



Universidad Autónoma Metropolitana
Unidad Iztapalapa

División de Ciencias Básicas e Ingeniería
Departamento de Matemáticas.

Dinámica evolutiva de la propagación de epidemias en redes Mundo-Pequeño
y estudio de sus subredes obtenidas mediante muestreo.

Tesis que presenta:
Teresa Pérez Muñoz.

Para obtener el grado académico de:
Maestra en Ciencias
(Matemáticas).

Asesor:
Dr. Jorge X. Velasco Hernández.

México, D.F.

Abril de 2010.

Agradecimientos

A mi asesor el Dr. Jorge X. Velasco Hernández por su apoyo para que este trabajo se realizará y por sus consejos para seguir adelante.

A mis sinodales el Dr. Pedro Eduardo Miramontes Vidal y el Dr. Hector Fernando Puebla Nuñez por su tiempo y amabilidad para revisar este trabajo.

A Janeth, Perla, Sol, Maira, Carlos, Ismael, Alex, Raúl, Juan Carlos, José Luis y Otto por todos los momentos agradables e inolvidables.

A CONACYT por la beca otorgada.

Especialmente a mis padres (Benita y Delfino), hermanos (Gela, Paco y Ale), sobrinos (Diego y Adolfo) y a mis tios (José y Erendida). Gracias por su amor y confianza.

Índice general

Introducción	9
1. Redes Mundo Pequeño	13
1.1. Redes con topología Mundo Pequeño	14
1.2. Modelo Watts-Strogatz	17
1.3. Propiedades Estructurales	19
1.3.1. Diámetro característico	19
1.3.2. Coeficiente de agrupación	20
1.3.3. Diámetro característico y coeficiente de agrupación	21
1.3.4. Distribución de grado	24
2. Muestreo	27
2.1. Muestreo aleatorio de redes	27
3. SIR en Redes Mundo Pequeño	31
3.1. Modelo SIR	31
3.1.1. Número reproductivo básico	34
3.2. SIR en una red Mundo Pequeño	37
3.3. SIR en las subredes de la red Mundo Pequeño	40
4. Estudio de redes Mundo Pequeño y sus subredes	43
4.1. Propiedades estructurales de las subredes de la red Mundo Pequeño	45
4.1.1. Distribución de grado	46
4.1.2. Diámetro característico	52
4.1.3. Coeficiente de agrupación	53
4.2. SIR en la red Mundo Pequeño	54

4.3. SIR en la Subred	61
4.3.1. Duración de la epidemia	71
4.4. Conclusiones	75
5. Número Reproductivo	77
5.1. Conclusiones	83
Consideraciones finales e ideas por explorar	85
A. Programa	87
A.1. Especificaciones	87
A.2. Código	87
A.3. Programas	87
A.4. Algoritmos	88
Bibliografía	90

Índice de figuras

1.1.1.	1-gráfica	16
1.1.2.	2-gráfica con $k = 4$	16
1.1.3.	2-gráfica con $k = 8$	17
1.2.1.	Aleatoriedad aumentando.	18
1.3.1.	Coefficiente de agrupación.	21
1.3.2.	Diámetro característico y coeficiente de agrupación.	22
2.1.1.	Proceso de muestreo en redes.	28
3.2.1.	Estados.	37
3.2.2.	Nodos vecinos.	38
4.1.1.	Distribución de grado de una red aleatoria	46
4.1.2.	Distribución de Grado de una red con $p=0.3$	47
4.1.3.	Distribución de Grado de una red mundo pequeño	48
4.1.4.	Distribución de grado muestreada con $q=1$	49
4.1.5.	Distribución de grado muestreada con $q=0.9$	49
4.1.6.	Distribución de grado muestreada con $q=0.8$	50
4.1.7.	Distribución de grado muestreada con $q=0.7$	50
4.1.8.	Distribución de grado muestreada con $q=0.5$	51
4.1.9.	Distribución de grado muestreada con $q=0.3$	51
4.1.10.	Distribución de Grado muestreada con $q=0.1$	52
4.2.1.	Susceptibles, Infecciosos y recuperados	54
4.2.2.	SIR en una Red Regular	55
4.2.3.	Comportamiento de la población infecciosa en una Red Regular	56
4.2.4.	SIR en una Red Aleatoria	56

4.2.5.	SIR en una Red Mundo Pequeño	57
4.2.6.	I en una red Mundo Pequeño	58
4.2.7.	Comportamiento de la población infecciosa en una Red Mundo Pequeño	59
4.2.8.	I en una Red Mundo Pequeño	59
4.2.9.	I en una Red Mundo Pequeño	60
4.3.1.	I en una Red Mundo Pequeño	61
4.3.2.	I en la subred 4.3.1	62
4.3.3.	I en una Red Mundo Pequeño	62
4.3.4.	I en la subred 4.3.3	63
4.3.5.	I en una Red Mundo Pequeño	64
4.3.6.	I en la subred 4.3.5	64
4.3.7.	I en una Red Mundo Pequeño	65
4.3.8.	I en la subred 4.3.5	66
4.3.9.	I en una Red Mundo Pequeño	66
4.3.10.	I en la subred 4.3.9	67
4.3.11.	I en una Red Mundo Pequeño 5	68
4.3.12.	I en la subred 4.3.11	68
4.3.13.	I en una red mundo pequeño	69
4.3.14.	I en la subred de la red mundo pequeño	69
4.3.15.	I en una red mundo pequeño de largo tiempo de duración de la epidemia	70
4.3.16.	I en la subred de la red	70
4.3.17.	Duración de la epidemia en la red	71
4.3.18.	Estimación en la red	72
4.3.19.	Duración de la epidemia en la subred	73
4.3.20.	Estimación en la subred	74

Índice de tablas

1.1. Ejemplos empíricos de redes mundo pequeño.	23
4.1. Red regular	43
4.2. Red aleatoria	44
4.3. Red Mundo Pequeño	45
4.4. Número de Subredes obtenidas de Redes Mundo Pequeño	45
4.5. Diámetro característico de las subredes con $p=0.001$	52
4.6. Diámetro característico de las subredes de una red Mundo Pequeño	53
4.7. Coeficiente de agrupación para las subredes de una red Mundo Pequeño	53
5.1. Número reproductivo de la Subred	78
5.2. Número reproductivo de la Subred	79
5.3. Número reproductivo de la Subred	80
5.4. Número reproductivo de la Subred	81
5.5. Número reproductivo de la Subred	82
5.6. Número reproductivo de la Subred	83

Introducción

Las enfermedades infecciosas representan un verdadero problema de dimensiones globales en la salud pública, en su estudio se utilizan modelos matemáticos que describen su evolución; tales modelos representan situaciones que sólo difícilmente se obtendrían mediante observación directa o a través de experimentación. El objetivo de los modelos matemáticos aplicados a la epidemiología es proporcionar información útil para tomar decisiones, establecer medidas operativas en el control o erradicar una enfermedad infecciosa. En una población, las personas susceptibles a una enfermedad infecciosa comúnmente se dividen en pequeños grupos que interactúan de manera más estrecha, por ejemplo familias, grupos de alumnos, etc. Al considerar que los integrantes de las familias interactúan entre sí, es posible que se incremente la tasa de contactos. Los miembros de un grupo interactúan con uno o más miembros de otros grupos, como en la escuela, el cine, el trabajo, los centros de diversión, etc., definidos como sitios de reunión, lo que posibilita que la enfermedad trascienda entre ellos y avance en la población. El modelo más común es el *SIR*, que se utiliza en enfermedades infecciosas de ciclo corto en las que se adquiere inmunidad permanente después de padecer la infección, como ocurre con la rubéola, el sarampión, la varicela, las infecciones virales y el dengue. El principal problema que se presenta en la mayor parte de los modelos matemáticos es que ignoran la estructura de la población, factor importante en la diseminación de la enfermedad infecciosa. Lo sobresaliente de estudiar la estructura de la población a través de redes radica en que si éstas se encuentran muy conectadas, entonces se incrementa el riesgo de transmitir enfermedades virulentas y parasitarias. En las redes se describe la dinámica de la población a través de los patrones de contacto. La importancia de estudiarlos en una población de susceptibles reside en el hecho de que determina el riesgo de contraer una infección. Éstos influyen de manera significativa en la dispersión de una enfermedad infecciosa, motivo por el cual se considera que los contactos se realizan localmente y a distancia.

Stanley Milgram en 1967 [17] realiza un experimento con el cual demuestra que, como máximo, necesitamos cerca de seis personas para conectarnos con cualquier persona en el planeta.

Aunque suene increíble y contraintuitivo las cosas son así y esto pone de manifiesto el alto gra-

do de “clusterización”(clustering) o agrupamiento que gobierna al mundo social. La “clusterización” implica que, por supuesto, todos no conocemos a todos, pero vinculando adecuadamente a los diferentes grupos en que nos movemos podemos llegar a contactar a cualquiera.

En 1997 una fraternidad universitaria inventó un desafío que sirvió para construir el llamado “Juego de Kevin Bacon”, que consiste en demostrar que este actor es el centro del universo fílmico a través de un simple proceso de mapeo de la conectividad del mundo de Hollywood. El resultado de este experimento es contundente: en un mundo formado por cientos de miles de individuos, cada actor está conectado con cualquier otro en un promedio de 6 pasos [2]. Watts y Steve Strogatz [27], a partir de estos indicios, rastrean otras redes con similares características y llegan a conclusiones idénticas.

Tanto en fenómenos biológicos como en infraestructuras artificiales, y hasta en el mismo universo de Internet, las propiedades de las redes “mundo pequeño” parecen estar presentes. Por lo cual analizaremos el modelo simple *SIR* de la propagación de una enfermedad infecciosa en la cuál las interacciones entre los elementos de la población son descritas por una red “mundo pequeño”.

La propagación toma lugar en una red de este tipo, misma que generamos mediante el modelo de Watts y Strogatz [27]. Cada individuo infeccioso tiene contactos con otros seleccionados aleatoriamente. El objetivo de un contacto es cualquier actividad que resulta en la infección de un susceptible a través de un individuo infeccioso. Una vez que un sujeto permanece infectado, se recupera con cierta tasa. Las tasas de recuperación e infección se asumen como parámetros de distribuciones exponenciales, lo cual puede representarse por medio de un proceso de Poisson para ambos eventos: infeccioso y recuperado. Suponemos una población de tamaño constante N y entonces $N = I + S + R$. La epidemia se detiene cuando solo hay dos clases de individuos en la población: los recuperados o inmunes y los susceptibles. El número de individuos infectados denomina el tamaño de la epidemia.

La interrogante que plantean Fell y Wagner es la siguiente: Cómo las redes que son grandes y dispersas pueden, a pesar de eso, ser recorridas en muy pocas etapas o con muy pocas ligas?, al respecto, Watts y Strogatz determinaron que la red del mundo pequeño es extremadamente eficiente. En estas redes para establecer contacto con otras personas en la transmisión de una enfermedad infecciosa, mensaje o señal, no es necesario conocer a todos los miembros de la población, si bien se requiere interacción eficiente entre ellos. En esta red se desconectan algunos vértices cercanos para conectarlos de manera aleatoria con algunos otros.

En el capítulo 1 presentamos el modelo de Watts-Strogatz y describimos las propiedades estructurales de las redes mundo pequeño tales como diámetro característico, coeficiente de agrupación y distribución de grado, propiedades con las cuales estudiaremos las subredes que generaremos de

las redes mundo pequeño.

Uno de los conceptos claves de las redes es que no son únicamente estructuras estáticas, sino estructuras evolucionando en el tiempo en al menos un doble sentido: en primera instancia generando un “producto”(envío de información, toma de decisiones, generación de poder) y en segundo lugar produciendo modificaciones en su propia morfología. En definitiva, y en lo que se denomina la era conectada lo importante es que lo que sucede y cómo sucede depende tanto de la estructura de la red como de su historia.

Algunos procesos se realizan teniendo en cuenta a los vecinos más cercanos y no a toda la población implicada, lo cual conduce directamente al problema del mundo pequeño.

En el capítulo 2 se generarán subredes de la red original mediante el proceso de muestreo de la misma manera que May y Stumpf relizan el muestreo aleatorio de redes [16] y se estudiará la dinámica evolutiva de dichas subredes. Determinaremos si las subredes conservan la misma estructura que la red original y la misma dinámica evolutiva de la propagación de la enfermedad.

En el capítulo 3 explicamos la manera en la que simularemos el modelo SIR en una red mundo pequeño y en las subredes obtenidas de la red mundo pequeño. El objetivo de un contacto es cualquier actividad que resulta en la infección de un susceptible a través de un individuo infeccioso. Las tasas de infección y recuperación se asumen como parámetros de distribuciones exponenciales, lo cual puede representarse por medio de un proceso de Poisson para ambos eventos: infeccioso y recuperado. Asumimos una población de tamaño constante N y entonces $N = I + S + R$. La epidemia se detiene cuando solo hay dos clases de individuos en la población: los recuperados o inmunes y los susceptibles.

En el capítulo 4 determinamos si las subredes de la red mundo pequeño son subredes mundo pequeño mediante las propiedades estructurales antes mencionadas, realizamos las simulaciones de la epidemia SIR en la red mundo pequeño y sus subredes y determinamos la duración de la epidemia en la red mundo pequeño y en sus subredes.

En el capítulo 5 determinamos el número reproductivo en las redes mundo pequeño y en sus subredes mediante la definición que propone Hernández-Suárez [9] expresada en términos de contactos, en donde R_0 es el número esperado de contactos que un individuo infeccioso tiene durante su periodo de completo de infección, definiendo como un contacto cualquier actividad que pueda causar la infección de un susceptible.

Capítulo 1

Redes Mundo Pequeño

Suponer una interacción aleatoria no resulta apropiada para modelar la propagación de ciertos padecimientos. Por ello, a finales de la década de 1990 los científicos empezaron a interesarse por el estudio de redes. Estas son útiles para estudiar la dinámica en la transmisión de un mensaje, señal, rumor, fluido, moda o enfermedad infecciosa [27].

En la actualidad, las redes se emplean en muchos campos de la ciencia; existen redes sociales, económicas, neuronales, computacionales, de sistemas eléctricos, y muchas más [13]. En dichas redes, los nodos o vértices se representan en un círculo a través de puntos equidistantes, es decir, los elementos del sistema (seres humanos, empresas, granjas, terminales de computadoras, plantas generadoras, de electricidad, etc.) y las ligas que los unen representan las interacciones entre ellos.

Las redes pueden clasificarse en dos principales grupos, según sean sus propiedades de conectividad. Las redes exponenciales, en las cuales la distribución de conectividad de los nodos (la probabilidad $P(k)$ de que un nodo esté conectado a otros k nodos) es acotada exponencialmente y la segunda identificada por redes libres de escala (scale-free) que exhiben una distribución de conectividad de ley de potencia [21].

Dentro de las redes, las más representativas son las siguientes:

- Red regular, en la cual cada vértice se comunica con sus $k/2$ vértices vecinos.
- Red aleatoria, en la que cada vértice se conecta con todos los demás con cierta probabilidad.
- El modelo de Watts-Strogatz, esto es, una red intermedia entre la regular y la aleatoria en la cual cada vértice se comunica con sus $k/2$ vértices vecinos, localizados a su lado (unos pocos se comunican con vértices lejanos) [3].

Todos estos modelos de redes se utilizan hoy en día para estudiar la transmisión de enfermedades infecciosas. En particular el modelo de Watts-Strogatz es uno de los más usados para modelar la

transmisión de enfermedades infecciosas porque supone un patrón de contactos más real, puesto que en el mundo real cada individuo tiene contactos con un subconjunto de éstos. Por consiguiente, es razonable asumir que cada individuo se comunica con sus k vecinos inmediatos y que de los N individuos, sólo algunos de ellos, además de comunicarse con sus k vecinos inmediatos, se comunican con algunos sujetos lejanos (contactos a distancia). Esto significa que el patrón de contactos entre individuos se lleva a cabo bajo una red del mundo pequeño, donde cada individuo se representa por un nodo o vértice y los contactos entre individuos se representan por ligas y la transmisión de la enfermedad puede tener lugar sólo a través de estos nexos.

1.1. Redes con topología Mundo Pequeño

El fenómeno mundo pequeño se observó por primera vez al analizar las redes de relaciones sociales entre individuos. En este caso, los nodos corresponden a las personas que integran una comunidad y los enlaces corresponden a las relaciones laborales o afectivas entre los individuos. Después de un análisis estadístico basado en bases de datos de la población de EE.UU., Milgram [17] y posteriormente Kochen [15] concluyeron que, en promedio, existen seis grados de separación entre cualesquiera dos personas en EE.UU. Esto significa que si elegimos dos personas al azar de la población de EE.UU. muy probablemente se encontrarán relacionadas, en promedio, a través de sólo seis personas. Este hecho captura la esencia del fenómeno mundo pequeño. En una red de este tipo, la distancia promedio entre cualesquiera par de nodos, es decir, el número de enlaces que separan a los nodos, es mucho menor que la que corresponde a una red del mismo tamaño. En las redes con la característica mundo pequeño, existen mecanismos internos que generan enlaces de largo alcance entre nodos físicamente muy alejados entre sí. Para cuantificar esta propiedad, consideremos la siguiente definición:

Definición 1.1.1. *Sea U una red consistente en n nodos conectados entre sí mediante aristas, entonces, la distancia promedio \bar{l} entre dos nodos, se define como el promedio de las distancias l_{ij} entre cada par de nodos i y j . Esto es,*

$$\bar{l} = \frac{1}{n^2} \sum_{i=1}^n \sum_{j=1}^n l_{ij} \quad (1.1)$$

Consideremos a un sistema como una red de n nodos, los cuales representan n dinámicas locales, y k enlaces entre ellos, los cuales esquematizan las interacciones. Si consideramos una interacción de corto alcance, los nodos de la red están enlazados sólo con sus vecinos inmediatos y todos los nodos tienen el mismo número de conexiones. Esta estructura de conexiones se conoce como

estructura periódica o regular.

Existen, sin embargo, redes en las cuales la distribución de conexiones no presenta una estructura regular.

Una de las redes con estas propiedades estudiada recientemente es la red WWW (World Wide Web). En este caso, los nodos de la red son los documentos (*web sites*) y los enlaces son las ligas entre ellos (*links*). El tamaño de esta red es gigantesco (800 millones de nodos en 1999).

Los trabajos de Albert, Jeong y Barabasi [3], mostraron que la estructura de conexiones de la internet es distinta a la estructura periódica.

Otro ejemplo con una estructura de conexiones distinta a la regular, se encuentran en los estudios realizados por Amaral et al [14] en referencia a la red neuronal del gusano nemátodo *Caenorhabditis elegans*. En este caso los nodos corresponden a las neuronas y los enlaces corresponden a las sinápsis entre ellas.

La gráficas son usadas para representar todos los tipos de redes, donde los vértices representan los elementos de la red (personas, animales, terminales de computo, organizaciones, ciudades, etc.) y las aristas representan alguna interacción predefinida entre los elementos conectados (amistad, relación presa-depredador, conexiones, alianzas de negocios, carreteras, etc.).

Definición 1.1.2. *Una gráfica G consiste de un conjunto no vacío de elementos, llamados vértices, y una lista no ordenada de pares de estos elementos, llamadas aristas. El conjunto de vértices de la gráfica G es denotado por $V(G)$, y la lista de aristas de G es denotada por $E(G)$. Si i y j son vértices de G , entonces una arista de la forma ij se dice que conecta a i y a j .*

El número de vértices en $V(G)$ es llamado el orden de la gráfica denotado por (n) y el número total de aristas en $E(G)$ es llamado su tamaño (M) [26].

Para una gráfica no dirigida, el tamaño máximo M de $E(G) = \frac{n(n-1)}{2}$ corresponde a una gráfica totalmente conectada (gráfica completa) [26]. Una gráfica que no esta totalmente conectada tiene $M \ll \frac{n(n-1)}{2}$.

El número de aristas que inciden a un vértice v es llamado el grado de v y se denota por k_v . Un estadístico al que frecuentemente nos referimos es al grado promedio de la gráfica k . Así, para una gráfica no dirigida, k cuantifica la relación entre n y el número total de aristas en la gráfica, $M = \frac{nk}{2}$ [26]. El efecto correspondiente en k de que una gráfica no este totalmente conectada es que se debe de cumplir que $k \ll n$. Una gráfica en la cual todos los vértices tienen exactamente el mismo grado k es llamada k – regular o simplemente regular.

Definición 1.1.3. Una d -gráfica es una gráfica simple no dirigida que es similar a una gráfica Euclidiana de dimensión d en la que cada vértice v es conectado a sus vecinos, u_i y w_i , por

$$u_i = [(v - i^{d'}) + n] \pmod{n},$$

$$w_i = (v + i^d) \pmod{n}$$

donde $1 < i \leq k/2$, $1 \leq d' \leq d$ y $k \geq 2d$.

De esta manera una 1-gráfica con $k = 2$ es un anillo, una 2-gráfica con $k = 4$ es una red cuadrículada en dos dimensiones, etc.

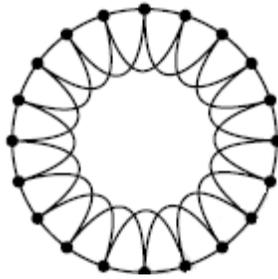


Figura 1.1.1: Ejemplo de una 1-gráfica con $k = 4$.

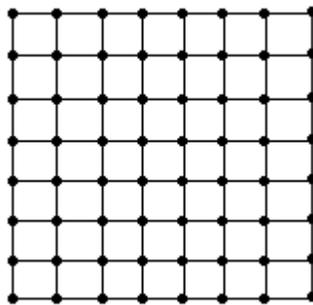


Figura 1.1.2: Ejemplo de una 2-gráfica con $k = 4$.

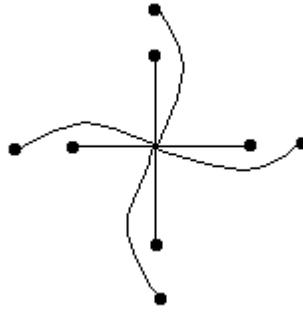


Figura 1.1.3: Un sólo vértice de una 2-gráfica con $k = 8$.

Las redes de interés para nosotros tienen muchos vértices con conexiones dispersas, pero sin estar desconectada. Específicamente requerimos que $n \gg k \gg \ln(n) \gg 1$, donde $k \gg \ln(n)$ garantiza que una gráfica aleatoria será conexa [4].

Un teorema de Erdős y Rényi [6] garantiza que “casi cualquier” gráfica aleatoria que cumpla que $k > \frac{n}{2 \ln(n)}$ (equivalente a $k \gtrsim \ln(n)$) será conexa (estará conectada). Para n finita, es suficiente pedir que $k \gg 1$ y verificar que se generan gráficas conexas.

1.2. Modelo Watts-Strogatz

Puesto que las redes con estructura de anillo tienen una distancia promedio entre nodos \bar{l} relativamente grande para redes con dimensiones considerables, Watts y Strogatz [27], han propuesto un modelo para generar una red con la estructura de anillo, pero que exhiba la propiedad de distancias promedio entre nodos pequeñas, es decir, la propiedad mundo pequeño. Watts y Strogatz proponen un modelo genérico que involucra un proceso estocástico en su construcción, el cual se describe a continuación:

Consideremos una 1 -gráfica de n nodos con forma de anillo en la cual cada nodo está conectado a sus primeros k vecinos ($\frac{k}{2}$ a cada lado), reubicamos de manera aleatoria cada arista de la red con probabilidad p , es decir, cada arista de la red se mueve de ubicación para ser conectada con otro nodo elegido al azar, usando el siguiente algoritmo:

1. Elegimos un vértice i y la arista que conecta a éste con su vecino más cercano en sentido de las manecillas del reloj $(i, i + 1)$.
2. Generamos un número aleatorio x entre cero y uno. Si $x \geq p$, entonces la arista $(i, i + 1)$ no se

altera. Si $x < p$, entonces $(i, i + 1)$ se borra y se reubica tal que i es conectado al vértice j , el cual es elegido uniformemente de manera aleatoria del total de vértices de la red (excluyendo autoconexiones y la posibilidad de que existan conexiones repetidas).

3. Cuando todos los vértices han sido considerados una vez, el procedimiento se repite para las aristas que conectan a cada vértice con sus vecinos más cercanos $(i, i + 2)$, etc. En total $\frac{k}{2}$ vueltas son completadas, hasta que todas las aristas en la gráfica han sido consideradas para redireccionarse exactamente una vez.

Este proceso introduce $\frac{nk}{2}$ enlaces entre nodos distintos. Variando el parámetro p , la estructura de conexiones de la red transita entre un estado ordenado o regular ($p = 0$) hasta un estado de conexiones distribuidas aleatoriamente ($p = 1$) como se observa en la figura 1.2.1.

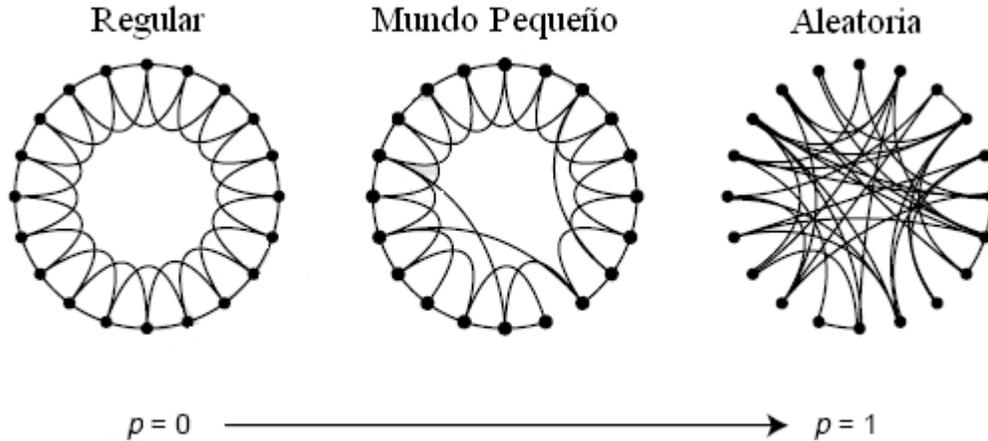


Figura 1.2.1: Evolución de una red regular a una red aleatoria en función del parámetro p . El número de nodos en la red es $n = 20$ y el grado de cada nodo es $k = 4$. Para los valores de $p = 0$ se obtiene una red regular y para $p = 1$ una red aleatoria. Entre los dos extremos aparecen las llamadas redes mundo pequeño. [27]

Los resultados obtenidos al aplicar el mecanismo Watts-Strogatz a una red con forma de anillo [27], indican que, a medida que $p \rightarrow 1$, el gráfico de la red converge a una red aleatoria [6] y \bar{l} escala en forma logarítmica con el tamaño de la red de acuerdo a $\bar{l} \sim \log N$. Por otro lado, para $p \rightarrow 0$, $\bar{l} \sim N$, en semejanza con lo que sucede en las redes periódicas.

Watts y Strogatz fueron los primeros en proponer un modelo para generar una red mundo pequeño, aunque con el tiempo han surgido variantes de este para generar redes de este tipo. Una

de las variantes del modelo Watts-Strogatz que preserva la propiedad mencionada y que ha comenzado a ser investigada intensivamente por diversos grupos en los últimos dos años se debe a Newmann y Watts [19], [27]. En el modelo original de una red mundo pequeño de Watts y Strogatz, la reubicación de los enlaces entre pares de nodos implica la posibilidad de que ciertos nodos queden aislados de los demás, es decir, completamente desconectados. En la variante propuesta por Newmann-Watts, esto no ocurre puesto que en lugar de reubicar los enlaces entre nodos, el mecanismo consiste en añadir conexiones entre pares de nodos.

1.3. Propiedades Estructurales

Las propiedades estructurales mediante las cuales estudiaremos la redes mundo pequeño y sus subredes generadas mediante muestreo serán: Diámetro característico, coeficiente de agrupación y distribución de grado.

1.3.1. Diámetro característico

Uno de los más importantes estadísticos para caracterizar una red mundo pequeño considerado aquí es el *diámetro característico* ($L(G)$), que mide la distancia típica $d(i, j)$ entre dos vértices de la gráfica. Está es una propiedad global de la gráfica.

Como distancia nos referimos simplemente al número mínimo de aristas (en el conjunto de aristas) por las que se puede llegar del vértice i al vértice j , es decir, es la *longitud de camino más corta* entre i y j .

Definición 1.3.1. *El diámetro característico (L)¹ de una gráfica es la mediana de las longitudes promedio de caminos más cortos que conectan cada vértice $v \in V(G)$ con todos los otros vértices. Esto es, calcular $d(v, j) \forall j \in V(G)$ y encontrar \bar{d}_v para cada v . Entonces definimos L como la mediana de $\{\bar{d}_v\}$ [26].*

Para $n > 1000$ el cálculo computacional de $L(G)$ por la definición 1.3.1 es menos eficiente que el método proporcionado por Huber (1996) [10]. De acuerdo al método de Huber \bar{d}_v es calculado para un subconjunto de vértices s seleccionado de manera aleatoria.

Debido a que el diámetro característico para gráficas no conexas es infinito, solamente consideraremos gráficas conexas, es decir, si k es el número de aristas en una red y n el número de vértices, entonces $k \gg \ln(n)$ [4].

¹Programa: Diámetro característico.

1.3.2. Coeficiente de agrupación

La idea de vecindad es también usada aquí para cuantificar estadísticamente las redes mundo pequeño, llamándose *coeficiente de agrupación* de una gráfica. El cuál mide el nivel de agrupamiento de los nodos.

Al contrario de otros parámetros (i.e. el diámetro característico) el coeficiente de agrupación es una magnitud de naturaleza local, es decir, un parámetro cuyo cálculo requiere, simplemente, un barrido y recuento de las zonas próximas a cada vértice (el vecindario en este caso) con independencia de la topología genérica de la red.

En el cálculo del coeficiente de agrupación se considera que si un vértice v tiene conexiones a i vértices, cuando cada uno de estos se conecta a los otros $i - 1$, entonces el valor de C_v es máximo. C_v es la proporción de ligas que unen a vértices comunes a uno en particular, en relación al número total de aristas que unen esos vértices [12]. C_v está dado por la siguiente expresión:

$$C_v = \frac{\text{número de aristas entre los vértices vecinos del vértice } v}{\text{número máximo permitido de aristas entre los vecinos del vértice } i}$$

Generada una red mundo pequeño con cierto valor p , calcularemos el coeficiente de agrupación $C(p)$ de dicha red.

Definición 1.3.2. La vecindad Γ_v de un vértice v es la subgráfica que consiste de los vértices adyacentes (conectados) a v (no incluyéndose v mismo) [26].

Definición 1.3.3. El coeficiente de agrupación¹ $C(p)$ es el promedio de C_v sobre todo v . C_v es el coeficiente de agrupación para cada vértice v de la gráfica. Entonces:

$$C(p) = \overline{C_v} \quad (1.2)$$

con

$$C_v = |E\Gamma_v| / \binom{k_v}{2} \quad (1.3)$$

donde k_v es el número de vecinos de v .

$|E(\Gamma_v)|$ es el número de aristas en la vecindad de v y $\binom{k_v}{2}$ es el número total de posibles aristas en Γ_v [26].

¹Programa: Coeficiente de agrupación.

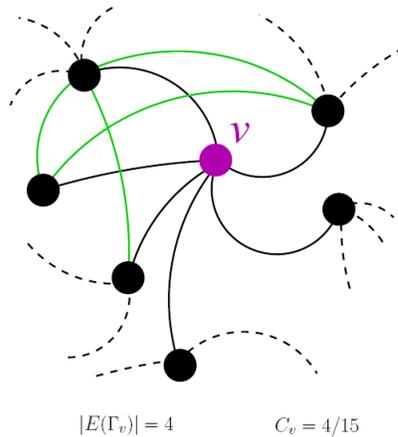


Figura 1.3.1: El coeficiente de agrupación C_v para el nodo v , es igual al número de aristas existentes entre los vértices vecinos de v que en este caso es 4, entre el número máximo de aristas que puede existir, que en este caso es 15.

En la figura 1.3.1, observamos un ejemplo del cálculo del coeficiente de agrupación para el vértice v , donde por la definición 1.3.3, el coeficiente de agrupación para este nodo es:

$$C_v = \frac{4}{15}$$

1.3.3. Diámetro característico y coeficiente de agrupación

Si, dada una red de orden N y grado k se traslada con una probabilidad p cada una de las aristas de la red del lugar de origen a otro punto de la red escogido de forma aleatoria, se obtendrá como resultado una serie de familias de redes cuyas características evolucionarán en función del parámetro p . De este modo para $p = 0$ la red resultante coincidirá con la red inicial (i.e. una red con un coeficiente de agrupación y un diámetro característico elevados mientras que para el valor $p = 1$ obtendremos redes completamente aleatorias, o lo que es lo mismo, redes con un coeficiente de agrupación y un diámetro característico reducidos. De este modo puede preverse, tanto para el coeficiente de agrupamiento como para el diámetro característico, funciones monótonas decrecientes en función del parámetro p .

Ahora bien, cada una de las curvas dibujadas en la figura 1.3.2 sigue una pauta particular de decrecimiento (mucho más rápida en el caso del diámetro característico), de modo que existen valores de p (alrededor de $p = 0.0001$) para los cuales, mientras el coeficiente de agrupación permanece aproximadamente constante e igual al valor inicial, el diámetro característico puede haber disminuido sustancialmente, alcanzando cotas por debajo de un 10 % del valor inicial. Así en medio del espectro entre las redes regulares y las redes aleatorias aparece una familia de redes que de un lado

responde a un factor de agrupación alto, igual que las redes regulares, y de otro lado a un diámetro característico reducido, como correspondería a una red aleatoria, satisfaciendo en fin de cuentas las características de las redes mundo pequeño.

Este contraste entre la velocidad de reducción del diámetro, de un lado, y el decaimiento del factor de agrupamiento, de otro, es fruto, de los efectos no lineales que la traslación de las aristas tiene sobre los parámetros de distancia de la red.

Mediante el modelo de Watts-Strogatz con valores pequeños de p generamos redes mundo pequeño las cuales con las dos propiedades estructurales mencionadas anteriormente se comportan como se muestra en la figura 1.3.2.

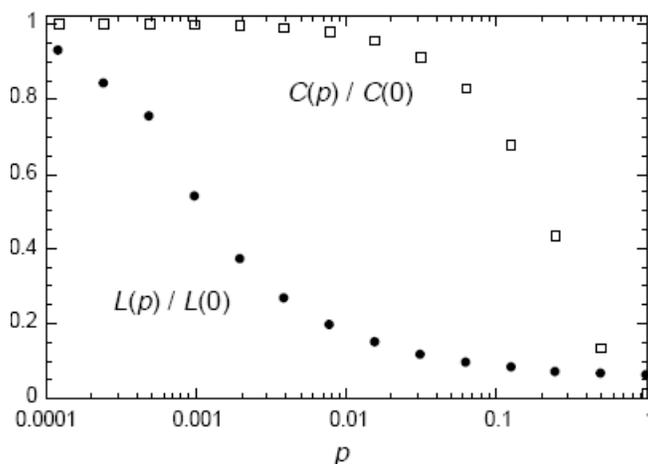


Figura 1.3.2: Curvas normalizadas del diámetro característico $L(p)$ y el coeficiente de agrupación $C(p)$ para las familias de redes descritas en la figura 1.2.1 en función del parámetro p (dibujado en escala logarítmica) [27].

Si $p \rightarrow 0$, entonces $C \sim 3/4$, pero si $p \rightarrow 1$, entonces $C \approx C_{random} \sim k/n$ [27].

Si $p \rightarrow 0$, entonces $L \sim n/2k \gg 1$, pero si $p \rightarrow 1$, $L \approx L_{random} \sim \ln(n)/\ln(k)$ [27].

Observamos que las redes mundo pequeño tienen un alto coeficiente de agrupación como las regulares pero un pequeño diámetro característico como las aleatorias.

La figura 1.3.2 es el promedio de 20 realizaciones aleatorias siendo normalizados los valores por $L(0)$ y $C(0)$. Teniendo las gráficas $N = 1000$ vértices y $k = 10$ aristas por vértice.

Notemos que una escala horizontal logarítmica se observa para el rápido decaimiento en $L(p)$ lo cual corresponde al fenómeno mundo pequeño. Durante este decaimiento $C(p)$ permanece casi constante como una red regular, indicando que la transición a la red mundo pequeño casi no se

detecta.

Dada la simplicidad con que puede ser definida una red mundo pequeño Watts y Strogatz analizaron diferentes tipos de redes [27] esperando encontrar pautas similares a las obtenidas con su modelo probabilístico. En la tabla 1.1 se muestran las medidas obtenidas sobre tres tipos de redes. Así, Watts y Strogatz tomaron como primer modelo el sistema nervioso de la especie *Caenorhabditis elegans* (gusano nematodo de un milímetro de longitud y provisto de un aparato nervioso sencillo y simple de analizar), en el que los vértices representan neuronas y las aristas conexiones sinápticas. El orden de la red asociado al sistema nervioso es en esta especie de $N = 282$ y el grado medio (i.e. el grado promediado de cada uno de los vértices) igual a $k = 14$. En segundo término se analizó la red de colaboraciones cinematográficas de los EE.UU. en el cual los vértices son actores profesionales y las aristas participaciones en un mismo filme. En este caso el orden de la red resultante fue de $N = 225226$ vértices y el grado medio de $k = 61$. Finalmente, Watts y Strogatz estudiaron la red de distribución de una compañía eléctrica de la zona oeste de los Estados Unidos, en la que cada transformador o subestación se señala como un vértice y las líneas de alto voltaje que las unen corresponden a las aristas de la red, teniéndose una red de $N = 4941$ vértices y $k = 2.67$ aristas en promedio.

	L	L_a	C	C_a
Red de actores	3.65	2.99	0.79	0.00027
Red eléctrica	18.7	12.4	0.080	0.005
<i>C. elegans</i>	2.65	2.25	0.28	0.05

Tabla 1.1: Relación entre el coeficiente de agrupación C y el diámetro característico L de las redes descritas frente al coeficiente de agrupación C_a y el diámetro característico L_a de las redes aleatorias correspondientes. Puede verse como, en efecto, en los tres casos el diámetro característico se aproxima bastante a la de la red aleatoria, mientras que el coeficiente de agrupación es varios órdenes de magnitud mayor.

Como se observa en la tabla 1.1, en los tres casos se obtuvieron medidas similares a las estimadas para una red mundo pequeño. Esto es, un diámetro característico relativamente pequeño (siempre en comparación con la medida esperada en una red aleatoria del mismo número de vértices y aristas) frente a un coeficiente de agrupación, medido a través del factor de agrupación, mucho mayor que el agrupamiento de la red aleatoria correspondiente.

Más adelante, el mismo esquema ha sido descrito en redes de distinta procedencia, como por ejemplo, la red de relación de Paul Erdős (que mide la distancia de un matemático dado a Paul Erdős a través de conexiones que designan artículos firmados en colaboración [23]) y también en la world

web [22]. En estos casos es frecuente que vértices adyacentes a un vértice dado sean a su vez adyacentes entre sí, siendo el coeficiente de agrupación en general elevado, mientras que por otra parte se producen con frecuencia conexiones entre zonas de la red distantes desde un punto de vista geográfico, lo que se traduce en un diámetro característico reducido (considerando como hemos visto en términos relativos a una red aleatoria con el mismo número de vértices y aristas).

1.3.4. Distribución de grado

Recordemos que el grado de un vértice en una red es el número de aristas que inciden a cada vértice, es decir, el número de vértices que están conectados a cada vértice.

Una red no dirigida con n vértices y k aristas es caracterizada por un grado promedio:

$$\langle k \rangle = 2k/n$$

donde $\langle \rangle$ denota el promedio. Definamos P_k como la fracción de vértices en la red que tienen grado k . Equivalentemente, P_k es la probabilidad de que un vértice escogido uniformemente al azar tenga grado k .

Una gráfica de P_k para cualquier red dada se puede realizar haciendo un histograma de los grados de los vértices.

Este histograma es la *distribución de grado* de una red.

Definición 1.3.4. La *distribución de grado*¹ de una red es una función que indica la fracción de nodos P_k que tienen grado k .

La distribución de grado P_k , da la probabilidad de que al seleccionar un nodo tenga exactamente k aristas. Conociendo el grado k de cada nodo en la red, entonces tenemos el número de nodos $X(k)$ con grado k .

La función de Distribución de grado $P(k)$ es dada por:

$$P(k) = \frac{X(k)}{n}$$

donde n es el número total de nodos en la red.

Diferentes tipos de redes tienen distribución de grado $P(k)$ diferente. Así la forma de la distribución de grado nos permite distinguir entre diferentes clases de redes.

¹Programa: Distribución de grado.

En una red de tipo aleatoria estudiadas por Erdős y Rényi [6], [7], [8], cada arista esta presente o ausente con igual probabilidad, y aquí la distribución de grado es, binomial o Poisson en el límite de una red grande.

$$P(k_i = k) = C_{n-1}^k p^k (1-p)^{n-1-k}$$

Las redes del mundo real tienen una distribución de grado no tan semejante como las redes aleatorias. Lejos de tener una distribución de Poisson, los grados de los vértices en la mayoría de redes son altamente sesgadas hacia la derecha.

Para las redes de libre escala, su distribución de grado es una ley de potencias [3]

$$P(k) \sim k^{-2-\gamma}$$

donde el parámetro γ tiene que ser mayor que cero para asegurar una conectividad promedio finita $\langle k \rangle$. Este tipo de distribución implica que estadísticamente cada nodo es probablemente significativo de tener un número muy grande de conexiones comparado con la conectividad promedio de la red $\langle k \rangle$. En términos de la distribución de grado entre nodos analicemos la diferencia entre una red periódica en forma de anillo y una red con estructura también de anillo pero con la característica mundo pequeño.

Consideremos una red en forma de anillo constituida por n nodos conectados a primeros vecinos. Si hacemos que el nodo 1 se enlace al nodo n entonces la red está representada por un anillo de n nodos con $k = n$ enlaces a primeros vecinos. En este caso el grado de distribución de la red corresponde a la función $P(k) = \delta(k - 2)$. Debido a la estructura de conexiones regular, el número de enlaces entre dos nodos cualesquiera se incrementa proporcionalmente al tamaño de la red. Entonces, para una red regular con esta estructura, $\bar{l} \sim n$. Sin embargo, esto no ocurre en las redes con topología mundo pequeño, la red del internet y la red neuronal del nemátodo *C. elegans*. En estos casos, los análisis muestran que, además de que $P(k)$ tiene una forma distinta a la de una red regular, la distribución de grado entre nodos \bar{l} escala en forma logarítmica con n , es decir, $\bar{l} \sim \log n$, (Albert y Barabasi, 2002) [1], haciendo que la distancia promedio entre pares de nodos se reduzca notablemente aún cuando las redes puedan contener un número grande de nodos. De acuerdo a lo anterior, las redes reales consideradas presentan los siguientes rasgos fundamentales:

- Las redes estudiadas poseen una estructura interna en la cual cada nodo n tiene un número k_n de aristas, no necesariamente igual para todos. La fracción de nodos P que posee k enlaces sigue, en los casos observados, una ley de potencias del tipo

$$P(k) \sim k^{-\gamma} \tag{1.4}$$

siendo este el mismo para algunos sistemas.

- Dentro de la red se establecen conexiones de largo alcance entre nodos físicamente alejados entre sí, originando que la distancia promedio \bar{l} sea pequeña en comparación con la distancia promedio \bar{l} en redes del mismo tamaño con estructura periódica de anillo.

Capítulo 2

Muestreo

La mayoría de los estudios de redes se han hecho en pequeñas subredes de la red original, Stumpf y May [16] trabajan con redes scale-free y estudian propiedades de muestreo aleatorio en redes de este tipo. El proceso de muestreo aleatorio para las redes mundo pequeño lo realizamos de la misma manera que May y Stumpf [16].

2.1. Muestreo aleatorio de redes

Empezamos tomando en cuenta una red R de tamaño N (podríamos considerar que $N \rightarrow \infty$) con una distribución de grado $P(k)$. Podemos enfatizar que la distribución de grado de una red no es suficiente para caracterizar una red, pues diferentes redes pueden tener la misma distribución de grado. La distribución de grado es sin embargo, una de las propiedades de una red más comúnmente estudiada (seguida del coeficiente de agrupación y el diámetro característico), y por tanto nos centraremos en él.

El proceso de muestreo que consideraremos es el siguiente: Cada nodo en la red R es incluido en la subred S con probabilidad q y queda fuera de esta subred con probabilidad $(1 - q)$ (en el caso de redes de interacción de proteínas, este proceso podría, por ejemplo, corresponder a la prueba para interacciones entre un subconjunto de proteínas en un organismo). Para redes finitas, el valor esperado de la subred es $E[M] = nq$ con varianza $Var[M] = nq(1 - q)$.

De la figura 2.1.1, es evidente que una subred S generada a partir del muestreo puede ser sustancialmente diferente a la red total R . Teniendo así más de una subred.

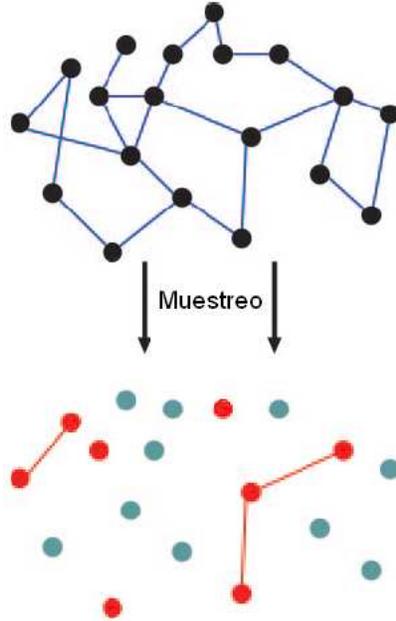


Figura 2.1.1: Proceso de muestreo en redes: Cada nodo es seleccionado de manera aleatoria con probabilidad q para ser incluido en la red y sólo las aristas entre nodos elegidos en la subred son consideradas. Los nodos aislados serán eliminados de la nueva subred pudiendo tener más de una subred.

Más precisamente, sean $P(k)$ y $P^*(k)$ las distribuciones de grado de las redes R y S respectivamente.

Si definimos $P(k)$ en términos de su función generadora de probabilidad (PGF), $G(s)$, entonces:

$$G(s) = \sum_{i=0}^{\infty} P(i)s^i \quad (2.1)$$

donde $P(i)$ es la probabilidad de que un vértice de grado i sea escogido de la red total. $P(k)$ es entonces la k -ésima derivada de $G(s)$;

$$P(k) = \frac{1}{k!} \left(\frac{d^k G(s)}{ds^k} \right)_{s=0}$$

Decimos que la función $G(s)$ genera la distribución de probabilidad $P(k)$.

Notemos que al realizar el muestreo, no podemos tener nodos huérfanos o no conectados, entonces $P(0) = 0$.

Si los nodos de la subred son seleccionados de manera aleatoria, entonces la probabilidad de que

un nodo de grado i en la red total pueda estar conectado a otros k nodos ($k \leq i$) en la subred es dado por la formula binomial, $\binom{i}{k} p^k (1-p)^{i-k}$. Con p la probabilidad de muestreo. Entonces,

$$P^*(k) = \sum_{i \geq k}^{\infty} P(i) \binom{i}{k} p^k (1-p)^{i-k} \quad (2.2)$$

Se sigue entonces que la función generadora de probabilidad para la subred $G^*(s)$, tiene la siguiente forma simple:

$$\begin{aligned} G^*(s) &= \sum_{k=0}^{\infty} \sum_{i \geq k} s^k \binom{i}{k} p^k (1-p)^{i-k} P(i) \\ &= \sum_i P(i) \sum_{0 \leq k \leq i} \binom{i}{k} (sp)^k (1-p)^{i-k} \\ &= \sum_{i=0}^{\infty} (1-p+ps)^i \\ &= G(1-p+ps) \\ &= G(1-p(1-s)). \end{aligned} \quad (2.3)$$

Para redes donde no son permitidos nodos huérfanos, es decir, donde $k = 0$ no existe, normalizamos la distribución de la subred después de descartar los nodos huérfanos que se crearon por el proceso de muestreo, y entonces obtenemos

$$\begin{aligned} G^*(s) &= C \sum_{k=1}^{\infty} P(k) [1-q(1-s)]^k \\ &= \frac{G(1-q(1-s)) - G(1-p)}{1 - G(1-q)} \end{aligned} \quad (2.4)$$

Aparentemente la función generadora de probabilidad de la red original descrita por la ecuación 2.1 y la de la subred descrita por la ecuación 2.3 o 2.4, podrían en general no describir distribuciones de grado similares para la distribución de grado de la subred muestreada, para pertenecer a la misma familia de distribuciones, se requiere que

$$G^*(s, \Omega) = G(s, \Omega'), \quad (2.5)$$

donde Ω y Ω' son parámetros que describen las distribuciones. De la ecuación (2.7) y (2.10) se

sigue que

$$G^*(s, \Omega) = G(1 - (1 - q)s, \Omega) = G(s, \Omega'). \quad (2.6)$$

Sin embargo, $P(k)$ y $P^*(k)$ tienen la misma distribución de grado (aunque, por supuesto, con la conectividad promedio reducida por la probabilidad de muestreo q) para distribuciones de grado binomiales positivas y negativas. Estas distribuciones representan una clase grande de distribuciones, incluidas la de Erdős-Rényi [6] (alternativamente llamadas aleatorias clásicas o Poisson) y redes exponenciales.

Para redes mundo pequeño, partimos de una red de este tipo que generamos mediante el algoritmo de Watts-Strogatz. Cada nodo en la red mundo pequeño es incluido en la subred S de manera aleatoria con probabilidad q y queda fuera de la red con probabilidad $1 - q$. Solamente las aristas de los nodos incluidos son incluidas en la subred. Los nodos aislados son eliminados.

Tomemos en cuenta que dependiendo del valor de q será el número de subredes que tendremos.

Sólo para algunos casos especiales la subred muestreada es del mismo tipo que la red original completa.

$q = 1$ significará que todos los nodos de la red original son incluidos a la subred, teniendo la red original.

Los nodos aislados después del muestreo son eliminados, pues la subred más pequeña que podemos tener será de dos vértices con una arista, esto dependiendo del valor de q .

May y Stumpf discuten las propiedades de muestreo de la distribución de grado de una red scale-free [16].

SIR en Redes Mundo Pequeño

El modelo de Watts-Strogats, esto es, una red intermedia según se describe en el capítulo 1.2 entre la regular y la aleatoria en la cual cada vértice se comunica con sus $k/2$ vértices vecinos, localizados a su lado (unos pocos se comunican con vértices lejanos), es uno de los más usados para modelar la transmisión de enfermedades infecciosas porque supone un patrón de contactos más real, puesto que en el mundo real cada individuo tiene contactos con un subconjunto de éstos. Por consiguiente, es razonable asumir que cada individuo se comunica con sus k vecinos inmediatos y que de los n individuos, sólo algunos de ellos, además de comunicarse con sus k vecinos inmediatos, se comunican con algunos sujetos lejanos (contactos a distancia). Esto significa que el patrón de contactos entre individuos se lleva a cabo bajo una red del mundo pequeño, donde cada individuo se representa por un nodo o vértice y los contactos entre individuos se representan por aristas y la transmisión de la enfermedad puede tener lugar sólo a través de estos nexos.

El análisis de este tipo de redes es fundamental a la hora de realizar por ejemplo estudios epidemiológicos. Si el patrón de contagio de una enfermedad es simple, es decir, si basta con que un nodo tenga un vecino infectado para que con cierta probabilidad se infecte también, la difusión de la enfermedad puede entenderse y predecirse fácilmente a partir de las propiedades topológicas de la red. En particular, resulta evidente que la presencia de enlaces largos (i.e., conexiones entre partes de la red que estarían de otra forma a relativa gran distancia) y de concentradores (nodos con elevada conectividad) favorecen mucho la difusión de infecciones simples así definidas.

3.1. Modelo SIR

El brote de Ebola del año 2000 no alcanzó a transformarse en pandemia por el mismo modus operandi letal del virus. En efecto, la tasa de mortalidad inducida es tan elevada y su tiempo de acción tan escaso que no ofrece tiempo para que sus víctimas se desplacen a centros urbanos pobla-

dos e infecten a una masa demográfica mayor. Sin embargo la difusión planetaria de virus como el VIH, de etiología prolongada y acción más gradual, supone un nuevo tipo de desafíos al combinarse con las tecnologías de transporte del siglo XXI, ya que las víctimas expanden dramáticamente su rango de acción y pueden llegar a contagiar a personas al otro lado del mundo con absoluta facilidad. ¿Cómo pueden comprenderse estos procesos de expansión epidémica con el auxilio de la teoría de las redes mundo pequeño? Diversos atributos, y no sólo un rasgo, parecen ser entonces la clave para la comprensión de la tasa de expansión y éxito de los virus biológicos. Algo similar puede decirse de la difusión de virus artificiales en Internet.

¿Mediante qué mecanismos y condiciones un pequeño brote se convierte en epidemia en la red mundo pequeño y en sus subredes? Esta parece ser la pregunta fundamental que intentamos contestar aquí, y recurrimos, en principio, a la teoría epidemiológica clásica conocida como modelo SIR (Susceptibles, Infecciosos, Recuperado) para situar nuestro procedimiento explicativo. Este modelo, planteado en sus inicios por los matemáticos William Kermack y A.G. McKendrick, prescribe la trayectoria incremental de una enfermedad de un modo estándar. Los contactos se presumen al azar y en las etapas iniciales la población contagiada es pequeña y la tasa de crecimiento es muy lenta. Sin embargo, si la densidad de infectados prospera hasta sobrepasar cierto umbral crítico, se inicia la fase de crecimiento explosivo en la que la tasa de infecciosidad alcanza su máxima virulencia (explosive phase). Luego de sobrepasado este momento la tasa de infecciosidad decrece hasta desaparecer ya que se hace sumamente difícil encontrar más víctimas, y aquí nos encontramos con la fase de extinción.

En contraposición a este modelo regido por contactos al azar, nos preguntamos cómo actúa una epidemia en una red mundo pequeño y en sus subredes.

Supongamos una población de tamaño N inicialmente sana, en la cuál se introduce un cierto número I de infectados. El objeto de estudio de la mayor parte de estos modelos lo constituyen individuos vinculados con su entorno generalmente constituido por los vecinos más cercanos. La interacción con sus vecinos es modelada matemáticamente en forma abstracta y despojada de todo aspecto psicológico o social, y esta asociada al hecho de que es la proximidad espacial entre dos individuos a los cuales un sujeto podrá transmitir o de los cuales podrá contagiarse la enfermedad. Dependiendo del tipo de enfermedad, los individuos pueden pasar por los siguientes estados:

- Susceptibles (S), estado en el cual el individuo puede ser contagiado por otro agente que esté infectado.

- Infectado (I), estado durante el cual se halla infectado y puede además infectar.
- Recuperado (R), estado durante el cual el individuo no puede ni ser infectado por haber adquirido inmunidad (temporalmente o permanentemente) ni infectar (por haberse recuperado o haber pasado la etapa contagiosa de la enfermedad).

Con $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ como el número de individuos en cada clase o estado suponemos lo siguiente:

1. La ganancia en la clase infectada es un tasa proporcional al número de infectados y susceptibles, que es $-\beta SI$, donde $\beta > 0$ es una constante. Los susceptibles son disminuidos con esta tasa.
2. La tasa de recuperación o la tasa individuos infectados que se han recuperado es proporcional al número de individuos infectados, que es μI , donde $\mu > 0$ es una constante.
3. El periodo de incubación es bastante corto tan así que puede ser insignificante, es decir, un susceptible que contrae la enfermedad inmediatamente en infectado pudiendo infectar.

Cada individuo de las distintas clases tiene la misma probabilidad de estar en contacto con los individuos de las otras clases.

Entonces el modelo que describe lo anterior es el siguiente:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI, \quad (3.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I, \quad (3.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \mu I. \quad (3.3)$$

donde $\beta > 0$ es la tasa de infección y $\mu > 0$ es la tasa de recuperación. Este es el modelo clásico de Kermack-McKendrick (1927) [18]. Este es el modelo con el que trabajaremos.

El tamaño de la población es constante

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \quad \Rightarrow \quad S(t) + I(t) + R(t) = N, \quad (3.4)$$

donde N es el tamaño total de la población. Así S , I y R son todos acotados por N . La formulación matemática del problema epidémico es completada cuando damos las condiciones iniciales,

$$S(0) = S_0 > 0, \quad (3.5)$$

$$I(0) = I_0 > 0, \quad (3.6)$$

$$R(0) = 0. \quad (3.7)$$

Ahora surgen las siguientes preguntas:

¿Dado β, μ, S_0 e I_0 , la infección se puede propagar?, ¿cómo se desarrolla al transcurrir el tiempo? y ¿cuándo empieza a decaer?.

De (3.2)

$$\left(\frac{dI}{dt} \right)_{t=0} = I_0(\beta S_0 - \mu) \quad (3.8)$$

Si $S_0 > \frac{\mu}{\beta} = \rho$, entonces la ecuación (3.8) es positiva, pero $S_0 < \frac{\mu}{\beta} = \rho$ la ecuación (3.8) es negativa. De (3.1), $\frac{dS}{dt} \leq 0, S \leq S_0$, entonces si $S_0 < \mu/\beta$,

$$\frac{dI}{dt} = I(\beta S - \mu) \leq 0 \text{ para toda } t \geq 0, \quad (3.9)$$

$I_0 > I(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$ y así la infección desaparece, es decir, no ocurre una epidemia.

Si $S_0 > \frac{\mu}{\beta}$ entonces $I(t)$ inicialmente se incrementa y se da una epidemia. El término epidemia significa que $I(t) > I_0$ para algún $t > 0$.

El parámetro crítico $\rho = \frac{\mu}{\beta}$ es algunas veces llamada la tasa relativa de eliminación y su recíproca $\sigma (= \frac{\beta}{\mu})$ es la tasa de contacto de la infección.

Escribimos

$$R_0 = \frac{\beta S_0}{\mu} \quad (3.10)$$

donde R_0 es el número reproductivo básico de la infección, esto es, el número de infecciones secundarias producidas por una infección primaria en una población susceptible.

$\frac{1}{\mu}$ es el periodo promedio de infección. Si más de una infección secundaria es producida de una infección primaria, esto es, $R_0 > 1$, claramente resulta una epidemia.

3.1.1. Número reproductivo básico

El principal parámetro utilizado en epidemiología es el número reproductivo básico, R_0 , definido como el número promedio de infecciones causadas por un individuo infeccioso cuando éste es introducido a una población de susceptibles durante el tiempo en el cual es contagioso [5]. Hernández-Suárez [9] propone otra definición de R_0 y la expresa en términos de contactos: R_0 es el número esperado de contactos que un individuo infeccioso tiene durante su periodo completo de infección, definiendo como un contacto cualquier actividad que pueda causar la infección de un susceptible.

Es importante hacer notar que el número reproductivo R_0 es un número sin dimensiones, no es una tasa, la cual puede tener unidades de $tiempo^{-1}$ [11].

Podemos usar el hecho de que R_0 no tiene dimensiones para ayudarnos a calcularlo.

$$R_0 \propto \left(\frac{infeccion}{contacto} \right) \cdot \left(\frac{contacto}{tiempo} \right) \cdot \left(\frac{tiempo}{infeccion} \right)$$

Más específicamente:

$$R_0 = \tau \cdot \bar{c} \cdot d \quad (3.11)$$

donde τ es la probabilidad de infección dada entre un individuo susceptible y uno infeccioso, \bar{c} es la tasa promedio de contactos entre individuos susceptibles e infecciosos y d es la duración de la infección.

Entonces si tenemos una red regular y generamos una red mundo pequeño, teniendo en cuenta que β_{prob} es la probabilidad de infección, μ es la tasa de recuperación y \bar{c} es la tasa promedio de contactos entre individuos susceptibles e infecciosos, entonces el número reproductivo básico para una epidemia en esta red será determinado mediante la siguiente ecuación:

$$R_0 = \frac{\beta_{prob} \bar{c}}{\mu} \quad (3.12)$$

Sin embargo para las subredes generadas mediante el proceso de muestreo mencionado en el capítulo 2, el número reproductivo de una epidemia en este tipo de subredes lo calcularemos de la siguiente manera:

En Anderson y May (1991) [24], el número reproductivo de una enfermedad infecciosa que se transmite directamente puede, en general, escribirse como

$$R_0 = \frac{\tau(\alpha, n)}{\alpha + \mu + \nu} \quad (3.13)$$

donde τ es la tasa promedio en la cual individuos infectados producen nuevas infecciones (es decir, el número por unidad de tiempo).

El denominador representa la tasa promedio en la cual individuos infectados dejan de serlo porque se recuperan (tasa ν) o por muerte (debida a la infección, es la tasa α , o por otras causas, es la tasa μ). Esto es, $\frac{1}{\alpha + \mu + \nu}$ representa la duración promedio de la infección, D .

La ecuación (3.13) se puede modificar dependiendo del tipo de infección, sin embargo esta ecuación ayuda a aclarar algunas ideas básicas.

Podemos escribir las tasas de transmisión y recuperación, τ y ν , como función de la virulencia (α) y del tamaño de la población (n), $\tau(\alpha, n)$ y $\nu(\alpha)$ para enfatizar la mutua relación entre los componentes de R_0 . Tal relación es importante en cualquier discusión de la evolución de la virulencia de un agente infeccioso en particular.

Una estimación directa de los componentes biológicos de τ para algunas infecciones, respiratorias por ejemplo, es muy difícil, sino imposible. Pero para enfermedades de transmisión sexual, la ecuación 3.13 toma una forma muy simple. La fórmula estándar es

$$R_0 = \beta_{prob}cD. \quad (3.14)$$

Aquí, como antes, D es la duración promedio de la infección; c es la tasa promedio en la cual se crean nuevos contactos (número promedio por unidad de tiempo); y β_{prob} es la probabilidad de que un individuo infeccioso pueda infectar a un susceptible. La ecuación (3.14) supone muchos tipos diferentes de homogeneidades (genéticas, de comportamiento, socio-económicas, geográficas, etc) dentro de la red a la cual se aplica.

Entre más contactos tenga un individuo en la red, más probabilidad tiene de adquirir la infección y también es más probable que una vez que tenga la infección la pueda transmitir. Podemos reescribir a R_0 como

$$R_0 = \rho_0[1 + (CV)^2] \quad (3.15)$$

Donde CV que es el coeficiente de variación, de la distribución de grado de la red, y ρ_0 están dados por las siguientes ecuaciones

$$CV = \frac{\langle i^2 \rangle^{\frac{1}{2}}}{\langle i \rangle}$$

$$\rho_0 = \beta_{prob}D \langle i \rangle$$

Si $\langle i \rangle = m$, entonces el número reproductivo básico R_0 queda de la siguiente manera:

$$R_0 = \beta_{prob} D m [1 + (CV)^2], \quad (3.16)$$

$$(3.17)$$

$$CV = \frac{\sigma}{m} \quad (3.18)$$

donde como ya mencionamos, β_{prob} es la probabilidad de que un individuo infeccioso pueda infectar a un susceptible, D es la duración promedio de la infección, m es la tasa promedio de nuevos contactos y CV el “coeficiente de variación” de la distribución de grado de la red [15]. Lo anterior lo hacemos considerando que tenemos una red estática, es decir, una vez muestreada la red mundo pequeño los contactos no van a estar cambiando con el paso del tiempo.

El tamaño de la epidemia es una de las propiedades asintóticas más importantes en los modelos epidemiológicos y se define como el número total de individuos infectados en una epidemia. Es una medida cuantitativa muy importante porque se relaciona de forma estrecha con los costos de la epidemia.

3.2. SIR en una red Mundo Pequeño

Consideraremos para nuestro estudio una red de $N = 1000$ nodos (individuos) con $k = 10$ aristas (contactos entre individuos) por nodo.

Los estados a los cuales los individuos susceptibles (S), infecciosos (I) y recuperados (R) pueden cambiar se observan en la figura 3.2.1.

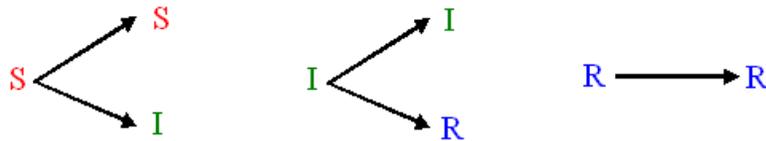


Figura 3.2.1: Los individuos susceptibles pueden convertirse en infecciosos o seguir siendo susceptibles, los individuos infecciosos pueden convertirse en recuperados o seguir siendo infecciosos y los individuos recuperados no pueden cambiar de estado.

Para simular el modelo SIR en una red mundo pequeño supondremos lo siguiente:

Número de vecinos:

El objeto de estudio de este modelo lo constituyen los individuos vinculados con su entorno generalmente constituido por los vecinos más cercanos. La interacción con sus vecinos está asociada al hecho de que es la proximidad espacial entre dos individuos lo que hace más probable la transmisión de la enfermedad entre ellos, en caso de ser contagiosa. Así, la distribución espacial determinará cuál es el grupo de individuos a los cuales un individuo podrá transmitir o de los cuales podrá contagiarse la enfermedad.

El periodo de incubación desde el momento de exposición, hasta el momento en que el individuo empieza a ser contagioso, es suficientemente pequeño como para considerar que un susceptible que contrae la enfermedad es, inmediatamente contagioso.

Que un individuo quede infectado dependerá fuertemente del número de vecinos infecciosos y recuperados que tenga; así como de la probabilidad de infección de cada uno de los infecciosos, pues no todos los individuos infecciosos tendrán la misma probabilidad de infección.

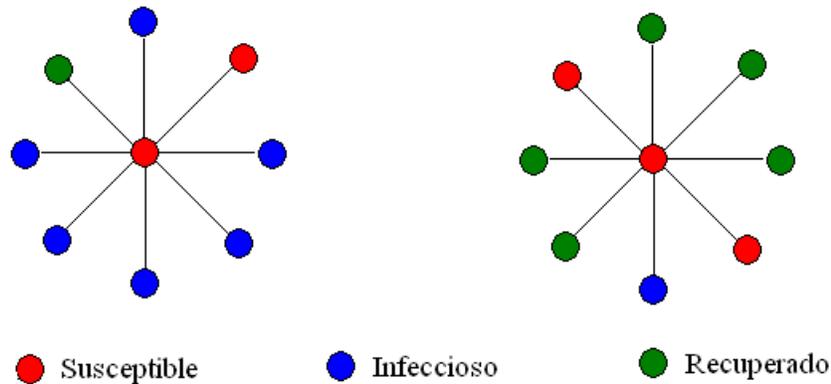


Figura 3.2.2: La probabilidad de que un individuo susceptible pueda ser infectado dependerá del número de individuos infecciosos que éste tenga y de la probabilidad de infección de los infecciosos.

Tiempo que dura la infección:

Como es sabido, no todos los individuos reaccionan de la misma manera ante cualquier enfermedad. A cada individuo le dura periodos de tiempo distintos, por tanto, consideraremos esto de la

siguiente manera: al quedar infectado un individuo, inmediatamente se le asignará de manera aleatoria un tiempo en el que durará infeccioso, es decir, solo en este periodo de tiempo podrá infectar, convirtiéndose en recuperado posteriormente. Antes de poder infectar se verificará si su periodo para poder infectar aún no termina y se calculará su nuevo tiempo de infeccioso.

Tiempo en que se calcularán las variaciones para los S, I y R:

Daremos la tasa λ en la que la dinámica se mueve y de esta manera $\frac{1}{\lambda}$ será el tiempo promedio en que se revisan los S, I y R.

Los λ_i serán obtenidos de una distribución de probabilidad exponencial.

λ nos ayuda a contar periódicamente de mediciones el número de susceptibles, infecciosos y recuperados en cada instante, como si fuesen tres poblaciones paralelas. Recordemos que el total de las poblaciones es constante, por tanto:

$$S + I + R = S_0 + I_0 + R_0$$

$\lambda = 1$ significará que se está revisando el desarrollo de la enfermedad diariamente.

Considerando que β es la tasa de infección y μ es la tasa de recuperación, β_{prob} será la probabilidad de infección dada por la ecuación (3.19).

$$\beta_{prob} = \frac{\beta}{\beta + \mu} \quad (3.19)$$

El siguiente algoritmo nos mostrará como realizaremos la simulación del modelo SIR sobre una red mundo pequeño

Algoritmo 1:¹

1. Consideraremos que inicialmente no hay ningún individuo recuperado, (aunque los podría haber), es decir, sólo consideramos susceptibles e infecciosos, y la cantidad que existe para cada uno es:

$$S = S_0 \quad I = I_0 \quad \text{y} \quad R = R_0 = 0$$

2. Indicamos la tasa de infección β , de recuperación μ y la tasa en la que la dinámica se mueve λ donde $\frac{1}{\lambda}$ es el tiempo promedio en el que se obtienen las nuevas cantidades para S, I, R.

¹Programa: SIR en una red mundo pequeño.

-
3. Partiendo de una red regular, generamos una red mundo pequeño mediante el algoritmo de Watts-Strogatz [27] para determinar como estarán distribuidos espacialmente los individuos susceptibles, infecciosos y recuperados.
 4. Determinamos de manera aleatoria los nodos (individuos) infectados en la red antes generada, asignándoles inmediatamente el tiempo que les durará la infección.
 5. De acuerdo a la λ y $\frac{1}{\lambda}$ se revisan los tiempos de infección de cada individuo infectado para ver si aún puede infectar a sus vecinos susceptibles o si ya se convierte en un individuo recuperado.
 6. Debemos conocer que ocurre con las cantidades de susceptibles, infecciosos y recuperados a medida que transcurre el tiempo; calculamos las variaciones de S, I, R. Obtenemos las nuevas cantidades de S, I, R, sumando a la población actual la variación calculada [25].

3.3. SIR en las subredes de la red Mundo Pequeño

Al muestrear la red mundo pequeño como antes mencionamos, se pueden generar varias subredes dependiendo del valor de q con el que se muestrea. El valor de q esta entre cero y uno, si $q = 1$ tenemos la red mundo pequeño, pues quiere decir que al muestrear todos los nodos quedaron en la subred. Si $q = 0$ no tenemos subred, pues ningún nodo quedará en la subred.

Al simular el modelo SIR en la red mundo pequeño y en las subredes de la red mencionada nos interesa ver como va cambiando el número de susceptibles, infecciosos y recuperados en cada periodo. Las variaciones de S , I y R las calcularemos de la siguiente manera:

Algoritmo 2:¹

1. Generamos una red mundo pequeño mediante el modelo Watts-Strogatz [27].
2. Simulamos el modelo SIR sobre la red mundo pequeño generada anteriormente, de acuerdo al **Algoritmo 1**.
3. Los estados de cada nodo serán guardados para cada tiempo que vaya transcurriendo, denotando estos estados por 1: susceptible, 2: recuperado, 3: infeccioso. Así para uno de los nodos conoceremos su estado conforme transcurra el tiempo.

¹Programa: SIR en las subredes de la red mundo pequeño.

-
4. Al muestrear consideraremos los nodos que quedaron en la subred o subredes y los estados de los nodos en cada tiempo, considerando que no podemos tener nodos aislados, pues éstos, si los hay serán eliminados de la nueva subred [16].

De esta manera podremos calculamos las variaciones para los I, S y R para cada tiempo de la subred o subredes.

Como antes mencionamos de acuerdo al valor de q será el número de subredes que se pueden generar y podremos observar el comportamiento para cada una de las subredes y para cada uno de los estados, susceptible, infecciosos y recuperado.

En el apéndice A encontramos la explicación detallada la programación de los algoritmos y del programa y paquete que nos permite ver los resultados para cada uno de los estados, S, I y R, pues podemos hacer un gráfico por cada población respecto del tiempo.

Estudio de redes Mundo Pequeño y sus subredes

Como antes mencionamos podemos cuantificar las propiedades estructurales de las redes mundo pequeño de acuerdo a su diámetro característico, coeficiente de agrupación y distribución de grado.

En los algoritmos que nos permiten observar dichas propiedades estructurales de las redes (regulares, mundo pequeño y aleatorias), consideramos $N = 1000$ nodos (individuos) y $k = 10$ aristas (contacto entre los individuos) por nodo.

Los algoritmos que nos muestran las propiedades estructurales nos arrojan los siguientes resultados para dichas redes.

El grado de las redes lo calculamos de acuerdo a la distribución de grado.

- **Redes Regulares:**

Cuando $p = 0$ tenemos este tipo de redes. Esta red es una red en anillo convencional pero con una pequeña modificación, que tiene a cada nodo conectados 5 de los más cercanos vértices hacia su derecha y otros cinco hacia su izquierda. Teniendo diez aristas por nodo. Los resultados que obtenemos para esta red se muestran en la tabla 4.1:

No. de nodos	1000
No. aristas	5000
Grado mínimo	10
Grado medio	10
Grado máximo	10
Diámetro característico	50.45
Coeficiente de agrupación	0.666

Tabla 4.1: Red regular

En donde el grado de un vértice es como antes mencionamos el número de vecinos que tiene.

- **Redes Aleatorias:**

Cuando $p = 1$ tenemos este tipo de redes. Como bien dice su nombre esta red no tiene ninguna forma que se pueda justificar porque está conectada eligiendo los nodos aleatoriamente, a excepción del número de nodos que contiene en un principio, que eso si que lo hemos fijado para que todas ellas sean iguales en tamaño, es decir, partiendo de una red regular.

Los resultados que obtenemos para este tipo de redes los podemos observar en la tabla 4.2:

No. de nodos	1000
No. aristas	5000
Grado mínimo	5
Grado medio	10
Grado máximo	18
Diámetro característico	3.27
Coefficiente de agrupación	0.0094

Tabla 4.2: Red aleatoria

Para $p = 1$ cuando todas las ramas se han redibujadas aleatoriamente (en ese caso obtenemos un grafo aleatorio que tenga un grado de distribución Gaussiano).

- **Redes Mundo Pequeño:**

Esta red se ha creado a partir de una red regular pero con la peculiaridad de que se han introducido varias conexiones de larga distancia para que las distancias para ir de un vértice al otro de la red sea mucho más corta que en una red regular normal.

Los resultados que obtenemos para este tipo de redes están en la tabla 4.3:

Las redes mundo pequeño se obtiene con un coeficiente de agrupación grande, similar a la red original, y un diámetro característico pequeño, como en una red aleatoria. Watts y Strogatz consiguieron que su modelo tuviera algunos aspectos de muchas de las redes reales, que tienen un diámetro característico pequeño, en relación a una red aleatoria, mientras que tienen un coeficiente de agrupación relativamente alto (el coeficiente de agrupación de una red aleatoria es casi cero).

No. de nodos	1000
No. aristas	5000
Grado mínimo	9
Grado medio	10
Grado máximo	11
Diámetro característico	6.78
Coefficiente de agrupación	0.664584

Tabla 4.3: Red Mundo Pequeño

4.1. Propiedades estructurales de las subredes de la red Mundo Pequeño

El muestreo de redes mundo pequeño lo realizaremos como se menciona en la sección 2.1 por el proceso de muestreo aleatorio de May y Stumpf [16]. La distribución de grado y el algoritmo de muestreo nos ayudarán a observar cuando al muestrear tenemos más de una subred. Generamos una red mundo pequeño con el valor de $p = 0.0001$, partiendo de una red regular de $N = 1000$ nodos ó vértices y $k = 10$ aristas por vértice.

Al muestrear un número considerable de veces y obtener el promedio del número de subredes y número de nodos por red, obtenemos los siguientes resultados:

Valor de q	Número de subredes	Número de vértices
0.1	49	56
0.2	43	163
0.3	35	294
0.4	30	401
0.5	16	496
0.6	4	642
0.7	3	679
0.71	2	705
0.72	2	710
0.74	2	741
0.75	2	735
0.77	2	763
0.78	1	787
0.8	1	756

Tabla 4.4: Número de Subredes obtenidas de Redes Mundo Pequeño

Debido a que sólo nos interesa considerar las redes que conserven más propiedades de la red original y que esto se logra cuando al muestrear tenemos sólo una subred, entonces observando la tabla 4.4, al llegar a muestrear con $q = 0.78$, ya es muy poco probable encontrar más de una subred conexa, después de 30 corrimientos no encontramos más de una subred conexa, por lo cual tenemos el siguiente resultado enunciado como una definición:

Proposición 4.1.1. *El muestreo de la red mundo pequeño realizado mediante el proceso de muestreo de May y Stumpf con valor $q > 0.78$ da por resultado solamente una subred conexa de la red mundo pequeño.*

4.1.1. Distribución de grado

- **Redes.**

Analizaremos primero el comportamiento de la distribución de grado de redes partiendo desde una red aleatoria hasta una red mundo pequeño, utilizando el programa Distribución de Grado¹.

Con $p = 1$ tenemos la gráfica 4.1.1.

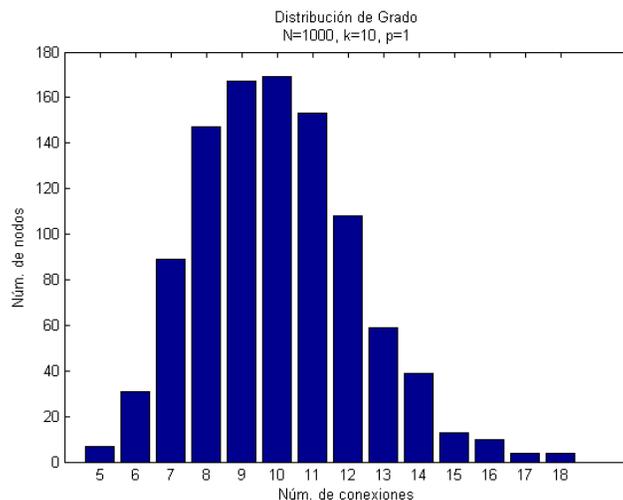


Figura 4.1.1: Distribución de grado de una red aleatoria. La distribución de grado de una red aleatoria sigue una distribución de Poisson.

En el programa Distribución de Grado, el valor de p nos dirá la cantidad de nodos que serán redireccionados de manera aleatoria de entre todos los nodos, cuando $p = 1$ tenemos una red

¹Programa: Distribución de grado en disco.

aleatoria y su distribución de grado se muestra en la figura 4.1.1, en donde el eje x representa el número de enlaces en la red y el eje y corresponde a la fracción de nodos P con k enlaces.

El grado de distribución de una red aleatoria sigue la distribución de Poisson con la forma de una curva de campana. Una red aleatoria es similar a una red nacional de carreteras en las cuales los nodos son las ciudades y las aristas son las mayores carreteras que las conectan. De hecho la mayoría de ciudades son conectadas por aproximadamente el mismo número de carreteras. Sin embargo, esta aproximación no capta la realidad de las redes como es el caso de internet.

Con $p = 0.3$ tenemos la gráfica 4.1.2.

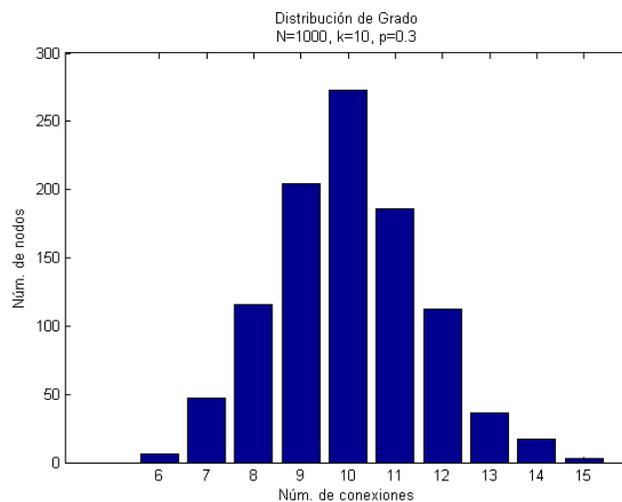


Figura 4.1.2: Con $p = 0.3$ generamos un red y calculamos la distribución de grado de la misma observando que tiende a seguir una distribución normal.

Para valores de $0.2 < p < 0.8$ tenemos una distribución de grado como la de la figura 4.1.2, en la que observamos que cada vez más se aproxima a tener una distribución normal.

Con $p = 0.0001$ tenemos la gráfica de la distribución de grado de una red mundo pequeño 4.1.3.

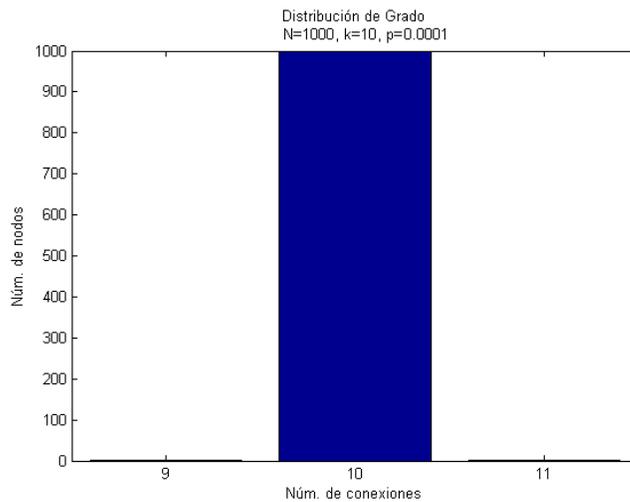


Figura 4.1.3: En la distribución de grado de una red mundo pequeño la mayor parte de nodos en la red tendrán el mismo grado y sólo un número muy pequeño de ellos tendrá un grado mayor o menor.

A medida que $p \rightarrow 0$ la distribución de grado se colapsa a una función delta de Dirac, indicando que la estructura de la red corresponde a la de una red regular con k conexiones por nodo.

- **Subredes.**

Ahora analizaremos el comportamiento de las subredes de una red mundo pequeño generadas con $p = 0.0001$ y variaremos el valor del muestreo q para generar las subredes de la red mundo pequeño.

Recordemos que $0 \leq q \leq 1$ y si $q = 1$, eso indicará que todos los nodos han sido seleccionados en el muestreo y un valor para $q = 0$ indicará que ningún nodo es considerado en la subred, es decir, no hay subred.

Con $q = 1$ tenemos la red mundo pequeño, ya que todos los nodos son incluidos en la subred y la gráfica 4.1.4 nos muestra la distribución de grado para esta red.

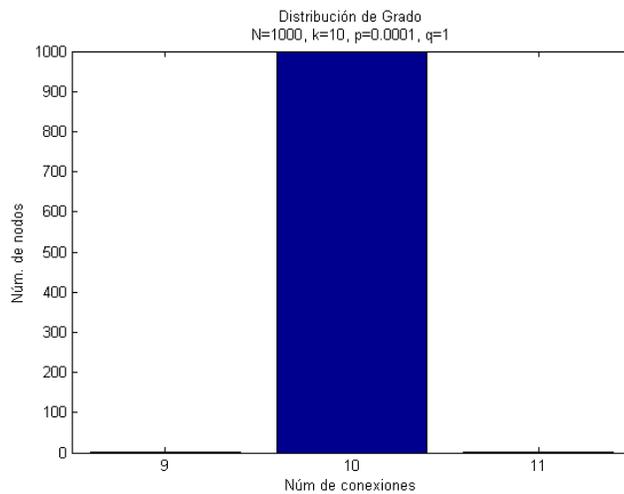


Figura 4.1.4: Distribución de Grado de una Red mundo pequeño muestreada con $q=1$, al muestrear con $q=1$ recuperamos toda la red mundo pequeño.

Al muestrear con $q = 0.9$, tenemos la gráfica 4.1.5 .

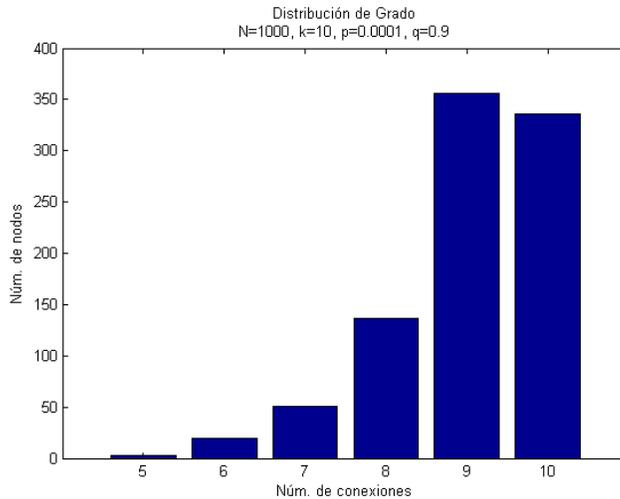


Figura 4.1.5: Distribución de Grado de una red mundo pequeño muestreada con $q=0.9$.

Como se observa en la figura 4.1.5, al muestrear con un valor alto de q la mayoría de nodos tienen un grado alto y sólo muy pocos tienen un grado muy pequeño.

Al muestrear la red mundo pequeño con $q = 0.7$ tenemos la gráfica 4.1.7 en la que empezamos a observar como empieza a tener una distribución normal, lo cual se observa mejor cuando muestreamos con $q = 0.5$, en la gráfica 4.1.8.

Con $q = 0.8$, tenemos la gráfica 4.1.6.

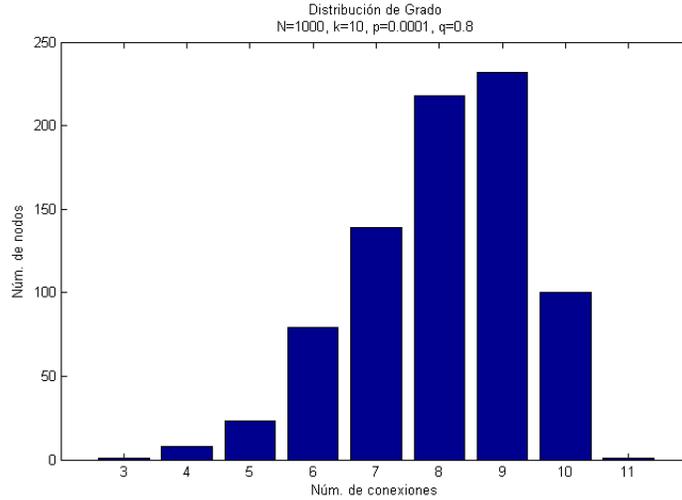


Figura 4.1.6: Distribución de Grado de una red muestreada con $q=0.8$.

Con $q = 0.7$, tenemos la gráfica 4.1.7.

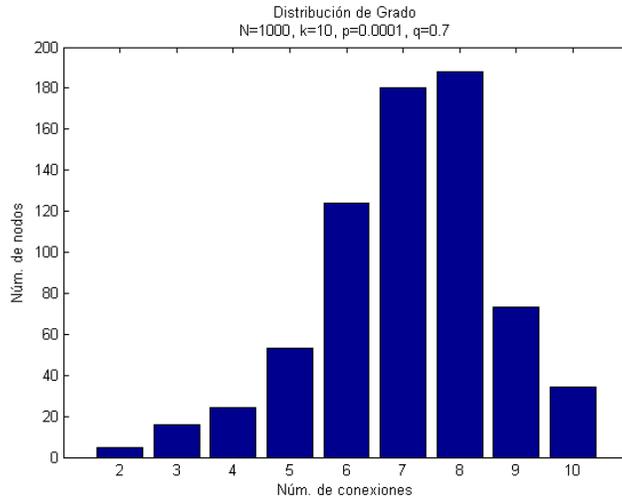


Figura 4.1.7: Distribución de Grado de una red muestreada con $q=0.7$.

Con $q = 0.5$, tenemos la gráfica 4.1.8.

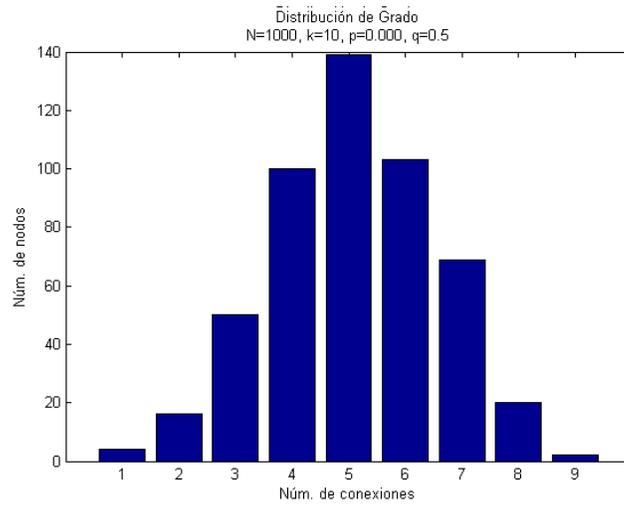


Figura 4.1.8: Distribución de Grado de una red muestreada con $q=0.5$, aproximándose a una distribución normal.

Al muestrear la red mundo pequeño con $q = 0.3$ tenemos la gráfica 4.1.9.

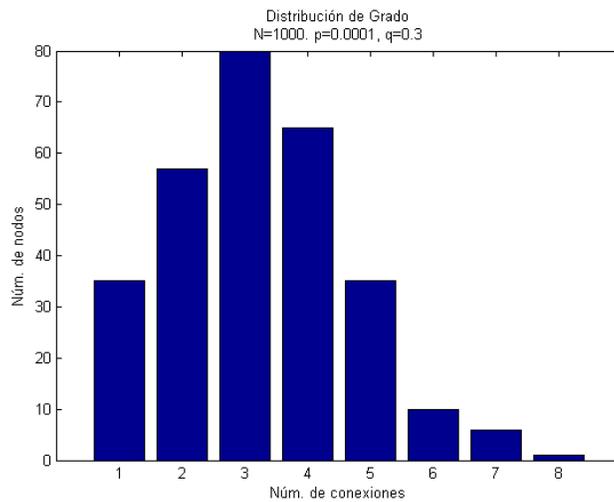


Figura 4.1.9: Distribución de Grado de una red muestreada con $q=0.3$.

Al muestrear la red mundo pequeño con $q = 0.1$ tenemos la gráfica 4.1.10.

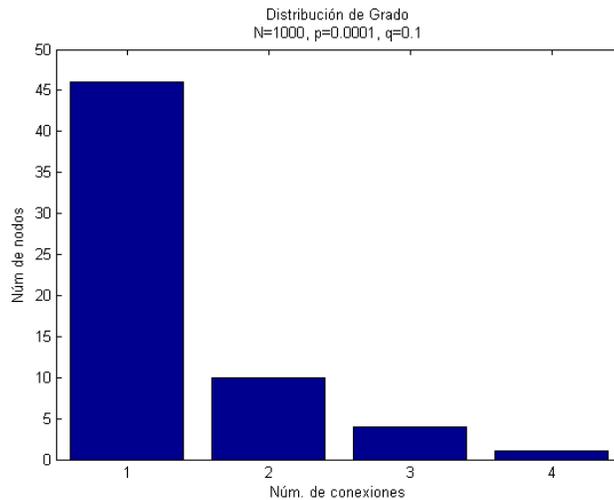


Figura 4.1.10: Al muestrear con $q = 0.1$ la distribución de grado se reduce a una función decreciente en la que vamos a tener muchos pares de nodos conectados por solo una arista.

Conforme $q \rightarrow 1$ nos aproximamos a la red mundo pequeño, es decir a una gráfica de la distribución de grado como la gráfica 4.1.3.

Observamos que a medida que $q \rightarrow 0.3$, la distribución de grado de la gráfica muestreada exhibe una transición gradual hacia una distribución gaussiana. Como sucede con la red original cuando $p \rightarrow 1$.

4.1.2. Diámetro característico

Considerando una red generada con $p = 0.001$ y su subred generada con $q = 0.8$ tenemos los siguientes resultados proporcionados mediante el programa: Diámetro característico ¹:

Valor de L de la Red	Valor de L de la subred	Núm. de nodos en la subred
41.306	52.337	816
20.028	22.785	787

Tabla 4.5: Diámetro característico de las subredes con $p=0.001$

Haciendo p más pequeño, tenemos lo siguiente:

¹Programa en disco

Para una red mundo pequeño generada con $p = 0.0001$ y su subred generada con $q = 0.8$ y utilizando el mismo programa tenemos los resultados de la tabla 4.6

Valor de L de la Red	Valor de L de la subred	Núm. de nodos en la subred
50.4	53.5988	774
50.4	52.8628	798

Tabla 4.6: Diámetro característico de las subredes de una red Mundo Pequeño

Observamos que las subredes que se obtienen al muestrear no conservan esta propiedad estructural de la red original mundo pequeño.

El cálculo de L (Diámetro característico) para una red de tamaño $N = 1000$, se complica en cuanto a tiempo (días) de compilación del programa, debido a los cálculos que se tienen que realizar.

4.1.3. Coeficiente de agrupación

Considerando una red mundo pequeño generada con $p = 0.0001$ y su subred muestreada con $q = 0.8$ tenemos los siguientes resultados proporcionados mediante el programa: Coeficiente de agrupación¹:

Valor de C de la Red	Valor de C de la subred	Núm. de nodos en la subred
0.664972	0.663569	806
0.664584	0.664076	801
0.664801	0.665376	802
0.665235	0.662312	806
0.664341	0.668059	786
0.664755	0.664071	819
0.665965	0.666826	799
0.665044	0.669185	792

Tabla 4.7: Coeficiente de agrupación para las subredes de una red Mundo Pequeño

Observando estos resultados podemos decir lo siguiente:

La subred muestreada con valor $q \geq 0.78$ de una red mundo pequeño tiene un coeficiente de agrupación tan alto como la red original, es decir, la subred conserva esta propiedad estructural.

De aquí que tenemos el siguiente teorema:

¹Programa en disco.

Teorema 4.1.2. *Las subredes muestreadas con un valor de muestreo de $q \geq 0.78$ de una red mundo pequeño (generadas a partir del modelo de Watts-Strogatz), conservan un coeficiente de agrupación igual que las redes mundo pequeño, pero su diámetro característico no.*

4.2. SIR en la red Mundo Pequeño

Una caracterización completa del proceso de propagación es dado por la evolución de la población infectada. Inicialmente, toda la población es susceptible, excepto por un solo individuo, entonces conforme transcurre el tiempo el número de individuos infectados incrementa o decrece y la población de susceptibles y recuperados varía dependiendo del cambio de la población infecciosa.

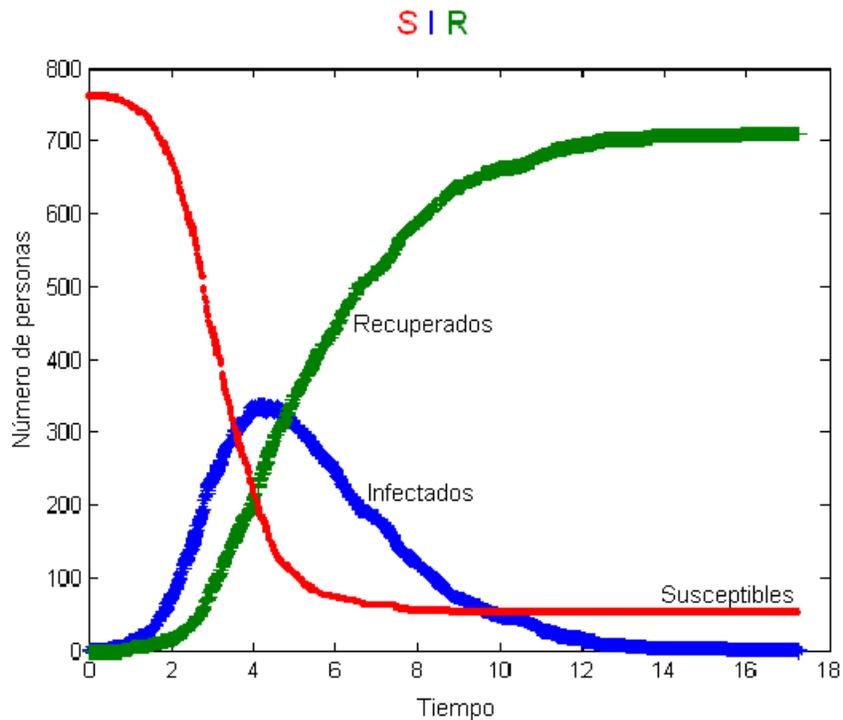


Figura 4.2.1: Con $p = 1$ tenemos las curvas continuas para los individuos infecciosos, recuperados y susceptibles.

Con el programa: SIR¹ pero con los datos tomados de J. D. Murray [18], $N = 763$, $S_0 = 762$, $I_0 = 1$, $\rho = \frac{\mu}{\beta} = 202$, $\mu = 0.44036$ (tasa de recuperación), $\beta = 2.18 \times 10^{-3}$ (tasa de infección) y $p = 1$ (valor para generar una red aleatoria en el programa: SIR), generamos el comportamiento

¹Programa en disco.

para los I, S y R que se muestra en la gráfica 4.2.1.

• **Red Regular:**

Cuando $p = 0$ tenemos una red regular. Con $N = 1000$ nodos, $k = 10$ aristas por nodo, $S_0 = 999$, $I_0 = 1$, $\beta = 2.18 \times 10^{-3}$ (tasa de infección), y $\mu = 0.44036$ (tasa de recuperación) observamos el siguiente comportamiento para los I, S y R.

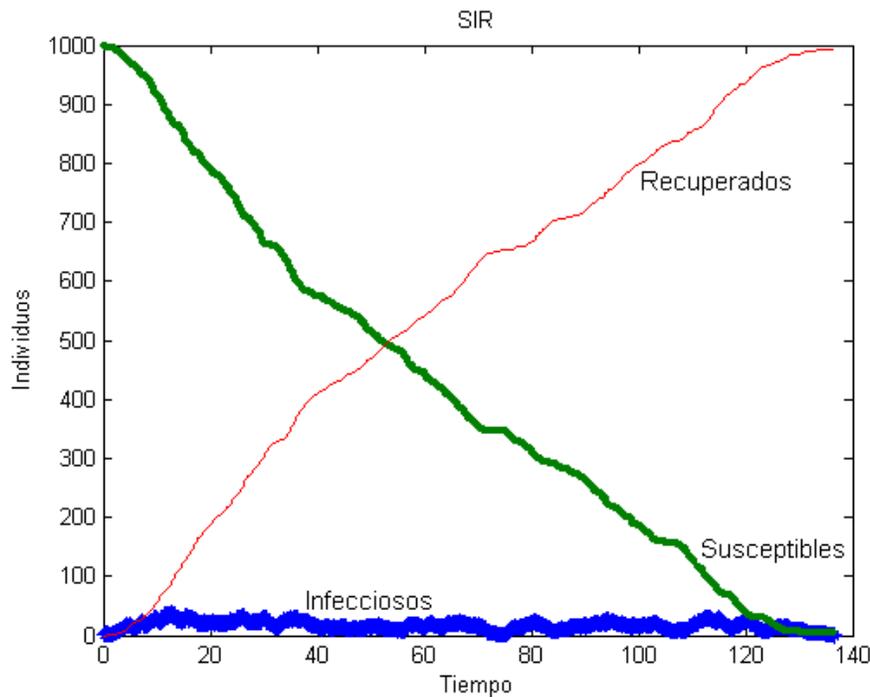


Figura 4.2.2: SIR en una Red Regular. Gráfica generada mediante el programa: SIR que nos muestra el comportamiento de los susceptibles, infecciosos y recuperados.

La figura 4.2.3, muestra solamente el comportamiento de los infecciosos para una red regular, es decir, con $p = 0$. Observando esta gráfica nos damos cuenta que no alcanza a haber una epidemia grande, habiendo sólo pequeños brotes de poca duración.

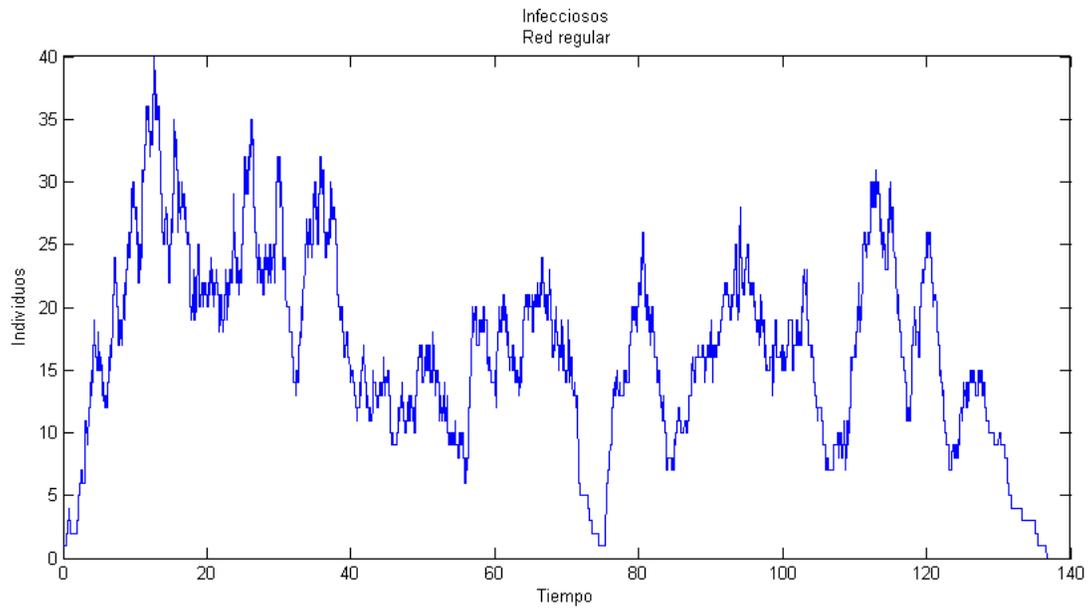


Figura 4.2.3: Comportamiento de la población infecciosa en una Red Regular

• **Red Aleatoria:**

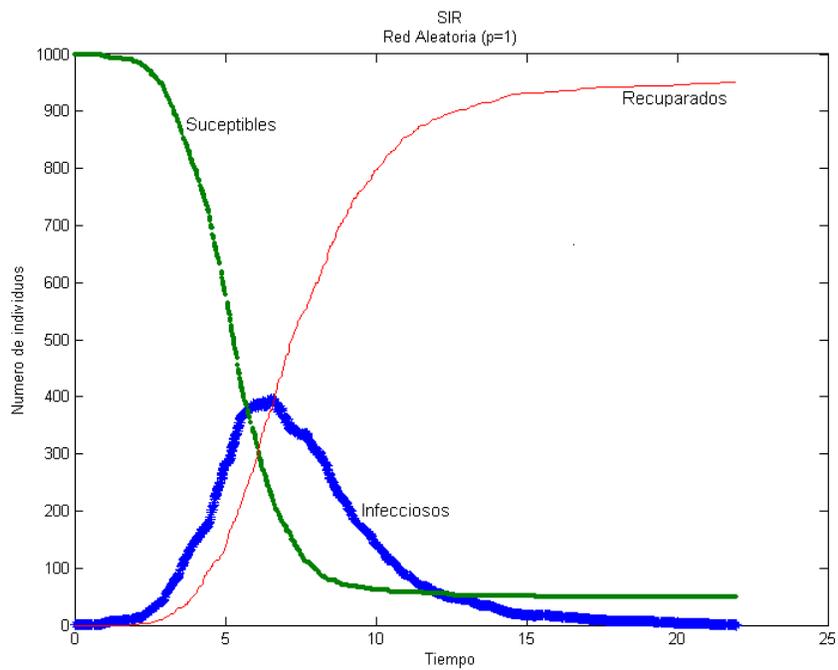


Figura 4.2.4: SIR en una Red Aleatoria. Gráfica generada mediante el Programa: SIR.

Cuando $p = 1$ tenemos una red aleatoria. Con $N = 1000$ nodos, $k = 10$ aristas por nodo, $S_0 = 999$, $I_0 = 1$, $\beta = 2.18 \times 10^{-3}$ (tasa de infección) y $\mu = 0.44036$ (tasa de recuperación) observamos el comportamiento para los I, S y R en la gráfica 4.2.4.

Observando la curva de los individuos infecciosos podemos darnos cuenta que hay un brote epidémico afectando a un gran número de individuos en la población aproximadamente al sexto día.

• Red Mundo Pequeño:

En contraposición a un modelo regido por contactos al azar, nos planteamos cómo actúa una epidemia en una red mundo pequeño. En primera instancia si el contagio no es al azar y está confinado por las fronteras geográficas simples la infecciosidad decrece dramáticamente, ya que no cualquier ejemplar de la población puede contactar a cualquier otro. A pesar de esto los atajos propios de las redes mundo pequeño introducen cuotas de aleatoriedad que necesitamos tener en cuenta si deseamos frenar unos procesos epidémicos. Es decir, se debe actuar considerando la topología de la red y no solo los dispositivos de contagio.

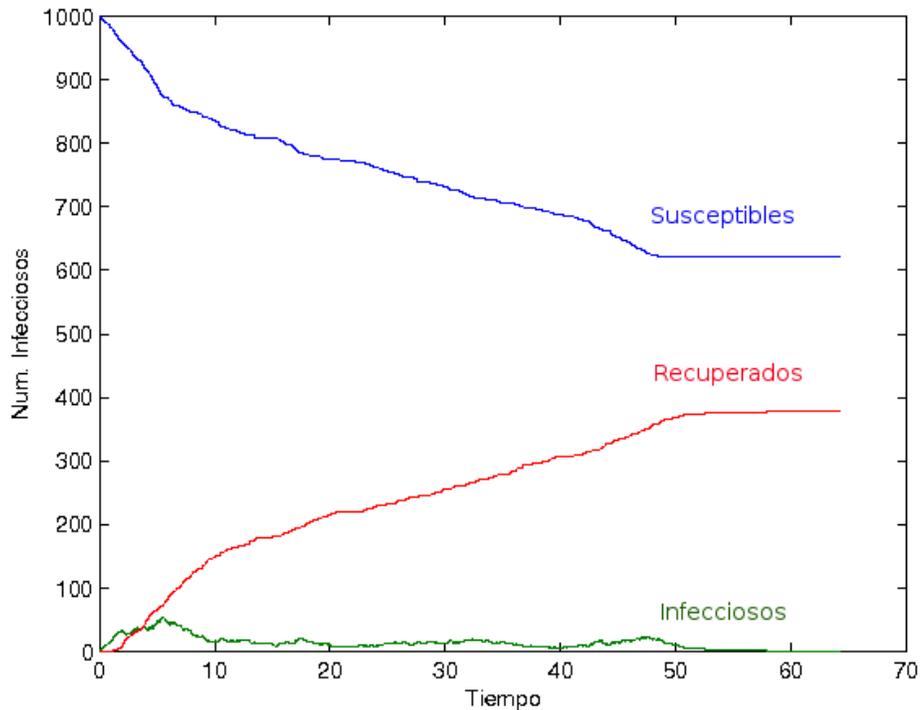


Figura 4.2.5: SIR en una Red Mundo Pequeño generada con las mismas tasas que se usaron para generar la gráfica de una red aleatoria y una red regular.

Observemos sólo el comportamiento de los individuos infecciosos.

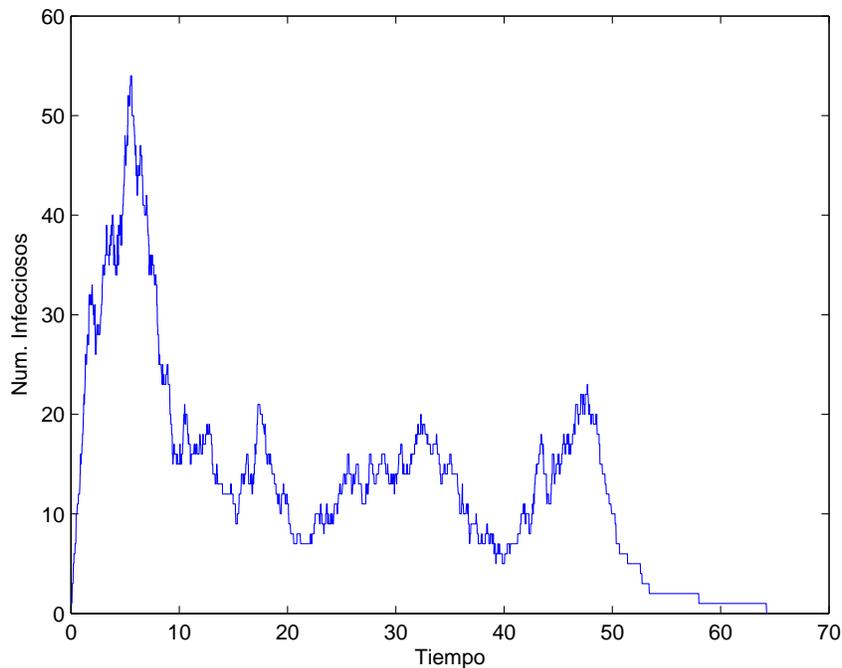


Figura 4.2.6: Curva continua de los infecciosos en una red mundo pequeño. Observemos que no alcanza a haber una epidemia grande, más sin embargo hay pequeños brotes epidémicos que afectan a una pequeña parte de la población.

Observamos el comportamiento para los I, S y R en la gráfica 4.2.5 y la gráfica 4.2.6 nos muestra solamente el comportamiento de los individuos infecciosos.

En general, y si se comparan las curvas de infecciosidad del contagio epidémico en redes mundo pequeño y en redes aleatorias regidas por el modelo SIR, se aprecia que en las redes mundo pequeño la fracción de infectados crece continuamente en un gradiente desde 0 y no hay ningún proceso de explosión epidémica que afecte a gran parte de la población [28].

Una característica importante que tienen las redes mundo pequeño es que son más resistentes a los ataques al azar porque la conectividad no está distribuida de modo aleatorio. Es decir que, teniendo a Internet en mente, es poco probable pensar que procedimientos de ataque que no seleccionen nodos con mucha conectividad tengan un éxito importante. Como contrapartida, cualquier ataque que funcione con una lógica selectiva se vuelve altamente peligroso, lo cual sería inocuo en una red vinculada estrictamente al azar [16].

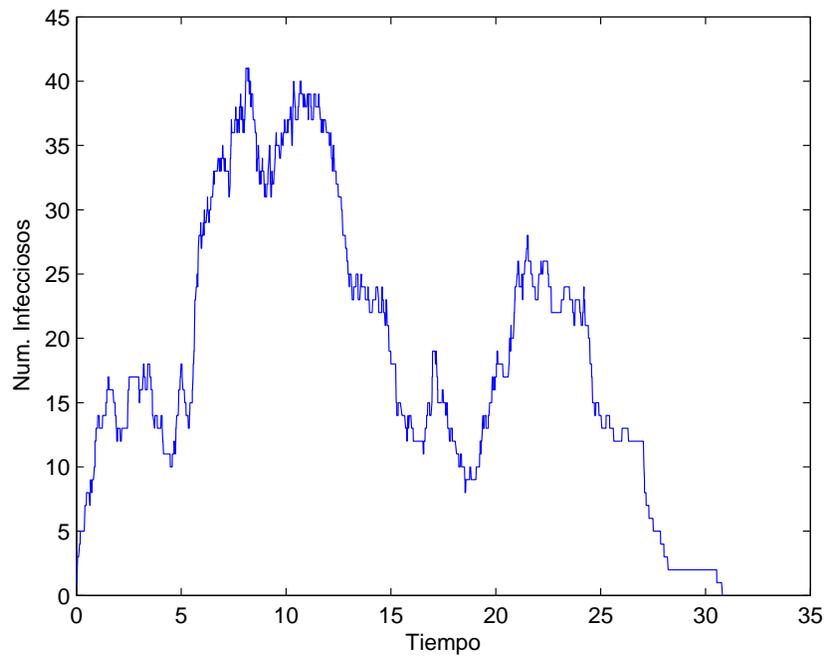


Figura 4.2.7: Comportamiento de la población infecciosa en una red mundo pequeño.

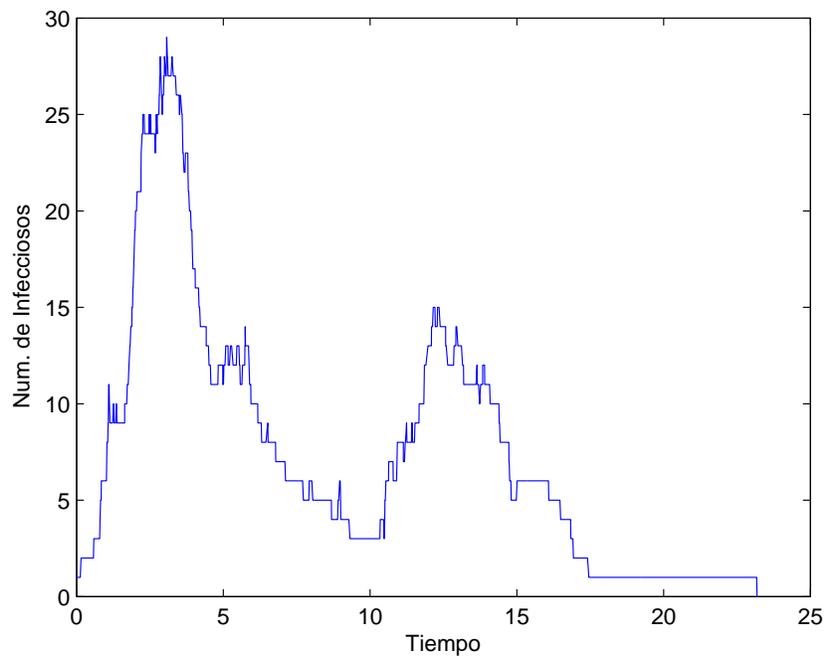


Figura 4.2.8: I en una Red Mundo Pequeño.

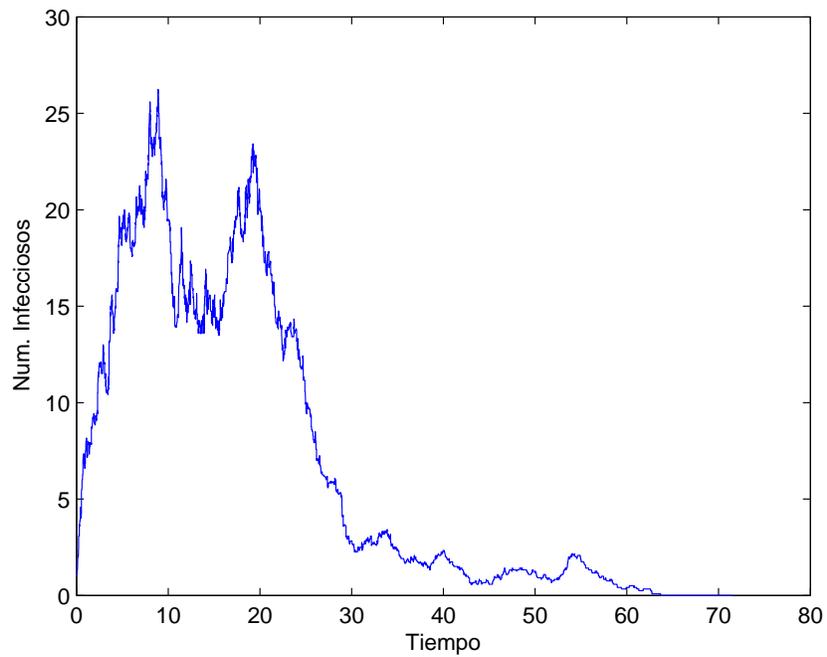


Figura 4.2.9: I en una Red Mundo Pequeño.

Observando las figuras 4.2.7, 4.2.8 y 4.2.9 podemos decir que en estas redes mundo pequeño hay más de un pequeño brote que afecta a una pequeña parte de la población, sin embargo no hay una explosión epidémica que afecta a una gran parte de la población como sucede con una red aleatoria.

4.3. SIR en la Subred

Debido a que una caracterización completa del proceso de propagación en nuestro modelo es dado por la evolución de la población infecciosa, analizaremos el comportamiento de dicha población.

Las figuras que se muestran de la población infecciosa son generadas por el programa SIR. Variando las tasas de recuperación y de infección mostraremos primero la figura que mostrará el comportamiento de la población infecciosa en una red mundo pequeño y posteriormente el comportamiento de la población infecciosa en la subred muestreada de la red mundo pequeño.

Generando una red mundo pequeño con $N = 1000$ nodos, $k = 10$ aristas por nodo, $p = 0.0001$, $\mu = 0.6$, $\beta = 0.25$ y $\beta_{prob} = 0.2$ tenemos la gráfica 4.3.1 que nos muestra solo el comportamiento de los individuos infecciosos, pues una caracterización completa del proceso de propagación en nuestro modelo es dado por la evolución de la población infectada. Inicialmente toda la población es susceptible excepto un individuo infeccioso, es decir, $I_0 = 1$ y $S_0 = 999$.

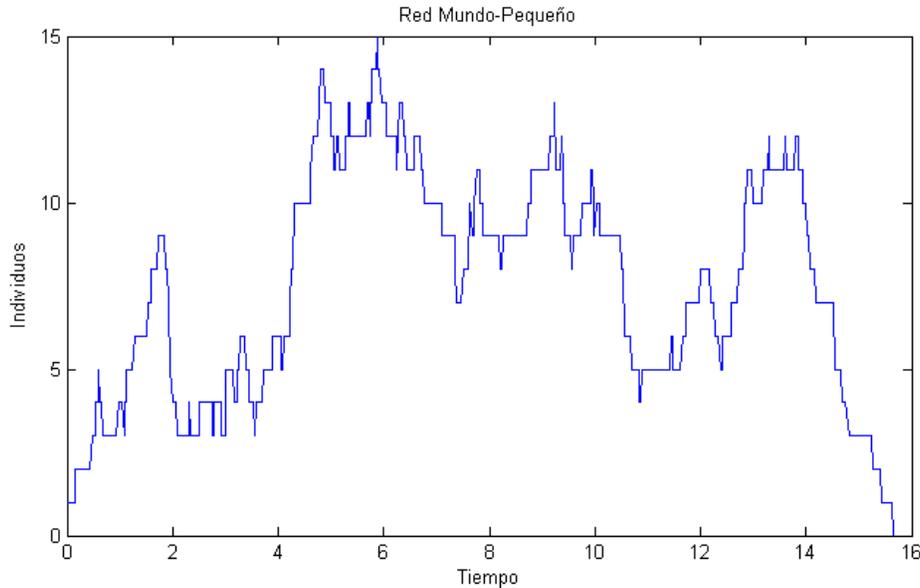


Figura 4.3.1: I en una Red Mundo Pequeño.

Ahora muestreamos en la red mundo pequeño 4.3.1 con $q = 0.8$ y tenemos la gráfica 4.3.2 que nos muestra el comportamiento de los individuos infecciosos:

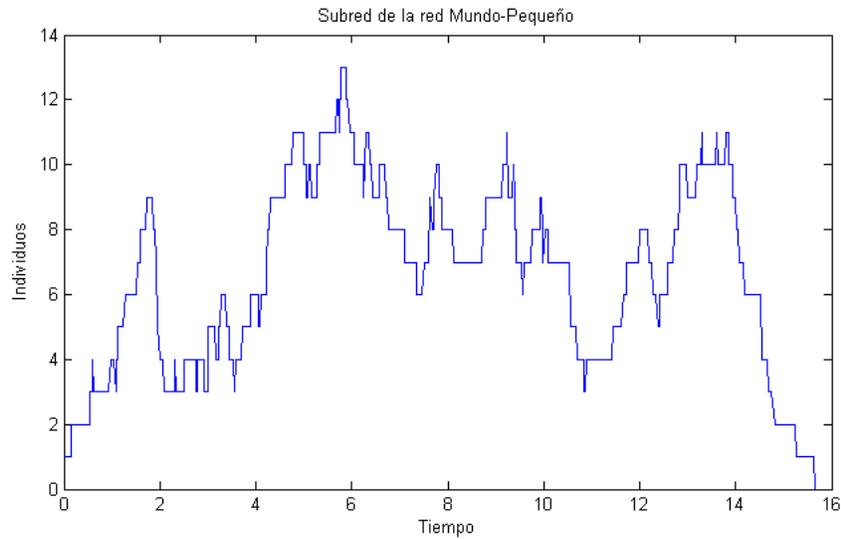


Figura 4.3.2: I en la subred 4.3.1

Podemos observar que los individuos infecciosos de la red mundo pequeño y de la subred alcanzan su máximo y su mínimo en los mismos tiempos. El comportamiento de 4.3.1 y 4.3.2 es muy similar en cada tiempo correspondiente, ambas gráficas muestran que hay pequeños brotes epidémicos en los mismos tiempos sin que ocurra un brote epidémico grande.

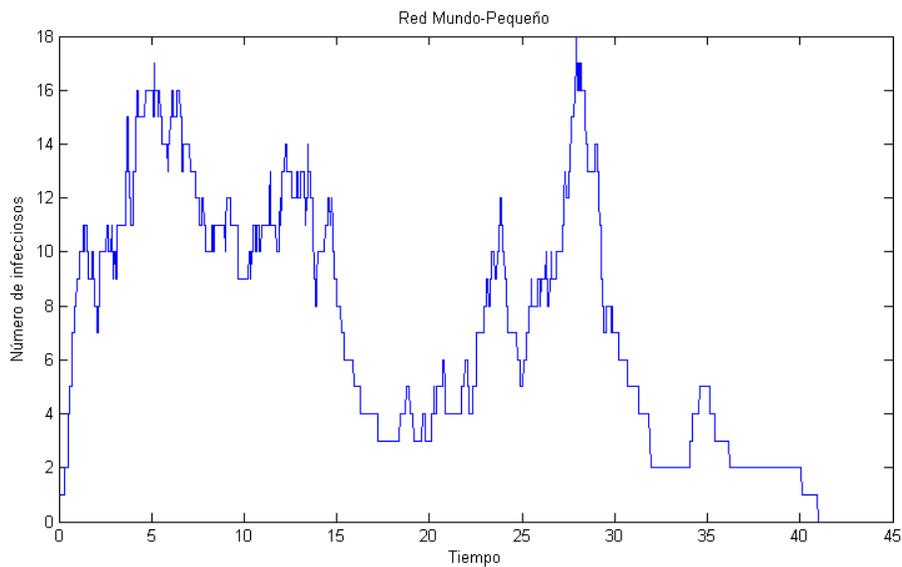


Figura 4.3.3: I en una Red Mundo Pequeño.

La gráfica 4.3.3 nos muestra sólo el comportamiento de los individuos infecciosos de una red mundo pequeño generada con $N = 1000$ nodos, $k = 10$ aristas por nodo, $p = 0.0001$, $\mu = 0.4$, $\beta = 0.25$ y $\beta_{prob} = 0.2$.

Ahora muestreamos en la red mundo pequeño obtenida anteriormente con $q = 0.8$ y tenemos la gráfica 4.3.4 que nos muestra el comportamiento de los individuos infecciosos:

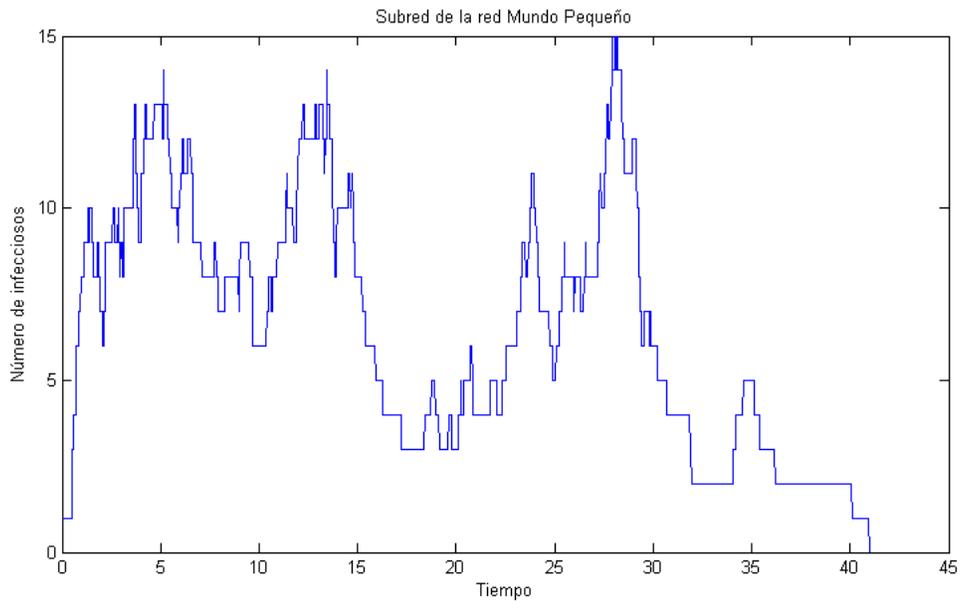


Figura 4.3.4: I en la subred 4.3.3

Observando la gráfica de la red 4.3.3 y la gráfica de la subred 4.3.4 podemos decir hay pequeños brotes en los mismos tiempos y que la curva de infecciosidad termina en el mismo tiempo para la red y para la subred.

Modificando las tasas y compilando el programa: SIR¹, con $\mu = 0.44036$, $\beta = 0.3$, $q = 0.8$ y $p = 0.0001$, tenemos la gráfica 4.3.5 que nos muestra el comportamiento sólo de la población infecciosa I en la red mundo pequeño.

¹Programa en disco.

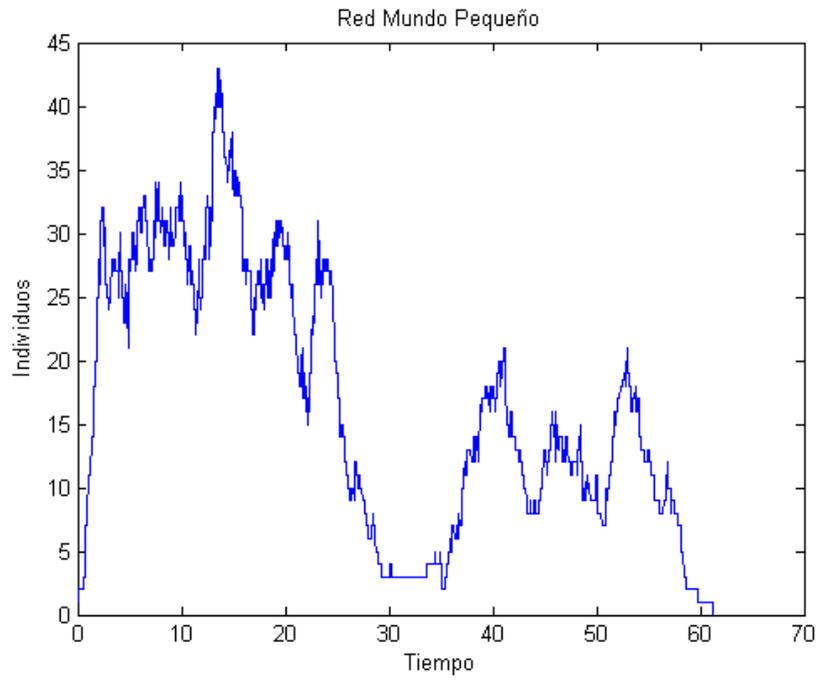


Figura 4.3.5: Comportamiento de la población infecciosa en una Red Mundo Pequeño.

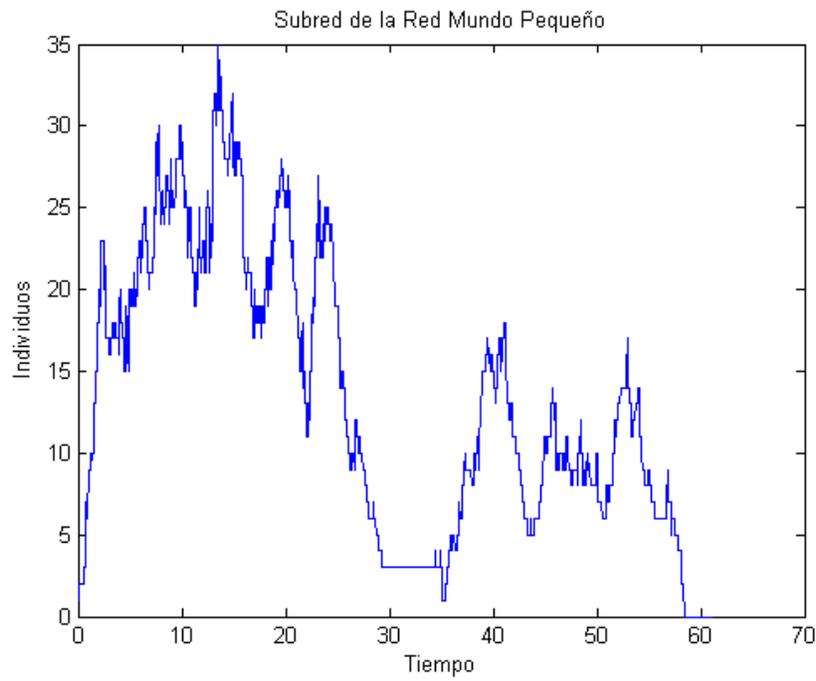


Figura 4.3.6: I en la subred 4.3.5

Después de muestrear observamos la gráfica de la población infecciosa 4.3.6. Al comparar la gráfica de la red mundo pequeño 4.3.5 y la gráfica de la subred 4.3.6 podemos observar que el comportamiento de los individuos infecciosos es muy similar en ambas gráficas y que el comportamiento de la población infecciosa de la red muestreada puede dar información del comportamiento de la red mundo pequeño.

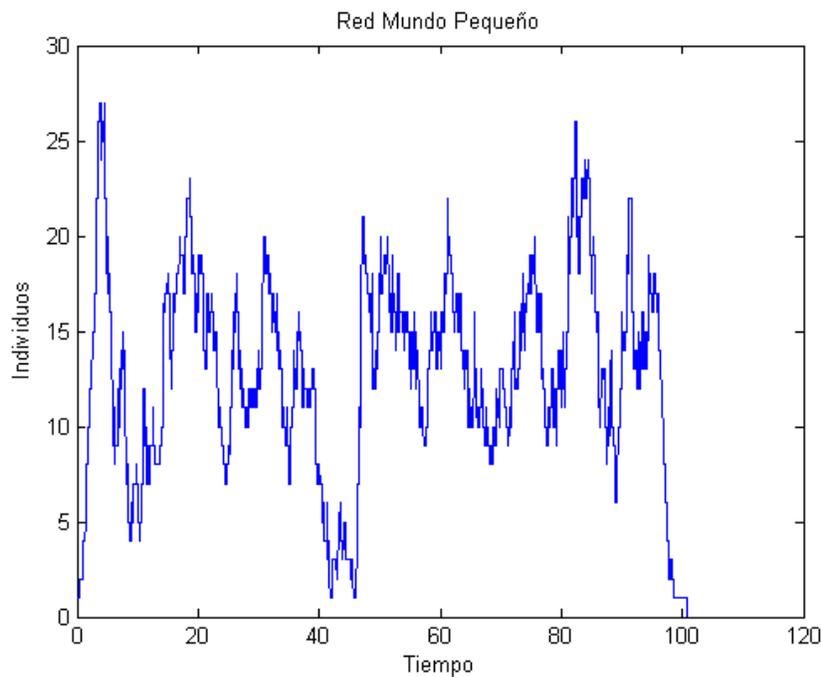


Figura 4.3.7: I en una Red Mundo Pequeño.

La gráfica de la red mundo pequeño 4.3.7 la generamos utilizando los mismos valores con los que generamos la gráfica 4.3.5.

Cuando muestreamos la red mundo pequeño 4.3.7 observamos la gráfica 4.3.8 que representa la población infecciosa.

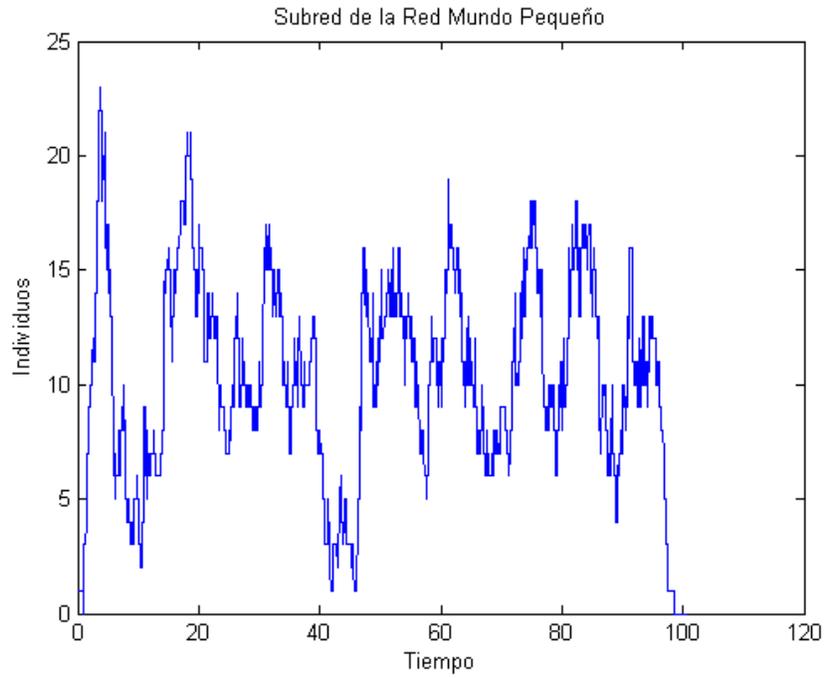


Figura 4.3.8: I en la subred 4.3.5

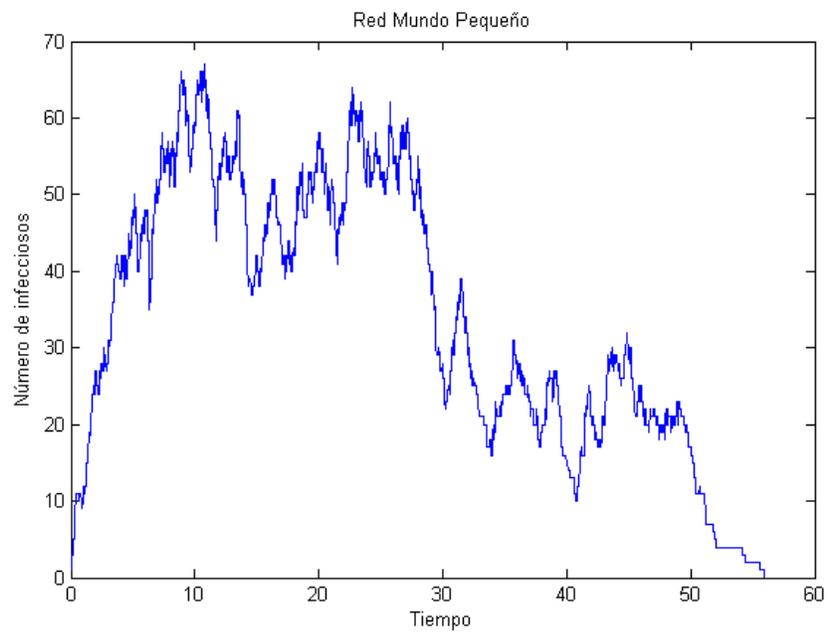


Figura 4.3.9: I en una Red Mundo Pequeño.

Cambiando las tasas de recuperación y de infección, siendo estas, $\mu = 0.5$ (tasa de recupera-

ción) y $\beta = 0.6$ (tasa de infección) generamos primero la red mundo pequeño 4.3.9 y después realizamos el muestreo para diferentes valores de q .

Si $q = 0.78$ tenemos la gráfica de la red mundo pequeño 4.3.9 y la gráfica de la subred una vez realizado el muestreo es 4.3.10.

Comparando la gráfica de la red y la subred podemos observar un comportamiento similar. Además observamos que no existe una epidemia grande que afecte a toda la población, más sin embargo, hay pequeños brotes que afectan a sólo una pequeña parte de la población.

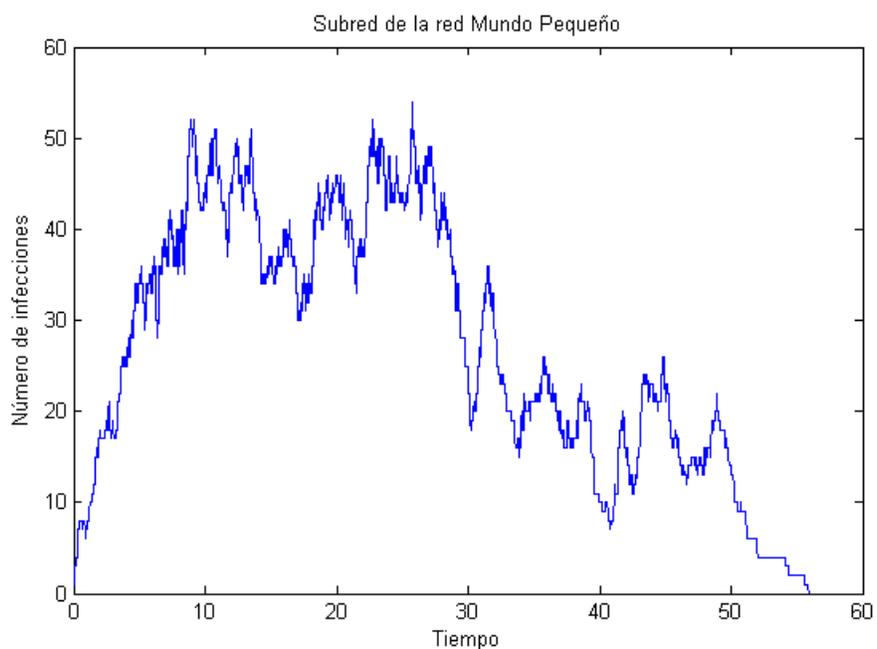


Figura 4.3.10: I en la subred 4.3.9 generada con un valor de $q=0.78$

Con $q = 0.8$ y con $\mu = 0.5$ (tasa de recuperación) y $\beta = 0.6$ (tasa de infección) tenemos la gráfica para la red mundo pequeño 4.3.11 y para la subred tenemos la gráfica 4.3.12.

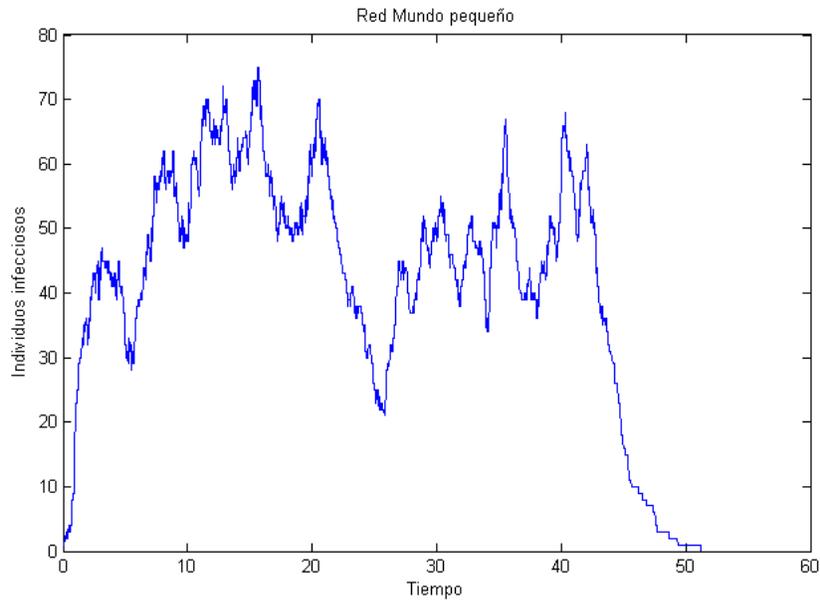


Figura 4.3.11: I en una Red Mundo Pequeño 5

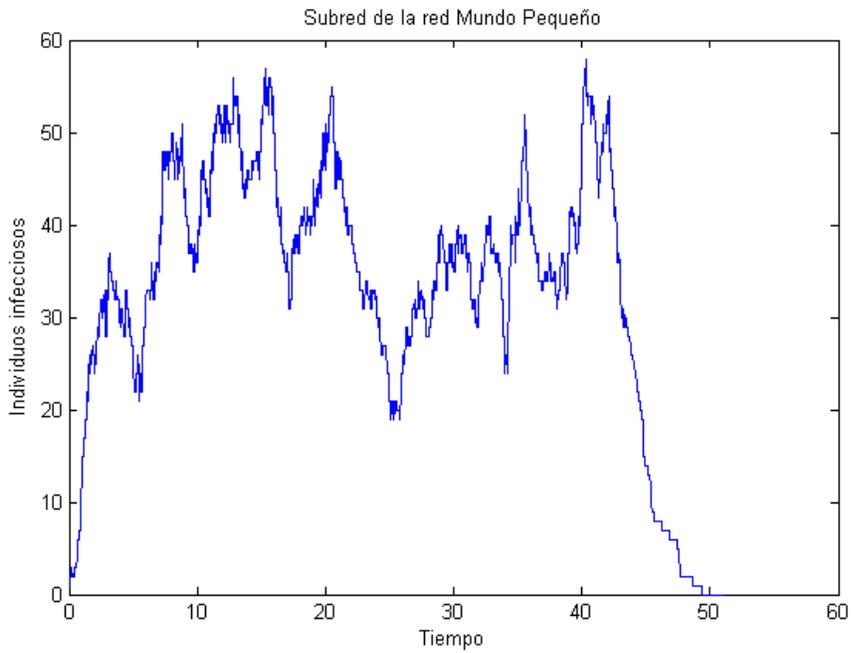


Figura 4.3.12: I en la subred 4.3.11

Observamos que cuando el tiempo de duración de la epidemia es corto la gráfica de de individuos infecciosos de una red mundo pequeño se comporta como en 4.3.13 y la subred como en

4.3.14

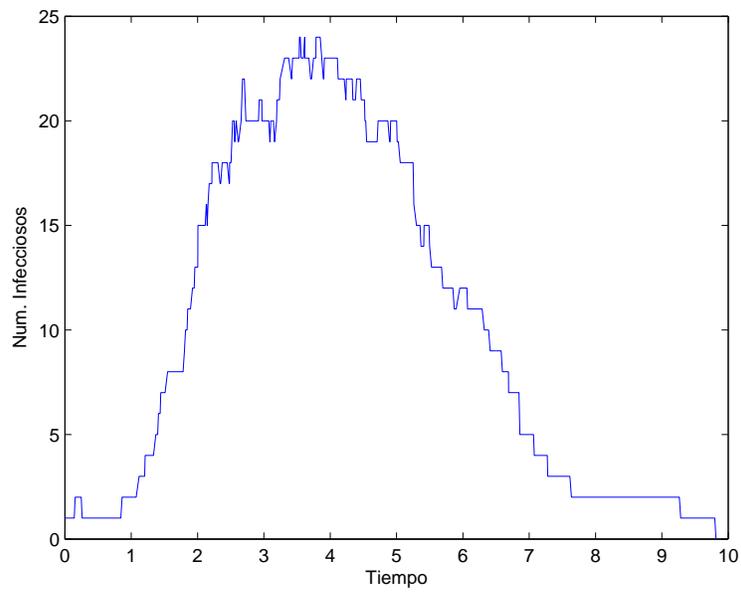


Figura 4.3.13: I en una red mundo pequeño con casi 10 días de duración de la epidemia

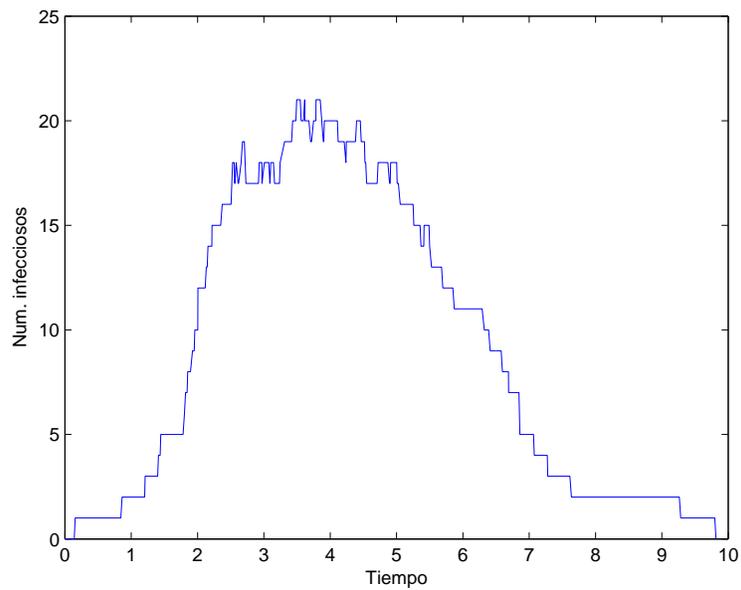


Figura 4.3.14: I en la subred de la red mundo pequeño de casi 10 días de duración de la epidemia

Cuando el tiempo de duración es muy grande, podemos observar el comportamiento de los individuos infecciosos como se muestra en la gráfica 4.3.15 y para la subred como se observa en la gráfica 4.3.16

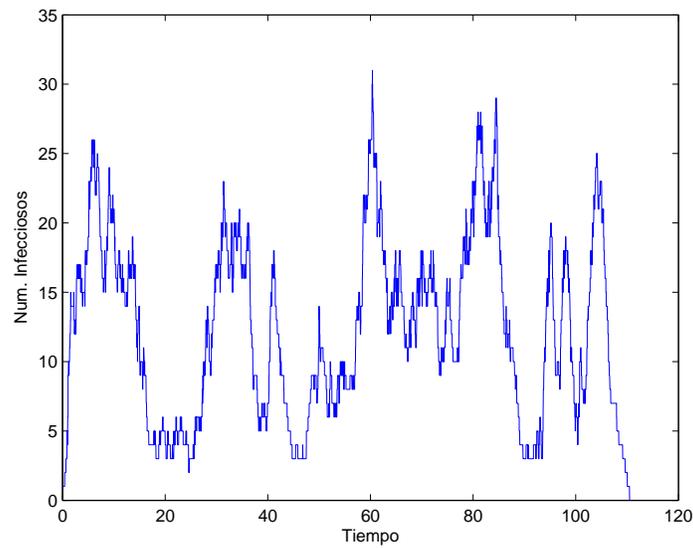


Figura 4.3.15: I en una red mundo pequeño con casi 120 días de duración de la epidemia

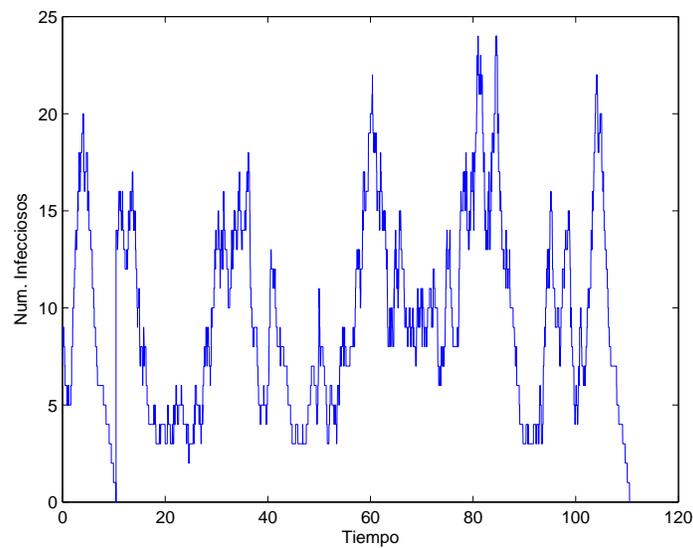


Figura 4.3.16: I en la subred de la red mundo pequeño de casi 120 días de duración de la epidemia

4.3.1. Duración de la epidemia

En series de tiempo de la incidencia de enfermedades infecciosas en una población determinada se han observado, desde la antigüedad, dos patrones muy diferentes: oscilaciones moderadas alrededor de un nivel constante (patrón endémico), o curvas dentadas con puntas agudas entre períodos de muy baja incidencia o ausencia completa de la enfermedad (patrón epidémico). Desde los años, cuando apareció el Sida, se conoce un patrón diferente de los dos anteriores, porque se parece a una curva logística que empieza con un crecimiento fuerte y luego tiende a un nivel constante.

El fenómeno de las epidemias ha llamado la atención de muchos matemáticos desde finales del siglo XIX, así que en el año 1979 se contaban cerca de 600 artículos publicados sobre la teoría matemática de epidemias. La investigación matemática en esta área se ha concentrado en el intento de responder a dos preguntas esenciales. La primera es: ¿cuáles son las condiciones en que una epidemia es posible? Si tales condiciones se cumplen, la segunda pregunta es: ¿cuál será el tiempo de extinción de la epidemia?. Trataremos la segunda pregunta en la red mundo pequeño y en sus subredes.

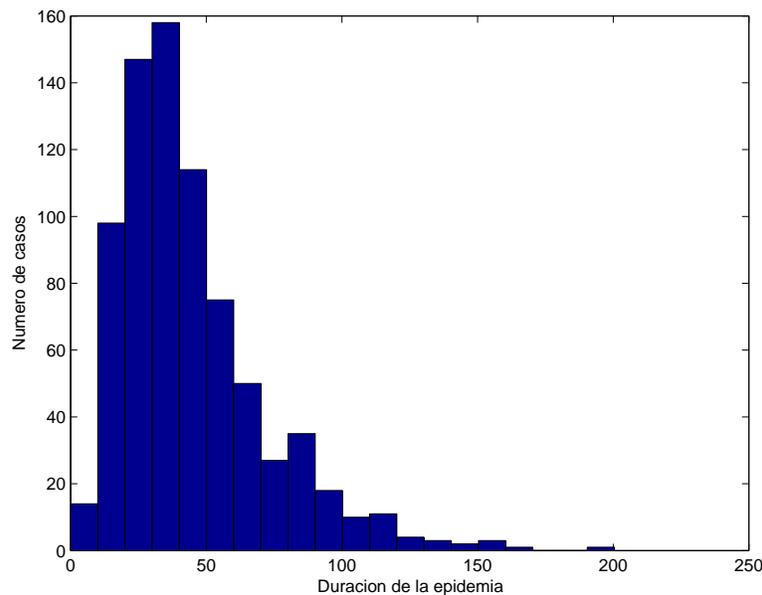


Figura 4.3.17: Duración de la epidemia en la red mundo pequeño red

Considerando una red regular de tamaño $n = 1000$ nodos con $k = 10$ aristas por nodo y generando una red mundo pequeño con $p = 0.0001$, $\mu = 0.44036$ y $\beta = 0.3$, tomamos la duración de 900 epidemias y generamos la gráfica 4.3.17 que nos muestra los tiempos de extinción de las epidemias en una red mundo pequeño.

La distribución de probabilidad que mejor ajusta estos datos es la distribución de probabilidad Log-Logística, la gráfica 4.3.18 nos muestra dicha aproximación.

En probabilidad y estadística, la distribución log-logística (conocida como Distribución de Riesgo en economía) es una distribución de probabilidad continua para una variable aleatoria no negativa. Es usada en análisis de supervivencia como un modelo paramétrico para eventos cuyas tasas incrementan inicialmente y decrecen después, por ejemplo mortalidad por cancer siguiendo un tratamiento.

La distribución Log-Logística es la distribución de una variable aleatoria cuyo logaritmo tiene una distribución Logística.

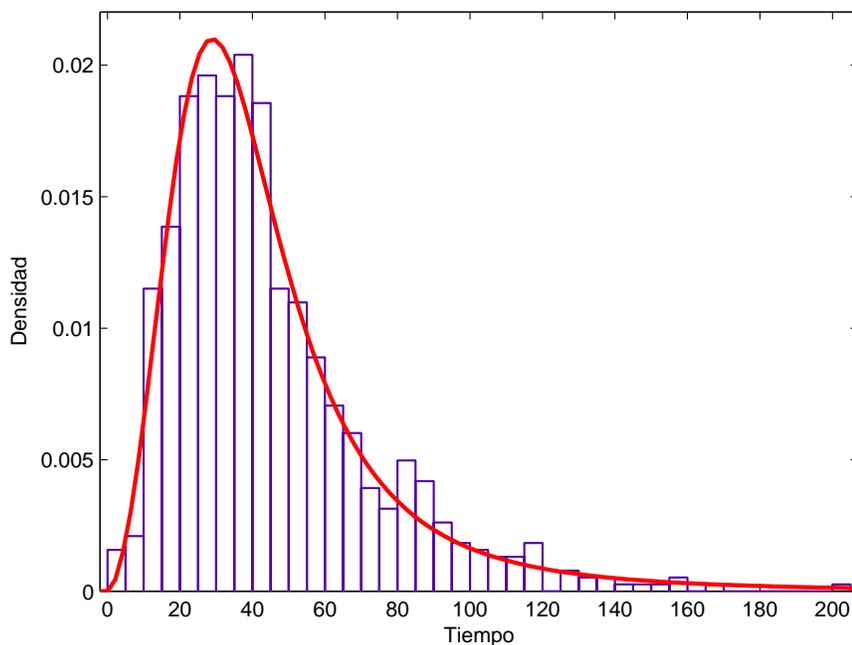


Figura 4.3.18: Estimación de la duración de la epidemia en las redes mundo pequeño. La distribución que mejor se ajusta a nuestros datos es la distribución Log-Logística.

Los valores estimados para la media y la varianza son:

$$\mu : 3.63408$$
$$\sigma^2 : 0.12862$$

Parámetro	Estimación	Std. Err.
μ	3.63408	0.0223485
σ	0.358637	0.010834

Muestreando con $q = 0.8$ las subredes de las redes mundo pequeño generadas anteriormente y tomando su tiempo de duración tenemos la gráfica 4.3.19 que nos muestra los tiempos de extinción de las epidemias en las subredes.

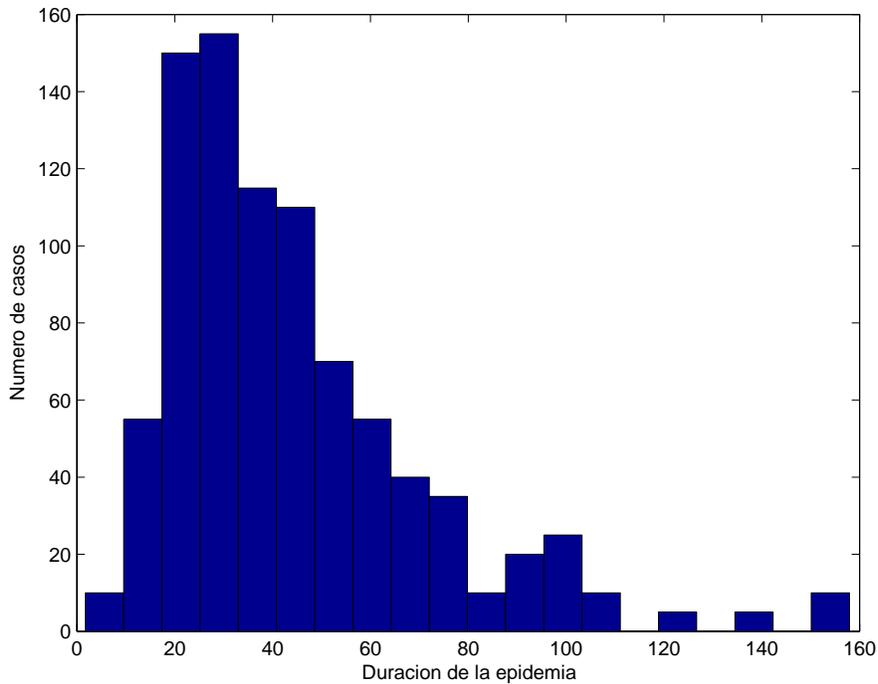


Figura 4.3.19: Duracion de la epidemia en la subred de la red mundo pequeño

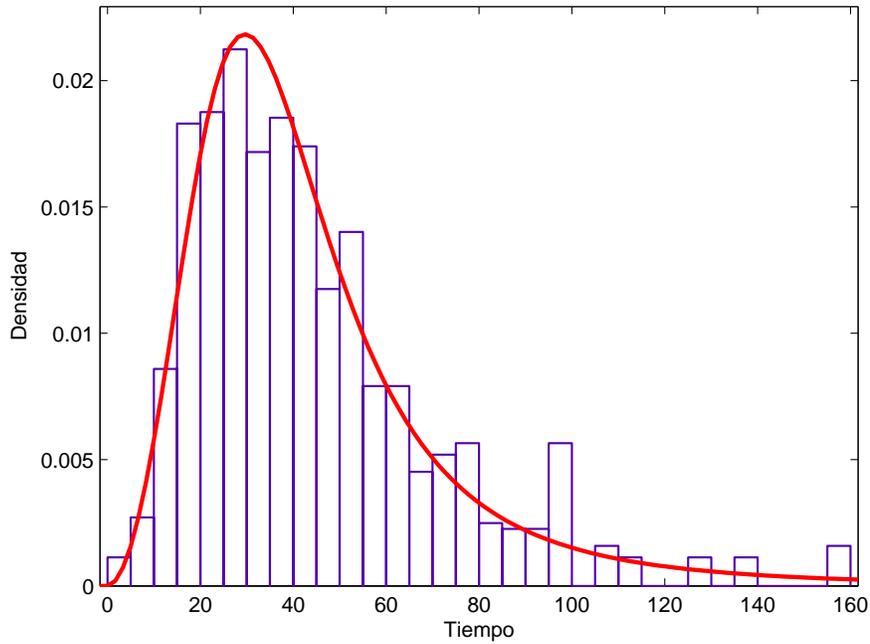


Figura 4.3.20: Estimación de la duración de la epidemia en las subredes de la red mundo pequeño. La distribución que mejor ajusta los datos es la distribución Log-Logística.

Los valores estimados para la media y la varianza son:

Media : 3.63067

Varianza : 0.116751

Parámetro	Estimación	Std. Err.
μ	3.63067	0.0199865
σ	0.341689	0.00953558

Para las epidemias que simulamos en promedio la duración de la epidemias en redes mundo pequeño es de 47 días y para las subredes muestreadas es de 46 días.

4.4. Conclusiones

Cuando muestreamos la red mundo pequeño mediante el proceso de muestreo de May y Stumpf de acuerdo al valor q con el que muestreamos podemos obtener más de una subred, sin embargo nos interesa saber cuál de todas esas subredes conserva información de la red mundo pequeño. La subred que más información nos proporciona de la red original es cuando nos queda solamente una subred al muestrear y eso se obtiene con un valor de $q > 0.78$.

La distribución de grado de una red aleatoria sigue una distribución de Poisson y a medida que $p \rightarrow 0$ la distribución de grado se colapsa a una delta de Dirac. En la gráfica de la distribución de grado de una red mundo pequeño se observa que el mayor número de nodos en la red tienen grado 10 y que sólo una muy pequeña parte de ellos (los que fueron redireccionados) tienen grado 9 u 11.

Al muestrear una red mundo pequeño y calcular la distribución de grado de las subredes, observamos que con $q = 1$ tenemos la red mundo pequeño, pues todos los nodos son incluidos en la subred, posteriormente al seguir muestreando para valores de $q < 1$ observamos que a medida que $q \rightarrow 0.3$ la distribución de grado de la gráfica muestreada exhibe una transición gradual hacia una distribución gaussiana como sucede con la red original cuando $p \rightarrow 1$.

La subred muestreada con valor $q > 0.78$ de una red mundo pequeño tiene un coeficiente de agrupación tan alto como la red original, es decir, la subred conserva esta propiedad estructural, sin embargo la propiedad estructural del diámetro característico no la conservan estas subredes de la red mundo pequeño. Por tanto las subredes de la red mundo pequeño no son redes mundo pequeño.

Analizando que ocurre al estudiar el modelo SIR en una red mundo pequeño y en sus subredes, al realizar el muestreo nos damos cuenta que al igual que en la red mundo pequeño no hay una explosión epidémica como en una red aleatoria, sin embargo hay varios brotes epidémicos pequeños de corta duración que afectan a un número muy pequeño de individuos en la población.

Podemos observar que las curvas de infecciosidad tienen la misma duración y que su punto máximo y mínimo lo alcanzan en aproximadamente los mismos tiempos, en general observamos que las curvas tanto de la red mundo pequeño como de la subred muestreada mediante el proceso de muestreo de May y Stumpf tienen el mismo comportamiento, lo cual nos lleva a la conclusión de que al muestrear la red mundo pequeño con un valor de $q = 0.8$ y estudiar esta subred muestreada,

podemos predecir lo que ocurrirá en la red mundo pequeño.

Número Reproductivo

El número reproductivo básico como antes mencionamos, es el número (medio) esperado de nuevos casos infecciosos en una población completamente susceptible producido por un solo caso durante su periodo completo de infectividad. Como toda probabilidad de transmisión, esta simple definición esconde algunas ironías.

El número de casos producidos no incluye ningún caso adicional causado por los casos secundarios (es decir, mas abajo en la cadena) y no contabiliza ningún nuevo caso no infeccioso. La razón para esto es que R_0 pretende medir como se extendería la enfermedad. Si todos los casos producidos por el caso original no fueran infecciosos la enfermedad no se extendería. También, si la media del número de casos fuera menor que uno, entonces la enfermedad se extinguiría eventualmente. (Asumimos que la enfermedad es de duración limitada, bien por recuperación o por muerte. Lógicamente si un caso dura para siempre, se extenderá eventualmente a toda la población, siempre y cuando R_0 fuera mayor que cero). Cuando $R_0 = 1.0$, cada caso se reproduce a si mismo de manera que el numero de casos permanece estable, sin aumentar ni disminuir. De esta manera una mayor R_0 representa una mayor transmisibilidad y extension de la enfermedad en la población. R_0 para algunas enfermedades como el sarampión esta alrededor de 10. Para la gripe existen estimaciones pero se piensa generalmente que está por debajo de 4, en un rango de 1.5 a 3.

Pero R_0 no es toda la historia. Así, también, tiene componentes que no son evidentes en el número. En primer lugar, es una media, con lo cual en algunos casos R_0 será mayor que uno y se extenderá localmente, y en otras ocasiones sera menor que uno y no irá a ningún sitio. Pero lo que es más importante, R_0 tiene cuatro componentes en él: ¿cuál es la duración del periodo de infección?; ¿cuántos contactos mantiene una persona infectada en un período determinado de tiempo?; la probabilidad de transmisión (más alta); y la probabilidad de que alguien que es infectado es, a su vez, infeccioso.

Puede verse a partir de aquí que R_0 no es realmente una característica del virus o de la enfermedad (aunque a veces nos referimos a él de esta forma) sino una característica del virus en una población específica en un momento y lugar determinado. Alterando alguno o todos los componentes podemos alterar también R_0 .

El número reproductivo de la red mundo pequeño de $n = 1000$ nodos y $k = 10$ aristas por nodo, con $p = 0.0001$, $\mu = 0.6$, $\beta = 0.25$ y $\beta_{prob} = 0.2$ es: $R_0 = 4.166666$.

Muestreando ésta red con un valor para el muestreo de $q = 0.9$ tenemos los valores del número reproductivo para cada subred en la tabla 5.1.

Número reproductivo de la Subred	Núm. de nodos en la subred
4.014444	910
3.286427	902
2.443696	898
5.562640	889
4.073165	913
2.883107	910
4.462790	899
2.397748	900
4.911954	902
4.173838	879
4.540915	880
5.131660	888
3.652972	888
4.974750	892
5.594489	896
4.169709	897
5.107950	903
4.924430	889
4.240749	902
4.276034	915
3.411668	919
4.394744	901
4.339086	899
4.073682	902
4.718770	899

Tabla 5.1: Con los datos obtenidos hacemos una prueba de hipótesis: $H_o : \mu = 4.166666$, $H_a : \mu \neq 4.166666$, $t = \frac{\bar{x} - \mu}{s_{\bar{x}}} = 0.3732$. Como $|t| < t_{0.05(2),24}$, no se rechaza H_o [28].

Debido a que H_o no se rechaza, entonces podemos decir que al muestrear con $q = 0.9$ podemos trabajar con estas subredes para predecir que pasará con el número reproductivo de la red mundo pequeño.

Ahora muestreamos la red mundo pequeño considerando las mismas tasas pero ahora con $q = 0.85$, teniendo los valores del número reproductivo para cada subred en la tabla 5.2.

Número reproductivo de la Subred	Núm. de nodos en la subred
4.581112	849
4.835934	838
5.254320	853
3.798198	832
2.682253	856
3.950756	859
3.634348	829
3.610484	857
4.517878	851
4.531651	858
4.230274	836
3.561856	861
4.000176	855
4.953134	839
5.129046	861
4.723379	859
3.815306	848
4.209337	839
4.699197	850
3.459323	846
3.021072	843
4.525934	860
4.295609	862
4.109389	857
3.658252	834
3.759024	845

Tabla 5.2: Número reproductivo de la Subred. Con los datos obtenidos hacemos una prueba de hipótesis: $H_o : \mu = 4.166666$, $H_a : \mu \neq 4.166666$, $t = \frac{\bar{x} - \mu}{s/\sqrt{n}} = -0.2427$. Como $|t| < t_{0.05(2),25}$, no se rechaza H_o [28].

Con el valor de $q = 0.85$ no rechazamos la hipótesis nula, lo cuál quiere decir que el número reproductivo de la subred es igual al número reproductivo de la red mundo pequeño.

El número reproductivo de la red mundo pequeño con $p = 0.0001$, $\mu = 0.6$, $\beta = 0.25$ y $\beta_{prob} = 0.2$ es: $R_0 = 4.166666$.

Muestreando esta red con $q = 0.83$ tenemos los valores del número reproductivo para cada subred en la tabla 5.3.

Número reproductivo de la Subred	Núm. de nodos en la subred
3.606771	857
4.077146	832
3.480261	825
4.699032	843
3.774186	813
4.382070	833
4.766923	836
4.746530	820
5.140262	844
3.036537	825
4.284970	833
4.002033	831
3.790097	834
4.467253	834
4.329488	822
4.795439	850
4.023220	827
3.335273	820
3.947571	848
5.623051	829
4.514936	837
4.463687	832
4.179713	812
4.009739	831
4.154112	810

Tabla 5.3: Número reproductivo de la Subred. Con los datos obtenidos hacemos una prueba de hipótesis: $H_o : \mu = 4.166666$, $H_a : \mu \neq 4.166666$, $t = \frac{\bar{x} - \mu}{s/\sqrt{n}} = 0.1405$. Como $|t| < t_{0.05(2),24}$, no se rechaza H_o [28].

Al muestrear con un valor de $q = 0.83$, aún podemos predecir cuál será el número reproductivo de la red original.

Con las mismas tasas, el mismo valor para generar una red mundo pequeño, pero ahora con un

valor para el muestreo de $q = 0.8$, tenemos la tabla 5.4 que nos muestra los valores para R_0 y el número de nodos para cada red muestreada.

Número reproductivo de la Subred	Núm. de nodos en la subred
3.949301	778
3.402891	813
4.072622	806
4.734459	810
3.903716	796
3.883653	811
4.276094	795
4.110622	807
3.574667	801
2.782594	789
5.418863	798
3.771634	810
4.605611	807
4.476488	795
3.566886	811
4.819840	807
4.109112	794
4.222415	812
3.575267	799
2.073705	782
2.500559	809
3.457165	805
3.152102	802
3.897557	795
3.633087	805
3.380916	808

Tabla 5.4: Número reproductivo de la Subred. Con los datos obtenidos hacemos una prueba de hipótesis: $H_o : \mu = 4.166666$, $H_a : \mu \neq 4.166666$, $t = \frac{\bar{x} - \mu}{s/\sqrt{n}} = -2.7035$. Como $|t| > t_{0.05(2),25} = 2.056$, entonces rechazamos H_o [28].

Con $q = 0.8$ ya no podemos decir que la subred tenga el mismo valor del número reproductivo que la red mundo pequeño.

Creando una red mundo pequeño con $p = 0.0001$, pero ahora variando la tasa de infección y de recuperación siendo estas, $\mu = 0.44036$ y $\beta = 0.3$, y creando solo una subred con $q = 0.8$ tenemos los datos de la tabla 5.5. El número reproductivo para esta red mundo pequeño es $R_0 = 6.8126$.

Número reproductivo de la Subred	Núm. de nodos en la subred
5.237174	779
5.864380	800
5.957175	797
5.324294	788
5.708663	798
5.333621	803
5.427573	794
5.524039	799
5.371004	812
5.705592	800
5.793505	789
5.628037	802
5.294638	810
5.414716	795
5.494755	796

Tabla 5.5: Número reproductivo de la Subred. Con los datos obtenidos hacemos una prueba de hipótesis: $H_o : \mu = 6.8126$, $H_a : \mu \neq 6.8126$, $t = \frac{\bar{x} - \mu}{s/\sqrt{n}} = -5.6672$. Como $|t| > t_{0.05(2),14} = 2.761$, entonces rechazamos H_o [28].

Aún cambiando las tasas, cuando muestreamos con un valor de $q = 0.8$ el número reproductivo de la subred ya no es el mismo que el número reproductivo para la red mundo pequeño.

Con los datos anteriores pero ahora tomando en cuenta que $q = 0.9$, tenemos los valores del número reproductivo para cada subred en la tabla 5.6.

Número reproductivo de la Subred	Núm. de nodos en la subred
6.279101	899
6.347743	910
6.367867	902
6.486699	898
6.160197	911
6.918863	908
5.974465	903
6.918863	900
7.021916	913
6.482167	909
6.342322	901
6.250441	905

6.200160	890
6.224451	907
6.091965	906
6.609393	901
6.484623	912
6.072837	896
6.364727	899
6.211350	909
6.921834	906
6.373676	910
6.172993	897
6.483858	913
6.406462	906

Tabla 5.6: Número reproductivo de la Subred. Con los datos obtenidos hacemos una prueba de hipótesis: $H_o : \mu = 6.8126$, $H_a : \mu \neq 6.8126$, $t = \frac{\bar{x} - \mu}{s/\sqrt{n}} = -1.3970$. Como $|t| < t_{0.05(2),24} = 2.064$, entonces no rechazamos H_o [28].

Al aumentar el valor de q para el muestreo el número reproductivo para la subred es el mismo que el de la red mundo pequeño.

5.1. Conclusiones

Debido a que el número reproductivo, es el número de infecciones en promedio que un individuo infeccioso puede causar en una población completamente susceptible, de acuerdo a las tasas de infección y de recuperación podemos calcular el número reproductivo y predecir si en determinada población puede ocurrir una epidemia.

Primero calculamos el número reproductivo R_0 de la red mundo pequeño generada mediante el algoritmo de Watts y Strogatz [27], considerando que en promedio cada nodo tendrá 10 vecinos [11], posteriormente muestreamos la red mundo pequeño [16] con una valor de $q > 0.78$ para generar solamente una subred y calculamos el número reproductivo de la subred.

Con $q = 0.8$ la subred ya no tiene el mismo número reproductivo que la red mundo pequeño, sin embargo con $q = 0.85$ si, lo cual nos lleva a conjeturar que para valores de $q > 0.8$ la subred muestreada conservara las mismas propiedades que la red mundo pequeño, es decir, con ese valor de q podemos decir que las subredes tendrán el mismo número reproductivo.

Independientemente del valor de las tasas, el valor del número reproductivo para las subredes muestreadas con un valor de $q > 0.8$ es el mismo que para la red mundo pequeño, lo cual nos indica que podemos muestrear hasta cerca del 80 por ciento de la red total y poder predecir lo que ocurrirá con la red total.

Consideraciones finales e ideas por explorar

El empleo de modelos matemáticos para enfermedades infecciosas ha crecido en grado significativo en los últimos años debido a que proporcionan información útil para tomar decisiones, e instituir medidas operativas en el control o erradicación de una enfermedad infecciosa. Estos modelos son muy útiles porque capturan propiedades esenciales de la dispersión de una enfermedad de una forma simplificada. Además, al modificar los parámetros del modelo se pueden representar o descubrir situaciones que difícilmente se pueden obtener mediante experimentación [20].

Por lo tanto, contribuyen a prevenir futuras situaciones patológicas, determinar la prevalencia e incidencia y coadyuvar a tomar decisiones objetivas para el control o supresión de las enfermedades infecciosas. Cabe mencionar que la adición de elementos más reales al modelo matemático (mayor sofisticación), exige una mayor cantidad de parámetros a calcular y mayor número de supuestos.

Desafortunadamente, en muchas circunstancias del mundo real no se dispone de datos confiables para realizar las cuantificaciones de los parámetros requeridos, lo cual da lugar a que las predicciones o cálculos de los modelos presenten en muchos casos un considerable margen de error. Por ello, los resultados del modelo deben tomarse en estos casos con cautela. No obstante, a pesar de que muchos modelos matemáticos no pueden realizar predicciones precisas, sobre todo por la falta de datos, éstos son de gran utilidad para medir el efecto de las medidas de control aun antes de iniciar la epidemia. Por otro lado, vale la pena mencionar que no existe una metodología sistemática para la modelación y pruebas de hipótesis de enfermedades infecciosas para profesionales de la salud. Por ello es importante que los profesionales de la salud tengan conocimiento de la existencia de estos modelos y fortalezcan su colaboración con modeladores de enfermedades, para diseñar en forma conjunta medidas eficaces de control y erradicación de enfermedades infecciosas.

Watts describe el surgimiento de la moderna teoría de redes (Science of Networks) como una evolución de los desarrollos teóricos de Leonard Euler que, desde el estudio de los objetos formales llamados grafos desde 1736, revolucionaron primero las matemáticas teóricas para luego proyectarse al conjunto de las ciencias sociales. En primer lugar las distancias sociales entre per-

sonas alejadas en la red, son tremendamente cortas porque los lazos no se establecen al azar y los clusters o regiones pueden ser navegados a través de unos pocos atajos. Esta “navegabilidad” extrema, a pesar de los años ya transcurridos desde el primer experimento de Milgram, es un hallazgo experimental y teórico bastante opuesto al sentido común reinante.

En segunda instancia en las redes de mundo pequeño eventos aparentemente insignificantes pueden generar acontecimientos incontrolables, pero también los eventos de alto poder disruptivo pueden ser tolerados por las redes si en su estructura cuenta con propiedades regeneradoras inferibles de antemano. Finalmente esta ciencia de las redes parece ser algo completamente nuevo y no solo un subconjunto de las teorías y enfoques existentes. Aquí confluyen las teorías de los grafos aleatorios de los matemáticos, la de los modelos de percolación de la química y la de las transiciones de fase de los físicos. No todos los procesos son abordables con las mismas herramientas ni los mismos procedimientos de formalización, pero todos son susceptibles de encararse con esta forma militante de interdisciplinariedad. Lo que tenemos en vista aquí, parece decir Watts de algún modo, no es solo un conjunto de aplicaciones más o menos heterogéneas de un mismo conjunto de ideas desafiantes, sino una auténtica y novedosa disciplina dotada de dispositivos y técnicas de validación de fuerte apoyo teórico y muy buen pronóstico a futuro.

Por último, es prudente mencionar que dado que el actual es un mundo cada vez más interconectado e interdependiente, las amenazas de brotes de epidemias son muy altas, por lo que es sumamente importante fortalecer un sistema de vigilancia epidemiológica para prevenir y combatir la aparición de enfermedades infecciosas capaces de alterar la salud y la economía.

Queda por delante simular epidemias en redes de gran tamaño, construir modelos que capturen la dinámica de individuos infecciosos en distintas redes, analizar epidemias reales, entre otras cosas...

A.1. Especificaciones

Los lenguajes de programación requeridos para realizar las simulaciones fueron:

- Borland C++ 5.02.
- Matlab 7.0

A.2. Código

El desarrollo de los programas se comprendió de la siguiente manera:

En Borland C++ se realizaron los programas (*.cpp) para obtener las listas de datos que fueron guardadas en un archivo de extensión txt. En Matlab se realizaron programas (*.m) para visualizar los datos obtenidos de los programas en C++.

A.3. Programas

Los programas que están incluidos en el disco son:

1. Coeficiente de agrupación (C.cpp): Incluye la función para crear una red mundo pequeño y poder calcular el coeficiente de agrupación de una red regular, mundo pequeño o aleatoria.
2. Diámetro característico (L.cpp): Incluye la función para crear una red mundo pequeño y poder calcular el diámetro característico de una red regular, mundo pequeño o aleatoria.
3. Distribución de grado (DG.cpp): Incluye la función para crear una red mundo pequeño y poder calcular la distribución de grado de una red regular, mundo pequeño o aleatoria.

-
4. SIR (SIR.cpp): Este programa incluye la función para crear una red mundo pequeño, la función de muestreo, la función que separa las subredes en caso de haber más de una y analiza el comportamiento de los Susceptibles, Infecciosos y Recuperados.
 5. Número reproductivo (Ro.m): Calcula el número reproductivo de las subredes muestreadas.
 6. (subredes.m): Muestra el comportamiento de los individuos infecciosos después del muestreo.
 7. (DG.m): Nos permite ver la gráfica de la distribución de grado de la red y de las subredes.

A.4. Algoritmos

Para los Algoritmos 1 y 2 mencionados en la sección 3.2 y 3.3 respectivamente, utilizamos el programa SIR.cpp (en Borland C++) y guardamos los valores para cada tiempo de cada uno de los nodos en un archivo de texto (SIR.txt), posteriormente utilizamos el programa subredes.m (en Matlab) para poder ver los gráficos para cada uno de los estados S , I y R para la red y para la subred o subredes en caso de haber más de una subred.

Bibliografía

- [1] R. Albert and A.-L. Barabasi, *Statistical mechanics of social networks*, Reviews of Modern Physics **74** (2002).
- [2] James J. Collins and Carson C. Chow, *It's a small world*, Nature **393** (1998), 409–410.
- [3] A.-L. Barabasi and R Albert, *Emergence of scaling in random networks*, Science **286** (1999), 509–512.
- [4] B Bollabás, *Random graphs*, Academic, London, 1985.
- [5] Metz J. Diekmann O, Heesterbeek JAP, *On the definition and the computation of the basic reproduction ratio r_0 in models of infectious diseases in heterogeneous populations.*, Math. Biol. (1990), no. 28, 365–382.
- [6] Paul Erdos and Alfréd Rényi, *On random graphs*, Publicationes Mathematicae **6** (1959), 290–297.
- [7] ———, *On the evolution of random graphs*, Magyar Tud. Akad. Mat. Kutato Int. Kozl **5** (1960), 17–61.
- [8] ———, *On the strength of connectedness of a random graph*, Acta Math. Acad. Sci. Hungar. **12** (1960), 261–267.
- [9] Suárez CM. Hernández, *A markov chain approach to calculate r_0 in stochastic epidemic models.*, Theor Biol (2001), no. 215, 83–93.
- [10] M. Huber, *Estimating the average shortest path length in a graph.*, Tech. report, Cornell University, 1996.
- [11] Holland James Jones, *Notes on r_0* , Tech. report, Department of Anthropological Sciences, Stanford University, May 1 2007.

-
- [12] O. V. Kirillova, *Communication networks with an emergent dynamical structure*, Physical Review Letters **87** (2001), 068701–1 – 068701–4.
- [13] Morris M. Kretzschmar M, *Measures of concurrency in networks and the spread of infectious diseases*, Math Biosci **133** (1996), 165–195.
- [14] A. Scala L. A. N. Amaral and H.E. Stanley, *Classes of small-world networks*, PNAS **97** (2000), no. 21, 11149–11152.
- [15] Kochen M., *The small world.*, NJ:Ablex Publishing Company., 1989.
- [16] Carsten Wiuf Michael P. H. Stumpf and Robert M. May, *Subnets of scale-free network are not scale-free: Sampling properties of networks*, PNAS **102** (2005), no. 12, 4221–4224.
- [17] S. Milgram, *The small world problem*, Psychology Today **2** (1967), 60–67.
- [18] J. D. Murray, *Mathematical biology*, segunda ed., Springer- Verlag.
- [19] M. E. J. Newman, *The structure and function of complex networks*, SIAM REVIEW **45** (2003), no. 2, 167–256.
- [20] Becker Niels, *The uses of epidemic models*, Biometrics **35** (1979), 295–305.
- [21] Vespignani A. Pastor-Satorras R., *Epidemic dynamics and endemic states in complex networks*, Phys. Rew E **63** (2001).
- [22] A. L. Barabasi R. Albert, H. Jeong, *Diameter of the world web*, Nature **401** (1999), 130–131.
- [23] J. W. Grossman R. de Castro, *Famous trails to paul erdős*, The Mathematical Intelligencer (1999), no. 3.
- [24] R. M. May R. M. Anderson, *nfectedious diseases of humans: Dynamics and control*, Oxford University Press New York, 1991.
- [25] Erik Volz, *Sir dynamics in random networks with heterogeneous connectivity*, Mathematical Biology **56** (2008), 293–310.
- [26] Duncan J. Watts, *Small worlds: The dynamics of networks between order and randomness*, Princeton University Press, 1999.
- [27] Duncan J. Watts and Steven H. Strogatz, *Collective dynamics of 'small-world' networks*, Nature **393** (1998), 440–442.
- [28] Jerrold H. Zar, *Biostatistical analysis*, Prentice-Hall, Inc., 1974.



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

ACTA DE EXAMEN DE GRADO

No. 00048

Matrícula: 205181374

DINAMICA EVOLUTIVA DE LA PROPAGACION DE EPIDEMIAS EN REDES MUNDO-PEQUEÑO Y ESTUDIO DE SUS SUBREDES OBTENIDAS MEDIANTE MUESTREO.

En México, D.F., se presentaron a las 16:00 horas del día 27 del mes de abril del año 2010 en la Unidad Iztapalapa de la Universidad Autónoma Metropolitana, los suscritos miembros del jurado:

- DR. PEDRO EDUARDO MIRAMONTES VIDAL
- DR. HECTOR FERNANDO PUEBLA NUÑEZ
- DR. JORGE XICOTENCATL VELASCO HERNANDEZ

Bajo la Presidencia del primero y con carácter de Secretario el último, se reunieron para proceder al Examen de Grado cuya denominación aparece al margen, para la obtención del grado de:

MAESTRA EN CIENCIAS (MATEMÁTICAS)

DE: TERESA PEREZ MUÑOZ

y de acuerdo con el artículo 78 fracción III del Reglamento de Estudios Superiores de la Universidad Autónoma Metropolitana, los miembros del jurado resolvieron:

APROBAR

Acto continuo, el presidente del jurado comunicó a la interesada el resultado de la evaluación y, en caso aprobatorio, le fue tomada la protesta.



TERESA PEREZ MUÑOZ
ALUMNA

REVISÓ



LIC. JULIO CESAR DE LARA ISASSI
DIRECTOR DE SISTEMAS ESCOLARES

DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CBI



DR. JOSÉ ANTONIO DE LOS REYES HEREDIA

PRESIDENTE



DR. PEDRO EDUARDO MIRAMONTES VIDAL

VOCAL



DR. HECTOR FERNANDO PUEBLA NUÑEZ

SECRETARIO



DR. JORGE XICOTENCATL VELASCO HERNANDEZ