

Modelli di fenomeni di contagio interagenti su complessi simpliciali

Thomas Robiglio

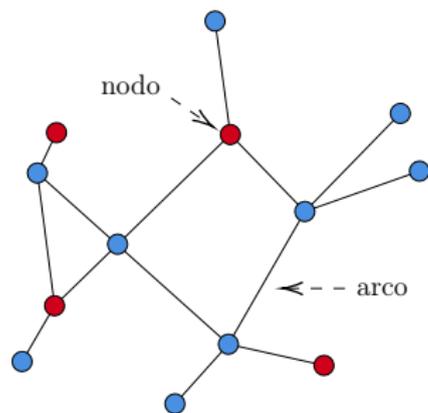
Università degli Studi di Torino - Corso di Laurea in Fisica

Luglio 2021

Relatori: Dott. Matteo Osella e Dott. Giovanni Petri

Introduzione

Il modello SIS e fenomeni di *spreading* su reti (Kiss, Miller, Simon et al. 2017)



nodi \rightarrow agenti
archi \rightarrow interazioni

► 2 stati possibili: **I** e **S**

► Infezione:



► Guarigione:



Introduzione

Fenomeni di contagio sociale

- ▶ Approccio classico a patogeni biologici

Modello "semplice":

archi → interazioni uno a uno

-
- ▶ Fenomeni di contagio sociale:
 - ▶ Formazione dell'opinione
 - ▶ Adozione di mode o comportamenti
 - ▶ Diffusione di notizie o *rumors*

Modello "simpliciale" (Iacopini et al. 2019):

simplessi → interazioni di gruppo

complesso simpliciale → struttura della popolazione

Introduzione

Patogeni interagenti

L'interazione tra patogeni **non** può essere trascurata (Chen, Ghanbarnejad e Brockmann 2017, Hébert-Dufresne, Scarpino e Young 2019):

- ▶ Interazione tra patogeni biologici
 - ▶ Competizione tra ceppi di un'infezione
 - ▶ Mutuo rafforzamento tra malattie simultanee
- ▶ Interazione tra fenomeni sociali di *spreading*
- ▶ Interazione tra comportamenti sociali e infezioni biologiche
 - ▶ Politiche di sensibilizzazione o prevenzione
 - ▶ Adozione di comportamenti rischiosi da parte della popolazione

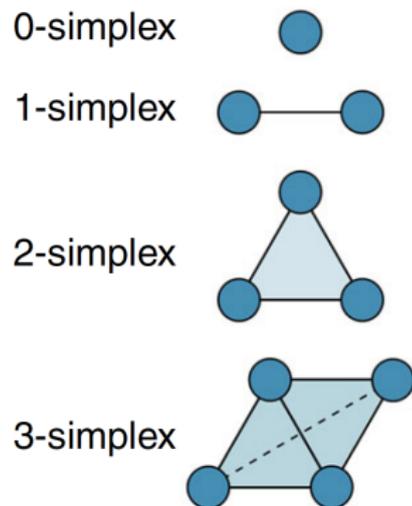
Complessi simpliciali

Definizioni (Hatcher 2005)

Simplesso: generalizzazione intuitiva di triangolo a dimensioni arbitrarie

Definizione (Simplesso)

Un k -simplesso σ è un insieme di $k + 1$ nodi $\sigma = [p_0, p_1, \dots, p_k]$.



Fonte: Iacopini et al. 2019

Figura: Esempi di
simplessi

Definizione (Complesso simpliciale)

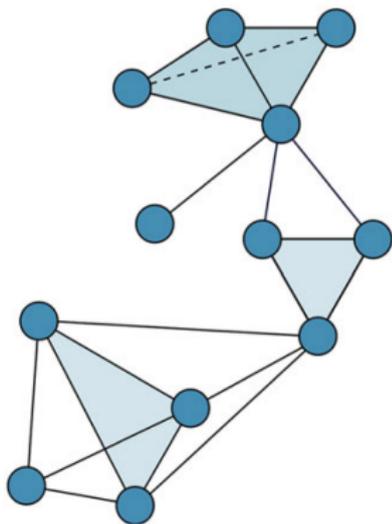
Un complesso simpliciale \mathcal{K} su un dato insieme di nodi \mathcal{V} , con $|\mathcal{V}| = N$, è una collezione di semplici con la condizione aggiuntiva:

$$\sigma \in \mathcal{K} \rightarrow \forall \nu \subset \sigma, \nu \in \mathcal{K}$$

dove ν è un sottosimplesso di σ .

I **parametri medi** che descrivono un complesso sono:

- ▶ $\langle k_1 \rangle$: grado medio dei nodi
- ▶ $\langle k_{\Delta} \rangle$: numero atteso di 2-simplessi incidenti per nodo
- ▶ ...



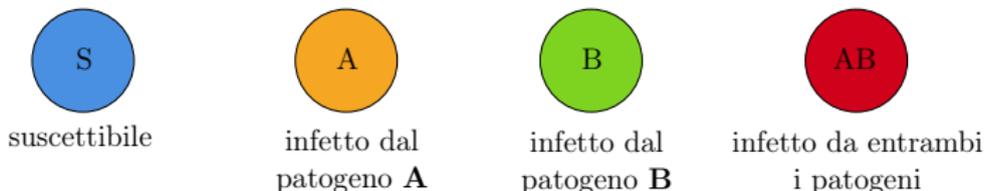
Fonte: Iacopini et al.
2019

Figura: Esempio di complesso simpliciale

Modellizzazione del contagio

Variabili di stato

Diffusione di due patogeni competitivi/cooperativi **A** e **B**; gli agenti possono essere in uno dei 4 stati:



Associamo all' i -esimo agente 3 **variabili dinamiche di stato**:

$$x_i^\gamma(t) \in \{0, 1\}, \text{ con } x_i^\gamma(t) = \begin{cases} 1 & \text{se } i \text{ nello stato } \gamma \\ 0 & \text{altrimenti} \end{cases}$$

dove $\gamma = A, B, AB$

Modellizzazione del contagio

Densità di infetti

I parametri macroscopici sono:

1. Densità di agenti nello stato A:

$$u(t) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^A(t)$$

2. Densità di agenti nello stato B:

$$v(t) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^B(t)$$

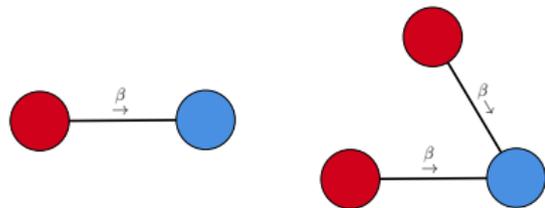
3. Densità di agenti nello stato AB:

$$w(t) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_i^{AB}(t)$$

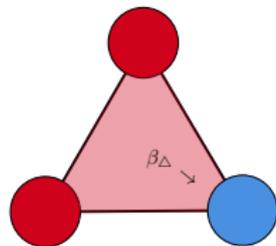
Modellizzazione del contagio

Processo di contagio (Iacopini et al. 2019)

Contagio "semplice" per uno dei patogeni (**A** o **B**):



Contagio "simpliciale" per uno dei due patogeni:



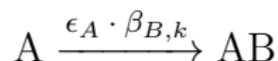
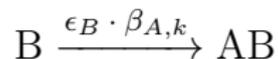
$\{\beta_1, \beta_2, \dots, \beta_D\}$: **probabilità di contagio per unità di tempo** che se i (suscettibile al patogeno) partecipa in un simpleso σ ($\dim(\sigma) = D$) da ognuna delle sottofacce di σ se tutte gli altri nodi della sottofaccia sono infetti.

Modellizzazione del contagio

Processo di guarigione (Iacopini et al. 2019) e interazione tra i patogeni (Chen, Ghanbarnejad e Brockmann 2017)

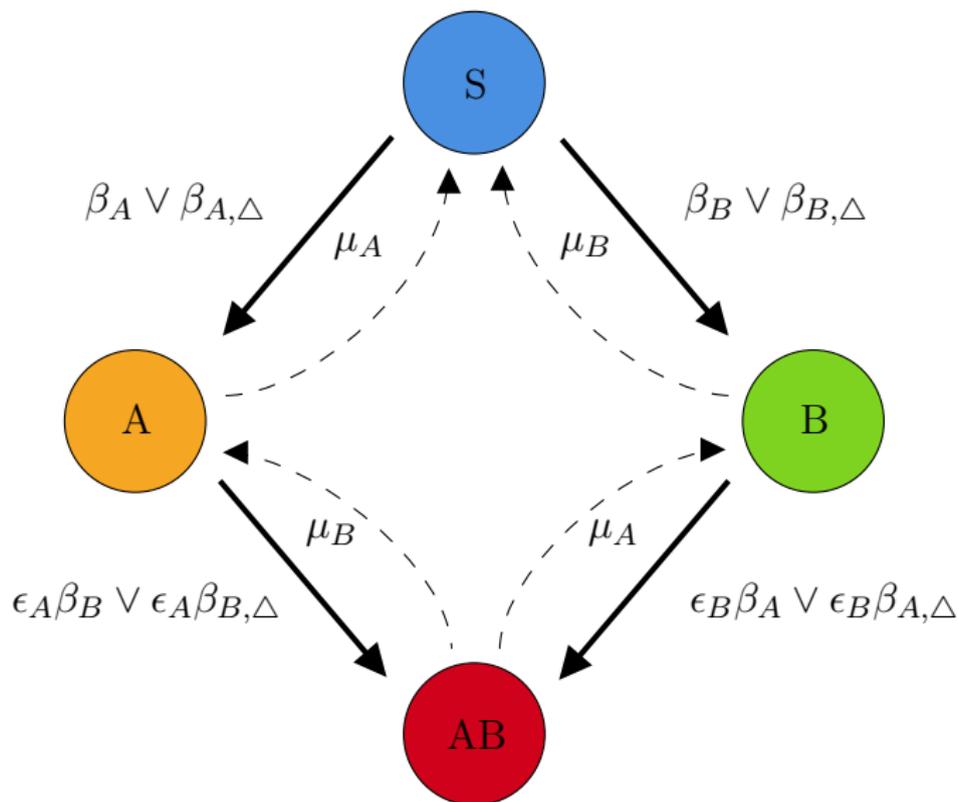
Probabilità di guarigione per unità di tempo dal patogeno **A** (o **B**) per unità di tempo: μ_A (o μ_B)

Interazione tra i patogeni: parametri moltiplicativi ϵ_A e ϵ_B



$$\begin{cases} \epsilon_A, \epsilon_B > 1 & \text{patogeni cooperanti} \\ \epsilon_A, \epsilon_B < 1 & \text{patogeni competitivi} \end{cases}$$

Riassumendo:



Equazioni di campo medio

Assunzioni (Iacopini 2021)

- ▶ *homogeneous mixing hypothesis*: gli individui con cui interagisce un nodo suscettibile sono scelti casualmente nell'intera popolazione
- ▶ Tutti i nodi interagiscono ogni volta circa con lo stesso numero di individui

→ la topologia del sistema è ben descritta dalle proprietà medie

Equazioni di campo medio

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{w} = -\mu_A w - \mu_B w + \epsilon_B (\langle k_1 \rangle \beta_A (u+w)v + \langle k_\Delta \rangle \beta_{A,\Delta} (u+w)^2 v) + \\ \quad + \epsilon_A (\langle k_1 \rangle \beta_B (v+w)u + \langle k_\Delta \rangle \beta_{B,\Delta} (v+w)^2 u) \\ \dot{u} = -\mu_A u - \epsilon_A (\langle k_1 \rangle \beta_B (v+w)u + \langle k_\Delta \rangle \beta_{B,\Delta} (v+w)^2 u) + \\ \quad + \langle k_1 \rangle \beta_A (u+w)s + \langle k_\Delta \rangle \beta_{A,\Delta} (u+w)^2 s + \mu_B w \\ \dot{v} = -\mu_B v - \epsilon_B (\langle k_1 \rangle \beta_A (u+w)v + \langle k_\Delta \rangle \beta_{A,\Delta} (u+w)^2 v) + \\ \quad + \langle k_1 \rangle \beta_B (v+w)s + \langle k_\Delta \rangle \beta_{B,\Delta} (v+w)^2 s + \mu_A w \end{array} \right.$$

$$\boxed{AB \rightarrow B \quad AB \rightarrow A \quad B \rightarrow AB \quad A \rightarrow AB \quad S \rightleftharpoons A/B}$$

Assumendo per semplicità:

$$\mu_A = \mu_B \equiv \mu$$

e introducendo le **infettività riscalate**:

$$\lambda_A = \frac{\beta_A \langle k_1 \rangle}{\mu} \quad \lambda_{A,\Delta} = \frac{\beta_{A,\Delta} \langle k_\Delta \rangle}{\mu} \quad \lambda_B = \frac{\beta_B \langle k_1 \rangle}{\mu} \quad \lambda_{B,\Delta} = \frac{\beta_{B,\Delta} \langle k_\Delta \rangle}{\mu}$$

$$\left\{ \begin{array}{l} \dot{w} = -2w + \epsilon_B(\lambda_A(u+w)v + \lambda_{A,\Delta}(u+w)^2v) + \\ \quad + \epsilon_A(\lambda_B(v+w)u + \lambda_{B,\Delta}(v+w)^2u) \\ \dot{u} = -u - \epsilon_A(\lambda_B(v+w)u + \lambda_{B,\Delta}(v+w)^2u) + \\ \quad + \lambda_A(u+w)s + \lambda_{A,\Delta}(u+w)^2s + w \\ \dot{v} = -v - \epsilon_B(\lambda_A(u+w)v + \lambda_{A,\Delta}(u+w)^2v) + \\ \quad + \lambda_B(v+w)s + \lambda_{B,\Delta}(v+w)^2s + w \end{array} \right.$$

Risultati

Abbassamento dell'*epidemic threshold*

Abbassamento della soglia critica tra **stato sano** ($\rho^* = 0$) e **stato endemico** ($\rho^* > 0$).

Per modello semplice **non interagente** $\lambda_c = 1$.

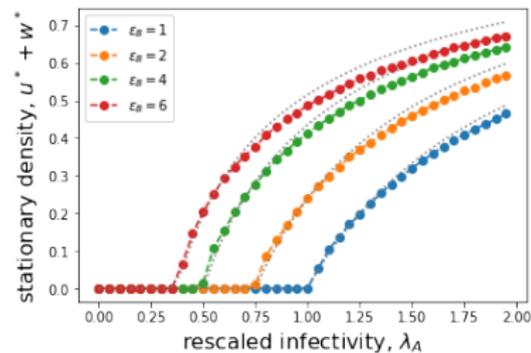


Figura: Contagio semplice,
 $\lambda_{A,\Delta} = 0, 0$

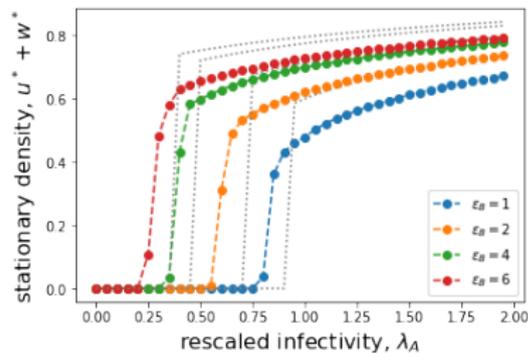


Figura: Contagio simpliciale,
 $\lambda_{A,\Delta} = 2, 5$

Risultati

Sopravvivenza e *critical mass effect* per un patogeno semplice

Un patogeno B che segue una diffusione semplice "sopravvive" grazie all'interazione con un patogeno A simpliciale e mostra *critical mass effect* (Iacopini et al. 2019).

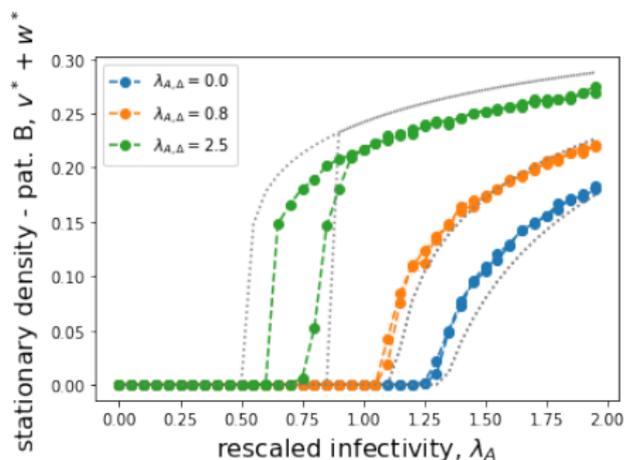


Figura: Patogeno B semplice, $\lambda_B = 0,8 - \lambda_{B,\Delta} = 0,0$

Conclusioni*

- ▶ **Abbassamento dell'*epidemic threshold***: patogeni meno infettivi possono raggiungere lo stato endemico se cooperanti.
- ▶ Un **patogeno semplice** mostra *macroscopicamente* un **comportamento simpliciale** se interagisce con un patogeno simpliciale:
 1. Cambiamento dell'**ordine della transizione** tra $\rho^* = 0$ e $\rho^* > 0$
 2. **ciclo di esteresi**: bistabilità con dipendenza dalla densità iniziale di infetti.

* Codice disponibile: github.com/thomasrobiglio/SimplicialInteractingContagion

Riferimenti bibliografici

- [1] Allen Hatcher. *Algebraic topology*. 2005.
- [2] Li Chen, Fakhteh Ghanbarnejad e Dirk Brockmann. “Fundamental properties of cooperative contagion processes”. In: *New Journal of Physics* 19.10 (2017).
- [3] István Z. Kiss, Joel C. Miller, Péter L. Simon et al. *Mathematics of epidemics on networks*. Vol. 598. Springer, 2017.
- [4] Laurent Hébert-Dufresne, Samuel V. Scarpino e Jean-Gabriel Young. “Interacting contagions are indistinguishable from social reinforcement”. In: *arXiv preprint arXiv:1906.01147* (2019).
- [5] Iacopo Iacopini et al. “Simplicial models of social contagion”. In: *Nature communications* 10.1 (2019), pp. 1–9.
- [6] David Soriano-Paños et al. “Markovian approach to tackle the interaction of simultaneous diseases”. In: *Physical Review E* 100.6 (2019), p. 062308.
- [7] Joan T. Matamalas, Sergio Gómez e Alex Arenas. “Abrupt phase transition of epidemic spreading in simplicial complexes”. In: *Physical Review Research* 2.1 (2020), p. 012049.
- [8] Iacopo Iacopini. “Modelling the social dynamics of contagion and discovery using dynamical processes on complex networks.” Tesi di dott. Queen Mary University of London, 2021.

Appendice

Costruzione di RSC (*Random Simplicial Complexes* (Iacopini et al. 2019))

Necessità di controllare le **proprietà locali** dei complessi:

- ▶ $\langle k_1 \rangle$: grado medio dei nodi
- ▶ $\langle k_\Delta \rangle$: numero atteso di 2-simplessi incidenti per nodo

Procedura:

1. Creazione di un **grafo di Erdős-Rényi** con N nodi e probabilità p_1 di creare un arco tra due nodi i e j .
2. Creazioni di 2-simplessi tra tutte le combinazioni di 3 nodi (i, j, k) con probabilità $p_2 \equiv p_\Delta$.

- ▶ Possibilità di esistenza di $k + 1$ -*cliques* non considerate k -simplessi.
- ▶ Tramite p_1 e p_2 controlliamo $\langle k_1 \rangle$ e $\langle k_\Delta \rangle$:

$$p_2 = \frac{2\langle k_\Delta \rangle}{(N-1)(N-2)}$$

$$p_1 = \frac{\langle k_1 \rangle - \langle k_\Delta \rangle}{(N-1) - 2\langle k_\Delta \rangle}$$

Appendice

Microscopic Markov Chain Approach

Seguendo Soriano-Paños et al. 2019 e Matamalas, Gómez e Arenas 2020 si sviluppa un approccio MMCA.

La struttura della popolazione è descritta dalla **matrice di adiacenza** $\{a_{i,j}\}$ i cui elementi $a_{i,j} = 0, 1$ se non nulli indicano l'esistenza di un arco tra i nodi i e j e dal **tensore di adiacenza** $\{a_{i,j,k}\}$ i cui elementi $a_{i,j,k} = 0, 1$ se non nulli indicano la presenza di un 2-simplesso (i, j, k) .

Dato un agente $i \in \mathcal{V}$ idichiamo con $[\rho^\gamma]_i^t$ la **probabilità che tale agente si trovi al tempo t nello stato γ** ($\gamma = A, B, AB$).

Per semplicità si aggiunge anche lo stato S tale che:

$$[\rho^S]_i^t = 1 - [\rho^A]_i^t - [\rho^B]_i^t - [\rho^{AB}]_i^t$$

L'evoluzione temporale di tali probabilità è data da:

$$\begin{aligned}
 [\rho^{AB}]_i^{t+1} &= \\
 &= [\rho^B]_i^t (1 - \mu_B) \left(1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \epsilon_B \beta_A ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \right) \\
 &\cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \epsilon_B \beta_{A, \Delta} ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^A]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right] + \\
 &+ [\rho^A]_i^t (1 - \mu_A) \left(1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \epsilon_A \beta_B ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \right) \\
 &\cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \epsilon_A \beta_{B, \Delta} ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^B]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right] + \\
 &+ [\rho^{AB}]_i^t (1 - \mu_A) (1 - \mu_B)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
[\rho^A]_i^{t+1} &= [\rho^B]_i^t \mu_B \left(1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \epsilon_B \beta_A ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \right. \\
&\cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \epsilon_B \beta_{A, \Delta} ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^A]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right] \Big) + \\
&\quad + [\rho^A]_i^t (1 - \mu_A) \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \epsilon_A \beta_B ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \cdot \\
&\quad \cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \epsilon_A \beta_{B, \Delta} ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^B]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right] +
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
& + [\rho^{AB}]_i^t \mu_B (1 - \mu_A) + [\rho^S]_i^t f_A \left(1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} (\beta_A ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) + \right. \right. \\
& \quad \left. \left. + \beta_B ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) - \beta_A \beta_B ([\rho^{AB}]_j^t)^2 \right] \right. \\
& \quad \cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} (\beta_{A, \Delta} ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^A]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) + \right. \\
& \quad \left. \left. + \beta_{B, \Delta} ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^B]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) - \beta_{A, \Delta} \beta_{B, \Delta} ([\rho^{AB}]_j^t)^2 ([\rho^{AB}]_k^t)^2 \right] \right)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
[\rho^B]_i^{t+1} &= [\rho^A]_i^t \mu_A \left(1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \epsilon_A \beta_B ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \right. \\
&\cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \epsilon_A \beta_{B, \Delta} ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^B]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right] \Big) + \\
&\quad + [\rho^B]_i^t (1 - \mu_B) \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \epsilon_B \beta_A ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \cdot \\
&\quad \cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \epsilon_A \beta_{B, \Delta} ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^A]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right] +
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
& + [\rho^{AB}]_i^t \mu_A (1 - \mu_B) + [\rho^S]_i^t f_B \left(1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} (\beta_A ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) + \right. \right. \\
& \quad \left. \left. + \beta_B ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) - \beta_A \beta_B ([\rho^{AB}]_j^t)^2 \right] \right. \\
& \quad \cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} (\beta_{A, \Delta} ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^A]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) + \right. \\
& \quad \left. + \beta_{B, \Delta} ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^B]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) - \beta_{A, \Delta} \beta_{B, \Delta} ([\rho^{AB}]_j^t)^2 ([\rho^{AB}]_k^t)^2 \right] \Big)
\end{aligned}$$

I processi che coinvolgono gli **agenti completamente suscettibili** sono regolati dai parametri f_A e f_B che tengono conto della probabilità una delle due infezioni quando esposti ad entrambi i patogeni. Se si assume che quando un agente nello stato S è in contatto con entrambi i patogeni quando interagisce con i suoi vicini (e analogo per interazione triangolare) le due infezioni possono essere contratte con la stessa probabilità si ha:

$$f_A = \frac{g_A(1 - \frac{1}{2}g_B)}{g_A(1 - \frac{1}{2}g_B) + g_B((1 - \frac{1}{2}g_A))}$$

$$f_B = \frac{g_B(1 - \frac{1}{2}g_A)}{g_A(1 - \frac{1}{2}g_B) + g_B((1 - \frac{1}{2}g_A))}$$

Dove g_A e g_B sono le probabilità di infezione:

$$g_A = 1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \beta_A ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \beta_{A, \Delta} ([\rho^A]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^A]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right]$$

$$g_B = 1 - \prod_{i \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ij} \beta_B ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) \right] \cdot \prod_{j, k \in \mathcal{V}} \left[1 - a_{ijk} \beta_{B, \Delta} ([\rho^B]_j^t + [\rho^{AB}]_j^t) ([\rho^B]_k^t + [\rho^{AB}]_k^t) \right]$$