Introdução às Redes de Interação – MO804 (MC908) Modelos epidêmicos: doenças e boatos

Prof. Dr. Ruben Interian

Instituto de Computação, UNICAMP

Resumo

- Objetivo
- 2 Modelos epidêmicos
- Modelos epidêmicos em redes

Resumo

- Objetivo
- Modelos epidêmicos
- 3 Modelos epidêmicos em redes

Objetivo

• Estudar as características dos **modelos epidêmicos** de doenças e boatos em redes que os transmitem.

Resumo

- Objetive
- 2 Modelos epidêmicos
- Modelos epidêmicos em redes

As **epidemias** tiveram um impacto significativo na historia da humanidade:

As **epidemias** tiveram um impacto significativo na historia da humanidade:

 No século XIV, uma epidemia de peste bubônica (ou peste negra) matou mais de 20% da população da Europa. Sem tratamento, a doença causava a morte de entre 30% a 90% das pessoas infetadas.

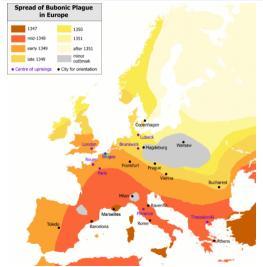
As **epidemias** tiveram um impacto significativo na historia da humanidade:

- No século XIV, uma epidemia de peste bubônica (ou peste negra) matou mais de 20% da população da Europa. Sem tratamento, a doença causava a morte de entre 30% a 90% das pessoas infetadas.
- Doenças trazidas pelos europeus (varíola, sarampo, malária) devastaram numerosas populações nativas após a descoberta das Américas.

As **epidemias** tiveram um impacto significativo na historia da humanidade:

- No século XIV, uma epidemia de peste bubônica (ou peste negra) matou mais de 20% da população da Europa. Sem tratamento, a doença causava a morte de entre 30% a 90% das pessoas infetadas.
- Doenças trazidas pelos europeus (varíola, sarampo, malária) devastaram numerosas **populações nativas** após a descoberta das Américas.

No inicio do século XX, surgiram os **modelos epidêmicos**, que posteriormente ajudaram a entender e controlar algumas epidemias.



Modelos epidêmicos: Exemplos

Fenômeno	Agente	Rede de propagação
Peste bubônica	Bactéria Yersinia pestis	Contatos próximos
Malária	Plasmódio (parasita)	Rede mosquito-humano
Boatos	Informação, memes	Redes de comunicação
Difusão de inovações	Ideias, conhecimento	Redes de comunicação
Vírus de computador	Software malicioso	Internet

Modelos epidêmicos

Modelos **epidêmicos**

Características dos modelos epidêmicos:

• Há diversos modelos, com diferentes graus de complexidade.

Modelos **epidêmicos**

- Há diversos modelos, com diferentes graus de complexidade.
- Historicamente, eles são chamados de modelos compartimentais: os compartimentos são conjuntos de indivíduos no mesmo estado da doença.

Modelos **epidêmicos**

- Há diversos modelos, com diferentes graus de complexidade.
- Historicamente, eles são chamados de modelos compartimentais: os compartimentos são conjuntos de indivíduos no mesmo estado da doença.
- Nos modelos básicos SI e SIR, há 2-3 compartimentos: Suscetível, Infectado e (talvez) Recuperado. Há modelos com outros estados: vacinado, falecido, etc.

Modelos **epidêmicos**

- Há diversos modelos, com diferentes graus de complexidade.
- Historicamente, eles são chamados de modelos compartimentais: os compartimentos são conjuntos de indivíduos no mesmo estado da doença.
- Nos modelos básicos SI e SIR, há 2-3 compartimentos: Suscetível, Infectado e (talvez) Recuperado. Há modelos com outros estados: vacinado, falecido, etc.
- Em cada grupo, podemos considerar o número, ou a proporção de indivíduos que estão naquele estado.

Os modelos básicos **não consideram a rede** de interações entre indivíduos, dentro da qual ocorre a transmissão da "doença".

• Por isso, muitos detalhes são **negligenciados**:

- Por isso, muitos detalhes são **negligenciados**:
 - Diferenças na forma como os indivíduos reagem à doença;

- Por isso, muitos detalhes são negligenciados:
 - Diferenças na forma como os indivíduos reagem à doença;
 - O fato de existir alguns **indivíduos que possuem muitas conexões** e, portanto, têm mais chance de espalhar a doença (**superspreaders**). Lembrem da **regra 80/20**.

- Por isso, muitos detalhes são negligenciados:
 - Diferenças na forma como os indivíduos reagem à doença;
 - O fato de existir alguns **indivíduos que possuem muitas conexões** e, portanto, têm mais chance de espalhar a doença (**superspreaders**). Lembrem da **regra 80/20**.
 - Entre muitas outras!

- Por isso, muitos detalhes são negligenciados:
 - Diferenças na forma como os indivíduos reagem à doença;
 - O fato de existir alguns indivíduos que possuem muitas conexões e, portanto, têm mais chance de espalhar a doença (superspreaders). Lembrem da regra 80/20.
 - Entre muitas outras!
- Apesar disso, durante muito tempo esta simplificação mostrou-se útil.

- Por isso, muitos detalhes são negligenciados:
 - Diferenças na forma como os indivíduos reagem à doença;
 - O fato de existir alguns indivíduos que possuem muitas conexões e, portanto, têm mais chance de espalhar a doença (superspreaders). Lembrem da regra 80/20.
 - Entre muitas outras!
- Apesar disso, durante muito tempo esta simplificação mostrou-se útil.
 (Atenção: The world is changed!)

Vamos definir **3** variáveis: **5**, **1** e **R**, que se referem ao número (ou fração) dos indivíduos em uma população de tamanho **N**, que estão:

Vamos definir 3 variáveis: S, I e R, que se referem ao número (ou fração) dos indivíduos em uma população de tamanho N, que estão:

Suscetíveis (à doença) – S,

Vamos definir $\bf 3$ variáveis: $\bf 5$, $\bf I$ e $\bf R$, que se referem ao número (ou fração) dos indivíduos em uma população de tamanho $\bf N$, que estão:

- Suscetíveis (à doença) 5,
- Infectados (pela doença) /,

Vamos definir $\bf 3$ variáveis: $\bf 5$, $\bf I$ e $\bf R$, que se referem ao número (ou fração) dos indivíduos em uma população de tamanho $\bf N$, que estão:

- Suscetíveis (à doença) 5,
- Infectados (pela doença) − I,
- Recuperados (da doença) R.

Vamos definir $\bf 3$ variáveis: $\bf 5$, $\bf I$ e $\bf R$, que se referem ao número (ou fração) dos indivíduos em uma população de tamanho $\bf N$, que estão:

- Suscetíveis (à doença) 5,
- Infectados (pela doença) − I,
- Recuperados (da doença) R.

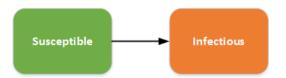
Como o estado da população muda no tempo, cada uma das variáveis S, I e R terão um valor em cada momento do tempo t: serão **funções** S(t), I(t) e R(t).

Nos modelos mais simples SI, omitimos nascimentos e mortes naturais: supomos que a população N é constante, e S+I=1 a cada momento. Os indivíduos podem **transitar** entre os grupos: o indivíduo pode deixar o grupo suscetível é se infectar.

Nos modelos mais simples SI, omitimos nascimentos e mortes naturais: supomos que a população N é constante, e S+I=1 a cada momento. Os indivíduos podem **transitar** entre os grupos: o indivíduo pode deixar o grupo suscetível é se infectar.



Nos modelos mais simples SI, omitimos nascimentos e mortes naturais: supomos que a população N é constante, e S+I=1 a cada momento. Os indivíduos podem **transitar** entre os grupos: o indivíduo pode deixar o grupo suscetível é se infectar.



Este modelo é muito **pouco realista**: os indivíduos infectados continuam espalhando a doença indefinidamente.

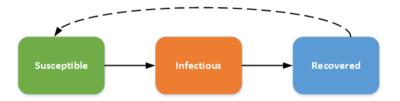
No modelo **SIR**, omitimos nascimentos e mortes naturais: supomos que a população N é constante, e S+I+R=1 a cada momento. Os indivíduos podem **transitar** entre os grupos: a única forma de alguém deixar o grupo suscetível é se infectar, a única forma de alguém deixar o grupo infectado é se recuperar.



No modelo **SIR**, omitimos nascimentos e mortes naturais: supomos que a população N é constante, e S+I+R=1 a cada momento. Os indivíduos podem **transitar** entre os grupos: a única forma de alguém deixar o grupo suscetível é se infectar, a única forma de alguém deixar o grupo infectado é se recuperar.



No modelo **SIR**, omitimos nascimentos e mortes naturais: supomos que a população N é constante, e S+I+R=1 a cada momento. Os indivíduos podem **transitar** entre os grupos: a única forma de alguém deixar o grupo suscetível é se infectar, a única forma de alguém deixar o grupo infectado é se recuperar.



A **velocidade da propagação** é o número de pessoas que passaram do grupo Suscetíveis para Infectados em um dado período de tempo.

A velocidade da propagação é proporcional ao produto $5 \cdot I$.

A velocidade da propagação é proporcional ao produto $S \cdot I$. Intuição por trás dessa ideia:

 Simplificando, assumimos que a doença se espalha por meio de interações aleatórias de pessoas suscetíveis e infectadas.

A velocidade da propagação é proporcional ao produto $S \cdot I$. Intuição por trás dessa ideia:

- Simplificando, assumimos que a doença se espalha por meio de **interações aleatórias** de pessoas suscetíveis e infectadas.
- Cada indivíduo tem uma certa chance fixa de entrar em contato com qualquer outro indivíduo. Se I = 0, ou S = 0, não há transmissão.

A velocidade da propagação é proporcional ao produto $S \cdot I$.

Intuição por trás dessa ideia:

- Simplificando, assumimos que a doença se espalha por meio de interações aleatórias de pessoas suscetíveis e infectadas.
- Cada indivíduo tem uma certa chance fixa de entrar em contato com qualquer outro indivíduo. Se I = 0, ou S = 0, não há transmissão.
- Fixando S, quanto mais Infectados no momento t, mais novos Infectados haverá no momento t+1. Fixando I, quanto mais Suscetíveis no momento t, mais Infectados no momento t+1.

A velocidade da propagação é proporcional ao produto $S \cdot I$.

Intuição por trás dessa ideia:

- Simplificando, assumimos que a doença se espalha por meio de **interações aleatórias** de pessoas suscetíveis e infectadas.
- Cada indivíduo tem uma certa chance fixa de entrar em contato com qualquer outro indivíduo. Se I = 0, ou S = 0, não há transmissão.
- Fixando S, quanto mais Infectados no momento t, mais novos Infectados haverá no momento t+1. Fixando I, quanto mais Suscetíveis no momento t, mais Infectados no momento t+1.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \tag{1}$$

A velocidade da propagação é proporcional ao produto $S \cdot I$.

Intuição por trás dessa ideia:

- Simplificando, assumimos que a doença se espalha por meio de interações aleatórias de pessoas suscetíveis e infectadas.
- Cada indivíduo tem uma certa chance fixa de entrar em contato com qualquer outro indivíduo. Se I = 0, ou S = 0, não há transmissão.
- Fixando S, quanto mais Infectados no momento t, mais novos Infectados haverá no momento t+1. Fixando I, quanto mais Suscetíveis no momento t, mais Infectados no momento t+1.

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI \tag{1}$$

β: número médio de contatos infecciosos de uma pessoa por unidade de tempo.

• Como varia o número de infectados?

• Como varia o **número de infectados**? É a soma dos **novos infectados** (o termo βSI), **menos** aqueles que se recuperaram.

- Como varia o **número de infectados**? É a soma dos **novos infectados** (o termo βSI), **menos** aqueles que se recuperaram.
- Os indivíduos infectados se recuperam a uma taxa γ : subtraímos γI recuperados.

- Como varia o **número de infectados**? É a soma dos **novos infectados** (o termo βSI), **menos** aqueles que se recuperaram.
- Os indivíduos infectados se recuperam a uma taxa γ : subtraímos γI recuperados.

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \tag{2}$$

- Como varia o **número de infectados**? É a soma dos **novos infectados** (o termo βSI), **menos** aqueles que se recuperaram.
- Os indivíduos infectados se recuperam a uma taxa γ : subtraímos γI recuperados.

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I \tag{2}$$

 A quantidade de pessoas recuperadas, por unidade de tempo, é proporcional às infectadas. Isto é equivalente à suposição de que o tempo gasto por um indivíduo em estado infectado é uma variável aleatória com distribuição exponencial.

• Quantos novos recuperados haverá?

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{3}$$

• Quantos **novos recuperados** haverá? Ver o termo γI em (2).

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{3}$$

• Uma vez que uma pessoa se recuperou, ela não é mais suscetível (é imune).

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{3}$$

- Uma vez que uma pessoa se recuperou, ela n\u00e3o \u00e9 mais suscet\u00edvel (\u00e9 imune).
- Na verdade, R não inclui apenas os Recuperados, mas também os falecidos ("Removidos"), pois eles também não podem ficar suscetíveis ou infectados.
 A propagação não depende do estado específico no qual o indivíduo ficou!

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{3}$$

- Uma vez que uma pessoa se recuperou, ela n\u00e3o \u00e9 mais suscet\u00edvel (\u00e9 imune).
- Na verdade, R não inclui apenas os Recuperados, mas também os falecidos ("Removidos"), pois eles também não podem ficar suscetíveis ou infectados.
 A propagação não depende do estado específico no qual o indivíduo ficou!
- Pelo fato de termos S + I + R = 1, a terceira equação pode ser obtida a partir das primeiras duas.

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \tag{3}$$

- Uma vez que uma pessoa se recuperou, ela n\u00e3o \u00e9 mais suscet\u00edvel (\u00e9 imune).
- Na verdade, R não inclui apenas os Recuperados, mas também os falecidos ("Removidos"), pois eles também não podem ficar suscetíveis ou infectados.
 A propagação não depende do estado específico no qual o indivíduo ficou!
- Pelo fato de termos S + I + R = 1, a terceira equação pode ser obtida a partir das primeiras duas.
- Se ninguém se recupera :-(, no caso $\gamma = 0$, o modelo SIR se reduz para um modelo ainda mais simples, SI.

Resumo: o modelo **SIR** é representado pelo sistema de equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{cases}$$

Resumo: o modelo **SIR** é representado pelo sistema de equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{cases}$$

Solução: Quando ocorre a propagação da epidemia?

Resumo: o modelo **SIR** é representado pelo sistema de equações diferenciais ordinárias:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \end{cases}$$

Solução: Quando ocorre a propagação da epidemia?

Se e somente se $\frac{dI}{dt} \ge 0$, ou seja, se $\beta SI - \gamma I = (\beta S - \gamma)I \ge 0$. Isto é equivalente à condição $\beta S - \gamma \ge 0$, ou $S \ge \frac{\gamma}{\beta}$.

$$S \geq rac{\gamma}{eta}$$

$$S \geq \frac{\gamma}{\beta}$$

Vamos supor que no inicio $S \approx 1$ (toda a população é **Suscetível**, exceto 1 indivíduo). Então a propagação da epidemia ocorre apenas se:

$$1 \ge \frac{\gamma}{\beta}$$
,

$$S \geq \frac{\gamma}{\beta}$$

Vamos supor que no inicio $S \approx 1$ (toda a população é **Suscetível**, exceto 1 indivíduo). Então a propagação da epidemia ocorre apenas se:

$$1 \geq \frac{\gamma}{\beta}$$
,

$$\frac{\beta}{\gamma} \geq 1.$$

$$S \geq \frac{\gamma}{\beta}$$

Vamos supor que no inicio $S \approx 1$ (toda a população é **Suscetível**, exceto 1 indivíduo). Então a propagação da epidemia ocorre apenas se:

$$1 \geq \frac{\gamma}{\beta}$$
,

$$\frac{\beta}{\gamma} \geq 1$$
.

Este valor, $\frac{\beta}{\gamma}$, é geralmente chamado de **número básico de reprodução**, ou R_0 .

Interpretação do $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \beta \frac{1}{\gamma}$, número básico de reprodução:

 R_0 é a quantidade que indica, na média, quantas pessoas consegue contaminar um indivíduo infectado, durante o período $\approx \frac{1}{\gamma}$ no qual ele está infectado.

Interpretação do $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \beta \frac{1}{\gamma}$, número básico de reprodução:

 R_0 é a quantidade que indica, na média, quantas pessoas consegue contaminar um indivíduo infectado, durante o período $\approx \frac{1}{\gamma}$ no qual ele está infectado.

No modelo:

Se R₀ < 1, não há propagação;

Interpretação do $R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \beta \frac{1}{\gamma}$, número básico de reprodução:

 R_0 é a quantidade que indica, na média, quantas pessoas consegue contaminar um indivíduo infectado, durante o período $\approx \frac{1}{\gamma}$ no qual ele está infectado.

No modelo:

- Se R₀ < 1, não há propagação;
- Se $R_0 > 1$, a propagação **ocorre**, eventualmente infectando a toda a população.

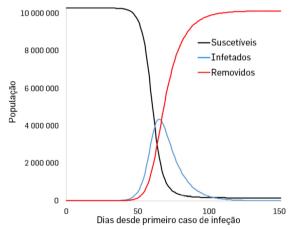
Solução:

Diferentemente dos modelos simplistas ainda mais elementares (SI, SIS),
 o modelo SIR não possui expressão fechada para as funções S, I, R.

Solução:

- Diferentemente dos modelos simplistas ainda mais elementares (SI, SIS),
 o modelo SIR não possui expressão fechada para as funções S, I, R.
- Para um determinado conjunto de parâmetros, o modelo pode ser resolvido de forma aproximada (numericamente).

Evolução de uma epidemia com $R_0 = 4$, população N = 10 milhões de habitantes:



Suposições feitas na formulação do modelo:

Suposições feitas na formulação do modelo:

O número de outros indivíduos com os quais uma determinada pessoa faz contato por unidade de tempo é igual ou parecido para todos os indivíduos.

Suposições feitas na formulação do modelo:

- O número de outros indivíduos com os quais uma determinada pessoa faz contato por unidade de tempo é igual ou parecido para todos os indivíduos.
- Qualquer indivíduo pode entrar em contato com qualquer outro indivíduo.

Suposições feitas na formulação do modelo:

- O número de outros indivíduos com os quais uma determinada pessoa faz contato por unidade de tempo é igual ou parecido para todos os indivíduos.
- Qualquer indivíduo pode entrar em contato com qualquer outro indivíduo.

As epidemias reais não se comportam exatamente como nesta curva pelas **falhas** nessas suposições iniciais:

Suposições feitas na formulação do modelo:

- O número de outros indivíduos com os quais uma determinada pessoa faz contato por unidade de tempo é igual ou parecido para todos os indivíduos.
- Qualquer indivíduo pode entrar em contato com qualquer outro indivíduo.

As epidemias reais não se comportam exatamente como nesta curva pelas **falhas** nessas suposições iniciais:

As redes de contatos s\u00e3o frequentemente livres de escala, portanto, os graus dos n\u00e3s variam muito.

Suposições feitas na formulação do modelo:

- O número de outros indivíduos com os quais uma determinada pessoa faz contato por unidade de tempo é igual ou parecido para todos os indivíduos.
- Qualquer indivíduo pode entrar em contato com qualquer outro indivíduo.

As epidemias reais não se comportam exatamente como nesta curva pelas **falhas** nessas suposições iniciais:

- As redes de contatos s\(\tilde{a}\) o frequentemente livres de escala, portanto, os graus dos n\(\tilde{s}\) variam muito.
- Um indivíduo pode transmitir uma doença somente para determinadas pessoas com as quais ele possui vínculos.

Resumo

- Objetive
- 2 Modelos epidêmicos
- Modelos epidêmicos em redes

Modelos **epidêmicos** em redes

 Há epidemias com comportamento diverso (por exemplo, cíclico, em ondas de surtos), que não pode ser explicado pelos modelos clássicos.

- Há epidemias com comportamento diverso (por exemplo, **cíclico**, em ondas de surtos), que não pode ser explicado pelos modelos clássicos.
- O padrão de transmissão da epidemia em uma população depende não apenas do patógeno, o agente vivo ou não vivo: bactéria, vírus (informático?), boato, ideia.

- Há epidemias com comportamento diverso (por exemplo, cíclico, em ondas de surtos), que não pode ser explicado pelos modelos clássicos.
- O padrão de transmissão da epidemia em uma população depende não apenas do patógeno, o agente vivo ou não vivo: bactéria, vírus (informático?), boato, ideia.
- A transmissão depende, em grande medida, da estrutura da rede de interações da população. O ideal é considerar essa estrutura, quando ela é conhecida.

- Há epidemias com comportamento diverso (por exemplo, cíclico, em ondas de surtos), que não pode ser explicado pelos modelos clássicos.
- O padrão de transmissão da epidemia em uma população depende não apenas do patógeno, o agente vivo ou não vivo: bactéria, vírus (informático?), boato, ideia.
- A transmissão depende, em grande medida, da **estrutura da rede** de interações da população. O ideal é considerar essa **estrutura**, quando ela é conhecida.
- A população com a qual um indivíduo pode fazer contato já não é igual para todos os indivíduos!

Modelos **epidêmicos** em redes

 Mesmo quando a rede não é conhecida completamente, suas características gerais podem ser conhecidas (como a distribuição de graus).

- Mesmo quando a rede não é conhecida completamente, suas características gerais podem ser conhecidas (como a distribuição de graus).
- Os vértices podem transitar entre os estados (e.g., do suscetível para infectado, do infectado para recuperado) com determinadas probabilidades.

- Mesmo quando a rede não é conhecida completamente, suas características gerais podem ser conhecidas (como a distribuição de graus).
- Os vértices podem transitar entre os estados (e.g., do suscetível para infectado, do infectado para recuperado) com determinadas probabilidades.
- A chance p de um vértice suscetível ficar infectado a partir de um vértice vizinho já infectado (taxa de transmissão) é uma característica da "doença".

- Mesmo quando a rede não é conhecida completamente, suas características gerais podem ser conhecidas (como a distribuição de graus).
- Os vértices podem transitar entre os estados (e.g., do suscetível para infectado, do infectado para recuperado) com determinadas probabilidades.
- A chance p de um vértice suscetível ficar **infectado** a partir de um vértice vizinho já infectado (**taxa de transmissão**) é uma característica da "doença".
- Os modelos de equações diferenciais são inteiramente válidos apenas quando a estrutura da rede é aleatória.

Modelo **mais simples** possível: o processo de transmissão é representado por uma **árvore**.

• Escolhemos algum vértice inicial *v* chamado "**raiz**", que será o único vértice infectado no inicio.

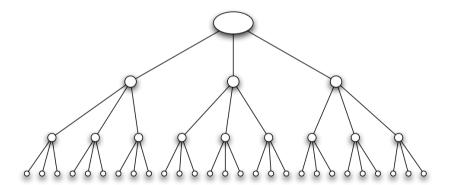
- Escolhemos algum vértice inicial v chamado "raiz", que será o único vértice infectado no inicio.
- A raiz v interage com k outros indivíduos ("primeira rodada"), cada um deles é infectado com probabilidade p.

- Escolhemos algum vértice inicial v chamado "raiz", que será o único vértice infectado no inicio.
- A raiz v interage com k outros indivíduos ("primeira rodada"), cada um deles é infectado com probabilidade p.
- Cada um dos infectados na primeira rodada interage com k indivíduos diferentes (suposição do modelo), infectando eles com probabilidade p ("segunda rodada").

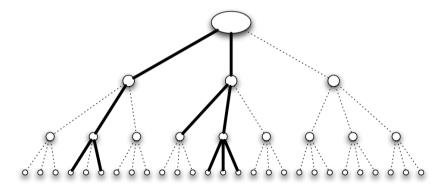
- Escolhemos algum vértice inicial v chamado "raiz", que será o único vértice infectado no inicio.
- A raiz v interage com k outros indivíduos ("primeira rodada"), cada um deles é infectado com probabilidade p.
- Cada um dos infectados na primeira rodada interage com k indivíduos diferentes (suposição do modelo), infectando eles com probabilidade p ("segunda rodada").
- O processo se repete, sempre trazendo pessoas novas e a probabilidade de uma nova infecção é sempre p.

- Escolhemos algum vértice inicial v chamado "raiz", que será o único vértice infectado no inicio.
- A raiz v interage com k outros indivíduos ("primeira rodada"), cada um deles é infectado com probabilidade p.
- Cada um dos infectados na primeira rodada interage com k indivíduos diferentes (suposição do modelo), infectando eles com probabilidade p ("segunda rodada").
- O processo se repete, sempre trazendo pessoas novas e a probabilidade de uma nova infecção é sempre p.
- Apropriado para o inicio do processo de propagação.

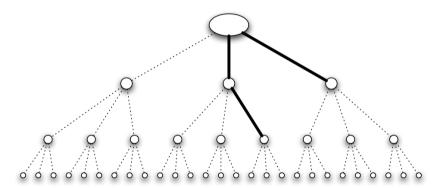
Estrutura da rede de contágio: k = 3.



Estrutura da rede de contágio: k = 3. Epidemia agressiva $(p \approx \frac{1}{2})$.



Estrutura da rede de contágio: k = 3. Epidemia muito menos agressiva $(p \ll \frac{1}{2})$.



$$R_0 = p * k$$

Material bibliográfico

M. Keeling and K. Eames: "Networks and epidemic models" (2005).

Dúvidas

Dúvidas?