

SIMULAÇÃO DO MODELO SIR SOBRE REDES MODULARES

Douglas Antoniazi e Reginaldo A. Zara e-mail: dantoniazzi@gmail.com, razara@unioeste.br.

Universidade Estadual do Oeste do Paraná- Colegiado de Informática – Cascavel – PR.

Palavras-chave: Modularidade, Redes Complexas, Modelos epidemiológicos

Resumo

Apresenta-se a simulação do modelo epidemiológico SIR definido sobre redes complexas cuja modularidade pode ser ajustada. Discute-se a influência da modularidade sobre a dinâmica do modelo e a utilização da modularidade como critério de caracterização da rede.

Introdução

Os agrupamentos humanos e os relacionamentos por eles gerados formam redes de interação que podem representadas por grafos. Nestes grafos os vértices representam os indivíduos e suas ligações (arestas) os relacionamentos entre eles. No caso dos grafos que representam redes de contatos sociais verifica-se que as ligações são distribuídas entre os vértices de forma heterogênea [BARABASI, 2000]: uma pequena fração dos vértices concentra uma grande fração de ligações da rede. Além da heterogeneidade observa-se a formação de agrupamentos internos, onde indivíduos pertencentes a um grupo estão fortemente conectados a indivíduos do mesmo grupo e fracamente conectados aos outros indivíduos da rede. De forma geral, estes agrupamentos são equivalentes a comunidades [NEWMANN, 2004].

A partir das descobertas dos agrupamentos uma série de investigações sobre a influência desta organização interna sobre processos dinâmicos sobre as redes complexas têm sido conduzidos. Entre eles destacam-se as simulações de modelos epidemiológicos definidos sobre redes estruturadas [HUANG,2006;HUANG, 2007; WU, 2008]. Embora tais estudos tenham produzido avanços consideráveis na compreensão da dinâmica de tais modelos, a influência da estruturação interna não pode ser satisfatoriamente avaliada, visto que a intensidade da organização não é conhecida. Neste trabalho é apresentada a simulação de um modelo epidemiológico definido sobre uma rede cuja intensidade da organização interna é conhecida e pode ser sintonizada, conforme o interesse do investigador [LI,2004]. Foi simulado o modelo epidemiológico Suscetível-Infectado-Removido (SIR) [BRAUER, 2008] definido em redes de interação com organização interna em comunidades. As redes foram caracterizadas pelo fator de modularidade e construídas a partir do algoritmo de Li e Maini [LI,2005].

Materiais e Métodos

O algoritmo de Li e Maini [LI,2005] para a construção de redes complexas modulares é baseado em dois mecanismos: vinculação preferencial intra-comunidade e vinculação preferencial inter-comunidades. O número de comunidades é um parâmetro que pode ser ajustado, havendo um total de M ($M > 2$) comunidades na rede. O algoritmo pode ser dividido em três etapas:

1. *Inicialização*: Cada uma das M comunidades começa com um pequeno número m_0 ($m_0 > 1$) de vértices conectados entre si enquanto os vértices de diferentes comunidades são conectados aleatoriamente.

2. *Crescimento*: Em cada etapa, um novo vértice é inserido a uma comunidade escolhida aleatoriamente. Este vértice é conectado a m vértices da mesma comunidade e, com probabilidade α , a n vértices de outras comunidades. A conexão é feita obedecendo a uma probabilidade P enquanto os valores de m , n e α são definidos de antemão.

3. *Vinculação preferencial*: Tanto nas conexões intracomunidades quanto nas intercomunidades, cada vértice recebe uma nova conexão com probabilidade $p(k_i) = \frac{k_i}{L}$,

onde k_i é o número de conexões do vértice i e L é o número de ligações na rede. A rede cresce até atingir um total de N elementos da rede.

O modelo SIR [BRAUER,2008] é um modelo compartimental que mimetiza o comportamento de uma doença em uma população levando em consideração o estado de um indivíduo bem como as regras de transição entre os possíveis estados, e pode ser representado pelo diagrama abaixo:



Figura 1 – Compartimentos Modelo SIR.

Os possíveis estados possíveis de um indivíduo são: (S) Suscetível, (I) Infectado e (R) Removido (por morte, isolamento, ou recuperados que adquiriram imunidade à doença). As regras de transição são dadas pelas taxas λ (probabilidade de que um indivíduo suscetível adquira a infecção) e γ (probabilidade de recuperação de indivíduos infectados).

Resultados

1- Influência da modularidade sobre a propagação da epidemia: A modularidade é um critério quantitativo para avaliar particionamento de grafos e pode ser usada para investigar a existência de comunidades em redes representada por um grafo [NEWMANN, 2004]. Segundo Huang [HUANG,2007], para o modelo de Li e Maini, a modularidade pode ser calculada em função dos parâmetros do modelo obtendo-se:

$$Q = \frac{m}{m + \alpha n} - \frac{1}{M} \left(\frac{m + 2\alpha n}{m + \alpha n} \right)^2$$

Fixando os valores de m e n a probabilidade α pode ser ajustada, a fim de se obter redes com modularidades diferentes.

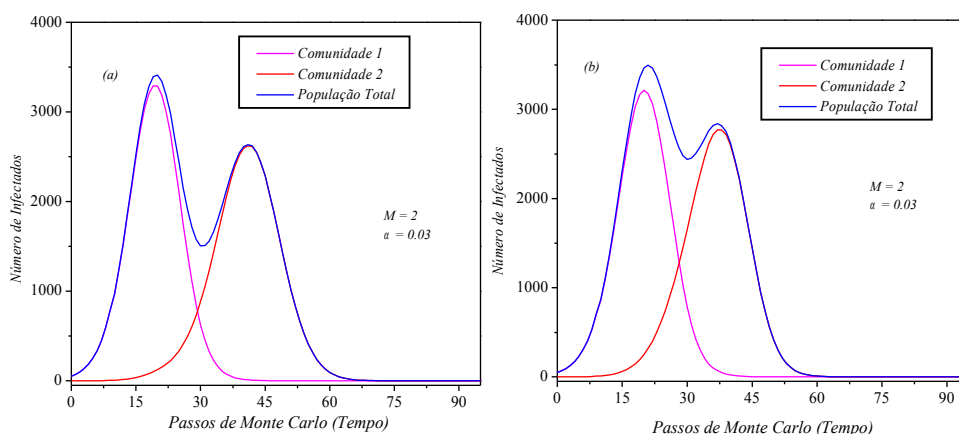


Figura 2. Número de indivíduos infectados como função do tempo para diferentes modularidades.

A Figura 2 mostra a quantidade de infectados na comunidade onde a infecção teve início (Comunidade 1), na comunidade adjacente (Comunidade 2), bem como a média em toda a população. Para α baixo existem dois picos justapostos indicando que a infecção atinge o máximo de forma defasado. O aumento de α implica em redes com comunidades menos definidas, os picos tendem a fundir-se e a curva de infecção tende ao do modelo SIR padrão, uma vez que o máximo da infecção ocorre em ambas as comunidades ao mesmo tempo.

2 - Importância da modularidade para a caracterização a epidemia: Um rearranjo da equação de modularidade leva a

$$Q = \frac{1}{1 + \alpha \frac{n}{m}} - \frac{1}{M} \left(\frac{1 + 2\alpha \frac{n}{m}}{1 + \alpha \frac{n}{m}} \right)^2$$

e assim, Q deve ser o mesmo para qualquer par (m, n) cuja razão seja fixa. A figura 2 mostra o comportamento da epidemia para redes com o mesmo fator de modularidade porém com diferentes pares (m, n) . A Figura 3 ilustra o comportamento da epidemia para uma população com duas comunidades, α fixo e diferentes valores para (m, n) . Pode-se observar que redes com mesmo valor de modularidade Q e diferentes valores para (m, n) possuem picos em pontos diferentes, e se pode inferir que a intensidade de infecção também depende do número de conexões intra e inter-comunidades. Desta forma, o valor de α (e, portanto, de Q) não é o único parâmetro determinante para identificar o comportamento da epidemia.

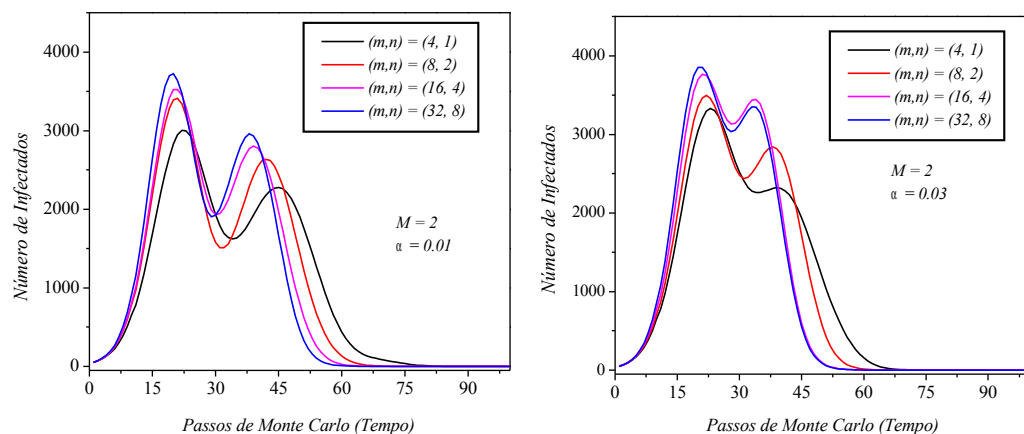


Figura 3. Número de indivíduos infectados para modularidades fixas e diferentes (m, n) .

Referências

- 1.L. Huang, K. Park, Y.-C. Lai R. Ling; *Phys. Rev. E* 73, 035103, 2006
- 2.C. Li e P.K.Maini, *J. Phys. A: Math. Gen.* **38** p.9741, 2005
- 3.W.Huang e C.Li; *J. Stat.Mech.Theory and Exp.* P01014, 2007.
- 4.H.J. Sun e Z.Y. Gao; *Physica A* 381 p.491, 2007.
- 5.X.Wu, Z.Liu; *Physica A* 387 p.623, 2008.
- 6.M.E.J. Newman, M. Girvan, *Phys. Rev. E* 69, 026113, 2004.
- 7.F. Brauer, J. Wu, P. Driessche, “*Mathematical Epidemiology - Lecture Notes in Mathematics / Mathematical Biosciences Subseries*” Springer, 2008.