

SVEUČILIŠTE U ZAGREBU  
FAKULTET ELEKTROTEHNIKE I RAČUNARSTVA

DIPLOMSKI RAD br. 1141

**UTJECAJ KARANTENE I IMUNIZACIJE NA  
ŠIRENJE ZARAZE U KOMPLEKSNIM  
MREŽAMA**

Ivan Miloš

Zagreb, rujan 2008.

*Najprije hvala mojoj obitelji.  
Hvala Hrvoju Štefančiću na stručnom vodstvu.  
Hvala Nini Antulov-Fantulinu i Ani Jakovčić na nesebičnoj pomoći.  
Hvala svim prijateljima koji su na svoj način doprinijeli izradi ovog rada.  
Hvala Mili Šikiću zato što je car!*

# SADRŽAJ

<b>1</b>	<b>UVOD</b> .....	<b>1</b>
<b>2</b>	<b>TEORIJSKI UVOD</b> .....	<b>2</b>
<b>2.1</b>	<b>Klasični modeli širenja epidemija</b> .....	<b>2</b>
2.1.1	Formulacija klasičnog SIR modela.....	5
<b>2.2</b>	<b>Karantena i izolacija</b> .....	<b>7</b>
<b>2.3</b>	<b>Karantena i izolacija kod klasičnog epidemiološkog modela</b> .....	<b>8</b>
<b>2.4</b>	<b>Kompleksne mreže</b> .....	<b>10</b>
<b>2.5</b>	<b>Osnovna svojstva mreža</b> .....	<b>11</b>
2.5.1	Efekt malog svijeta .....	12
2.5.2	Koeficijent grupiranja.....	13
2.5.3	Distribucija stupnjeva .....	14
2.5.4	Elastičnost mreže.....	14
2.5.5	Koeficijent razvrstljivosti.....	15
2.5.6	Struktura zajednice .....	16
2.5.7	Međupoloženost .....	17
2.5.8	Veličina najveće komponente.....	17
<b>2.6</b>	<b>Širenje zaraze u mrežama</b> .....	<b>18</b>
<b>3</b>	<b>MODEL</b> .....	<b>20</b>
<b>3.1</b>	<b>SIR model</b> .....	<b>20</b>
<b>3.2</b>	<b>Modeli karantene</b> .....	<b>21</b>
3.2.1	Model karantena1 .....	21
3.2.2	Model karantena2 .....	22
3.2.3	Model karantena3 .....	23
<b>3.3</b>	<b>Modeli imunizacije</b> .....	<b>24</b>
<b>4</b>	<b>PODACI</b> .....	<b>25</b>
<b>4.1</b>	<b>Osnovna svojstva glavne promatrane mreže</b> .....	<b>25</b>
<b>4.2</b>	<b>Osnovna svojstva preostalih promatranih mreža</b> .....	<b>30</b>
<b>4.3</b>	<b>GML format</b> .....	<b>32</b>
<b>5</b>	<b>REZULTATI</b> .....	<b>34</b>
<b>5.1</b>	<b>SIR model</b> .....	<b>34</b>
<b>5.2</b>	<b>Karantena1</b> .....	<b>35</b>
<b>5.3</b>	<b>Karantena2</b> .....	<b>38</b>

5.3.1	Ispitivanje modela na drugim mrežama .....	39
5.3.2	Parametarski prostor .....	41
5.3.3	Bimodalnost modela .....	43
5.3.4	Cijena karantene .....	44
<b>5.4</b>	<b>Karantena3.....</b>	<b>48</b>
<b>6</b>	<b>RAZMATRANJE REZULTATA.....</b>	<b>50</b>
6.1	Daljnji razvoj .....	50
<b>7</b>	<b>ZAKLJUČAK.....</b>	<b>52</b>
<b>8</b>	<b>LITERATURA.....</b>	<b>53</b>
<b>9</b>	<b>DODATAK .....</b>	<b>55</b>

## 1 Uvod

U zadnjih desetak godina kompleksne mreže zaokupljaju pažnju znanstvenika iz raznih područja znanosti. Uočeno je da mnogi biološki, društveni i komunikacijski sustavi pokazuju strukturu kompleksnih mreža i zato se danas ispitivanju statističkih i topoloških svojstava takvih mreža pridaje velika pažnja. Za ovaj rad najvažnije su društvene mreže i Internet koji pokazuju heterogenu strukturu kompleksnih mreža i podložni su širenju zaraze.

Dugo su vremena ljudi koristili isključivo klasični epidemiološki model koji je zanemarivao heterogenost veza po kojima se zaraza širi. Danas se kod modeliranja epidemija redovito uzima u obzir i utjecaj strukture mreže što je dovelo do zanimljivih rezultata koji se podosta razlikuju od onoga što je davao klasični model. Modeliranje epidemije nad topologijom mreža omogućilo nam je da definiramo puno kvalitetnije i realističnije modele imunizacije i karantene nego li je to dopuštao klasični model.

U ovom radu najveća pažnja posvećena je utjecaju karantene na širenje zaraze u kompleksnim mrežama. Uvedena su tri različita modela karantene, sa pripadnim parametrima, koja su definirana nad osnovnim SIR modelom. Modele karantene jednostavno smo nazvali „karantena1“, „karantena2“ i „karantena3“ kronološki po redu kako su nastajali. Sve simulacije su rađene na jednoj realnoj kompleksnoj mreži s nekoliko desetaka tisuća čvorova. Za model karantena2 koji se pokazao najefikasniji ispitali smo parametarski prostor i definirali cijenu karantene koja će nam dati optimalne parametre u njoj primjeni. Efikasnost ova tri modela usporedili smo i s tri vrste imunizacije za različite kompleksne mreže.

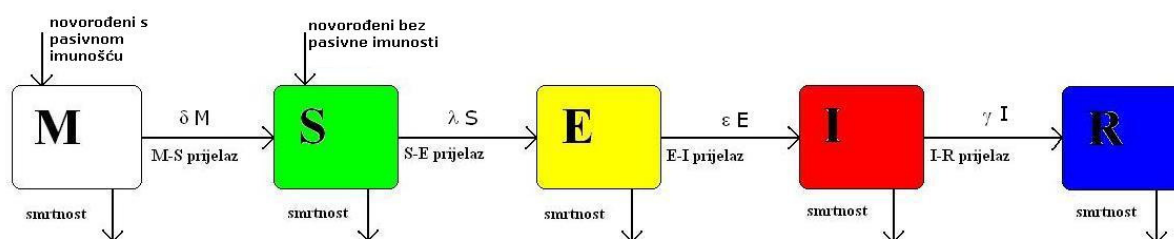
U 2. poglavlju „Teorijski uvod“ obrađene su teoretske osnove nužne za razumijevanje rada. Opisano je klasično modeliranje epidemija, karantena i izolacija, kompleksne mreže i konačno modeliranje širenja zaraze nad topologijom mreža. 3. poglavlje opisuje sve uvedene modele karantene i imunizacije sa pripadnim parametrima. Podaci o mrežama na kojima su rađene simulacije dani su u 4. poglavlju. Svi dobiveni rezultati prikazani su u 5. poglavlju, a diskusija rezultata napravljena je u 6. poglavlju. 7. poglavlje predstavlja zaključak i kratak rezime cijelog rada.

## 2 Teorijski uvod

### 2.1 Klasični modeli širenja epidemija

Smatra se da je ozbiljno matematičko modeliranje zaraznih bolesti započelo tek u dvadesetom stoljeću kada je 1906. godine formuliran i analiziran diskretni model u nastojanju da se shvati povratak epidemije ospica [1]. Tada se prvi put pretpostavlja da broj novozaaraženih ovisi o produktu podložnih i zaraženih osoba. 1926. Kermack i McKendrick izdaju članak o modelima epidemije i dobivaju rezultate o pragu epidemije kao udio podložnih koji je potreban kako bi došlo do izbijanja epidemije [2]. Stoga se danas klasični model naziva još i Kermack-McKendrickov model.

Kod klasičnog modeliranja epidemije (Kermack i McKendrick) cjelokupnu populaciju dijelimo u nekoliko klasa tj. odjeljaka. Zato se ovaj model zove i model po odjeljcima (engl. *compartmental model*). U svaki odjeljak smještamo udio cjelokupne populacije na temelju stadija bolesti u kojem se pojedinac nalazi. Broj odjeljaka kod složenijih modela može biti relativno velik, a i odnosi među odjeljcima su složeni za matematičko rješavanje. U ovome poglavlju navodim samo osnovne odjeljke modeliranja epidemiološkog modela koji su nužni za razumijevanje klasičnog modela (slika 2.1).



Slika 2.1 Dijagram prijelaza za osnovni MSEIR model

Objasnimo najprije značenje pojedinih odjeljaka:

**M – Prirođena imunost (engl. *Maternally-derived immunity*)** Ako je majka bila zaražena onda je moguće da novorođenče ima privremenu imunost i tada ono pripada ovom odjeljku.

**S - Podložni (engl. *Susceptible*)** – To je odjeljak u kojem se nalaze oni koji su podložni zarazi. U ovaj odjeljak osobe mogu pristići iz M odjeljka po završetku

privremene imunosti, rođenjem od podložne majke, iz R odjeljka (kod privremene imunosti), te na još neke načine koje susrećemo kod složenijih modela.

**E - Latentni (engl. *Exposed Class*)** – Kada dođe do adekvatnog kontakta između zarazne i podložne osobe tada se iz odjeljka S prelazi u E odjeljak. U ovom odjeljku se ostaje kratko vrijeme inkubacije u kojem su osobe zaražene, ali ne pokazuju simptome. Ako zanemarimo ovaj odjeljak (što često radimo) tada iz S odjeljka direktno prelazimo u I odjeljak.

**I – Zarazni (engl. *Infective*)** – Po završetku vremena inkubacije ulazi se u I odjeljak i tamo se nalaze oni koji su zaraženi i što je bitno sposobni su dalje širiti zarazu.

**R – Oporavljeni, imuni (engl. *Recovered*)** – Nakon završetka vremena infekcije prelazi se u odjeljak R u kojem se nalaze oni sa stečenom imunošću. Imunost može biti trajna ili privremena.

Napomenimo da zaražene jedinice ne moraju nužno biti i infektivne. Nadalje, kod nekih modela nisu infektivne samo jedinice iz I odjeljka što ovisi o bolesti koju modeliramo.

Odabir odjeljaka koje koristimo u modelu ovisi o karakteristikama bolesti koju modeliramo i o samoj svrsi tj. cilju konkretnog modela. Akronimi za epidemiološke modele temelje se na odjeljcima koje pojedini model koristi. Tako postoje sljedeći modeli (uzimajući u obzir samo najosnovnije gore navedene odjeljke): MSEIR, MSEIRS, SEIR, SEIRS, SIR, SIRS, SEI, SEIS, SI i SIS.

Dinamika prijelaza između pojedinih odjeljaka temelji se na dvije osnovne pretpostavke. Neka su  $S(t)$  i  $I(t)$  udjeli podložnih odnosno zaraznih jedinki u jedinici vremena, a  $N$  brojnost cjelokupne populacije. Tada su  $s(t)=S(t)/N$  i  $i(t)=I(t)/N$  udjeli zaraznih odnosno podložnih osoba. Neka je  $\beta$  - **učestalost kontakata**, (engl. *contact rate*) prosječan broj adekvatnih kontakata jedne jedinice u jedinici vremena. Broj adekvatnih kontakata je broj kontakata dovoljan za prijenos zaraze. Prva pretpostavka je da je broj novozaraženih u jedinici vremena jednak  $\beta N i s$ . Ovaj izraz nazivamo **učestalost prijelaza** (engl. *horizontal incidence*) i on određuje kako jedinice izlaze iz S odjeljka u trenutku zaraze i prelaze u I ili E odjeljak, ovisno o modelu. Izraz  $\beta N i s$  pretpostavlja **dobro izmiješano društvo (homogeno društvo)** u kojem svaka jedinica s jednakom vjerojatnošću može zaraziti bilo koju drugu. Druga bitna pretpostavka svih klasičnih epidemioloških modela je da je vrijeme čekanja (boravka) u pojedinom odjeljku (M, E i I) određeno funkcijom  $P(t)$ . Točnije, funkcija  $P(t)$  određuje udio onih koji se nakon vremena  $t$  (nakon ulaska u odjeljak) nalaze u

određenom odjeljku. U većini slučajeva se radi o eksponencijalnoj razdiobi  $P(t) = \exp(-\gamma t)$  pa je prema tome prosječno vrijeme zadržavanja (boravka) u pojedinom odjeljku dano izrazom  $1/\gamma = \int_0^{\infty} t(-P'(t))dt = \int_0^{\infty} P(t)dt$ . Oznaka  $\gamma$  karakteristična je za odjeljak I, dok se za odjeljke M i E najčešće koriste  $\delta$  i  $\varepsilon$ .  $P(t)$  je općenito nerastuća i kontinuirana funkcija za koju vrijedi  $P(0) = 1$  i  $P(\infty) = 0$ . Jasno je da to znači da su teoretski u trenutku nula sve jedinke sigurno unutar odjeljka te da u beskonačnosti sve izlaze iz njega.

Navedimo sada tri osnovna pojma koja karakteriziraju svaki epidemiološki model po odjeljcima i određuju prag epidemije (uvjete kod kojih dolazi do epidemije).

**$R_0$  – Bazni broj reprodukcije (engl. *basic reproduction number*)**, definiramo kao prosječan broj zaraza za vrijeme infekcije kada u potpuno podložnu populaciju ubacimo upravo zaraženu jedinku. Pretpostavka je da je zaražena jedinka aktivna cijeli period infekcije i da je dobro pomiješana unutar populacije.

**$\sigma$  - Broj kontakata (engl. *contact number*)**, definiramo kao prosječan broj adekvatnih kontakata zaražene jedinke unutar perioda infekcije. Adekvatan kontakt smatramo onaj koji je pogodan za prijenos zaraze ako je zaražena jedinka u kontaktu sa podložnom.

**R – Omjer zamjene (engl. *replacement number, reproduction number*)**, definiramo kao prosječan broj infekcija prouzročenih od zaražene jedinke tijekom cijelog perioda infekcije. Za razliku od  $R_0$  izraz je definiran i nakon početka epidemije. Općenito vrijedi:  $R_0 \geq \sigma \geq R$ .

**Tablica 2.1** Pregled svih navedenih oznaka klasičnog epidemiološkog modela

Oznaka	Opis korištene oznake
M	Odjeljak s novorođenima koji su privremeno imuni
S	Odjeljak s podložnim jedinkama
E	Odjeljak s latentnim jedinkama
I	Odjeljak s zaraznim jedinkama
R	Odjeljak s imunim ili oporavljenim jedinkama
m, s, e, i, r	Udio cjelokupne populacije u pojedinom odjeljku
$\beta$	Učestalost kontakata
$1/\delta$	Prosječno vrijeme pasivne imunosti
$1/\varepsilon$	Prosječno vrijeme latencije
$1/\gamma$	Prosječno vrijeme infekcije
$\sigma$	Broj kontakata
$R_0$	Bazni broj reprodukcije
R	Omjer zamjene



### 2.1.1 Formulacija klasičnog SIR modela



Slika 2.2 Dijagram prijelaza za klasični SIR model

Uzimajući u obzir sve dosad navedeno lagano je formulirati osnovni matematički SIR model koji koristi odjeljke S, I i R. Dinamika modela bazira se na sustavi diferencijalnih jednadžbi:

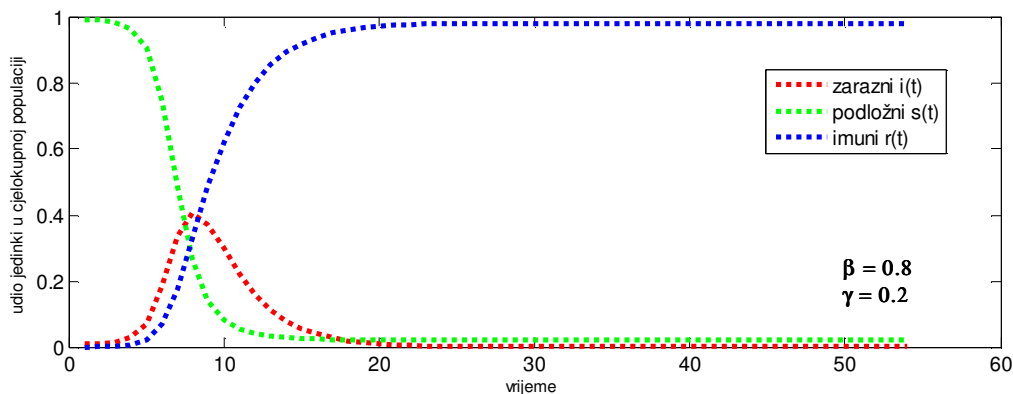
$$\begin{aligned}
 dS / dt &= -\beta IS / N, & S(0) &= S_0 \geq 0, \\
 dI / dt &= \beta IS / N - \gamma I, & I(0) &= I_0 \geq 0, \\
 dR / dt &= \gamma I, & R(0) &= R_0 \geq 0.
 \end{aligned}
 \tag{2.1}$$

SIR model specijalan je slučaj MSEIR modela u kojem su izostavljeni odjeljci M i E. U modelu se koristi standardni izraz za učestalost prijelaza, eksponencijalno vrijeme čekanja unutar odjeljka, te se pretpostavlja da je ukupna populacija konstantna N. Ako se izraz (2.1) podijeli s N slijedi:

$$\begin{aligned}
 ds / dt &= -\beta is, & s(0) &= s_0 \geq 0, \\
 di / dt &= \beta is - \gamma i, & i(0) &= i_0 \geq 0. \\
 r(t) + i(t) + s(t) &= 1.
 \end{aligned}
 \tag{2.2}$$

Za SIR model vrijede sljedeći izrazi:  $\sigma = \beta / \gamma$ ,  $R_0 = R(0) = \sigma s_0$ ,  $R(t) = \sigma s(t)$ . Budući da je najčešće  $s_0 = 1$  (ukupna populacija je podložna) slijedi da je  $R_0 = R(0) = \sigma$ . Svi su izrazi jasni iz same definicije  $R_0$ ,  $R$ ,  $\sigma$  i  $1/\gamma$ . Vrijednost  $R_0$  određuje **prag epidemije**. Po definiciji  $R_0$  određuje broj novozaraženih kada u potpuno podložnu populaciju ubacimo zaraznu jedinku. Slijedi da će se epidemija proširiti samo ako je  $R_0$  veći od 1. U slučaju da je  $R_0$  manji od jedan početni broj zaraznih jedinki  $i_0$  se ne povećava nego kroz određeno vrijeme opada na nulu. Broj zaraznih jedinki će se povećavati sve dok je  $R(t)$  veći od 1.  $R$  naime označava broj novozaraženih od jedne zarazne jedinice za vrijeme infekcije. U trenutku kada udio podložnih padne toliko da vrijedi  $R(t) = \sigma s(t) < 1$  udio zaraznih počinje opadati. Tada naime svaka zarazna jedinka nakon svog vremena infekcije biva zamijenjena s manje od jedne nove i udio

zaraznih se smanjuje. Učimo da epidemije prestaje zbog smanjenja udjela podložnih jedinki  $s(t)$ . Općenito je  $s(t)$  padajuća funkcija, koja kada  $t$  teži u beskonačno teži u konačnu pozitivnu vrijednost  $s_{\infty}$ .  $i(t)$  se kreće od neke svoje početne vrlo male vrijednosti, doseže svoj maksimum  $i$  u beskonačnosti opet pada na nulu. U trenutku kada  $i(t) = i_{max}$  tada je  $s(t) = s_{max} = 1/\sigma$ . Kada udio podložnih padne ispod vrijednosti  $1/\sigma$  epidemija odumire. Slika 2.3 prikazuje udio podložnih, zaraznih i imunih jedinki za klasični SIR model i jasno vidimo sve dosad rečeno. Rezultati su dobiveni simulacijom u Matlabu za sljedeće parametre:  $\beta = 0.8$ ,  $\gamma = 0.2$ ,  $i(0) = 0.01$ ,  $s(0) = 0.99$ ,  $r(0) = 0$ . Za navedene parametre vrijednost  $s_{\infty} = 0.0196$ .



**Slika 2.3** Udio zaraznih, podložnih i imunih u vremenu za klasični SIR model (broj kontakata  $\sigma = \beta/\gamma = 4$ , prosječno vrijeme infekcije  $1/\gamma = 5$  dana)

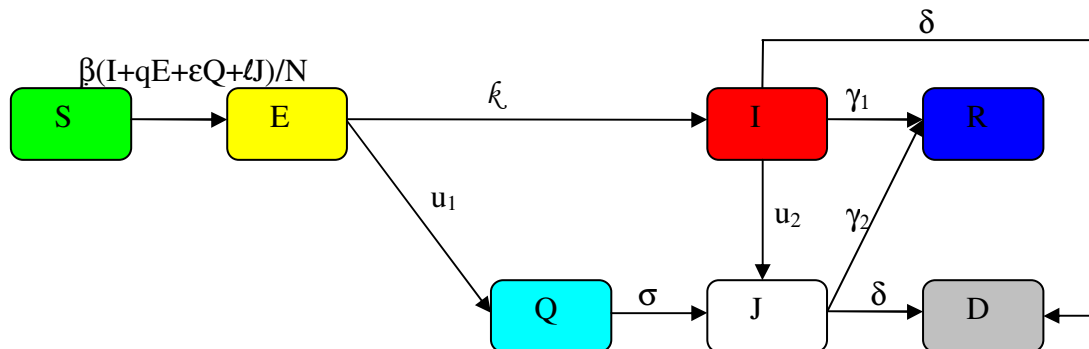
Pomoću klasičnog modela koji smo sada opisali modelirane su mnoge stvarne epidemije zaraznih bolesti poput epidemije Španjolske gripe ili SARS-a [3]. Za modeliranje svaka pojedine bolesti koristimo određene odjeljke i parametre zavisno o svojstvima bolesti. Koristeći klasični model uz odgovarajuće početne pretpostavke možemo dobiti rezultate koji se dobro podudaraju sa stvarnim podacima [11]. Međutim, svi klasični modeli imaju jedan zajednički nedostatak, a to je pretpostavka o dobro izmiješanom (homogenom društvu) društvu koja je rijetko ispunjena.

### **2.2 Karantena i izolacija**

U ljudskoj povijesti, još od antičkih vremena do danas, karantena i izolacija koriste se kao metode za sprječavanje epidemija zaraznih bolesti. Karantena i izolacija gotovo su neizbježna metoda kod samog rođenja neke bolesti kada još nemamo adekvatne lijekove i cjepiva kao što je to bilo npr. kod Crne Kuge u 14. stoljeću, Španjolske gripe 1918. godine ili nedavno kod pojave SARS-a 2002. i 2003. godine. Po definiciji u izolaciju se stavljaju zarazne jedinice koje pokazuju simptome. Cilj je spriječiti zarazne jedinice da dalje šire zarazu. Suprotno tome u karantenu se stavljaju jedinice koje ne pokazuju simptome budući da kod pojedinih bolesti i takve jedinice su sposobne širiti zarazu. Kod jedinice koje ne pokazuju simptome ne zna se koje su zaražene a koje nisu. U karantenu se zato stavljaju jedinice za koje sumnjamo da su zaražene zbog npr. kontakta sa jedinkom za koju se pouzdano zna da je zaražena. Izolacija i karantena uglavnom se povezuju i zajedno čine često primjenjivanu metodu u javnom zdravstvu. Međutim dok je izolacija već standardna metoda, oko karantene se vode razne polemike. Upitno je koliko je masovna karantena isplativa. Činjenica je da je samo jako mali udio jedinki stavljenih u karantenu stvarno zaraženo. Postavlja se pitanje cijene takve karantene kada se veliki broj zdravih i radno sposobnih ljudi drži u karanteni na određeno vrijeme, kao i pitanje ljudskih prava i sloboda. Pitanje je također dali je potrebno uvijek istovremeno primjenjivati izolaciju i karantenu. Smatra se da je karantena najefikasnija kada imamo veliku zaraznost latentnih jedinki i kada je period latencije dugačak. Primjena izolacije i karantene ovisi i o samoj bolesti. Svaka bolest je specifična i zahtjeva drugačiju strategiju u primjeni karantene i izolacije.

### 2.3 Karantena i izolacija kod klasičnog epidemiološkog modela

U ovom poglavlju samo ću ukratko opisati način modeliranja karantene pomoću klasičnog epidemiološkog modela po odjeljcima. Ideja je pokazati osnovne karakteristike i nedostatke kod takvog modeliranja karantene. Slika 2.4 prikazuje dijagram prijelaza za mogući model SARS-a kada koristimo karantenu i izolaciju kao metodu suzbijanja epidemije [4].



**Slika 2.4** Dijagram prijelaza za klasični model epidemije s karantenom i izolacijom

Kod ovog modela koriste se sve bazične pretpostavke kao i kod osnovnog SIR modela koji je objašnjen u poglavlju 2.1. Jedina razlika je u uvođenju novih odjeljaka. Osim odjeljaka S, E, I, R koji se susreću u uvodu, ovdje se uvodi i odjeljak D u koji ulaze oni čija je smrt uzrokovana samom bolešću. Preostala dva nova odjeljaka su odjeljci Q i J u kojima se nalaze oni koji su u karanteni i izolaciji. U odjeljak Q, stopom prijelaza  $u_1$ , ulaze jedinke iz E odjeljka. To znači da jedinke koje su zaražene ali ne pokazuju simptome prelaze u karantenu. U odjeljak J, stopom prijelaza  $u_2$ , ulaze zarazne jedinke, tj. zarazne jedinke prelaze u izolaciju. U odnosu na SIR model vidi se i razliku u izrazu za učestalost prijelaza. Kod SIR modela jedino su jedinke iz I odjeljka sposobne širiti zarazu pa je učestalost prijelaza jednaka  $\beta I/S/N$ . Sada u modelu postoje još tri odjeljaka Q, E, J, koja su sposobna širiti zarazu. To znači da zarazu mogu širiti i jedinke koje su u karanteni i izolaciji, te jedinke koje su zaražene ali ne pokazuju simptome. Njihova je zaraznost naravno smanjena i to za faktore  $q$  za Q odjeljak,  $\varepsilon$  za E odjeljak i  $\ell$  za I odjeljak. Slijedi da je učestalost prijelaza za ovaj model jednaka  $\beta(I+qE+\varepsilon Q+\ell J)/N$ . Dinamika između ostalih odjeljaka određena je prosječnim vremenom boravka u pojedinom odjeljku prema dijagramu prijelaza kako prikazuje slika 2.4. Tablica 2.2 prikazuje sve korištene odjeljke u modelu dok tablica 2.3 prikazuje definirane parametre.

**Tablica 2.2** Odjeljci korišteni u primjeru klasičnog modela epidemije s karantenom i izolacijom

Odjeljak	Objašnjenje
S	Podložne jedinke
E	Zarazne jedinke koje ne pokazuju simptome
Q	Jedinke koje su stavljene u karantenu
I	Zarazne jedinke koje pokazuju simptome
J	Jedinke u izolaciji
R	Oporavljene jedinke
D	Smrtni slučajevi uzrokovani samom bolešću

**Tablica 2.3** Parametri korišteni u primjeru klasičnog modela epidemije s karantenom i izolacijom

Parametar	Objašnjenje
$\beta$	Učestalost kontakata
$q$	Relativna mjera zaraznosti jedinki unutar E odjeljka
$\varepsilon$	Relativna mjera zaraznosti jedinki unutar Q odjeljka
$l$	Relativna mjera zaraznosti jedinki unutar J odjeljka
$u_1$	Učestalost prelaska jedinki iz E odjeljka u karantenu (Q odjeljak)
$u_2$	Učestalost prelaska jedinki iz I odjeljka u izolaciju (J odjeljak)
$k$	Učestalost prijelaza iz E u I odjeljak
$\sigma$	Učestalost prijelaza iz Q u J odjeljak
$\gamma_1$	Učestalost oporavka unutar I odjeljka
$\gamma_2$	Učestalost oporavka unutar J odjeljka
$\delta$	Stopa smrtnosti uzrokovana bolešću

Na temelju dosad navedenog lako je napisati sustav jednadžbi koji će opisivati dinamiku između odjeljaka za ovaj model:

$$\begin{aligned}
 dS / dt &= -\beta S(I + qE + \varepsilon Q + lJ) / N \\
 dE / dt &= \beta S(I + qE + \varepsilon Q + lJ) / N - (u_1 + k)E \\
 dQ / dt &= u_1 E - \sigma Q \\
 dI / dt &= kE - (u_2 + \gamma_1 + \delta)I \\
 dJ / dt &= u_2 I + \sigma Q - (\gamma_2 + \delta)J \\
 dR / dt &= \gamma_1 I + \gamma_2 J \\
 dD / dt &= \delta I + \delta J
 \end{aligned}
 \tag{2.3}$$

Osnovna pretpostavka modela po odjeljcima, stavljanje udjela pojedine populacije u pojedini odjeljak, glavno je ograničenje kod modeliranja karantene i izolacije. Kod takvog modela jedino je moguće odrediti koja je stopa prijelaza  $u_1$  kojom iz E odjeljka jedinke prelaze u karantenu, odnosno stopu  $u_2$  kojom zaražene jedinke stavljamo u izolaciju. Kod klasičnog modela nije moguće odrediti koje se jedinke stavljaju u karantenu, nego samo njihov udio. Maksimalno što se može napraviti je da uzmemo promjenjivi  $u_1(t)$  i  $u_2(t)$  kao funkciju vremena i tako dobijemo

optimalne rezultate [4]. Očito je da bi dobili puno efikasniji model ako bi se u karantenu i izolaciju stavljale točno određene jedinke po nekom kriteriju. Budući da nemaju sve jedinke jednak broj kontakata po kojima je moguće širiti zarazu logično bi bilo npr. prvo staviti u karantenu jedinke s većim brojem kontakata. Za takav model potrebno je sagledati zasebno svaku jedinku i sve veze među jedinkama po kojima je moguć prijenos zaraze. Kao rješenje nameće se ideja za modeliranjem dinamike širenja epidemije nad topologijom mreža gdje bi svaki čvor označavao pojedinu jedinku, a veza između čvorova put po kojem je moguće širiti zarazu.

### 2.4 Kompleksne mreže

Pojam mreže označava isto ono što se u matematici naziva graf. Mrežu ili graf matematički se definira kao uređeni par  $G=(V, E)$ , gdje je  $V$  konačan, neprazan skup čvorova, a  $E$  skup bridova (veza). Svaki brid određen je parom čvorova. Kompleksne mreže teško je precizno definirati. U stvarnom svijetu postoje mnoge strukture koje se modeliraju pomoću mreža. Mark Newman je tako mreže koje susrećemo u stvarnosti podijelio u četiri glavne skupine: društvene mreže, mreže informacija, tehnološke mreže i biološke mreže [6]. Primjeri mreža stvarno su brojni. Svi smo mi dio svjetske društvene mreže u kojoj ljude opisujemo čvorovima, a poznanstva među njima bridovima. Trenutno možda i najpoznatija tehnološka mreža je mreža web stranica povezanih URL-ovima. Primjer biološke mreže je mreža kemijskih spojeva u stanicama povezanih kemijskim reakcijama.

Dugo se vjerovalo da je većina mreža, među kojima i gore navedene, potpuno slučajna. Kod slučajnih mreža (engl. *random network*) svaka su dva čvora povezana s vjerojatnošću  $p$  i svaki čvor ima stupanj koji se ne razlikuje puno od srednjeg stupnja mreže. Međutim, kada su znanstvenici proveli istraživanje *world wide weba*, otkrili su da se struktura ove mreže podosta razlikuju od strukture slučajnih mreža. Uočeno je da većina stranica ima tek nekoliko veza, dok postoji mali broj stranica koje imaju ogroman broj veza tzv. čvorišta (engl. *hubs*). Ista pojava javlja se i kod društvenih mreža gdje najveći broj ljudi ima tek neznatan broj poznanstava, ali postoji i mali udio onih s brojem poznanstava koji je daleko veći od prosjeka. Kasnije su uočena i mnoga druga netrivialna statistička svojstva koja se ne pojavljuju kod

slučajnih grafova ili još jednostavnijih, a svojstvena su mnogim kompleksnim mrežama stvarnoga svijeta.

Iako ne postoji stroga definicija, kompleksnu mrežu možemo opisati kao mrežu ili graf čija se statistička svojstva znatno razlikuju od osnovnih svojstava slučajnog grafa, a koja susrećemo kod mnogih stvarnih mreža [9]. U sljedećem poglavlju opisana su svojstva koja kompleksnu mrežu razlikuju od slučajne mreže.

### 2.5 Osnovna svojstva mreža

Proučavanje mreža usko povezujemo s teorijom grafova, međutim sam pristup se u posljednje vrijeme dosta promijenio. Od samih početaka teorije grafova uglavnom su se problemi rješavali analitički, a naglasak je bio na svojstvima pojedinog čvora. Kod manjih grafova učinkovito je bilo i prosto gledanje budući da se mnoga topološka svojstva mogu lako primijetiti. Danas postoji potreba za promatranjem mreža čiji broj čvorova premašuje i brojku od nekoliko milijuna i čija se svojstva teško mogu analitički opisati. Zbog sve većih mreža i pojave sve bržih računala kod proučavanja mreža naglasak je stavljen na statistička svojstva cjelokupne mreže. Istraživanje mreža bazira se naime na traženju statističkih svojstava mreže i načina na koji se oni mjere, te konačno na proučavanju ponašanja i dinamike na mreži u odnosu na njena svojstva.

Matematičari su jako dobro proučili model slučajnog grafa. Kod slučajnog grafa svaka dva vrha su spojena s vjerojatnošću  $p$ . Takav graf s  $N$  brojem vrhova ima

sljedeću binomnu razdiobu stupnjeva:  $P(k) = \binom{N-1}{k} p^k (1-p)^{N-1-k}$ , a srednji stupanj

čvora mreže  $\langle k \rangle$  iznosi  $p(N-1)$ . Za dovoljno veliki  $N$  distribucija prelazi u

Poissonovu razdiobu  $P(k) = \frac{\langle k \rangle^k}{k!} e^{-\langle k \rangle}$ . Svojstva mreža stvarnoga svijeta po kojima se

one razlikuju od slučajnih mreža sugeriraju o specifičnostima širenja informacija kroz takve mreže. Newman [6] navodi sljedeća važna mrežna svojstva koja kompleksne mreže razlikuju od slučajnih mreža: efekt malog svijeta, koeficijent grupiranja, distribucija stupnjeva, elastičnost mreže, koeficijent razvrstljivosti, struktura zajednice, međupoloženost i veličina najveće komponente.

### 2.5.1 Efekt malog svijeta

Efekt malog svijeta (engl. *small world effect*) u stvarnom svijetu poznajemo kao činjenicu da se bilo koja dva čovjeka poznaju preko najviše šest drugih ljudi. To je prvi, poznatim pokusom, pokazao Stanley Milgram kasnih 60-tih kada je prijatelju u Boston slao pismo preko slučajno odabranih ljudi, a oni su ga dalje prosljedili preko svojih prijatelja. Efekt malog svijeta kod jednostavnog i netežinskog grafa formalno se može opisati pomoću srednjeg najkraćeg puta između bilo koja dva čvora u mreži  $l$ :

$$l = \frac{1}{\frac{1}{2}n(n+1)} \sum_{i \geq j} d_{ij} \quad (2.4)$$

gdje je  $d_{ij}$  udaljenost između čvorova  $i$  i  $j$  u smislu broja čvorova između njih. Za mreže koje pokazuju efekt malog svijeta  $l$  je puno manji od ukupnog broja čvorova u mreži  $N$ . Npr. za *www* mrežu (World-Wide Web) koja sadrži oko 800 000 000 čvorova  $l$  iznosi oko 19, a za svjetsku društvenu mrežu od oko 6 milijardi ljudi kao što sam već naveo oko 6 [7]. Postoji problem izračunavanja  $l$  prema izrazu (2.4) kod mreža s više komponenta povezanosti, tj. kod mreža koje imaju čvorove koji nisu povezani. U tom slučaju može se dogovorno staviti da je njihova udaljenost beskonačna, ali tada je i  $l$  beskonačan. Druga mogućnost je da se u izrazu (2.4) u obzir uzmu samo povezani čvorovi. Treće, možda i najprihvatljivije, rješenje je definirati  $l$  na sljedeći način:

$$l^{-1} = \frac{1}{\frac{1}{2}n(n+1)} \sum_{i \geq j} d_{i,j}^{-1}. \quad (2.5)$$

U ovom slučaju beskonačna vrijednost  $d_{ij}$  ne utječe na sumu.

Općenito se smatra da mreža pokazuje svojstvo malog svijeta ako za fiksni srednji stupanj mreže  $\langle k \rangle$  vrijednost  $l$ -a raste kao  $\log N$  ili sporije. Za mreže bez skale vrijednost  $l$ -a raste kao  $\log N / \log \log N$  [6].

Očito je da efekt malog svijeta ima veliki utjecaj na širenje informacija kroz mreže i za pretpostaviti je da će se informacija brže širiti na mrežama koje imaju manji  $l$ .



### 2.5.2 Koeficijent grupiranja

Koeficijent grupiranja (engl. *clustering coefficient*) za povezani i neusmjereni graf definira se na sljedeći način:

$$C = \frac{3 \times \text{broj trokuta u mreži}}{\text{broj tripleta u mreži}} \quad (2.6)$$

gdje je trokut označava bilo koja tri vrha koja su međusobno povezana, dok je triplet (engl. *connected triple*) vrh i bilo koja dva njemu incidenta brida. Ovako definiran  $C$  govori koliki udio tripleta se nadopunjuje u trokut, a uveo ga Newman 2002. godine i u literaturi se često naziva i prijenosnost (engl. *transitivity*). Faktor 3 u izraz (2.6) dolazi zbog toga jer svaki trokut ima točno tri tripleta. Koeficijent  $C$  leži u intervalu  $[0, 1]$  te govori koja je vjerojatnost da su dva čvora koja imaju zajedničkog susjeda također susjedi.  $C$  kod društvenih mreža označava i vjerojatnost da je prijatelj od mog prijatelja također i moj prijatelj.

Koeficijent grupiranja možemo definirati i na sljedeći način razmatrajući  $C_i$  (lokalni koeficijent grupiranja) zasebno za svaki čvor:

$$C_i = \frac{\text{broj trokuta kojima pripada čvor } i}{\text{broj tripleta kojima pripada čvor } i} \quad (2.7)$$

Za čvorove sa stupnjem 1 i 0 vrijednost  $C_i$  jednaka je 0. Koeficijent  $C_i=1$  govori da su svi susjedni čvorovi čvora  $i$  povezani u potpuni graf. Ukupni koeficijent grupiranja definiran je sljedećim izrazom

$$C = \frac{1}{N} \sum_i C_i, \quad (2.8)$$

gdje  $N$  označava ukupan broj čvorova u mreži. Ovakvu, lokalnu, definiciju koeficijenta grupiranja predložili su Watts Strogatz [8] i ona se danas najčešće i koristi zbog lakšeg izračuna na računalu. Važno je primijetiti da se za izraze (2.6) i (2.8) ne dobiva ista vrijednost kod računanja za pojedinu mrežu. Čak i kad se mreže sortiraju po koeficijentu grupiranja, računajući koeficijent na ova dva načina, poredak neće biti isti. Zato je kod računanja koeficijenta grupiranja važno navesti izraz po kojem se izračunava. Međutim, bez obzira koji se izraz koristi, kompleksne mreže imat će puno veći koeficijent grupiranja od slučajnih mreža s približno jednakim brojem čvorova i bridova.

### 2.5.3 Distribucija stupnjeva

Distribucija stupnjeva  $p_k$  definira se kao udio čvorova u mreži koji imaju stupanj  $k$ . Jednako  $p_k$  označava i vjerojatnost da slučajno odabrani čvor ima stupanj  $k$ . Za usmjerene mreže definiraju se posebno ulazne i izlazne distribucije stupnjeva. Već sam naveo da kompleksne mreže imaju različitu distribuciju od slučajnih mreža čija je distribucija stupnjeva binomna. Osim ovako definirane distribucije stupnjeva često je korištena i kumulativna distribucija:

$$P(k) = \sum_{k'=k}^{\infty} p_{k'} \quad (2.9)$$

koja predstavlja vjerojatnost da čvor ima stupanj veći od  $k$ . Kumulativna distribucija rješava problem fluktuacije podataka koji se javljaju kod obične distribucije. Mnoge mreže u stvarnosti imaju distribuciju po zakonu potencije (engl. *power law*) oblika:  $p_k \sim k^{-\alpha}$ . Tada se i kumulativna distribucija također ponaša po zakonu potencije, ali s eksponentom  $\alpha - 1$ :

$$P(k) \sim \sum_{k'=k}^{\infty} k'^{-\alpha} \sim k^{-(\alpha-1)}. \quad (2.10)$$

Mreže s distribucijom stupnjeva po zakonu potencije često se još nazivaju i mreže bez skale (engl. *scale-free network*). Za mreže bez skale  $\alpha$  se kreće u rasponu između 2 i 3. Termin bez skale odnosi se na funkciju distribucije koja nije podložna skaliranju njene varijable. Općenito, funkcija bez skale je ona za koju vrijedi  $f(ax) = bf(x)$ . U ovom slučaju distribucija po zakonu potencije i distribucija bez skale imaju isto značenje. Distribucija bez skale direktno govori o izraženoj heterogenosti stupnjeva kompleksnih mreža. Drugi moment takve funkcije distribucije stupnjeva  $\langle k^2 \rangle$  nije ograničen i teži u beskonačno kako se povećava veličina mreže. Kod slučajnih mreža  $\langle k^2 \rangle$  teži u nulu, tj. svi čvorovi imaju približno jednak stupanj.

### 2.5.4 Elastičnost mreže

Elastičnost mreže (engl. *network resilience*) označava osjetljivost povezanosti mreže na uklanjanje njenih čvorova. Povezanost mreže uglavnom se promatra kao srednji najkraći put između čvorova. Albert i Barabasi u svom radu [7] ispituju utjecaj

izbacivanja čvorova iz slučajnih mreža i mreža s distribucijom bez skale. Pokazano je da su kompleksne mreže (distribucija bez skale) jako osjetljive na ciljane napade tj. uklanjanje čvorova s najvećim stupnjem. Kod takvog uklanjanja čvorova srednji najkraći put rapidno raste već za mali postotak uklonjenih čvorova. Kod slučajnog uklanjanja čvorova srednji najkraći put za kompleksne mreže ostaje gotovo konstantan. Ovakvo ponašanje prilično se razlikuje od onog kod slučajnih mreža gdje ciljano i slučajno uklanjanje čvorova imaju gotovo jednak učinak. U oba slučaja srednji najkraći put se lagano povećava, ali puno sporije nego kod kompleksnih mreža prilikom ciljanog napada.

### 2.5.5 Koeficijent razvrstljivosti

U većini mreža postoji više vrsta ili grupa čvorova, koje se npr. razlikuju po stupnju. Vjerojatnost vezanja čvorova iz pojedinih grupa su različite. Takav način selektivnog spajanja naziva se razvrstljivo miješanje (engl. *assortative mixing*). U društvenim mrežama ljudi se najčešće vežu sa sličnima sebi, bilo po izgledu ili po ponašanju. Razvrstljivo miješanje može se izraziti pomoću mjere razvrstljivosti (engl. *assortativity coefficient*) koja se definira na više načina. Definirajmo prvo matricu miješanja (engl. *mixing matrix*)  $\mathbf{E}$  čiji su elementi  $E_{ij}$  broj veza između grupe čvorova  $i$  i grupe čvorova  $j$ . Definira se normalizirana matrica miješanja na sljedeći način:

$$e = \frac{E}{\|E\|} \quad (2.11)$$

gdje  $\|E\|$  označava sumu svih elemenata matrice  $E$ . Očito elementi matrice  $e_{ij}$  označavaju udio veza između grupa  $i$  i  $j$ . Nadalje, vjerojatnost da je čvor iz grupe  $i$  povezan s čvorom iz grupe  $j$  dana je sljedećim izrazom:

$$P(j|i) = e_{ij} / \sum_j e_{ij} \quad (2.12)$$

Najčešći način izračunavanja koeficijenta razvrstljivosti je sljedeći:

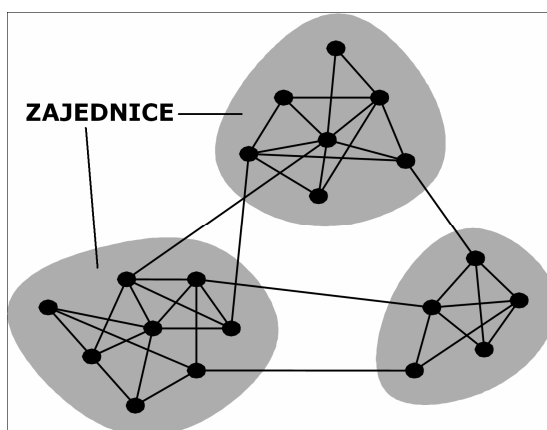
$$r = \frac{\text{Tr } e - \|e^2\|}{1 - \|e^2\|}. \quad (2.13)$$

Za slučajnu mrežu  $r$  je jednak nula, dok je za savršeno razvrstljivu mrežu (gdje se čvorovi istih grupa vežu isključivo međusobno) jednak jedan.

Specijalan slučaj razvrstljivosti je razvrstavanje čvorova po stupnju koji se još naziva i korelacija stupnjeva. Korelacija stupnjeva daje informaciju da li se čvorovi više vežu sa čvorovima istog ili različitog stupnja, a izračunava se pomoću Pearsonovog korelacijskog koeficijenta ( $r$ ) između parova čvorova. Pearsonov koeficijent  $r$  se kreće u rasponu od -1 do 1. Pozitivne vrijednosti od  $r$  ukazuju na korelaciju između čvorova sličnog stupnja dok negativne vrijednosti ukazuju na vezu između čvorova različitog stupnja. Zanimljivo je da se kod društvenih mreža uglavnom vežu čvorovi istog stupnja, pa je  $r$  pozitivan. Ostale stvarne mreže, poput Interneta, uglavnom pokazuju tendenciju vezivanja čvorova različitog stupnja i imaju negativan  $r$  [6].

### 2.5.6 Struktura zajednice

Kod velikog broja društvenih mreža javlja se struktura zajednice (engl. *community structure*) kada se javljaju određene grupe čvorova, gdje su unutar grupe čvorovi jako dobro povezani dok su grupe međusobno povezane tek s malim brojem veza (slika 2.5). Ovaj efekt se u literaturi često naziva i grupiranje (engl. *clustering*), pa treba paziti da ne dođe do zabune jer smo isti termin imali i kod koeficijenta grupiranja. Primijetimo da razvrstljivost nije isto što i struktura zajednice. Mreža može imati veliku razvrstljivost, ali ne mora pokazivati strukturu zajednice i obrnuto. Kod razvrstljivosti čvorovi se mogu dijeliti u skupine po nekom svojstvu koje ne proizlazi iz strukture mreže, dok ih ovdje isključivo njihova povezanost razlikuje od onih koji s njima nisu povezani. Primjer ovakvog grupiranja susreće se npr. kod mreže koautorstava gdje su grupirani znanstvenici koji rade na sličnim projektima, ili primjer *www*-a gdje su grupirane stranice sa sličnim sadržajem bolje povezane. Ovakav način grupiranja još je češći u društvenim mrežama. Metode detektiranja grupa unutar mreže vrlo su složene.



Slika 2.5 Struktura zajednice unutar mreže

### 2.5.7 Međupoloženost

Često korišteno statističko svojstvo mreže je međupoloženost (engl. *betweenness centrality*) čvora unutar mreže. Međupoloženost čvora govori na koliko najkraćih staza između drugih čvorova leži pojedini čvor. Neka postoji graf  $G=(V, E)$  sa  $n$  vrhova, međupoloženost  $C_B(v)$  za čvor  $v$  je definirana kao:

$$C_B(v) = \sum_{s \neq t \neq v \in V} \frac{\sigma_{st}(v)}{\sigma_{st}} \quad (2.14)$$

gdje  $\sigma_{st}$  predstavlja broj najkraćih putova od vrh  $s$  do vrha  $t$ , a  $\sigma_{st}(v)$  broj najkraćih putova od vrha  $s$  do vrha  $t$  na kojima leži vrh  $v$ . Pokazano je da za veliki broj kompleksnih mreža distribucija međupoloženosti čvorova također slijedi distribuciju po zakonu potencije. Međupoloženost može biti i mjera elastičnosti mreže kao pokazatelj koliko će se najkraćih putova produžiti uklaňanjem određenog čvora.

### 2.5.8 Veličina najveće komponente

Kod stvarnih mreža često nisu svi čvorovi povezani, nego se mreža sastoji od više komponenti. Tada je bitno znati veličinu najveće komponente u mreži. Najčešće se u mrežama pojavljuje jedna gigantska komponenta (engl. *giant component*) koja sadrži većinu čvorova promatrane mreže. Ukoliko u mreži ne postoji gigantska komponenta tada su važne sve dominantne komponente date mreže. Veličina gigantske mreže je vrlo bitno svojstvo i govori o efikasnosti mreže. Reka i Barabasi

[7] proveli su istraživanje u kojem su promatrali veličinu najveće komponente u odnosu na broj slučajno uklonjenih čvorova. Pokazali su da mreže bez skale zadržavaju veličinu najveće komponente i za vrlo visok udio slučajno uklonjenih čvorova, dok se slučajne mreže jako brzo fragmentiraju, tj. rastavljaju na veći broj manjih komponenti. Ovo je još jedno vrlo važno svojstvo koje pokazuje vrlo veliku robustnost kompleksnih mreža na pogreške u odnosu na ostale mreže.

### **2.6 Širenje zaraze u mrežama**

U poglavlju 2.1 opisano je klasično modeliranje epidemija. Takvo modeliranje karakteriziraju dvije osnovne pretpostavke. Prva pretpostavka je da udio cjelokupne populacije smještamo u pojedine odjeljke ovisno o stadiju bolesti u kojem se pojedinac nalazi te da je vrijeme boravka u pojedinom odjeljku određeno eksponencijalnom funkcijom  $P(t)$ . Osnovni epidemiološki odjeljci koji čine bazični SIR model su: S (podložni), I (zarazni) i R (oporavljeni). Druga je pretpostavka homogenog i dobro izmiješanog društva koja kaže da svaka jedinka ima malu ali jednaku vjerojatnost da stupi u kontakt s bilo kojom drugom od preostalih jedinki iz cjelokupne populacije. Ovakva pretpostavka bila bi valjana npr. kada bi modelirali širenje epidemije u nekoj staji, ali u ljudskom društvu rijetko je ispunjena. U stvarnosti, svaka jedinka ima konačan broj kontakata kojima je sposobna širiti zarazu i taj je broj puno manji od ukupne populacije. Sve jedinke i svi kontakti po kojima su jedinke sposobne širiti zarazu formiraju jednu mrežu. Ideja da se napusti pretpostavka o izmiješanom društvu i da se prijeđe na topologiju mreža nameće se samo od sebe. Kod modeliranja epidemija kroz topologiju mreža i dalje jedinke smještamo u odjeljke ovisno o stadiju bolesti, no mijenja se dinamika. Kontakti između zaraznih i podložnih jedinki nisu više određeni diferencijalnim jednadžbama i pretpostavkom o dobro izmiješanom društvu nego bridovima mreže. Model epidemije nad slučajnom mrežom gdje je svaki čvor s vjerojatnošću  $p$  povezan s bilo kojim drugim ne razlikuje od klasičnog modela.

Važno je napomenuti da je ovakav pristup u modeliranju epidemija došao paralelno s pojavom brzih računala pomoću kojih je moguće obrađivati mreže s jako velikim brojem čvorova. Bez računala bilo bi nemoguće promatrati bilo kakvu

dinamiku na mreži jer je nezamislivo takve stvari rješavati analitički, a pogotovo u slučaju kompleksnih mreža. Iznimka je SIR model za kojeg su dobiveni određeni analitički rezultati [12].

Veliki problem kod ovakvog pristupa je pronalaženje stvarne mreže osoba i njihovih kontakata. Sociolozi koriste razne metode kod prikupljanja podataka pri formiranju društvenih mreža [10]. Nama je važno da veliki broj društvenih mreža, ali ostalih mreža po kojima imamo neki oblik širenja informacija, ima distribuciju stupnjeva po zakonu potencije i zbog toga postoji ogroman interes za promatranjem epidemioloških modela nad kompleksnim mrežama.

Poznato je da općenito heterogenost mreže smanjuje prag epidemije. Satorras, R. i Vespignani, A. [10] analitički su pokazali nepostojanje praga epidemije u mrežama bez skale beskonačne veličine. Oni su dobili sljedeći izraz za prag epidemije:

$$\lambda_c = \frac{\bar{k}}{\langle k^2 \rangle} \sim \frac{1}{\ln(N)}, \quad (2.15)$$

gdje  $N$  predstavlja ukupan broj čvorova mreže. Kod mreža bez skale gdje  $\langle k^2 \rangle$  teži u beskonačno, prag epidemije iščezava.  $\lambda$  predstavlja omjer stope zaraze i stope oporavka. Za konačne mreže kakve susrećemo u stvarnosti  $\lambda_c$  ipak ne iščezava i postoji vrlo mala, konačna, vrijednost praga epidemije prema izrazu (2.15). Ovaj vrlo važan rezultat, koji se razlikuje od rezultata klasičnog modela, govori da se epidemija može proširiti zbog heterogenosti mreže bez obzira koliko bila mala vjerojatnost prijenosa između dvije jedinice.

Satorras, R. i Vespignani, A. [13] također ispituju utjecaj mreže na imunizaciju. Pokazano je da mreže bez skale i slučajne mreže zahtijevaju različitu strategiju imunizacije što je direktno povezano sa svojstvom elastičnosti mreže opisano u poglavlju 2.5.4.

## 3 Model

O epidemiološkim modelima nad topologijom mreže već je bilo govora u sklopu teorijskog uvoda. Tamo su opisane osnovne karakteristike i principi takvog modela. U ovom poglavlju obradit ću samo modele korištene u simulacijama. Detaljno ću opisati osnovni SIR model sa svim parametrima. Nad osnovnim SIR modelom uvedena su tri modela karantene koje ću detaljno opisati. Modele karantene jednostavno smo nazvali „karantena1“, „karantena2“ i „karantena3“ kronološki po redu kako su nastajali. Svaki model, osim prvog, nastao je kao rezultat promatranja svojstava prethodnog modela. U poglavlju će također biti opisana i tri modela imunizacije koja se nadograđuju na osnovni SIR model.

### 3.1 SIR model

Kod SIR modela koristimo tri osnovna odjeljka između kojih se odvije dinamika zaraze: S (podložni), I (zarazni) i R (oporavljeni). Osnovni parametri kod SIR modela su sljedeći:

- ***poc*** – ***inicijalno zaraženi čvor od kojeg počinje zaraza***
- ***p*** - ***stopa zaraze***
- ***q*** – ***stopa oporavka***

U prvom koraku epidemije imamo jedan inicijalno zarazni čvor koji je u I odjeljku, dok su svi ostali čvorovi podložni, tj. nalaze se u S odjeljku. U svakom daljnjem koraku epidemije ( $n$ ) odvija se sljedeća dinamika:

- Svaki zarazni čvor iz ( $n-1$ ) koraka zarazit će svakoga svog podložnog susjeda s vjerojatnošću  $p$ . Svaki podložni čvor koji se zarazio u koraku ( $n$ ) tada prelazi u I odjeljak i postaje zarazan.
- Svaki zarazni čvor iz ( $n-1$ ) koraka s vjerojatnošću  $q$  prelazi u R i postaje imun.

Dinamika ovog modela odvija se dok god postoji i jedna zarazna jedinka.



## 3.2 Modeli karantene

### 3.2.1 Model karantena1

Ovo je prvi model karantene koji uvodimo nad osnovnim SIR modelom i u tom smislu nazivamo ga karantena1. Osnovna dinamika zaraze ostaje nepromijenjena u odnosu na SIR model. Ideja ovog modela je da se okruži svaka zarazna jedinka i na neki način smanji njena zaraznost prema mreži.

Karantena1 kod osnovnog SIR modela ostvaruje se na sljedeći način:

- Uvodimo dva nova parametra:
  1.  $k$  – faktor karantene
  2.  $T_k$  – trajanje karantene
- U svakom koraku epidemije, uključujući i prvi korak, sve podložne druge susjede svakog zaraznog čvora stavljamo u karantenu. Kažemo da smo realizirali karantenu nad svakim zaraznim čvorom.
- Svaki čvor koji smo stavili u karantenu ostaje u karanteni  $T_k$  koraka.
- Ako imamo drugog susjeda zaraznog čvora koji je već od prije u karanteni njegovo vrijeme boravka u karanteni se obnavlja i u tom koraku ponovo iznosi  $T_k$ .
- Svi čvorovi koji su u karanteni, u slučaju kontakta sa zaraznim čvorom, zarazit će se novom stopom zaraze  $p_2$  koja je dana izrazom:
$$p_2 = p(1-k), \quad k \in [0, 1] \quad (3.1)$$
- Nakon izlaska iz karantene čvorovi se ponovo mogu zaraziti stopom zaraze  $p$ .

Iz izraza (3.1) vidimo da, za faktor karantene  $k=1$ , čvorovi u karanteni postaju zarazni stopom zaraze  $p_2=0$ . Točnije, u tom slučaju zarazna jedinka je u potpunosti izolirana i uvodi se pojam **potpune karantene**. U slučaju  $k<1$  govorimo o **djelomičnoj karanteni** gdje čvorovi u karanteni postaju zarazni smanjenom stopom zaraze  $p_2$  prema izrazu (3.1). Za  $k=0$  vrijedit će  $p_2=p$  i neće biti primjene karantene. Mi kod ovog modela ustvari uvodimo novi pododjeljak unutar S odjeljka u kojem se nalaze čvorovi koji su u karanteni, a dinamika izlaska i ulasku u taj odjeljak određena je gore navedenim pravilima.

U poglavlju 2.2 naveli smo da se u stvarnosti karantena i izolacija kao metode suzbijanja epidemije vežu isključivo za SEIR model. Međutim, budući da je model karantene unutar topologije mreže nešto novo i još neistraženo, mi smo se odlučili krenuti od najjednostavnijeg SIR modela. Modelima karantene, koje smo ovdje definirali, pokušavamo simulirati dinamiku širenja epidemije pod sličnim uvjetima kao što je to slučaj s realnom izolacijom i karantenom. Već naš model ima mnoštvo parametara, dok bi se kod SEIR modela taj broj još i dodatno povećao i zakomplicirao proučavanje ovakvog modela. Međutim kako se u našem modelu čvorovi u karanteni i izolaciji nalaze zajedno i omogućeno je dalje širenje zaraze između njih bez smanjenja zaraznosti naš model u dobrom dijelu oponaša SEIR model.

Kod stvarne primjene u karantenu stavljamo čvorove za koje sumnjamo da su zaraženi. Tada se u karanteni nalazi tek nekolicina zaraženih čvorova, dok je većina čvorova zdrava. U smislu oponašanja takvog modela mi u karantenu stavljamo prve i druge susjede zaraženog čvora. Prvi susjedi se uglavnom zaraze dok drugi susjedi održavaju karanteni i on su zdravi, za razliku od stvarne primjene gdje su čvorovi izmiješani u karanteni i ne zna se koji su zdravi a koji zaraženi. Bitno je da u oba slučaja imamo izolirani krug karantene s nekolicinom zaraznih čvorova i pokušavamo spriječiti širenje zaraze izvan karantene.

Moram naglasiti da se u kod svih modela karantene termin čvorova u karanteni u biti odnosi samo na druge susjede zaraženog čvora tj. na čvorove koji drže karantenu i ne dopuštaju izbijanje zaraze izvan kruga karantene.

### 3.2.2 Model karantena2

Kod karantene1 uočeno je da se jedino za potpunu karantenu (ako je  $k=1$  ili ako je  $k$  jako blizu 1) postiže zadovoljavajuća efikasnost (poglavlje 5.2). Ideja modela karantena2 bila je vidjeti kako će se model ponašati ako realiziramo potpunu karantenu, ali samo nad pojedinim zaraznim čvorovima.

Model karantena2 nad osnovnim SIR modelom ostvarujemo na sljedeći način:

- Uvodimo dva nova parametra:

#### 1. $k$ – faktor karantene

#### 2. $T_k$ – trajanje karantene

- U svakom koraku epidemije, uključujući i prvi korak, svaki zarazni čvor s vjerojatnošću  $k$  realizira potpunu karantenu.
- Svaki čvor koji smo stavili u karantenu ostaje u karanteni  $T_k$  koraka.
- Ako imamo drugog susjeda zaraznog čvora koji je već od prije u karanteni njegovo vrijeme boravka u karanteni se obnavlja i u tom koraku ponovo iznosi  $T_k$ .
- Svi čvorovi koji su u karanteni ne mogu se zaraziti.
- Nakon izlaska iz karantene čvorovi se ponovo mogu zaraziti stopom zaraze  $p$ .

Bez obzira na povijest njegovog nastajanja, model karantena2 promatra se kao zaseban model potpuno neovisan o modelu karantena1. Ovom modelu posvećena je i najveća pažnja u nastavku ovog rada. Razlog tome je činjenica da se on pokazao daleko efikasnijim od modela karantena1 (poglavlje 5.3)

#### 3.2.3 Model karantena3

Ispitujući efikasnost i cijenu modela karantena2 (poglavlje 5.3.4) utvrđeno je da se najmanja cijena karantene postiže ako realiziramo potpunu karantenu nad svim zaraznim jedinkama ( $k=1$ ). Kod modela karantena3 promatrali smo što se događa ako kod modela karantena2, gdje je  $k=1$ , iz nekog razloga ne stavimo sve druge susjede u karantenu.

Model karantena3 nad osnovnim SIR modelom ostvarujemo na sljedeći način:

- Uvodimo dva nova parametra:
  1.  $k$  – faktor karantene
  2.  $T_k$  – trajanje karantene
- U svakom koraku epidemije, uključujući i prvi korak, svakog podložnog drugog susjeda, svih zaraznih čvora stavljamo u karantenu s vjerojatnošću  $k$ .
- Svaki čvor koji smo stavili u karantenu ostaje u karanteni  $T_k$  koraka.

- Ako imamo drugog susjeda zaraznog čvora koji treba ući u karantenu, a već je od prije bio u karanteni, njegovo vrijeme boravka u karanteni se obnavlja i u tom koraku ponovo iznosi  $T_k$ .
- Svi čvorovi koji su u karanteni ne mogu se zaraziti.
- Nakon izlaska iz karantene čvorovi se ponovo mogu zaraziti stopom zaraze  $p$ .

Model karantena3 pokazuje kako se ponaša karantena2 ( $k=1$ ), koja „propušta“, ali ga prema gore navedenim pravilima možemo razmatrati i kao zaseban model.

### 3.3 Modeli imunizacije

U našem modelu pojam imunizacije označava uklanjanje čvora iz mreže. Cilj je spriječiti da se određeni čvor zarazi i tako dalje širi zarazu. Razmatrani modeli imunizacije istovjetni su SIR modelu, ali s razlikom da se inicijalno, u prvom koraku epidemije, odabrani čvorovi stavljaju u R odjeljak. U ovom radu razmatramo tri vrste imunizacije. U sva tri modela uvodimo **faktor imunizacije**  $k \in [0, 1]$ . Faktor imunizacije označili smo jednako kao i faktor karantene zbog usporedbe tih modela. Prema načinu na koji odabiremo inicijalno imune čvorove razlikujemo tri vrste imunizacije:

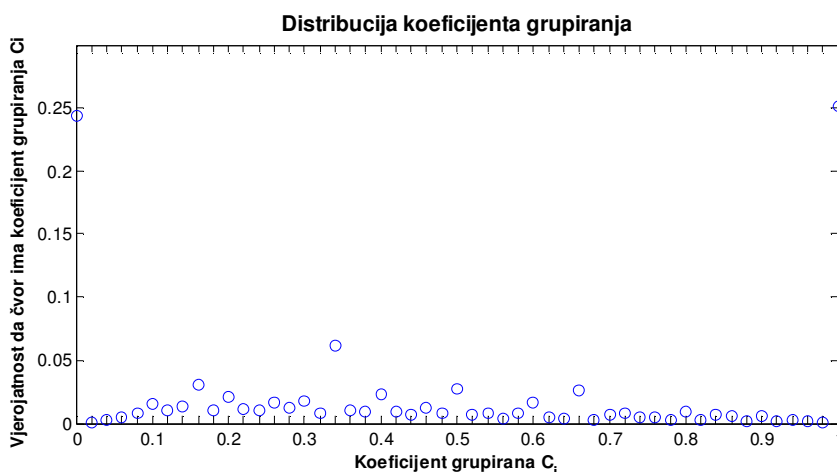
- **Slučajna imunizacija** – u prvom koraku epidemije imuniziramo slučajni  $k$ -ti udio čvorova cjelokupne mreže.
- **Ciljana imunizacija po stupnju čvora** – u prvom koraku epidemije imuniziramo  $k$ -ti udio čvorova s najvećim stupnjem čvora.
- **Ciljana imunizacija po stupnju međupoloženosti** – u prvom koraku epidemije imuniziramo  $k$ -ti udio čvorova s najvećim koeficijentom međupoloženosti.

## 4 Podaci

Simulacije svih modela napravljene su na jednoj realnoj mreži kolaboracije znanstvenika "Condensed matter collaborations 2003" [14]. Ta mreža sastoji se od znanstvenika koji su objavljivali radove na "Condensed Matter E-Print Archive" lokaciji između 1. siječnja 1995. godine i 31. prosinca 1999. Mreža je zapisana u GML formatu [16]. Znanstvenici u toj mreži predstavljaju čvorove dok veza (neusmjerena i bestežinska) između dva čvora postoji samo ako su ta dva pripadna znanstvenika bili koautori na barem jednom znanstvenom radu. U ovom poglavlju najveća pažnja posvećena je osnovnim svojstvima promatrane mreže koja su obrađena u poglavlju 2.5. Za usporedbu rezultata korištene su još četiri realne kompleksne mreže. Navest ću i najosnovnije ispitane karakteristike tih mreža. Poznavanje ovih svojstava jako je bitno u smislu razumijevanja njihovog utjecaja na širenje informacije kroz mrežu. Sve su mreže javno dostupne na Internetu [15].

### 4.1 Osnovna svojstva glavne promatrane mreže

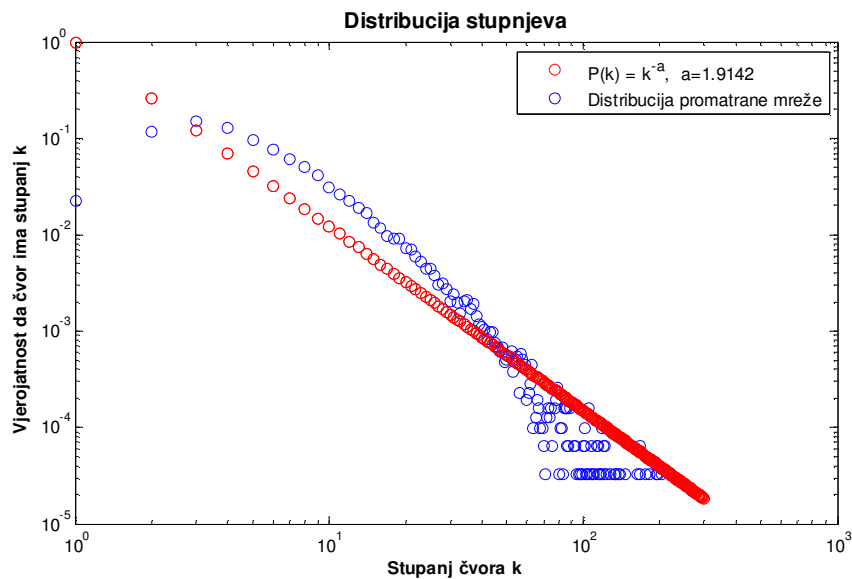
#### Koeficijent grupiranja



**Slika 4.1** Distribucija koeficijenta grupiranja za promatranu mrežu

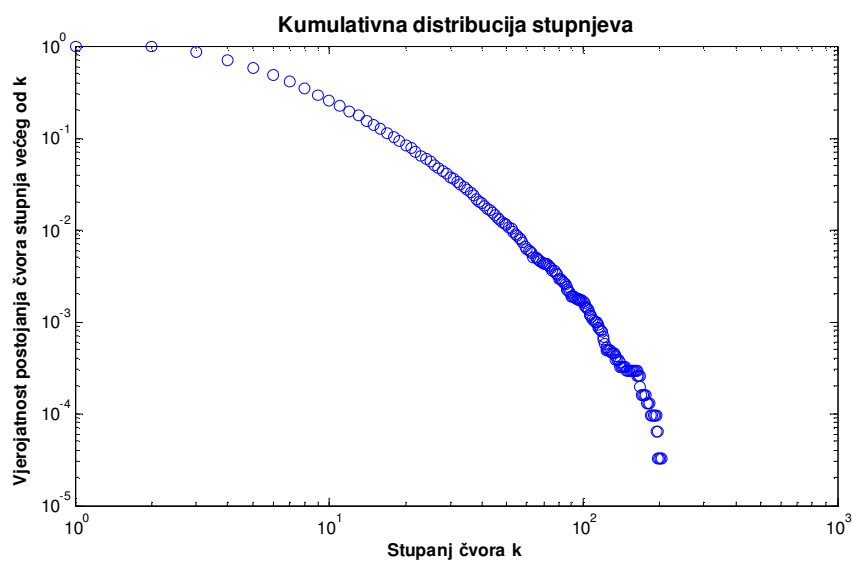
Slika 4.1 prikazuje distribuciju koeficijenata grupiranja. Polovica čvorova mreže ima koeficijent grupiranja koji iznosi ili 1, ili 0. Vjerojatnost da nađemo čvor s nekim drugim koeficijentom grupiranja manja je od 0.05.

## Distribucija stupnjeva



Slika 4.2 Distribucija stupnjeva promatrane mreža

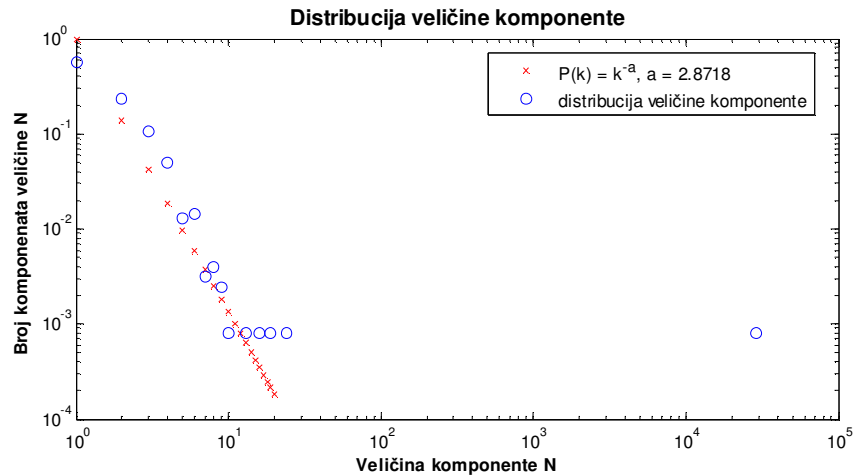
Distribucija stupnjeva promatrane mreže dobro prati distribuciju bez skale  $P(k) = k^{-\alpha}$ , gdje je  $\alpha = 1.9142$  (slika 4.2). Parametar  $\alpha$  za teorijsku distribuciju koja je na slici 4.2 prikazana crvenom bojom dobiven je metodom maksimalne vjerodostojnosti ML (engl. maximum likelihood) [17]. Također uočavamo efekt konačnosti mreže koji se očituje kao pad funkcije u repu u odnosu na teorijsku distribuciju.



Slika 4.3 Kumulativna distribucija stupnjeva promatrane mreže

Slika 4.3 prikazuje kumulativnu distribuciju stupnjeva koja rješava problem fluktuacije podataka kod obične distribucije.

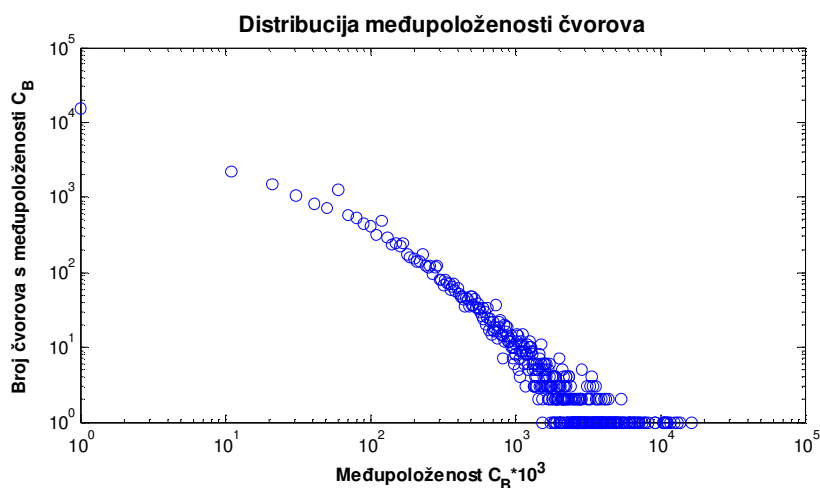
### Veličina najveće komponente



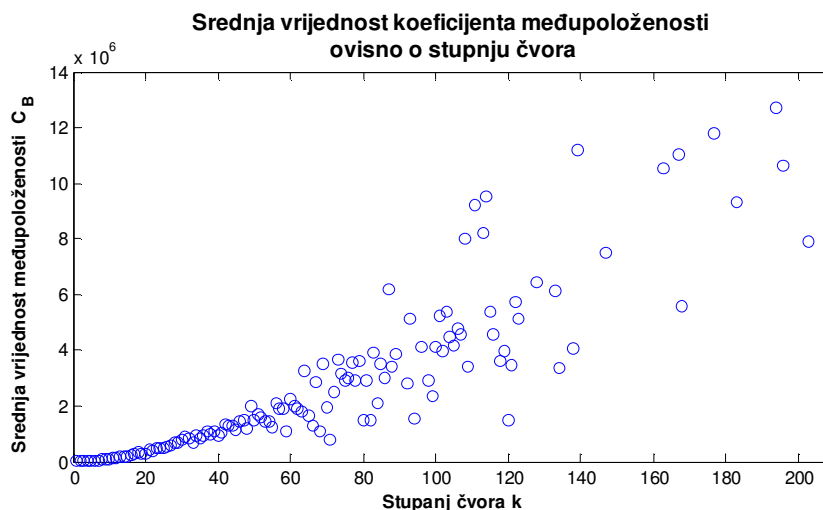
Slika 4.4 Distribucija veličine komponente za promatranu mrežu

Veličina najveće komponente iznosi 28 868 čvorova i to je jedina dominantna komponenta u mreži (slika 4.4). Sve ostale komponente puno su manje od dominantne komponente. Distribucija veličine komponente također prati distribuciju bez skale za  $\alpha = 2.8718$ .

### Međupoloženost



Slika 4.5 Distribucija međupoloženosti čvorova promatrane mreže



**Slika 4.6** Srednja vrijednost koeficijenta međupoloženosti u ovisnosti o stupnju čvora za promatrane mrežu

Distribucija međupoloženosti čvorova također prati distribuciju bez skale (slika 4.5). Slika 4.6 prikazuje ovisnost srednje vrijednosti koeficijenta međupoloženosti o stupnju čvora. Čvorovi sa većim stupnjem imaju i veći koeficijent međupoloženosti što je bilo i za pretpostaviti. Koeficijent korelacije međupoloženosti i stupnja čvorova iznosi 0.7759.

### Ostala svojstva promatrane mreže

**Tablica 4.1** Osnovna svojstva glavne promatrane mreže

Broj čvorova $n$	31163
Broj bridova $m$	233914
Veličina najveće komponente $n_{\max}$	28868
Srednji stupanj čvora $\langle k \rangle$	7.5061
Standardna devijacija stupnja $\langle k^2 \rangle$	10.3723
Najveći stupanj nekog čvora $k_{\max}$	202
$\alpha$	1.9142
Srednji najkraći put $l$	5.374
Srednji koeficijent grupiranja $\langle C \rangle$	0.4579
Koeficijent razvrstljivosti stupnjeva $r$	0.1518



Tablica 4.1 prikazuje preostala svojstva promatrane mreže. Mreža ima 31163 čvorova i 233914 bridova. Potpuni graf s jednakim brojem čvorova ima oko  $4.85 \cdot 10^8$  bridova ( $n \cdot (n-1)/2$ ) što je za četiri reda veličine više nego u našem slučaju. U tom smislu možemo reći da je naš graf rijetko povezan.

Srednji najkraći put mreže iznosi 5.374 što je dovoljno blizu iznosu od  $\log(N) = 4.4936$  da kažemo da mreža pokazuje svojstvo malog svijeta. Srednji najkraći put  $l$  računat je prema izrazu (2.4) gdje nisam razmatrao čvorove koji nisu povezani.

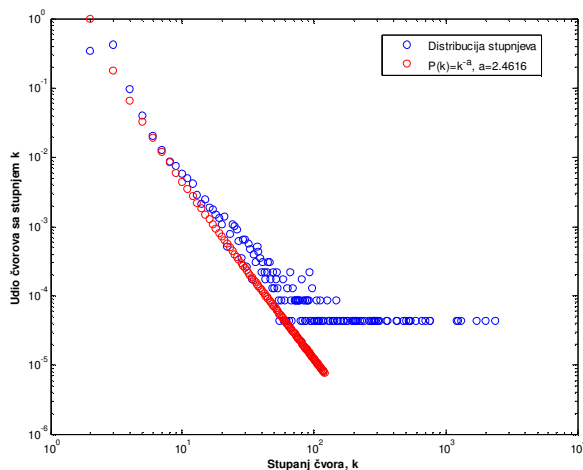
Koeficijent razvrstljivosti koji iznosi 0.1518 pokazuje laganu tendenciju spajanja čvorova istog stupnja što je i uobičajeno kada se radi o društvenim mrežama.

Srednji stupanj mreže  $\langle k \rangle$  iznosi 7.5061, dok je standardna devijacija stupnja  $\langle k^2 \rangle$  jednaka 10.3723 što govori o neujednačenosti stupnjeva.

Vidjeli smo da i neka druga svojstva prate distribuciju po zakonu potencije. Teoretski, kod takve distribucije,  $\langle k^2 \rangle$  teži u beskonačno za beskonačno veliki uzorak, pa ona sama po sebi označava veliku heterogenost koja predstavlja glavno obilježje kompleksnih mreža.

## 4.2 Osnovna svojstva preostalih promatranih mreža

- **Internet** – mreža rekonstruirana na sveučilištu University of Oregon na temelju „routing“ tablica

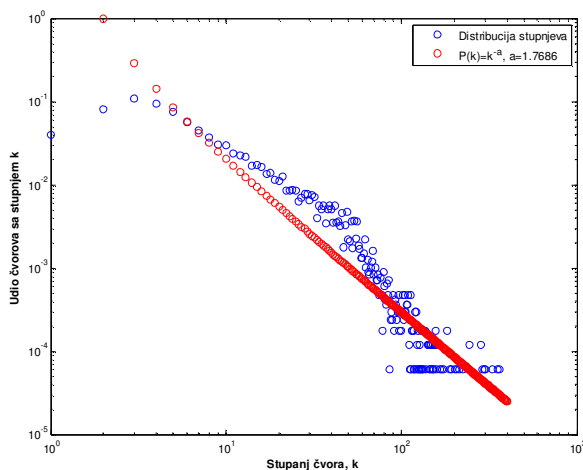


Slika 4.7 Distribucija stupnjeva Internet mreže

**Tablica 4.2**  
Osnovna svojstva Internet mreže

$n$	22963
$m$	96872
$n_{\max}$	22963
$\langle k \rangle$	4.2186
$\langle k^2 \rangle$	32.9424
$k_{\max}$	2390
$l$	3.8424
$\alpha$	2.4616
$\langle C \rangle$	0.2304
$r$	-0.2614

- **„Astrophysics collaborations“** - mreža znanstvenika koji su objavljivali radove na „Astrophysics E-Print Archive“ lokaciji između 1. siječnja 1995. godine i 31. prosinca 1999.

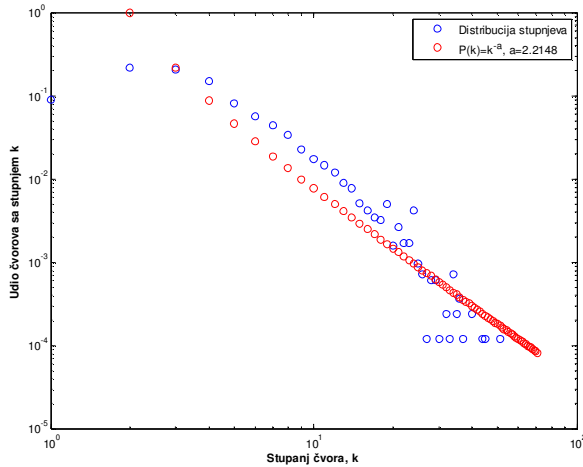


Slika 4.8 Distribucija stupnjeva „Astrophysics collaborations“ mreže

**Tablica 4.3**  
Osnovna svojstva  
„Astrophysics  
collaborations“ mreže

$n$	16706
$m$	242502
$n_{\max}$	14845
$\langle k \rangle$	14.5159
$\langle k^2 \rangle$	21.0085
$k_{\max}$	360
$l$	4.7980
$\alpha$	1.7686
$\langle C \rangle$	0.6388
$r$	0.2245

- „High-energy theory collaborations“ - mreža znanstvenika koji su objavljivali radove na „High-Energy Theory E-Print Archive“ lokaciji između 1. siječnja 1995. godine i 31. prosinca 1999.

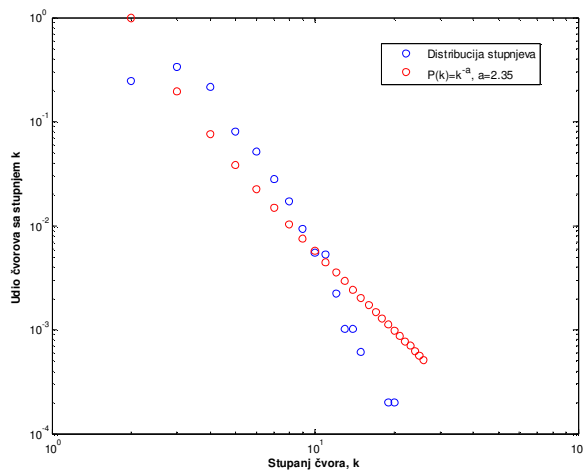


Slika 4.9 Distribucija stupnjeva „High-energy theory collaborations“ mreže

**Tablica 4.4**  
Osnovna svojstva „High-energy theory collaborations“ mreže

$n$	8361
$m$	31502
$n_{\max}$	5835
$\langle k \rangle$	3.7677
$\langle k^2 \rangle$	4.3053
$k_{\max}$	50
$l$	7.0254
$\alpha$	2.2148
$\langle C \rangle$	0.4420
$r$	0.1965

- „Power grid“ – dio energetske mreže SAD-a.



Slika 4.10 Distribucija stupnjeva „Power grid“ mreže

**Tablica 4.5**  
Osnovna svojstva „Power grid“ mreže

$n$	4941
$m$	13188
$n_{\max}$	4941
$\langle k \rangle$	2.6691
$\langle k^2 \rangle$	1.7913
$k_{\max}$	19
$l$	3.8424
$\alpha$	2.35
$\langle C \rangle$	0.0801
$r$	-0.0872

### 4.3 GML format

Grafovi se prezentiraju različitim formatima, od najjednostavnije matrice susjedstva do mnogih kompleksnijih formata. To dovodi do poteškoća kod kompatibilnosti i razmjene formata između različitih programa. Kao odgovor na ove probleme Newman predlaže jedinstveni GML (engl. *Graph Modelling Language*) format koji je jednostavan za implementaciju i neovisan o aplikacijskoj platformi [16]. GML format ima značajku da sadrži i informacije koje opisuju pojedini vrh, brid ili cijelu mrežu.

GML format je obična tekstualna datoteka i zato razmjena među različitim programima ne predstavlja nikakav problem. Budući da se radi o tekstualnoj datoteci lako je napisati skriptu za konverziju u neki drugi format.

Na jednom jednostavnom primjeru grafa koji ima samo dva povezana vrha pogledat ćemo osnovna svojstva ovog formata (slika 4.11).

---

```
graph [  
  comment "Jednostavan primjer"  
  directed 1  
  IsPlanar 1  
  node [  
    id 1  
    label  
    "Vrh 1"  
  ]  
  node [  
    id 2  
    label  
    "Vrh 2" ]  
  ]  
  edge [  
    source 1  
    target 2  
    label "Brid iz vrha 1 u vrh 2"  
  ]  
]
```

---

**Slika 4.11** Primjer grafa zapisanog u GML formatu

GML je hijerarhijski organiziran format koji se sastoji od ključnih riječi i njihovih vrijednosti. Na početku ide ključna riječ *graph* nakon koje unutar uglatih zagrada navodimo sve vrhove i bridove grafa. Prvo navedemo sve vrhove tako da napišemo ključnu riječ *node* i unutar uglatih zagrada jedinstveni broj vrha (*id*). Kod navođenja bridova napišemo ključnu riječ *edge* i unutar uglatih zagrada početni i završni čvor kako je to prikazano na slici 4.11. Za svaki vrh i brid možemo staviti i

odgovarajući opis nakon ključne riječi *label* unutar navodnika. Format može sadržavati i proizvoljne podatke, npr. dali je graf usmjeren, kao što je to slučaj u našem primjeru. Ako je podatak o usmjerenosti grafa izostavljen pretpostavlja se da je graf neusmjeren i onda je kod navođenja bridova svejedno koji je vrh početni a koji završni. GML može zapisivati još neke podatke koji se uglavnom odnose na crtanje grafa budući da je i zamišljen kao osnovni format za program „Graphlet“ koji služi za crtanje grafova. U primjeni najčešće jednostavno iščitamo samo podatke koji nas interesiraju dok ostale zanemarimo.

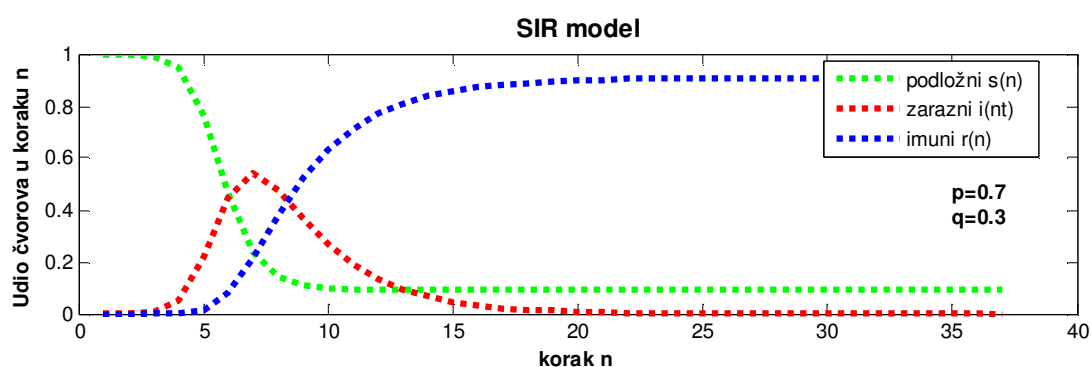
## 5 Rezultati

Gotovo sve simulacije napravljene su na mreži kolaboracije znanstvenika "Condensed matter collaborations 2003" čija smo svojstva ispitali u poglavlju 4.1. Ukoliko imamo simulacije koje su rađene na drugim mrežama (poglavlje 4.2) onda je to jasno naglašeno.

Simulacije su rađene u programskom alatu Matlab pomoću funkcija koje su navedene na kraju rada u dodatku.

### 5.1 SIR model

Najprije ću analizirati osnovni SIR model realiziran nad topologijom mreža (slika 5.1). Cilj je vidjeti osnovna svojstva kako bi ih kasnije usporedili s modelima karantene. U svojim osnovnim svojstvima on se ne razlikuje bitno od klasičnog modela (poglavlje 2.1.1). Općenito, kod svakog će SIR modela udio zaraznih u vremenu imati oblik vala. Struktura mreže određivat će jedino oblik vala, u smislu kada on doseže svoj maksimum, koliko koraka će trajati epidemija ili koliki je udio zaraženih i podložnih na kraju epidemije [10]. Kod svakog SIR modela na kraju epidemije udio zaraznih je nula.



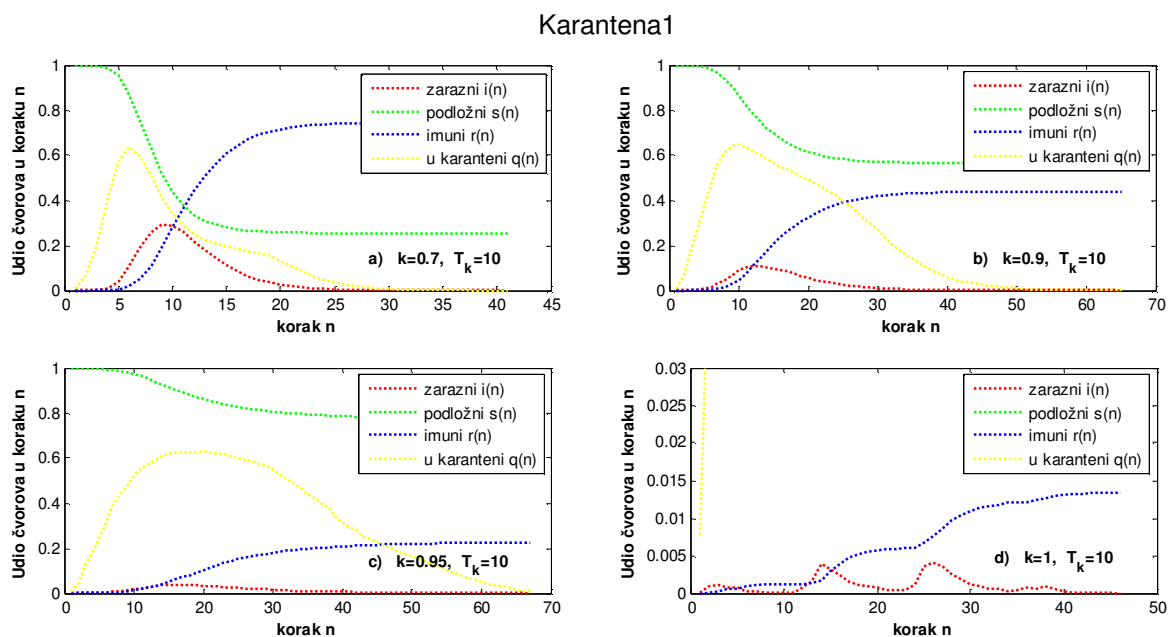
**Slika 5.1** Udio zaraznih, podložnih i imunih čvorova u vremenu za SIR model ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$   $poc=11068$ , stupanj cvora=40)

Slika 5.1 prikazuje samo jedan mogući ishod za SIR model, međutim za ove parametre odstupanja su vrlo mala. Za ovaj rad najzanimljivije su sljedeće vrijednosti na kraju epidemije: maksimalni broj zaraznih u nekom koraku ( $I_{max}$ ) i ukupan broj onih

koji su bili zaraženi ( $R_{inf}$ ).  $R_{inf}$  odgovara ukupnom broju oporavljenih na kraju epidemije. U našem primjeru maksimalni broj zaraznih  $I_{max}$  iznosi 16718 u koraku  $n=7$ . Ukupan broj zaraženih na kraju epidemije je  $R_{inf}=28316$  što je gotovo većina čvorova dominantne komponente. Kod modela karantene i imunizacije cilj je smanjiti ove vrijednosti na što manji mogući iznos.

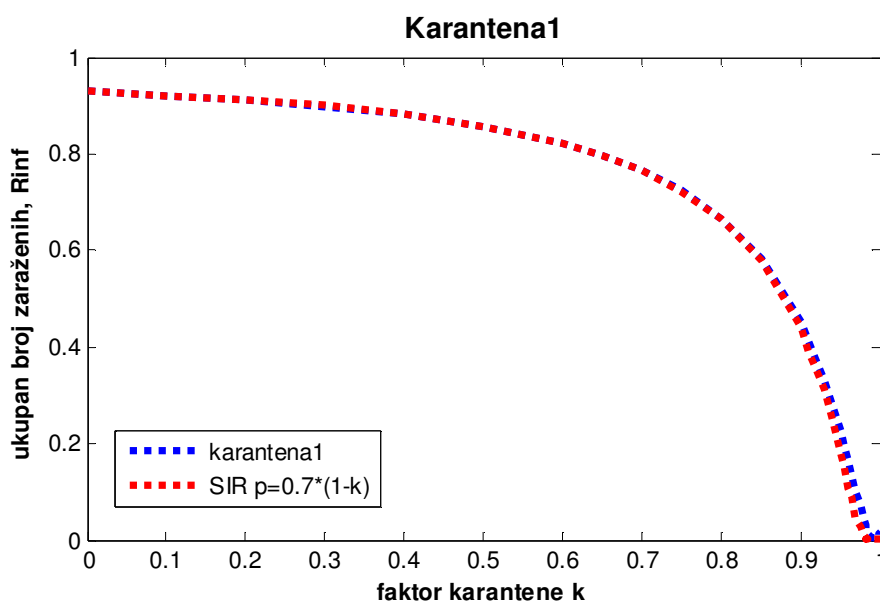
## 5.2 Karantena1

Pogledajmo najprije pojedinačne ishode simulacija modela karantena1 za različite faktore karantene  $k$ . Ostali parametri ostali su jednaki kao kod SIR modela koji je prije promatran. Trajanje karantene je konstantno i iznosi  $T_k=10$ . Na slici 5.2a gdje je faktor karantene  $k=0.7$  rezultati se ne razlikuju značajnije od SIR modela ( $R_{inf}=23223$ ,  $I_{max}=9162$ ). Prihvatljive rezultate dobivamo tek za jako velike faktore karantene kada je  $k=1$  ili jako blizu 1 (slika 5.2d). Tada udio zaraženih na kraju epidemije pada u prosjeku ispod 1%, a vrijednost  $I_{max}$  ne prelazi 0.5%. Općenito, možemo zaključiti da je krivulja zaraznih jedinki sploštenija u odnosu na SIR model što znači da će se vrijednost  $I_{max}$  malo smanjiti i da će dolaziti u kasnijem koraku. Međutim vrijednost  $R_{inf}$ , koja je glavni pokazatelj efikasnosti karantene, postaje prihvatljiva tek za jako velike faktore karantene.



**Slika 5.2** Model karantena1, udio zaraznih, podložnih, imunih i čvorova u karanteni u vremenu, za različite faktore karantene, ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $\rho=11068$ , stupanj čvora=40)

Za faktor karantene  $k=1$  (slika 5.2d) uočavamo da se gubi oblik vala. Budući da je cilj vidjeti valni oblik zaraznih jedinki na slici 5.2d prikazan je udio čvorova do 3%. Zbog toga udio čvorova u karanteni izlazi izvan slike. Pojavljuje se lagana periodičnost valnog oblika, perioda 10 koraka, koja je direktno povezana s trajanjem karantene. Razlog je taj što imamo potpunu karantenu koja traje 10 koraka i ne dopušta izbijanje epidemije dok god zarazni čvor formira karantenu. Ovakvo ponašanje svojstveno je za model karantena2.



**Slika 5.3** Ovisnost ukupnog broja zaraženih na kraju epidemije ( $R_{inf}$ ) o faktoru karantene  $k$ , i usporedba s osnovnim SIR modelom gdje skaliramo stopu zaraze. ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $T_k=10$ ,  $poc=11068$ , stupanj 40, 100 simulacija za svaku točku)

Slika 5.3 prikazuje ovisnost  $R_{inf}$  o faktoru karantene  $k$ . Vrijednost  $R_{inf}$  počinje značajnije opadati tek za faktore karantene  $k > 0.7$ . Kao što je rečeno, epidemiju suzbijamo tek za faktore karantene čija je vrijednost blizu jedan. Napravljena je i usporedba modela karantena1 i SIR modela gdje stopu zaraze  $p$  skaliramo prema sljedećem izrazu:

$$p_k = p(1-k), \quad k \in [0, 1] \quad (5.1)$$

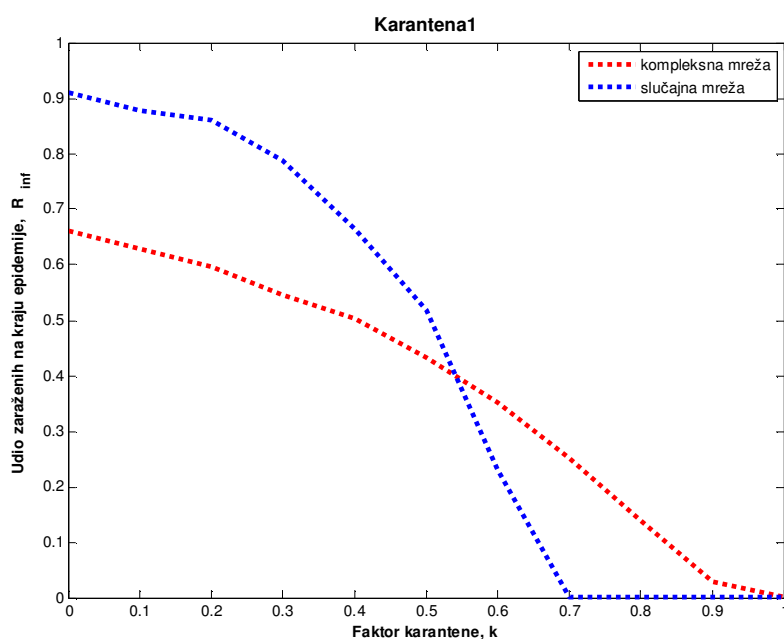
Možemo zaključiti da je model karantena1 istovjetan SIR modelu smanjene infektivnosti, osim malo u repu, što je zanemarivo.

Napravljena je i usporedba modela karantena1 na našoj kompleksnoj mreži i jednoj slučajnoj mreži s jednakim brojem čvorova i jednakim prosječnim stupnjem



čvora (slika 5.4). U odnosu na prijašnje simulacije promijenjeni su početni parametri ( $p=0.3$ ,  $q=0.7$ ) kako bi se što bolje istaknulo željeno ponašanje. Takva slučajna mreža ima 234 022 bridova što je gotovo jednako kao promatrana kompleksna mreža. U oba slučaja uzet je početni čvor jednakog stupnja.

Kod slučajne mreže postoji prag faktora karantene  $k_c$  nakon kojeg se zaraza prestaje širiti. U promatranom je slučaju  $k_c=0.7$ . Kod kompleksnih mreža zaraza se, u određenoj mjeri, širi bez obzira na iznos faktora  $k$ . Za manje faktore karantene kompleksna mreža ima manji broj zaraženih na kraju epidemije od slučajne mreže. Takva pojava je normalna zbog velikog broja čvorova vrlo niskog stupnja, kod kompleksnih mreža, do kojih zaraza teško dopire.

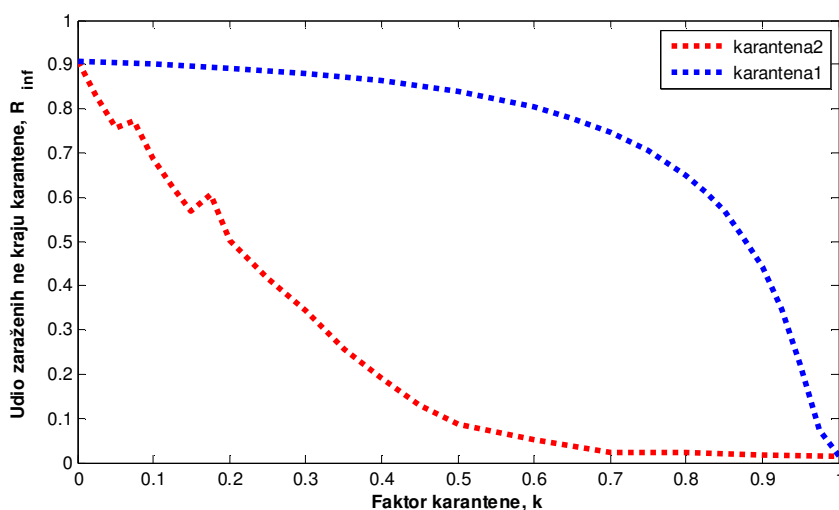


**Slika 5.4** Usporedba modela karantena1 za kompleksnu i slučajnu mrežu ( $p=0.3$ ,  $q=0.7$ ,  $T_k=10$ , stupanj početnog čvora=11, 100 simulacija za svaku točku)

Ovakav rezultat istovjetan je onom o nepostojanju praga epidemije kod SIR modela za kompleksne mreže (poglavlje 2.6). To ponovno pokazuje da se ovakav model karantene ponaša jednako kao i SIR model smanjene efektivnosti. Međutim, sada je jasno da će činjenica o nepostojanju praga epidemije utjecati i na primjenu karantene kod kompleksnih mreža.

### 5.3 Karantena2

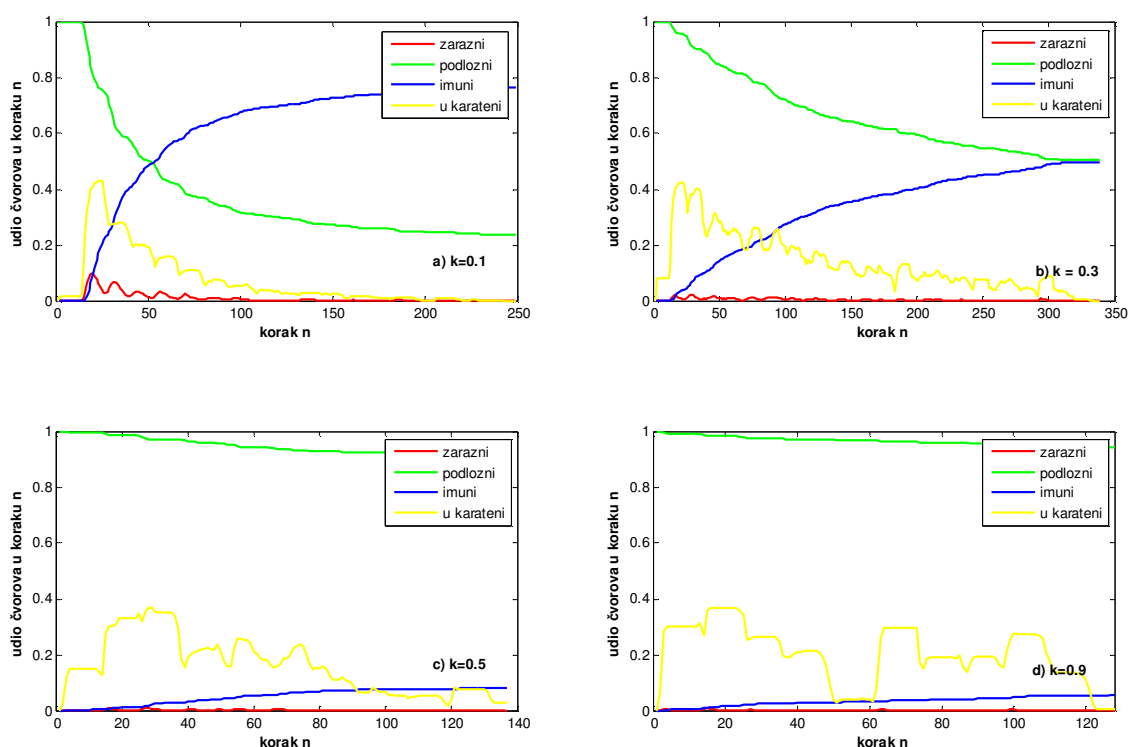
Od najveće je važnosti, kod svih modela karantene, vidjeti kako se mijenja ukupan broj zaraženih na kraju epidemije  $R_{inf}$  u ovisnosti o faktoru karantene  $k$ , budući da taj podatak govori o efikasnosti karantene. Primjetna je znatna razlika u ponašanju modela karantena1 i karantena2 (slika 5.5). Kod karantene2 udio zaraznih brzo pada s faktorom karantene i u našem slučaju već za vrijednosti  $k_{min}=0.6$  pada ispod 5%. Nakon vrijednosti  $k_{min}$  udio zaraženih  $R_{inf}$  ostaje konstantno mali. Za duže trajanje karantene udio zaraznih ( $R_{inf}$ ) još brže opada (poglavlje 5.3.2). Ova dva modela postaju istovjetna za faktore karantene  $k=0$  (nema primjene karantene) i  $k=1$ , što je i teorijski jasno. Konačno, možemo zaključiti da je potpuna karantena formirana s vjerojatnošću  $k$  nad zaraženim čvorovima puno efikasnija od djelomične karantene formirane nad svim zaraženim čvorovima.



**Slika 5.5** Ovisnost ukupnog broja zaraženih na kraju epidemije ( $R_{inf}$ ) o faktoru karantene  $k$ , usporedba modela karantena1 i karantena2 ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $T_k=10$ ,  $poc=11068$ , stupanj 40, 100 simulacija za svaku točku)

Veliku razliku u ponašanju ovih dvaju modela uočavamo i u pojedinačnim ishodima (slika 5.6). U odnosu na karantenu1, već za vrlo male faktore karantene, vidljiva je velika razlika u ponašanju u odnosu na SIR model i model karantena1. Kod modela karantena2 već za  $k=0.1$  gubimo oblik vala budući da potpuna karantena formirana nad pojedinim čvorovima ne dopušta nagli prodor epidemije. Zbog kratkog trajanja karantene epidemija se ipak širi i traje puno dulje nego što je to prije bio slučaj, ali ni u jednom trenutku, niti za jako mali  $k=0.1$ , udio zaraznih  $I_{max}$  ne prelazi 10%. Za dulje trajanje karantene model postaje puno efikasniji (poglavlje 5.3.4)

## Karantena2



**Slika 5.6** Model karantena2, udio zaraznih, podložnih, imuni i čvorova u karateni u vremenu, za različite faktore karantene, ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$  poc=11068, stupanj čvora=40)

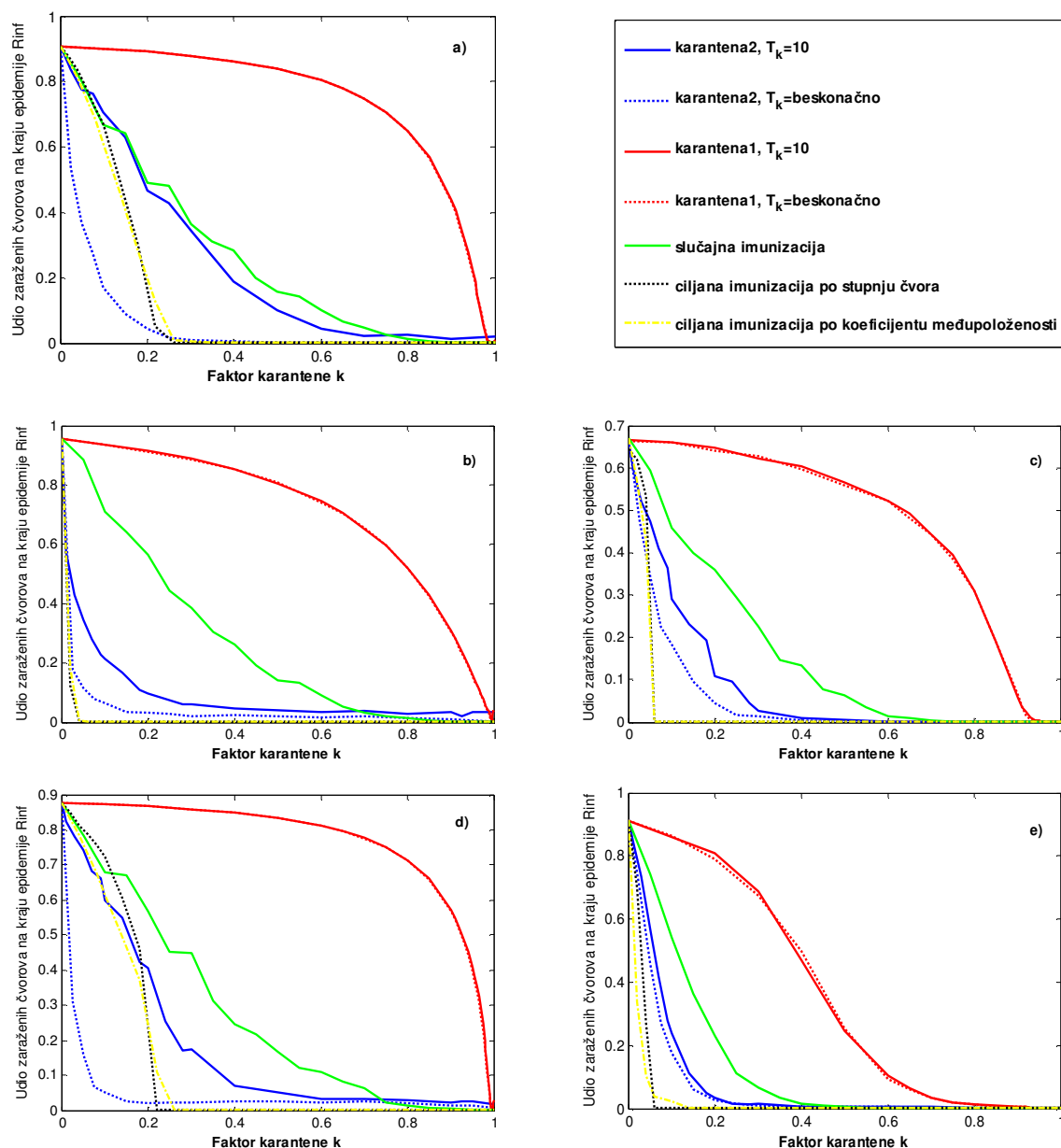
### 5.3.1 Ispitivanje modela na drugim mrežama

U ovom dijelu ispitali smo modele karantene i imunizacije na različitim stvarnim mrežama (slika 5.7). Osnovna svojstva ispitanih mreža navedena su u poglavlju 4.2. Važno je uvjeriti se da svojstva karantene koja su uočena u prethodnim poglavljima nisu rezultat određene specifične strukture naše mreže. Vidljivo je da i na ostalim mrežama vlada karakterističan odnos karantene1 i karantene2 kakav je prikazan na slici 5.5. Kod ostalih mreža primjetan je još i brži pad udjela zaraženih u ovisnosti o faktoru karantene. Ponašanje karantene1 gotovo je neovisno o trajanju karantene što se dalo naslutiti još iz slike 5.3. Suprotno tome, karantena2 gdje je trajanje karantene beskonačno, pokazuje se kao jako efikasna.

U uvodu je rečeno da je slučajna imunizacija kod kompleksnih mreža poprilično neefikasna u odnosu na ciljanu imunizaciju. Naše simulacije to i potvrđuju. Kod svih mreža slučajna imunizacija nalazi se, po efikasnosti, između modela karantena1 i karantena2. Ciljana imunizacija po stupnju čvora i po koeficijentu međupoloženosti podudaraju se gotovo u potpunosti. Slika 4.6 nagovještavala je

## 5 Rezultati

takav rezultat gdje smo vidjeli da čvorovi s najvećim stupnjem imaju i najveći koeficijent međupoloženosti. Kod nekih mreža karantena2 s beskonačnim trajanjem pokazuje kao efikasnija od ciljanje imunizacije. Zanimljiva koincidencija je da se takav slučaj javlja za mreže  $a$  i  $b$  kod kojih je estimiran parametar  $\alpha < 2$  (poglavlje 4.1 i 4.2). Za nas je bitno pokazati da će se modeli karantene jednako ponašati i na ostalim kompleksnim mrežama.



**Slika 5.7** Usporedba više modela karantene i imunizacija za različite mreže ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ , 100 ponavljanja za svaku točku, a) "Condensed matter collaborations 2003",  $n=31163$ ,  $poc=11068$ ,  $stupanj=40$ , b) Internet,  $n=22962$ ,  $poc=74$ ,  $stupanj=40$ , c) „High-energy theory collaborations“,  $n=8361$ ,  $poc=1098$ ,  $stupanj=13$ , d) „Astrophysics collaborations“,  $n=16075$ ,  $poc=219$ ,  $stupanj=40$ , e) „Power grid“,  $n=4940$ ,  $poc=491$ ,  $stupanj=11$ )

### 5.3.2 Parametarski prostor

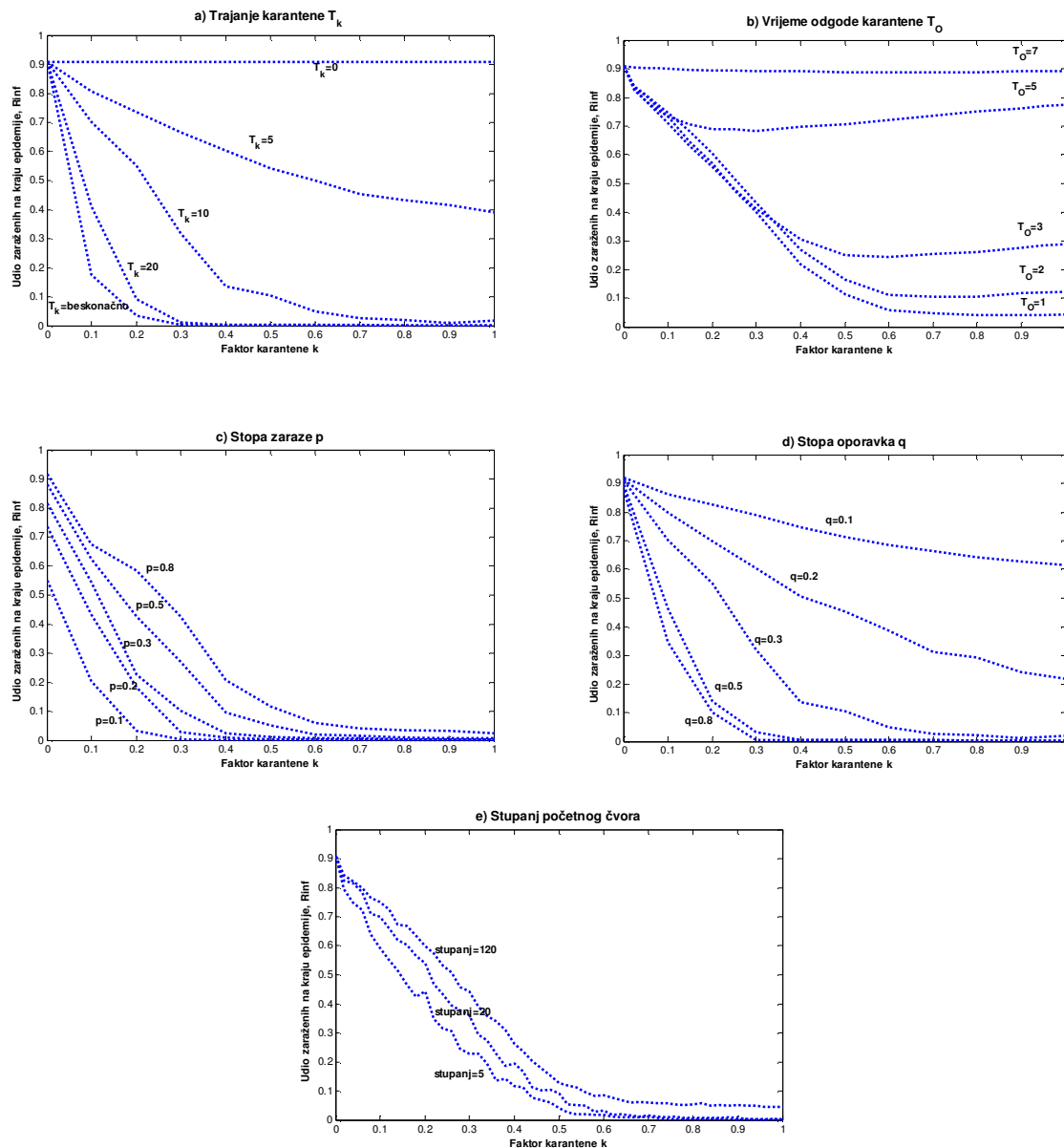
Kod modela karantena2 do sada su korišteni sljedeći parametri:  $p$ ,  $q$ ,  $\rho$ ,  $k$  i  $T_k$ . U ovom ispitivanju uvodi se još jedan vrlo bitan parametar: vrijeme odgode primjene karantene  $T_0$ . Kod ispitivanja parametarskog prostora fiksirani su svi parametri osim jednog i gleda se grafički prikaz ovisnosti udjela zaraženih  $R_{inf}$  o faktoru karantene  $k$  u ovisnosti o slobodnom parametru (slika 5.8). Budući da imamo čak 6 parametara ovakav prikaz bit će najpregledniji.

Model, ovisno o svojim parametrima, pokazuje očekivano ponašanje. Vidljiva je velika ovisnost o trajanju karantene (slika 5.8a). Efikasnost karantene za dane parametre postiže se tek za trajanje karantene  $T_k=20$ . Nakon tog iznosa povećanje trajanje karantene nema veliki utjecaj. Potrebno trajanje karantene, da se postigne zadovoljavajuća efikasnost, ovisi i o drugim parametrima. Općenito, ako imamo veću stopu zaraze i manju stopu opravka bit će potrebno dulje trajanje karantene da bi se postigla zadovoljavajuća efikasnost.

Model pokazuje izrazito veliku osjetljivost na vrijeme kašnjenja primjene karantene  $T_0$ . Za promatranu mrežu srednji najkraći put iznosi oko 5, što znači da je u prosjeku dovoljno pet koraka da se od početnog čvora zarazi bilo koji drugi. Kod SIR modela, bez primjene karantene, udio zaraznih svoj maksimum postiže već u sedmom koraku (slika 5.1). To sve govori da je brza primjena karantene od izuzetne važnosti. Odgoda primjene karantene od samo tri koraka, uz maksimalni faktor karantene, dovodi do 30% ukupnog broja zaraženih na kraju epidemije (slika 5.8b).

Očekivano je i ponašanje u ovisnosti o parametrima  $p$  i  $q$ . Ako se poveća stopa zaraze, uz konstantan  $T_k=10$ , dobiva se sve niža efikasnost (slika 5.8c). Da se održi razina efikasnosti potrebno je produljiti trajanje karantene. Jednako ponašanje postoji i kod parametra  $q$  (slika 5.8d). Ako se smanjuje stopa oporavka, uz sve druge parametre konstantne, smanjuje se i efikasnost karantene. Općenito, što je veći omjer stope zaraze i stope oporavka ( $\lambda = p/q$ ) potrebno je dulje trajanje karantene da se zadrži željena efikasnost.

## 5 Rezultati

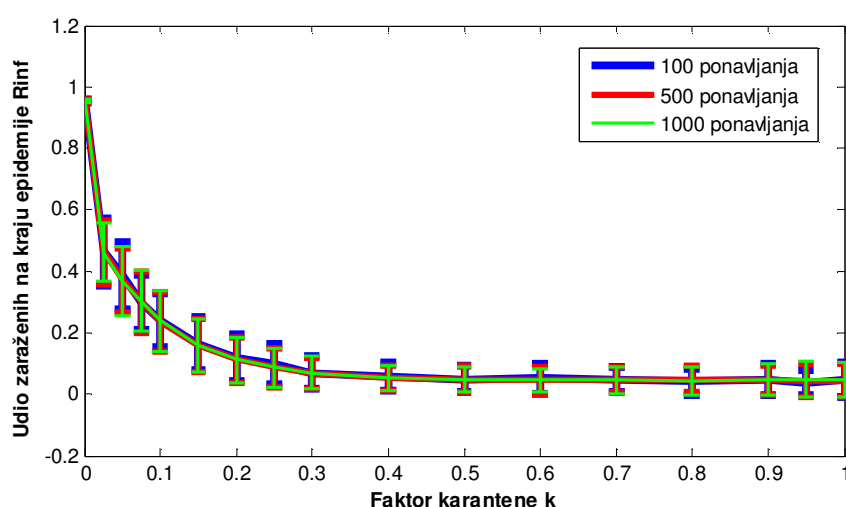


**Slika 5.8** Ispitivanje parametarskog prostora modela karantena2 (ukoliko ne ispitujemo jedan od ovih parametara vrijednosti konstantnih parametara su sljedeće:  $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $T_k=10$ ,  $T_o=0$ , stupanj početnog čvora = 40, 100 ponavljanja za svaku točku)

Model je najmanje osjetljiv na stupanj početnog čvora (slika 5.8e). Objašnjenje leži u činjenici da je većina čvorova jako dobro povezana sa čvorovima visokog stupnja. To znači da su čvorovi visokog stupnja najugroženiji i uglavnom se brzo zaraze, već u prvom ili drugom koraku.

### 5.3.3 Bimodalnost modela

Kod većine simulacija modela karantena2 uočena je značajna fluktuacija rezultata. Slika 5.9 prikazuje grafički prikaz ovisnosti  $R_{inf}$  o faktoru  $k$  sa standardnom devijacijom za svaku točku. Za svaku točku napravljeno je 100, 500 i 1000 ponavljanja. Standardna devijacija konvergira prema jednoj konačnoj vrijednosti, ali je rasipanje rezultata relativno veliko. Najveće rasipanje podataka vidljivo je za parametar karantene  $0 < k < 0.3$ . Za  $k = 0$  karantena2 prelazi u običan SIR model i rasipanje rezultata je minimalno (slika 5.10d).

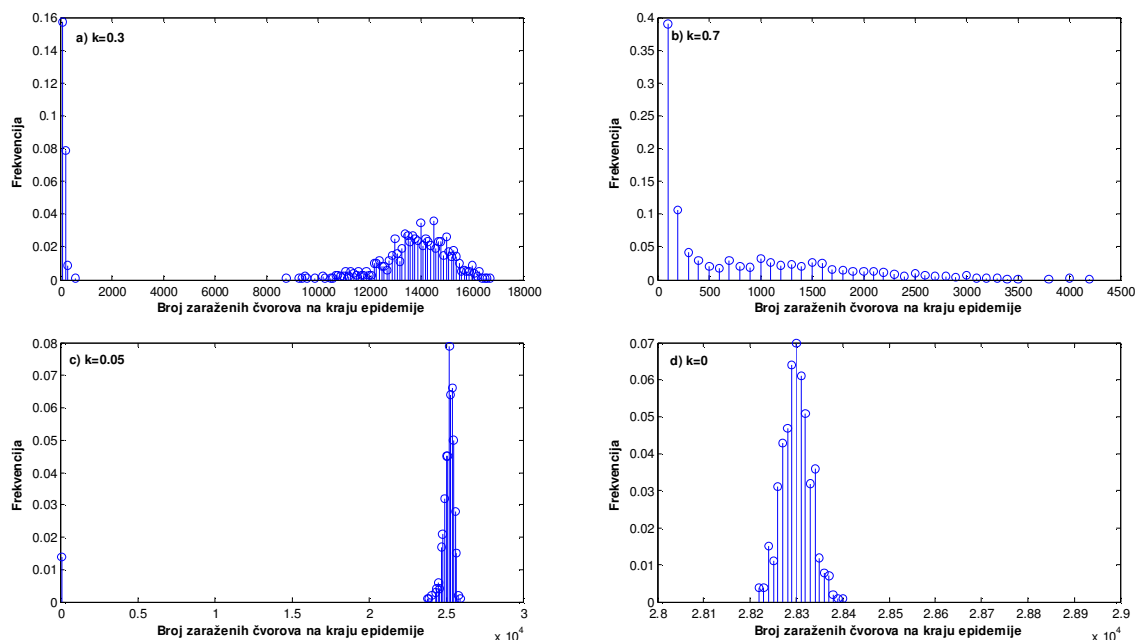


**Slika 5.9** Standardna devijacija kod modela karantena2 ( $p=0,7$ ,  $q=0,3$ ,  $T_k=10$ ,  $poc=11068$ ,  $stupanj=40$ )

Za promatranu mrežu SIR model, bez primjene karantene, pokazuje bimodalno ponašanje ovisno o parametrima  $p$  i  $q$  [18]. Općenito postoje dva moguća ishoda epidemije. Zaraza se može proširiti lokalno samo na par susjeda ili globalno po cijeloj mreži. Za neke parametre  $p$  i  $q$  moguća su oba ishoda epidemije tj. bimodalno ponašanje.

Kod modela karantena2 bimodalnost ovisi i o faktoru karantene  $k$  (slika 5.10). Ispitali smo bimodalnost modela karantena2 u ovisnosti o faktoru  $k$ , dok su ostali parametri konstantni ( $p=0,7$ ,  $q=0,3$ ,  $T_k=10$ ). Za faktor karantene  $k = 0,3$  (slika 5.10a) zaraza će se proširiti lokalno u 24,7% slučajeva, a globalno u 75,3% slučajeva. Povećavajući faktor karantene, već za  $k = 0,7$ , gubi se bimodalnost i zaraza se širi samo lokalno (slika 5.10b). Daljnjim povećavanjem faktora  $k$  smanjit će se rasipanje rezultata. Kod smanjivanja faktora karantene bimodalnost se gubi jedino ako je  $k = 0$ , tj. ako se karantena ne primjenjuje. Tada se zaraza uvijek širi globalno. Međutim, dok

god postoji i najmanja konačna vrijednost faktora karantene postoji i vjerojatnost da se zaraza proširi samo lokalno (slika 5.10c).

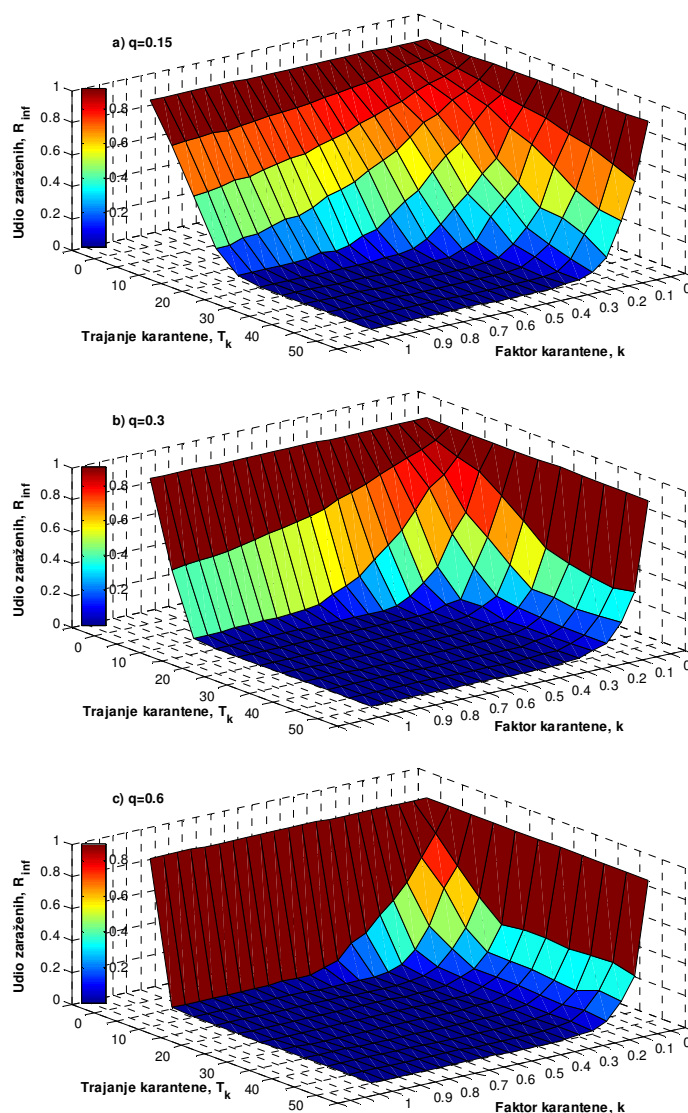


**Slika 5.10** Frekvencija pojavljivanja određenog broja zaraženih na kraju epidemije za različite faktore karantene ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $T_k=10$ ,  $poc=11068$ , broj ponavljanja=1000)

### 5.3.4 Cijena karantene

Kada se govori o karanteni neizbježno je pitanje cijene, gdje se na određeno vrijeme izolira veliki broj zdravog i radno sposobnog stanovništva. Naime, vrlo je važno spriječiti širenje epidemije, a da se pritom što manji broj ljudi stavi u karantenu i da oni u karanteni budu što je moguće kraće. Od velikog interesa je naći model koji će efikasno spriječiti širenje epidemije uz što manju cijenu. Pogledajmo najprije za koje je parametre karantena najefikasnija (slika 5.11). U svima slučajevima najmanji udio zaraženih na kraju epidemije dobiva se za  $T_k=50$  i  $k=1$ . Međutim, za neke druge parametre, vrijednost  $R_{inf}$  se tek neznatno razlikuje od minimalne vrijednosti. Tako npr. za karantenu ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $k=1$ , slika 5.11b) imamo slučaj da za trajanje karantene od 15 koraka vrijednost  $R_{inf}$  iznosi 0.018%, dok za trajanje karantene od 50 koraka  $R_{inf}$  iznosi 0.013%. To je stvarno mala razlika, i može pretpostaviti da je isplativije primijeniti karantenu od 15 dana.





**Slika 5.11** Udio zaraženih  $R_{inf}$  u ovisnosti parametrima  $T_k$  i  $k$  ( $\rho=0.7$ ,  $poc=11068$ , 100 ponavljanja za svaku točku)

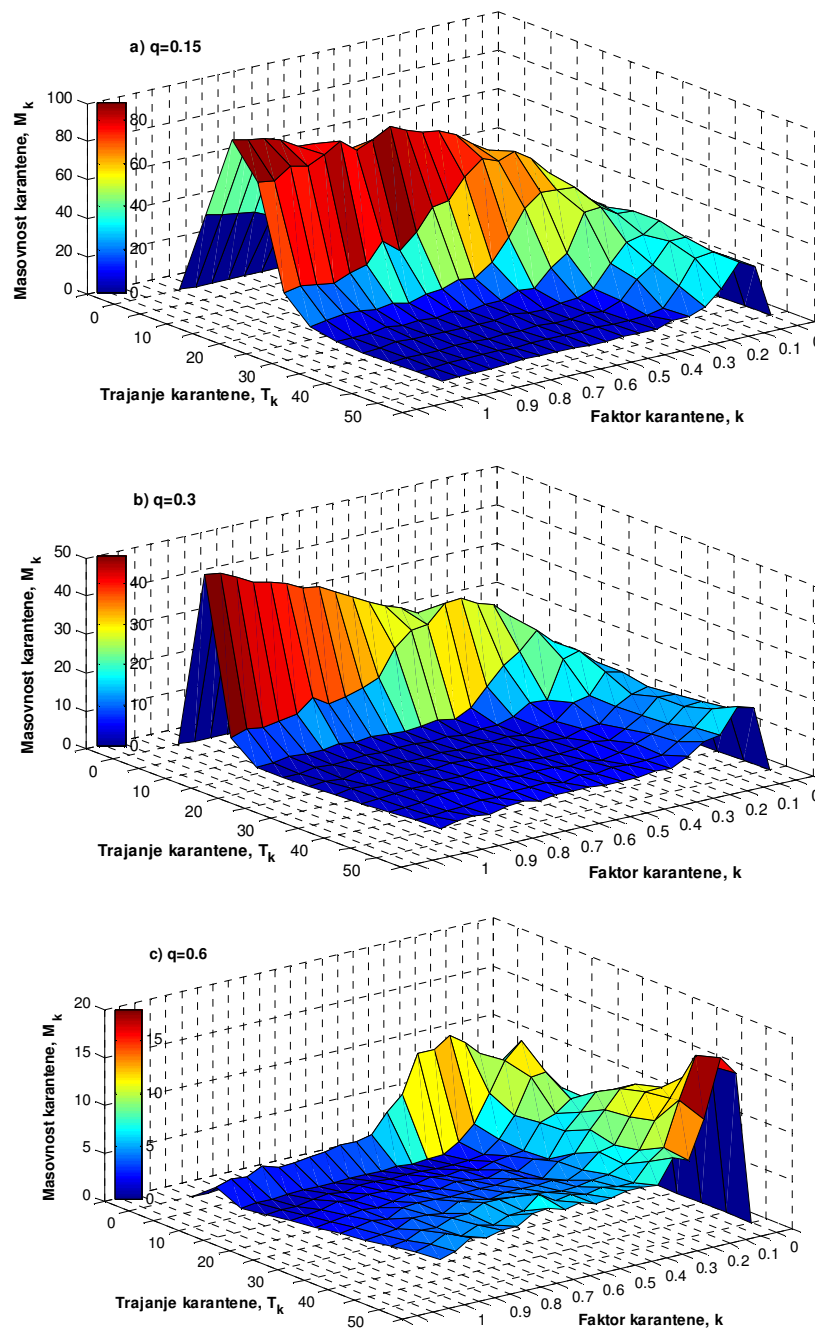
Prije definiranja cijene karantene, uvest ćemo još jednu vrijednost koju ćemo nazvati masovnost karantene, i označit ćemo je s  $M_k$ :

$$M_k = \left( \sum_i^N T_{k_i} \right) / N, \quad (5.2)$$

gdje je  $N$  ukupan broj čvorova u mreži.  $T_{k_i}$  je ukupan broj koraka koji je čvor  $i$  proveo u karanteni. Masovnost karantene govori koliko su ukupno koraka svi čvorovi zajedno bili u karanteni. Minimalna masovnost u ovisnosti o faktoru karantene i trajanju karantene postiže se za faktor karantene  $k=1$  (slika 5.12). Kod trajanja karantene postoji minimalna vrijednost za koju je masovnost najmanja. Razlog je taj što za veće faktore karantene i dulje trajanje, karantena postaje efikasnija, epidemija se brzo prestaje širiti i novi čvorovi prestaju ulaziti u karantenu. Epidemija se naime suzbija

## 5 Rezultati

već za određeno minimalno trajanje karantene i faktor karantene  $k=1$  i tu je masovnost minimalna. Povećavajući trajanje karantene iznad te vrijednosti čvorovi se bespotrebno drže u karanteni i masovnost raste. Primjećuje se i ovisnost o stopi oporavka  $q$ . Stopa oporavka utječe na vrijeme karantene za koje se dobiva najmanja masovnost. Za  $q=0.15$  potrebno trajanje karantene iznosi  $T_k=35$ , dok za  $q=0.3$  i  $q=0.6$  to vrijeme iznosi 15, odnosno 10 koraka. Za manju stopu oporavka  $q$  potrebno je dulje trajanje karantene, uz  $k=1$ , da se dobije minimalna masovnost.

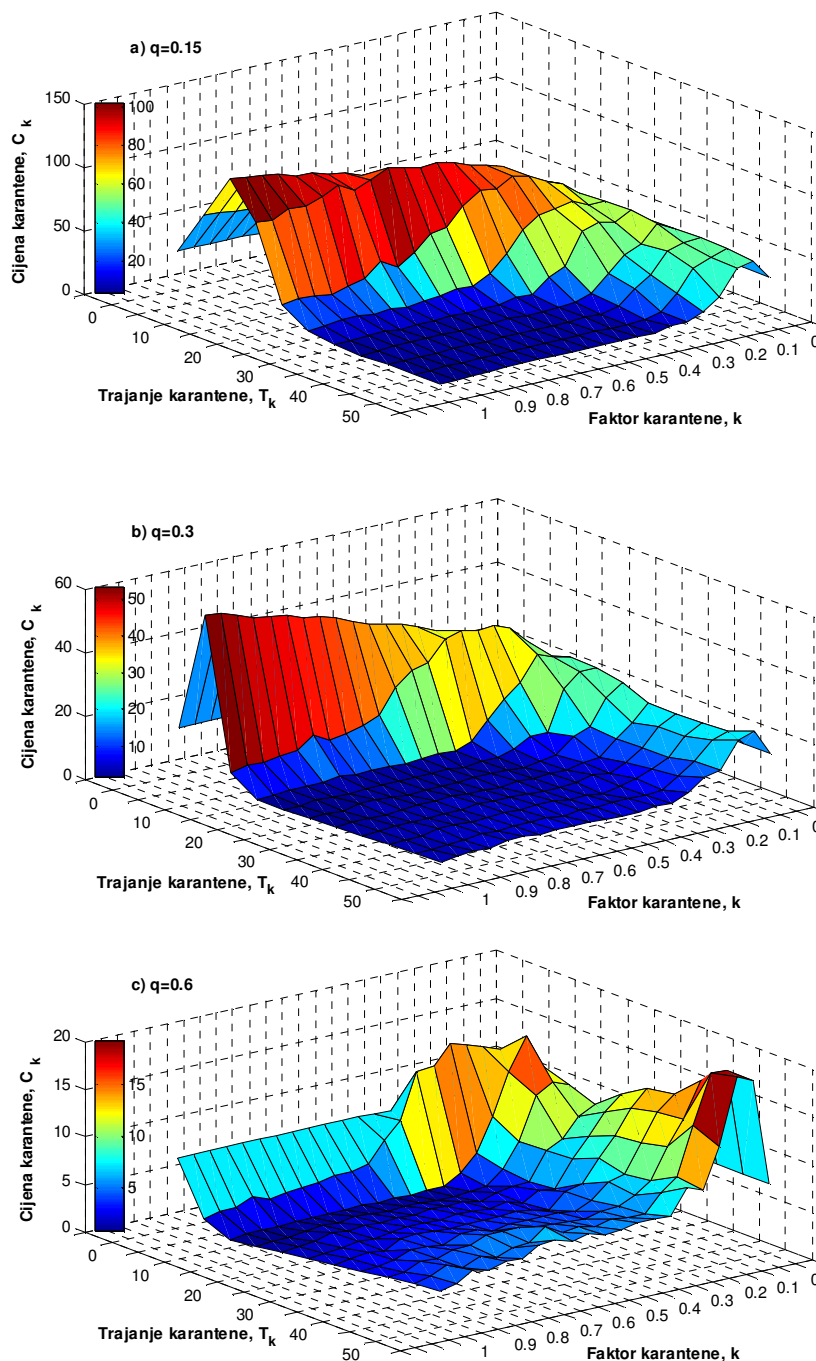


Slika 5.12 Ovisnost masovnosti karantene o parametrima  $T_k$  i  $k$  ( $p=0.7$ ,  $poc=11068$ , 100 ponavljanja za svaku točku)

## 5 Rezultati

Za parametre  $k=0$  i  $T_k=0$  masovnost je nula jer nema primjena karantene.

Kod definiranja cijene karantene, osim broja ljudi koji se stavljaju u karantenu, još je važnije da dolazi do što manjeg broja zaraženih, jer su zaraženi čvorovi skuplji od onih u karanteni.



**Slika 5.13** Ovisnost cijene karantene o parametrima  $T_k$  i  $k$  ( $p=0.7$ ,  $poc=11068$ ,  $t=5$ , 100 ponavljanja za svaku točku)

Cijenu karantene  $C_k$  definiramo onda na sljedeći način:

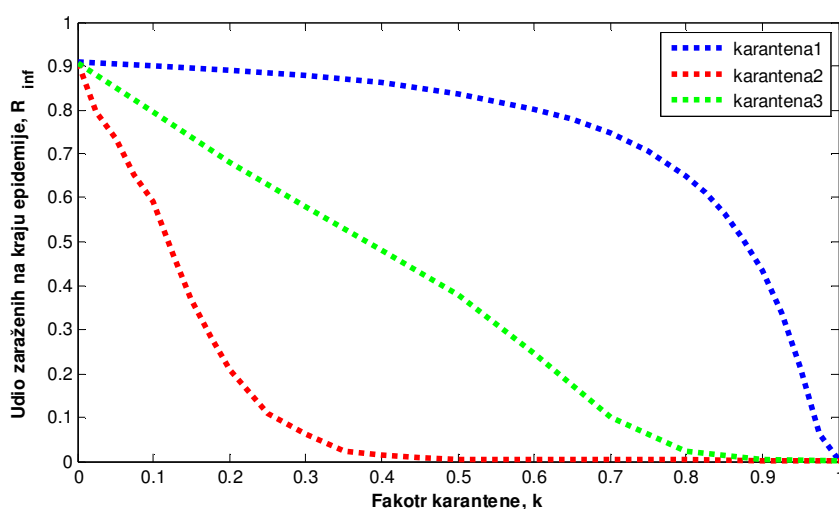
$$C_k = M_k + t(1/q)R_{\text{inf}} \quad (5.3)$$

Parametar  $t$  je težinski faktor kojim se vrednuje koliko je zaraženi čvor skuplji od čvora u karanteni, dok izraz  $(1/q)$  označava prosječno vrijeme zaraznosti. Mi smo uzeli da je  $t = 5$ . Taj iznos je odabran potpuno proizvoljno jer je u ovom trenutku jedini cilj bio ispitati utjecaj faktora  $T_k$  i  $k$  na cijenu karantene. Jasno je da će se faktor  $t$  određivati prema vrsti bolesti koja se modelira i epidemiološkim podacima.

Pogledajmo za koje se vrijednosti parametara  $T_k$  i  $k$  postiže najniža cijena karantene za pojedine slučajeve prikazane na slici 5.13. U sva tri slučaja najniža cijena se dobiva za faktor karantene  $k=1$ . Kao i kod masovnosti stopa oporavka utjecat će na trajanje karantene za koje se postiže minimalna cijena. Za  $q=0.15$  potrebno trajanje karantene iznosi  $T_k=35$ , dok za  $q=0.3$  i  $q=0.6$  to vrijeme iznosi 20, odnosno 15 koraka. Ova vremena minimalno se razlikuju od onih koja smo dobili za minimalnu masovnost budući da ju u tom području parametara  $k$  i  $T_k$  vrijednost  $R_{\text{inf}}$  gotovo konstantna. Zaključak je jednak kao i kod masovnosti. Niža stopa oporavka  $q$  zahtijevat će dulje vrijeme karantene da bi se postigla minimalna cijena.

### 5.4 Karantena3

Kod objašnjenja samog modela rekli smo da je ideja vidjeti kako će se ponašati model karantena2 koji „propušta“.



**Slika 5.14** Karantena1, karantena2, karantena3, ovisnost  $R_{\text{inf}}$  o faktoru karantene ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $T_k=15$ ,  $poc=11068$ , 100 ponavljanja za svaku točku)

Za ove parametre ( $p=0.7$ ,  $q=0.3$ ,  $T_k=15$ ) model je neosjetljiv na propuštanje dok god drugi susjedi ulaze u karantenu s vjerojatnošću s otprilike  $k>0.8$  (slika 5.14). Ispod te vrijednosti efikasnost karantene2 linearno se smanjuje.

### 6 Razmatranje rezultata

Najvažniji i najzanimljiviji rezultat koji je obilježio ovo istraživanje svakako je komparacija modela karantena1 i karantena2. Pokazali smo da je kod primjene karantene najvažnije realizirati potpunu karantenu nad zaraženim čvorom i potpuno onemogućiti da se zaraza širi izvan karantene. Zbog strukture kompleksnih mreža i najmanja vjerojatnost prijenosa zaraze može dovesti do širenja zaraze i zato model karantena1 nije bio efikasan.

Drugi važan rezultat svakako je postojanje optimalnog minimalnog trajanja karantene  $T_k$ , s obzirom na cijenu, za koji sprječavamo širenje epidemije. Takav rezultat jako je važan u stvarnim primjenama karantene kada izoliramo stvarne osobe.

S obzirom na svojstva kompleksnih mreža i ispitivanja običnog SIR modela, očekivano je da će se pojaviti bimodalnost modela karantena2 koja ovisi faktoru karantene  $k$ . Ono što je bitno, je da bimodalnost nestaje za dovoljno veliki faktor karantene  $k$  i da se u tom slučaju zaraza širi samo lokalno na par susjeda.

Kod modela karantena2 uočeno je da imamo vrlo visok udio čvorova u karanteni u nekom trenutku (slika 5.6). Postoji realna sumnja da ovakav model nije održiv. Ideja je definirati varijablu  $C(n) = aI(n) + bQ(n) + cQ_2(n)$ , gdje  $I(n)$  označava broj zaraznih u koraku  $n$ ,  $Q(n)$  čvorove u karanteni, a  $Q_2(n)$  čvorove koji održavaju karantenu. Parametri  $a$ ,  $b$ , i  $c$  daju relativne cijene pripadnih grupa čvorova. Moguće je i skalirati varijable  $a$  i  $b$  prema varijabli  $c$  i tako dobiti relativne cijene zaraženih čvorova i čvorova u karanteni u odnosu na cijenu čvorova koji održavaju karantenu. Propitujući varijablu  $C(n)$  uočili bi eventualna preopterećenja sustava.

Ostali rezultati kod ispitivanja parametarskog prostora su očekivani. Bez obzira na to, ispitivanje parametarskog prostora bitno je da bi se što bolje upoznao model i uočile eventualne nepravilnosti.

#### 6.1 Daljnji razvoj

Mi smo u ovom radu tek načeli modeliranje karantene nad topologijom mreža. Daljnji rad na ovom području je neophodan, a mogućnosti su nebrojene i od velike je važnosti nastaviti istraživanje u pravom smjeru. Navest ću samo neke stvari koje u

ovom trenutku vidim kao najvažnije za daljnji napredak. Prije svega, potrebno je što bolje shvatiti mehanizme koji su odgovorni za ponašanje našeg modela karantene na način da se ispita utjecaj svih mrežnih svojstava.

Činjenica je da naš model samo simulira karantenu nad osnovnim SIR modelom. U stvarnoj primjeni karantena je usko vezana za SEIR model. Osnovne karakteristike i razumijevanje dinamike zaraze našeg modela trebale bi nam dati smjernice u realizaciji modela karantene nad SEIR modelom.

### 7 Zaključak

Ispitivanje modela karantene nad kompleksnim mrežama važno je iz dva razloga. Prvi razlog je ograničenje klasičnog modela karantene, a drugi je činjenica da većina društvenih mreža pokazuje strukturu kompleksnih mreža.

Mi smo definirali tri modela karantene realizirana na osnovnom SIR modelu kojima smo simulirali uvjete širenja zaraze kakvi vladaju kod realne karantene primijenjene kod nešto kompliciranijeg SEIR modela. Ovakvim načinom željeli smo ispitati dinamiku širenja zaraze i započeti istraživanje na jednostavnijem modelu u uvjetima koji su slični onima kod realne karantene.

Sva tri modela ispitali smo na jednoj realnoj kompleksnoj mreži. Efikasnost modela uspoređena je i s modelima imunizacije.

Od sva tri modela karantene, model karantena2, gdje svaki zaraženi čvor formira potpunu karantenu s vjerojatnošću  $k$ , pokazao se kao najefikasniji. Iz tog razloga ovom modelu posvećena je najveća pažnja. Ispitali smo parametarski prostor i definirali cijenu takvog modela.

Proučavanje ovakvog modela, u kojem imamo veliki broj parametara i mrežnih svojstava koja utječu na ponašanje modela, mora se provoditi polako i sustavno. U tom smislu naše istraživanje još je na samom početku. Bez obzira na to, dobiveni rezultati daju nam dobru podlogu i smjernice u daljnjem radu.

Ivan Miloš



## 8 Literatura

- [1] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, Contributions to the mathematical theory of epidemics, part 1, *Proc. Roy. Soc. London Ser. A*, 115 (1927), 700–721.
- [2] W. H. Hamer, Epidemic disease in England, *Lancet*, 1 (1906), 733–739
- [3] Hethcote H.W. The mathematics of infectious diseases, *SIAM Review* 42 (2000) 599-653.
- [4] Xiefei Yan, Yun Zou, Jianliang Li. Optimal quarantine and isolation strategies in epidemics control. *World Journal of Modeling and Simulation*, 2007, 3: 202-211.
- [5] Day T, Park A, Madras N, Gumel A, Wu J. When is Quarantine a Useful control Strategy for Emerging Infectious Diseases? *American Journal of Epidemiology* 2005, 163(5): 479-485.
- [6] M. E. J. Newman. The structure and function of complex networks. *SIAM Review* 45, 167-256 (2003)
- [7] Barabasi Albert-Laszlo, Albert Reka, Jeong Hawoong. Error and attack tolerance of complex networks. *Nature*, 2000, 406, 378-381.
- [8] D. J. Watts and S. H. Strogatz: Collective dynamics of small-world networks, *Nature* 393, 440-442, 1998.
- [9] Complex Networks, 03.07.2008.,  
[http://en.wikipedia.org/wiki/Complex\\_network](http://en.wikipedia.org/wiki/Complex_network), 20.5.2008.
- [10] Matt J. Keeling and Ken T. Eames. Networks and epidemic models. *J. R. Soc. Interface* (2005) 2, 295-307.
- [11] Ivan Miloš. Seminar, Klasično modeliranje epidemija. Fakultet elektrotehnike i računarstva, Zagreb, ožujak 2008
- [12] Moreno Y. Pastor-Satorras R. and Vespignani A. Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks, *Eur. Phys. J. B* 26, 521–529 (2002).
- [13] Pastor-Satorras R. and Vespignani A. Immunization of complex networks, *Phys. Rev. E* 65, 036104 (2002).
- [14] M. E. J. Newman, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98, 404-409 (2001).
- [15] Network Data, 13.1.2008., Newman,  
<http://wwwpersonal.umich.edu/~mejn/netdata/>, 15.2.2008.
- [16] GML: A portable Graph File Format, Michael Himsolt,  
<http://www.infosun.fim.unipassau.de/Graphlet/GML/gml-tr.html>, 17.4.2008.

- [17] Michel L. Goldstein, Steven A. Morris, and Gary G. Yen. Problems with Fitting to the Power-Law Distribution. arXiv: cond-mat/0402322 (2004)
- [18] Antulov-Fantulin, Nino, Završni rad br. 243. Utjecaj širenja zaraze na svojstva kompleksne mreže, Fakultet elektrotehnike i računarstva, (2008).

## 9 Dodatak

Matlab funkcije koje su korištene prilikom simulacija s pripadnim ulaznim i izlaznim varijablama:

### SIR model

```
function [epidemic]=SIRmodel(A, initiallyInfectiveArray, p, q)
```

ulazni parametri:

A - matrica susjedstva mreže

initiallyInfectiveArray - vektor inicijalno zaraženih čvorova

p - stopa zaraze

q - stopa oporavka

izlazne vrijednosti:

epidemic - matrica epidemije

1. red - broj podložnih za svaki korak epidemije

2. red - broj zaraznih za svaki korak epidemije

3. red - broj imunih za svaki korak epidemije

### Model karantena1

```
function [epidemic]=quarantine1(A, initiallyInfectiveArray, p, q, k, quarantineTime)
```

### Model karantena2

```
function [epidemic]=quarantine2(A, initiallyInfectiveArray, p, q, k, quarantineTime)
```

### Model karantena3

```
function [epidemic]=quarantine3(A, initiallyInfectiveArray, p, q, k, quarantineTime)
```

ulazni parametri:

k - faktor karantene

quarantineTime - trajanje karantene

izlazne vrijednosti:

epidemic - matrica epidemije

1. red - broj podložnih za svaki korak epidemije

2. red - broj zaraznih za svaki korak epidemije

3. red - broj imunih za svaki korak epidemije

4. red - broj čvorova u karanteni za svaki korak epidemije

Opći model karantena2 (za razliku od prve funkcije vraća još i masovnost karantene, i uzima u obzir odgodu karantene)

```
function [epidemic, mass]=quarantine2general(A, initiallyInfectiveArray, p, q, k, quarantineTime, delayTime)
```

ulazni parametri:

delayTime - broj koraka odgode karantene

izlazne vrijednosti:

mass - masovnost karantene

### Ispitivanje udjela zaraženih u ovisnosti o faktoru k

Ulazni parametri:

kArray - vektor s faktorima k za koje ispituje

nSimulation - broj simulacija za svaki k

Izlazne vrijednosti:

infectedVsk - matrica s 2 reda

1. red - vrijednosti parametra k

2. red - udio zaraženih na kraju epidemije za pripadni k

#### Karantena1

```
function[infectedVsk]=quarantine1RinfVsK(A, initiallyInfectiveArray, p, q,  
kArray, quarantineTime, nSimulation)
```

#### Karantena2

```
function[infectedVsk]=quarantine2RinfVsK(A, initiallyInfectiveArray, p, q,  
kArray, quarantineTime, nSimulation)
```

#### Karantena3

```
function[infectedVsk]=quarantine3RinfVsK(A, initiallyInfectiveArray, p, q,  
kArray, quarantineTime, nSimulation)
```

### Imunizacija

#### Slučajna imunizacija

```
function[infectedVsk]=randomImmunization(A, initiallyInfectiveArray, p, q,  
kArray, nSimulation)
```

#### Ciljana imunizacija po stupnju čvora

```
function[infectedVsk]=targetedImmunization(A, bcArray,  
initiallyInfectiveArray, p, q, kArray, nSimulation)
```

#### Ciljana imunizacija po koeficijentu međupoloženosti

```
function[infectedVsk]=bcTargetedImmunization(A, bcArray,  
initiallyInfectiveArray, p, q, kArray, nSimulation)
```

Ulazni parametri:

bc - vektor sa koeficijentima međupoloženosti za svaki čvor

Sve funkcije imunizacije kroiste funkciju SIRmodel.