

Modelowanie i analiza sieci złożonych

XI. Modele agentowe

Grzegorz Siudem

Politechnika Warszawska



Politechnika
Warszawska

Unia Europejska
Europejski Fundusz Społeczny



Zadanie 10 pn.

„Przygotowanie i uruchomienie nowego kierunku studiów na studiach II stopnia
- Inżynieria i Analiza Danych (IAD)”

realizowane jest w ramach projektu
„NERW PW. Nauka – Edukacja – Rozwój – Współpraca”
współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej
w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego

Wykład

Model SIR (Kermack, McKendrick, 1932)

- Zakładamy stałą licznosc populacji w czasie.

Model SIR (Kermack, McKendrick, 1932)

- Zakładamy stałą licznosc populacji w czasie.
- Każdy osobnik jest w jednym z trzech stanów:

Model SIR (Kermack, McKendrick, 1932)

- Zakładamy stałą licznosc populacji w czasie.
- Każdy osobnik jest w jednym z trzech stanów:
 - S – podatnym (ang. *susceptible*),
 - I – zarażonym (ang. *infected*),
 - R – odpornym (ang. *recovered/removed*).

Model SIR (Kermack, McKendrick, 1932)

- Zakładamy stałą licznosc populacji w czasie.
- Każdy osobnik jest w jednym z trzech stanów:
 - S – podatnym (ang. *susceptible*),
 - I – zarażonym (ang. *infected*),
 - R – odpornym (ang. *recovered/removed*).
- Dopuszczamy tylko następujące przejścia pomiędzy stanami:
 $S \rightarrow I \rightarrow R$.

Model SIR (Kermack, McKendrick, 1932)

- Zakładamy stałą licznosc populacji w czasie.
- Każdy osobnik jest w jednym z trzech stanów:
 - S – podatnym (ang. *susceptible*),
 - I – zarażonym (ang. *infected*),
 - R – odpornym (ang. *recovered/removed*).
- Dopuszczamy tylko następujące przejścia pomiędzy stanami:
 $S \rightarrow I \rightarrow R$.
- Klasycznie zakładamy, że wszyscy się ze sobą kontaktują, a wówczas zmienne opisuje układ, w którym $\beta, \gamma > 0$

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

- Model *SIRS* (np. wirusy komputerowe)

$$S \rightarrow I \rightarrow R \rightarrow S.$$

- Model *SIRS* (np. wirusy komputerowe)

$$S \rightarrow I \rightarrow R \rightarrow S.$$

- Model *SEIR* (np. różyczka, choroby przenoszone drogą płciową)

$$S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R.$$

- Model *SIRS* (np. wirusy komputerowe)

$$S \rightarrow I \rightarrow R \rightarrow S.$$

- Model *SEIR* (np. różyczka, choroby przenoszone drogą płciową)

$$S \rightarrow E \rightarrow I \rightarrow R.$$

- Model *SIS*

$$S \rightarrow I \rightarrow S.$$

Model SIS na grafach: oznaczenia

- $I(t)$ liczba zainfekowanych węzłów,

Model SIS na grafach: oznaczenia

- $I(t)$ liczba zainfekowanych węzłów,
- $S(t)$ liczba węzłów podatnych, przy czym

$$S(t) + I(t) = N.$$

Model SIS na grafach: oznaczenia

- $I(t)$ liczba zainfekowanych węzłów,
- $S(t)$ liczba węzłów podatnych, przy czym

$$S(t) + I(t) = N.$$

- β prawdopodobieństwo, że w pojedynczym kroku czasowym zdrowy osobnik zarazi się od chorego sąsiada.

Model SIS na grafach: oznaczenia

- $I(t)$ liczba zainfekowanych węzłów,
- $S(t)$ liczba węzłów podatnych, przy czym

$$S(t) + I(t) = N.$$

- β prawdopodobieństwo, że w pojedynczym kroku czasowym zdrowy osobnik zarazi się od chorego sąsiada.
- γ prawdopodobieństwo, że w pojedynczym kroku czasowym chory osobnik powróci do zdrowia.

Model SIS na grafach: oznaczenia

- $I(t)$ liczba zainfekowanych węzłów,
- $S(t)$ liczba węzłów podatnych, przy czym

$$S(t) + I(t) = N.$$

- β prawdopodobieństwo, że w pojedynczym kroku czasowym zdrowy osobnik zarazi się od chorego sąsiada.
- γ prawdopodobieństwo, że w pojedynczym kroku czasowym chory osobnik powróci do zdrowia.
- Model można w ujęciu średniopoloowym opisać równaniem (dlaczego?)

$$\frac{dI(t)}{dt} = \left[\beta \left(\langle k \rangle \frac{I(t)}{N} \right) \right] S(t) - \gamma I(t).$$

Zamieńmy zmienne

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

gdzie $i(t) = I(t)/N$ oraz $s(t) = S(t)/N$

Zamieńmy zmienne

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

gdzie $i(t) = I(t)/N$ oraz $s(t) = S(t)/N$

Zadajemy teraz dwa pytania:

- Przy jakich warunkach wybuchu epidemia?
- Co dzieje się z liczbą chorych w granicy długich czasów?

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

Przy jakich warunkach wybuchu epidemia?

- Obliczamy $di(t)/dt|_{t=0}$. (tablica)

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

Przy jakich warunkach wybucha epidemia?

- Obliczamy $di(t)/dt|_{t=0}$. (tablica)
- Otrzymany próg wybchu epidemii

$$\lambda_c = \frac{1}{\langle k \rangle s(0)},$$

należy porównywać z parametrami modelu

$$\lambda = \frac{\beta}{\gamma}.$$

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

Przy jakich warunkach wybucha epidemia?

- Obliczamy $di(t)/dt|_{t=0}$. (tablica)
- Otrzymany próg wybchu epidemii

$$\lambda_c = \frac{1}{\langle k \rangle s(0)},$$

należy porównywać z parametrami modelu

$$\lambda = \frac{\beta}{\gamma}.$$

Wnioski?

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

Co dzieje się z liczbą chorych w granicy długich czasów?

- Poszukujemy stabilnych rozwiązań (tablica)

$$\left. \frac{di(t)}{dt} \right|_{t \rightarrow \infty} = 0.$$

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

Co dzieje się z liczbą chorych w granicy długich czasów?

- Poszukujemy stabilnych rozwiązań (tablica)

$$\frac{di(t)}{dt} \Big|_{t \rightarrow \infty} = 0.$$

- Mamy dwa rozwiązania

$$i_{\infty} = 0, \quad i_{\infty} = 1 - \frac{\gamma}{\beta \langle k \rangle}.$$

$$\frac{di(t)}{dt} = i(t) [\beta \langle k \rangle s(t) - \gamma],$$

Co dzieje się z liczbą chorych w granicy długich czasów?

- Poszukujemy stabilnych rozwiązań (tablica)

$$\left. \frac{di(t)}{dt} \right|_{t \rightarrow \infty} = 0.$$

- Mamy dwa rozwiązania

$$i_{\infty} = 0, \quad i_{\infty} = 1 - \frac{\gamma}{\beta \langle k \rangle}.$$

Wnioski?

Analiza musi być nieco bardziej subtelna

- $i_k(t)$, $I_k(t)$ ułamek/liczba zainfekowanych węzłów o stopniu k ,

Analiza musi być nieco bardziej subtelna

- $i_k(t)$, $I_k(t)$ ułamek/liczba zainfekowanych węzłów o stopniu k ,
- $s_k(t)$, $S_k(t)$ ułamek/liczba podatnych węzłów o stopniu k ,

Analiza musi być nieco bardziej subtelna

- $i_k(t)$, $I_k(t)$ ułamek/liczba zainfekowanych węzłów o stopniu k ,
- $s_k(t)$, $S_k(t)$ ułamek/liczba podatnych węzłów o stopniu k ,
- Q_l prawdopodobieństwo, że dowolna krawędź sieci prowadzi do chorego wierzchołka (w grafach ER $Q_l(t) = I(t)/N$).

Analiza musi być nieco bardziej subtelna

- $i_k(t)$, $I_k(t)$ ułamek/liczba zainfekowanych węzłów o stopniu k ,
- $s_k(t)$, $S_k(t)$ ułamek/liczba podatnych węzłów o stopniu k ,
- Q_l prawdopodobieństwo, że dowolna krawędź sieci prowadzi do chorego wierzchołka (w grafach ER $Q_l(t) = I(t)/N$).
- Przyjmujemy ponadto

$$I_k(t) + S_k(t) = N_k = N\mathcal{P}(k).$$

Analiza musi być nieco bardziej subtelna

- $i_k(t)$, $I_k(t)$ ułamek/liczba zainfekowanych węzłów o stopniu k ,
- $s_k(t)$, $S_k(t)$ ułamek/liczba podatnych węzłów o stopniu k ,
- Q_l prawdopodobieństwo, że dowolna krawędź sieci prowadzi do chorego wierzchołka (w grafach ER $Q_l(t) = I(t)/N$).
- Przyjmujemy ponadto

$$I_k(t) + S_k(t) = N_k = N\mathcal{P}(k).$$

Wówczas równanie przyjmuje postać

$$\frac{di_k(t)}{dt} = \beta k Q_l s_k(t) - \gamma i_k(t).$$

$$\frac{di_k(t)}{dt} = \beta k Q_I s_k(t) - \gamma i_k(t).$$

Poszukujemy stabilnych rozwiązań asymptotycznych

$$\left. \frac{di_k(t)}{dt} \right|_{t \rightarrow \infty} = 0 \Rightarrow i_k = \frac{\lambda k Q_I}{1 + \lambda k Q_I}.$$

$$\frac{di_k(t)}{dt} = \beta k Q_I s_k(t) - \gamma i_k(t).$$

Poszukujemy stabilnych rozwiązań asymptotycznych

$$\left. \frac{di_k(t)}{dt} \right|_{t \rightarrow \infty} = 0 \Rightarrow i_k = \frac{\lambda k Q_I}{1 + \lambda k Q_I}.$$

Analiza rozwiązania prowadzi do wniosku (tablica)

$$\lambda_c = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle}.$$

$$\frac{di_k(t)}{dt} = \beta k Q_I s_k(t) - \gamma i_k(t).$$

Poszukujemy stabilnych rozwiązań asymptotycznych

$$\left. \frac{di_k(t)}{dt} \right|_{t \rightarrow \infty} = 0 \Rightarrow i_k = \frac{\lambda k Q_I}{1 + \lambda k Q_I}.$$

Analiza rozwiązania prowadzi do wniosku (tablica)

$$\lambda_c = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle}.$$

To bardzo zła wiadomość...

Dlaczego?

Modyfikujemy algorytm BA

- Poszukujemy wektora cytowań autora o C cytowaniach i N pracach.

Modyfikujemy algorytm BA

- Poszukujemy wektora cytowań autora o C cytowaniach i N pracach.
- W każdym kroku czasowym agent publikuje prace, które otrzymują cytowania zgodnie z regułą *rich get richer*.

Modyfikujemy algorytm BA

- Poszukujemy wektora cytowań autora o C cytowaniach i N pracach.
- W każdym kroku czasowym agent publikuje prace, które otrzymują cytowania zgodnie z regułą *rich get richer*.
- Czy to zgodne z empirią? (wizualizacja)

- Z każdym wierzchołkiem grafu wiążemy zmienną $\sigma_i = \pm 1$ (opinie, preferencje, etc.).

Model głoszący

- Z każdym wierzchołkiem grafu wiążemy zmienną $\sigma_i = \pm 1$ (opinie, preferencje, etc.).
- W każdej chwili czasu losowo wybrany wierzchołek zmienia swoją opinię na podstawie opinii sąsiadów

$$m_i = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \sigma_j,$$

zgodnie ze wzorem

$$S_i := S(m_i) = \text{sgn}(m_i).$$

Model głosujący

- Z każdym wierzchołkiem grafu wiążemy zmienną $\sigma_i = \pm 1$ (opinie, preferencje, etc.).
- W każdej chwili czasu losowo wybrany wierzchołek zmienia swoją opinię na podstawie opinii sąsiadów

$$m_i = \sum_{j \in \mathcal{N}(i)} \sigma_j,$$

zgodnie ze wzorem

$$S_i := S(m_i) = \text{sgn}(m_i).$$

Ilustracja

Dziękuję za uwagę!



**Politechnika
Warszawska**

Unia Europejska
Europejski Fundusz Społeczny



Zadanie 10 pn.

„Przygotowanie i uruchomienie nowego kierunku studiów na studiach II stopnia
- Inżynieria i Analiza Danych (IAD)”

realizowane jest w ramach projektu
„NERW PW. Nauka – Edukacja – Rozwój – Współpraca”
współfinansowanego ze środków Unii Europejskiej
w ramach Europejskiego Funduszu Społecznego