

**ESTUDIO DE LA TRASMISIÓN DE UNA EPIDEMIA EN REDES ALEATORIAS
TIPO ERDÖS-RENYI Y BARABASI-ALBERT**

**TATIANA MILENA HERNÁNDEZ NOVOA
ANGIE CAMILA URREGO MENDIVELSO**

**UNIVERSIDAD DE LOS LLANOS
FACULTAD DE CIENCIAS HUMANAS Y DE LA EDUCACIÓN
ESCUELA DE PEDAGOGÍA Y BELLAS ARTES
LICENCIATURA EN MATEMÁTICAS Y FÍSICA
VILLAVICENCIO
2022**

**ESTUDIO DE LA TRASMISIÓN DE UNA EPIDEMIA EN REDES ALEATORIAS
TIPO ERDÖS-RENYI Y BARABASI-ALBERT**

TATIANA MILENA HERNÁNDEZ NOVOA

Código: 141003407

ANGIE CAMILA URREGO MENDIVELSO

Código:141003415

**Informe final en modalidad trabajo de grado presentado como requisito para optar al título
de Licenciado en Matemáticas y Física**

Director:

ALEXANDER SANTOS NIÑO

Magister en Ciencias Física

**UNIVERSIDAD DE LOS LLANOS
FACULTAD DE CIENCIAS HUMANAS Y DE LA EDUCACIÓN
ESCUELA DE PEDAGOGÍA Y BELLAS ARTES
LICENCIATURA EN MATEMÁTICAS Y FÍSICA
VILLAVICENCIO**

2022

AUTORIDADES ACADÉMICAS

CHARLES ROBIN AROSA CARRERA

Rector

MONICA SILVA QUICENO

Vicerrectora Académica

GIOVANNY QUINTERO REYES

Secretario General

FERNANDO CAMPOS POLO

Decano de la Facultad Ciencias Humanas y de la Educación

CLAUDIO VINICIO VÉLEZ SUÁREZ

Director de la Escuela de Pedagogía y Bellas Artes

ARTURO ALEXANDER CASTRO GALVIS

Director del Programa de Licenciatura en Matemáticas y Física

NOTA DE ACEPTACIÓN

Aprobado en cumplimiento de los requisitos exigidos por la Universidad de los Llanos para optar al título de Licenciado en Matemáticas y Física. En constancia de lo anterior, firman:

ARTURO ALEXANDER CASTRO GALVIS

Director del programa de Licenciatura en Matemáticas y Física

CRISTIAN ESPÍCIA MORILLO

Evaluador

DEICY VILLALBA REY

Evaluador

ALEXANDER SANTOS NIÑO

Director del Trabajo de grado

Villavicencio, 11 de Noviembre del 2022

AGRADECIMIENTOS

Inicialmente queremos agradecer a nuestros padres Genaldo, Milena, Isabel, Albeiro. También a Mauricio ya que ha sido como un padre y, a Marcela, quien me ha acompañado desde el inicio. A cada uno de ellos por estar en cada momento de dificultad y alegría a lo largo de nuestra carrera universitaria, lo cual ha sido fuente de motivación y perseverancia, ya que con sus consejos y enseñanzas nos ha permitido continuar este proceso. De tal manera, agradecemos su apoyo incondicional y comprensión con nosotras, porque no ha sido un camino fácil.

A nuestros amigos Jose, Keven, Wilder y Jorge, quienes han sido un apoyo académico porque dedicaron parte de su tiempo para ayudarnos a superar ciertas dificultades; y emocional, dado que nos brindaron un amistad sincera y un refugio cuando más lo necesitamos y nos motivaron a seguir adelante con la carrera universitaria.

A nuestro director de trabajo de grado a quien admiramos por su vocación docente y que con su tiempo, dedicación y paciencia nos ha guiado de la mejor manera para llevar a cabo este proceso.

A mi compañera de trabajo de grado con quien he compartido a lo largo de la carrera y también durante el proceso de este proyecto, por comprenderme, motivarme y formar un lazo de amistad.

TABLA DE CONTENIDO

INTRODUCCIÓN	10
1 MARCO REFERENCIAL	13
1.1 Redes	13
2 MATERIALES Y MÉTODOS	17
3 RESULTADOS Y ANÁLISIS	18
3.1 Modelos de configuración.	18
3.2 Distribución de exceso de grado.	27
3.3 Modelos compartimentales de propagación de la infección	29
3.4 Modelos epidemiológicos en redes.	36
3.5 Modelo SIR y el modelo de configuración.	43
4 CONCLUSIONES	48
BIBLIOGRAFÍA	50
ANEXOS	52
RESUMEN ANALÍTICO ESPECIALIZADO	54

LISTA DE FIGURAS

1	Ejemplo de diferentes tipos de grafos a) no direccionados, b) dirigidos, c) grafos bipartitos y d) grafos ponderados.	15
2	Rutas y caminos: a) Geodésica del nodo Alex al nodo Arturo, b) Un camino que va del nodo Alex al nodo Arturo, c) Una ruta que va del nodo Alex al nodo Arturo . .	15
3	En este grafo con tres componentes diferenciadas por colores	16
4	Código de generador de grafos aleatorios en el modelo de configuraciones.	19
5	Ejemplo de configuración	19
6	Tres realizaciones del mismo modelo de configuración	20
7	Código de probabilidad de vínculo entre dos nodos de la red.	22
8	Distribución de probabilidad de número de vínculos entre dos nodos fijos de una misma configuración para diferentes realizaciones	22
9	Código del valor esperado del número de multivínculos en la red.	25
10	Distribución de número de multivínculos calculado para 300 realizaciones de una misma configuración	26
11	Ejemplo modelo de configuración	27
12	La clásica curva de crecimiento logístico del modelo epidémico SI para tres diferentes razones de trasmisión	31
13	Evolución temporal del modelo SIR	36
14	Metodología de modelo de percolación de vínculos, los nodos verdes representan individuos susceptibles y los rojos son los individuos infectados	38
15	Código para el cálculo de la fracción de infectados en una red aleatoria tipo Erdős Rényi.	39
16	Script para calcular la relación entre el porcentaje de infectados y la razón de transmisión en una red aleatoria tipo Erdős Rényi	40
17	Fracción de infectados en un sistema para diferentes probabilidades de infección en una red aleatoria tipo Erdos Rényi de $n = 1000$ nodos y $p = 0.005$ probabilidad de conexión	41
18	Código para el cálculo de la fracción de infectados en una red aleatoria tipo Barabasi-Albert.	42
19	Script para calcular la relación entre el porcentaje de infectados y la razón de transmisión en una red aleatoria tipo Barabasi-Albert.	42
20	Fracción de infectados en un sistema para diferentes probabilidades de infección en una red aleatoria de acoplamiento preferencial tipo Barabasi-Albert de $n = 1000$ nodos	43
21	Tamaño de una epidemia en un gráfico aleatorio de Poisson	47

LISTA DE TABLAS

- 1 Ejemplo de algunas medidas para dos redes de coautoría académica y una instantánea de la estructura de Internet a nivel del sistema autónomo 29

INTRODUCCIÓN

Según la Organización Mundial de la Salud, la COVID-19 es una enfermedad infecciosa causada por el Coronavirus que se propagó inesperadamente a nivel mundial debido a su largo tiempo de incubación, de 2 a 14 días, y los síntomas, que se pueden confundir con una neumonía simple y en algunas ocasiones causa una enfermedad alveolar masiva (Organización Mundial de la Salud, 2020; Singhal, 2020; Villegas-Chiroque, 2020). Para analizar este tipo de infecciones, usualmente se utilizan los modelos epidemiológicos compartimentales, como el modelo SI y el modelo SIR , estos dependen del número de reproducción R_0 que representa el promedio de individuos que contraerán la enfermedad de una persona contagiada (Rock y col., 2014). Estos modelos compartimentales suponen una acción en masa, es decir, la probabilidad de tener contacto con un infectado es la misma para todos los individuos del sistema. Sin embargo, se han construido modelos de epidemias que se propagan a través de una red de contactos los cuales permiten calcular la probabilidad de infección de cada individuo (Pastor-Satorras & Vespignani, 2001).

En general, los diferentes tipos de modelos epidemiológicos tienen como objetivo describir el proceso de transmisión de una enfermedad (Li, 2018). Habitualmente consideran un sistema cerrado, ya que los procesos de cambio demográfico suelen presentarse en términos de decenas de años y en general responden a preguntas como ¿qué causa la epidemia?, ¿Cómo crece el número de infectados en el transcurso del tiempo? y al final de la infección ¿Cuántos individuos fueron infectados?(Diekmann & Heesterbeek, 2000).

Como se mencionó anteriormente una forma de analizar la evolución temporal de las epidemias son los modelos compartimentales, donde se asigna una letra al estado de salud de cada individuo dividiendo la población en grupos disyuntos (Li, 2018), (Diekmann & Heesterbeek, 2000). El modelo compartimental más básico considera dos grupos rotulados con las letras S e I (susceptible-infectado) contando con un solo estado de infección, de tal manera que finalmente toda la población es infectada (Newman, 2018). Otro modelo, ampliamente conocido, es el desarrollado por Kermack y McKendrick, quien incluye el estado recuperado identificado con la letra R y en cuyos resultados existe un pico epidemiológico que es observado empíricamente (Kermack & McKendrick, 1927). Además, se han planteado modelos que describen otros procesos de propagación como el SIS (que supone un individuo recuperado no mantiene la inmunidad ante la enfermedad y puede enfermarse nuevamente), el SIRS (donde la persona que se recupera obtiene una inmunidad temporal y después de algún tiempo vuelve al estado susceptible) y recientemente, el SIDARTHE aplicado específicamente para modelar la propagación del virus COVID-19 en Italia (Giordano y col., 2020).

Para el comportamiento dinámico de la enfermedad, en Colombia se emplearon los modelos com-

partimentales SIR y SEIR, donde se proponen los estados E y R, que presentan individuos expuestos y recuperados respectivamente. En el primer estudio se determinó la necesidad de una mayor capacidad diagnóstica para establecer la red de contactos y desinfectar zonas pobladas y hogares (Manrique-Abril y col., 2020). El segundo estudio aplicó el modelo usando el número básico de reproducción más alto registrado y la letalidad calculada para la ciudad de Cali, sin embargo, se descartaron los resultados del modelo por el hecho de ser deterministas y por lo tanto imprecisos (Ortega-Lenis y col., 2020).

En este sentido los modelos epidemiológicos en redes son más adecuados, no solo por considerar procesos estocásticos sino porque los compartimentales no describen de manera específica la propagación por individuo, esto debido al hecho de considerar una acción en masa, donde todos los individuos tienen la misma probabilidad de contraer la enfermedad (Nesterov y col., 2020). Las redes reales, que han sido ampliamente estudiadas, se caracterizan por tener propiedades estructurales. Principalmente se consideran tres, la primera esta relacionada con el hecho de que se necesitan en promedio una cantidad pequeña de contactos para comunicar un par de nodos en la red, esto se conoce como propiedad de mundo pequeño (Travers & Milgram, 2011). La segunda indica que la distribución de estos contactos tiene un comportamiento de libre escala, es decir su función densidad tiene una forma de ley de potencias (Barabási & Bonabeau, 2003). Y la tercera, señala que si un individuo tiene dos contactos es muy probable que estos dos se relacionen, lo que se conoce como alto índice de clusterización.

Actualmente, se tiene suficiente información para establecer el modelo compartimental que mejor se ajusta al comportamiento de la enfermedad y se puede establecer la red de contactos de los individuos con aplicaciones como CoronApp en Colombia (Moreno y col., 2002) o ImmuniApp en Italia (Quarteroni, Parolini y col., 2020). En el presente trabajo se estudia la dependencia de la probabilidad de transmisión ϕ en redes con respecto a la fracción de individuos infectados al final de la epidemia. Para esta tarea, en primer lugar se estudia el modelo de configuraciones, el cual es uno de los más importantes en el estudio de redes porque combina de manera adecuada el realismo y la simplicidad. Éste se caracteriza porque permite construir una red con una distribución de grado específica y al mismo tiempo calcular su distribución de grado de exceso. Seguidamente, se exponen los principales modelos compartimentales, se definen los modelos epidemiológicos en redes y se realiza una simulación que calcula la fracción de infectados al final de la epidemia para diferentes probabilidades de transmisión en una red de acoplamiento preferencial tipo Barabasi-Albert. Finalmente, calculamos teóricamente la dependencia de la fracción de infectados con respecto a la probabilidad de transmisión en un modelo de configuraciones.

Este documento se organiza de la siguiente forma: En primer lugar, el marco referencial muestra una

introducción a la teoría redes. Seguidamente, se describe la metodología de la investigación para luego presentar los resultados y análisis, estos últimos se dividen en modelos compartimentales y modelos en redes. Finalmente, se exponen las conclusiones y recomendaciones.

1. MARCO REFERENCIAL

1.1. REDES

Las redes son construcciones relacionales entre vínculos o aristas (m) que se unen por medio de nodos o vértices (n) y se encargan de capturar el patrón de interacciones entre las partes de un sistema. El estudio empírico incluye trabajos en redes tecnológicas, sociales, informáticas y biológicas, en todas ellas se establece la creación de una matriz de adyacencia y se construye un grafo. La matriz de adyacencia está constituida de elementos A_{ij} que representan las relaciones entre los nodos i y j , mientras que el grafo es el conjunto de vértices y aristas (Newman, 2018; Sanz Menéndez, 2003).

1.1.1. Propiedades de las redes

Un primer paso para estudiar la estructura de una red es hacer una imagen de ella, es decir, un gráfico. La visualización directa es realmente útil para redes de unos pocos, cientos o miles de nodos, sin embargo, para redes complejas, cuando hay millones de nodos, se utilizan técnicas más avanzadas que incluyen una serie de herramientas novedosas que permiten realizar medidas y calcular propiedades que ayudan a analizar fenómenos relacionados con el sistema (Newman, 2018). Las propiedades de la redes son aquellas características que son objeto de análisis desde el ARS (análisis de redes sociales), las cuales se pueden dividir en: las componenciales, relacionales y estructurales (Aguirre, 2011).

- **Propiedades componenciales:** Esta propiedad identifica las cualidades que tienen los distintos actores o subconjuntos en la red, por ejemplo, estrato socio-económico, raza, edad, género, etc. Una de las características de las redes reales es que en ellas se presenta un fenómeno conocido como homofilia, en el que las personas son más propensas a mantener relaciones con personas que son similares a ellas mismas o tienen el mismo conjunto de propiedades componenciales (Jackson, 2010).
- **Propiedades relacionales:** Permite conocer la naturaleza de las relaciones en la red, es decir, los vínculos entre nodos, que pueden ser transacciones entre agentes, contactos entre personas, citas de artículos, conexiones de routers, etc.
- **propiedades estructurales:** Estas propiedades comprenden la red entera, es decir, los nodos y vínculos como un todo. Una de las más conocidas son las distribución de grado, que se

refiere al número de vínculos que tiene un nodo. Los ejemplos más usados incluyen el índice de clusterización, el grado de intervención y la centralidad de grado.

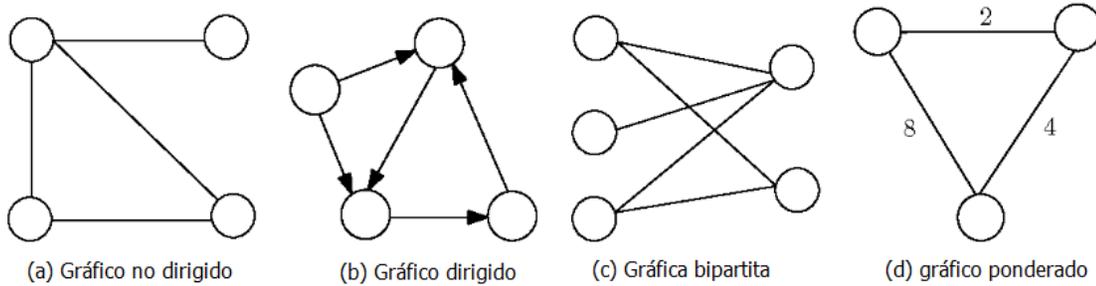
1.1.2. Tipos de redes

Redes ponderadas Las redes ponderadas asignan un peso a cada relación establecida entre nodos, es decir, los vínculos se pueden considerar como sistemas de fuerza. Estas redes ponderadas o valoradas pueden representarse matemáticamente por una matriz de adyacencia con los elementos A_{ij} correspondientes a valores de fuerza entre nodos (Mastrandrea y col., 2014; Newman, 2018).

Redes dirigidas En una red dirigida cada uno de los vínculos tiene una dirección apuntando de un nodo a otro. Este conjunto de vínculos o bordes, se representan en una matriz de adyacencia A_{ij} indicando su dirección desde el segundo índice hasta el primero. De modo que es una red asimétrica, ya que la existencia de un borde i a j no indica necesariamente un nuevo borde de j a i (Newman, 2018). Los nodos que solo tengan vínculos hacia otros nodos se consideran fuentes y los que solo tienen vínculos hacia el mismo nodo se conocen como sumideros (Karrer & Newman, 2009).

Redes bipartitas Están conformadas por dos clases de nodos y solo se construyen relaciones entre nodos de diferente tipo. Los vértices de una red bipartita se pueden dividir en dos conjuntos disjuntos de modo que no haya dos vértices dentro del mismo conjunto adyacente. Generalmente las redes bipartitas son utilizadas para representar redes de afiliación en la que se evidencia la pertenencia de un conjunto de personas u objetos en ciertos grupos. De esta manera, las personas se simbolizan con un conjunto de nodos, los grupos con el otro y los vértices son los encargados de unir a las personas con sus respectivos grupos. El uso de estos gráficos es conveniente ya que su aplicación es amplia y podría decirse que las redes bipartitas son el caso empíricamente estándar para las redes sociales y otras redes de interacción (Barber, 2007; Newman, 2018).

Figura 1: Ejemplo de diferentes tipos de grafos a) no direccionados, b) dirigidos, c) grafos bipartitos y d) grafos ponderados.



Fuente: Mallioros y Vazirgi, 2013.

1.1.3. Rutas y caminos

Un camino es una secuencia de vértices y nodos que tienen un nodo de origen y un nodo final. Las rutas son caminos que no repiten ni vínculos, ni nodos, de tal manera que puedo definir la geodésica como la ruta más corta entre dos nodos i y j . Si la longitud del camino más corto entre dos nodos es infinito, quiere decir que no existe un camino que conecte los dos nodos. El promedio de todas las geodésicas posibles de un grafo me da información de qué tan compacta es la red (Molina, 2004; Newman, 2018).

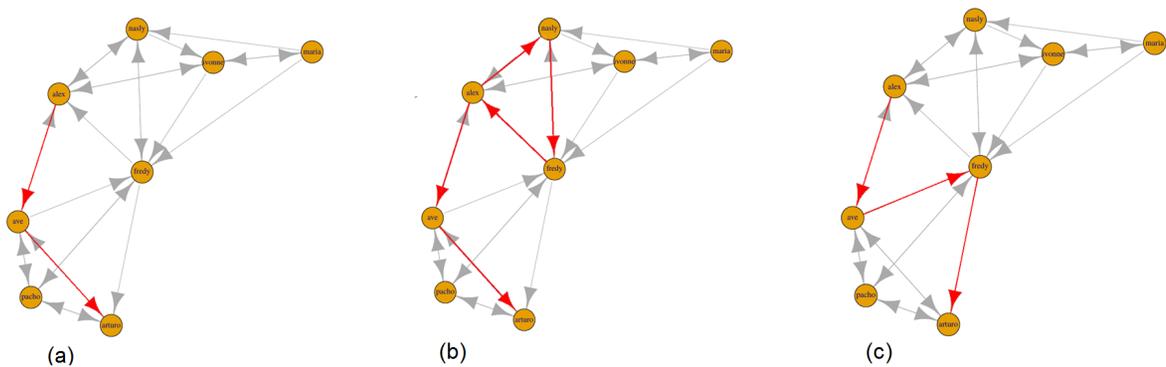
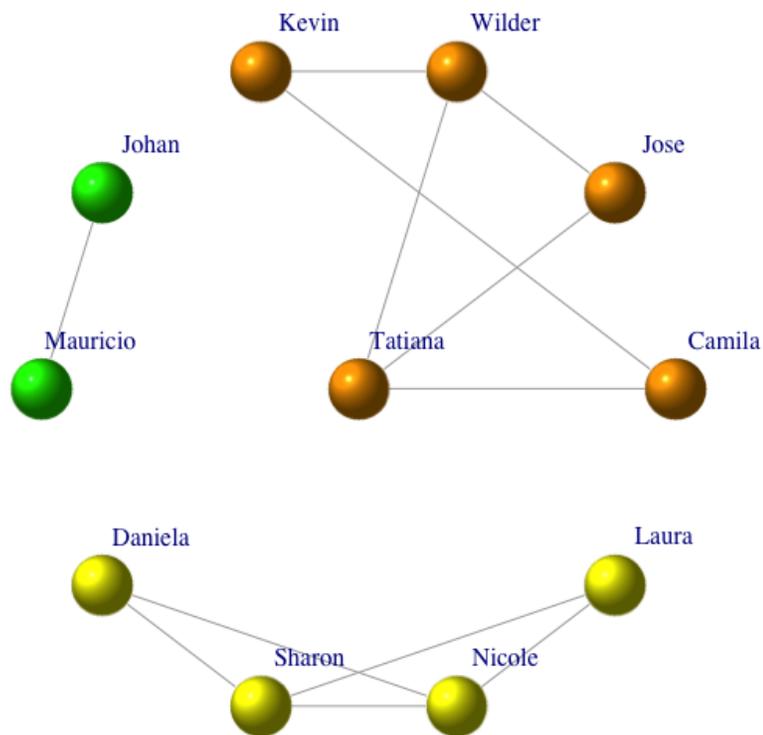


Figura 2: Rutas y caminos: a) Geodésica del nodo Alex al nodo Arturo, b) Un camino que va del nodo Alex al nodo Arturo, c) Una ruta que va del nodo Alex al nodo Arturo

1.1.4. Componentes

Una red no necesariamente se reduce a un único conjunto de nodos conectados, dado que existen redes que cuentan con dos o más partes separadas que están desconectadas entre sí, las cuales se conocen como componentes. Es decir, los componentes son un subconjunto de los nodos de una red, de modo que existe al menos una ruta desde cada miembro de ese subconjunto a otro miembro (Newman, 2018).

Figura 3: En este grafo con tres componentes diferenciadas por colores



2. MATERIALES Y MÉTODOS

Esta investigación tiene un enfoque cuantitativo, en la que programamos simulaciones para validar modelos epidemiológicos. Los datos, resultado de las simulaciones son usados para confirmar o descartar hipótesis y establecer patrones de comportamiento.

En específico se plantea la siguiente ruta de trabajo

- Analizar las propiedades de los modelos de configuración y encontrar una expresión que indique la distribución de probabilidad de exceso de primeros vecinos.
- Solucionar numéricamente las ecuaciones diferenciales asociadas a los modelos SI y SIR.
- Con ayuda del paquete *igraph*(Csardi, Nepusz y col., 2006), que proporciona un conjunto de tipos de datos y funciones para implementación de algoritmos de análisis de redes, construir una simulación que calcule la proporción de infectados al final de la epidemia para redes aleatorias tipo Erdős Rényi y Barabasi-Albert
- Usar la distribución de probabilidad de exceso de primeros vecinos para encontrar el número promedio de infectados al final de una epidemia en redes aleatorias construidas a partir del modelo de configuraciones.

3. RESULTADOS Y ANÁLISIS

3.1. MODELOS DE CONFIGURACIÓN.

Uno de los objetivos del análisis de redes es crear modelos que imiten propiedades de redes reales, ya que se pueden estudiar escenarios singulares aplicados al flujo de tráfico, la propagación de una enfermedad o la evolución de un sistema dinámico; un modelo que combina la simplicidad y el realismo para cumplir esta tarea se conoce como modelo de configuración, en el cual se genera un tipo de gráfico aleatorio sofisticado que puede tener cualquier distribución de grado y ser aplicado a redes complejas.

Este modelo es uno de los más estudiados en los grafos aleatorios, porque incluye una característica que no tiene los modelos aleatorios Erdős Rényi $G(n, m)$ y $G(n, p)$ en cuanto a su distribución de grado, ya que estos últimos siempre toman la forma de una distribución de Poisson. Este modelo es en realidad una secuencia de grados, en lugar de una distribución de grados, es decir, se especifica la distribución de grado exacta de la red, en lugar de estudiar la distribución de probabilidad resultante a partir de una secuencia de nodos y vínculos. Debido a que en este modelo se especifica el grado de cada nodo, el número de vínculos resulta ser la mitad de la suma de los grados individuales, expresándose de la siguiente manera:

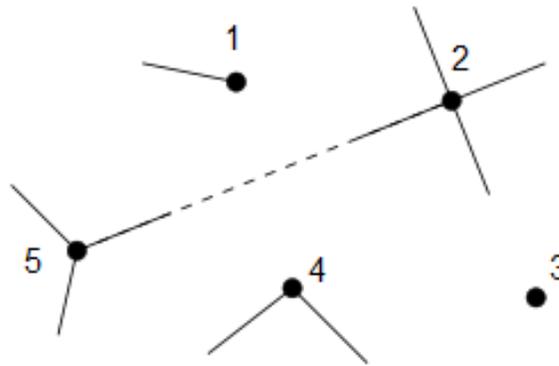
$$m = \frac{1}{2} \sum_i k_i. \quad (3.1)$$

Por tanto, este modelo es de alguna manera análogo al modelo de grafo aleatorio $G(n, m)$, que también fija el número de vínculos en la red. Sin embargo, es bastante simple modificar el modelo de configuración para casos en los que solo se conoce la distribución de grado y no la secuencia exacta de grado (Newman, 2018)

Figura 4: Código de generador de grafos aleatorios en el modelo de configuraciones.

```
1 g<-degree.sequence.game(c(1, 4, 0, 2, 3));
```

Figura 5: Ejemplo de configuración



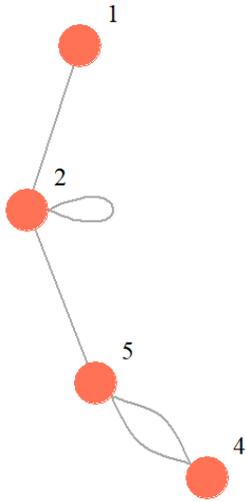
Fuente: NEWMAN, Mark. Networks. Oxford university press, 2018.

Como se observa en la figura 1 cada nodo contiene un número de trozos o vínculos medios iguales al grado definido en el modelo de configuración. El grado de cada nodo corresponde a k_i con $i = 1 \dots n$, por lo tanto hay $\sum_i k_i = 2m$ trozos en total, donde m es el número total de vínculos. En este sentido, el modelo de configuraciones se define como un conjunto de coincidencias en el que cada emparejamiento de la secuencia de grados elegida tiene la misma posibilidad de realización y cualquier otra secuencia de grados tienen probabilidad cero. Es decir, una posible configuración del modelo de la figura 1, (Newman, 2018)

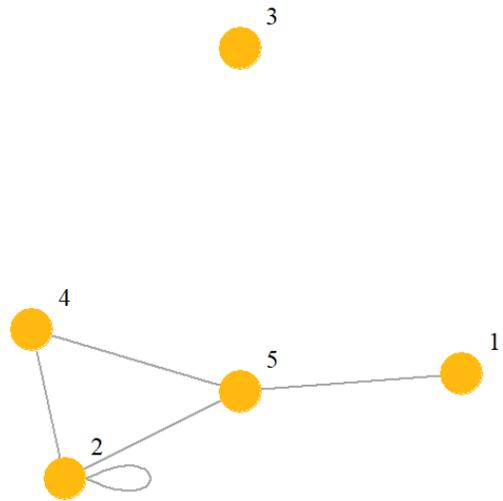
Para crear un grafo con una secuencia de grados establecida es posible usar el paquete "igraph" mediante el comando *degree.sequence.game* cuyo argumento es un vector de números enteros que indican el grado de cada nodo en el modelo de configuraciones. Por ejemplo, para establecer un grafo con la configuración de la figura 1 se declara la siguiente línea de comandos: Existen dos requisitos para generar este tipo de redes aleatorias, el primero es que debe existir un número par de trozos, esto significa que, tanto la secuencias de grados como la expresión $\sum_i k_i$, deben sumar un número par, de lo contrario existe un vínculo que no se puede emparejar. Además, la red puede presentar auto-vínculos, múltiples vínculos o ambos, como se muestra en la figura 2, sin embargo para redes con un gran tamaño, la densidad de auto-vínculos y múltiples vínculos en el modelo de

configuración tiende a cero, como se demuestra en la siguiente sección.

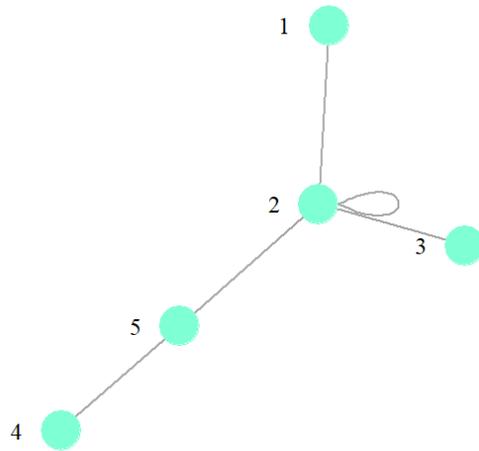
Figura 6: Tres realizaciones del mismo modelo de configuración



(a): Primera Realización



(b): Segunda Realización



(c): Realización con probabilidad cero

3.1.1. Probabilidad de vínculo en el modelo de configuración

Para calcular la probabilidad de que dos nodos i y j en la red se conecten es necesario que sus grados k_i y k_j sean diferentes de cero, ya que si alguno de los dos nodos fuera aislado la probabilidad de conexión sería nula. Dado que existen $2m$ trozos en el modelo de configuraciones, un trozo del nodo i puede conectarse con los restantes $2m - 1$ de la red, de estos, k_j pertenecen al nodo j . Por lo tanto, para calcular la probabilidad los casos favorables corresponden a k_j y los casos posibles a $2m - 1$.

$$\frac{k_j}{2m - 1}. \quad (3.2)$$

Como hay k_i trozos pertenecientes al nodo i , cada uno de ellos puede conectarse al nodo j independientemente, de esta forma, evaluamos la probabilidad como sucesos mutuamente excluyentes, obteniendo la expresión:

$$p_{ij} = \frac{k_i k_j}{2m - 1}. \quad (3.3)$$

Para corroborar este cálculo se realizó una simulación que es implementada en R. El código que se muestra en la figura 4 utiliza el comando `degree.sequence.game` para encontrar el valor esperado del número de vínculos entre los nodos n_5 y n_{10} de una red de 20 nodos. Como la condición para emplear dicho comando es que el número total de trozos sea par, es necesario encontrar un vector de 20 posiciones donde la suma de valores sea par, ya que cada posición representa el número de trozos de un nodo. Así, definimos el vector de trozos entre las líneas 1 y 5 del código mostrado en la figura 7, en el que usamos un bucle que determina un vector de 20 posiciones con números aleatorios uniformemente distribuidos entre 1 y 10 cuya suma es par.

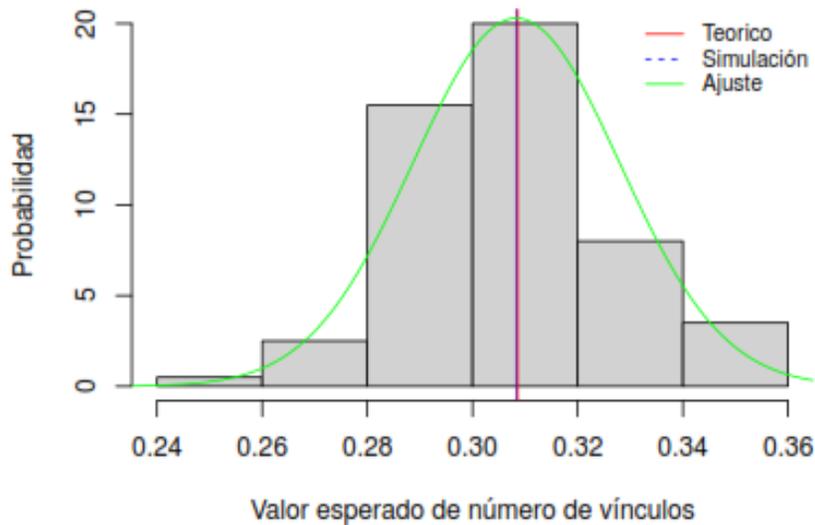
Al aplicar la función `degree.sequence.game` al vector *trozos* se genera un grafo que corresponde a una realización del modelo de configuraciones, es decir, se unen aleatoriamente y por pares los trozos de la configuración. Luego, para encontrar el número de vínculos entre los nodos n_5 y n_{10} se usa el comando `g[5][10]`. Entre las líneas 9 y 18 de la figura 4 se calcula el valor esperado del número de vínculos entre los nodos n_5 y n_{10} mediante la frecuencia relativa, cuantificando el número de vínculos para una muestra de 1000 diferentes realización de la configuración de trozos inicial.

El programa calcula este valor esperado 500 veces y, teniendo en cuenta el teorema de límite central, la distribución de promedios se debe ajustar a una distribución normal como efectivamente se muestra en la figura 8.

Figura 7: Código de probabilidad de vínculo entre dos nodos de la red.

```
1 a <- 1
2 while (a%2 !=0) {
3   trozos <- sample(1:10, 20, replace=TRUE)
4   a<- sum(trozos)
5 }
6 repeticiones<-500
7 muestra <- 1000
8
9 resultado <- rep(0, repeticiones)
10 for(j in 1:repeticiones){
11   probabilidadij <- 0
12   for (i in 1:muestra) {
13     g <- degree.sequence.game(trozos)
14     probabilidadij <- probabilidadij + g[5][10]
15   }
16   resultado[j] <- probabilidadij/muestra
17 }
18 NumeroEsperado=mean(resultado)
```

Figura 8: Distribución de probabilidad de número de vínculos entre dos nodos fijos de una misma configuración para diferentes realizaciones



En el límite de $m \gg 1$ podemos ignorar el -1 en el denominador y por lo tanto la probabilidad de conexión está dada por

$$p_{ij} = \frac{k_i k_j}{2m}, \quad (3.4)$$

Una vez fijamos un vínculo entre los nodos i y j , el número de trozos disponibles k_i y k_j en cada nodos se reduce en uno y, por tanto, la probabilidad de tener un segundo vínculo que una a los nodos i y j , está dada por la misma expresión pero con el grado reducido en uno, es decir:

$$(k_i - 1)(k_j - 1)/2m, \quad (3.5)$$

Por lo tanto, la probabilidad de tener (al menos) dos vínculos que unan los nodos i y j es

$$\frac{k_i k_j (k_i - 1)(k_j - 1)}{(2m)^2}, \quad (3.6)$$

Sumando esta probabilidad sobre todos los pares de nodos y dividiéndolos por dos (para evitar el doble conteo), encontramos el número de vínculos múltiples en la red, es decir, la cantidad de veces que se conectan dos nodos en la red es

$$\frac{k_i k_j (k_i - 1)(k_j - 1)}{(2m)^2} = \frac{1}{2(2m)^2} \sum_{ij} k_i k_j (k_i - 1)(k_j - 1),$$

Se agrega $1/2$ en la ecuación para evitar el doble conteo de pares de nodos, además, se utiliza la propiedad del producto para sumatorias, la cual permite sacar la constante de la operación.

Teniendo en cuenta que $\langle k \rangle$ y $\langle k^2 \rangle$ son el primer y segundo momento de la distribución de grados y empleando $2m = \langle k \rangle n$, se obtiene

$$\frac{1}{2\langle k \rangle^2 n^2} \sum_i k_i (k_i - 1) \sum_j k_j (k_j - 1),$$

Como k_i depende sólo de i y k_j depende sólo de j . Es posible separar la sumatoria para cada factor y aplicar la propiedad del producto para sumatorias dobles, quedando de la siguiente manera.

$$\frac{1}{2n^2 \langle k \rangle^2} \sum_{ij} k_i (k_i - 1) k_j (k_j - 1),$$

Realizando una distribución en los términos de k_i , k_j y utilizando la propiedad de la sumatorias

para la suma, se obtiene

$$\frac{1}{2n^2\langle k \rangle^2} \left(\sum_i k_i^2 - \sum_i k_i \right) \left(\sum_j k_j^2 - \sum_j k_j \right),$$

Como

$$\langle k \rangle = \frac{1}{n} \sum_i k_i, \quad \langle k^2 \rangle = \frac{1}{n} \sum_i k_i^2, \quad (3.7)$$

Despejando los factores k_i y k_j de la ecuación 3.7 y reemplazado en las sumatorias anteriores, se obtiene

$$= \frac{1}{2n^2\langle k \rangle^2} (n\langle k^2 \rangle - n\langle k \rangle)(n\langle k^2 \rangle - n\langle k \rangle),$$

Se realiza una factorización para reducir términos y luego, se simplifica el factor n , quedando de la siguiente manera

$$\frac{1}{2n^2\langle k \rangle^2} n^2 (\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle)^2 = \frac{1}{2} \frac{(\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle)^2}{\langle k \rangle^2},$$

De modo que el valor esperado del número de multivínculos $\langle MV \rangle$ en la red es:

$$\langle MV \rangle = \frac{1}{2n} \left[\frac{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}{\langle k \rangle} \right]^2. \quad (3.8)$$

Este resultado indica que el valor esperado del número de multivínculos permanece constante a medida que la red crece, siempre y cuando $\langle k^2 \rangle$ sea constante y finita, además el valor esperado de multivínculos decrece como $1/n$, es decir tiende a cero para redes de gran tamaño

Para confirmar numéricamente este resultado, se presenta un programa en R que calcula el valor esperado del número de multivínculos de una red aleatoria. La figura 6 muestra el código que se implementó cuyo encabezado, en las cinco primeras líneas, define una configuración de N nodos con una distribución uniforme de trozos definida entre 1 y 10; de la misma manera que se hizo en el algoritmo para calcular el valor esperado del número de vínculos entre dos nodos de la red. Luego, entre las líneas 9 y 18, se calcula el número de multivínculos de que tiene una muestra de 300 realizaciones con la misma configuración de trozos. La muestra se almacena como un vector rotulado por la variable `resultado[i]`, mostrado en la línea 29.

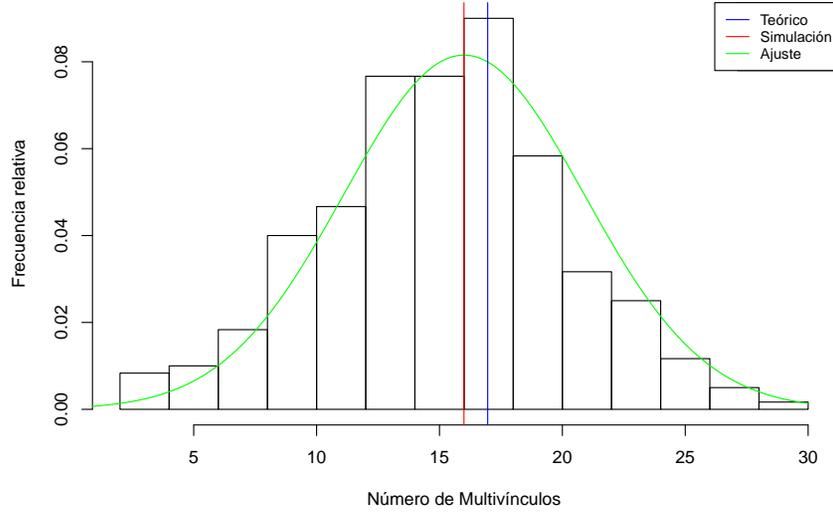
El resultado, que se muestra en la figura 9, muestra una distribución normal alrededor del valor promedio, el cual resulta siendo cercano al teórico dado por la ecuación 3.8. Contrario a lo observado

Figura 9: Código del valor esperado del número de multivínculos en la red.

```
1 a <- 1
2 N <- 100
3 while (a%2 !=0) {
4   trozos <- sample(0:10, N, replace=TRUE)
5   a<- sum(trozos)
6 }
7 muestra<-300
8 dobles <- 0
9 resultado <- rep(0,muestra)
10 for (i in 1:muestra) {
11   dobles <- 0
12   g <- degree.sequence.game(trozos)
13   for(j in 1:length(V(g))){
14     for(k in 1:length(V(g))){
15       if(g[j][k]>1 && j!=k)
16         dobles <- dobles+g[j][k]
17     }
18   }
19   dobles <- dobles/2
20   resultado[i]=dobles
21 }
22 teorico=0.5*((sum(trozos^2)/N-mean(trozos))/mean(trozos))^2
```

al analizar el número de vínculos entre dos nodos fijos de la red, esta distribución no es la esperada, ya que no es una distribución de promedios y por lo tanto no se puede analizar a la luz del teorema de límite central. Este resultado es nuevo para la literatura pero no es uno de los objetivos del trabajo, así que se propone profundizar en esta relación en trabajos posteriores.

Figura 10: Distribución de número de multivínculos calculado para 300 realizaciones de una misma configuración



Asimismo, para calcular el valor esperado del número de autovínculos en la red, se utiliza la ecuación 3.6 teniendo en cuenta dos condiciones: la primera es que un trozo del nodo i se puede conectar a los $k_i - 1$ restantes, y la segunda es que, al aplicar la ecuación 3.6 directamente, se divide el resultado por dos para evitar un doble conteo de los posibles vínculos. Este procedimiento es el mismo que el usado para encontrar una combinatoria de 2 elementos escogidos de un total de k_i trozos del nodo i , de la siguiente manera

$$\binom{k_i}{2} = \frac{k_i!}{(k_i - 2)!2!} = \frac{\cancel{(k_i - 2)!}(k_i - 1)(k_i)}{\cancel{(k_i - 2)!}2!} = \frac{k_i(k_i - 1)}{2}, \quad (3.9)$$

Teniendo en cuenta que los eventos posibles son $2m - 1$, que podemos aproximar a $2m$ para redes compuestas por muchos nodos, la probabilidad de que el nodo i se conecte con él mismo es igual a:

$$p_{ii} = \frac{1}{2} \frac{k_i(k_i - 1)}{2m}, \quad (3.10)$$

Para encontrar el número esperado de nodos con auto-vínculos se suma la anterior expresión sobre todos los nodos de la red

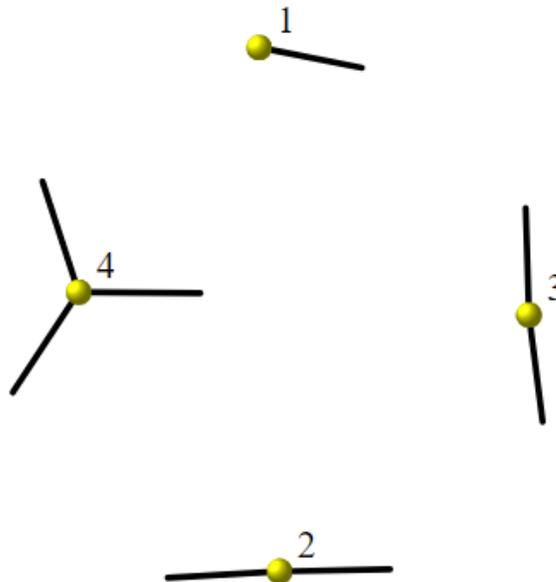
$$\sum_i p_{ii} = \sum_i \frac{k_i(k_i - 1)}{4m} = \frac{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}{2\langle k \rangle}. \quad (3.11)$$

Si el valor esperado $\langle k^2 \rangle$ permanece constante cuando el número de nodos tiende a infinito $n \rightarrow \infty$, la ecuación 3.11 también permanecerá constante, de tal manera que los bordes múltiples y la densidad de auto-bordes en la red irá disminuyendo a una razón de $1/n$ en el límite del tamaño de redes gigantes. Es decir, que para redes compuestas por muchos nodos el número de vínculos dobles y de autovínculos tiende a cero.

3.2. DISTRIBUCIÓN DE EXCESO DE GRADO

Denotamos la distribución de grado de la forma p_k , donde k indica el grado de los nodos, de tal manera que p_k es la fracción de nodos en la red que tiene grado k . A modo de ejemplo, consideramos una red que cuenta con cuatro nodos los cuales se distribuyen de la siguiente manera: un nodo que tiene grado 1; dos nodos con grado 2 y un nodo de grado 3 como se muestra en la figura 11. De esta forma la probabilidad de encontrar un nodo de grado 1 es, $p_1 = \frac{1}{4}$; un nodo de grado 2, es $p_2 = \frac{1}{2}$, y un nodo de grado 3 es $p_3 = \frac{1}{4}$.

Figura 11: Ejemplo modelo de configuración



Para calcular la distribución de grado de los nodos adyacentes a un nodo en particular, es decir, la distribución de grado de exceso, se fija un nodo y se calcula la distribución de sus primeros vecinos. Para un modelo de configuración, un nodo puede estar conectado a np_k nodos con grado k y la probabilidad de conectarse a dichos nodos es $k/(2m-1)$. De esta forma, la probabilidad de que un nodo, escogido aleatoriamente, se conecte con otro de grado k es la probabilidad de conexión $k/(2m-1)$ por la cantidad de nodos que tienen ese grado np_k , es decir:

$$\frac{k}{2m} \times np_k = \frac{kp_k}{\langle k \rangle}, \quad (3.12)$$

Donde $\langle k \rangle$ es el grado promedio de la red igual a $\langle k \rangle = 2m/n$. Así la probabilidad depende del grado k , lo que sugiere que en el modelo de configuraciones es más probable que un nodo se conecte a otro con alto grado que a uno con grado menor. El valor esperado del grado de los primeros vecinos de la red se calcula multiplicando el grado de cada uno de los nodos vecinos por su probabilidad presentada en la ecuación 3.12 y sumando como lo indica la siguiente expresión

$$\sum_k k \frac{kp_k}{\langle k \rangle} = n \langle k^2 \rangle \frac{p_k}{\langle k \rangle} = \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}, \quad (3.13)$$

Este valor esperado del grado de nodos adyacentes $\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle}$ difiere del valor esperado del grado de los nodos de la red $\langle k \rangle$. Para realizar una comparación estudiamos la diferencia entre ellos dos de la siguiente forma:

$$\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} - \langle k \rangle = \frac{1}{\langle k \rangle} (\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle^2) = \frac{\sigma_k^2}{\langle k \rangle}, \quad (3.14)$$

donde hemos usado la definición de varianza $\sigma_k^2 = \langle k^2 \rangle - \langle k \rangle^2$ que es un número no negativo, dado que se encuentra elevado al cuadrado, además el valor esperado del grado de la red también es mayor que cero, lo que implica que $\sigma_k^2 / \langle k \rangle > 0$. Es decir, que si lo anterior se cumple y teniendo en cuenta la ecuación 3.14, tenemos $(\langle k^2 \rangle / \langle k \rangle) - \langle k \rangle > 0$ o

$$\frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} > \langle k \rangle. \quad (3.15)$$

Por lo tanto, el valor esperado del grado de primeros vecinos siempre es mayor que el valor esperado del grado de la red. Esto guarda relación con lo que se conoce como la "paradoja de la amistad", que en términos coloquiales expresa que los amigos de una persona tienen más amigos que ella misma. Es decir, formalmente si se promedia el grado sobre los individuos de la red o sobre sus vecinos deberían coincidir los dos resultados, situación que no ocurre, ya que existe un sobreconteo de los

vecinos de mayor grado, siendo ellos adyacentes a una mayor cantidad de nodos, y al sumar sobre todos los vecinos y promediar, los nodos altamente conectados tienen un mayor peso en el cálculo. Esta situación ha sido comprobada con evidencias empíricas que se muestran en la siguiente tabla (Newman, 2018)

La red	n	Grado medio	Grado vecino promedio	$\langle k^2 \rangle / \langle k \rangle$
Biólogos	1 520 252	15.5	68.4	130.2
matemáticos	253 339	3.9	9.5	13.2
Internet	22 963	4.2	224.3	261.5

Tabla 1: Ejemplo de algunas medidas para dos redes de coautoría académica y una instantánea de la estructura de Internet a nivel del sistema autónomo

Fuente: NEWMAN, Mark. Networks. Oxford university press, 2018.

En el caso de la propagación de epidemias a través de una red nos interesa la distribución de grado de primeros vecinos, excepto el nodo que conduce la epidemia a esa componente. A dicho número se le conoce como el exceso de grado del nodo y es igual al grado total menos uno. Esta probabilidad se puede calcular reemplazando k por $k + 1$ en la ecuación 3.12, siendo q_k la probabilidad de que el primer vecino de un nodo escogido aleatoriamente tenga grado $k + 1$, es decir

$$q_k = \frac{(k + 1)p_{k+1}}{\langle k \rangle}. \quad (3.16)$$

3.3. MODELOS COMPARTIMENTALES DE PROPAGACIÓN DE LA INFECCIÓN

La forma más usual de modelar la propagación de una infección son los modelos compartimentales. En ellos se asigna un estado a las personas que componen el sistema, es decir, la población se divide en compartimientos que dependen del estado de salud del individuo. Cuando una persona es portadora de la enfermedad, adquiere un estado de infección mientras su sistema inmune cumple con la función de contrarrestar la enfermedad. Luego de este tiempo, el individuo puede curarse, morir o quedar en estado crónico de la infección. Estos modelos son llamados modelos compartimentales y brindan una buena guía para modelar la propagación de la enfermedad; los más conocidos son los modelos SI y SIR.

3.3.1. El modelo SI

En este modelo la población se divide en dos estados, cuando alguien aún no tiene la enfermedad se llama susceptible y el portador de la enfermedad se conoce como infectado, este último puede potencialmente transmitirla si entra en contacto con un individuo susceptible. El enfoque de este modelo no tiene en cuenta las redes de contacto, sino que utiliza una aproximación de acción en masa, en la que se supone que cada individuo susceptible tiene la misma probabilidad por unidad de tiempo de estar en contacto con individuos infectados. Si se considera n como el número de individuos en el sistema, S el número de personas susceptibles, I el número de personas infectadas, y β el número de contactos por persona por unidad de tiempo, la probabilidad promedio de que una persona escogida aleatoriamente sea susceptible es S/n , y por tanto una persona infectada tiene contacto con un promedio de $\beta S/n$ personas susceptibles por unidad de tiempo. Ya que hay I individuos infectados en total, la tasa promedio de nuevas infecciones será $\beta SI/n$ y podemos escribir una ecuación diferencial para la tasa de cambio de I , dejando convenientemente las variables que representen la fracción en los dos estados (Newman, 2018; Quintana Cruz y col., 2019):

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI, \quad (3.17)$$

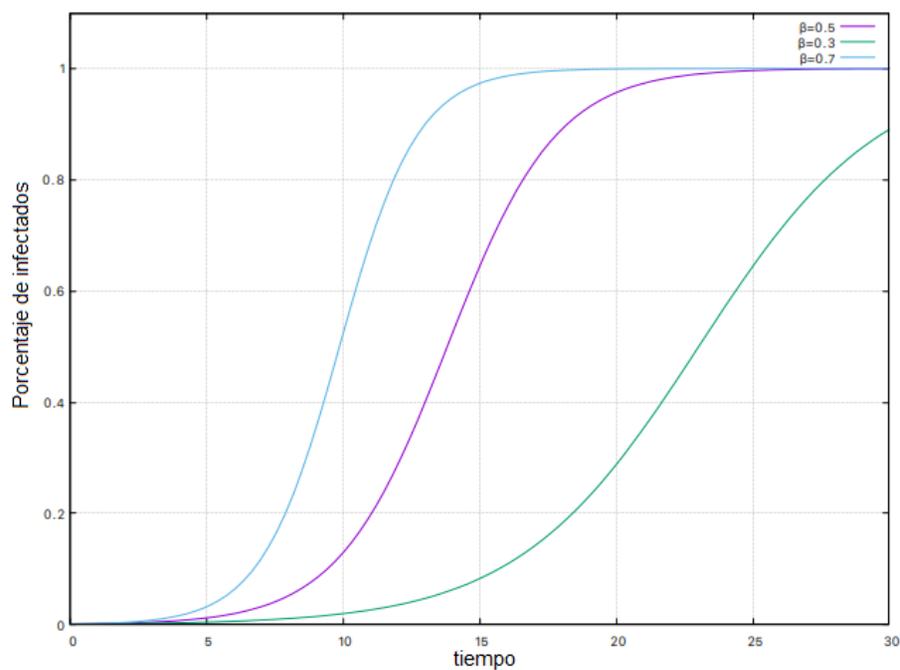
$$\frac{dI}{dt} = \beta SI. \quad (3.18)$$

Donde β se conoce como la razón de transmisión, S el número de individuos susceptibles y I el número de personas infectadas. Como los individuos en el sistema pueden estar solo en dos estados es cierto que $S+I = n$ o equivalente $s+i = 1$ donde s e i son la fracción de individuos susceptibles e infectados respectivamente. La solución al sistema de ecuaciones diferenciales conduce a una ecuación logística de la forma (Newman, 2018):

$$i(t) = \frac{i_0 e^{\beta t}}{1 - i_0 + i_0 e^{\beta t}}. \quad (3.19)$$

Donde i_0 es la fracción de infectados en el tiempo inicial. La gráfica de la ecuación logística muestra la curva que aumenta exponencialmente en tiempos cortos, lo que corresponde a una fase inicial de la enfermedad en la que la mayoría de la población es susceptible; luego, se satura a medida que disminuye el número de susceptibles y la enfermedad tiene cada vez más dificultad para encontrar nuevas víctimas. El resultado del modelo se presenta en la figura 12 y se observa que a mayor razón de transmisión el tiempo en el que se propaga la epidemia a toda la población es menor.

Figura 12: La clásica curva de crecimiento logístico del modelo epidémico SI para tres diferentes razones de trasmisión



3.3.2. Solución de la ecuación logística

Tomando la ecuación 3.19 y teniendo en cuenta que $I + S = n$, podemos obtener la expresión:

$$\frac{dI}{dt} = \beta(n - I)I. \quad (3.20)$$

O dependiente de la fracción de individuos infectados:

$$\frac{di}{dt} = \beta(1 - i)i. \quad (3.21)$$

Para solucionar la ecuación separamos las variables

$$\frac{di}{(1 - i)i} = \beta dt,$$

Integramos a ambos lados de la ecuación

$$\int \frac{di}{(1-i)i} = \beta \int dt,$$

Aplicando uno de los casos de fracciones parciales

$$\int \left(\frac{1}{i} + \frac{1}{1-i} \right) dx = \beta t + c,$$

Solucionando la integral

$$\ln(i) - \ln(1-i) = \beta t + c,$$

Aplicando propiedades de logaritmos:

$$\ln \frac{i}{1-i} = \beta t + c,$$

Empleando la operación inversa

$$\frac{i}{1-i} = Ce^{\beta t}, C > 0,$$

Despejando la fracción de individuos infectados:

$$i(t) = ce^{\beta t} - cie^{\beta t}, i(t) = \frac{ce^{\beta t}}{1 + ce^{\beta t}} = \frac{\frac{i_0 e^{\beta t}}{1-i_0}}{1 + \frac{i_0 e^{\beta t}}{1-i_0}},$$

Se obtiene la solución

$$i(t) = \frac{i_0 e^{\beta t}}{1 - i_0 + i_0 e^{\beta t}},$$

Donde i_0 es el valor de i en el $t = 0$. Esto produce una curva de crecimiento logístico".

3.3.3. El modelo SIR

En el modelo SI las personas infectadas quedan así permanentemente, no obstante, en algunas enfermedades el individuo se recupera gracias a su sistema inmunológico y en muchos casos conservan la inmunidad ante la enfermedad para no volver a contraerla. En este modelo se genera un nuevo estado de la enfermedad, el cual, se simboliza con la letra R de recuperado. Por lo tanto, el modelo apropiado para estos tres estados de la enfermedad se denomina modelo *Susceptible-*

Infectado-Recuperado o SIR.

La dinámica de este modelo cuenta con dos etapas, inicialmente las personas susceptibles se infectan al relacionarse con individuos infectados. Estos contactos, al igual que el modelo SI, ocurren a una tasa promedio β por persona, sin embargo en una segunda etapa los infectados se recuperan a una tasa promedio γ .

Las fracciones s , i y r de los individuos en los tres estados se rigen por las siguientes ecuaciones

$$\frac{ds}{dt} = -\beta si, \quad (3.22)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta si - \gamma i, \quad (3.23)$$

$$\frac{dr}{dt} = \gamma i, \quad (3.24)$$

Donde γ indica qué tan fácil los individuos infectados se recuperan. Además, las tres variables deben satisfacer $s + i + r = 1$. Este es un sistema de tres ecuaciones diferenciales acopladas que no tienen solución analítica, sin embargo existen diversos métodos numéricos que solucionan este sistema. En este trabajo utilizamos métodos de diferencias finitas, en específico, solucionamos el sistema de ecuaciones por medio del método de Runge-Kutta de cuarto orden. Para describir la solución al sistema de ecuaciones se presenta el modelo de diferencias finitas propuesto por Euler y se describe el método de Runge-Kuta en la siguiente sección. Estos métodos son algoritmos que simulan aproximaciones a la solución de ecuaciones diferenciales y se emplean cuando la solución existe, aunque no siempre sea posible solucionar el problema de forma analítica. Por lo tanto, en ocasiones lo que se obtiene es una aproximación numérica de la solución.

3.3.4. Método de Euler

En este método se realiza un procedimiento recursivo para solucionar una ecuación diferencial de primer orden que resulta al relacionar la primera derivada de la función con la pendiente de la recta tangente en un intervalo finito, es decir:

$$f'(x) \approx \frac{y_2 - y_1}{x_2 - x_1} = \frac{y_{n+1} - y_n}{x_{n+1} - x_n} = \frac{y_{n+1} - y_n}{h}, \quad (3.25)$$

Como en una ecuación diferencial de primer orden las derivadas dependen de los valores x y y , consideramos la ecuación:

$$f'(x) \approx f(x_n, y_n) = \frac{y_{n+1} - y_n}{h}, \quad (3.26)$$

Así, para resolver la ecuación diferencial, conociendo un valor inicial x_0 se encuentra el valor $x_0 + h$. Luego vuelve a identificar el valor $x_0 + 2h$ a partir del valor $x_0 + h$ encontrando el resultado de la ecuación diferencial de forma periódica. El incremento h se conoce como tamaño de paso y se debe elegir de tal manera que sea razonablemente pequeño". Los datos obtenidos al terminar el procedimiento de éste método se obtienen de la siguiente manera:

$$y_{n+1} = y_n + hf(x_n, y_n), \quad (3.27)$$

Donde f es la función de la ecuación diferencial $y' = f(x, y)$; n tiene los valores $n = 0, 1, 2, \dots$ de los que se obtiene los puntos para cada y_n y x_n ; h representa una constante y determina la magnitud entre x_n y x_{n+1} . Cabe resaltar que los valores de y_n se acercan a los cálculos obtenidos en $y(x)$ de los problemas de valor inicial en x_n . Este procedimiento repetitivo de rectas tangentes, se conoce como el método de Euler.

Runge-Kutta Esta familia de modelos son generalizaciones del método de Euler 3.27, en el cual, la función pendiente f se sustituye por una media ponderada de pendientes en los puntos entre $x_n < x < x_{n+1}$. Como se muestra a continuación:

$$y_{x+1} = y_n + h(w_1k_1 + w_2k_2 + \dots + w_nk_n), \quad (3.28)$$

Donde $w_1k_1 + w_2k_2 + \dots + w_nk_n$ es el promedio ponderado; $n = 1, 2, \dots, m$ indica los valores para w_n y k_n ; m se define como el orden del método. Cabe resaltar que el método de Euler, se conoce como el método de Runge-Kutta de primer orden.

En el caso de Runge-Kutta de cuarto orden, las soluciones a la ecuación diferencial son encontradas a partir de la ecuación:

$$y_{x+1} = y_n + h(w_1k_1 + w_2k_2 + w_3k_3 + w_4k_4), \quad (3.29)$$

donde w_1, w_2, w_3 y w_4 son parámetros que toman los valores de $1/6, 1/3, 1/3$ y $1/6$ respectivamente. Además los parámetros k_1, k_2, k_3 y k_4 están dados por:

$$k_1 = f(x_n, y_n),$$

$$k_2 = f(x_n + \alpha h, y_n + \beta_1 h k_1),$$

$$k_3 = f(x_n + \alpha_2 h, y_n + \beta_2 h k_1 + \beta_3 h k_2),$$

$$k_4 = f(x_n + \alpha_3 h, y_n + \beta_4 h k_1 + \beta_5 h k_2 + \beta_6 h k_3),$$

Para aplicar el método de Runge Kutta de cuarto orden a este sistema, debemos reducir a dos ecuaciones lineales mediante la relación $s + i + r = 1$, es decir, que si identificamos la fracción de individuos susceptibles y la fracción de infectados, el número restante será la fracción de recuperados. De esta forma reducimos a un sistema de dos ecuaciones diferenciales acopladas:

$$\frac{ds}{dt} = -\beta si, \quad (3.30)$$

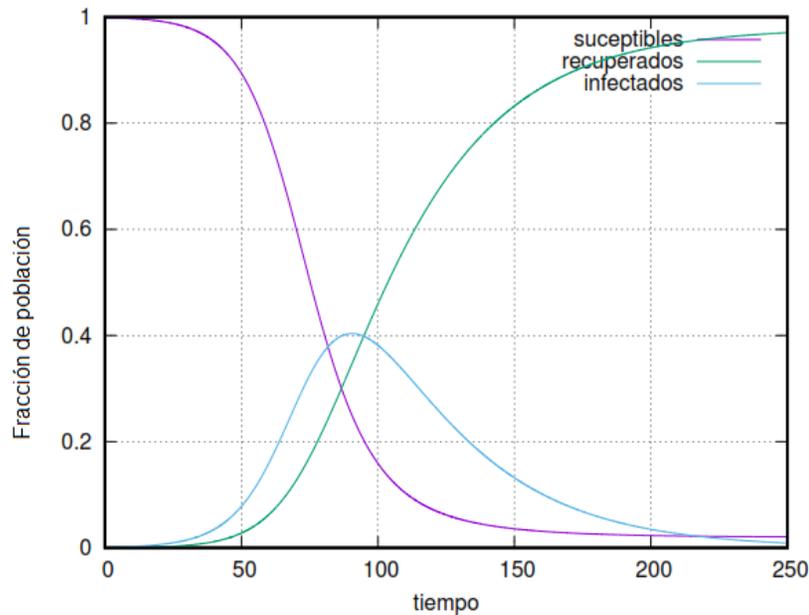
$$\frac{di}{dt} = \beta si - \gamma i, \quad (3.31)$$

Como las ecuaciones son de primer orden cada una tiene parámetros asociados con el método. La fracción de individuos susceptibles tendrá parámetros k_{1s} , k_{2s} , k_{3s} y k_{4s} y la fracción de infectados k_{1i} , k_{2i} , k_{3i} y k_{4i} , estos dados por las ecuaciones

$$\begin{aligned} k_{1s} &= h f_1(x_n, s_n, i_n) & k_{1i} &= h f_2(x_n, s_n, i_n) \\ k_{2s} &= h f_1(x_n + 0.5h, s_n + 0.5k_{1s}, i_n + 0.5k_{2i}) & k_{2i} &= h f_2(x_n + 0.5h, s_n + 0.5k_{1s}, i_n + 0.5k_{2i}) \\ k_{3s} &= h f_1(x_n + 0.5h, s_n + 0.5k_{2s}, i_n + 0.5k_{2i}) & k_{3i} &= h f_2(x_n + 0.5h, s_n + 0.5k_{2s}, i_n + 0.5k_{2i}) \\ k_{4s} &= h f_1(x_n + h, s_n + k_{3s}, i_n + k_{3i}) & k_{4i} &= h f_2(x_n + h, s_n + k_{3s}, i_n + k_{3i}) \end{aligned}$$

Donde $f_1 = -\beta si$ y $f_2 = \beta si - \gamma i$. Los resultados se muestran en la figura 10 para una razón de transmisión $\beta = 0.02$, una tasa de recuperación $\alpha = 0.03$, un tamaño de paso $h = 0.05$ y una fracción inicial de infectados $i_0 = 0.001$.

Figura 13: Evolución temporal del modelo SIR



Se evidencia que el número de personas susceptibles decrece de forma monótona hasta acercarse a cero, comportamiento contrario a la fracción de individuos recuperados. En este modelo es posible que no todos los individuos susceptibles sean infectados, ya que al final de la epidemia la cantidad de contagiados tiende a cero. Además, se observa un pico de la infección cercano a $tiempo = 90$ el cual es un comportamiento típico en la propagación de epidemias.

3.4. MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS EN REDES

Aunque los modelos compartimentales suponen la acción en masa, la mayoría de las personas cuentan con un grupo de conocidos habituales con quienes tienen contacto con regularidad, por lo tanto, el resto de la población puede ser ignorada (Moreno y col., 2002). Los modelos epidemiológicos en redes introducen esta condición y funcionan de manera similar a los modelos totalmente mixtos pero considerando la red de contactos del individuo (Moreno y col., 2002). En estos modelos la tasa de transmisión para el proceso de infección se define como la probabilidad por unidad de tiempo de que la infección se transmita entre dos individuos, uno susceptible y otro infectado, que están conectados por un vínculo en la red apropiada. La tasa de transmisión depende de las propiedades de la enfermedad, dado que, algunas enfermedades se transmiten más fácilmente que otras.

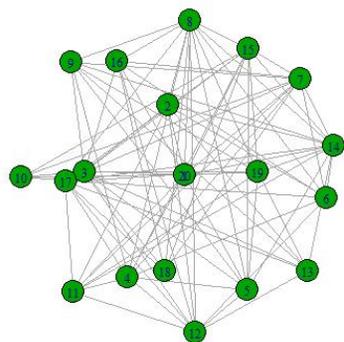
Si aplicamos los modelos epidemiológicos en una red, podemos pensar en una tasa de transmisión que se propague por los vínculos que relacionan a los individuos. De forma similar a lo establecido en el modelo SIR, la probabilidad de que una infección no sea transmitida es $e^{-\beta\tau}$, y su complemento $1 - e^{-\beta\tau}$ indica la posibilidad que se propague, donde β es la tasa de transmisión y τ el tiempo en el cual los individuos permanecen infectados (Newman, 2018). De esta forma podemos definir la probabilidad de transmisión como:

$$\Phi = 1 - e^{-\beta\tau}, \quad (3.32)$$

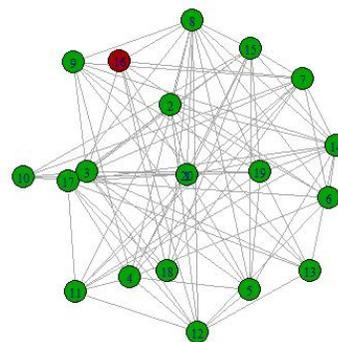
Empíricamente se ha encontrado que τ se distribuye alrededor de un valor medio, por ejemplo, el COVID-19 permanece en un huésped de 2 a 14 días y, a diferencia de lo considerado por el modelo SIR, su distribución está lejos de ser exponencial (Organización Mundial de la Salud, 2020). Teniendo en cuenta que cada individuo infectado permanece con la enfermedad en promedio durante el mismo período de tiempo, los individuos susceptibles tienen la misma probabilidad de contraer la enfermedad de su vecino infectado, lo que permite construir un modelo epidemiológico que se enfoca en las componentes de la red.

El modelo de percolación de vínculos toma la red de contactos y con una probabilidad ϕ elimina posibles caminos por donde la enfermedad es transmitida dejando solo las componentes por donde se propaga. En la figura 14.11(d) se observa el procedimiento para calcular la cantidad de infectados en una red: (i) En color verde se identifican los individuos de la red unidos por vínculos que representan los contactos, (ii) luego, se reconoce al individuo infectado en la red (puede ser más de uno), (iii) seguidamente se suprimen vínculos con una probabilidad ϕ para finalmente, (iv) infectar los individuos por donde la enfermedad puede propagarse

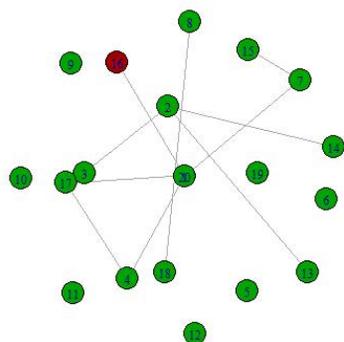
Figura 14: Metodología de modelo de percolación de vínculos, los nodos verdes representan individuos susceptibles y los rojos son los individuos infectados



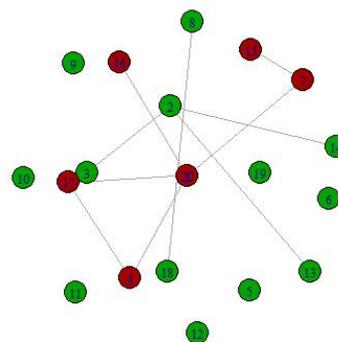
(a): Red inicial



(b): Red con nodo infectado inicial



(c): Resultado de percolación de vínculos



(d): Infectados al final del proceso de transmisión

Este modelo lo aplicamos a una red aleatoria tipo Erdős-Rényi mediante la elaboración de un programa en R con ayuda del paquete igraph. La primera función se muestra en la figura 15 y calcula el porcentaje de infectados en una red para una razón de trasmisión ϕ y un probabilidad de conexión p definidos en la función:

Figura 15: Código para el cálculo de la fracción de infectados en una red aleatoria tipo Erdős Rényi.

```
1 epidemic.ER.function<-function(n,p,phi) {  
2   g<-erdos.Renyi.game(n,p)  
3   PrimerInf<-sample(1:n,1,replace=FALSE)  
4   VinculosEliminados<-floor((1-phi)*gsize(g))  
5   g<-g-edge(sample(1:gsize(g),VinculosEliminados,replace=FALSE))  
6   print((components(g)$csize[components(g)$membership[PrimerInf]]-1)/n)  
7 }
```

En la primer línea de este código se define la función *epidemic.ER.function* la cuál depende de tres parámetros: n es el número de nodos de la red, p la probabilidad de conexión y ϕ la razón de transmisión. Luego, en la línea 2 se define un grafo usando el comando *erdos.Renyi.game()*, que determina n nodos relacionados mediante vínculos que se presentan con una probabilidad p ; este modelo fue definido por Erdos Rényi en su artículo "On the evolution of random graphs"(Erdős, Rényi y col., 1960). La línea 3 precisa de forma aleatoria un nodo en la red que se marca como infectado. Luego, en la siguiente línea se establece el número de vínculos donde no se propaga de forma efectiva la infección, de tal manera que en la línea 5 se modifica el grafo para considerar únicamente los vínculos por donde se propaga la epidemia. Finalmente, en la línea 6 se calcula el porcentaje de nodos que pertenecen a la misma componente del nodo infectado después de este proceso de percolación de vínculos.

Los resultados en la gráfica 14 corresponden a una red aleatoria tipo Erdős Rényi (ER). En el caso de aplicar el modelo de percolación de vínculos a esta red, el problema de la propagación de la epidemia se reduce a encontrar la componente a la que pertenece el nodo infectado. Esta situación ya ha sido estudiado para este tipo de redes aleatorias y se conoce muy bien su comportamiento. Si aumenta la probabilidad de conexión entre nodos aparece una componente gigante a la que la mayoría de nodos pertenece, de esta forma el estudio de la epidemia en los modelos Erdős Rényi se reduce a establecer si el individuo infectado inicialmente pertenece o no a la componente gigante (Newman, 2018).

Para estudiar la relación entre el porcentaje de infectados al final de la epidemia y la probabilidad de transmisión, se construye un script que toma la función *epidemic.ER.function* definida anteriormente y la evalúa para diferentes razones de transmisión, el código se muestra en la figura

16

Figura 16: Script para calcular la relación entre el porcentaje de infectados y la razón de transmisión en una red aleatoria tipo Erdős Rényi

```
1 repeticiones<-1000
2 puntos<-100
3 nodos<-1000
4 infectados<-c(0:puntos)*0
5 incertidumbre<-c(0:puntos)*0
6 for(j in 0:puntos){
7   a<-c(1:repeticiones)*0
8   for(i in 1:repeticiones){
9     a[i]<-epidemic.ER.function(nodos,0.05,j/puntos)
10  }
11  infectados[j+1]<-mean(a)
12  incertidumbre[j+1]<-sd(a)
13 }
14 mi_df <- data.frame(infec=infectados,incer=incertidumbre,phi=c(0:puntos)/
15 puntos)
15 write.table(mi_df,"datosPhi.dat",quote=FALSE)
```

En las primeras 5 líneas se definen: el número de repeticiones del script para una razón de transmisión fija, el número de puntos de la gráfica, los nodos de la red y dos vectores que usaremos para calcular el porcentaje de infectados y su incertidumbre en cada punto. De la línea 6 a la 10, se establecen dos bucles anidados en el que se ejecuta la función *epidemic.ER.function* para diferentes razones de transmisión. En cada punto se calcula el valor medio y la incertidumbre. Finalmente, en las líneas 14 y 15 se genera un archivo de texto con los datos de porcentaje de infectados, razones de transmisión e incertidumbre. Los resultados se muestran en la figura 17 y coinciden con el cálculo de la formación de componente gigante para un modelo de red aleatorio tipo Erdős-Rényi, comportamiento esperado dado la definición del modelo de percolación de vínculos.

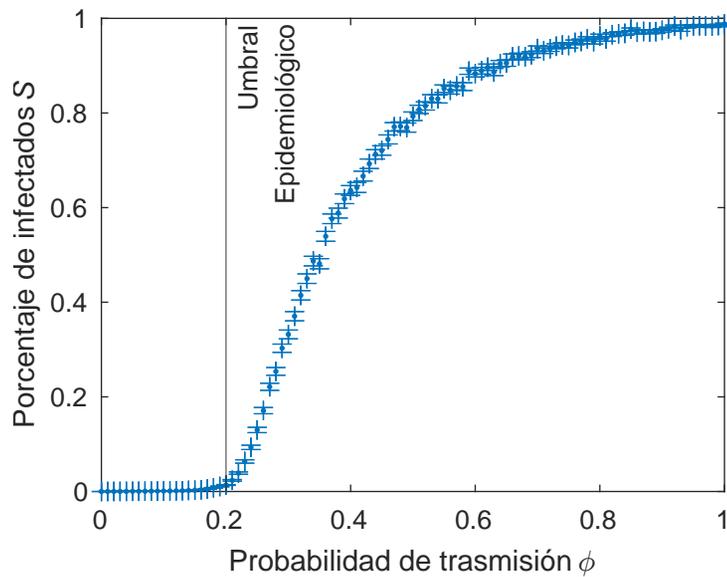


Figura 17: Fracción de infectados en un sistema para diferentes probabilidades de infección en una red aleatoria tipo Erdos Rényi de $n = 1000$ nodos y $p = 0.005$ probabilidad de conexión

Un caso más interesante es el del una red aleatoria de acoplamiento preferencial. En el modelo propuesto por Barabási (BA) (Barabási & Bonabeau, 2003) una red crece al añadir nodos que se conectan preferencialmente con nodos que tienen más conexiones, es decir, cuando se agrega un nodo a la red, es más probable que se conecte con nodos de mayor grado a que se conecte con nodos que tienen pocos vínculos. La distribución de grado encontrada sigue una ley de potencias y explica esta estructura estudiada en las redes reales.

Nuevamente, con ayuda del paquete `igraph`, se modela la propagación de una infección por medio del método de percolación de vínculos en una red aleatoria tipo Barabasi Albert. La primera línea de código define la función `epidemic.BA.function` que depende del número de nodos n y la probabilidad de trasmisión phi . En la segunda, se crea un grafo de acoplamiento preferencial mediante la función `sample_pa()`, en el cual, se agrega un vértice que se conecta con mayor probabilidad a nodos con alto grado de centralidad. En la siguiente línea, se elige aleatoriamente un nodo infectado. Luego, se modifica el grafo g para tener en cuenta únicamente los vínculos en los que se propaga efectivamente la infección. Finalmente, en la línea 6 se calcula el porcentaje de nodos que pertenecen a la misma componente del nodo infectado después de este proceso de percolación de vínculos aplicado a la red tipo Barabasi-Albert (Barabási & Albert, 1999)

Figura 18: Código para el cálculo de la fracción de infectados en una red aleatoria tipo Barabasi-Albert.

```

1 epidemic.BA.function<-function(n,phi) {
2 g<-sample_pa(n,directed=FALSE)
3 PrimerInf<-sample(1:n,1,replace=FALSE)
4 g<-g-edge(sample(1:gsize(g),floor((1-phi)*gsize(g)),replace=FALSE))
5 print(components(g)$csize[components(g)$membership[PrimerInf]]/n)
6 }

```

Una vez más se calcula el porcentaje de infectados al final de la epidemia para diferentes razones de transmisión. Así se construye un script que toma la función *epidemic.BA.function* y la evalúa para diferentes razones de transmisión. En la figura 19 se muestran las líneas de código que calculan el porcentaje de infectados. En las primeras 3 líneas se declara el número de repeticiones para una razón de transmisión fija y dos arreglos que usaremos para calcular el porcentaje de infectados y su incertidumbre en cada punto. Al igual que en caso anterior, establecemos bucles anidados que ejecutan las función *epidemic.BA.function* para diferentes razones de transmisión. Finalmente, en las líneas 12 y 13 se genera un archivo de texto con los datos de razones de transmisión, promedio de porcentaje de infectados y desviación estándar.

Figura 19: Script para calcular la relación entre el porcentaje de infectados y la razón de transmisión en una red aleatoria tipo Barabasi-Albert.

```

1 repeticiones<-1000
2 infectados<-c(0:100)*0
3 incertidumbre<-c(0:100)*0
4 for(j in 0:100) {
5   a<-c(1:repeticiones)*0
6   for(i in 1:repeticiones) {
7     a[i]<-epidemic.BA.function(10000,j*0.01)
8   }
9   infectados[j+1]<-mean(a)
10  incertidumbre[j+1]<-sd(a)
11 }
12 mi_df <- data.frame(infec=infectados,incer=incertidumbre,phi=c(0:100)*0.01)
13 write.table(mi_df,"datosPhi.dat",quote=FALSE)

```

La figura 14.11(d) muestra el resultado del modelo de percolación de vínculos para una red aleatoria tipo BA de 10^5 nodos, promediada sobre 10^4 repeticiones. El recuadro muestra una relación expo-

nencial entre la probabilidad de transmisión y la fracción promedio de nodos infectados para una red tipo Barabasi-Albert. La gráfica indica que el porcentaje de infectados cambia su concavidad respecto al modelo Erdos-Rényi, este resultado es nuevo en la literatura y es un problema abierto encontrar la razón teórica de este comportamiento.

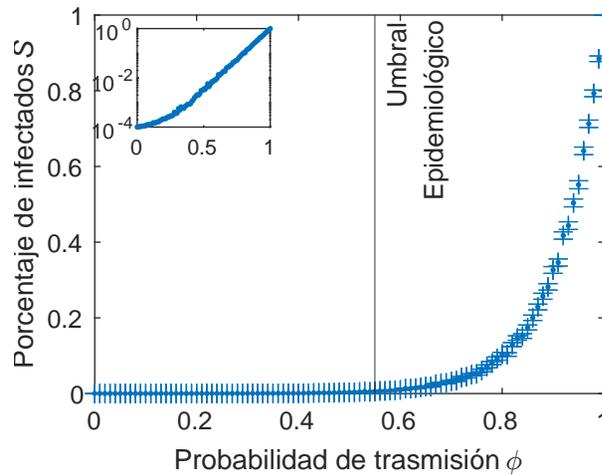


Figura 20: Fracción de infectados en un sistema para diferentes probabilidades de infección en una red aleatoria de acoplamiento preferencial tipo Barabasi-Albert de $n = 1000$ nodos

Este método brinda una alternativa para estudiar la propagación de una epidemia. De esta forma, las redes aleatorias permiten establecer escenarios de propagación para alterar de forma mínima el desarrollo de la humanidad como es la recomendación actual de los científicos (Bell y col., 2021), contrario al caso del Diamont Princess (Liu y col., 2020) en donde se estudia la red posterior a la propagación.

3.5. MODELO SIR Y EL MODELO DE CONFIGURACIÓN

En este apartado se estudia teóricamente la propagación de epidemias tipo SIR en un modelo de configuración caracterizado por una distribución de grado p_k , considerando el proceso de percolación de vínculos con probabilidad de ocupación de borde ϕ dada por la ecuación 3.32. Se define a u la probabilidad de que un nodo no esté conectado a la componente infectada, lo cual, puede ocurrir de dos maneras: la primera, el vínculo falla a la hora de transmitir la enfermedad ($1 - \phi$), es decir, esta expresión mide la probabilidad de que ninguno de sus vínculos sea efectivo; en el segundo, la transmisión de la enfermedad es efectiva (ϕ), pero este vínculo no está conectado a la componente gigante por ninguno de sus extremos. Esto último, ocurre con una probabilidad u^k si hay k tales

enlaces. Por lo tanto, la probabilidad total es $1 - \phi + \phi u^k$.

El valor de k está distribuido acorde a la distribución de grado de exceso, es decir, ninguno de los vínculos de los primeros vecinos está conectado con la componente infectada:

$$q_k = \frac{(k+1)p_{k+1}}{\langle k \rangle}, \quad (3.33)$$

Se calcula el valor esperado de la fracción de nodos que no están conectados a la componente infectada mediante la suma de probabilidades ponderada por la distribución de exceso de grado

$$u = \sum_{k=0}^{\infty} q_k (1 - \phi + \phi u^k),$$

Se distribuye q_k al interior de la sumatoria

$$u = \sum_{k=0}^{\infty} q_k \cdot 1 - \sum_{k=0}^{\infty} q_k \cdot \phi + \sum_{k=0}^{\infty} q_k \cdot \phi u^k,$$

Solo permanecen las variables que dependen k dentro de la suma

$$u = 1 \sum_{k=0}^{\infty} q_k - \phi \sum_{k=0}^{\infty} q_k + \phi \sum_{k=0}^{\infty} q_k \cdot u^k,$$

Dado que la distribución q_k está normalizada, $\sum_{k=0}^{\infty} q_k = 1$

$$u = 1 - \phi + \phi \sum_{k=0}^{\infty} q_k \cdot u^k,$$

Donde se define $\sum_{k=0}^{\infty} q_k \cdot u^k = g_1(u)$, por lo tanto

$$u = 1 - \phi + \phi + \phi g_1(u), \quad (3.34)$$

g_1 es la función generadora de probabilidad para la distribución de grados de exceso, definida por:

$$g_1(z) = \sum_{k=0}^{\infty} q_k z^k, \quad (3.35)$$

Por otro lado, u^k es la probabilidad de que un nodo no pertenezca a la componente infectada, y el promedio sobre la distribución de grado de dicha probabilidad es igual $1 - S$, siendo S la

probabilidad de que un nodo no pertenezca a la componente gigante y por tanto no pueda transmitir la epidemia a un gran número de individuos. Esto se deduce promediando u_k sobre la distribución de grados p_k

$$S = 1 - \sum_{k=0}^{\infty} p_k u^k = 1 - g_0(u), \quad (3.36)$$

Donde g_0 se define como la función generadora para la distribución de grados. Las ecuaciones 3.34 y 3.36 dan solución a la fracción de individuos infectados al final de la epidemia S . El comportamiento característico de estas ecuaciones tiene dos partes, separadas por un valor crítico ϕ_c . La primera parte infección no logra propagarse y en la segunda, hay porción de individuos infectados en el sistema. Como se explica en (Newman, 2018) este valor corresponde a la derivada de la función generadora de probabilidad para la distribución de grado de exceso evaluada en 1

$$\begin{aligned} g_1'(1) &= \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k=0}^{\infty} k(k+1)p_{k+1} = \frac{1}{\langle k \rangle} \sum_{k=0}^{\infty} k(k-1)p_k, \\ &= \frac{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}{\langle k \rangle}, \end{aligned} \quad (3.37)$$

De tal manera que la posición ϕ_c de la transición de percolación viene dada por la ecuación

$$\phi_c = \frac{1}{g_1'(1)} = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}, \quad (3.38)$$

Con esta ecuación es posible calcular la posición del umbral epidémico en términos de la probabilidad de transmisión ϕ . De manera más práctica y detallada se reorganiza la ecuación 3.32 en los términos fundamentales β y τ .

$$\beta\tau = \ln \frac{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle - 2\langle k \rangle}, \quad (3.39)$$

Si $\beta\tau$ excede este valor, existe la posibilidad de una epidemia, aunque no la certeza, ya que el portador o portadores iniciales de la enfermedad quedan fuera de la componente gigante. Si $\beta\tau$ es menor que este valor, entonces es imposible una epidemia, sin importar dónde se encuentre el portador inicial. Cabe resaltar, que la relación entre $\langle k \rangle$ y $\langle k^2 \rangle$ nos indica como va aumentando la infección en la red a través del tiempo. Así mismo, la probabilidad y el tamaño de cualquier epidemia que se presente.

En el modelo de Erdős-Rényi, la distribución de grado corresponde a una distribución de Poisson

con media c y $g_0(z) = g_1(z) = e^{c(z-1)}$. De esta manera el umbral epidemiológico corresponde a $\phi_c = 1/c$ o

$$\beta\tau = \ln \frac{c}{c-1}, \quad (3.40)$$

El tamaño de la epidemia, viene dada por la solución a las ecuaciones

$$u = 1 - \phi + \phi e^{c(u-1)}, \quad (3.41)$$

$$S = 1 - e^{c(u-1)}, \quad (3.42)$$

Reorganizando la ecuación 3.41 de la siguiente manera

$$1 - u = \phi(1 - e^{c(u-1)}),$$

Y sustituyendo la ecuación 3.41 en 3.42, obtenemos:

$$1 - u = \phi S,$$

Despejando S y reemplazando u :

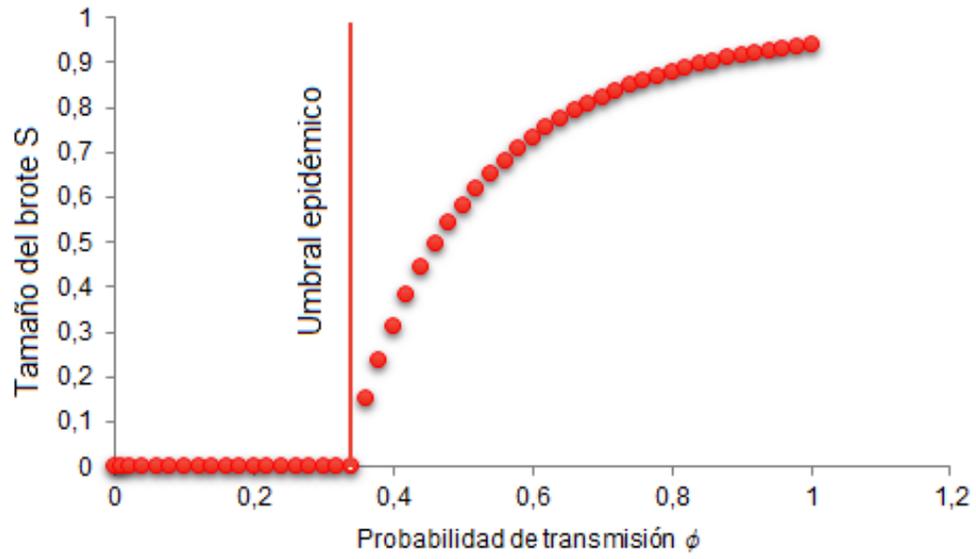
$$\phi(1 - e^{c(u-1)}) = \phi S,$$

Reorganizando la ecuación anterior y reemplazando $u - 1 = \phi S$, tenemos

$$S = 1 - e^{-\phi c S}, \quad (3.43)$$

La solución de esta ecuación corresponde a los resultados mostrados en las simulaciones de la sesión anterior para el modelo Erdos-Renyi

Figura 21: Tamaño de una epidemia en un gráfico aleatorio de Poisson



4. CONCLUSIONES

Este documento se hace una revisión de dos de los principales modelos de propagación de enfermedades y se comparan sus resultados. Los modelos compartimentales dividen a la población en grupos disyuntos y establecen procesos de propagación. El modelo más conocido considera tres compartimientos que dependen del estado de salud del individuo: una persona susceptible pasa a otro estado si ha tenido contacto con un individuo infectado y ha adquirido la enfermedad, luego de un tiempo en el que el sistema inmunológico actúa pasa a estar recuperado clasificándose en un último grupo. Estos modelos consideran una acción es masa y la probabilidad de contagio es la misma para cada individuo del sistema, contrario a los modelos de redes en los que un individuo solo se relaciona con un grupo de conocidos con los que tiene contacto con regularidad.

Los modelos compartimentales son deterministas y se reproducen a partir de ecuaciones diferenciales acopladas, las cuales tienen la solución analítica para modelos simples como el SI, en el cual los individuos infectados crecen de acuerdo a una función logística. Modelos más complejos como el modelo SIR necesita el uso de métodos numéricos para la solución del sistema de ecuaciones que representan el sistema. Los resultados presentan características típicas de las epidemias reales como la existencia de un pico de infección.

Un segundo modelo epidemiológico expuesto en este trabajo, utiliza el análisis de redes para calcular el número de personas infectadas al final de la epidemia a partir de la eliminación de vínculos con una probabilidad establecida, procedimiento conocido como percolación de vínculos. Este modelo se implementó mediante simulaciones que usan el paquete `igraph` para calcular las fracciones de infectados en redes aleatorias tipo Erdős Rényi y Barabasi-Albert. Esto con el fin, encontrar la relación entre la probabilidad de trasmisión y el valor esperado de la fracción de infectados al final de la epidemia.

Para una red aleatoria tipo Erdős-Rényi, la relación entre el porcentaje de infectados y la probabilidad de trasmisión presenta un umbral epidemiológico dependiente del número de individuos, la razón de trasmisión y el tiempo en el cual los individuos permanecen infectados. El comportamiento es el mismo del tamaño de la componente gigante al cambiar el valor p de la probabilidad de conexión para redes aleatorias $G(n, p)$.

Para una red aleatoria de libre escala, luego pasar el umbral epidemiológico, los resultados indican que la fracción promedio de nodos infectados aumenta exponencialmente con la probabilidad de eliminación. En ambos modelos se presenta un efecto de tamaño finito, sin embargo se muestran como alternativas de estudio de las epidemias para simular escenarios de contacto y trasmisión.

Al desarrollar el escenario teórico mediante modelos de configuración, se comprobaron los resultados de las simulaciones implementadas. La posición del umbral epidemiológico depende del valor esperado de la centralidad de grado y del cuadrado de la centralidad de grado. Si $\beta\tau$ es mayor a $\ln(\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle / \langle k^2 \rangle - 2\langle k \rangle)$, entonces, hay una gran posibilidad de que exista una epidemia, en caso contrario es imposible. Así mismo, la relación entre $\langle k \rangle$ y $\langle k^2 \rangle$ nos indica cómo va aumentando la infección en la red a través del tiempo y, a su vez, la probabilidad y el tamaño de cualquier epidemia que se presente.

BIBLIOGRAFÍA

- Aguirre, J. L. (2011). Introducción al análisis de redes sociales. *Documentos de Trabajo del Centro Interdisciplinario para el Estudio de Políticas Públicas*, 82, 1-59.
- Barabási, A.-L. & Albert, R. (1999). Emergence of scaling in random networks. *science*, 286(5439), 509-512.
- Barabási, A.-L. & Bonabeau, E. (2003). Scale-free networks. *Scientific american*, 288(5), 60-69.
- Barber, M. J. (2007). Modularity and community detection in bipartite networks. *Physical Review E*, 76(6), 066102.
- Bell, J., Bianconi, G., Butler, D., Crowcroft, J., Davies, P. C., Hicks, C., Kim, H., Kiss, I. Z., Di Lauro, F., Maple, C. y col. (2021). Beyond COVID-19: network science and sustainable exit strategies. *Journal of Physics: Complexity*, 2(2), 021001.
- Csardi, G., Nepusz, T. y col. (2006). The igraph software package for complex network research. *InterJournal, complex systems*, 1695(5), 1-9.
- Diekmann, O. & Heesterbeek, J. A. P. (2000). *Mathematical epidemiology of infectious diseases: model building, analysis and interpretation* (Vol. 5). John Wiley & Sons.
- Erdos, P., Rényi, A. y col. (1960). On the evolution of random graphs. *Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci*, 5(1), 17-60.
- Erdős, P., Rényi, A. y col. (1960). On the evolution of random graphs. *Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci*, 5(1), 17-60.
- Giordano, G., Blanchini, F., Bruno, R., Colaneri, P., Di Filippo, A., Di Matteo, A. & Colaneri, M. (2020). Modelling the COVID-19 epidemic and implementation of population-wide interventions in Italy. *Nature medicine*, 26(6), 855-860.
- Jackson, M. O. (2010). *Social and economic networks*. Princeton university press.
- Karrer, B. & Newman, M. (2009). Random graph models for directed acyclic networks. *Physical Review E*, 80(4).
- Kermack, W. O. & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772), 700-721.
- Li, M. Y. (2018). *An introduction to mathematical modeling of infectious diseases* (Vol. 2). Springer.
- Liu, F., Li, X. & Zhu, G. (2020). Using the contact network model and Metropolis-Hastings sampling to reconstruct the COVID-19 spread on the “Diamond Princess”. *Science bulletin*, 65(15), 1297-1305.
- Mallioros, F. D. & Vazirgi, M. (2013). Clustering and community detection in directed networks: A survey. *Physics Reports*, 533(4), 95-142.

- Manrique-Abril, F. G., Agudelo-Calderon, C. A., Gonzales-Chorda, V. M., Gutierrez-Lesmes, O., Tellez-Piñerez, C. F. & Herrera-Amaya, G. (2020). Modelo SIR de la pandemia de Covid-19 en Colombia. *Revista de Salud Pública*, 22, 1-9.
- Mastrandrea, R., Squartini, T., Fagiolo, G. & Garlaschelli, D. (2014). Enhanced reconstruction of weighted networks from strengths and degrees. *New Journal of Physics*, 16(4), 043022.
- Molina, J. L. (2004). La ciencia de las redes. *Apuntes de Ciencia y Tecnología*, 11(1), 36-42.
- Moreno, Y., Pastor-Satorras, R. & Vespignani, A. (2002). Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks. *The European Physical Journal B-Condensed Matter and Complex Systems*, 26(4), 521-529.
- Nesterov, A. I., Villafuerte, P. H. M. & Berman, G. P. (2020). In Response to COVID-19: Configuration Model of the Epidemic Spreading. *arXiv preprint arXiv:2007.05496*.
- Newman, M. (2018). *Networks*. Oxford university press.
- Organización Mundial de la Salud, (2020). *Preguntas y respuestas sobre la enfermedad por coronavirus (COVID-19)*. <https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019/advice-for-public/q-a-coronaviruses>
- Ortega-Lenis, D., Arango-Londoño, D., Muñoz, E., Cuartas, D. E., Caicedo, D., Mena, J., Torres, M. & Mendez, F. (2020). Predicciones de un modelo SEIR para casos de COVID-19 en Cali, Colombia. *Revista de Salud Pública*, 22(2).
- Pastor-Satorras, R. & Vespignani, A. (2001). Epidemic spreading in scale-free networks. *Physical review letters*, 86(14), 3200.
- Quarteroni, A., Parolini, N. y col. (2020). Data Analysis and Predictive Mathematical Modeling for COVID-19 Epidemic Studies.
- Quintana Cruz, Y. y col. (2019). MATEMÁTICAS Y EPIDEMIOLOGÍA: MODELOS Y CONCLUSIONES.
- Rock, K., Brand, S., Moir, J. & Keelin, M. J. (2014). Dynamics of infectious diseases. *Reports on Progress in Physics*, 77(2), 026602.
- Sanz Menéndez, L. (2003). Análisis de redes sociales: o cómo representar las estructuras sociales subyacentes.
- Singhal, T. (2020). A review of coronavirus disease-2019 (COVID-19). *The Indian Journal of Pediatrics*, 1-6.
- Travers, J. & Milgram, S. (2011). An experimental study of the small world problem. *The structure and dynamics of networks* (pp. 130-148). Princeton University Press.
- Villegas-Chiroque, M. (2020). Pandemia de COVID-19: pelea o huye. *Revista Experiencia en Medicina del Hospital Regional Lambayeque*, 6(1).

ANEXOS

A. Ecuación de la posición del umbral epidémico en términos de la posición de transmisión

ϕ

$$\phi = \phi_c$$

Teniendo en cuenta la igualdad anterior, se reemplaza ϕ de la ecuación 3.27, quedando de la siguiente manera:

$$\phi_c = 1 - e^{-\beta\tau}$$

agregamos logaritmos en ambas partes de la igualdad, con el fin de despejar $\beta\tau$

$$\ln \phi_c = \ln(1 - e^{-\beta\tau})$$

Aplicamos la propiedad de logaritmo de un cociente

$$\ln \phi_c = \frac{\ln 1}{\ln e^{-\beta\tau}}$$

Dado que tenemos e con el exponencial $-\beta\tau$ al ejecutar la propiedad inversa del $\ln(e)^{-\beta\tau}$, obtenemos como resultado $-\beta\tau$ como se observa a continuación

$$\ln \phi_c = \frac{\ln 1}{-\beta\tau}$$

Aplicamos en ambos lados de la igualdad el inverso multiplicativo de $-\beta\tau^{-1}$

$$-\beta\tau \ln \phi_c = \ln 1$$

Utilizamos el inverso multiplicativo de $\ln \phi_c$

$$-\beta\tau = \frac{\ln 1}{\ln \phi_c}$$

Nuevamente se emplea la propiedad de logaritmo de un cociente

$$-\beta\tau = \ln 1 - \ln \phi_c$$

Usamos el neutro multiplicativo en ambos lados de la igualdad y aplicamos factor común en los logaritmos, de la siguiente manera:

$$\beta\tau = -\ln(1 - \phi_c)$$

Reemplaza ϕ_c de la ecuación 3.35

$$\beta\tau = -\ln\left(1 - \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}\right)$$

Resolvemos la suma de fracciones dentro del paréntesis

$$\beta\tau = -\ln\frac{\langle k^2 \rangle - 2\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle}$$

Empleamos la propiedad de logaritmo de un cociente

$$\beta\tau = -(\ln\langle k^2 \rangle - 2\langle k \rangle - \ln\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle)$$

Aplicamos propiedades de signos

$$\beta\tau = -\ln\langle k^2 \rangle - 2\langle k \rangle + \ln\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle$$

Como ultima medida se utiliza nuevamente la propiedad de logaritmo de un cociente

$$\beta\tau = \ln\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle - \ln\langle k^2 \rangle - 2\langle k \rangle$$

RESUMEN ANALÍTICO ESPECIALIZADO

A.TIPO DE DOCUMENTO: OPCIÓN DE GRADO	Modalidad Trabajo de Grado.
B.ACCESO AL DOCUMENTO	Universidad de los Llanos, Biblioteca.
1.TÍTULO DEL DOCUMENTO	ESTUDIO DE LA TRASMISIÓN DE UNA EPIDEMIA EN REDES ALEATORIAS TIPO ERDÖS-RENYI Y BARABASI-ALBERT DE REDES SOCIALES
2.AUTORES	Hernández Novoa Tatiana Milena. Urrego Mendivelso Angie Camila.
3.LUGAR Y AÑO DE PUBLICACIÓN	Villavicencio, 2022.
4.UNIDAD PATROCINANTE	Universidad de los Llanos.
5.PALABRAS CLAVE	Epidemias, Redes aleatorias, nodos, vínculos, propagación.
6.DESCRIPCIÓN	<p>En el presente trabajo se estudia la dependencia de la probabilidad de transmisión ϕ en redes con respecto a la fracción de individuos infectados al final de la epidemia. Para esta tarea, en primer lugar se estudia el modelo de configuraciones, el cual es uno de los más importantes en el estudio de redes porque combina de manera adecuada el realismo y la simplicidad, este se caracteriza porque permite construir una red con una distribución de grado específica y al mismo tiempo calcular su distribución de grado de exceso. Seguidamente, se exponen los principales modelos compartimentales donde se caracteriza el número de reproducción R_0 que representa el promedio de individuos que contraerán la enfermedad de una persona contagiada. Además, se definen los modelos epidemiológicos en redes y se realiza una simulación que calcula la fracción de infectados al final de la epidemia para diferentes probabilidades de transmisión en una red de acoplamiento preferencial tipo Barabasi-Albert. Finalmente, calculamos teóricamente la dependencia de la fracción de infectados con respecto a la probabilidad de transmisión en un modelo de configuraciones.</p>

<p>7.FUENTES</p>	<p>Barabási, A.-L. y Albert, R. (1999). Emergence of scaling in random networks. <i>science</i>, 286(5439), 509-512</p> <p>Diekmann, O. y Heesterbeek, J. A. P. (2000). <i>Mathematical epidemiology of infectious diseases: model building, analysis and interpretation (Vol. 5)</i>. John Wiley Sons.</p> <p>Erdos, P., Rényi, A. y col. (1960). On the evolution of random graphs. <i>Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci</i>, 5(1), 17-60.</p> <p>Kermack, W. O. y McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. <i>Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character</i>, 115(772), 700-721.</p> <p>Newman, M. (2018). <i>Networks</i>. Oxford university press (Barabási & Albert, 1999) (Barabási & Bonabeau, 2003) (Csardi, Nepusz y col., 2006)(Erdos, Rényi y col., 1960)</p>
<p>8.CONTENIDOS</p>	<p>Inicialmente se expresa al lector información sobre la COVID-19 y luego, se abordan de manera general los modelos epidemiológicos en redes, compartimentales y los modelos de configuración. Así mismo, se comenta sobre las redes aleatorias tipo Barabasi-Albert y Erdős Rényi. En el marco referencial se define el concepto de red, donde se exponen las diferentes propiedades y tipos de redes, teniendo en cuenta entre ellas existen rutas, caminos y que se distribuyen en componentes. Posteriormente, se menciona el tipo de enfoque y la ruta de trabajo de la investigación en la sección de "materiales y métodos". Después, se presentan los resultados y análisis, en el que se habla sobre los modelos de configuración, probabilidad de vínculo en el modelo de configuración, la distribución de exceso de grado, los modelos compartimentales de propagación de la infección (SI, SIR), modelos epidemiológicos en redes. Como algunos de los modelos compartimentales no tienen solución analítica se implementó las soluciones numéricas conocidas como método de Euler y Runge Kutta, por último se indica las conclusiones y recomendaciones que consideramos pertinentes.</p>

9.METODOLOGÍA	Esta investigación tiene un enfoque cuantitativo, en la que programamos simulaciones para validar modelos epidemiológicos. Los datos, resultado de las simulaciones son usados para confirmar o descartar hipótesis y establecer patrones de comportamiento.
10.CONCLUSIONES	<p>Este documento se hace una revisión de dos de los principales modelos de propagación de enfermedades y se comparan sus resultados. Los modelos compartimentales dividen a la población en grupos disyuntos y establecen procesos de propagación. El modelo más conocido considera tres compartimientos que dependen del estado de salud del individuo: una persona susceptible pasa a otro estado si ha tenido contacto con un individuo infectado y ha adquirido la enfermedad, luego de un tiempo en el que el sistema inmunológico actúa pasa a estar recuperado clasificándose en un último grupo. Estos modelos consideran una acción es masa y la probabilidad de contagio es la misma para cada individuo del sistema, contrario a los modelos de redes en los que un individuo solo se relaciona con un grupo de conocidos con los que tiene contacto con regularidad.</p> <p>Para una red aleatoria tipo Erdős-Renyi, la relación entre el porcentaje de infectados y la probabilidad de trasmisión presenta un umbral epidemiológico dependiente del número de individuos, la razón de transmisión y el tiempo en el cual los individuos permanecen infectados. El comportamiento es el mismo del tamaño de la componente gigante al cambiar el valor p de la probabilidad de conexión para redes aleatorias $G(n, p)$.</p> <p>Para una red aleatoria de libre escala, luego pasar el umbral epidemiológico, los resultados indican que la fracción promedio de nodos infectados aumenta exponencialmente con la probabilidad de eliminación. En ambos modelos se presenta un efecto de tamaño finito, sin embargo se muestran como alternativas de estudio de las epidemias para simular escenarios de contacto y transmisión.</p>