Y_1 \\ \gamma_{eff}I_2 \\ (g_2 + \mu)Y_2 \end{bmatrix}$$

El primer vector se compone de los términos que suman individuos a las clases infectadas. El segundo contiene los términos que restan individuos a las clases infectadas. Los compartimientos infectados son I_1, Y_1, I_2, Y_2 entonces para el sistema(6.5) se define el equilibrio libre de la enfermedad (DFE) como

$$x_0 = (I_1^0, Y_1^0, I_2^0, Y_2^0, S_1^0, S_2^0, R_1^0, R_2^0) = (0, 0, 0, 0, S_1^0, S_2^0, R_1^0, R_2^0)$$

Del sistema (6.5) se obtienen las siguientes igualdades

$$\mu N_1 - \mu S_1 = 0 \implies S_1^0 = N_1$$

$$\mu N_2 - \mu S_2 = 0 \implies S_2^0 = N_2$$

$$R_1^0 = 0$$

$$R_2^0 = 0$$

entonces DFE es

$$x_0 = (0, 0, 0, 0, N_1, N_2, 0, 0)$$

Se derivan los vectores \mathcal{F} y \mathcal{V} con respecto a los compartimiento infectados I_1, Y_1, I_2, Y_2 y luego se evalúa en x_0

$$\begin{aligned}
 F|_{x_0} &= \frac{\partial \mathcal{F}}{\partial(I_1, Y_1, I_2, Y_2)} = \left[\begin{array}{cccc} \frac{\partial I_1}{\partial I_1} & \frac{\partial I_1}{\partial Y_1} & \frac{\partial I_1}{\partial I_2} & \frac{\partial I_1}{\partial Y_2} \\ \frac{\partial Y_1}{\partial I_1} & \frac{\partial Y_1}{\partial Y_1} & \frac{\partial Y_1}{\partial I_2} & \frac{\partial Y_1}{\partial Y_2} \\ \frac{\partial I_2}{\partial I_1} & \frac{\partial I_2}{\partial Y_1} & \frac{\partial I_2}{\partial I_2} & \frac{\partial I_2}{\partial Y_2} \\ \frac{\partial Y_2}{\partial I_1} & \frac{\partial Y_2}{\partial Y_1} & \frac{\partial Y_2}{\partial I_2} & \frac{\partial Y_2}{\partial Y_2} \end{array} \right] \Bigg|_{x_0} = \left[\begin{array}{cccc} \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{11} S_1}{N_1} & 0 & \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{21} S_1}{N_1} & 0 \\ \gamma_{eff} - \mu & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{12} S_2}{N_2} & 0 & \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{22} S_2}{N_2} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_{eff} - \mu & 0 \end{array} \right] \Bigg|_{x_0} = \\
 &= \left[\begin{array}{cccc} \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{11} N_1}{N_1} & 0 & \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{21} N_1}{N_1} & 0 \\ \gamma_{eff} - \mu & 0 & 0 & 0 \\ \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{12} N_2}{N_2} & 0 & \frac{\gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{22} N_2}{N_2} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_{eff} - \mu & 0 \end{array} \right] = \left[\begin{array}{cccc} \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{11} & 0 & \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{21} & 0 \\ \gamma_{eff} - \mu & 0 & 0 & 0 \\ \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{01} p_{12} & 0 & \gamma_{eff} \mathfrak{R}_{02} p_{22} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_{eff} - \mu & 0 \end{array} \right]
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 V|_{x_0} &= \frac{\partial \mathcal{V}}{\partial(I_1, Y_1, I_2, Y_2)} = \left[\begin{array}{cccc} \frac{\partial I_1}{\partial I_1} & \frac{\partial I_1}{\partial Y_1} & \frac{\partial I_1}{\partial I_2} & \frac{\partial I_1}{\partial Y_2} \\ \frac{\partial Y_1}{\partial I_1} & \frac{\partial Y_1}{\partial Y_1} & \frac{\partial Y_1}{\partial I_2} & \frac{\partial Y_1}{\partial Y_2} \\ \frac{\partial I_2}{\partial I_1} & \frac{\partial I_2}{\partial Y_1} & \frac{\partial I_2}{\partial I_2} & \frac{\partial I_2}{\partial Y_2} \\ \frac{\partial Y_2}{\partial I_1} & \frac{\partial Y_2}{\partial Y_1} & \frac{\partial Y_2}{\partial I_2} & \frac{\partial Y_2}{\partial Y_2} \end{array} \right] \Bigg|_{x_0} = \left[\begin{array}{cccc} \gamma_{eff} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & g_1 + \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_{eff} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & g_2 + \mu \end{array} \right]
 \end{aligned}$$

Luego se calcula V^{-1}

$$V^{-1} = \left[\begin{array}{cccc} \frac{1}{\gamma_{eff}} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{g_1 + \mu} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\gamma_{eff}} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{g_2 + \mu} \end{array} \right]$$

Se multiplica las matrices F y V^{-1}

$$FV^{-1} = \begin{bmatrix} \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{01}p_{11} & 0 & \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{02}p_{21} & 0 \\ \gamma_{eff} - \mu & 0 & 0 & 0 \\ \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{01}p_{12} & 0 & \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{02}p_{22} & 0 \\ 0 & 0 & \gamma_{eff} - \mu & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \frac{1}{\gamma_{eff}} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{1}{g_1+\mu} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \frac{1}{\gamma_{eff}} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \frac{1}{g_2+\mu} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \mathfrak{R}_{01}p_{11} & 0 & \mathfrak{R}_{02}p_{21} & 0 \\ \frac{\gamma_{eff}-\mu}{\gamma_{eff}} & 0 & 0 & 0 \\ \mathfrak{R}_{01}p_{12} & 0 & \mathfrak{R}_{02}p_{22} & 0 \\ 0 & 0 & \frac{\gamma_{eff}-\mu}{\gamma_{eff}} & 0 \end{bmatrix}$$

Se calculan los autovalores y se obtiene

$$\lambda_{1,2,3,4} = \left(0, 0, \frac{1}{2}\mathfrak{R}_{01}p_{11} + \frac{1}{2}\mathfrak{R}_{02}p_{22} \pm \frac{1}{2}\sqrt{\mathfrak{R}_{01}^2p_{11}^2 - 2\mathfrak{R}_{01}p_{11}\mathfrak{R}_{02}p_{22} + \mathfrak{R}_{02}^2p_{22}^2 + 4\mathfrak{R}_{01}p_{12}\mathfrak{R}_{02}p_{21}} \right)$$

Por último se calcula el radio espectral, es decir, el máximo de los autovalores de la matriz de próxima generación

$$\begin{aligned}
 \mathfrak{R}_0^{calculado} &= \rho(FV^{-1}) = |\text{máx}(\lambda_i)| = \\
 &= \frac{1}{2}\mathfrak{R}_{01}p_{11} + \frac{1}{2}\mathfrak{R}_{02}p_{22} + \frac{1}{2}\sqrt{\mathfrak{R}_{01}^2p_{11}^2 - 2\mathfrak{R}_{01}p_{11}\mathfrak{R}_{02}p_{22} + \mathfrak{R}_{02}^2p_{22}^2 + 4\mathfrak{R}_{01}p_{12}\mathfrak{R}_{02}p_{21}}
 \end{aligned}$$

El modelo de campo medio para la red con dos grados, siguiendo la línea de los modelos estándar de acción de masas, captura bien la dinámica. Sin embargo, es sabido que el número reproductivo básico obtenido de modelos como el (6.5) no siempre se corresponde con los obtenidos considerando la estructura de la red como se puede ver en [27].

Del sistema 6.5 se obtiene lo siguiente

Cerca de $t = 0$ se tiene $I(0) = I_1(0) + I_2(0) = 1$ entonces $I_1(0) = 1$ y $I_2(0) = 0$ o $I_1(0) = 0$ y $I_2(0) = 1$ y $S(0) = S_1(0) + S_2(0) = N$ entonces $S_1(0) = N_1$ y $S_2(0) = N_2$

Como se quiere $\frac{dI}{dt} > 0$ se toma $I_1(0) = 1$ y $I_2(0) = 0$ de tal manera que

$$\frac{dI_1}{dt} > 0 \implies \gamma_{eff}\mathfrak{R}_{01}p_{11} - \gamma_{eff} - \gamma_{eff} > 0 \text{ y } \frac{dI_2}{dt} > 0 \implies \gamma_{eff}p_{12}\mathfrak{R}_{01} > 0$$

Por lo tanto

$\frac{dI}{dt} = \frac{dI_1}{dt} + \frac{dI_2}{dt} > 0$ si $\gamma_{eff}\mathfrak{R}_{01}p_{11} - 2\gamma_{eff} + \gamma_{eff}p_{12}\mathfrak{R}_{01} > 0$ lo que implica que si $\mathfrak{R}_{01}(p_{11} + p_{12}) > 2$ se tiene epidemia en caso contrario no existe la epidemia.

6.3. Simulaciones para $\mathfrak{R}_0^{calculado}$, las redes $2G$ y SF

Se han simulado la estructura de contactos (para redes $2G$ y SF) y la dinámica de contagio con distintas tasas ρ . Como se puede ver en las siguientes figuras donde se gráfica $\mathfrak{R}_0^{calculado}(\rho)$ o \mathfrak{R}_0 empírico y se compara con \mathfrak{R}_0 empírico $2G$ y \mathfrak{R}_0 empírico SF que se obtuvieron en el capítulo 5 para $N = 80000$ y para las distintas simulaciones se cumplen las 4 ecuaciones:

1. $N = N_1 + N_2$
2. $n = \frac{n_1N_1 + n_2N_2}{N}$
3. $var = \frac{N_1}{N}(n_1 - n)^2 + \frac{N_2}{N}(n_2 - n)^2$ tal que se cumple $var_{2G} \approx var_{SF}$
4. $asimetria = \frac{N_1}{N}(n_1 - n)^3 + \frac{N_2}{N}(n_2 - n)^3$ tal que se cumple $asimetria_{2G} \approx asimetria_{SF}$

Para $N = 80000$ con $n = 8$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79740$, $n_1 = 7$, $N_2 = 260$ y $n_2 = 154$, $seed = 1$ y $\mathfrak{R}_0^{red} = (n - 1)\rho + \frac{VAR\rho}{n}$

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	\mathfrak{R}_0 calculado	\mathfrak{R}_0 empírico 2G	\mathfrak{R}_0 empírico SF	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	1,12	1,72	1,54	1,56	1,57
0,2	0,17	1,88	3,05	3,48	2,63	2,64
0,25	0,20	2,25	3,26	3,65	3,16	3,17
0,3	0,23	2,60	3,97	3,75	3,64	3,66
0,4	0,29	3,22	4,98	4,27	4,51	4,53
0,5	0,33	3,75	5,27	5,66	5,26	5,29
0,6	0,38	4,22	6,43	6,68	5,92	5,95
0,7	0,41	4,64	6,93	6,63	6,50	6,53
0,8	0,44	5,00	7,46	7,56	7,02	7,05
0,9	0,47	5,33	7,57	7,89	7,48	7,51
1	0,50	5,63	8,02	8,30	7,89	7,93

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
70,27	70,90	10113,44	11692

Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{calculado}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 8$

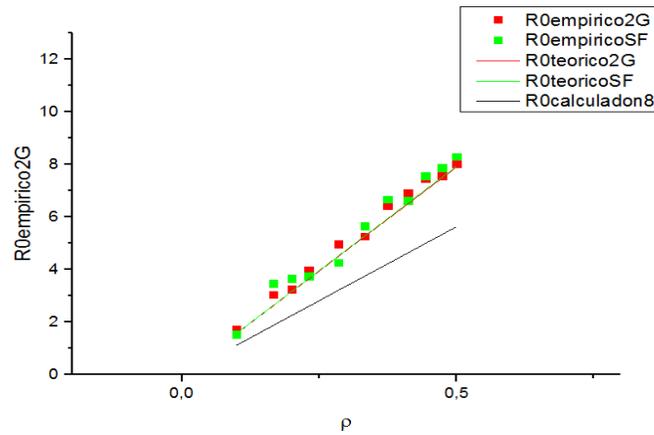


Figura 6.13: Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{calculado}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 8$

Como se puede observar, el $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ para $N = 80000$ con $n = 8$ no se está ajustando de un modo aceptable a la simulación.

Otra simulación para el grado medio $n = 8$ se tomaron los siguientes valores $N_1 = 79775$, $n_1 = 7, N_2 = 225, n_2 = 166$

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	\mathfrak{R}_0 calculado	\mathfrak{R}_0 empírico 2G	\mathfrak{R}_0 empírico SF	$\mathfrak{R}_0^{\text{red}}$ para 2G	$\mathfrak{R}_0^{\text{red}}$ para SF
0,11	0,10	1,12	1,69	1,79	1,58	1,58
0,2	0,17	1,86	3,02	2,90	2,65	2,65
0,25	0,20	2,26	3,41	3,69	3,18	3,18
0,3	0,23	2,61	4,05	3,79	3,67	3,67
0,4	0,29	3,23	4,94	5,17	4,54	4,55
0,5	0,33	3,77	5,18	5,29	5,30	5,31
0,6	0,38	4,24	6,13	7,07	5,96	5,97
0,7	0,41	4,66	6,68	7,18	6,55	6,56
0,8	0,44	5,03	8,04	7,52	7,07	7,08
0,9	0,47	5,36	8,26	7,54	7,53	7,54
1	0,50	5,65	8,36	7,96	7,95	7,96

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
71,20	71,37	11092,38	10518,01

Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 8$

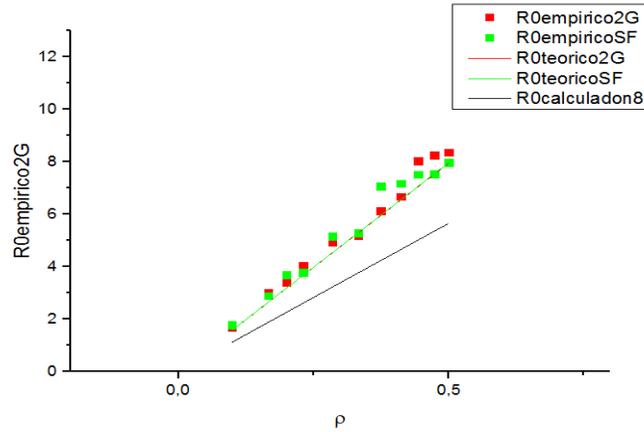


Figura 6.14: Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{calculado}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 8$

Como se puede observar, $\mathfrak{R}_0^{calculado}$ para este nuevo caso tampoco se esta ajustando de un modo aceptable a la simulación.

Para $N = 80000$ con $n = 16$ se toman los siguientes valores $N_1 = 79685$, $n_1 = 15$, $N_2 = 315$, $n_2 = 213$

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	\mathfrak{R}_0 calculado	\mathfrak{R}_0 empírico 2G	\mathfrak{R}_0 empírico SF	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	2,11	2,62	2,50	2,44	2,44
0,2	0,17	3,55	4,15	4,38	4,10	4,10
0,25	0,20	4,26	5,19	5,08	4,92	4,92
0,3	0,23	4,91	5,66	5,35	5,68	5,68
0,4	0,29	6,08	7	6,66	7,03	7,03
0,5	0,33	7,10	8,25	8,27	8,20	8,20
0,6	0,38	7,99	9,53	9,17	9,23	9,23
0,7	0,41	8,77	10,17	9,72	10,13	10,13
0,8	0,44	9,46	10,56	10,96	10,94	10,94
0,9	0,47	10,09	10,92	11,02	11,66	11,66
1	0,50	10,65	11,54	11,57	12,31	12,31

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
153,80	153,76	30102,66	30006,85

Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 16$

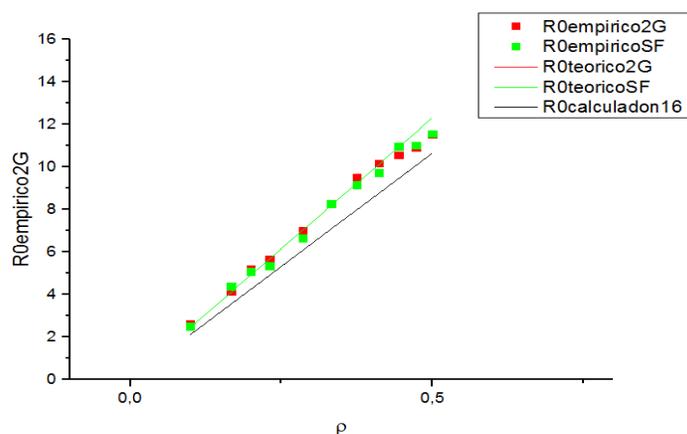


Figura 6.15: Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 16$

Como se puede observar, $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ para este caso se está ajustando de un modo aceptable a la simulación.

Si se toman otros valores para el grado medio $n = 16$ se obtiene $N_1 = 79699$, $n_1 = 15$, $N_2 = 301$, $n_2 = 216$

tau	$\rho = \frac{\tau}{\tau+1}$	\mathfrak{R}_0 calculado	\mathfrak{R}_0 empírico 2G	\mathfrak{R}_0 empírico SF	\mathfrak{R}_0^{red} para 2G	\mathfrak{R}_0^{red} para SF
0,11	0,10	2,10	2,59	2,76	2,42	2,42
0,2	0,17	3,53	4,49	3,98	4,08	4,08
0,25	0,20	4,24	4,89	4,86	4,89	4,89
0,3	0,23	4,89	5,94	5,62	5,65	5,64
0,4	0,29	6,06	7,19	7,49	6,99	6,99
0,5	0,33	7,07	7,44	7,73	8,16	8,15
0,6	0,38	7,95	8,83	9,29	9,18	9,17
0,7	0,41	8,73	9,80	9,83	10,08	10,07
0,8	0,44	9,43	10,43	10,67	10,87	10,87
0,9	0,47	10,05	10,83	10,99	11,59	11,58
1	0,50	10,60	11,31	11,77	12,23	12,23

VAR 2G	VAR SF	Asimetría 2G	Asimetría SF
151,49	151,22	30009,90	29041,28

Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{calculado}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 16$

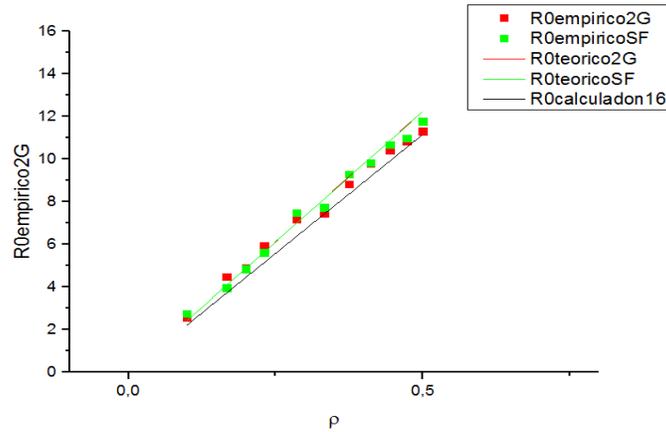


Figura 6.16: Se compara las gráficas de $\mathfrak{R}_0^{calculado}$, \mathfrak{R}_0 empírico de 2G y SF, y \mathfrak{R}_0 teórico de 2G y SF para $N = 80000$ con $n = 16$

Como se puede observar, $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ para este nuevo caso se esta ajustando de un modo aceptable a la simulación.

En todos los casos el $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ no se está ajustando tanto como se desearía, es decir, lo que se esta buscando es que el $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ sea muy parecido a \mathfrak{R}_0 teórico de SF .

Por lo tanto, se seguirán haciendo modificaciones para obtener una mejor aproximación de $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ de tal manera que sea parecido al \mathfrak{R}_0 teórico de la SF.

Capítulo 7

Redes de sitios de convivencia

En los modelos clásicos de tipo *SIR* se asume implícitamente la hipótesis de mezcla homogénea, es decir, todo individuo susceptible tiene la misma probabilidad de estar en contacto con los infectados. Sin embargo ésta condición es poco realista, ya que las redes formadas por las interacciones sociales tienen una estructura más compleja. Los individuos suelen estar en contacto frecuente y repetido sólo con una pequeña porción de la población. En éste capítulo, se considera una estructura simple en donde cada individuo en la población posee un grupo de contactos: los contactos de su casa y los contactos de su lugar de trabajo (o estudio). En cada sitio se asume que se tiene un subgrafo completo, todos los integrantes de una casa o lugar de trabajo están en contacto todos con todos. Se distinguirán, entonces, dos clases de grupo, un tipo H que hace referencia a *House o casa* y otro W que hace referencia a *Work o trabajo*. Cada grupo puede ser de un sólo tipo, H ó W y tiene un número fijo de integrantes, es decir, los grupos de tipo H tienen todos n_h miembros y los grupos de tipo W tienen n_w miembros.

Un individuo debe pertenecer a un grupo de cada clase y sólo a uno. Esto significa que la familia de grupos de tipo H, forma una partición de la población. Lo mismo ocurre con los grupos de tipo W. La siguiente figura muestra un esquema de la situación:

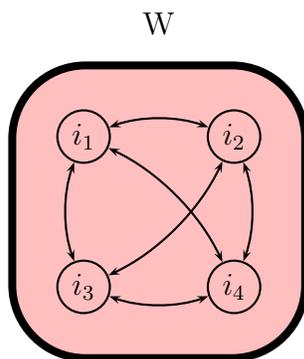


Figura 7.1: Un grupo de tipo W con 4 individuos: i_1, i_2, i_3, i_4

Por lo tanto, queda configurado un grafo (o red), donde cada individuo es un nodo y dos individuos cualesquiera están conectados por una arista si y sólo si comparten un grupo, de cualquier clase. Dentro de un grupo, los individuos están todos en contacto mutuo u otra forma de decirlo es que cada grupo es una subred completa.

Se asume que cada individuo pasa la mitad de su tiempo en su grupo de tipo H y la otra mitad en su grupo de tipo W (y además se asume que esta permanencia es sincrónica, es decir que se produce o se hace al mismo tiempo). No se cuenta la interacción que pudiese tener fuera de los ámbitos de House o Work. Por ejemplo, de las 24 horas del día, un individuo pasa 12 horas en su grupo de tipo H y 12 en su grupo de tipo W. Los individuos se reparten aleatoriamente en casas y en trabajo (pero de una vez y para siempre). En la siguiente figura se ejemplifica un esquema donde se muestran 2 casas y dos lugares de trabajo y una posible conexión entre los distintos sitios

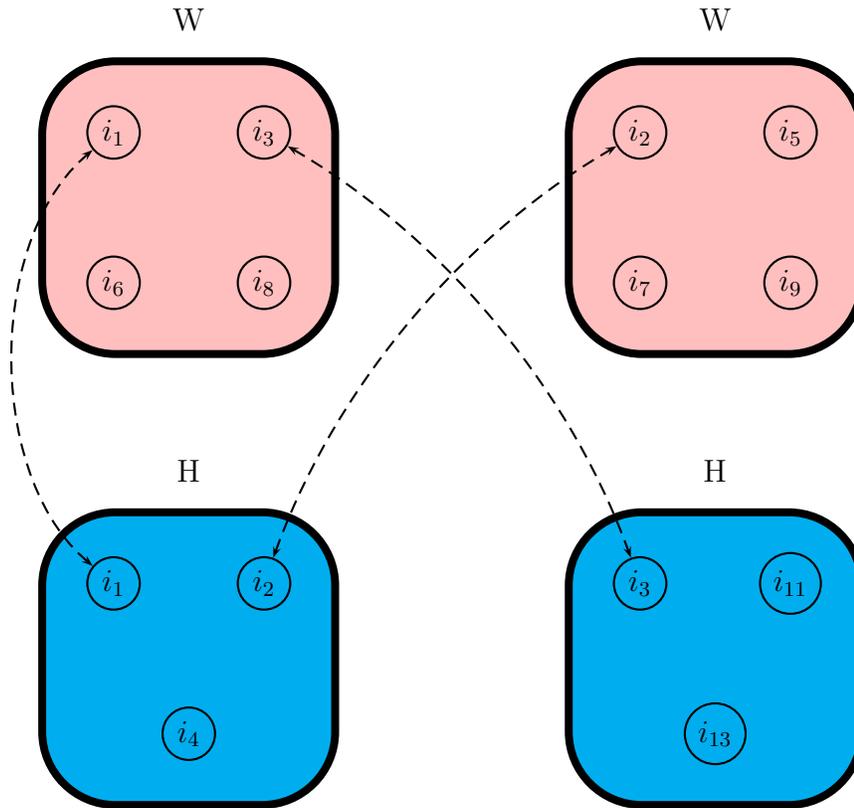


Figura 7.2: Gráfico de la red y los grupos. Se han omitido las conexiones dentro de los grupos, ya que están sobreentendidas. El individuo i_1 , por ejemplo, es el mismo en ambos grupos y la línea no continua está indicando el tránsito de un grupo a otro.

Por lo tanto, se obtiene una red bi-partita compuesta por dos subredes que no coexisten en el tiempo pero comparten a todos sus individuos. De esta forma, un individuo puede producir una cierta cantidad de infecciones en su grupo de tipo H y otra cierta cantidad de infecciones en su grupo W.

Debido al alto valor del coeficiente de agrupamiento el cálculo del número reproductivo básico es complejo. En [23] se obtuvo que una mejor aproximación al número reproductivo básico \mathfrak{R}_0 es cuando se considera la distribución de probabilidad:

$$\mathfrak{R}_0^{teorico} = \sum_{k,j} p_{kj} R_{kj}$$

donde

p_{kj} , es simplemente el producto de la probabilidad de k casos adicionales en H por la probabilidad de j casos adicionales en W, es decir:

$$p_{kj} = \int_0^\infty \binom{n}{k} (1 - e^{-\tau s})^k (e^{-\tau s})^{n-k} \gamma e^{-\gamma s} ds \int_0^\infty \binom{m}{j} (1 - e^{-\tau s})^j (e^{-\tau s})^{m-j} \gamma e^{-\gamma s} ds$$

donde n es la cantidad de individuos en H, menos uno y m es la cantidad de individuos en W menos uno (esto es, por los contactos del caso índice en H y W respectivamente).

$$\langle R_{kj} \rangle = \frac{k}{k+j} R_a + \frac{j}{k+j} R_b = \frac{k}{k+j} \left(C_h + (n_w - 1) \frac{\tau}{\tau + \gamma} \right) + \frac{j}{k+j} \left(C_w + (n_h - 1) \frac{\tau}{\tau + \gamma} \right)$$

donde $\langle R_{kj} \rangle$, es el valor promedio de contagios debidos a un individuo de tipo 2 (es decir, el individuo promedio de la segunda generación que se le llamará de tipo 2 o i_2), escogido al azar. Además R_a es el número total de casos generados por i_2 en la situación A (es decir, consiste en los casos generados por un individuo de tipo 2 cuando ese sujeto se escoge entre los contagios generados por el caso índice en H) y R_b es el número total de casos generados por i_2 en la situación B (es decir, consiste en los casos generados por un individuo de tipo 2 cuando ese sujeto se escoge entre los infectados por el caso índice en W).

El modelo que se propuso en [23] tomando el $\mathfrak{R}_0^{teorico} = \sum_{k,j} p_{kj} R_{kj}$ fue:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \gamma_{eff} \mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^a (e^{-b}) I - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \gamma_{eff} \mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^a (e^{-b}) I - \gamma_{eff} I \\ \frac{dY}{dt} = (\gamma_{eff} - \mu) I - (g + \mu) Y \\ \frac{dR}{dt} = gY - \mu R \end{cases} \quad (7.1)$$

Se puede observar que en el modelo 7.1 la tasa de contagio por individuo infectado, por unidad de tiempo que es $\mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^a (e^{-b})$, esta tasa es sugerida por el siguiente razonamiento: La relación entre los logaritmos naturales del cociente $\frac{N}{S}$ y \mathfrak{R}_0 , cerca del equilibrio, sugiere una relación lineal entre ambos logaritmos, entonces ajustando por cuadrados mínimos se obtuvo los parámetros a y b , como se ve en la siguiente gráfica:

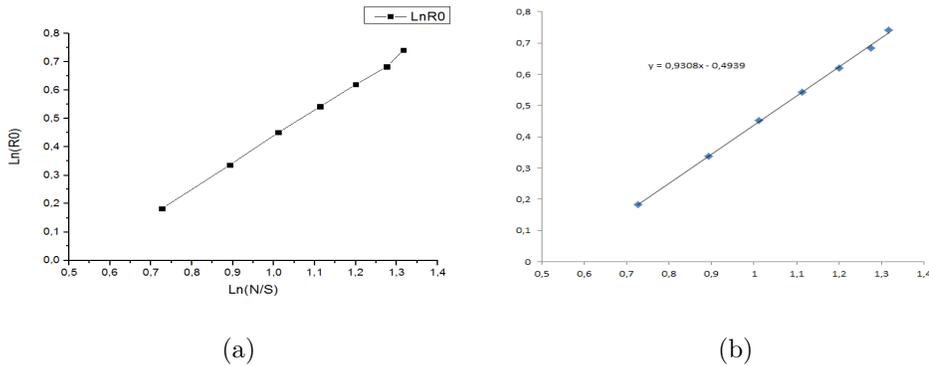


Figura 7.3: a) La relación entre los logaritmos naturales del cociente $\frac{N}{S}$ y \mathfrak{R}_0 cerca del equilibrio. b) La regresión lineal con los parámetros a y b . Se ha tomado una población de 10000 individuos, con 35 infectados iniciales, $H = 4$ y $W = 8$.

Como $\ln(\mathfrak{R}_0) = a \ln\left(\frac{N}{S}\right) + b$ estarán cerca del equilibrio, entonces

$$\begin{aligned}
 \ln(\mathfrak{R}_0) &= a \left(\frac{N}{S}\right) + b \\
 &= a \ln\left(\frac{N}{S}\right) + \ln(e^b) \\
 &= a \ln\left(\frac{N}{S}\right) + a(\ln(e^b))^{1/a} \\
 &= a \ln\left(\frac{N}{S}\right) + a \ln((e^b)^{1/a}) \\
 &= a \ln\left(\frac{N}{S} e^{b/a}\right) \\
 &= \ln\left(\left(\frac{N}{S}\right)^a (e^{b/a})^a\right) \\
 &= \ln\left(\left(\frac{N}{S}\right)^a (e^b)\right)
 \end{aligned}$$

Es decir, cerca del equilibrio, $\mathfrak{R}_0 \approx \left(\frac{N}{S}\right)^a (e^b)$.

Como se quiere que las ecuaciones de campo medio describan adecuadamente el comportamiento del sistema, se debe incorporar estas modificaciones. Es decir, dado que cerca del equilibrio $\mathfrak{R}_0 \approx \left(\frac{N}{S}\right)^a (e^b)$. Entonces

$$\mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^a (e^{-b}) = 1 \implies \mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^a (e^{-b}) - 1 = 0$$

La siguiente figura muestra cómo el modelo 7.1 se ajusta a las simulaciones donde se ha tomado una población de 10000 individuos, con 35 infectados iniciales, $H = 4$, $W = 8$, y los parámetros $a = 0,9308$ y $b = -0,4939$.

Para $\tau = 0,5$, $\tau = 0,6$ y $\tau = 0,7$ se obtiene:

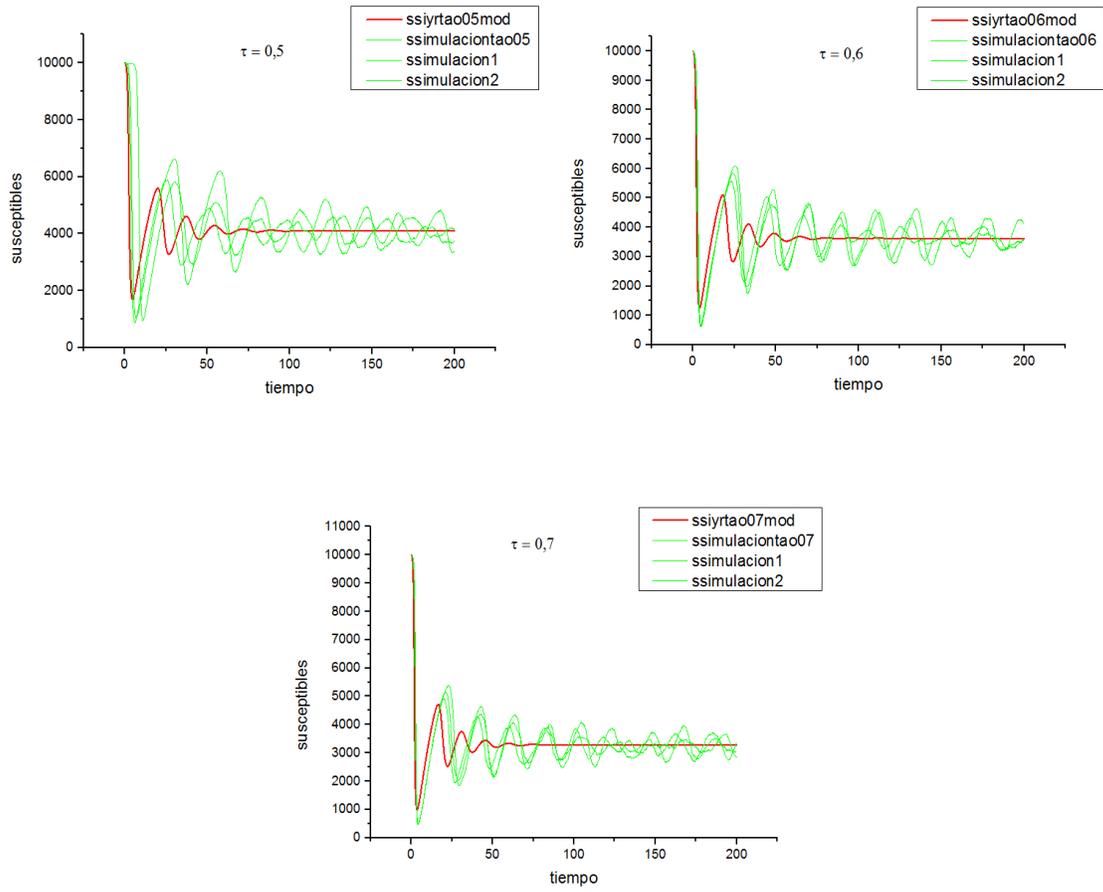


Figura 7.4: El modelo con ecuaciones de campo medio corregido (rojo) y simulaciones para una población de 10000 individuos, con 35 infectados iniciales y dos tipos de grupos: H con capacidad para 4 individuos y W con capacidad para 8 individuos (verde).

7.1. Caracterización de las redes y la dinámica de transmisión en ellas

7.1.1. Distribución de grado, coeficiente de agrupamiento y longitud de camino medio

En las redes consideradas la distribución de grado es $p(k) = \delta_{kn}$ donde el grado de todos los nodos es $n = n_h + n_w - 2$ pues cada casa tiene n_h habitantes mientras que cada trabajo tiene n_w y por lo tanto un individuo tiene $n_h - 1$ contactos en su casa y otros $n_w - 1$ contactos en su lugar de trabajo. Puesto que en cada sitio se tienen subgrafos completos el coeficiente de agrupamiento se puede calcular en forma directa de la siguiente manera (teniendo en cuenta que el coeficiente de agrupamiento se puede calcular como la probabilidad de que dos contactos de un nodo estén en contacto entre si):

Se elige un contacto i_0 este pertenece a H y W entonces:

Si $i_0 \in H \implies$ puede suceder que $i_1 \in H$ e $i_2 \in H$, entonces

$$P(i_0 \rightarrow i_2) = \text{la probabilidad de que } i_0 \text{ este en contacto con } i_2 = p_h \frac{n_h - 2}{n_h + n_w - 3}$$

donde

$$p_h = \frac{\text{Número de casos en } H}{\text{Total de casos en } H \text{ y } W} = \frac{n_h - 1}{n_h + n_w - 2}.$$

En cambio si $i_1 \in W$ e $i_2 \in W$ entonces $P(i_0 \rightarrow i_2) = 0$.

Si $i_0 \in W \implies$ puede suceder que $i_1 \in W$ e $i_2 \in W$, entonces

$$P(i_0 \rightarrow i_2) = \text{la probabilidad de que } i_0 \text{ esté en contacto con } i_2 = p_w \frac{n_w - 2}{n_h + n_w - 3}$$

donde

$$p_w = \frac{\text{Número de casos en } W}{\text{Total de casos en } H \text{ y } W} = \frac{n_w - 1}{n_h + n_w - 2}.$$

En cambio si $i_1 \in H$ y $i_2 \in H$ entonces $P(i_0 \rightarrow i_2) = 0$.

Por lo tanto si se toma $n_h = 4$, $n_w = 8$ el coeficiente de agrupamiento es

$$C = p_h \frac{n_h - 2}{n_h + n_w - 3} + p_w \frac{n_w - 2}{n_h + n_w - 3} = \frac{3}{10} \frac{2}{9} + \frac{7}{10} \frac{6}{9} = \frac{48}{90} = 0,533$$

Las estimaciones numéricas del coeficiente de agrupamiento para $n_h = 4$ y $n_w = 8$ resultaron $C = 0,53 \pm 0,01$ confirmando el resultado teórico.

Por otro lado, estimaciones de la longitud de camino medio obtenidas son:

$$L = 5,62 \pm 0,05$$

Como es de esperar por su construcción estas redes de sitios de convivencia presentan un alto coeficiente de agrupamiento y una pequeña longitud de camino medio.

7.1.2. Epidemias en redes de sitios de convivencia

Número reproductivo básico y epidemias únicas

Cuando la natalidad y mortalidad son nulas se tienen epidemias únicas cuyos picos son menores a los que se observan en redes de Erdos-Renyi con el mismo grado medio. Esto se debe al alto valor del coeficiente de agrupamiento que disminuye el valor del número reproductivo básico.

Para el caso $n_h = 4$, $n_w = 8$, el grado medio es $n = 10$ entonces el número reproductivo básico para una red de Erdos-Renyi es $n\rho$. Para la red de sitios de convivencia se realizan estimaciones numéricas con 100 realizaciones distintas, para distintos valores de la probabilidad de transmisión ρ , y computando las sucesivas generaciones de infectados. Los resultados se presentan en la siguiente tabla:

ρ	\mathfrak{R}_0	$n\rho$
0.2	1.47	2
0.3	1.97	3
0.4	2.31	4
0.5	2.50	5
0.6	2.67	6

Cuadro 7.1: Comparación entre los números reproductivos básicos de una red de sitios de convivencia y una red de Erdos-Renyi con el mismo grado medio.

Con el modelo de red se simularon epidemias únicas para distintos valores de la probabilidad de transmisión por contacto ρ . Los resultados para los valores del pico de la epidemia, el tiempo que ocurre y el tamaño final de la epidemia se muestran en la siguiente tabla:

ρ	pico	t_p	TE
0.2	800(11)	11(0.2)	0.70 (0.02)
0.3	2787 (12)	4.5(0.05)	0.95 (0.0005)
0.4	4450 (9)	2.58 (0.01)	0,99 (0.0002)
0.5	5740 (10)	1.67 (0.06)	0,999 (0.00005)

Cuadro 7.2: Estadísticas para epidemias únicas en una red con $n_h = 4$ y $n_w = 8$. Promedio de 50 realizaciones. Se computaron el pico de la epidemia (*pico*), el tiempo al que ocurre (t_p) y el tamaño de la epidemia (*TE*). En paréntesis se indica el error estándar.

Dinámica vital y equilibrio endémico

Para valores de la natalidad distintos de cero puede establecerse una situación estacionaria por períodos largos sin extinción de la población de nodos infectados.

Como se vió en el capítulo 3 en situaciones de mezcla homogénea como en una red de Erdos-Renyi en el equilibrio endémico se cumple que $\mathfrak{R}_0 < \frac{S}{N} > = 1$ y entonces se puede estimar el número reproductivo básico como $\mathfrak{R}_0 = < \frac{N}{S} >$.

Sin embargo, en estas redes con alto valor del coeficiente de agrupamiento ésto no se cumple. En la siguiente tabla, se observa que para valores bajos de ρ , lo cual implica valores bajos de \mathfrak{R}_0 los efectos de saturación (debidos a la competencia de los infectados por los mismos nodos susceptible) no son importantes y por lo tanto $\mathfrak{R}_0 \sim < \frac{N}{S} >$. Sin embargo, a medida que aumenta ρ (y por lo tanto aumenta \mathfrak{R}_0) la diferencia entre estos valores es cada vez más grande.

ρ	\mathfrak{R}_0	$< \frac{N}{S} >$
0.2	1.47	1.43266
0.3	1.97	2.19298
0.4	2.31	3.0303
0.5	2.50	3.861
0.6	2.67	4.70588

Cuadro 7.3: Para valores bajos de ρ se obtiene $\mathfrak{R}_0 \sim < \frac{N}{S} >$ y cuando ρ aumenta el desvío entre estos valores es cada vez más grande.

7.2. Estimaciones empíricas de \mathfrak{R}_0 y Modelo de campo medio

En lo que sigue se considera el caso particular de casas de tamaño $n_h = 4$ y trabajos de tamaño $n_w = 8$. Las estimaciones empíricas del número reproductivo básico se realizaron con 100 realizaciones distintas, para distintos valores de la probabilidad de transmisión ρ , y computando las sucesivas generaciones de infectados como se detalló en el capítulo 5. También se calcularon numéricamente los valores de equilibrio de la proporción susceptible $\langle \frac{S}{N} \rangle$.

Para las redes que se están considerando ahora, existe un alto coeficiente de agrupamiento y por lo tanto, los nuevos infectados tienen alta probabilidad de tener una proporción mayor que la global de contactos infectados. Dicho de otra forma, la proporción de contactos susceptibles de un recién infectado es menor que la proporción susceptible global $\frac{S}{N}$, como se ve en la siguiente figura:

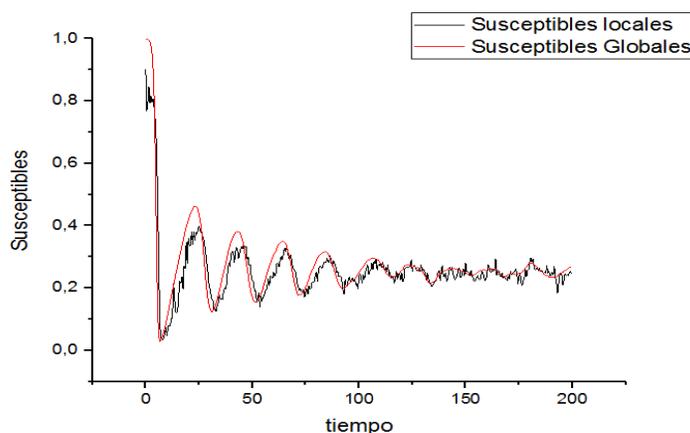


Figura 7.5: Proporción de susceptibles locales es menor que la proporción de susceptibles globales.

Una forma de tener en cuenta las diferencias entre las proporciones locales y globales es a través de un exponente afectando a las variables [43]. Es decir,

Si se considera un exponente p tal que $\mathfrak{R}_0 = (\frac{N}{S})^p$, entonces se obtiene:

ρ	\mathfrak{R}_0	$\langle N/S \rangle$	p
0.2	1.47	1.43266	1.07
0.3	1.97	2.19298	0.86
0.4	2.31	3.0303	0.755
0.5	2.50	3.861	0.678
0.6	2.67	4.70588	0.634

Cuadro 7.4: Valores de p cuando $\mathfrak{R}_0 = (\frac{N}{S})^p$ para distintos ρ .

En la siguiente figura se ve que la relación entre p y $\log \rho$ es lineal con muy buena aproximación

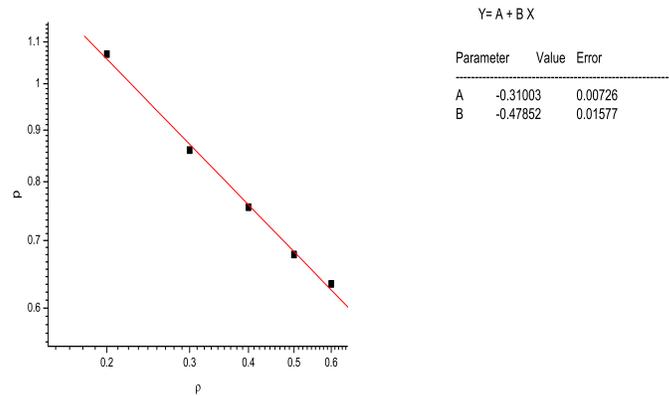


Figura 7.6: La relación entre p y $\log \rho$ es lineal.

lo cual permite obtener una fórmula empírica sencilla para el exponente p en términos de ρ :

$$p = 10^{-0,31} \rho^{-0,47852} \quad (7.2)$$

Con este ajuste fenomenológico el modelo de campo medio modificado resulta:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \mu N - \gamma_{eff} \mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^p I - \mu S \\ \frac{dI}{dt} = \gamma_{eff} \mathfrak{R}_0 \left(\frac{S}{N}\right)^p I - \gamma_{eff} I \\ \frac{dY}{dt} = (\gamma_{eff} - \mu) I - (g + \mu) Y \\ \frac{dR}{dt} = gY - \mu R \end{cases} \quad (7.3)$$

donde p es el exponente que ajusta la relación entre la densidad local y global de susceptibles y en éste caso particular está dado por 7.2. Esta simple modificación permite obtener soluciones que reproducen con muy buena aproximación la dinámica de infección en estas redes como se puede ver en las siguientes figuras:

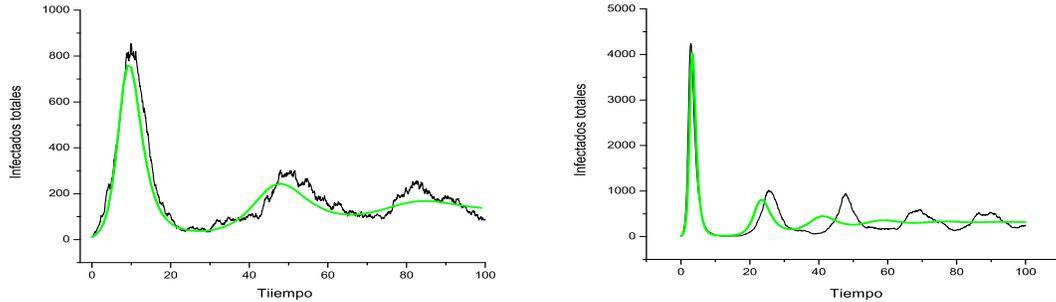


Figura 7.7: Evolución de la población de infectados obtenidas con la red de sitios de convivencia y el modelo de campo medio modificado, para $\rho=0.2$ y 0.4 .

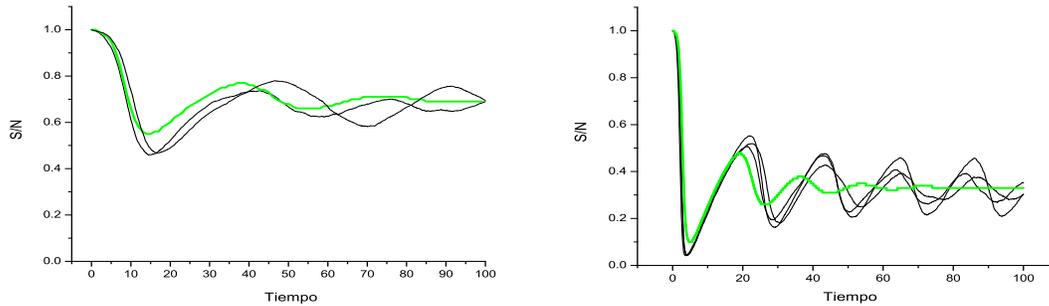


Figura 7.8: Evolución de la proporción de susceptibles obtenidas con la red de sitios de convivencia y el modelo de campo medio modificado, para $\rho=0.2$ y 0.4 .

En particular las características de las epidemias únicas se producen con aceptable aproximación utilizando el modelo 7.3 como se puede observar en la siguiente tabla:

ρ	pico	t_p	TE
0.2	693	9.5	0.54
0.3	2330	4.98	0.847
0.4	3922	3.42	0.957
0.5	5236	2.6	0,99

Cuadro 7.5: Resultados obtenidos con el modelo de campo medio 7.3. Se computaron el pico de la epidemia (*pico*), el tiempo al que ocurre (t_p) y el tamaño de la epidemia (*TE*).

7.3. Incorporando la transmisión por vectores en redes de contacto

Hasta ahora, el enfoque que se ha utilizado en el modelado de la transmisión se basó en la utilización de una matriz de contactos (esencialmente es la matriz de adyacencia donde solo se guardan los elementos no nulos). Si los nodos de una red de tamaño N se identifican

con m números entre 1 y N , por ejemplo, los elementos de la matriz (dispersa) de contactos C_{kj} tiene los valores de los nodos con los cuales se contacta el nodo k . De esta manera, el nodo k tiene grado n_k , y por lo tanto j toma valores entre 1 y n_k . El valor C_{kj} entonces es el índice que identifica al j -ésimo contacto del nodo k .

Con esta información se puede proceder de dos formas. Se recorren los nodos y cuando el estado de un nodo es susceptible se prueba si se infecta con cada uno de sus contactos infectados (si los hubiera). Aquí se utiliza un enfoque centrado en los infectados. Al recorrer los nodos si el estado de un nodo es infectado se determina cuales de sus contactos son susceptibles y en cada uno de estos casos se ve si se infectan utilizando la probabilidad de infección $P_i = 1 - e^{-\tau\delta t}$.

Este enfoque es adecuado en redes donde la transmisión es directa, pero falla cuando la transmisión es a través de vectores. En estos caso un individuo infectado trasmite la infección a un vector que luego podrá transmitir la infección a otro individuo susceptible. Para incorporar transmisión vectorial se procede a desarrollar un nuevo enfoque que permita la incorporación de la población de vectores en la red de contactos. Para ello se considera explícitamente una colección de sitios de convivencia. En el caso simplificado que se ve aquí serán solo de dos tipos: casas y lugares de trabajo/estudio. Los individuos reparten su tiempo entre estos sitios. Cada individuo de la población es habitante de una casa y un lugar de trabajo dado. En este caso todos los habitantes de una misma casa están en contacto entre sí y en las sección anterior se modeló esta subpoblación como un grafo completo. Lo mismo ocurre con todos los individuos que comparten un lugar de trabajo. Primero se considerará el caso de transmisión directa. Las casas y lugares de trabajo se recorren secuencialmente y para cada sitio los individuos susceptibles que lo habitan se pueden infectar con una probabilidad $P_i = 1 - e^{-\tau n_i \delta t}$ donde τ es la probabilidad de transmisión por unidad de tiempo y por individuo, n_i el número de individuos infectados en el sitio y δt el paso de tiempo considerado (elegido para que sea mucho menor que

cualquiera de los tiempos característicos involucrados).

En las condiciones descritas ambos enfoques, el que se ha utilizado en la secciones anteriores y el recién presentado, debieran ser equivalentes. En efecto simulaciones para distintos valores de los parámetros muestran que las soluciones obtenidas en cada caso son estadísticamente indistinguibles.

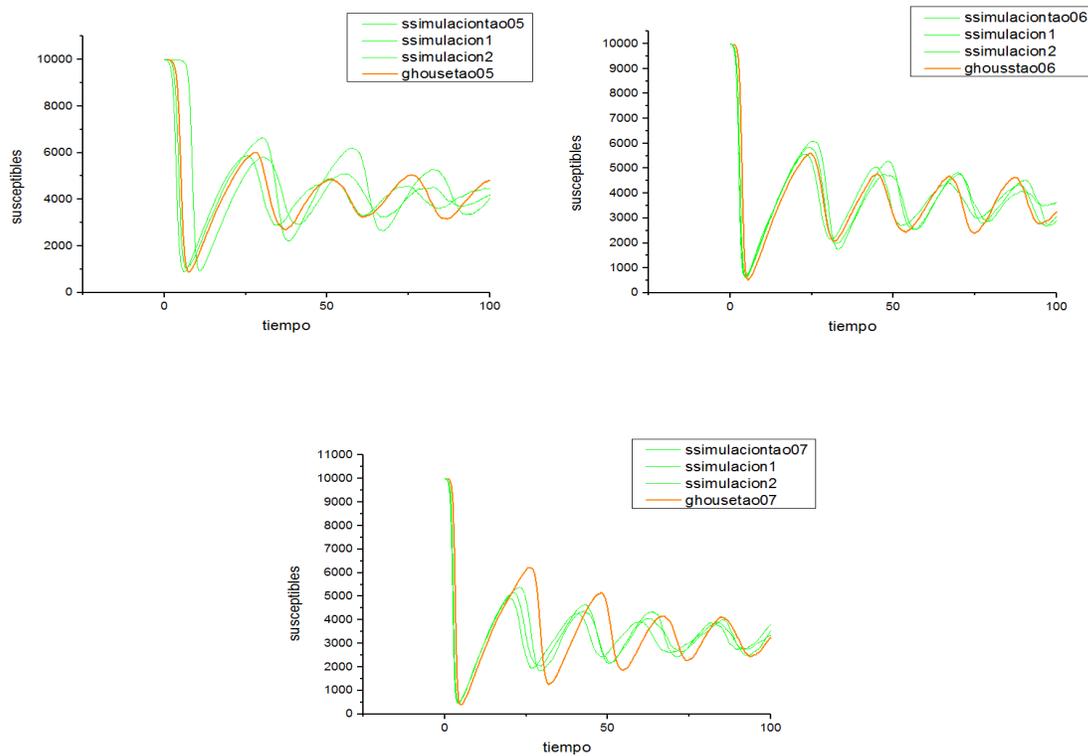


Figura 7.9: La simulación ghouse se considera explícitamente una colección de sitios de convivencia, en este caso, son las casas y los trabajos (naranja). Las simulaciones que se obtienen teniendo en cuenta la matriz de contacto para una población de 10000 individuos, con 35 infectados iniciales y dos tipos de grupos: H con capacidad para 4 individuos y W con capacidad para 8 individuos (verde).

7.3.1. Incorporando las poblaciones de vectores

En la nueva formulación se puede incorporar las poblaciones de vectores en forma directa. Efectivamente como se conoce la colección de sitios (casas y lugares de trabajo) así como los individuos que los habitan, se puede incorporar la transmisión por vectores en forma sencilla. Para cada sitio se considera una población de vectores de tamaño V_j (donde j recorre todos los sitios disponibles). Cada población se divide a su vez en la población susceptible o infectada (para los casos de interés no hay recuperación de vectores infectados y estos permanecen infecciosos hasta su muerte). La población de vectores está sujeta a diversos procesos como nacimiento, muerte, dispersión, etc.

La transmisión se modeló como se explica a continuación. Se asume que los vectores pican a tasa b (número de picaduras por vector por unidad de tiempo). Cuando un vector susceptible pica sobre un individuo infectado puede infectarse con probabilidad p_m . En tal caso la población de vectores susceptible disminuye en una unidad mientras que la población de vectores infectados aumenta en una unidad. Por otro lado, si un vector infectado pica sobre un individuo susceptible éste puede infectarse con probabilidad p_h . En cada sitio y dado un intervalo δt se determina el número de picaduras de mosquitos infectados y susceptibles utilizando una distribución de Poisson con media $bV_j\delta t$, donde $j = i, s$.

Las picaduras se reparten al azar entre los habitantes del sitio. Si un mosquito susceptible pica sobre un humano infectado se infecta con probabilidad p_m mientras que si un mosquito infectado pica sobre un humano susceptible le transmite la infección con probabilidad p_h . Si bien en el modelo mas simple no se ha considerado dispersión de vectores, la epidemia puede propagarse en la población debido a que un individuo infectado habita en dos lugares: su casa y su lugar de trabajo.

Utilizando el modelo con transmisión por vectores que se explica detalladamente en el capítulo 2, se obtienen las siguiente simulaciones

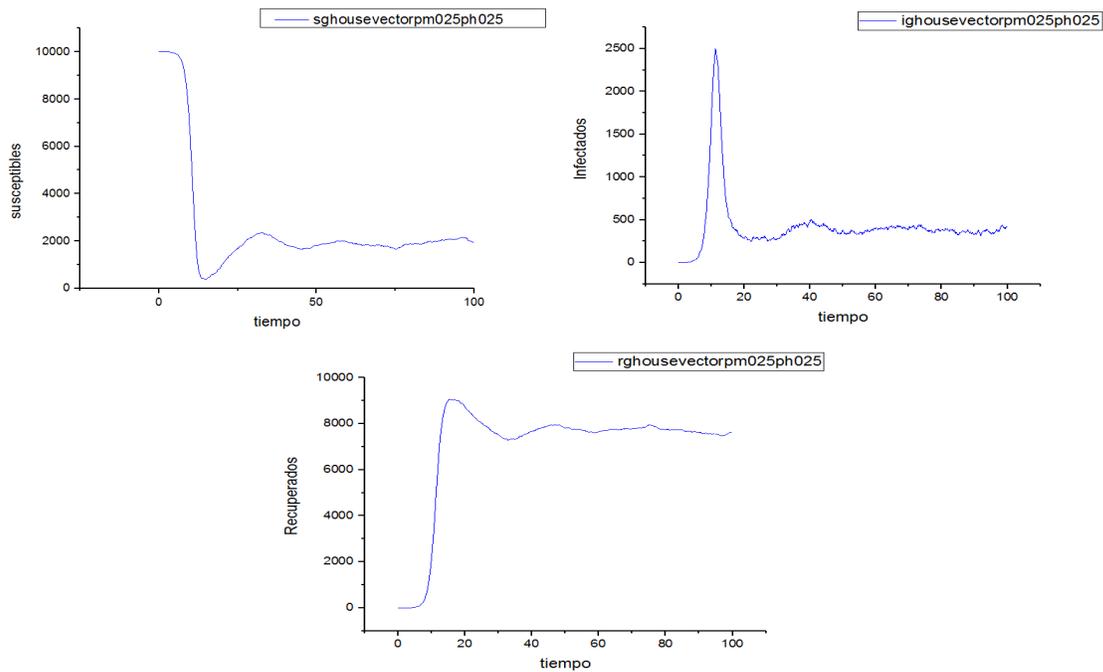


Figura 7.10: Susceptibles, Infectados y Recuperados con vectores en casa y trabajo para una población de 10000 individuos, con 35 infectados iniciales y dos tipos de grupos: H con capacidad para 4 individuos y W con capacidad para 8 individuos.

Finalmente, en este capítulo se recreó las interacciones de los individuos de un ambiente a otro que se reparten aleatoriamente, en su cotidianidad, es decir, cada individuo pasa la mitad de su tiempo en su grupo de tipo H y la otra mitad en su grupo de tipo W. Entonces se obtiene una red bi-partita compuesta por dos subredes que no coexisten en el tiempo pero comparten a todos sus individuos. De esta forma un individuo puede producir una cierta cantidad de infecciones en su grupo de tipo H y otra cierta cantidad de infecciones en su grupo W.

En un trabajo previo (ver [23]) se obtuvo un modelo de campo medio con dos parámetros de ajuste. En esta tesis se mostró que un modelo de campo medio con solo un parámetro de ajuste se obtienen soluciones que capturan fielmente las realizaciones típicas obtenidas

con el modelo de red.

Además se ha cambiado el enfoque en el modelado de la transmisión porque antes se basaba en la utilización de una matriz de contactos (es decir, la matriz de adyacencia donde solo se guardan los elementos no nulos), un enfoque que es adecuado en redes donde la transmisión es directa, pero falla cuando la transmisión es a través de vectores. Luego se observó que se obtienen las mismas simulaciones utilizando el modelo de la transmisión teniendo en cuenta la matriz de contacto con el nuevo programa para crear las epidemias con vectores.

Por último, se realizó las simulaciones de epidemias con vectores y se obtiene que el modelo de campo medio propuesto captura con buena aproximación las epidemias observadas en el modelo de red, pero se propone seguir mejorando el sistema para vectores hasta llegar a un sistema que sea lo mejor posible.

Capítulo 8

Conclusiones

En el capítulo 4, se ha analizado las características topológicas de redes creadas con un algoritmo de conexión preferencial. A estas redes se las llamó redes de Barabasi-Albert (*BA* o *SF*) y se mostró que son aproximadamente *scale-free*, la distribución de grado (acumulada) presenta una distribución asintótica aproximadamente potencial. Éstas redes tienen distribuciones de grado de alta variabilidad la media y a diferencia de las redes *ER* la varianza es mucho mayor al grado medio.

El algoritmo desarrollado es dinámico, los nodos se van agregando secuencialmente y la probabilidad de conectar un nodo nuevo a un nodo en la red depende del grado de este último. Se considera una población inicial de nodos equivalentes (o sea todos pueden ser elegidos para nuevas conexiones con igual probabilidad) N_0 . Entonces se vió el efecto de N_0 en el grado máximo y la variabilidad, y que tanto la variabilidad como el grado máximo obtenidos dependen de N_0 .

Aquí las distintas redes creadas (al elegir distintas secuencias pseudo-aleatorias para determinar los contactos) son relativamente similares (grado máximo y varianza son similares entre las distintas redes). Se eligieron dos casos, el primero viendo el mínimo del grado máximo y el segundo se elige viendo el máximo del grado máximo para

$N_0 = 10, 50, 100, 150$, se tomaron los extremos para ver cuánto varían. Luego se calcularon para los anteriores N_0 el grado máximo promedio, mínimo del grado máximo, máximo del grado máximo, varianza promedio y asimetría promedio, aquí se vió que mientras más grande es N_0 esos términos van disminuyendo. También se calculó el coeficiente de agrupamiento, longitud de camino medio, máximo del pico y tiempo del pico y se observa que las redes construidas poseen un muy bajo coeficiente de agrupamiento y longitud de camino medio, y que el máximo del pico y tiempo del pico se tiene mejor aproximaciones cuando $n = 16$. Para N_0 muy bajo (por ejemplo $N_0 = 1$) las población de redes creadas presenta una variabilidad mucho mas grande, y debido a esto es posible seleccionar algunas con una distribución mas aproximadamente potencial. Por lo tanto, se observa más variabilidad cuando N_0 es pequeño.

Como se crearon las redes utilizando el algoritmo de conexión preferencial se puede observar en las figuras donde se grafican las distribuciones de frecuencias típicas que en la cola de la distribución de frecuencias (observada en una red dada) se aleja de la distribución potencial.

Para evitar que las variaciones de conectividad de la red confundan las variaciones propias de las epidemias simuladas, se eligieron algunas redes, las que presentaban distribución mas aproximadamente potencial, y luego se realizaron los estudios de dinámica de transmisión siempre utilizando las mismas redes.

Por ultimo, se analizo la estructura de una red social Facebook y se mostró que estas redes tienen una distribución aproximadamente potencial, como las redes BA pero tiene una gran diferencia, el coeficiente de agrupamiento es muy alto, a diferencia de las redes BA que tienen coeficiente de agrupamiento casi nulo. Con estos resultados se abre un nuevo camino para estudiar en el futuro como sería la dispersión de enfermedades en este tipo de redes.

En el capítulo 5, las redes *Scale-Free* son redes complejas con alta variabilidad en la

distribución de grado lo que dificulta su análisis. La motivación para simplificar una red *Scale-Free*, es para reducir el número de ecuaciones diferenciales. Por eso, se presentó y se analizó un modelo de red simple cuyas características son muy similares a las de una red *Scale-Free*. Esto consistió en dividir la distribución de grado en dos, es decir, hay solo N_1 nodos con grado n_1 y N_2 nodos con grado n_2 con $n_2 \gg n_1$, a estas nuevas redes con solo dos grados se las llamó redes “2G”. Para esta nueva red se determinó cuatro valores (n_1 , n_2 , N_1 y N_2), es decir, se necesitó cuatro condiciones y ambas redes deben tener el mismo número de nodos N entonces $N_1 + N_2 = N$, y se pidió que los tres primeros momentos de la distribución de grado de la red compleja coincidan (lo más aproximadamente posible) con los de la nueva red, o sea el grado medio (n), la varianza (var) y la asimetría de la red *Scale-Free*. Es importante notar que tanto los grados como las poblaciones son variables enteras y por lo tanto, no siempre puede obtenerse la igualdad buscada, en tal caso se buscan las soluciones enteras más cercanas.

Luego se calculó las características topológicas de las redes 2G tales como el coeficiente de agrupamiento y la longitud de camino medio, también se calculó el número final de Recuperados, máximo del pico y tiempo del pico, y se observó que son similares a las de las redes BA. En ambos casos el coeficiente de agrupamiento fue prácticamente nulo con valores ligeramente superiores para las redes BA, y en ambos casos este coeficiente estuvo en el orden 10^4 . La longitud de camino medio resultó mayor en las redes 2G, como era de esperar debido a que la mayoría de los contactos de los nodos de baja conectividad es entre ellos. Para un valor relativamente pequeño del grado medio ($n = 8$) la longitud de camino medio en redes 2G resultó en el orden de 5.5 mientras que en redes BA fue alrededor de 4. Pero en ambos casos se obtuvieron valores bajos mostrando que ambas redes tienen una gran conectividad entre sus nodos. Para un grado medio más alto ($n = 16$) tanto los coeficientes de agrupamiento como la longitud de camino medio resultaron más similares aún. También se simuló epidemias donde se puede observar la dinámica de

infección resulta muy similar en ambas redes siendo en algunos casos estadísticamente indistinguibles. Tanto el pico de la epidemia, el tiempo al que ocurre, la duración del pico, como los valores de equilibrio son esencialmente iguales.

Además se obtuvieron estimaciones empíricas del número reproductivo básico de las redes 2G y se las comparó con las correspondientes para redes BA y se observó a medida que aumenta el tamaño de la red mejor se aproxima el \mathfrak{R}_0 empírico al \mathfrak{R}_0 teórico de las dos redes.

Por último, es importante destacar como las redes BA o SF (y las redes 2G) son aleatorias y el coeficiente de agrupamiento esencialmente nulo no se cumple que $\langle \frac{S}{N} \rangle = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$ como se espera en poblaciones con mezcla homogénea. El efecto de la estructura de la red se ve mucho mas claramente en nuestro modelo 2G donde se pudo demostrar que en una población estructurada con nodos con grados distintos (en nuestro caso $n_2 \gg n_1$) la relación $\langle \frac{S}{N} \rangle = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$ nunca se cumple.

En el capítulo 6, se vió que el modelo de campo medio clásico no logra representar las epidemias simuladas en las redes *scale-free* por eso se realizaron modificaciones al Modelo de Campo Medio Clásico que consistió en utilizar las redes 2G. Y se puede observar que se obtienen excelentes acuerdos entre las epidemias de las redes 2G , *scale-free* (BA) y las obtenidas con el nuevo modelos de campo medio. Además se obtiene una mejor aproximación si n es mas grande.

Luego se calculó el \mathfrak{R}_0 para el nuevo sistema de ecuaciones modelado y se obtuvo que el número reproductivo básico obtenido de modelos no siempre se corresponde con los obtenidos considerando la estructura de la red.

También se han simulado la estructura de contactos (para redes 2G y SF) y la dinámica de contagio con distintas tasas ρ . Luego se graficó $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}(\rho)$ y se comparó con \mathfrak{R}_0 empírico 2G y \mathfrak{R}_0 empírico SF para $N = 80000$ y como se puede observar, el $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ no se está ajustando como se desearía .

Por lo tanto, se podrían hacer modificaciones tales como obtener una mejor aproximación de $\mathfrak{R}_0^{\text{calculado}}$ para que sea un poco más parecido al \mathfrak{R}_0 teórico de la SF.

En el capítulo 7, se recreó las interacciones de los individuos de un ambiente a otro que se reparten aleatoriamente, en su cotidianidad, es decir, cada individuo pasa la mitad de su tiempo en su grupo de tipo H y la otra mitad en su grupo de tipo W. Entonces se obtiene una red bi-partita compuesta por dos subredes que no coexisten en el tiempo pero comparten a todos sus individuos. De esta forma un individuo puede producir una cierta cantidad de infecciones en su grupo de tipo H y otra cierta cantidad de infecciones en su grupo W.

En un trabajo previo (ver [23]) se obtuvo un modelo de campo medio con dos parámetros de ajuste. En esta tesis se mostró que un modelo de campo medio con solo un parámetro de ajuste se obtienen soluciones que capturan fielmente las realizaciones típicas obtenidas con el modelo de red.

Además se ha cambiado el enfoque en el modelado de la transmisión porque antes se basaba en la utilización de una matriz de contactos (es decir, la matriz de adyacencia donde solo se guardan los elementos no nulos), un enfoque que es adecuado en redes donde la transmisión es directa, pero falla cuando la transmisión es a través de vectores. Luego se observó que se obtienen las mismas simulaciones utilizando el modelo de la transmisión teniendo en cuenta la matriz de contacto con el nuevo programa para crear las epidemias con vectores.

Por último, se realizó las simulaciones de epidemias con vectores y se obtiene que el modelo de campo medio propuesto captura con buena aproximación las epidemias observadas en el modelo de red.

Por lo tanto, se propone seguir mejorando el sistema para vectores hasta llegar a un sistema que sea lo mejor posible.

Bibliografía

- [1] Adams B., Holmes E. C., Zhang C., Mammen M. P., Jr, Nimmannitya S., Kalayana-rooj S., and Boots M. (2006), *Cross-protective immunity can account for the alternating epidemic pattern of dengue virus serotypes circulating in Bangkok*. PNAS,103; 14234–14239.
- [2] Adams B., Boots M. (2006), *Modelling the relationship between antibody-dependent enhancement and immunological distance with application to dengue*. Journal of Theoretical Biology, vol. 242; 337–346.
- [3] Andersson, H. (1997), *Epidemics in a population with social structure*. Mathematical Biosciences, vol. 140, 79–84.
- [4] Aparicio J.P. y Pascual M. (2007), *Building epidemiological models from R_0 : an implicit treatment of transmission in networks*. Proceedings of the Royal Society: Biological Sciences, vol. 274 , 505–512.
- [5] Aparicio J.P., Solari H.G. y Bonino N.A. (2006), *Perspectivas teóricas sobre la dinámica de la mixomatosis con aplicaciones en control biológico*. Ecología Austral, vol. 16 ,15–28.
- [6] Aparicio J.P. y Hernandez J.C. (2006), *Preventive treatment of tuberculosis through contact tracing, in Contemporary Mathematics 410, Modeling the Dynamics of Hu-*

- man Diseases: Emerging Paradigms and Challenges*. Edited by Abba B. Gumel, Carlos Castillo-Chavez, Ronald E. Mickens and Dominic P. Clemence, 17–29, American Mathematical Society.
- [7] Aparicio J.P., Solari H.G. y Bonino N.A. (2004), *Competition and Coexistence in Host-Parasite Systems: The myxomatosis case*, *Population Ecology*. Vol. 46, 71–85.
- [8] Aparicio J.P., Capurro A.F. and Castillo-Chavez C. (2002 a), *Markers of disease evolution: The case of tuberculosis*. *Journal of Theoretical Biology*, vol. 215, 227–237.
- [9] Aparicio J.P., Capurro A.F. y Castillo-Chavez C. (2002b), *Annual Unit Price of Lynx Pelts*. 351–360, Springer–Verlag.
- [10] Aparicio, J.P., Capurro, A.F. y Castillo-Chavez, C. (2002c), *Frequency Dependent Risk of Infection and the Spread of Infectious Diseases*, *Mathematical Approaches for Emerging and Reemerging Infectious Diseases : Models, Methods and Theory*. 341–350, Springer–Verlag.
- [11] Aparicio J.P., Capurro, A.F., y Castillo-Chavez, C., (2000), *Transmission and dynamics of tuberculosis on generalized households*. *Journal of Theoretical Biology*, vol. 206, 327–341.
- [12] Allen, L. J., Brauer, F., Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2008). *Mathematical epidemiology*. *Lecture Notes in Mathematics*, 1945, 81–130.
- [13] Barabasi, A.-L.(2002).*Linked: the New Science of Networks*. Perseus, Cambridge, MA.
- [14] Bartley, L.M., Donnelly, C.A., Garnett, G.P. (2002), *The seasonal pattern of dengue in endemic areas: Mathematical models of mechanisms* *Transactions of the Royal Society of Tropical Medicine and Hygiene* 96 (4). PP. 387–397.

-
- [15] Bollobas, B. (2013). *Modern graph theory* (Vol. 184). Springer Science & Business Media.
- [16] Barabasi, A. L., Albert, R., and Jeong, H. (1999). *Mean-field theory for scale-free random networks*. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 272(1), 173–187.
- [17] Barabasi, A. L., Albert, R., (2002). *Statistical mechanics of complex networks*. *Reviews of modern physics*, Volume 74.
- [18] Bansal S., Grenfell B. T. and Meyers L. A., (July 2007), *When individual behaviour matters: homogeneous and network models in epidemiology* *J. R. Soc., Interface*, 879–891.
- [19] Cohen T, Colijn C, Finklea B, and Murray M. (2007), *Exogenous re-infection and the dynamics of tuberculosis epidemics: local effects in a network model of transmission*. *J. R. Soc. Interface* 4, 523–531.
- [20] Chowell G, Diaz-Duenas P, Miller JC, Alcazar-Velazco A, Hyman JM, Fenimore PW, Castillo-Chavez C. (2007), *Estimation of the reproduction number of dengue fever from spatial epidemic data*. *Mathematical Biosciences* doi:10.1016/j.mbs.2006.11.011
- [21] Derouich, M., Boutayeb, A. (2006), *Dengue fever: Mathematical modelling and computer simulation*. *Applied Mathematics and Computation* (New York) 177 (2), pp. 528–544
- [22] Diekmann, O. y Heesterbeek, J.A.P. (2000), *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases*, *John Wiley*.

- [23] Di Mauro J.P (2015), *Dinámica de transmisión de infecciones y modelos formales de virus informáticos*. Tesis de Licenciatura. Departamento de matemática, Facultad de Ciencias Exactas, Universidad Nacional de Salta.
- [24] Ferreira, C.P., Pulino, P., Yang, H.M., Takahashi, L.T. (2006), *Controlling dispersal dynamics of Aedes aegypti*. Mathematical Population Studies 13 (4), pp. 215–236
- [25] Hethcote, H.W., Yorke, J.A. (1984), *Gonorrhea transmission dynamics and control*. In Lecture notes in Biomathematics. Berlin: Springer–Verlag.
- [26] Keeling, M.J., Danon, L., Ford, A.P., House, T., Jewell, C.P., Roberts, G.O., Ross, J.V., Vernon, M.C. (2011), *Networks and the epidemiology of infectious disease*. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*. Art. no. 284909
- [27] Keeling, M.J. and Grenfell, B.T., (2000). *Individual-based perspectives on R_0* . Journal of Theoretical Biology, 203(1), pp.51–61
- [28] Kermack, W. O. y McKendrick, A. G. (1927, August), *A contribution to the mathematical theory of epidemics*. In Proceedings of the Royal Society of London A: mathematical, physical and engineering sciences (Vol. 115, No. 772, pp. 700–721). The Royal Society.
- [29] Klemm, K., Eguiluz, V. M. (8 May 2002), *Growing scale-free networks with small-world behavior* PHYSICAL REVIEW E, VOLUME 65, 057102.
- [30] Li, L, Alderson D., Tanaka R., Doyle J. C. y Willinger W.(October 2005), *Towards a Theory of Scale-Free Graphs: Definition, Properties, and Implications* Technical Report CIT–CDS–04–006, Engineering & Applied Sciences Division California Institute of Technology, Pasadena, CA, USA.

-
- [31] Lloyd, A. L. y May, R. M. (2001), *How viruses spread among computers and people*. Science, vol 292, 1316–1317.
- [32] Meyers, L. A., Pourbohloul, B., Newman, M. E. J., Skowronski, D. M. y Brunham R. C. (2005), *Network theory and SARS: predicting outbreak diversity*. Journal of Theoretical Biology vol 232, 71–81.
- [33] Newman, M. E. J., Watts, D. y Barabasi, A.-L. (2006), *The Structure and Dynamics of Networks*. Princeton University Press.
- [34] Otero M., Solari H.G., Schweigmann N. (2006), *A Stochastic Population Dynamics Model for Aedes Aegypti: Formulation and Application to a City with Temperate Climate*. Bulletin of Mathematical Biology vol 68: 1945–1974.
- [35] Otero, M., Solari, H. G., (2010), *Mathematical model of dengue disease transmission by Aedes aegypti mosquito*. Mathematical Biosciences vol 223, 32–46.
- [36] Otero, M., Barmak, D., Dorso C.O., Solari H. G., Natiello, M.,(2011), *Modeling dengue outbreaks*. Mathematical Biosciences 223 (1), 32–46
- [37] Pascual M., Roy M., Laneri K., (2011), *Simple models for complex systems: exploiting the relationship between local and global densities*. Theor Ecol vol 4:211–222.
- [38] Pastor-Satorras R., Vespignani A., (2002), *Epidemic dynamics in finite size scale-free networks*. Physical Review E. 65, 035108.
- [39] Dodds P. S, Muhamad R., Dodds D. J. W , (2003), *An Experimental Study of Search in Global Social Networks*. Science 8 August 2003: Vol. 301 no. 5634 pp. 827–829 DOI:10.1126/science.1081058

- [40] Rosales J.C., Hyun, M.Y., (2007), *Estimation of the basic reproducibility number for American tegumentary leishmaniasis in two sites in northeastern Salta Province, Argentina*. *Cadernos de Saude Publica* 23, pp. 2663–2671.
- [41] Rosales J.C. y Yang H.M., (2006 a), *Modelagem Matemático do Fator de Risco da Leishmaniose Canina na Leishmaniose humana em Regiões Oeste do estado de São Paulo, Brasil y Noroeste da Provincia de Salta Argentina*. *Bol. Epi. Paulista* (31): 2–7.
- [42] Rosales J.C., Yang H.M. (2006b), *Modelo Matemático para Descrever Transmissão da leishmaniose*. *Tendencias em Matemática Aplicada*.
- [43] Roy, M., Pascual, M. (2006). *On representing network heterogeneities in the incidence rate of simple epidemic models*. *Ecological Complexity*, 3(1), 80–9.
- [44] Monasson R., (July 2006). *Introduction to Phase Transitions in Random Optimization Problems* Notes of the lectures delivered in Les Houches during the Summer School on Complex Systems.
- [45] Roy M., Andersson H. and May R. M., (1991), *Infectious Diseases of Humans—Dynamics and Control* Oxford Science Publications.
- [46] Rafo M., Aparicio J.P ,(2014), *Dinámica de Infección en Redes con Alta Variabilidad en la Distribución de Grado: Aproximación de Campo Medio*. TREFEMAC XII (XII Taller Regional de Física Estadística y Aplicaciones a la Materia Condesada).
- [47] Saramäki S.J, and Kaski K., (2005), *Modelling development of epidemics with dynamic small-world networks*. *Journal of Theoretical Biology*, Vol. 234, 413–421

-
- [48] Song B., Castillo-Chavez C., y Aparicio J.P., (2002 a), *Tuberculosis Models with Fast and Slow Dynamics: The Role of Close and Casual Contacts*. Mathematical Biosciences, vol. 180, 187–205.
- [49] Song B., Castillo-Chavez C. y Aparicio J.P., (2002b), *Global dynamics of tuberculosis models with density dependent demography*, *Mathematical Approaches for Emerging and Reemerging Infectious Diseases: Models, Methods and Theory*. 275–294, Springer–Verlag.
- [50] Smieszek T., Fiebig L and Scholz R. W., (2009), *Models of epidemics: when contact repetition and clustering should be included*. Theoretical Biology and Medical Modelling, 6:11.
- [51] Shirley M.D.F., Rushton S.P., (2005), *The impacts of network topology on disease spread..* Ecological Complexity, vol 2 287–299.
- [52] Volz E. and Meyers L. A., (2007), *Susceptible,infected,recovered epidemics in dynamic contact networks*. Proc. R. Soc. B Vol 274, 2925–2933.
- [53] Watts, D.J., Strogatz, S.H., (1998), *Collective dynamics of small-world networks*. Nature 393 (6684): 409–10.
- [54] Watmough J, Van den Driessche P. , (2002), *Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission*. Mathematical Biosciences 180 29–48.