



Universidad
Zaragoza

TRABAJO DE FIN DE GRADO

ESTRUCTURA BICAPA EN EL MODELO SIS

Alejandro Lanaspa Ferrer

Directores:

Dr. Luis Mario Floría Peralta

Dr. Jesús Gomez Gardeñes

UNIVERSIDAD DE ZARAGOZA

26 DE JUNIO DE 2018

RESUMEN

La consideración de estructuras complejas multicapa como substrato de los procesos de difusión relevantes para la descripción y estudio de sistemas complejos interdisciplinarios (tecnológicos, económicos, sociales, biológicos) es a la vez muy reciente y de creciente interés en este campo.

La estructura multicapa más sencilla es el duplex, donde dos redes monocapa complejas del mismo número de vértices se conectan mediante biyección exacta entre ellos. El artículo [1] estudia el efecto en la propagación de epidemias de una red duplex de contactos entre agentes (individuos), revelando novedades en la fenomenología de escenarios de propagación epidémica, donde las características métricas y topológicas del duplex pueden influir de un modo importante.

En este trabajo hemos centrado la atención en dos de estas características, o parámetros estructurales: el solapamiento de enlaces y la distribución conjunta de grado. Hemos desarrollado algoritmos sencillos para el diseño de duplex con valor arbitrario de ambos parámetros, y estructuras arbitrarias de las monocapas. Hemos iniciado el estudio de la influencia de estos parámetros en los estados asintóticos del modelo Susceptible-Infectado-Susceptible (SIS) para la propagación de epidemias.

Considero de interés recalcar que todo el código utilizado para este trabajo es exclusivamente de mi autoría. Todo el código se encuentra disponible en el repositorio un repositorio Github, al que se puede acceder a través del siguiente enlace: <https://github.com/AlejandroLanaspa/TFGFisica>

Índice

1. Introducción	3
1.1. Motivación	3
1.2. Estructura de la red compleja	4
1.2.1. Redes unicapa	4
2. Herramientas para el Dúplex	6
2.1. Redes Multicapa	6
2.2. Herramientas para el control del solapamiento de enlaces	7
2.2.1. Aumento del solapamiento de enlaces	8
2.2.2. Disminución del solapamiento de enlaces	8
2.3. Herramientas para el control de la probabilidad conjunta de grado	9
3. Modelo SIS en duplex	12
3.1. Modelo SIS	12
3.2. Suppressing epidemic spreading in multiplex networks with social-support	13
3.2.1. Modelo SIS con apoyo social	13
3.2.2. Simulación	15
3.2.3. Novedad respecto al artículo original	15
3.3. Resultados	16
3.3.1. Efecto del solapamiento de enlaces	17
3.3.2. Efecto de la Probabilidad conjunta de grado	20
3.4. Conclusiones	24

1. Introducción

1.1. Motivación

“When everything is connected to everything else, for better or worse, everything matters.”

Bruce Mau

El estudio de las redes complejas se ha convertido en uno de los temas de investigación multidisciplinar más en auge desde comienzos de nuestro siglo. Esto se debe principalmente a que muchos sistemas naturales, sociales o económicos se pueden describir y analizar por medio de redes complejas[3].

Una red es, en esencia, una colección de nodos (o vértices) conectados por enlaces (o aristas)[2]. La forma en que los nodos están conectados determina la estructura de una red. Esta estructura es de gran importancia en el comportamiento de dicha red, ya que representa los patrones de conexión o interacción entre las diferentes partes de un sistema. Por ejemplo, la estructura de una red está relacionada con la eficiencia a la hora de cumplir una función.

Las redes complejas sirven para el estudio de disciplinas muy diversas. Independientemente de la naturaleza del sistema a analizar, el objetivo final del estudio con redes es poder adquirir información de estos problemas que de otra manera pasaría desapercibida o sería más difícil de obtener desde otras perspectivas.

Las redes no tienen un comportamiento estático sino que todos los procesos son siempre dinámicos. Su comportamiento dependerá de las características intrínsecas de cada nodo y del comportamiento de los nodos con los que esté asociado. Así pues, los procesos están sujetos y ligados a variables aleatorias, que en su conjunto pueden dar como resultado simulaciones muy diferentes. A través del estudio de una gran cantidad de simulaciones que se realizan sobre estas redes podemos evaluar cómo se comportan los procesos dinámicos y así obtener conclusiones dentro de ciertos intervalos de confianza.

En el estudio de sistemas complejos, en la mayoría de las ocasiones, los componentes no interactúan entre sí a través de mecanismos o de canales idénticos. En el mundo de las redes complejas se representan estas diferencias a través de las denominadas capas. Cada capa representa los distintos canales o mecanismos de interacción entre los individuos que existen en el sistema.

En las redes monocapas, solo existe una red de canales que une a los componentes del sistema. Las redes multicapa, son superposiciones de redes complejas[9]. Sus componentes interactúan a través de diferentes canales o en círculos sociales distintos. Estos se representan en forma de diferentes capas de la red.

Con este tipo de redes se consigue una descripción más exacta de la forma en que los elementos interactúan entre sí, cómo se transmite la información de unos con otros, o cómo se propagan las enfermedades.

En este trabajo nos vamos a centrar en los denominados duplex, que son un caso particular de redes de dos capas, aplicados a estudios de carácter epidemiológico.

Los procesos biológicos que ocurren cuando un individuo se infecta, son tremendamente en-

revesados. Si quisiésemos entender cómo se propaga una enfermedad deberíamos analizar en detalle dichos procesos, pero en la práctica no se puede realizar. Por este motivo se crean modelos simplificados de propagación de enfermedades, que sirven de guía para el análisis de su comportamiento [8][5].

Uno de los modelos existentes y el que más atención ha recibido es el SIS (Susceptible-Infected-Susceptible), que propone dos estados: *Susceptible* e *Infected*. Un individuo *infected* es un individuo que está enfermo y puede transmitir dicha enfermedad a otro *susceptible* si estos están en contacto. Cuando un individuo *infected* contagia a un *susceptible*, este segundo cambia de estado a *infected*. Los individuos *infected* son capaces de volver al estado de susceptibilidad mediante recuperación. Una vez que entran en el estado de susceptibilidad, pueden ser infectados de nuevo. Evidentemente, este enfoque supone una gran simplificación de las dinámicas de infección, pero es una buena aproximación para entender el comportamiento de propagación a nivel de red.

Finalmente, en el modelo SIS aplicado a un duplex se propone por un lado la transmisión de la enfermedad a través de la estructura de una de las dos capas existentes, mientras que la otra proporcionará los canales que permitan la transmisión de recursos para la recuperación del individuo.

1.2. Estructura de la red compleja

Hasta ahora hemos realizado una explicación de los motivos por los que estudiar redes complejas. A continuación describiremos herramientas teóricas que nos permitan describir y analizar las redes.

1.2.1. Redes unicapa

Como ya hemos dicho, una red o grafo, matemáticamente hablando, es un conjunto de vértices o nodos, unidos por aristas o enlaces. Denominaremos con la letra N al número de nodos que tenga una red y con la letra l al número de enlaces.

La representación más sencilla de las interacciones entre los nodos de una red compleja es la **matriz de adyacencia A** . La matriz de adyacencia de un grafo con N nodos será una matriz cuadrada de $N \times N$. Para la representación de enlaces entre dos nodos i y j en la matriz A , el elemento A_{ij} adquiere el valor 1 si existe un enlace entre ambos nodos, en caso de que no exista A_{ij} tendrá valor nulo. En el caso más sencillo para un grafo, A será una matriz simétrica con valores de 0 y 1. Esta matriz puede ser más compleja si existen enlaces dobles o bucles, conceptos que pasaremos a describir posteriormente.

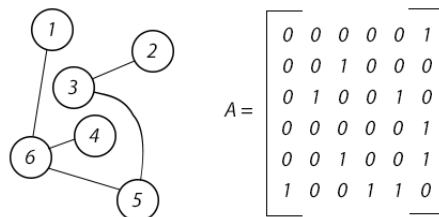


Figura 1: Representación de A para un grafo simple.

En redes complejas, el número de enlaces que tiene cada nodo se denomina **grado**, denotado con la letra k . El número de enlaces de un nodo i en función de la matriz de adyacencia es

$$k_i = \sum_{j=1}^N A_{ij}$$

Así pues, siguiendo con el ejemplo de la imagen anterior, el nodo 6 tendría un $k = 3$. El grado medio de la red vendrá dado por la expresión:

$$\langle k \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i$$

Distribución de grado Como es de esperar, no todos los nodos tendrán siempre el mismo grado. Esto lleva a introducir el concepto de distribución de grado. La distribución de grado $P(k)$ es la probabilidad de que un nodo determinado tenga un grado k . En general, se puede distinguir entre dos tipos de distribuciones de grado:

Redes homogéneas. Su distribución de grado es uniforme. Además, si todos los nodos tienen el mismo número de conexiones nos encontramos ante una red regular, si por el contrario siguen una distribución de grado de Poisson, nos encontraremos con una red denominada Erdos-Renyi [6].

Libres de escala o scale free. En estas redes, la dispersión es tan grande, que no podemos basarnos en el grado medio para crear una escala. Muchas redes reales son libres de escala [7], lo que implica que el tamaño de sus grados son independientes del tamaño del grafo. En estas redes, la distribución de grado tiene una forma $P(k) \sim k^{-\gamma}$, donde $\gamma \in [2, 3]$. La existencia de los “hubs”, nodos con un grado muy superior a la media de la red, es la consecuencia directa de este tipo de distribuciones, en la que la inmensa mayoría de los nodos tienen un grado bajo, también denominados “hojas”.

Clustering El coeficiente de clustering cuantifica la tendencia de los nodos a formar triángulos, es decir, que dos nodos conectados con un tercero, estén conectados entre sí. El clustering de un nodo i queda determinado como:

$$C_i = \frac{\text{triangulos conectados a } i}{\text{posibles triangulos conectados}}$$

Por lo que el clustering de una red de N nodos se expresa como

$$C = \frac{1}{N} \sum C_i$$

2. Herramientas para el Dúplex

2.1. Redes Multicapa

Cuando estamos trabajando con duplex, hemos que tener en cuenta no sólo las características de las redes monocapa, sino también los nuevos parámetros propios de las estructuras multicapa. A lo largo del trabajo nos centraremos en dos de estos nuevos parámetros, el *solapamiento de enlaces* y la *probabilidad conjunta de grado*.

Solapamiento de enlaces En un multiplex de dos capas, los nodos en cada capa no tienen porqué compartir los mismos enlaces con sus vecinos, ni siquiera el mismo grado. Por este motivo, es necesario introducir el parámetro de *solapamiento de enlaces*.

Definimos *solapamiento de enlaces* m como:

$$m = \frac{2l_c}{l_1 + l_2}$$

Donde l_c es el número de enlaces en común que existen entre las dos capas de un duplex y l_1 y l_2 el número de enlaces que tienen la capa L_1 y L_2 , respectivamente.

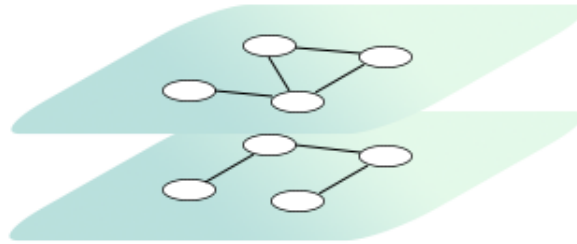


Figura 2: Duplex con cuatro nodos. En la primera capa $l_1 = 4$, en la segunda, $l_2 = 3$, como ambas capas comparten 2 enlaces, $l_c = 2$.

El valor del parámetro m se encuentra siempre en el rango $[0, 1]$. Sin embargo, existen casos en los que resulta imposible alcanzar los valores extremos debido a la propia distribución de grado de cada capa.

Para el caso de una red con muy pocos nodos y en la que todos ellos tengan un grado muy elevado, resultará imposible alcanzar un valor de $m = 0$, ya que alguno de los enlaces coincidirá en las múltiples capas.

En el lado opuesto tenemos el valor $m = 1$. Como es de esperar, si tenemos dos capas con distribuciones de grado distintas, no podremos alcanzar dicho valor de m , ya que siempre quedarán enlaces sin solapar.

Probabilidad conjunta de grado Como hemos adelantado anteriormente, los nodos en un Dúplex no tendrán el mismo grado en cada capa. Si denominamos k_1 y k_2 al grado que tiene un nodo en la capa 1 y 2 respectivamente, la probabilidad conjunta de grado $P(k_1, k_2)$ es la probabilidad de que un nodo tenga grado k_1 y k_2 al mismo tiempo. La probabilidad marginal

es la probabilidad de grado de cada capa.

$$P(k_1) = \sum_{k_2} P(k_1, k_2)$$

Para poder realizar un análisis adecuado de como afectan estos parámetros al comportamiento de la red, necesitamos algoritmos que permitan la creación de duplex con los valores deseados para estos.

2.2. Herramientas para el control del solapamiento de enlaces

En los siguientes algoritmos buscamos controlar el solapamiento de enlaces entre dos capas de un duplex, para ello, dividiremos las funciones de los algoritmos en dos. En el primer caso, se trata de un algoritmo que aumenta el solapamiento de enlaces y en el segundo lo disminuye.

Antes de explicar ambos algoritmos, tenemos que explicar el concepto de *rewiring* o *reshuffling*. Sean cuatro nodos conectados entre sí mediante los enlaces (i,j) y (k,l) , definimos *rewiring* como el intercambio de estos por los enlaces $(i,k), (j,l)$ o en su defecto por $(i,l), (j,k)$, es decir, la eliminación de los primeros y creación de los segundos.



Figura 3: Rewiring a $(i,k), (j,l)$

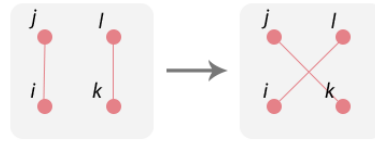


Figura 4: Rewiring a $(i,l), (j,k)$

En la operación de *rewiring* habrá que tener en cuenta que los enlaces creados entre los nodos durante dicho proceso no pueden existir anteriormente, es decir, en la figura 3 el enlace (i,k) o (j,l) no debería existir anteriormente al *rewiring*, ya que eso supondría el solapamiento de dos enlaces. Así pues, consideraremos prohibida la operación de crear un nuevo enlace donde existía otro con anterioridad.

Con la operación de *rewiring* conseguimos cambiar los enlaces entre cuatro nodos sin alterar el grado de cada uno de ellos, es decir, k_i, k_j, k_k, k_l . Por consiguiente, la distribución de grado de dicho grafo permanece inalterada. Esta operación, aplicada en un Dúplex, nos permite alterar el número de enlaces que existen en común entre ambas capas, y por consiguiente el *solapamiento de enlaces* existente entre ellas.

En general, un proceso de *rewiring* para dos enlaces aleatorios conllevará la disminución del *solapamiento de enlaces*, ya que estadísticamente hablando, es mucho más fácil crear un enlace en una capa que no exista en las demás, que crear uno coincidente. En los dos siguientes algoritmos, se proponen métodos de control de las condiciones en las que se dan dichos *rewirings* para obtener aumento o disminución de una manera controlada.

2.2.1. Aumento del solapamiento de enlaces

Para aumentar el *solapamiento*, mantenemos la capa L_1 del duplex inalterada, realizamos todos los procesos de *rewiring* en la capa L_2 . A continuación se explica una iteración que se repetirá en bucle hasta llegar al valor de m deseado:

1. Escogemos un nodo i y a partir de éste, un nodo j que sea vecino de i en la capa L_2 y no vecino del mismo i en la capa L_1 . Posteriormente, escogemos un nodo k vecino de i en la capa L_1 pero que no sea vecino en la capa L_2 .

2. Para el nodo k , buscamos un vecino l en la capa L_2 , el cual no lo sea de j en la capa L_2 ni de k en la capa L_1 . Si dicho vecino está unido con j en la capa L_1 (Fig. 5), cuando realicemos el *rewiring* el l_c aumentará en 2. Si no están unidos (Fig. 6), el l_c aumentará en 1.

3. Hacemos *rewiring* en los enlaces $(i,j),(k,l)$ y $(i,k),(j,l)$

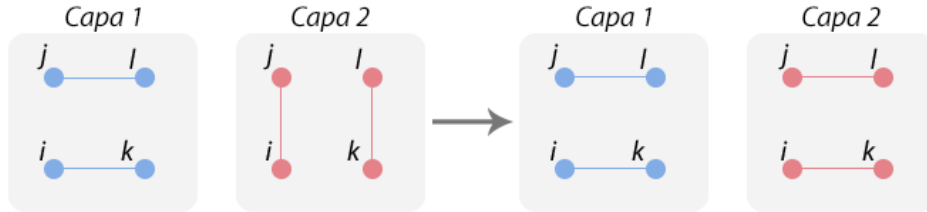


Figura 5: Aumento de l_c en 2

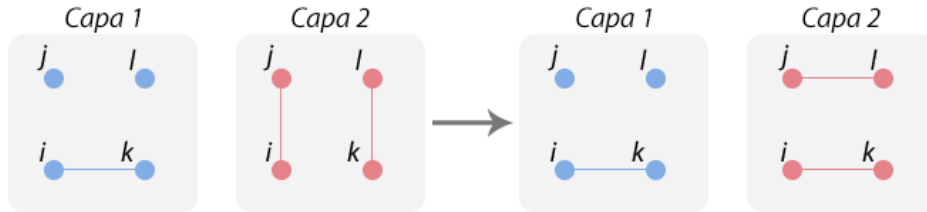


Figura 6: Aumento de l_c en 1

En cada repetición el *solapamiento de enlaces* aumentará en $2/(l_1+l_2)$ o $4/(l_1+l_2)$. Como es de esperar, el número de repeticiones necesaria para alcanzar el solapamiento deseado dependerá tanto del valor inicial y final de m como del número de enlaces en cada capa.

2.2.2. Disminución del solapamiento de enlaces

De nuevo, manteniendo la capa L_1 del duplex inalterada, realizaremos todos los procesos de *rewiring* en la capa L_2 . Volveremos a repetir la iteración en bucle hasta llegar al valor de m deseado:

1. Escogemos un nodo i , un nodo j que sea vecino de i en la capa L_1 y L_2 y un nodo k que no sea vecino de i ni en la capa L_1 ni en la L_2 .

2. Para el nodo k buscamos un vecino l en la capa L_2 el cual no lo sea de j en la capa L_2 ni en la L_1 . Si dicho vecino está a su vez unido a k en la capa L_1 (Fig. 8), cuando realicemos el *rewiring* el l_c disminuirá en 2 (Fig. 7). Si no están unidos, el l_c disminuirá en 1.

3. Hacemos *rewiring* en los enlaces $(i,j),(k,l)$ y $(i,k),(j,l)$

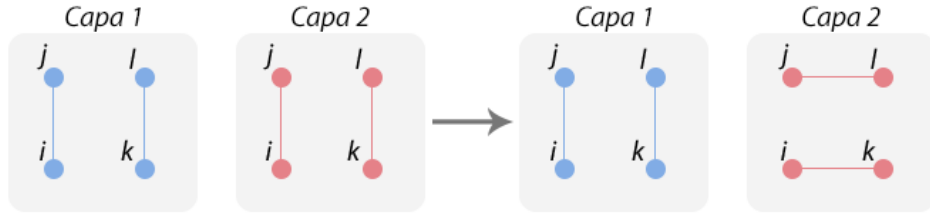


Figura 7: Disminución de l_c en 2

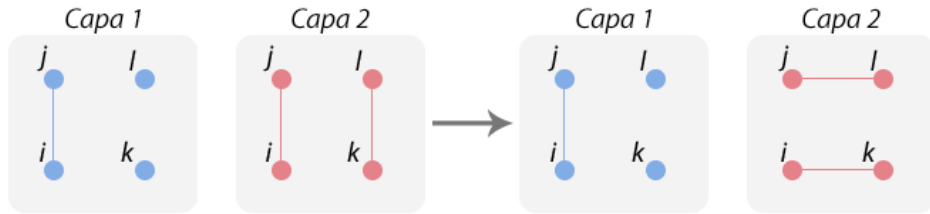


Figura 8: Disminución de l_c en 1

En cada repetición el solapamiento de enlaces disminuirá en $2/(l_1 + l_2)$ o $4/(l_1 + l_2)$.

De esta manera, podemos controlar el *solapamiento de enlaces* según nos interese. Es importante apreciar que, como en la operación de *rewiring* no se modifica el grado del nodo en ninguna de las dos capas, tampoco se modifica la relación entre los grados de la capa 1 y 2, es decir, no se modifica la probabilidad conjunta de grado del Dúplex.

2.3. Herramientas para el control de la probabilidad conjunta de grado

Una vez visto cómo obtener duplex con un valor de *solapamiento de enlaces* arbitrario, buscamos cómo crear duplex con la *probabilidad conjunta de grado* a medida. Para ello, explicaremos primero el modelo configuracional [4], que es el que usaremos para construir cada red por separado, debido a que este modelo garantiza que no haya correlaciones entre las distribuciones de grado de los nodos.

Idealmente, nos gustaría poder trabajar con redes con una distribución $P(k)$ dada de antemano. Un ejemplo de esto, es una red del mundo real en la que conocemos distribución de grado, y estaríamos interesados en generar un gráfico aleatorio que tuviese exactamente los mismos grados. Sin embargo, esta tarea no es trivial, ya que es posible que, de entrada, estos grafos no existan.

Una forma de crear estas distribuciones de grado es otorgar a cada nodo una cantidad de conexiones k con probabilidad $P(k)$. Una vez realizado, se enlazarán aleatoriamente todas las conexiones de todos los nodos, de modo que cuando dos conexiones se emparejen, formen un enlace. Aquí surge la primera limitación, ya que el número de conexiones, por cuestiones obvias, tendrá que ser un número par. Otra limitación del modelo es que estos emparejamientos al azar pueden no ser perfectos. Debido a que el proceso de conexión es aleatorio, un enlace podría estar repetido creando aristas múltiples o dos conexiones de un mismo nodo podrían acabar unidas, creando lo que se denomina un bucle.



Figura 9: A la izquierda, los nodos se encuentran con una distribución de conexiones determinada. A la derecha, estas conexiones están enlazadas formando un grafo. Los enlaces en rojo son enlaces múltiples, los azules son bucles.

Inicialmente, se podría pensar que estas conexiones indeseadas pueden alterar el comportamiento de la red, sin embargo, este tipo de conexiones se convierte en algo residual cuando tratamos con un número muy elevado de nodos.

Con la eliminación de estos enlaces, obtenemos un grafo con enlaces sencillos. Dicha eliminación no supondrá una modificación apreciable en la $P(k)$ de la red obtenida.

Una vez construidas las distribuciones de grado de cada capa con este modelo (Fig.[10], Paso 1), asignamos a cada nodo de cada capa un número. Para generar las $P(k_1, k_2)$ a partir de estas capas, realizaremos la biyección entre ambas, relacionando el nodo 1 de la primera con el 1' de la segunda. Como las distribuciones $P(k_1)$ y $P(k_2)$ se han generado independientemente, en un primer momento tendremos una descorrelación absoluta entre ambas (Fig.11a).

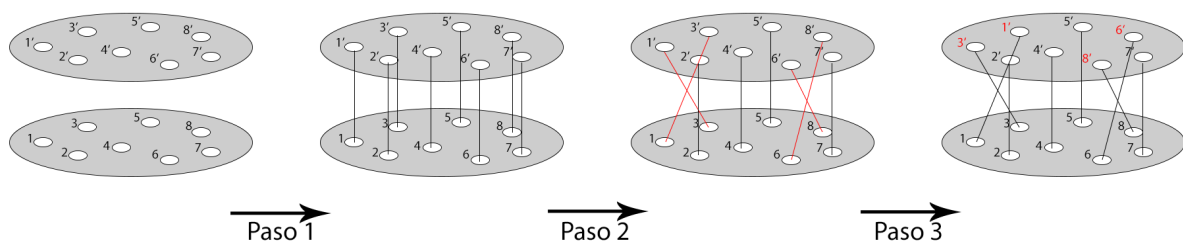


Figura 10: Ejemplo del procedimiento para obtener una probabilidad conjunta de grado arbitraria.

En este momento (Fig.[10], Paso 1) tenemos dos capas relacionadas entre sí mediante biyección, representada en la figura por los enlaces intercapa (verticales). Es fácil darse cuenta que el *rewiring* de dos de estos enlaces modifica $P(k_1, k_2)$, así que el control de ésta se realizará por iteración de operaciones elementales de *rewiring*. En concreto, para construir un duplex anticorrelacionado (Fig.11c) a partir de un duplex descorrelacionado se escoge el mayor hub de la capa 1 y una “hoja” de la capa 2 no enlazada verticalmente con él, e intercambiamos los dos enlaces verticales involucrados (Fig.[10], Paso 2 y Paso 3). Repitiendo el proceso mediante elección de los hubs “siguientes”(en orden de grado) un número de veces suficiente, se obtiene un duplex con una $P(k_1, k_2)$ “suficientemente anticorrelacionada”.

Para obtener una distribución correlacionada (Fig.11b) se sigue el mismo proceso, emparejando en este caso los hubs con los hubs y las hojas con las hojas. Otra forma de tener una distribución perfectamente correlacionada será clonar la capa 1 en la capa 2, este es el proceso utilizado posteriormente en el proyecto.

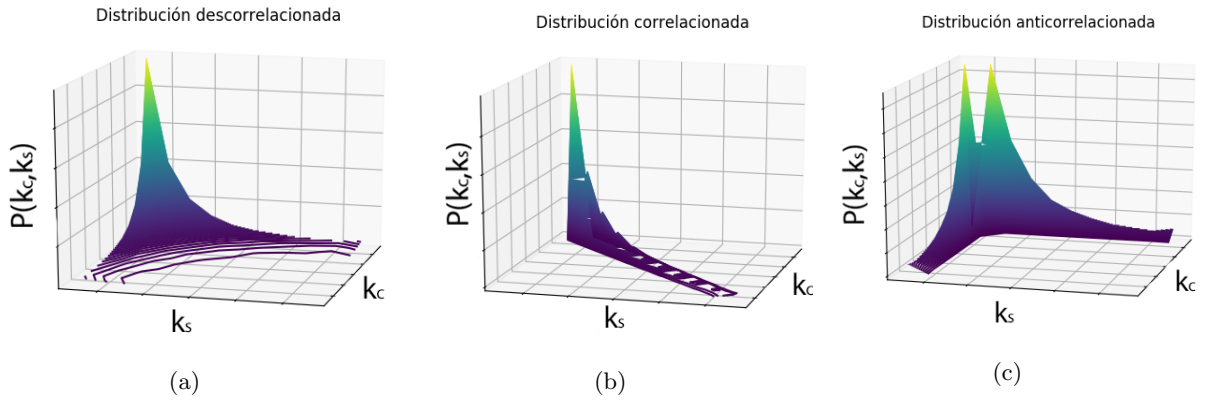


Figura 11: Distribuciones conjuntas de grado para un duplex $N=1000$ y un $\langle k \rangle \sim 5$

De esta manera, conseguimos controlar las distribuciones $P(k_1, k_2)$ de nuestro duplex. Posteriormente, hacemos uso del algoritmo descrito para el control del *solapamiento de enlace*, el cual no modifica $P(k_1, k_2)$, para así obtener un duplex con los valores de ambos parámetros que se precisen.

Una vez que disponemos de estas herramientas, ya podemos comenzar el análisis de la influencia que pueden tener estos parámetros en la propagación de una pandemia.

3. Modelo SIS en duplex

3.1. Modelo SIS

La propagación de enfermedades es un problema real para la sociedad. Si podemos conocer cómo se propagan, cómo vacunar de una forma más efectiva o cuando una enfermedad se puede convertir en una pandemia, podremos hacer un uso más eficaz de los recursos disponibles. Existen múltiples modelos que tratan de describir de modo formal la propagación de epidemias. Los modelos compartimentales son aquellos que para simplificar la modelización matemática, dividen la población en compartimentos, de tal modo que los distintos nodos pertenecientes a dicho compartimento tienen las mismas características. Uno de estos modelos compartimentales es el denominado SIS (Susceptible-Infected-Susceptible).

En el modelo de SIS cada nodo puede encontrarse únicamente en dos estados, *Susceptible*, al que denotaremos con la letra S, o *Infected*, al que denotaremos con la letra I. Los parámetros para pasar de un estado a otro son dos:

-Parámetro de infección β , es la probabilidad de contagio por parte de un nodo *infected* a otro *susceptible* por unidad de tiempo. Estos procesos de infección solo se llevan a cabo entre nodos vecinos, es decir, entre los que existe un enlace.

-Parámetro de recuperación μ , es la probabilidad de recuperación de un nodo *infected* al estado de *susceptible* por unidad de tiempo.

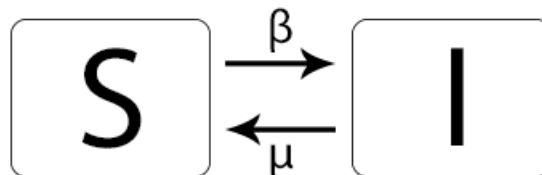


Figura 12: Flujos entre los estados S e I.

Si contemplamos nuestro sistema como un sistema cerrado en el que no hay variaciones demográficas, como nacimientos, fallecimientos, o movimientos demográficos, podemos definir el modelo SIS mediante las siguientes ecuaciones diferenciales para la aproximación de campo medio:

$$\frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} + \mu I$$
$$\frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \mu I$$

Tendremos que $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = 0$ y $S(t) + I(t) = N$, siendo N el número total de la población,

En lugar de usar la aproximación de campo medio, para analizar el comportamiento de una red usaremos simulaciones de Montecarlo. El proceso para estas simulaciones se explicará posteriormente.

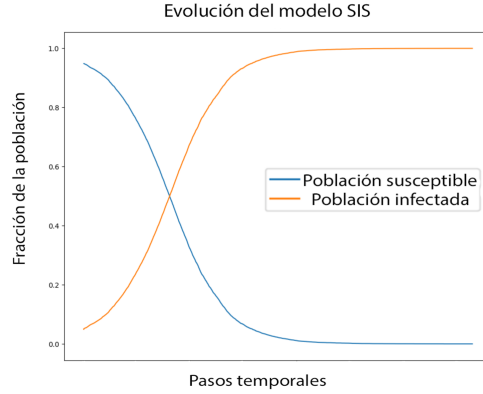


Figura 13: Ejemplo de la dinámica de un SIS para la aproximación de campo medio. En la gráfica se pueden observar dos curvas en función del tiempo, en color azul la densidad de población *susceptible* y en naranja la *infectada*. Estas curvas se corresponden con la solución de las ecuaciones diferenciales del SIS, que se obtiene integrando. El ejemplo es un caso particular para el que la población acaba siendo totalmente infectada.

3.2. Suppressing epidemic spreading in multiplex networks with social-support

En el trabajo [1] se plantea la hipótesis de que, en muchas regiones, los medios que se tienen para contrarrestar las enfermedades no son siempre los óptimos, por lo que el proceso de recuperación recae en la familia o amigos cercanos, que son los encargados de dar apoyo, dedicar su tiempo, etc. Por este motivo, es conveniente analizar cómo influye el apoyo social en la propagación de la enfermedad.

El estudio propone el uso de un dúplex en el que en la capa que representa las relaciones laborales, se produce la propagación de la enfermedad, mientras que en la otra capa, que representa las relaciones familiares, se transmiten los recursos necesarios para sanar al *infecto*. En el modelo se considera que sólo los nodos *susceptibles* son los capaces de crear recursos para ayudar a los infectos. Así pues, en el momento que un nodo pase a ser *infecto*, no solo tendrá posibilidades de infectar a sus vecinos *susceptibles*, sino que dejará de proveer apoyo para sus vecinos *infectos*.

Con esto, se hace un estudio de la evolución de la densidad de infectos ρ al cambiar diferentes parámetros.

3.2.1. Modelo SIS con apoyo social

En este modelo, se denomina capa C aquella en la que se produce la propagación de la enfermedad y S a la capa en la que se produce la división de recursos para la recuperación. Ambas poseerán N nodos y cada nodo de la capa C tendrá su equivalente en la capa S. Denominamos a las matrices de adyacencia de las capas S y C con la misma letra. Ambas matrices son de $N \times N$ y los elementos de éstas son respectivamente s_{ij} y c_{ij} .

Si dos nodos i y j están conectados entre ellos en la capa S, $s_{ij} = 1$, en el caso contrario, $s_{ij} = 0$. Además, la variable v nos dará la información de los estados en los que se encuentra cada nodo, siendo $v_i = 1$ si el nodo está infectado, y $v_i = 0$ si no lo está.

Cada nodo susceptible generará una unidad de recursos por unidad de tiempo, que será repartida equitativamente entre los nodos vecinos en la capa S infectos. En caso de que no se consuma este recurso por ningún vecino, dicha unidad se desecha en cada paso temporal, de modo que no existan posibles acumulaciones de recursos por parte de un nodo.

Un vecino i infecto de j en la capa S recibe de éste una cantidad de recursos

$$R_{i \rightarrow j} = \frac{1}{\sum_i^N s_{ji} v_i}$$

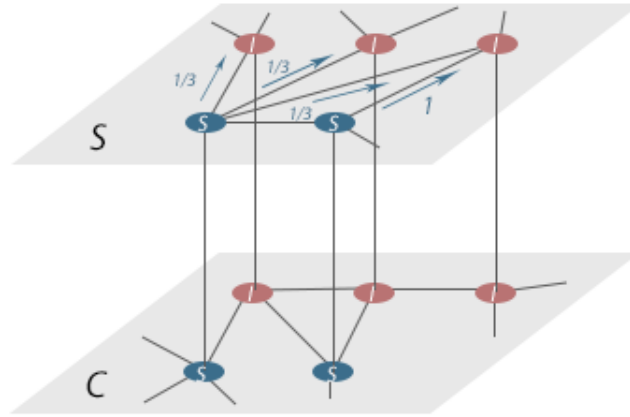


Figura 14: División de los recursos de los nodos susceptibles (S) en la capa S. En el nodo S de la derecha, que solo tiene un vecino infecto, no se produce división de recursos y estos van a parar íntegramente a dicho vecino. En el nodo de la izquierda, la unidad de recursos se ve dividida para 3 ya que existen 3 vecinos infectos.

La variable μ_i de recuperación del modelo SIS para un nodo i se calculará de la siguiente manera:

$$\mu_i = \mu_0 + \mu_r \frac{R_i(t)}{k_i^S}$$

Donde μ_0 es el parámetro de recuperación espontánea, que por simplicidad establecemos $\mu_0 = 0$, μ_r es un factor de ponderación, al que asignamos un valor arbitrario $\mu_r = 0.6$, $R_i(t)$ es la suma de todos los recursos obtenidos de los vecinos y k_i^S es el grado del nodo i en la capa S. El parámetro β , tasa de infección, actúa de manera idéntica al modelo de SIS original.

Para la construcción del Dúplex, cada capa sigue una distribución scale-free $P(k) \sim k^{-\gamma}$. Esta distribución estará acotada por un límite inferior de $k_{min} = 3$, mientras que $k_{max} \sim \sqrt{N}$.

Llamamos ρ a la fracción de infectos. Su papel, similar al de “parámetro de orden” en las transiciones epidémicas, sugiere que sus fluctuaciones son máximas allí donde el régimen estacionario cambie cualitativamente, y aunque en estas transiciones de no-equilibrio no hay propiamente hablando teorema de fluctuación-disipación, es habitual referirse a la varianza relativa de ρ como

“susceptibilidad”

$$\chi = N \frac{\langle \rho^2 \rangle - \langle \rho \rangle^2}{\langle \rho \rangle}$$

La presencia de un pico en χ permite de un modo más preciso localizar en el eje de parámetro(s) la transición epidémica bajo estudio.

3.2.2. Simulación

La simulación se lleva a cabo mediante método de Montecarlo. Para ello, disponemos inicialmente de un array que contiene los índices de los nodos infectos, de dimensión $1 \times N_i$ y otro array que contiene los índices de los nodos susceptibles, de dimensión $1 \times N_s$.

Para cada paso temporal, recorreremos en primer lugar y en orden creciente, el array de los infectos. Veremos para cada nodo de este array si sus vecinos son infectos o susceptibles. En el caso de que el vecino sea infecto, lo ignoramos. Si el vecino es susceptible, generamos un número aleatorio de una distribución plana acotada entre los valores 0 y 1. Si este número resulta menor o igual que la tasa de infección β , dicho nodo se infectará en el siguiente paso temporal. Si por el contrario, el número aleatorio es mayor, el nodo permanecerá en su estado de susceptibilidad. Para controlar que nodos se infectan de un paso temporal a otro, tendremos un nuevo array en el que se almacenen sus índices.

Antes de actualizar los nodos susceptibles que pasan a infectados, tendremos que calcular que nodos se recuperan en el mismo paso. Para ello, recorreremos el array que contiene los índices de los nodos susceptibles, de nuevo, en orden.

Para cada nodo, se calcula el número de vecinos infectos que tiene y se reparte la unidad de recursos del nodo susceptible entre ellos. Un array adicional de dimensiones $1 \times N_i$ almacenará los recursos otorgados a cada infecto. Una vez se realiza este proceso para todos los nodos susceptibles, tenemos todos los recursos que tiene cada nodo infecto. Estos recursos tendrán que dividirse en cada caso por el grado del nodo infecto en la capa S al que correspondan, obteniéndose el parámetro de recuperación μ de cada nodo infectado.

A continuación, para cada caso, se vuelve a generar un número aleatorio a partir de la distribución plana acotada entre 0 y 1. Si dicho número es menor o igual que μ , el nodo sanará en el siguiente paso temporal.

Análogamente al proceso de infección, tenemos un array donde se almacenan los índices de aquellos nodos que cambiarán de estado infecto a susceptible en el siguiente paso temporal.

Una vez que tenemos los arrays de “cambio”, se actualizan todos los estados de los nodos de la red, constituyendo todo esto un único paso temporal. Estos pasos temporales se repiten hasta llegar a un estado de equilibrio.

3.2.3. Novedad respecto al artículo original

Si bien en nuestro proyecto queremos hacer un estudio lo más parecido al artículo [1], es importante destacar que se han hecho algunas modificaciones respecto al mismo. El trabajo primario analizaba cómo dos factores alteraban los valores de la densidad de infectados ρ . El

primer factor es la *heterogeneidad de la estructura monocapa*, que vendrá determinada por el parámetro γ en la probabilidad de distribución de grado en las monocapas. El segundo factor es el *solapamiento de enlaces* entre monocapas, que nos permite conocer cómo se modifican los resultados si se comparten los mismos vecinos en ambas capas.

Es esta última característica del duplex y la distribución conjunta de grado del mismo, lo que va a centrar nuestra atención, ya que estamos interesados en características específicas del dúplex y no de las monocapas por separado. En el artículo [1] se propone una $P(k_S, k_C)$ completamente diagonal, es decir, la misma red en ambas capas. Por el contrario, nosotros estudiaremos la variación en ρ para distintas probabilidades conjunta de grado.

La motivación inicial del trabajo es llamar la atención sobre un parámetro del duplex que aunque no fué considerado en [1], pensamos que puede ser de igual o mayor relevancia. El enfoque de nuestro estudio consistirá en explorar la importancia que puede tener la *probabilidad conjunta de grado* $P(k_S, k_C)$ respecto del *solapamiento de enlaces*, ya que consideramos que tener un grado diferente en las entre las capas S y C podría ser tan trascendental como el hecho de que para una misma cantidad de enlaces, estos se produzcan con vecinos diferentes en una y en otra capa.

Así pues, haremos uso de las herramientas descritas en el apartado 2 de esta memoria para obtener las redes con diferentes valores del solapamiento y diferentes tipos de funciones $P(k_S, k_C)$.

En lo que respecta a la estructura de la red, cabe mencionar dos factores que difieren de nuestro trabajo respecto al de ellos. En primer lugar, el número de nodos N que conforman la red. En el trabajo original se asigna a N un valor de 10000, mientras que para nuestro proyecto tendrá un valor de $N = 1000$. Esto es debido a los recursos limitados de los que disponemos para llevar a cabo las simulaciones, y el hecho de que multiplicar el número de nodos en un factor 10, requiere un incremento del tiempo de simulación considerablemente superior. Al mismo tiempo, como el grado máximo es del orden de $\sim \sqrt{N}$, al variar el parámetro N , estamos variando el parámetro k_{max} . Esta variación en el rango de k supone una disminución del grado promedio de la red, que en nuestro caso será $\langle k \rangle \sim 5$, y en definitiva, una red menos interconectada.

El segundo cambio también destacable es el valor de γ fijado para las simulaciones. Si bien en el artículo a ampliar se llevan a cabo las simulaciones para un valor de $\gamma = 2.4$, es conocido que para valores de γ inferiores a 3, salvo para los casos en los que el valor máximo de grado de la distribución está acotado estrictamente a $k_{max} = \sqrt{N}$, existen correlaciones en la distribución. Estas correlaciones suceden incluso generando dicha distribución de grado mediante el modelo configuracional.

Como en el trabajo [1] no se acota el valor máximo estrictamente, hemos generado nuestras distribuciones con $\gamma = 3$, con el fin de eliminar las posibles correlaciones que puedan distorsionar nuestro trabajo. Agradecemos a Sandro Meloni que nos pusiera en nuestro conocimiento esta información.

3.3. Resultados

En el trabajo [1], puesto que no se menciona el concepto de *probabilidad conjunta de grado* de las monocapas $P(k_s, k_c)$, se estudió el efecto del solapamiento de grado sobre duplex tales

que

$$P(k_s, k_c) = \delta_{k_s k_c} P(k_s)$$

es decir, totalmente correlacionada. Es por este motivo por lo que nuestras primeras simulaciones se realizaron sobre este tipo de red. Posteriormente nos vimos obligados a usar un valor de $\gamma = 3$, al darnos cuenta del problema mencionado en la sección 3.2.3 de trabajar con $\gamma = 2.4$ y N pequeño. Era necesario realizar las simulaciones con $\gamma = 3$ y la red totalmente correlacionada, a fin de poder comparar los resultados con los que luego obtendremos con otros tipos de duplex. Dichos duplex tendran distribuciones de grado descorrelacionada y anticorrelacionada.

3.3.1. Efecto del solapamiento de enlaces

Para la construcción del duplex crearemos inicialmente una capa acorde con las características nombradas anteriormente. Posteriormente, esta capa será clonada para obtener la segunda. Así, obtenemos dos capas perfectamente correlacionadas en las que inicialmente cada nodo mantendrá los mismos enlaces con sus vecinos en la capa S y en la C, obteniendo la situación de $m = 1$. Partiendo de este duplex, construiremos mediante el algoritmo descrito en el segundo capítulo nuevos duplex, cada uno con un *solapamiento de enlaces* que disminuye respecto del anterior en una décima, hasta llegar a la situación $m = 0$, en la que ninguno de los enlaces de la capa S se corresponde con los de la capa C.

Para analizar la densidad de infección ρ en función de la tasa de infección β , se selecciona aleatoriamente una fracción de todos los nodos de la red que inicialmente tendrán el estado de *infectos* $\rho(0)$, con $\rho(0) \in [0.1, 0.9]$ y se realiza la correspondiente simulación hasta llegar al estado de “termalización”.

Con objeto de evitar situaciones particulares a una red en concreto, no solo se seleccionan aleatoriamente los nodos que comienzan como infectados, sino que construimos hasta diez duplex independientes, en los que realizamos las simulaciones que posteriormente se promediarán. A continuación se presentan los resultados para dos de los diferentes valores de m .

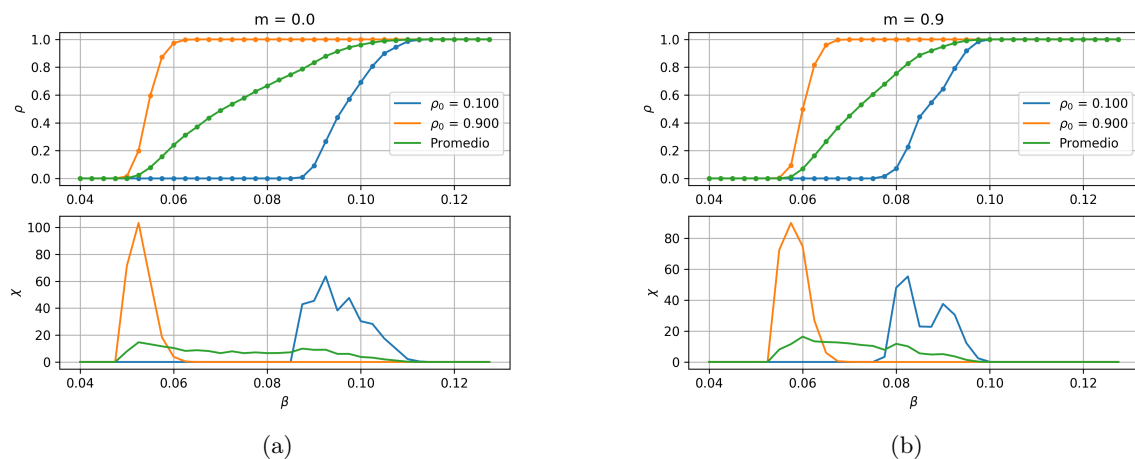


Figura 15: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β para una distribución conjunta de grado correlacionada. La imagen de la izquierda ilustra las curvas correspondientes a $\rho = 0.1$ y $\rho = 0.9$ en el caso de $m = 0.0$ (a) y la de la derecha el de $m = 0.9$ (b).

A simple vista apreciamos que las condiciones iniciales de la red contribuirán de un modo

importante a la evolución de la infección. Se observa un ciclo de histéresis entre los distintos valores de $\rho(0)$. En las transiciones de estados, es lógico pensar que para valores mayores de $\rho(0)$ se necesita una probabilidad de infección menor para llegar al estado de saturación, es decir, el estado en el que la infección de la red es total. Este comportamiento se mantiene para todas las muestras.

Una primera observación que resulta de estas gráficas es el aumento en la anchura del ciclo de histéresis para los casos con un m menor. En la figura 16 representaremos este efecto para los diferentes valores de m .

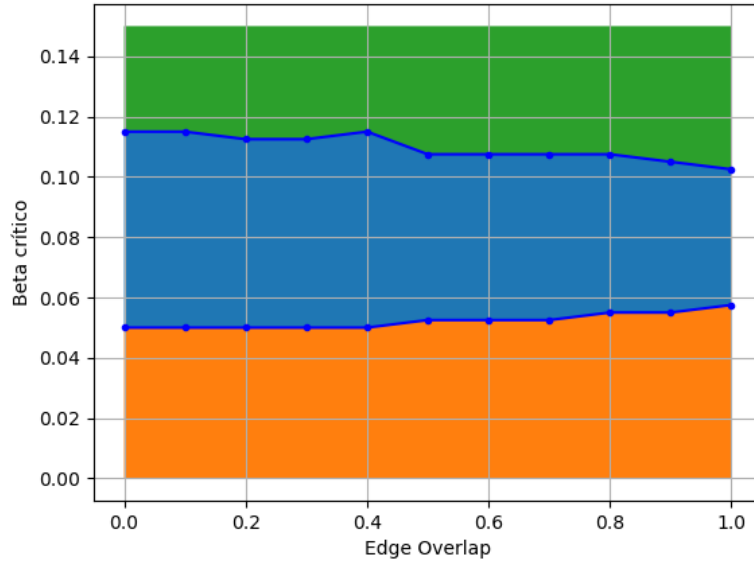


Figura 16: Diagrama de fase en el espacio (m, β) para la distribución conjunta de grado correlacionada. Obtenemos tres regiones estables: la región no epidémica (naranja), la región de baja epidemia (azul) y la región de total epidemia (verde). Las líneas que separan estas regiones son los límites de invasión.

Vemos como conforme aumentamos el *solapamiento de enlaces* se confirma esta tendencia de disminuir la anchura de la histéresis.

En la Figura 17 se ha representado, para valores de $\rho_0 = 0.1, 0.5$ y 0.9 la fracción de infectos $\rho(\beta)$ para 11 valores de m . Observamos que para el valor más bajo de $\rho_0 = 0.1$, $\rho(\beta, m)$ es básicamente creciente con m mientras que para $\rho_0 = 0.9$, $\rho(\beta, m)$ es decreciente con m . Ello sugiere que para algún valor intermedio de ρ_0 (en torno a $\rho_0 = 0.5$) $\rho(\beta, m)$ ha de ser independiente de m (aproximadamente), como confirma la gráfica del panel (c) de la figura.

Las tres figuras 15,16 y 17 ilustran el misma situación. Un desplazamiento en las curvas de m en direcciones opuestas para los casos de $\rho_0 = 0.1$ y $\rho_0 = 0.9$ implica que debe existir una variación en la anchura de la histéresis al cambiar los valores de m . Como para $\rho_0 = 0.1$, $\rho(\beta, m)$ es básicamente creciente con m y para $\rho_0 = 0.9$ es decreciente, tendremos una disminución en la anchura de la histéresis conforme aumenta m .

Ahora bien, ¿por qué $\rho(\beta, m, \rho(0))$ es, como función de m creciente para valores bajos de $\rho(0)$

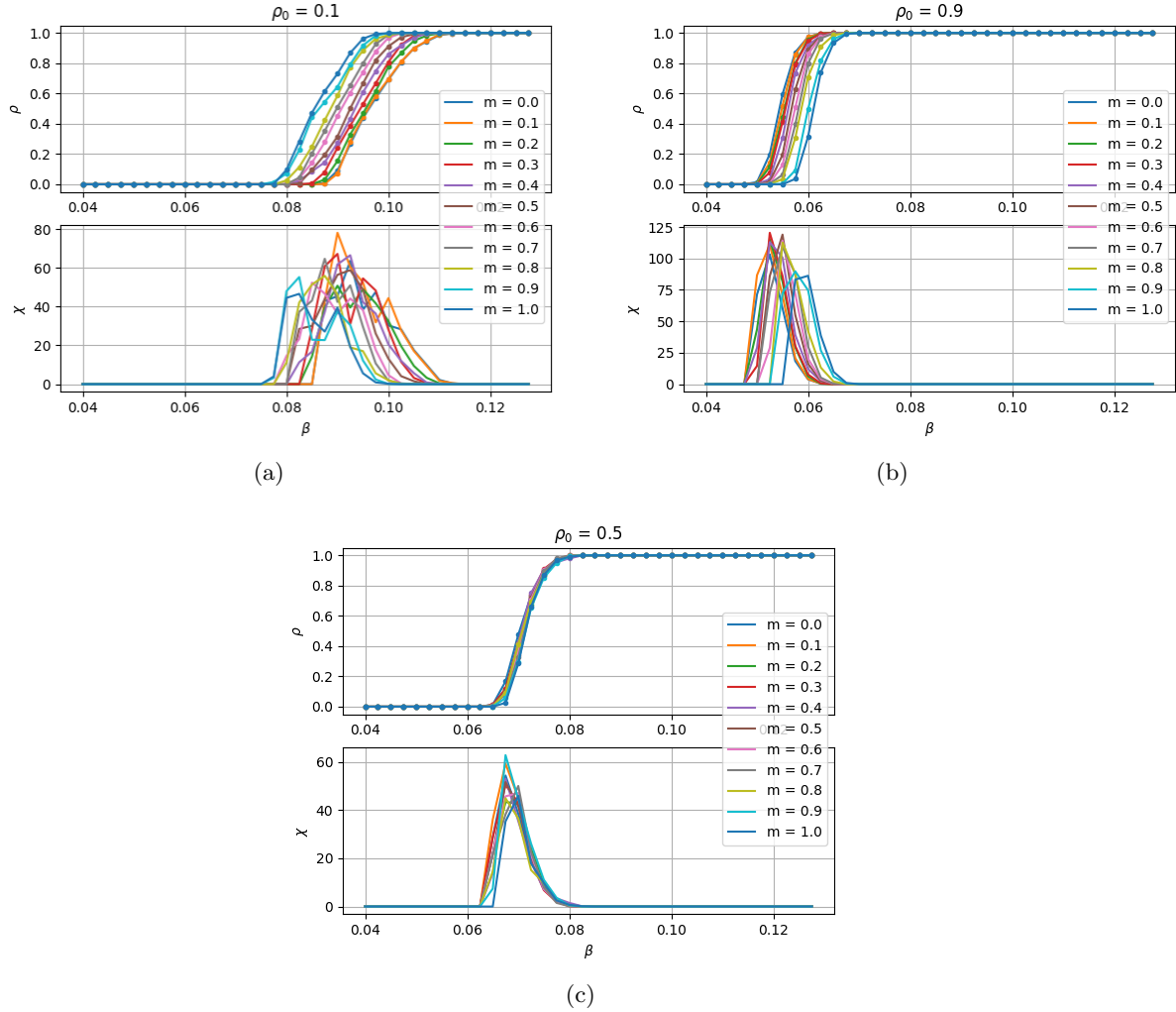


Figura 17: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β para la distribución conjunta de grado correlacionada. Las imágenes ilustran las curvas correspondientes a todos los valores de m . Empezando por arriba a la izquierda, tenemos los casos de $\rho(0) = 0.1$ (a), $\rho(0) = 0.9$ (b) y $\rho(0) = 0.5$ (c).

y decreciente para valores altos de $\rho(0)$? El siguiente argumento justifica que la estabilidad del estado puro (S ó I) más cercano a la condición inicial $\rho(0)$ se ve reforzada frente a fluctuaciones desestabilizadoras cuando $m = 0$ en comparación con el caso en el que $m = 1$ en una estructura con *distribución de grado* totalmente correlacionada.

En efecto, supongamos que $\rho(0)$ es muy alto, y así mismo, que un infecto, por el aporte de recursos de sus vecinos sanos en la capa S sana. Si $m = 1$, su entorno en la capa C (que es el mismo que en la capa S) contendrá menos vecinos infectos que si fuese $m = 0$, ya que la propia curación implica la existencia de vecinos sanos, de modo que será menos probable su infección. Ello asegura que las fluctuaciones desestabilizadoras del estado puro I son menos existosas cuando $m = 0$.

Análogamente, supongamos que $\rho(0)$ es bajo y que un sano pasa a infecto por el contagio debido a vecinos infectos en C. Si $m = 1$, su entorno en S tendrá más infectos que si $m = 0$, por lo que $m = 0$ garantiza mejor la estabilidad frente a fluctuaciones infectivas.

Hemos de señalar que, según [1], la anchura de la histéresis sigue la misma tendencia, es decir, disminuyendo con el valor de m , pero llegando a desaparecer en $m = 0.8$, algo notablemente diferente a nuestros resultados para $\gamma = 3$. También, el argumento que hemos expuesto en párrafos anteriores nos parece mucho más convincente y correcto para racionalizar la tendencia de la anchura de la histéresis observada frente a m , que los ofrecidos en [1], bastante difusos y menos rigurosos.

3.3.2. Efecto de la Probabilidad conjunta de grado

En esta segunda parte del trabajo, queremos ver la influencia de la *probabilidad conjunta de grado* en los resultados. Para ello, seguiremos trabajando en ambas capas del duplex con redes que sigan una distribución *scale free*. Sin embargo, estudiaremos el efecto que tiene el hecho de que las capas, en lugar de seguir una distribución correlacionada, sigan una distribución descorrelacionada y otra anticorrelacionada.

Como ya ocurría en el anterior subapartado, construimos diez duplex para el caso descorrelacionado y otros diez para el anticorrelacionado y sus respectivas variaciones de *solapamiento de enlaces* para llevar a cabo las simulaciones. Cabe destacar que, a diferencia del caso anterior, el *solapamiento de enlaces* existente entre ambas capas inicialmente adquiere un valor muy próximo a cero, por lo que en vez de reducirlo, esta vez tendremos que aumentarlo. En este proceso de aumento, ya no podemos contar con un $m_{max} = 1$, sino que, partiendo del hecho de que un nodo no tendrá el mismo grado en una capa que en la otra, el m_{max} quedará bastante limitado.

En las figuras 18 y 19 presentamos los resultados obtenidos para la red que llamamos anticorrelacionada, y en las figuras 20 y 21 los correspondientes a la red descorrelacionada. En el caso de la distribución descorrelacionada, nuestros algoritmos nos permiten alcanzar el valor máximo posible $m_{max} = 0.4$, mientras que en el de la anticorrelacionada será $m_{max} = 0.3$. Ello ciertamente limita un tanto el alcance de la información obtenible.

En particular, en el caso de anticorrelación, en el pequeño rango disponible de valores de m , no se observa variación significativa ni de las curvas correspondientes a un mismo valor de $\rho(0)$, ni por lo tanto de la anchura de la histéresis. Dado que ello no permite excluir que, en caso de encontrar posibles mayores valores de m , pudiera cambiar (véase por ejemplo la figura 16, cómo la variación de histéresis para ese mismo rango no admite extrapolación) dicha tendencia, encontramos razonable no concluir definitivamente que la histéresis no se ve afectada por el valor de m en este tipo de duplex.

Centrando ahora nuestra atención en los resultados para el duplex descorrelacionado, vemos que a pesar del estrecho rango de valores de m accesibles, $0 \leq m \leq 0.4$, aquí sí que es clara la variación con m en ambas curvas.

Todavía hay dos hechos más notables. Primero, que la histéresis es más ancha cuanto mayor es el valor de m , tendencia opuesta de la observada en el duplex totalmente correlacionada. Segundo, que $\rho(\beta, m, \rho(0))$ es decreciente con m para valores bajos de $\rho(0)$, mientras que creciente con m para valores altos de la fracción inicial de infectos. También aquí la tendencia es la contraria a la que presenta el duplex con total correlación.

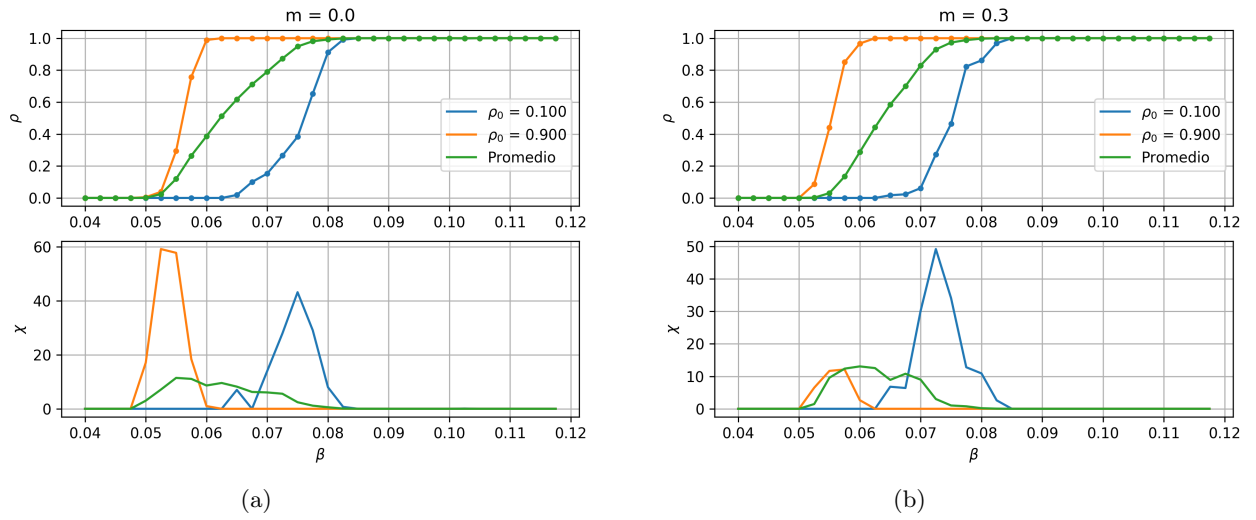


Figura 18: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β para una distribución conjunta de grado anticorrelacionada. La imagen de la izquierda ilustra las curvas correspondientes a $\rho = 0.1$ (a) y $\rho = 0.9$ en el caso de $m = 0$ y la de la derecha el de $m = 0.3$ (b).

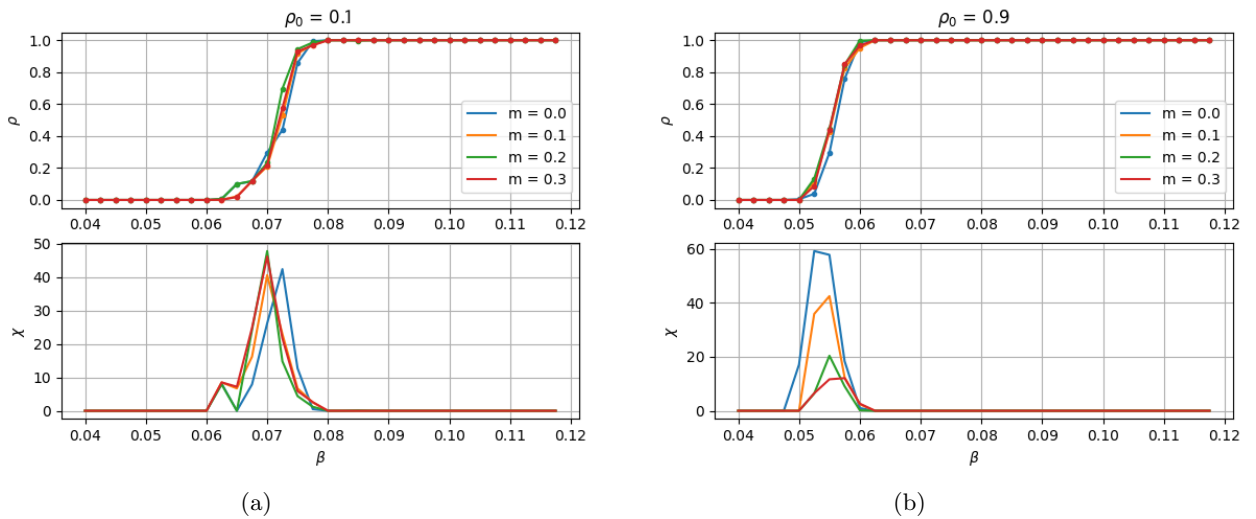


Figura 19: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β para la distribución conjunta de grado anticorrelacionada. Las imágenes ilustran las curvas correspondientes a todos los valores de m . A la izquierda, el caso de $\rho(0) = 0.1$ (a) y a la derecha $\rho(0) = 0.9$ (b).

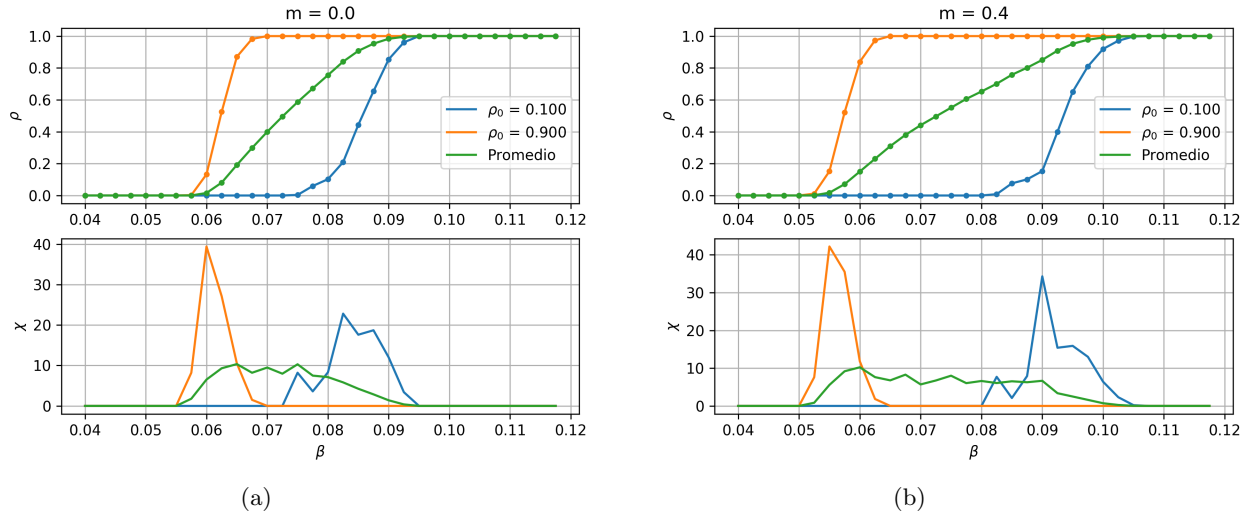


Figura 20: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β para una distribución conjunta de grado correlacionada. La imagen de la izquierda ilustra las curvas correspondientes a $\rho = 0.1$ y $\rho = 0.9$ en el caso de $m = 0$ (a) y la de la derecha el de $m = 0.4$ (b).

Esto pone de manifiesto la enorme importancia de la *distribución conjunta de grado* $P(k_s, k_c)$ en el desarrollo de procesos epidémicos. En verdad, el caso estudiado en [1] es una situación absolutamente excepcional ya que por lo general el entorno de un individuo en una capa y otra no tendrá el mismo tamaño.

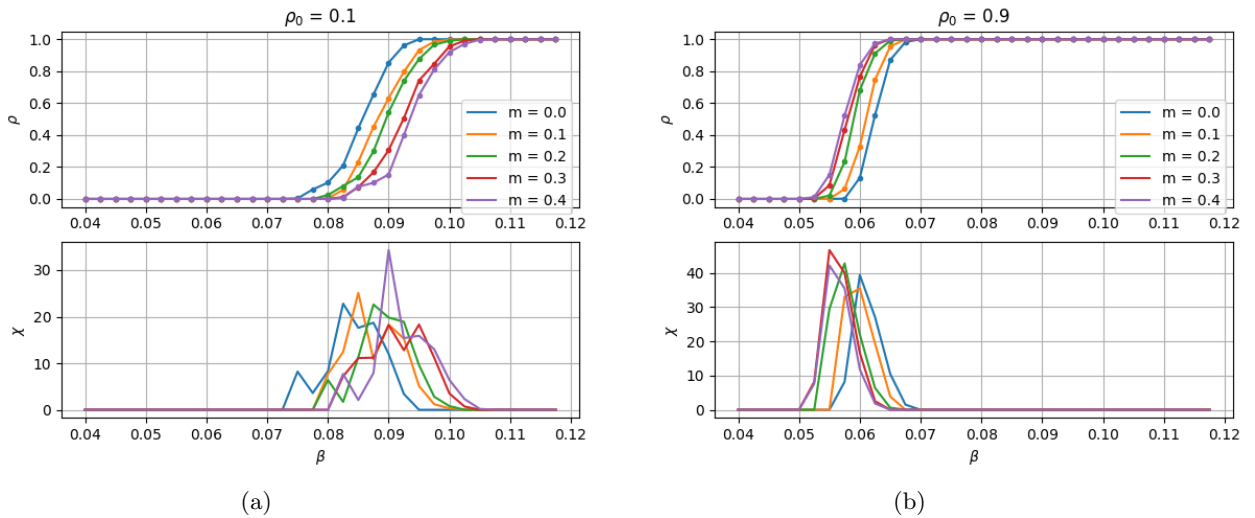


Figura 21: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β para la distribución conjunta de grado descorrelacionada. Las imágenes ilustran las curvas correspondientes a todos los valores de m . A la izquierda, el caso de $\rho(0) = 0.1$ (a) y a la derecha $\rho(0) = 0.9$ (b).

Es inmediato que la explicación encontrada para el comportamiento de $\rho(\beta, m, \rho(0))$ con m , realizada para el caso de la distribución totalmente correlacionada, no es aplicable al caso de una $P(k_s, k_c)$ descorrelacionada. ¿Cómo adaptar esa línea argumental de modo que puedan compararse los efectos de las correlaciones grado-grado entre capas? Simplemente no lo sabemos, a día de hoy. Se trata de un problema abierto que se está intentado resolver.

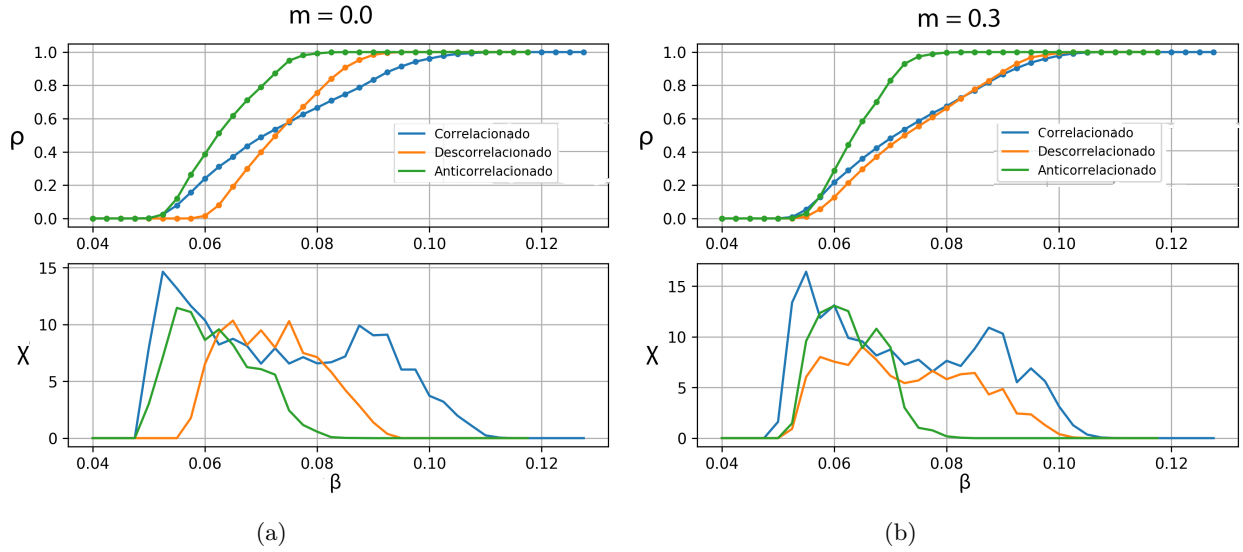


Figura 22: Representación de ρ y χ frente al parámetro de transmisión β . La imagen de la izquierda ilustra las tres curvas correspondientes a las distintas dsitribuciones en el caso de $m = 0$ (a) y la de la derecha en el de $m = 0.3$ (b).

Por último, en la gráfica 22 comparamos las curvas correspondientes a las tres *distribuciones de grado* entre sí. En ella podemos observar dos efectos.

El primero es el umbral de infección, que es el valor de β para el que el estado S puro se desestabiliza, es el mismo para el caso correlacionado y anticorrelacionado, mientras que es mayor para la descorrelacionada (aunque este valor disminuye, acercándose a los otros al incrementar m). El segundo es que para $m = 0$ la forma de las curvas correspondientes al caso anticorrelacionado y descorrelacionado es muy similar, aunque claramente desplazada. Sin embargo, la forma de ρ para el caso de correlación es claramente distinta, decreciendo mucho más lento. No ocurre lo mismo en $m = 0.3$, donde son en este caso las curvas correspondientes a la distribución correlacionada y descorrelacionada casi coincidentes, a excepción del umbral infectivo.

Como ocurría para el caso anterior, la explicación de estos comportamientos se escapan al alcance de este trabajo. Para encontrar explicaciones satisfactorias (racionalizaciones) de ellos, será necesario una combinación de conjeturas, simulaciones e hipótesis a “testear” en un proceso de feedback bastante habitual en física computacional.

3.4. Conclusiones

La conclusión más relevante del trabajo que se recoge en este informe podría resumirse así: En el marco del modelo compartimental de flujos (interacciones) “infección-recuperación” más sencillo (SIS), de dos estados y dos flujos, sobre estructuras complejas de contactos entre agentes, tales que cada interacción tiene lugar en diferentes subconjuntos de enlaces (que llamamos monocapas), es decir un duplex, *la información sobre la red social que contiene la densidad conjunta grado-grado de las monocapas condiciona de un modo determinante el estado epidémico macroscópico del sistema* (fracción asintótica de infectos en la población).

La novedad de este resultado se debe en primer lugar a lo reciente del tema “duplex” en el marco del estudio de procesos epidémicos. Seguramente su novedad será efímera dado el notable crecimiento en interés actual del tema, y lo directa del resultado (una vez se ha formulado el problema).

El siguiente logro en relevancia ha sido el proporcionar (para el caso de duplex totalmente correlacionado) una racionalización sobre la dependencia que los fenómenos epidémicos muestran respecto del solapamiento intercapa de contactos del duplex; racionalización que a nuestro juicio es más aceptable que la presentada en [1].

Creemos que este trabajo allana el camino para entender cómo el solapamiento de enlaces y las correlaciones grado-grado se entrelazan para condicionar una epidemia en el marco teórico del modelo SIS.

Referencias

- [1] Chen X., Wang R., Tang M., Cai S., Stanley H E. and Braunstein L. A 2018 *Suppressing epidemic spreading in multiplex networks with social-support*. New Journal of Physics. 20.
- [2] Newman M., *Networks: An introduction*, Oxford University Press (2010).
- [3] Mendes J.F.F., Dorogovtsev S. N. *Evolution of Networks: From Biological Nets to the Internet and WWW*, OUP Oxford (2003).
- [4] R. van der Hofstad, *Random Graphs and Complex Networks, Volumen 1*, Cambridge University Press (2016).
- [5] M. J. Keeling and P. Rohani. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*, Princeton University Press (2007).
- [6] P. Erdős and A. Rényi. On random graphs i. *Publicationes Mathematicae (Debrecen)*, 6:290–297, 1959.
- [7] A-L Baràbasi and R. Albert. Emergence of scaling in random networks. *Science*, 286:509-512, 1999.
- [8] R.M. Anderson and R.M. May *Infection diseases in humans: Dynamics and control*. Oxford University Press (1991).
- [9] E. Cozzo. *Multiplex networks structure and dynamics*. Tesis doctoral Universidad de Zaragoza (2015).