

Sadržaj

1.	Uvod	1
2.	Teorijsko Objašnjenje	2
2.1.	SIR model	2
2.2.	Karantene.....	4
2.3.	Kompleksne mreže	5
3.	Modeli mreža	7
3.1.	Power Grid	7
3.1.1.	Opis mreže	7
3.1.2.	Svojstva mreže.....	7
3.2.	Astrophysics collaborations.....	8
3.2.1.	Opis mreže	8
3.2.2.	Svojstva mreže.....	8
3.3.	Internet.....	9
3.3.1.	Opis mreže	9
3.3.2.	Svojstva mreže.....	9
3.4.	Opis GML formata	10
4.	Metode-Algoritmi.....	12
4.1.	Algoritam zaraze – SIR model.....	12
4.1.1.	Ulazni parametri	12
4.1.2.	Opis algoritma	13
4.2.	Algoritam karantene 1	15
4.2.1.	Ulazni parametri	15
4.2.2.	Opis algoritma	16
4.3.	Algoritam karantene 2	17
4.3.1.	Ulazni parametri	18
4.3.2.	Opis algoritma	18

5.	Rezultati.....	20
5.1.	Analiza SIR modela.....	20
5.2.	Rezultati „Power grid“ mreže (poseban slučaj).....	22
5.2.1.	Karantena 1.....	22
5.2.2.	Karantena 2.....	26
5.3.	Rezultati „Power grid“ mreže.....	30
5.3.1.	Karantena 1.....	30
5.3.2.	Karantena 2.....	33
5.4.	Rezultati „Astrophysics collaborations“ mreže.....	36
5.4.1.	Karantena 1.....	36
5.4.2.	Karantena 2.....	40
5.5.	Rezultati „Internet“ mreže.....	44
5.5.1.	Karantena 1.....	44
5.5.2.	Karantena 2.....	48
5.6.	Rezultati „Internet“ mreže (poseban slučaj).....	52
5.6.1.	Karantena 1.....	52
5.6.2.	Karantena 2.....	56
6.	Diskusija rezultata.....	60
6.1.	Daljnji razvoj.....	61
7.	Zaključak.....	62
8.	Literatura.....	63

1. Uvod

Kompleksne mreže su jedna od mlađih grana znanosti, nastale kao potreba za prikazivanjem struktura koje nisu bile moguće prikazati običnim slučajnim grafovima. Mnogi društven, biološki i komunikacijski sustavi iskazuju svojstva kompleksnih mreža [1, 2]. Ovakvi sustavi posjeduju interakciju visoke razine koja nije u potpunosti slučajna, već postoje određene hijerarhijske, obiteljske, i druge organizacije.

Proučavanje širenja zaraze među ljudskom populacijom i internetom ostvareno je modeliranjem populacije kompleksnim mrežama i modeliranjem zaraze SIR epidemiološkim modelom. Dugo je vremena korišten klasični epidemiološki model koji nije uzimao u obzir prirodu veza i strukture mreža po kojima se širi. Danas su osmišljeni realističniji i kvalitetniji modeli epidemija koji daju puno kvalitetnije i bolje rezultate od klasičnog modela (npr. SIR model) [3].

Ovaj rad proučava utjecaj karantena na širenje zaraze u kompleksnim mrežama. Modelirane su dvije vrste karantena ovisno o njihovom topološkom utjecaju na kompleksnu mrežu. Širenje zaraze i utjecaj karantena modeliran je na SIR epidemiološkom modelu. Simulacije su rađene na tri kompleksne mreže čije su veličine od 5 tisuća pa preko 20 tisuća čvorova.

U drugom poglavlju dana je teorijska podloga rada. Opisan je klasični SIR model, karantene te kompleksne mreže. Treće poglavlje opisuje kompleksne mreže na kojima su provođene simulacije, daje osnovne topološke informacije i prikaz distribucija. U četvrtom poglavlju opisuju se modeli karantena i algoritmi ostvareni u ovom radu. Dobiveni rezultati prikazani su u petom poglavlju, dok je u šestom provedena diskusija rezultata. Sedmo i osmo poglavlje predstavljaju zaključak i sažetak rada.

2. Teorijsko Objašnjenje

2.1. SIR model

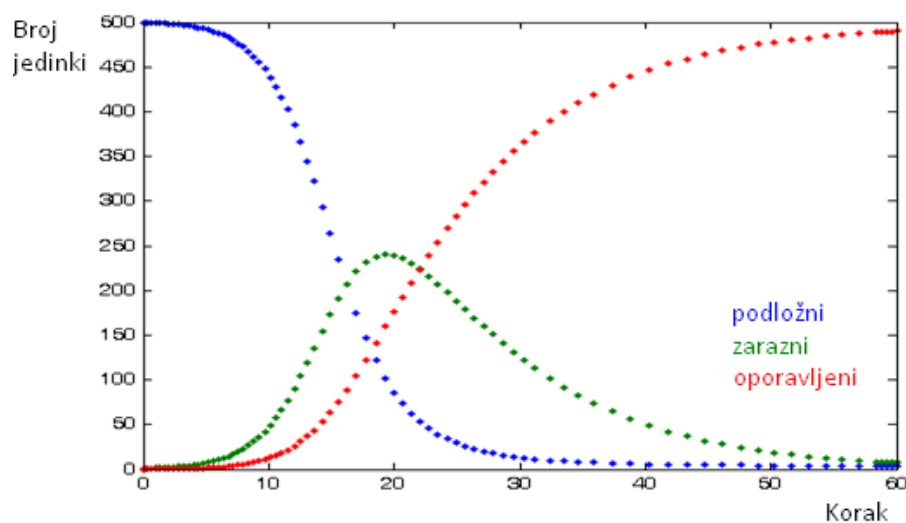
Epidemiološki model koji služi za teorijski izračun broja jedinki zaraženih nekom zaraznom bolesti u zatvorenoj populaciji. Ime modela proizlazi iz činjenice da se modelira jednadžbama u odnosu na broj podložnih (eng. *susceptible*), broj zaraženih (eng. *infectious*), i broj oporavljenih (eng. *recovered*) jedinki. Time je podijeljen na tri odjeljka: S (*susceptible*, $S(t)$), I (*infectious*, $I(t)$), R (*recovered*, $R(t)$). Jedan od najjednostavnijih SIR modela je Kermack-McKendrick model [1].

Svaka jedinka populacije (u većini slučajeva) prolazi sve stadije zaraze. Na početku je podložna, potom postaje zaražena i onda oporavljena. To se lijepo može prikazati dijagramom gdje svaki pravokutnik predstavlja odjeljak a strelice prijelaze između odjeljaka (slika 2.1).



Slika 2.1 Dijagram SIR model

SIR je dinamički model, gdje se broj jedinki u svakom odjeljku mijenja ovisno o vremenu. Tijekom epidemije, broj podložnih (S) jedinki naglo opada kako postaju zaražene (I) i nakon toga oporavljene (R) (slika 2.2).



Slika 2.2 Dinamika SIR modela

Kermack-McKendrick model je predložen kako bi objasnio nagle poraste i padove broja zaraženih pacijenata tijekom epidemija poput kuge (London 1665-1666, Bombay 1906) i kolere (London 1865).

Pretpostavke koje moraju biti zadovoljene kako bi se ostvario SIR model:

- Populacije su nepromjenjive veličine (nema rađanja ni umiranja od bolesti ili prirodnom smrću)
- Ne postoji period inkubacije
- Trajanje zaraze je jednako duljini same bolesti
- Pretpostavljena homogena populacija je bez dobne, prostorne i socijalne strukture.

Razlog kojim možemo opravdati te pretpostavke je to što je pojava epidemije puno brža od dinamike populacije, dakle, ukoliko je cilj istražiti izravne posljedice epidemije, možemo zanemariti dinamiku populacije.

SIR model možemo predložiti preko sustava diferencijalnih jednadžbi (Kermack-McKendrick):

$$\frac{dS}{dt} = -\beta IS \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta IS - \gamma I \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (3)$$

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \quad (4)$$

Ovaj sustav nije linearan. Iz (4) slijedi:

$$S(t) + I(t) + R(t) = \textit{konstanta} = N \quad (5)$$

Dobivamo N koji pokazuje da je veličina populacije konstantna.

Osnovni omjer reprodukcije zaraze (R_0) predstavlja očekivani broj novozaraženih od istog izvora u populaciji u kojoj su sve jedinke podložne.

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (6)$$

Dijeljenjem diferencijalne jednačbe (1) i (3), te integriranjem dobivamo:

$$S(t) = S(0)e^{-R_0(R(t)-R(0))} \quad (7)$$

gdje su $S(0)$ i $R(0)$ početni broj podložnih odnosno oporavljenih jedinki populacije.

Pustimo li funkciju u beskonačnost, $t \rightarrow +\infty$, dobivamo:

$$R_\infty = 1 - S(0)e^{-R_0(R_\infty-R(0))} \quad (8)$$

ova jednačba nam govori da na kraju epidemije, nisu sve jedinke oporavljene, već postoje neke koje su ostale podložne, tj nisu ni bile zaražene. To znači da je kraj epidemije uzrokovan smanjenju zaraženih jedinki, a ne potpunom nedostatku podložnih jedinki.

2.2. Karantene

Karantena je voljna ili obavezna izolacija, obično s namjerom sprječavanja širenja npr. zaraze, te je jedan od najčešće korištenih mjera kontrole zaraznih bolesti (npr. SARS, svinjska i ptičja gripa itd.) [5, 6].

U ovom radu primijenjena su dva tipa karantena.

Prostorno odijeljena karantena provodi izolaciju na način da fizički odjeljuje dijelove populacije i na taj način ograničava polje djelovanja zaraze. Postoji više manjih karantena koje se ne spajaju, time se lokalizira zaraza i drastično smanjuje potencijalno širenje.

Funkcijski odijeljena karantena provodi izolaciju na način da ograničava polje djelovanja zaraze. Postoji jedna zajednička karantena u koju se smještaju jedinke. Zaraza se može širiti unutar karantene i izvan karantene, ali ne iz nje ili u nju.

Obje vrste karantena imaju svoje prednosti i mane, prva, prostorno odijeljena karantena je složenija i sporija od funkcijske karantene. No u nekim slučajevima daje osjetno drugačije i bolje rezultate.

2.3. Kompleksne mreže

Ovaj rad proučava širenje zaraze među ljudskim kontaktima. Ljudske zajednice i interakcije najbolje se mogu prikazati kompleksnim mrežama. Mark Newman je mreže podijelio obzirom na oblike koji su vidljivi u stvarnosti na: biološke mreže, tehnološke mreže, društvene mreže i mreže informacija [7]. Većina zajednica i društvenih kontakata pokazuju mnoga netrivialna topološka svojstva, te su u njihovim odnosima vidljivi obrasci koji nisu potpuno nasumični ali ni potpuno uređeni. Primjerice, vidljive su razne hijerarhijske i društvene strukture, visoki koeficijenti grupiranja i sl.

Kompleksne mreže koje najbolje predočuju ljudsku zajednicu su takozvane „Mreže bez skale“ (eng. *Scale-free networks*) [8]. Takve mreže slijede distribuciju zakona potencije (eng. *Power law*), čija je raspodjela vidljiva na slici 2.3.

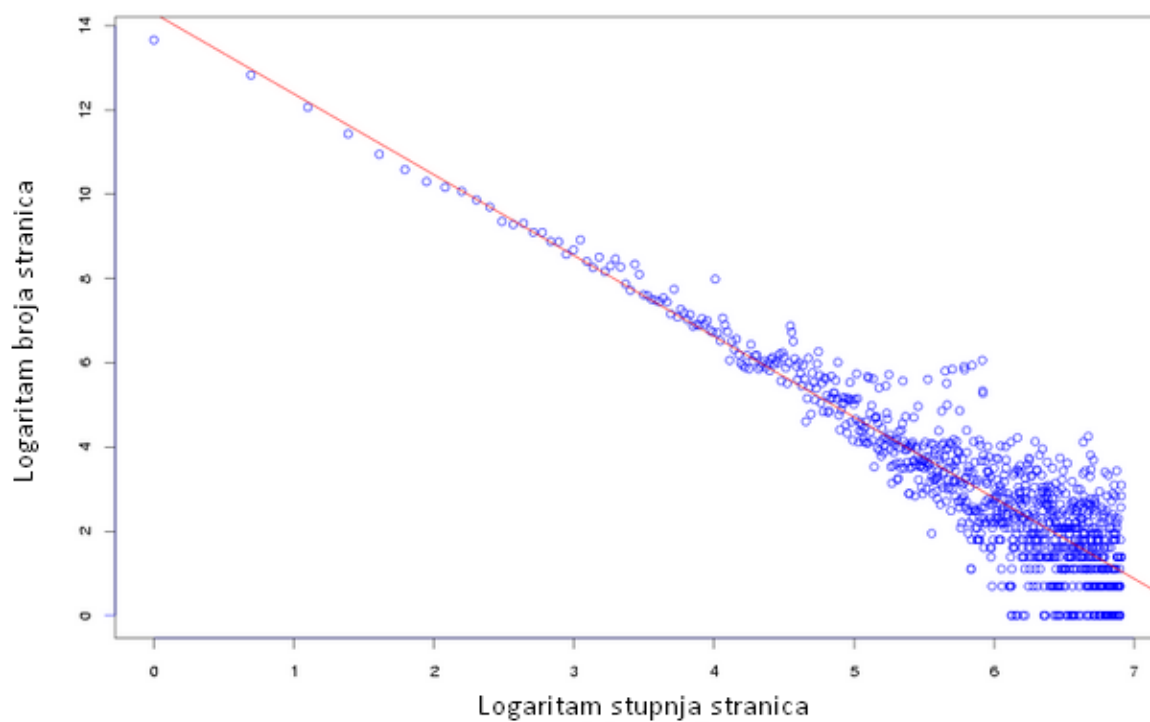


Slika 2.3 „Power law“ krivulja

Karakteristika „Power law“ distribucije je upravo u tome što se ponaša slično kao mreža ljudskih kontakata. U mreži s takvom distribucijom postoji mali broj čvorova čiji su stupnjevi nekoliko redova veličine veći od prosjeka, takvi čvorovi se često nazivaju čvorišta (eng. *Hub*).

Primjer takve raspodjele u stvarnom svijetu mogao bi biti struktura Afričke internetske mreže, pod time se misli na internet stranice čije adrese imaju sufiks

neke afričke države. Prikaz takve distribucije bi upravo bio dijagram „Power law“ distribucije (Slika 2.4) [9].



Slika 2.4 Power law distribucija „Afričke mreže“

3. Modeli mreža

U ovom poglavlju predstavljeni su modeli mreža na kojima su izvršene simulacije. Za svaku mrežu objašnjeno je što predstavlja, kako je strukturirana, dana je tablica osnovnih svojstava [10] te je prikazana njezina distribucija stupnjeva pomoću programskog jezika R. Na kraju je ukratko opisan GML format u kojem su mreže pohranjene [11].

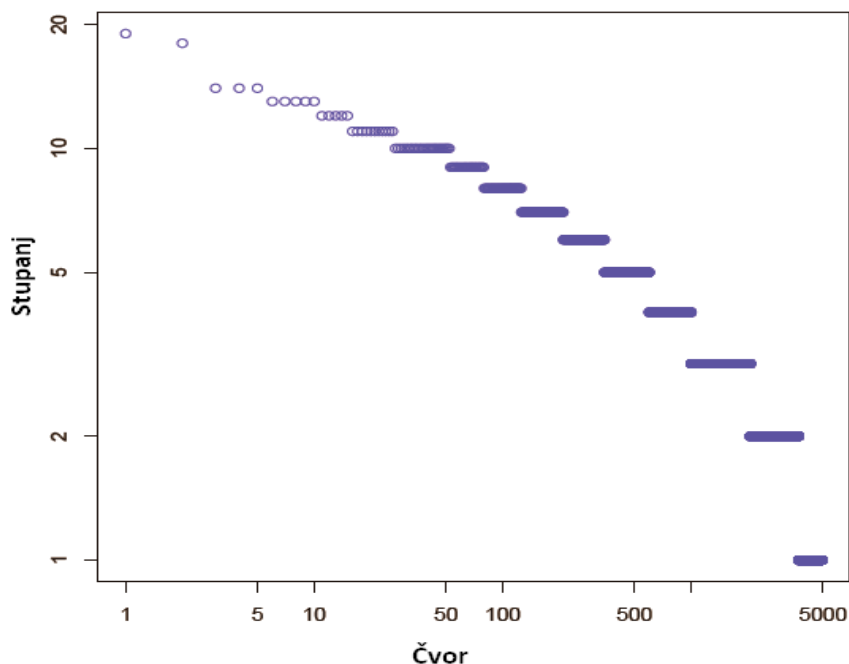
3.1. Power Grid

3.1.1. Opis mreže

Kompleksna mreža koja predstavlja zapadni dio energetske mreže Sjedinjenih Američkih Država. Podaci su sakupljeni sa strane američkog sveučilišta Columbia. Veze su bestežinske i neusmjerene. Mreža je zapisana u GML formatu. Podatke je sakupio i uredio M. Newman [12].

3.1.2. Svojstva mreže

Broj čvorova, n	4941
Broj bridova, m	13188
Srednji stupanj čvora, k_{avg}	2.669
Najveći stupanj čvora, k_{max}	19



Slika 3.1 Distribucija "Power Grid" mreže

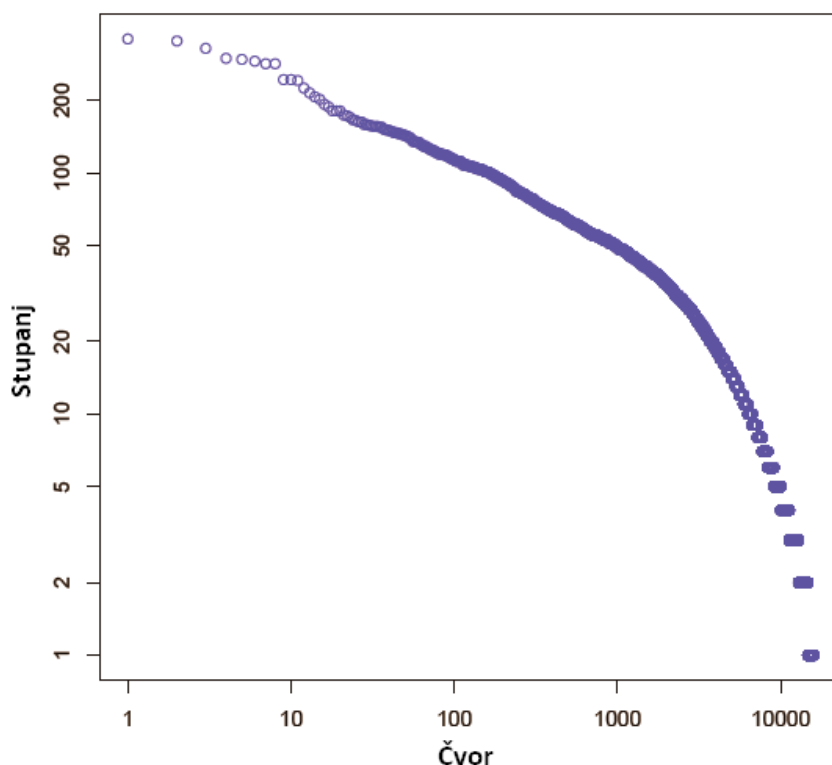
3.2. Astrophysics collaborations

3.2.1. Opis mreže

Mreža se sastoji od znanstvenika koji su objavljivali znanstvene radove na internet lokaciji „Astrophysics E-Print Archive“ u periodu od 1995. do 1999. godine. Mreža je zapisana u GML formatu. Podatke je sakupio i uredio M. Newman [10]. Znanstvenici u toj mreži predstavljaju čvorove, dok veze između čvorova postoje samo ako su ti znanstvenici zajedno sudjelovali u izradi nekog od znanstvenih radova objavljenih u arhivu. Veze su težinske i neusmjerene.

3.2.2. Svojstva mreže

Broj čvorova, n	16706
Broj bridova, m	242502
Srednji stupanj čvora, k_{avg}	14.515
Najveći stupanj čvora, k_{max}	360



Slika 3.2 Distribucija „Astrophysics collaborations“ mreže

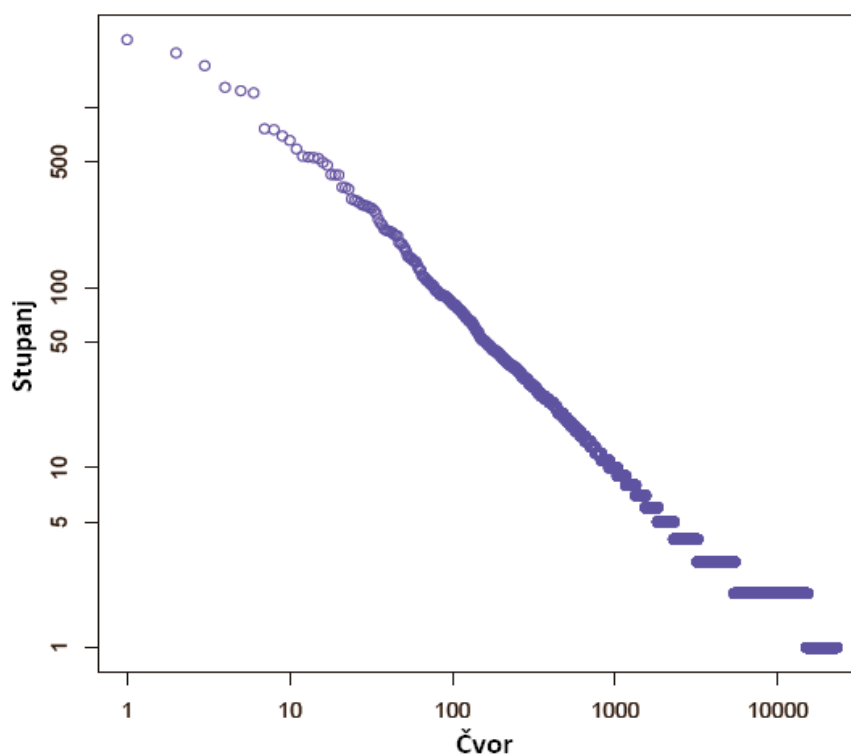
3.3. Internet

3.3.1. Opis mreže

Ova mreža je prikaz interneta na razini autonomnih sustava rekonstruirana na temelju tablica usmjerivača, 22. srpnja 2006. na sveučilištu „University of Oregon“. Veze su bestežinske i neusmjerene. Mreža je zapisana u GML formatu. Podatke je sakupio i uredio M. Newman [10].

3.3.2. Svojstva mreže

Broj čvorova, n	22963
Broj bridova, m	96872
Srednji stupanj čvora, k_{avg}	32.9424
Najveći stupanj čvora, k_{max}	2390



Slika 3.3 Distribucija "Internet" mreže

3.4. Opis GML formata

Postoji mnogo različitih oblika prikaza grafova kompleksnih mreža, od jednostavnih matrica susjedstva do kompleksnijih struktura. Posljedica toga je postojanje nekompatibilnosti i pretvorbe formata kod mnogih programa. Jedan od uobičajenih oblika pohrane podataka o grafu je GML format (eng. *Graph Modelling Language*) [11].

Tabela 3.1 GML primjer grafa s tri čvora povezanih u krug

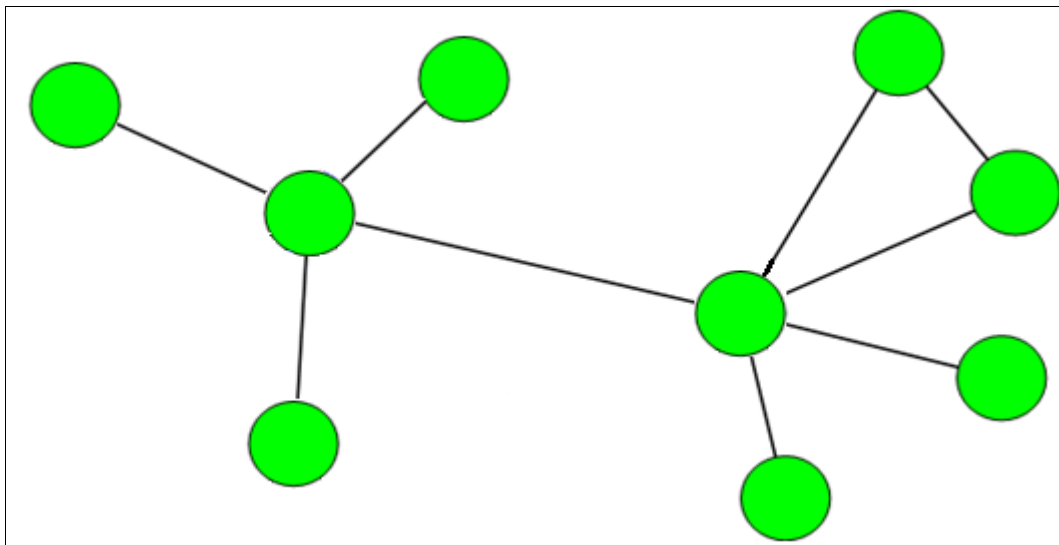
```
graph [  
  comment "Jednostavan graf"  
  directed 1  
  IsPlanar 1  
  
  node [  
    id 1  
    label Cvor 1"  
  ]  
  
  node [  
    id 2  
    label Cvor 2"  
  ]  
  
  node [  
    id 3  
    label "Cvor 3"  
  ]  
  
  edge [  
    source 1  
    target 2  
    label "Brid iz cvora 1 u cvor 2"  
  ]  
  
  edge [  
    source 2  
    target 3  
    label "Brid iz cvora 2 u cvor 3"  
  ]  
  
  edge [  
    source 3  
    target 1  
    label "Brid iz cvora 3 u cvor 1"  
  ]  
]
```

Neka od svojstava ovog formata su jednostavnost implementacije, nezavisnost o programskim platformama, mogućnost pohranjivanja proizvoljnih podataka čvorovima i vezama (razni metapodaci) te oblik tekstualne datoteke. Činjenica da je GML jednostavna tekstualna datoteka omogućuje brzu implementaciju i jednostavne pretvorbe u druge oblike.

Vidljiva je hijerarhijska struktura formata (tabela 3.1). Datoteka započinje ključnom riječi *graph* kojom označavamo graf kao cjelinu, čvorove označavamo ključnom riječju *node*, a veze *edge*. Sve parametre pojedinog entiteta (čvor, veza, graf) navodimo unutar uglatih zagrada. Za graf to su je li usmjeren i planaran te sve pripadne čvorove i veze, za čvor njegov redni broj (ključna riječ *id*) a za vezu početni i završni čvor (ključna riječ *source* i *target*, poredak nevažan za neusmjerene grafove). Svi entiteti mogu imati i opis pomoću ključne riječi *label*.

4. Metode-Algoritmi

U ovom poglavlju predstavljaju se metode i algoritmi korišteni u simulacijama. U poglavlju 4.1. objašnjen je osnovni mehanizam zaraze, tj SIR model, opisan algoritam te parametri koji se koriste [13]. U poglavljima 4.2. i 4.3. ilustrirana su dva algoritma karantena korištena za provođenje istraživanja. Pobrojana su njihova svojstva i mane, te je dan uvid u prikladnost uporabe svakog od njih.



Slika 4.1 Primjer kompleksne mreže

4.1. Algoritam zaraze – SIR model

Karakteristika SIR modela je podjela u tri odvojene skupine populacije, ovisno o stadiju zaraze. Dinamika zaraze odvija se između: S (podložni), I (zaraženi) te R (oporavljeni) skupine.

4.1.1. Ulazni parametri

Za konfiguraciju zaraze, potrebna su tri parametra:

1. **Početni zaraženi čvor** (*pocetno_zarazeni*)
 - inicijalno zaraženi čvor kojim kreće zaraza, za sve simulacije odabran je isti čvor, kako bi rezultati bili usporedivi
2. **Vjerojatnost zaraze** (*p*)
 - faktor kojim se određuje vjerojatnost da neki od susjednih čvorova bude zaražen

3. Vjerojatnost oporavka (q)

- faktor kojim se određuje vjerojatnost oporavka pojedinog čvora u nekom trenutku

4.1.2. Opis algoritma

Algoritam je oblikovan s ciljem brzog izvođenja, no imajući na umu ideju i izgled SIR modela. Osnovna ideja je bila podijeliti zarazu u stadije, te samu zarazu provoditi u koracima.

Jedan korak se sastoji od dva stadija:

- Stadij širenja zaraze
- Stadij oporavka

Koraci se provode sve dok postoje zaražene jedinice. Uvjet zaustavljanja nije potpuno oporavljena populacija, već nestanak zaraze, odnosno zaraženih jedinica iz populacije.

Podjela na SIR pretince je pojednostavljena činjenicom da **S** pretinac podložnih jedinica nije bilo potrebno eksplicitno stvarati, pošto su u primijenjenom modelu sve jedinice na početku zaraze podložne zarazi. **I** pretinac zaraženih je podijeljen u dva dijela ovisno o krugu u kojem je određeni čvor zaražen. Ukoliko je na početku kruga čvor zaražen, on je smješten u spremnik zaraženih, dok je čvor zaražen u tekućem krugu smješten u spremnik novo zaraženih. Ova podjela je potrebna radi razlikovanja potencijalnih kandidata za oporavak, kako bi se izbjegla situacija da se čvor u istom krugu zarazi i oporavi. **R** pretinac oporavljenih modeliran je spremnikom oporavljenih čvorova.

Struktura podataka u kojima su pohranjeni zaraženi i novozaraženi čvorovi je stog iz *igraph* biblioteke: *igraph_stack_t* (*s_infected*, *s_new_infected*). U svakom trenutku potreban je pristup trenutnom stanju pretinaca zaraženih i oporavljenih čvorova. To je ostvareno pomoću dinamičkog seta bitova iz *boost* biblioteke, *dynamic_bitset* (*b_infected*, *b_new_infected*, *b_recovered*).

U komentarima pseudokoda navedena su mjesta gdje se primjenjuje karantena.

Tabela 4.1 Pseudokod osnovnog SIR algoritma zaraze

```
Inicijalne radnje;

While(ima_zaraženih){

    //ako je k zadovoljen, dodaj cvor u karantenu

    trenutni_cvor = s_infected.pop;
    susjedi = dohvati_susjede(trenutni_cvor);

    If(trenutni_cvor == ozdravio(q))
        b_recovered.add(trenutni_cvor);
    else
        b_new_infected.add(trenutni_cvor);
        s_new_infected.push(trenutni_cvor);

    For_all(susjedi){
        If(susjed != oporavljen)
            If(susjed == zarazen(p))
                b_new_infected.add(trenutni_cvor);
                s_new_infected.push(trenutni_cvor);
    }

    Zamijeni(s_infected, s_new_infected);
    b_infected = b_new_infected;
    b_new_infected.reset;

    //odbrojavaj karantenu Tk koraka

}
```

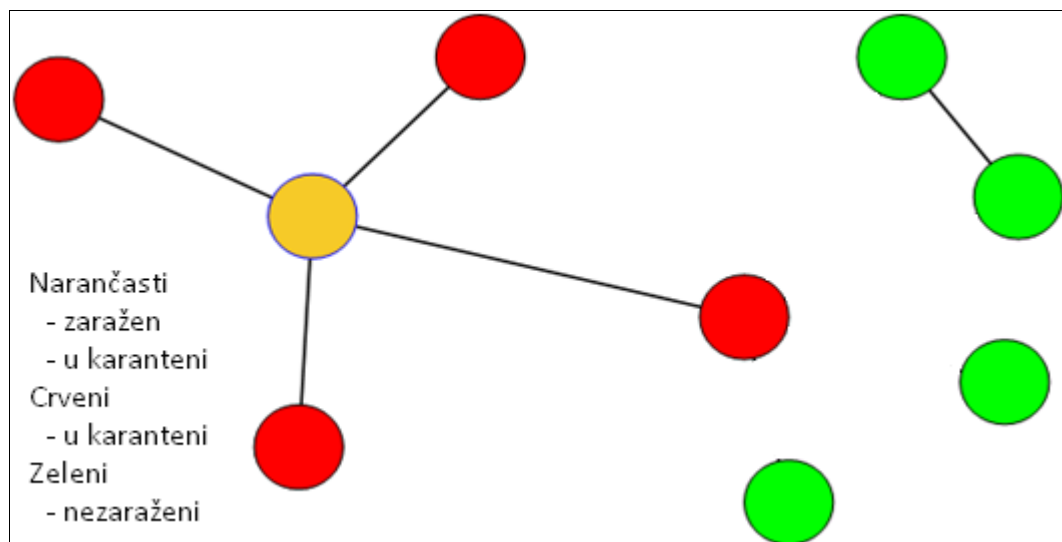
Kao komentari (označeni s „//“) obilježena su mjesta gdje se implementiraju pozivi karantena koji će biti objašnjeni u sljedećim potpoglavljima. Time je završen jedan korak zaraze, ako u tom trenutku nema više zaraženih, zaraza prestaje.

4.2. Algoritam karantene 1

Osnovne pretpostavke karantena:

- Zaraza se može širiti samo unutar karantene ili izvan nje
- Zaraza se ne može širiti iz karantene prema van i obratno

Prvi algoritam karantenu provodi na način da kada se formira, karantena se odvaja od mreže. Prednost takvog pristupa je realniji i bliži slučaj stvarnim situacijama. Negativni aspekt je činjenica da za svaki korak treba formirati novu mrežu, potrebno je držati informacije o svim karantenama zasebno što je računarski složeno, čime se povećava trajanje simulacije. Karantena se ostvaruje na način da se zaraženi čvor i njegovi prvi susjedi odvoje od mreže i osnuju karantenu. Jednostavan primjer vidljiv je na slici 4.2.



Slika 4.2 Primjer karantene 1

4.2.1. Ulazni parametri

Za konfiguraciju karantene potrebna su tri parametra:

1. **Trajanje karantene** (*quarantene_timer*)
 - broj krugova koliko karantena mora biti na snazi

2. **Odgod a početka karantene** (*start_timer*)

- broj krugova koji se izvršavaju na početku zaraze bez utjecaja karantene, potrebno da bi se zaraza proširila

3. **Vjerojatnost ostvarivanja karantene** (*k*)

- faktor koji određuje vjerojatnost da pojedini čvor osnuje karantenu u nekom trenutku u simulaciji

4.2.2. **Opis algoritma**

Problem pri osmišljavanju algoritma je bio kako ostvariti fizičko odvajanje karantene od ostatka mreže, voditi računa o više karantena istovremeno, te vraćanju veza kada pojedina karantena istekne. Ideja je bila pohraniti sve postojeće veze u grafu, te svakoj pridijeliti jednostavan brojač. Ako je neka veza privremeno ugašena zbog karantene, brojač prati koliko krugova preostaje dok se karantena ne zaustavi i veza ponovno vrati. Ukoliko se uspostavi karantena kojoj su neke veze ugašene pod utjecajem druge karantene, ona inicijalizira brojače tih veza kao da su upravo tada prvi put ugašene. Time je spriječeno neočekivano uspostavljanje veza i povezivanje karantene s ostatkom populacije prije njenog isteka.

Najprikladnija struktura podataka za pohranu parametara veza i njihovih brojača je mapa STL biblioteke. Zbog čestog pristupanja članovima mape, odabrana je hash mapa čija je apriorna složenost pristupa elementu $O(1)$. Veze grafa pohranjene su u dvije inačice liste susjedstava *igraph* biblioteke, *igraph_adjlist_t*. U jednoj je pohranjena osnovna početna topologija grafa, dok druga sadrži trenutno stanje grafa, ovisno o karantenama koje su u tijeku.

Tabela 4.2 Postupak stavljanja zaraženog čvora u karantenu

```
If(zarazeni_cvor != u_karanteni){  
  
    susjedi = dohvati_susjede(zarazeni_cvor);  
    Postavi_brojace_karantene(susjedi, mapa_veza_brojac);  
    Ukloni_veze_za_karantenu(susjedi);  
    Osvjezi_globalni_graf();  
  
}
```

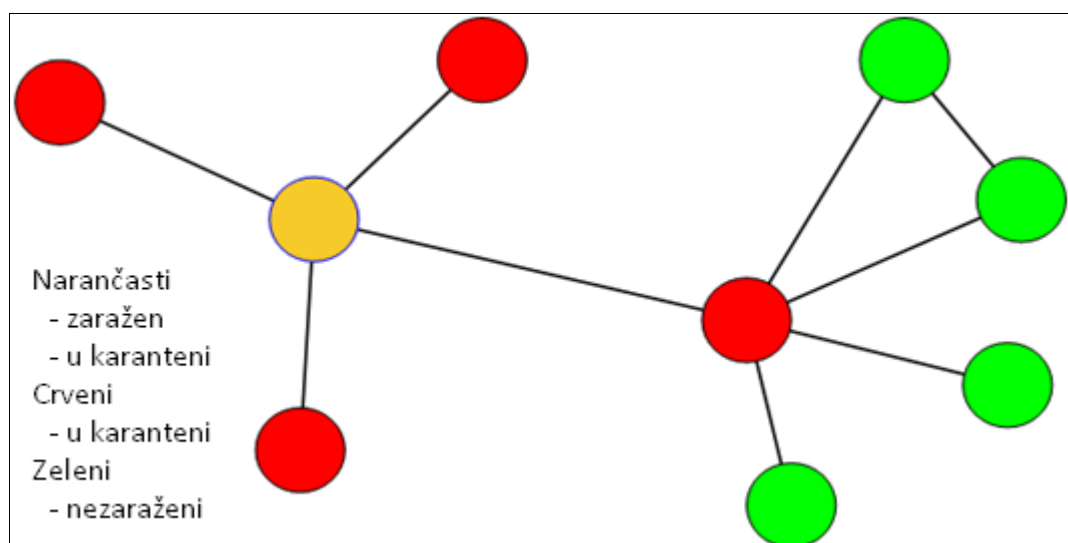
Tabela 4.3 Postupak odbrojanja i završavanja karantena

```
For_all(mapa_veza_brojac) {  
  
    mapa_veza_brojac.brojac--;  
    If(mapa_veza_brojac.brojac == 0)  
        Uspostavi_vezu(mapa_veza_brojac.veza);  
}  
  
Osvjezi_globalni_graf();
```

4.3. Algoritam karantene 2

Drugi algoritam karantene zamišljen je na način da nema fizičkog odvajanja od ostatka mreže, već postoji jedna univerzalna karantena. Čvorovi su samo logički smješteni u karantenu. Ovakva izvedba je brža i jednostavnija, no pokazuje i svoje nedostatke pri testiranju. Stvarna izvedba ovakve karantene mogla bi se poistovjetiti sa dijeljenjem populacije u dvije skupine: oni u karanteni i ostatak populacije. Ovakva karantena mogla bi se usporediti sa izolacijom na otoku.

Problem koji se javlja kod karantene 2 je činjenica da se karantene spajaju. Ako pogledamo sliku 4.3, možemo zamisliti da desni crveni čvor nije zaražen. Jedan od njegovih susjeda postane zarazan, i on ulazi u njegovu karantenu. Karantene se tada spajaju i zaraza se slobodno širi i na njega.



Slika 4.3 Primjer karantene 2

4.3.1. Ulazni parametri

Za konfiguraciju karantene potrebna su tri parametra:

1. **Trajanje karantene** (*quarantene_timer*)
 - broj krugova koliko karantena mora biti na snazi
2. **Odgoda početka karantene** (*start_timer*)
 - broj krugova koji se izvršavaju na početku zaraze bez utjecaja karantene, potrebno da bi se zaraza proširila
3. **Vjerojatnost ostvarivanja karantene** (*k*)
 - faktor koji određuje vjerojatnost da pojedini čvor osnuje karantenu u nekom trenutku u simulaciji

4.3.2. Opis algoritma

Izvedba ovog algoritma jednostavnija je od algoritma karantene 1. Potrebno je voditi računa o svim čvorovima i njihovom trenutnom stanju u mreži, tj. nalaze li se u karanteni ili izvan nje. To smo ostvarili jednostavnim spremnikom identifikatora čvorova i brojača karantena. Dinamika izvođenja vrlo je slična karanteni 1. Zaraza se može širiti samo između čvorova koji su u istom stanju u mreži, između karantene i vanjskog svijeta nema interakcije.

Struktura podataka za spremanje identifikatora čvorova i brojača je hash mapa STL biblioteke.

Tabela 4.4 Postupak stavljanja zaraženog čvora u karantenu

```
If(zarazeni_cvor != u_karanteni) {  
  
    susjedi = dohvati_susjede(zarazeni _cvor);  
    Postavi_brojace_karantene(susjedi, mapa_cvor_brojac);  
  
}
```

Tabela 4.5 Postupak odbrojavanja i završavanja karantena

```
For_all(mapa_cvor_brojac) {  
    mapa_cvor_brojac.brojac--;  
    //svi cvorovi kojima su brojac na 0 nisu u karanteni  
}
```

5. Rezultati

U ovom poglavlju predstavljeni su i analizirani dobiveni rezultati simulacija. Istraživanje je provedeno na tri mreže različitih veličina, radi bolje usporedbe rezultata i ponašanja u većim i manjim populacijama. Za svaku od mreža provedena su testiranja obje karantene. Na početku je ukratko analiziran osnovni SIR model, te je prikazana dinamika sustava za lakšu usporedbu rezultata i teoretsku potvrdu eksperimenta. Za kompleksnu mrežu „Power grid“ su detaljno opisani grafovi i analizirano uočeno ponašanje epidemije i utjecaj karantena na njeno smanjenje. Ostala potpoglavlja prikazat će rezultate za druge proučavane mreže.

Program za provođenje simulacija je napisan u programskom jeziku C++, a grafovi u ovom poglavlju izrađeni su u programskim alatima Wolfram Mathematica i iWork Numbers.

5.1. Analiza SIR modela

Prikaz osnovne dinamike klasičnog SIR modela predstavljen je u drugom poglavlju, ovdje su pobliže analizirana svojstva radi usporedbe s modelima karantena.

Na slici 2.2 prikazan je jedan od mogućih ishoda epidemije za SIR model. Na početku zaraze, cijela populacija je podložna zarazi. Kako zaraza napreduje, broj podložnih opada, obrnuto proporcionalno njemu ponaša se broj oporavljenih jedinki, koji raste protjecanjem zaraze. Broj zaraženih jedinki ima krivulju u obliku vala, koji ovisi o konfiguraciji zaraze. Na kraju zaraze broj zaraženih jedinki je nula.

U ovom radu bilježene su sljedeće vrijednosti epidemije:

- Udio podložnih, zaraženih, oporavljenih i jedinki smještenih u karantenu ovisno o koraku epidemije (usporedba s dinamikom SIR modela)
- Udio zaraženih jedinki ovisno o vjerojatnosti uspostave karantene
- Frekvencija zaraznosti jedinki (histogram)

Postavke koje su korištene tokom svih simulacija (izuzev posebnih slučajeva):

- Vjerojatnost zaraze ($p = 0.5$)
- Vjerojatnost oporavka ($q = 0.7$)
- Trajanje karantene T_k koje smo odredili kao dvostruko veće od očekivanja oporavka $E(q)$ ($T_k = 3$)
- Odgođeni početak karantene kako bi se zaraza razvila prije uspostave karantena ($T_s = 3$)
- Početni čvor zaraze ($n_0 = 0$)

5.2. Rezultati „Power grid“ mreže (poseban slučaj)

5.2.1. Karantena 1

Ovaj slučaj „Power grid“ mreže se razlikuje u vjerojatnost zaraze i oporavka od osnovnih postavki koje smo naveli u poglavlju 5.1:

- Vjerojatnost zaraze ($p = 0.7$)
- Vjerojatnost oporavka ($q = 0.4$)

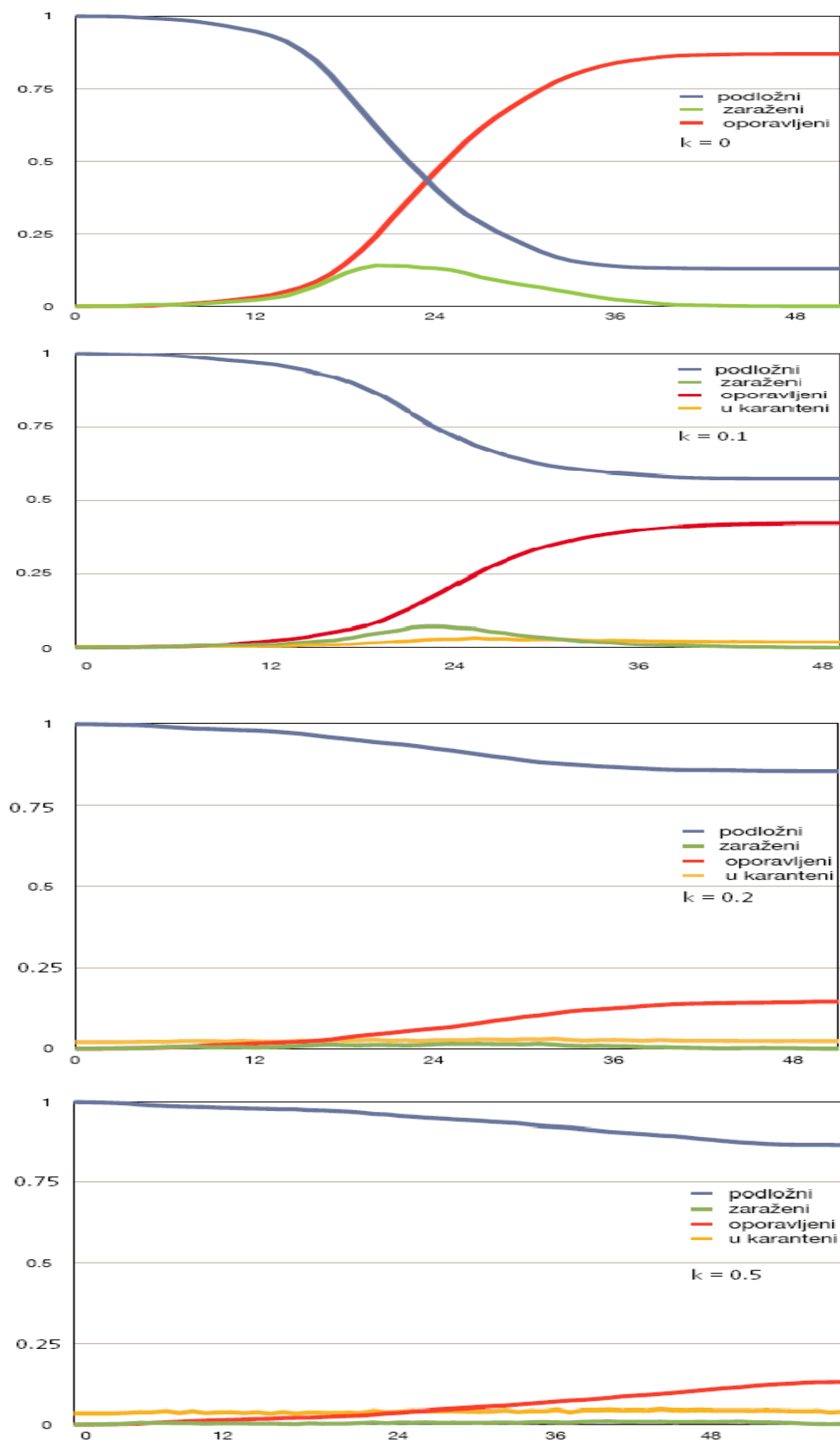
Izabrana konfiguracija predstavlja epidemiju koja se širi brže od one koju smo koristili za ostale slučajeve. Razlog tome je činjenica da je „Power grid“ mreža relativno mala, s niskim prosječnim stupnjem čvora koji uzrokuje brzo gašenje zaraze, te nije moguće vidjeti dinamiku SIR modela.

Rezultati simulacija modela karantene ostvarene topološkim promjenama mreže. Provedene su simulacije za različite faktore ostvarenja karantene, k . Ostali parametri konstantni kako je navedeno u poglavlju 5.1. Vidljiva je izuzetna efikasnost ove karantene. Vrlo brzo lokalizira i obuzdava zarazu prostornom izolacijom zaraženih čvorova i njihovih susjeda. Za utjecaj karantene od 0.1 vidi se smanjenje zaraženih od čak 50%, dok za utjecaj karantene od 50% ukupan broj zaraženih pada ispod 15%. S druge strane vidljivo je da broj jedinki u karanteni nije prelazio 10% u bilo kojem trenutku, što pokazuje da ovakva karantena nije preskupa za ostvarenje.

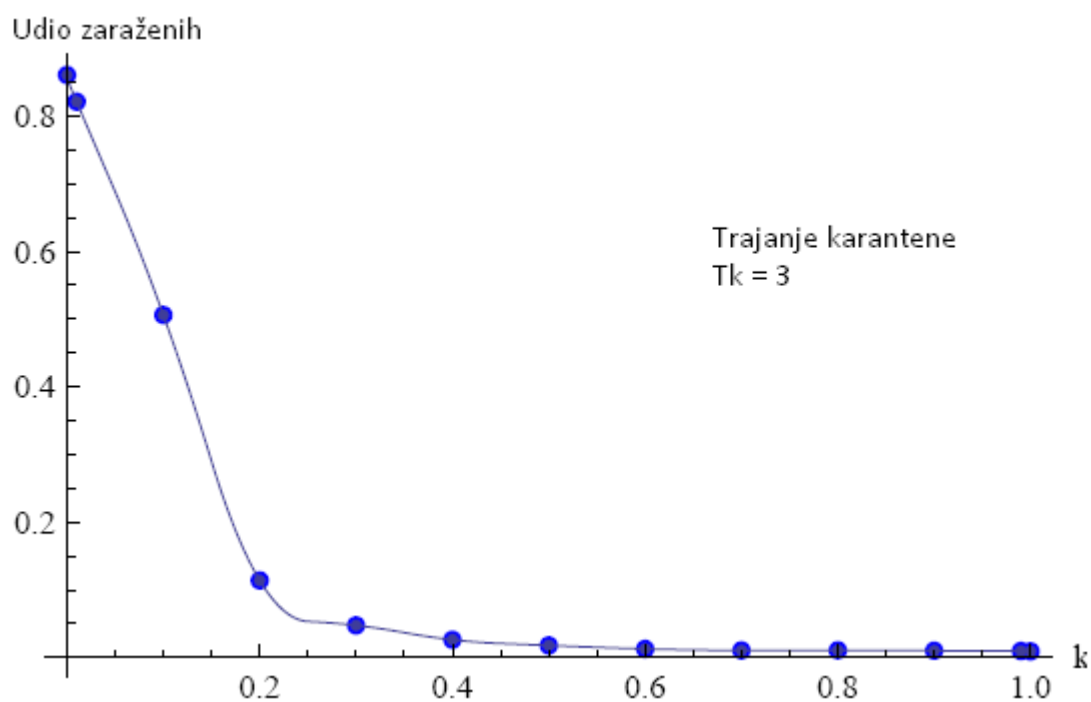
Slika 5.2 prikazuje graf ovisnosti udjela zaraženih o jačini utjecaja karantene. Pri $k = 0.2$ se ukupan udio zaraženih smanjuje na oko 10%, što pokazuje veliku učinkovitost ovakve karantene za mrežu s niskim prosjekom stupnja čvora.

Prostorni dijagram (slika 5.3) pokazuje kako faktor trajanja karantene ne utječe u prevelikoj mjeri na krajnji rezultat zaraze. Dulje karantene u ovom slučaju nisu potrebne.

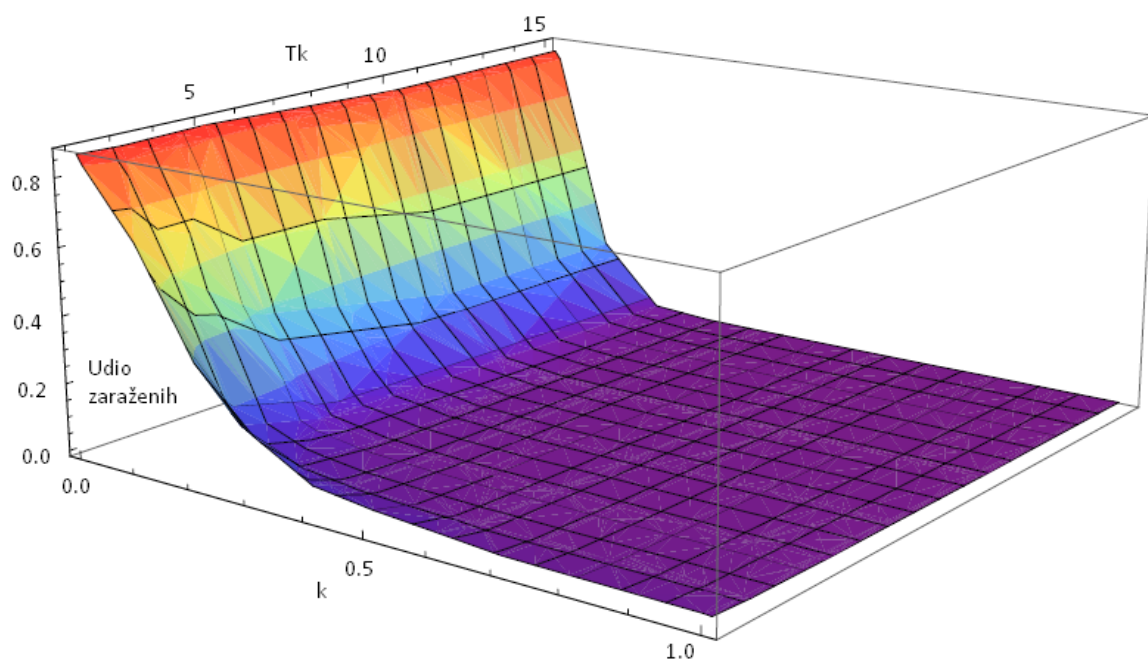
Histogrami (slika 5.4) su konzistentni s grafom 5.2, pri utjecaju karantene od 0.2, zaraza je uvelike smanjena, dok je pri koeficijentu $k = 0.5$ u potpunosti obuzdana. Šiljci koji ostaju su oni čvorovi koji u početku zaraze bivaju zaraženi inicijalnom zarazom, te na njih karantena nema utjecaja.



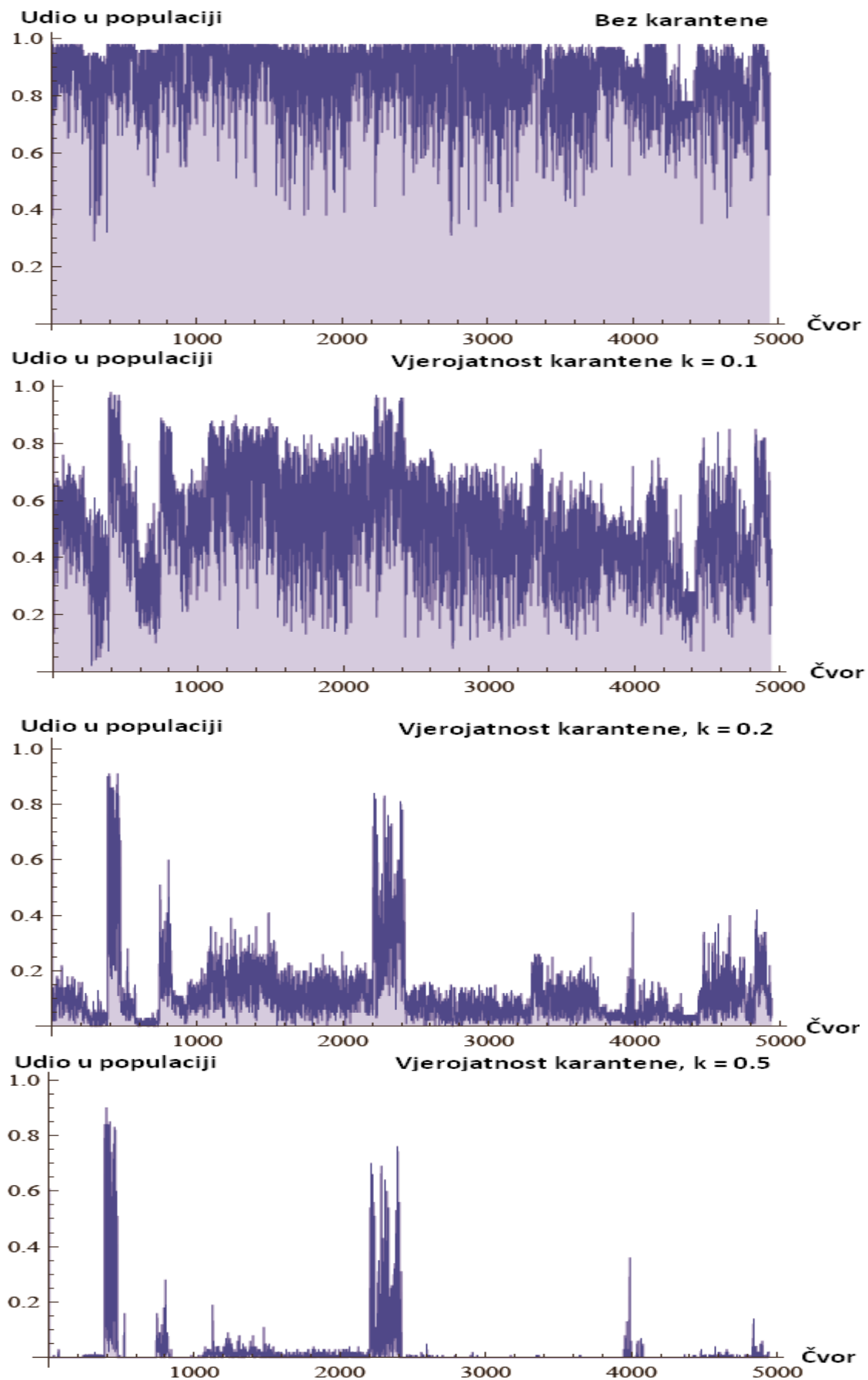
Slika 5.1 Dinamika karantene 1 za različite vrijednosti k



Slika 5.2 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.3 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



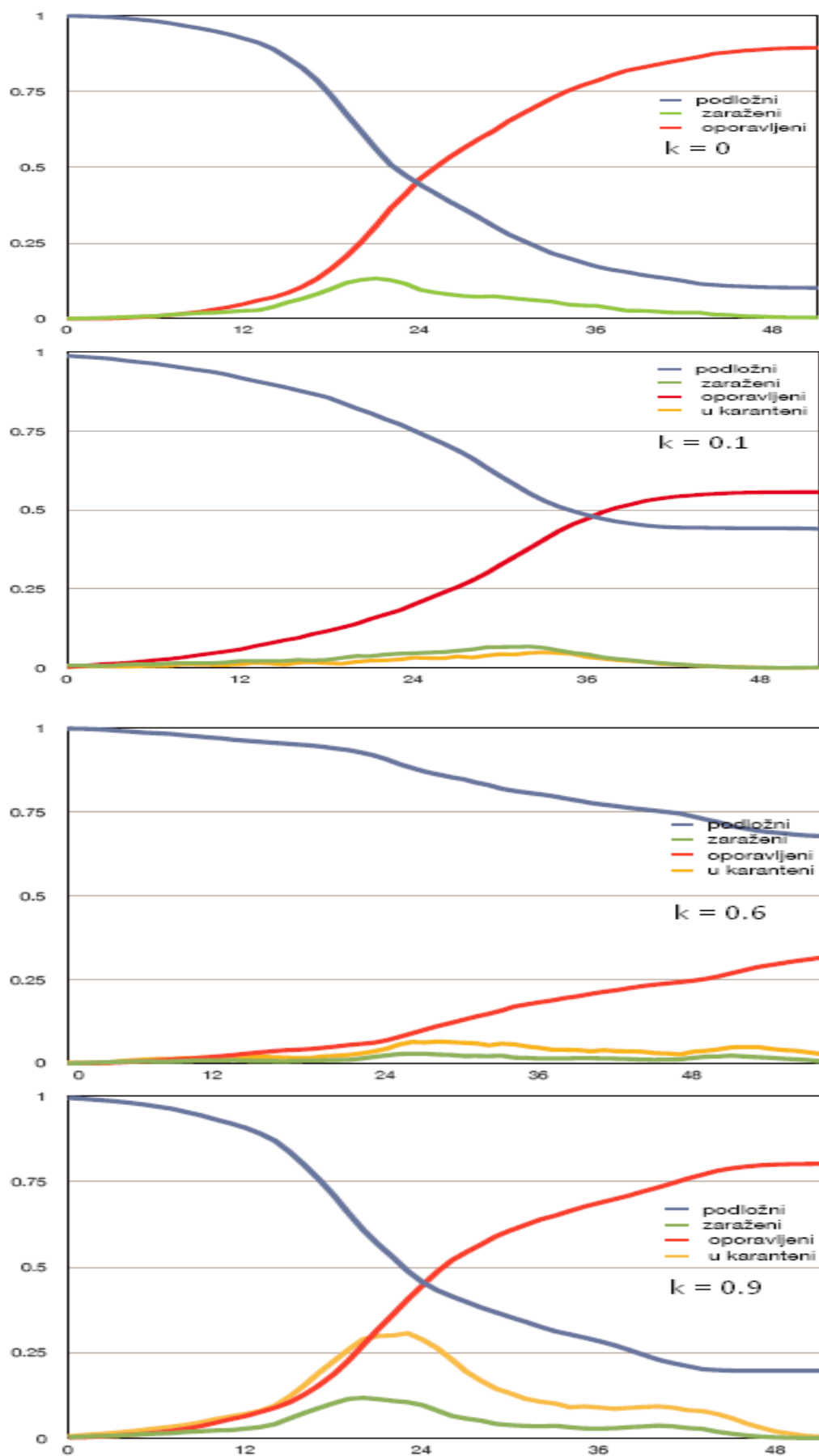
Slika 5.4 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

5.2.2. Karantena 2

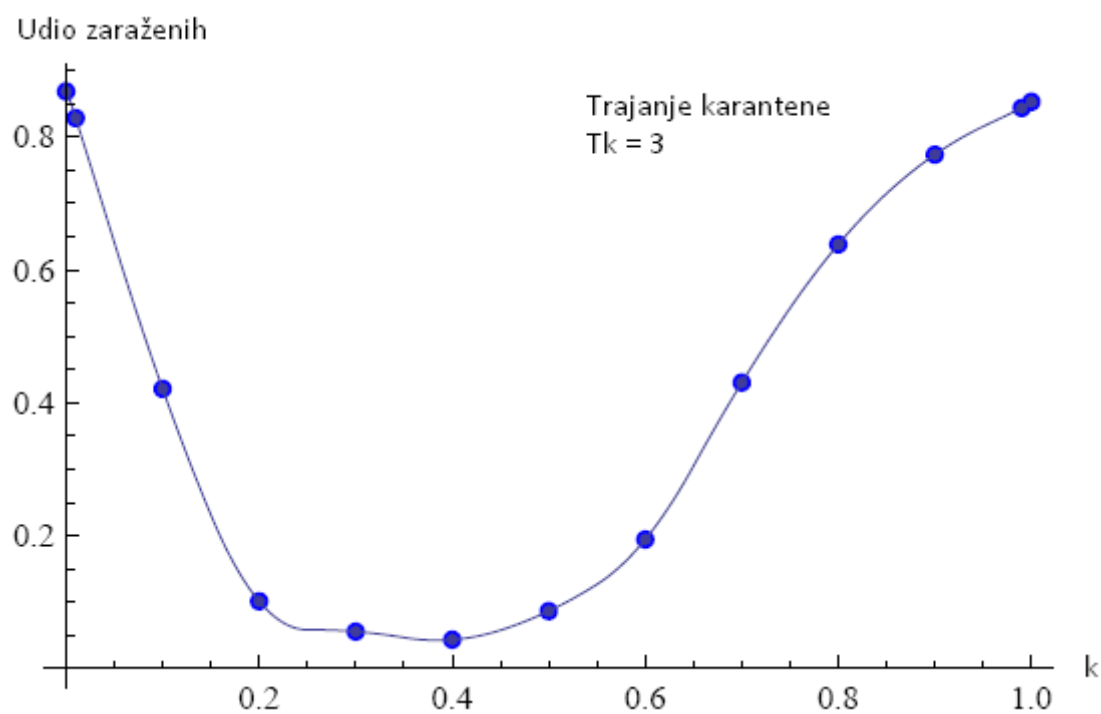
Dinamika karantene 2 za niske koeficijente intenziteta k slična je dinamici karantene 1. Vidljiv je povoljan utjecaj na smanjenje zaraženih sve do intenziteta $k = 0.4$, nakon toga se događa neočekivan preokret. Broj zaraženih ponovno raste povećanjem koeficijenta k . Iako se na prvi pogled čini čudno da se pojačavanjem karantene povećava i širenje zaraze, to proizlazi iz činjenice da se stvara jedna zajednička karantena, za razliku od prvog algoritma, gdje je svaka karantena bila zasebna. Povećanjem k preko 0.5 postiže se otkrivanje zdrave podložne populacije zarazi. Ova karantena najučinkovitija je do koeficijenta jakosti $k = 0.5$. Karantena 1 je puno učinkovitija ali također troši više resursa za njeno ostvarenje.

Optimalan učinak karantene 2 postiže se oko koeficijenta $k = 0.4$. Na prostornom grafu vidimo i ovisnost o trajanju karantene. Pri duljim karantenama smanjenje zaraze je neprimjetno, slično kao i za karantenu 1. Optimum se također postiže oko koeficijenta $k = 0.4$.

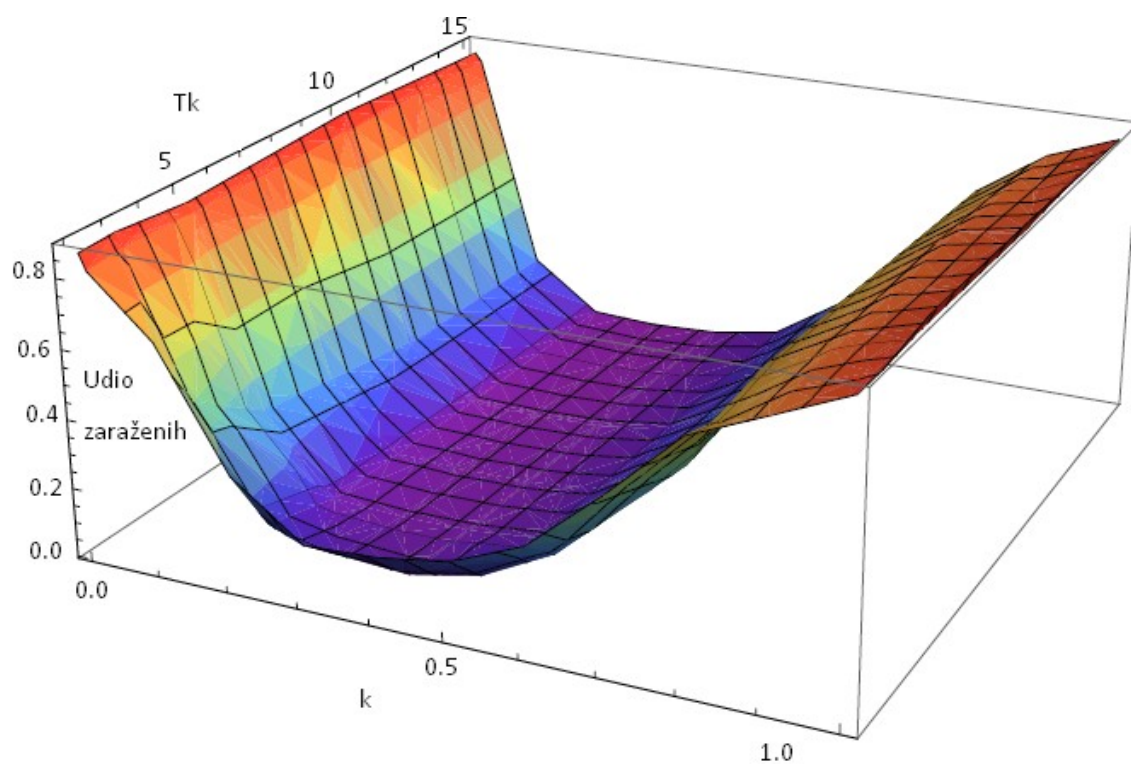
Histogrami prikazuju učestalost zaraze svakog čvora tokom tisuću simulacija. Kao kod histograma karantene 1, prisutni su šiljci koji predstavljaju često zaražene čvorove. Vidljivo je smanjenje okoline šiljaka izolacijom zaraženih čvorova. Posebno je zanimljiv zadnji prikaz, gdje je koeficijent karantena jednak 0.5. Prikaz je gotovo identičan prikazu histograma kad je k jednak 0.2. Veći dio populacije se preselio u zajedničku karantenu, te se tamo razvijala zaraza jednako kao da karantene nema. Jasno je vidljivo na dijagramima slike 5.5.



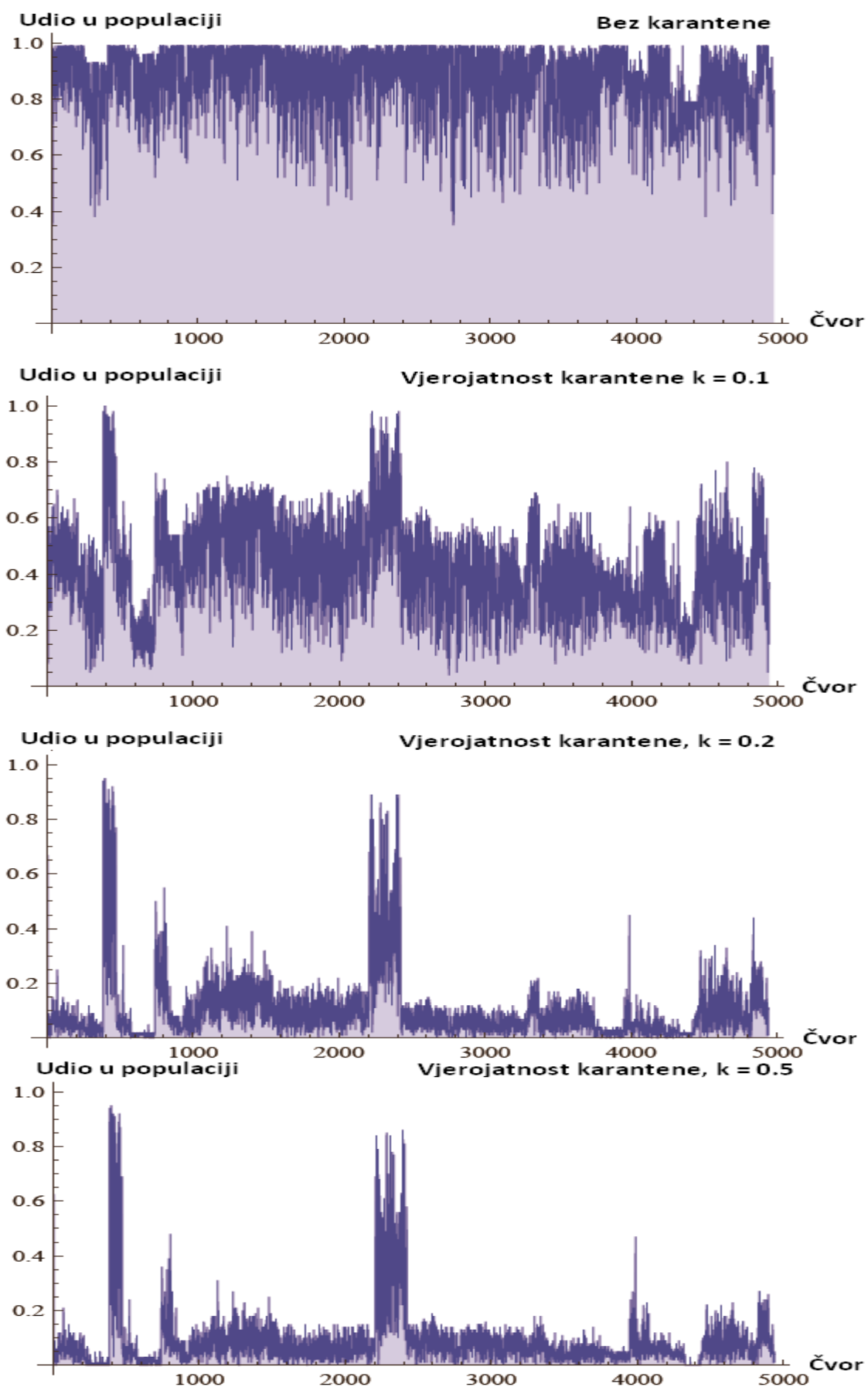
Slika 5.5 Dinamika karantene 2 za različite vrijednosti k



Slika 5.6 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.7 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.8 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacij

5.3. Rezultati „Power grid“ mreže

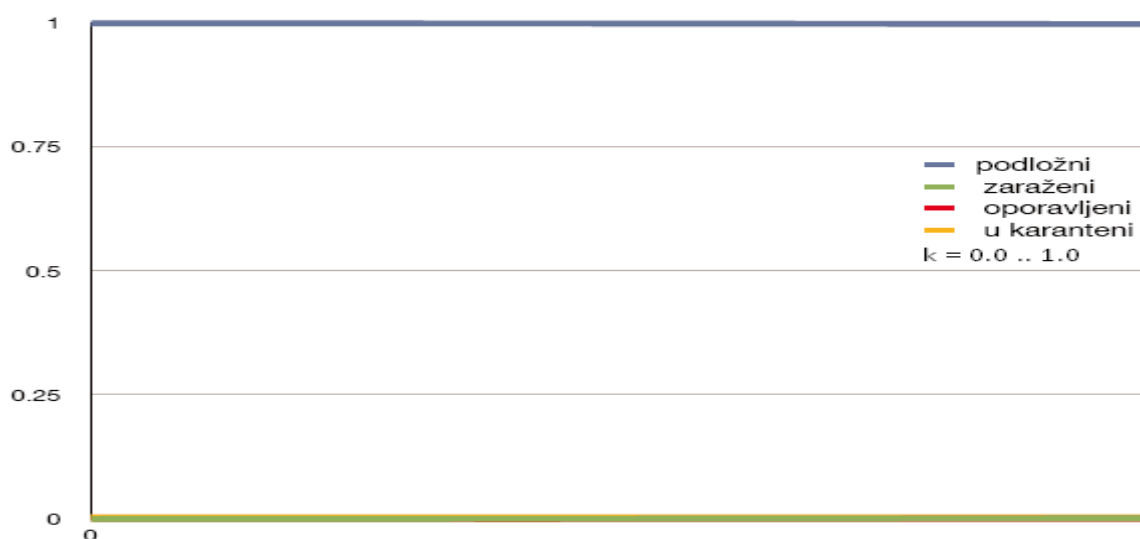
5.3.1. Karantena 1

Epidemija kojoj je vjerojatnost zaraze manja od vjerojatnosti oporavka u mrežama gdje je prosječni stupanj čvora nizak konvergira izrazito brzo. Zbog toga je odabran specijalan slučaj 5.2. Za postavke zaraze $p = 0.5$ i $q = 0.7$ dobivamo vrlo „škrte“ prikaze dinamike SIR modela, kao što je prikazano na grafu (slika 5.9). Ovakav primjer nam dobro ilustrira ponašanje zaraze u nepovezanim populacijama.

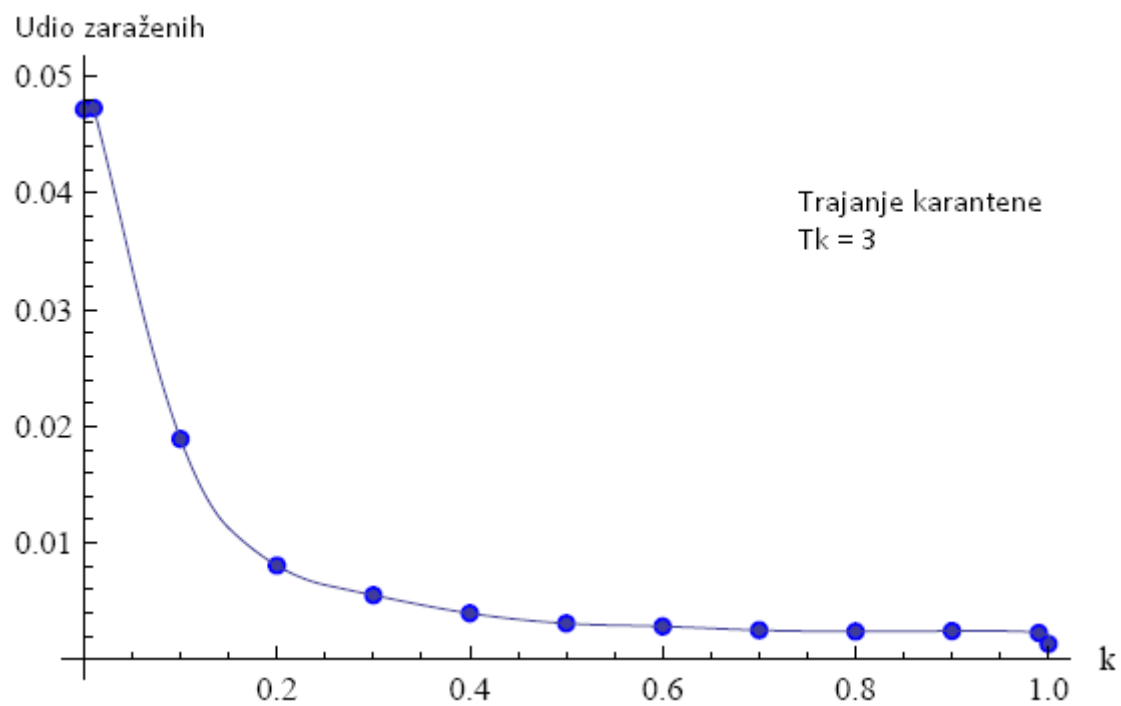
Na sljedećem grafu (slika 5.10) prikazana je ovisnost ukupnoga udjela zaraženih jedinki populacije o jačini provođenja karantene. Vidljiv je očekivani pad zaraženih jedinki povećanjem faktora karantene k . Bez utjecaja karantene, zaraženo je 5% populacije, dok za provođenje karantene uz $k = 0.2$ pada ispod 1%.

To potvrđuje i prostorni graf (slika 5.11) koji prikazuje ovisnost zaraženih jedinki o jačini provođenja karantene i duljini trajanja karantene. Uz to, broj zaraženih opada i povećanjem trajanja karantene, Tk .

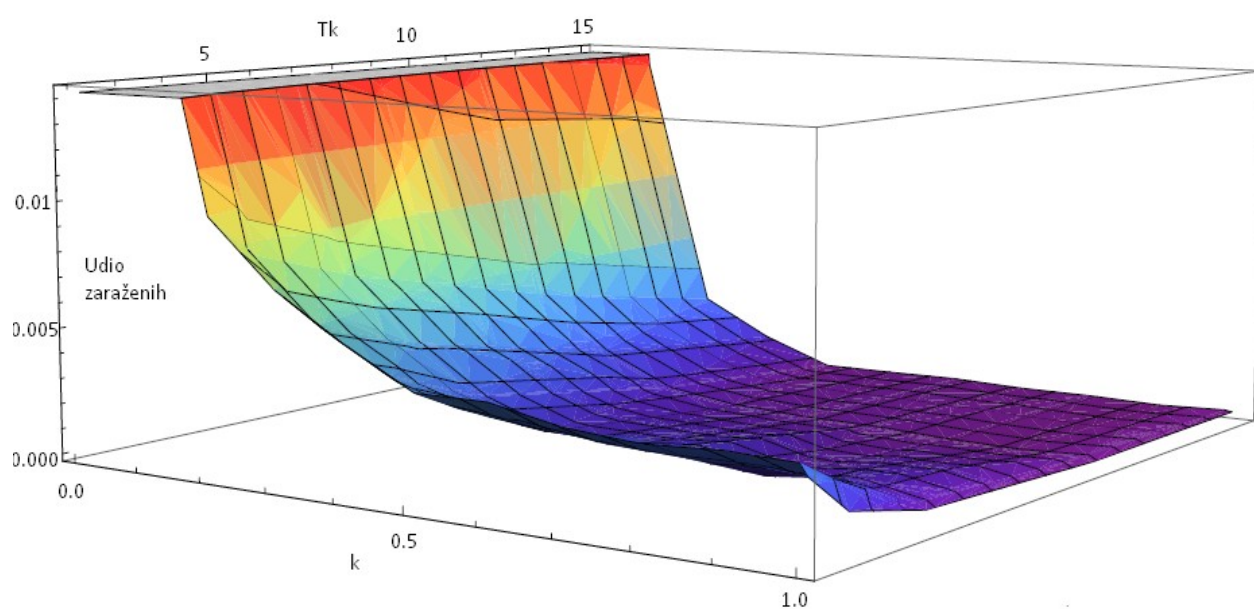
Histogrami prikazuju učestalost zaraze svakog čvora tokom tisuću simulacija. Vidljiva je prisutnost šiljaka u svakom od histograma. To su čvorovi koji su u izravnoj vezi s prvotno zaraženim čvorom. Oni često bivaju zaraženi, i zato na njih karantena nema veliki utjecaj. Vidljivo je kako se povećanjem vjerojatnosti karantena, okolice šiljaka smanjuju, ti su čvorovi izolirani od širenja zaraze.



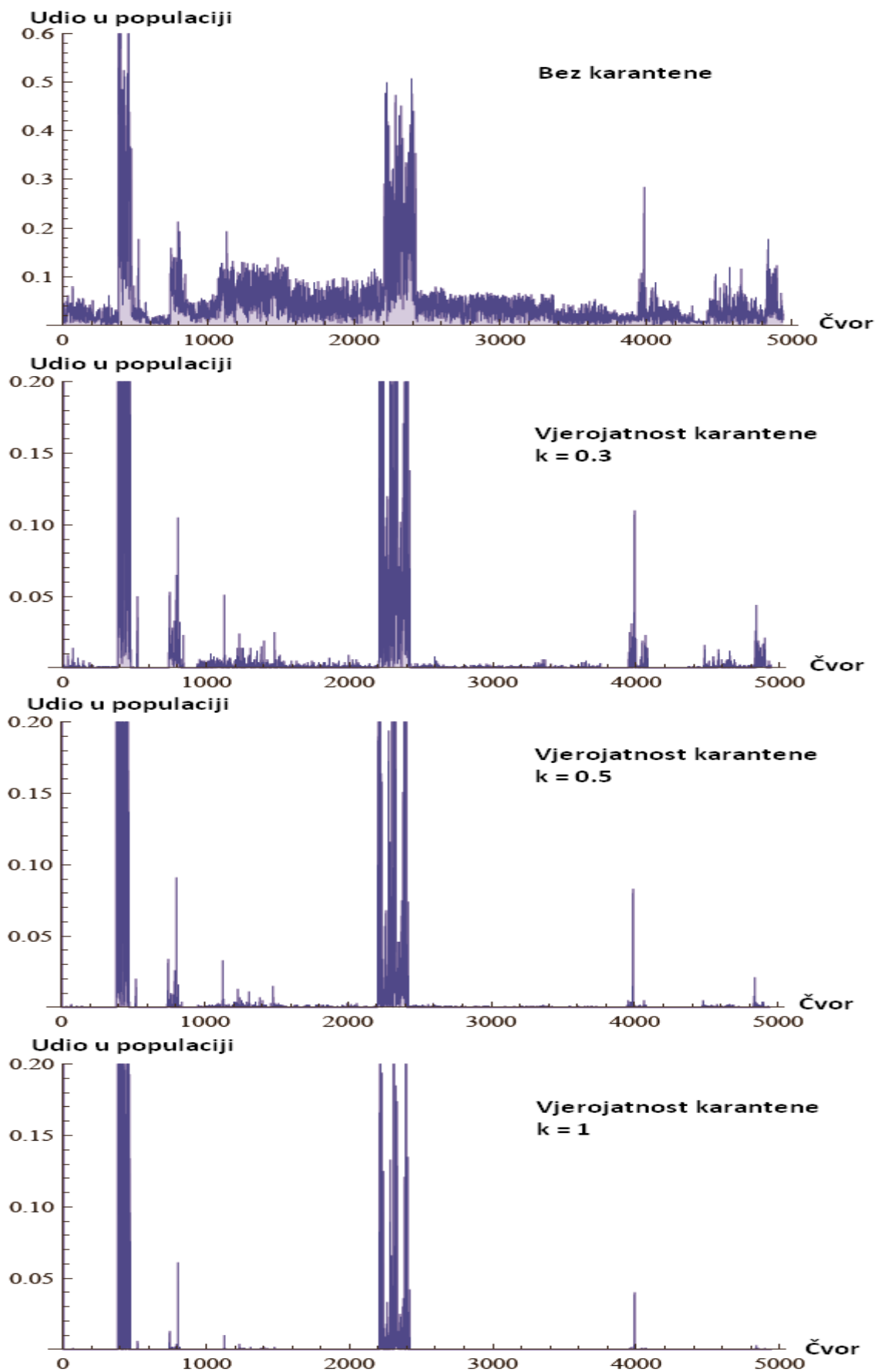
Slika 5.9 Dinamika karantene 1 za različite vrijednosti k



Slika 5.10 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.11 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k

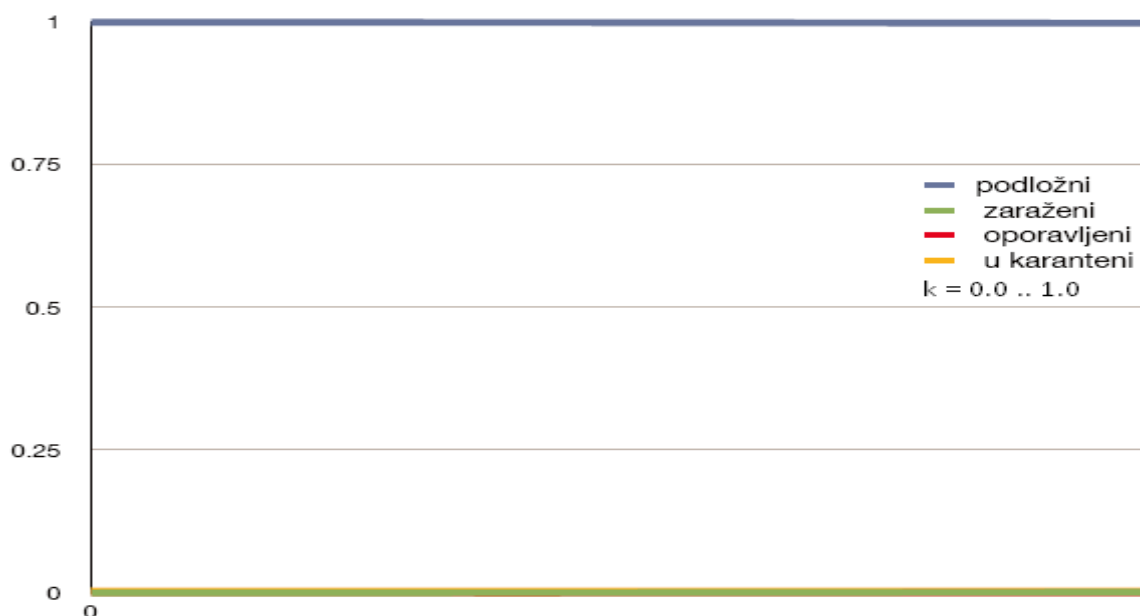


Slika 5.12 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

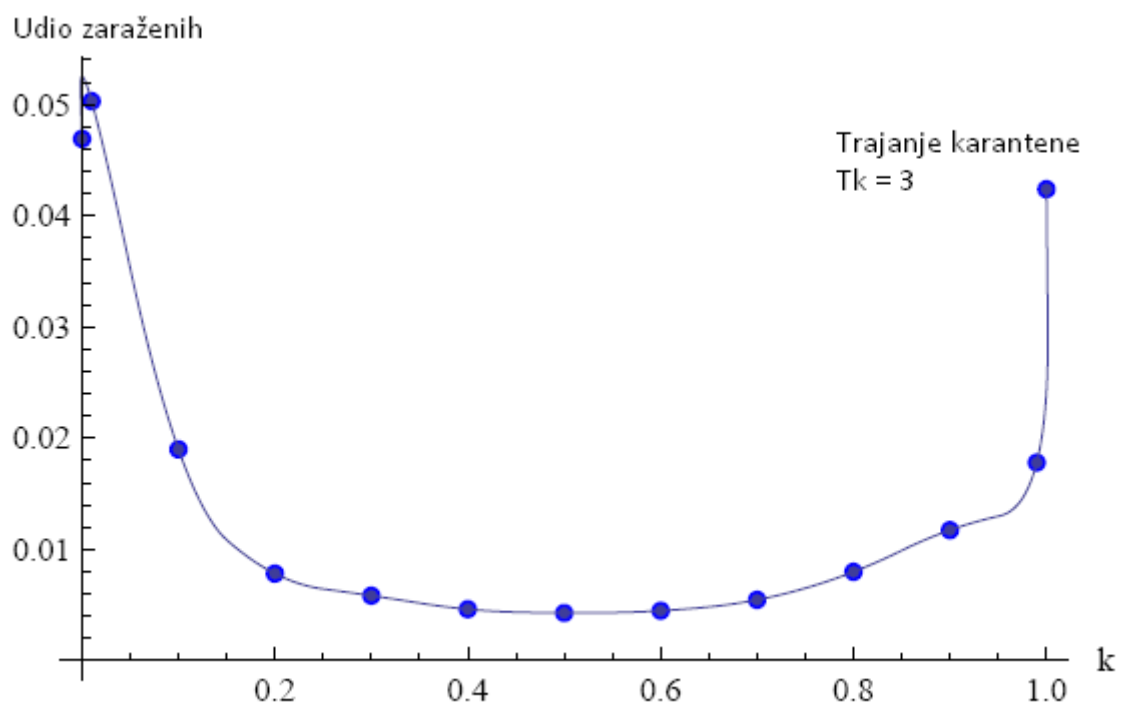
5.3.2. Karantena 2

Optimalan učinak karantene 2 postiže se oko koeficijenta $k = 0.5$. Na prostornom grafu vidimo i ovisnost o trajanju karantene. Što je karantena dulja, to je suzbijanje zaraze učinkovitije. Optimum se također postiže oko koeficijenta $k = 0.5$.

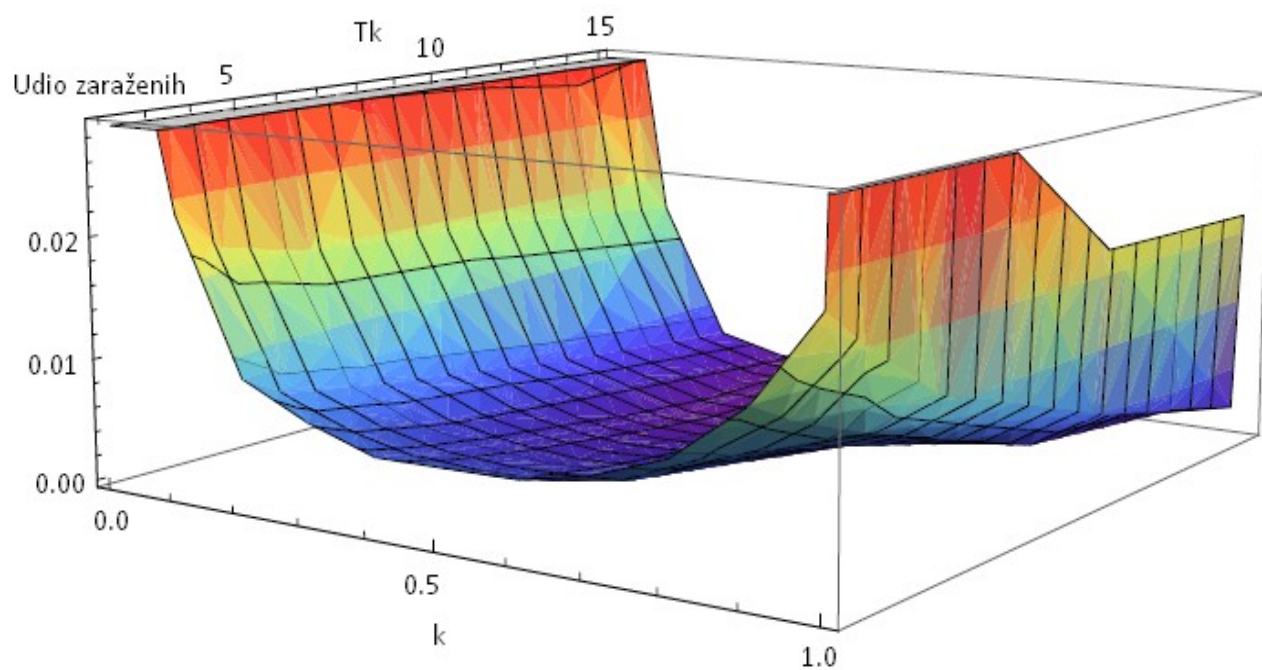
Kao kod histograma karantene 1, prisutni su šiljci koji predstavljaju često zaražene čvorove. Vidljivo je smanjenje okoline šiljaka izolacijom zaraženih čvorova. Posebno je zanimljiv zadnji prikaz, gdje je koeficijent karantena jednak 1. Prikaz je gotovo identičan prikazu histograma kad je k jednak 0. Cijela populacija se preselila u zajedničku karantenu, te se tamo razvijala zaraza jednako kao da karantene nema.



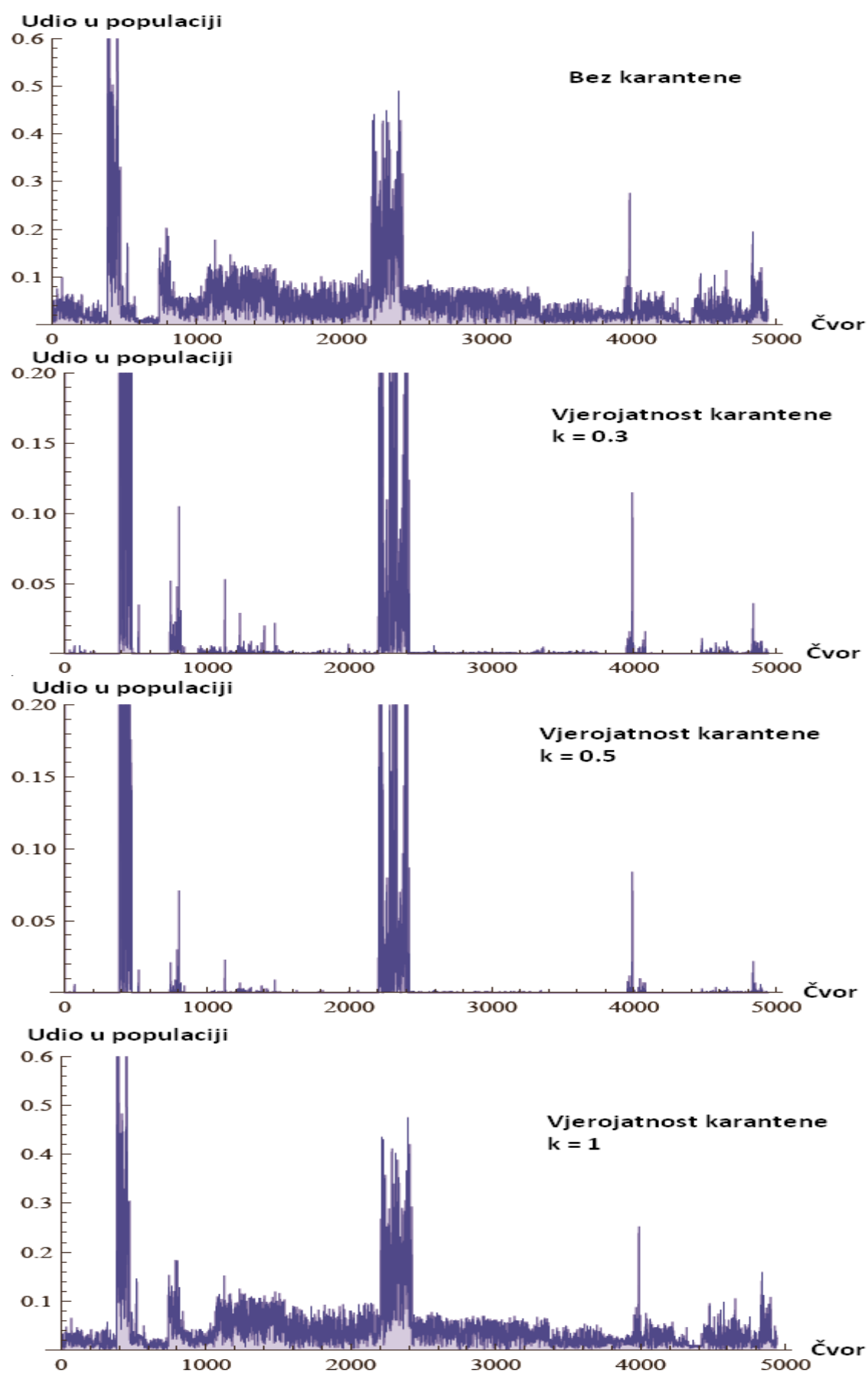
Slika 5.13 Dinamika karantene 2 za različite vrijednosti k



Slika 5.14 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.15 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.16 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

5.4. Rezultati „Astrophysics collaborations“ mreže

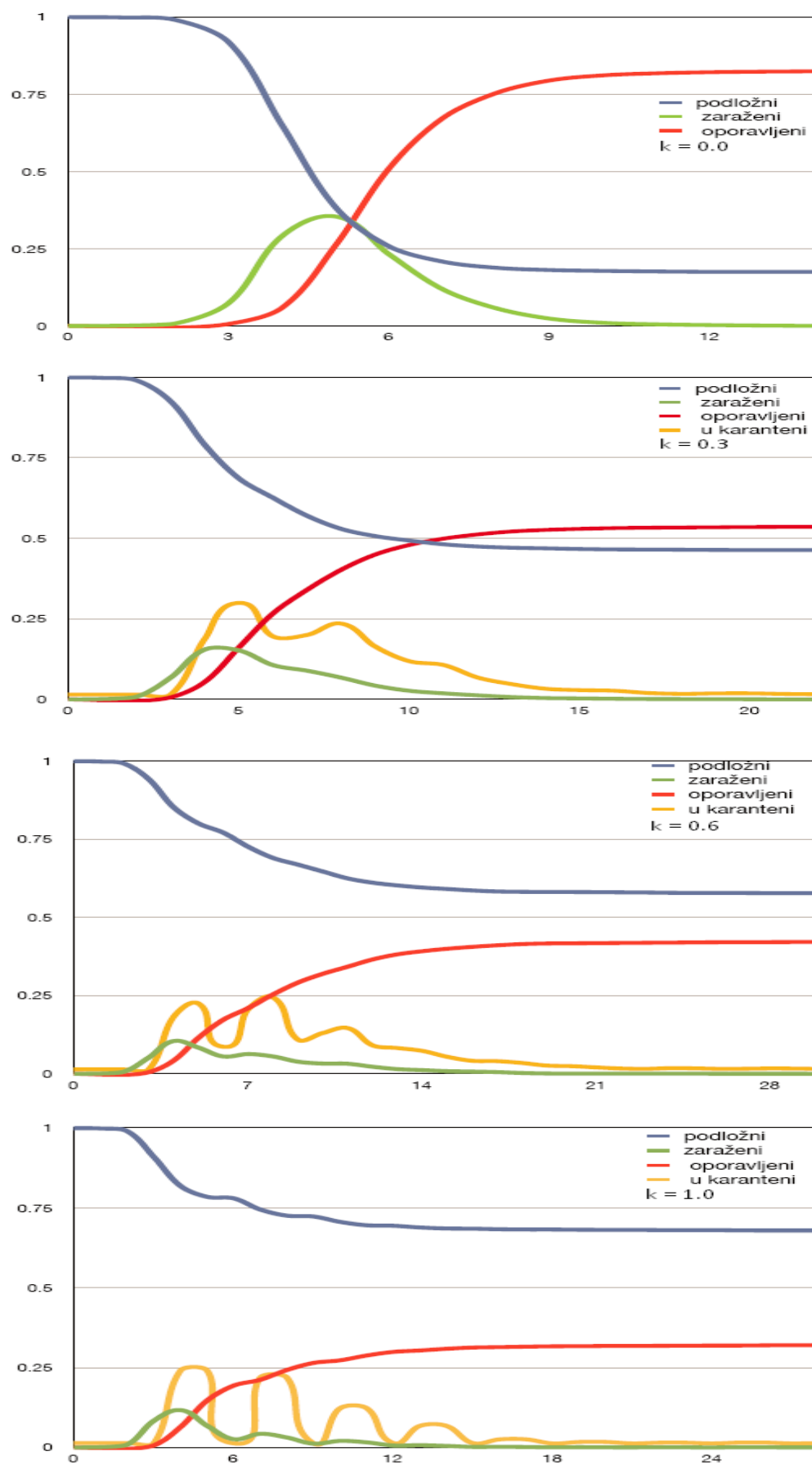
5.4.1. Karantena 1

Dinamika širenja zaraze SIR modela u karanteni 1 vidljiva je na dijagramima slike 5.17. Ponašanje je očekivano, porastom koeficijenta vjerojatnosti karantene udio oporavljenih opada sa 80% (kada nema karantene) na 30% (kada je $k = 1$). Zanimljivo je kako udio zaraženih u karanteni osjetno varira za $k = 1$. To nam potvrđuje da je mehanizam karantene učinkovit, te ako se na vrijeme zaražene izolira, nije moguće širenje zaraze na ostatak populacije. U našem slučaju, trajanje karantene je konstantno i iznosi 3 koraka i zato se događa situacija da se karantena raspusti prije nego se sve jedinice oporave, i time pušta zarazu ponovno u populaciju.

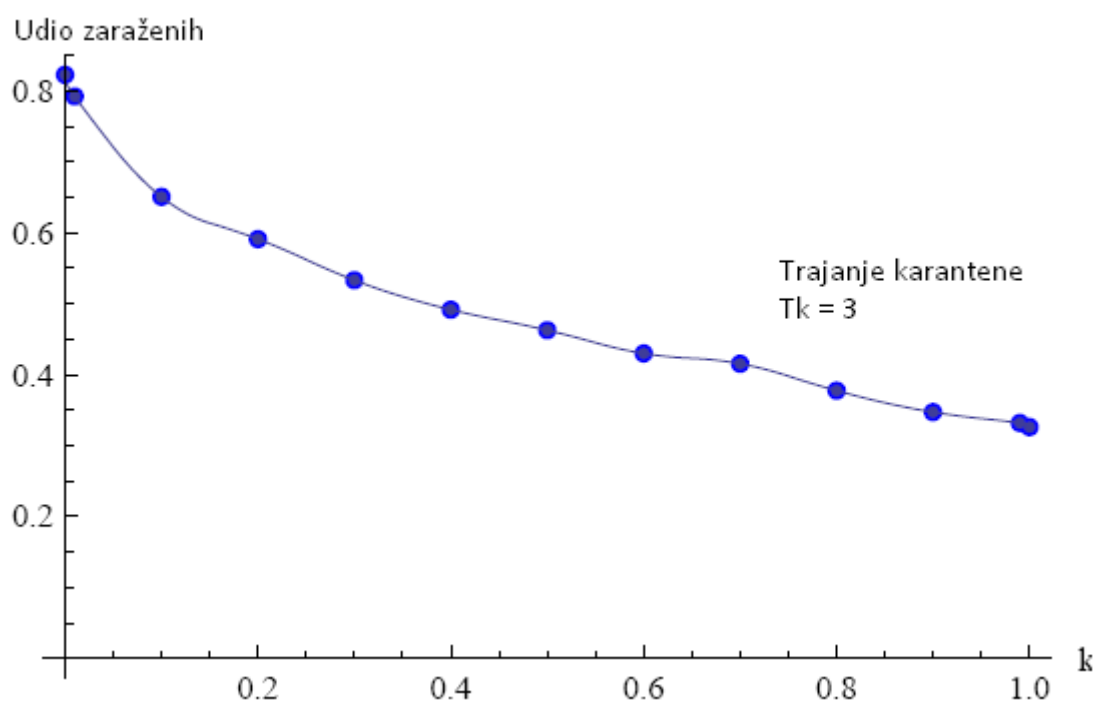
Na slici 5.18 prikazana je ovisnost zaraženog udjela u populaciji o koeficijentu karantene, k . Za prosječno primjenjivanje karantene ($k = 0.6$), smanjenje zaraženih iznosi oko 40% ukupnog udjela populacije.

Na prostornom dijagramu (slika 5.19) vidimo i ovisnost zaraženog udjela populacije o koeficijentu k i trajanju karantene T_k . Najbolji rezultati se dobivaju kod trajanja karantene od 10 koraka. Trajanje iznad toga ne daje osjetno bolje rezultate.

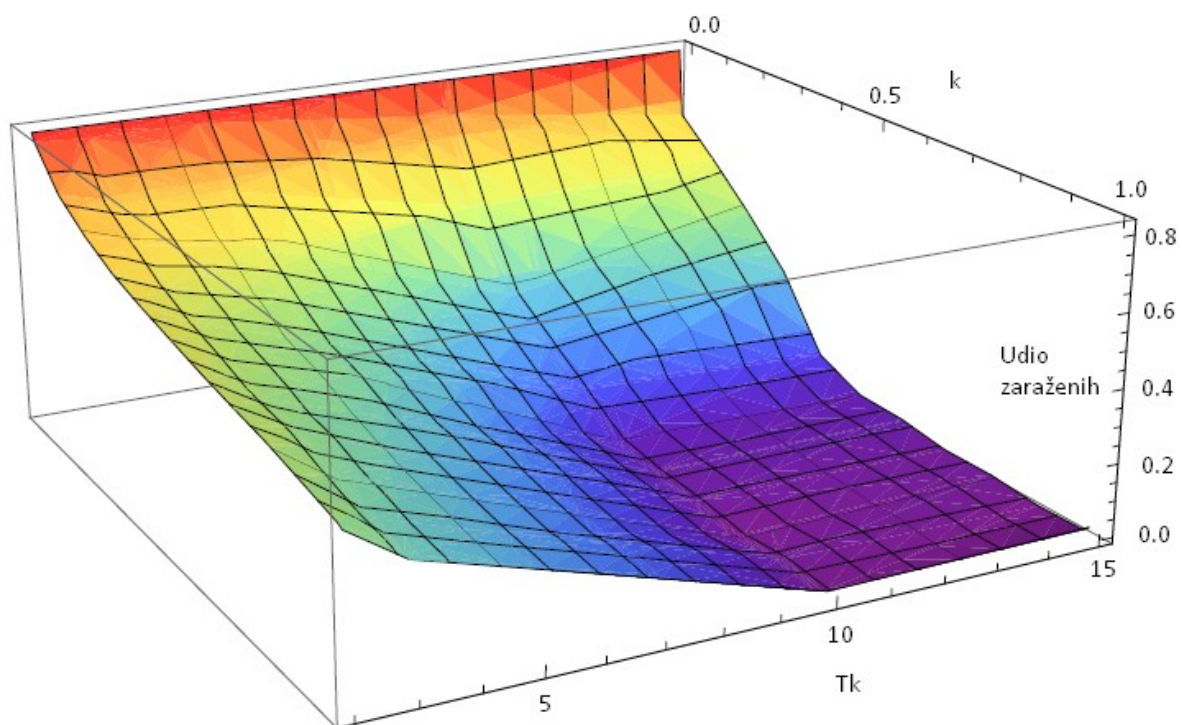
Histogrami na slici 5.20 prikazuju učestalost zaraze svakog čvora u populaciji. Izrazita gustoća prikaza uzrokovana je velikim brojem čvorova i prilično velikim stupnjem čvorova. Zaraza se izrazito brzo širi populacijom, te bez karantene zarazu pretrpi 80% populacije. Uspostavom stroge karantene ($k = 1.0$) taj broj se smanji na 40% populacije, što nije jasno vidljivo iz histograma radi velikog broja čvorova.



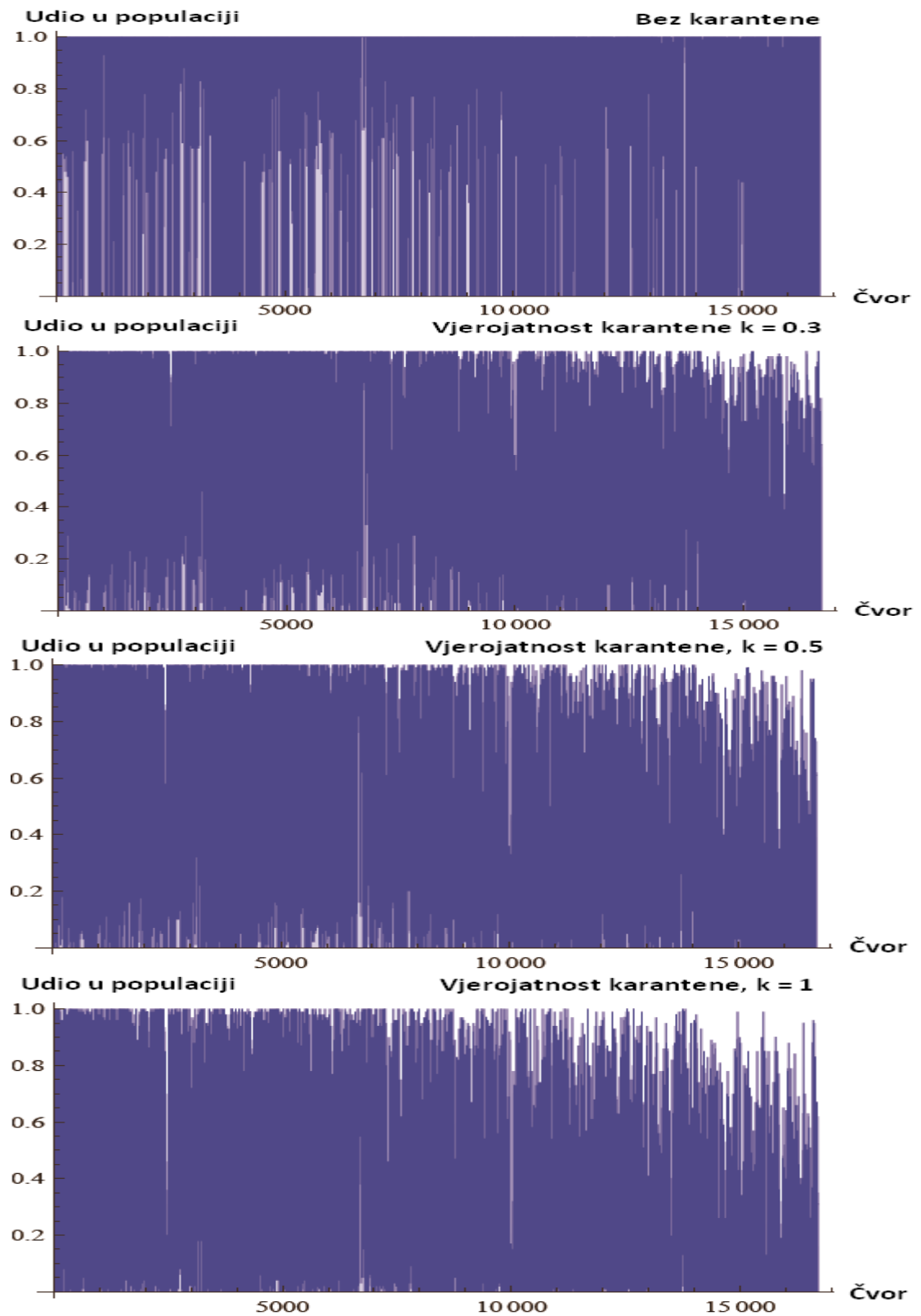
Slika 5.17 Dinamika karantene 1 za različite vrijednosti k



Slika 5.18 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.19 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.20 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

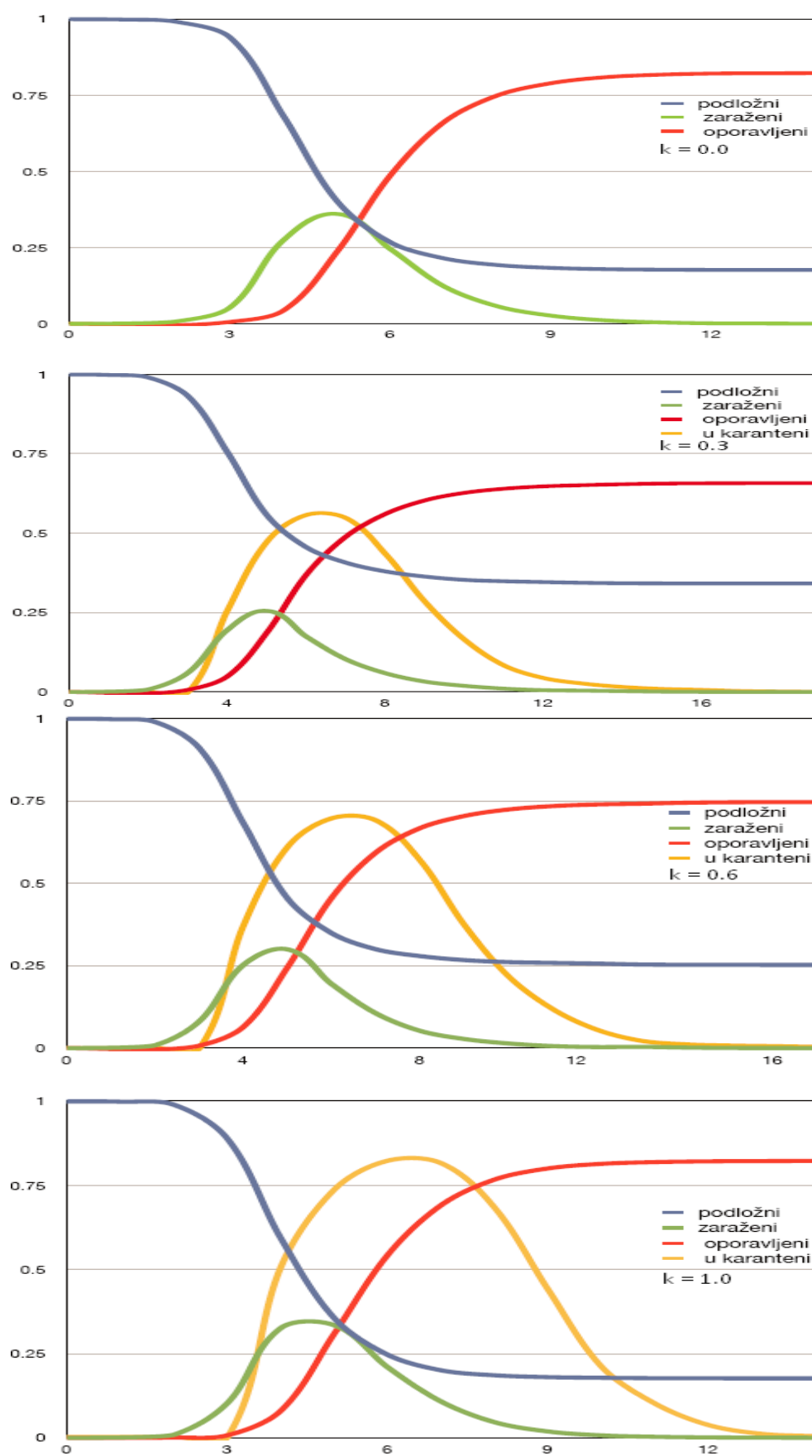
5.4.2. Karantena 2

Dinamika epidemije SIR modela za karantenu 2, prikazana je na slici 5.21. Mehanizam karantene 2 je objašnjen u poglavlju 4.3. te je njezino specifično ponašanje razmotreno za mrežu „Power grid“ u poglavlju 5.2.1. Ponašanje je slično i za ovu mrežu. Udio oporavljenih za $k = 0.3$ je manji od udjela za $k = 0.6$. Time se potvrđuje dosadašnje ponašanje karantene 2.

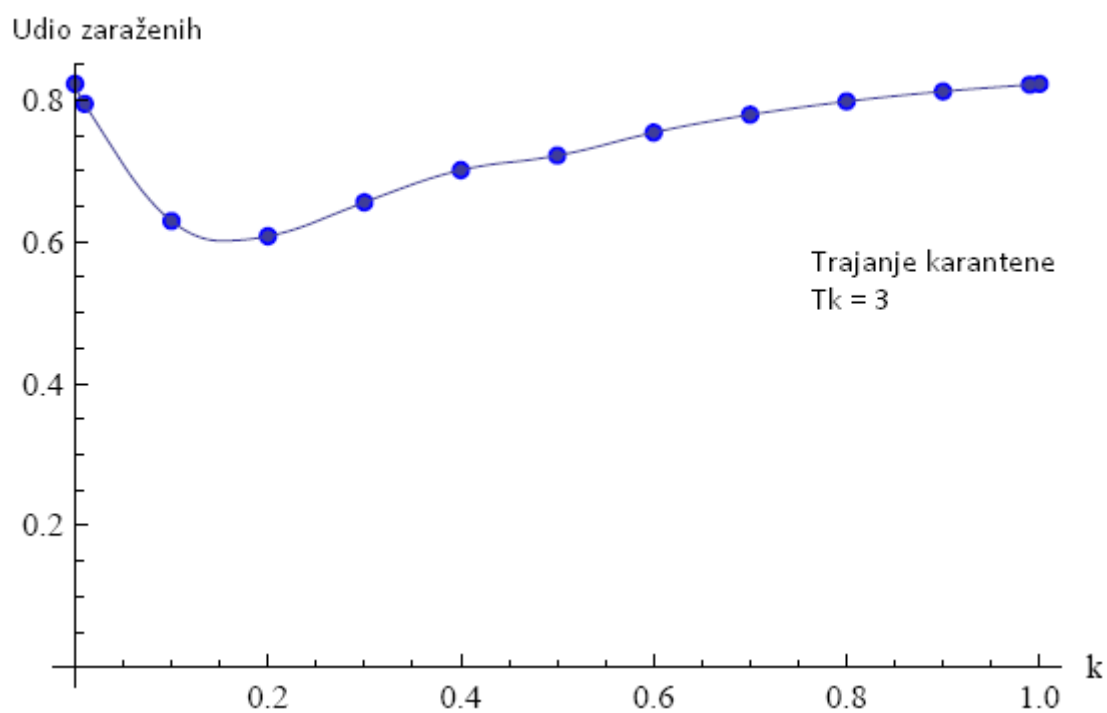
Graf ovisnosti udjela zaraženih jedinki populacije o koeficijentu k (slika 5.22) bolje prikazuje najbolji koeficijent primjenjivanja karantene 2. Za $k = 0.2$ udio zaraženih postiže minimum od oko 60%. Vidimo da je učinkovitost karantene 2 dvostruko manja od karantene 1 za ovu mrežu.

Slika 5.23 prikazuje 3D graf ovisnosti udjela zaraženih o koeficijentu karantene, k , i trajanju karantene, T_k . Nema osjetne razlike, no najbolji rezultati dobivaju se za trajanje karantene između 5 i 10 koraka.

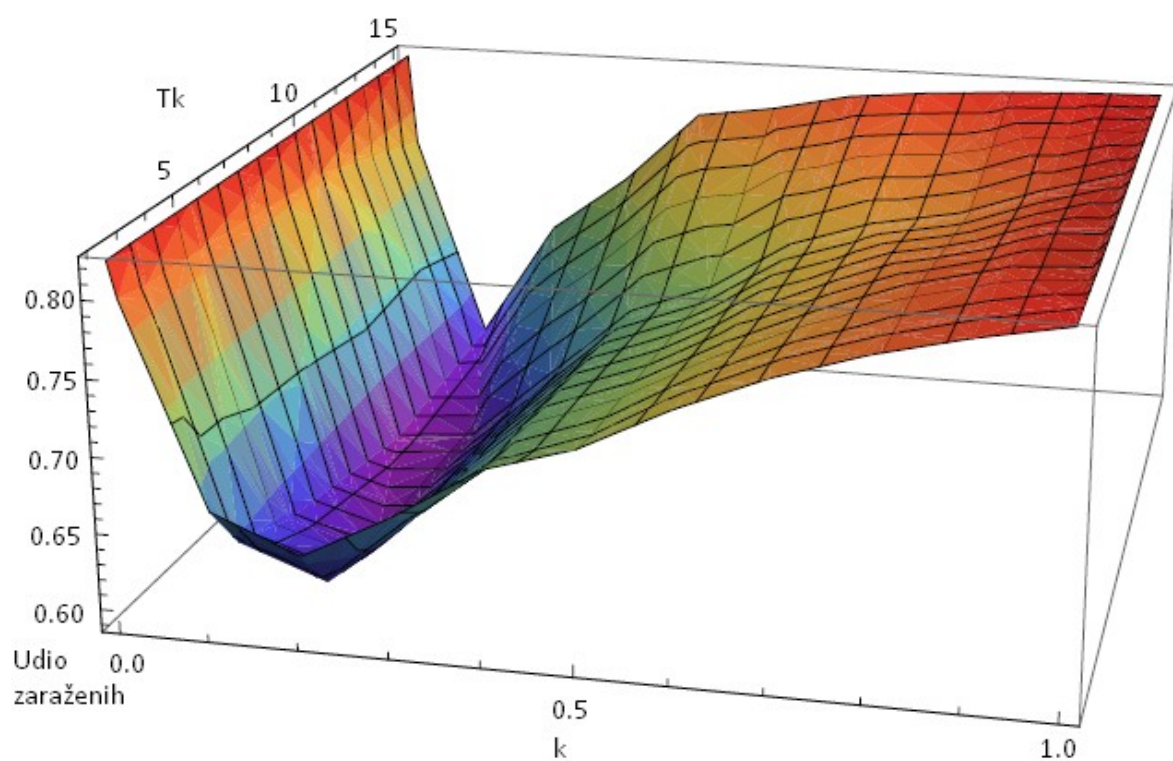
Histogrami sa slike 5.24 prikazuju učestalost zaraze svake jedinice populacije. Bez karantene, većina jedinki je zaražena, najveće smanjenje je vidljivo za $k = 0.3$, dok ostali koeficijenti daju rezultate slične prvom histogramu. Vidljiva je slabija učinkovitost ovakve karantene za ovu mrežu.



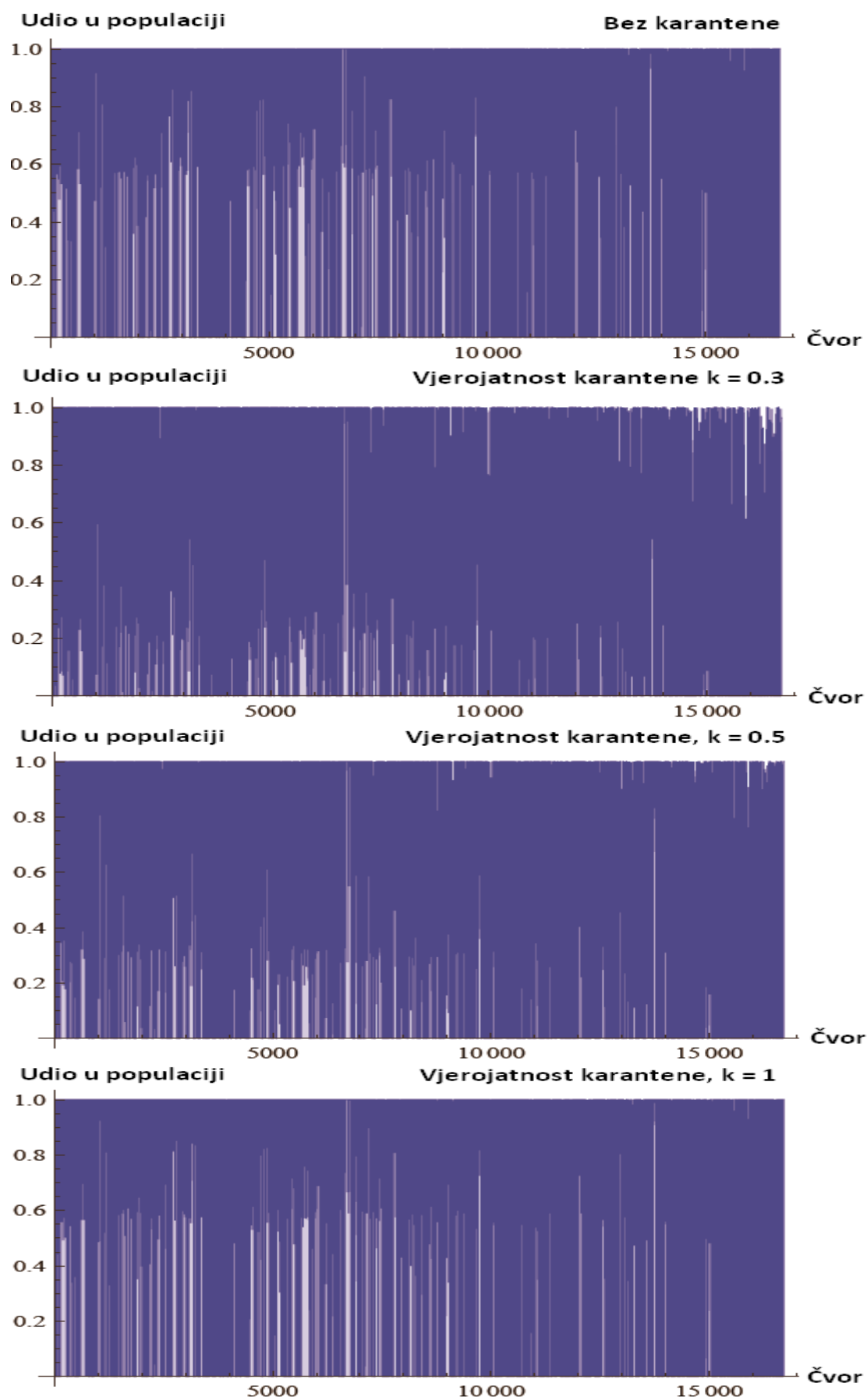
Slika 5.21 Dinamika karantene 2 za različite vrijednosti k



Slika 5.22 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.23 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.24 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

5.5. Rezultati „Internet“ mreže

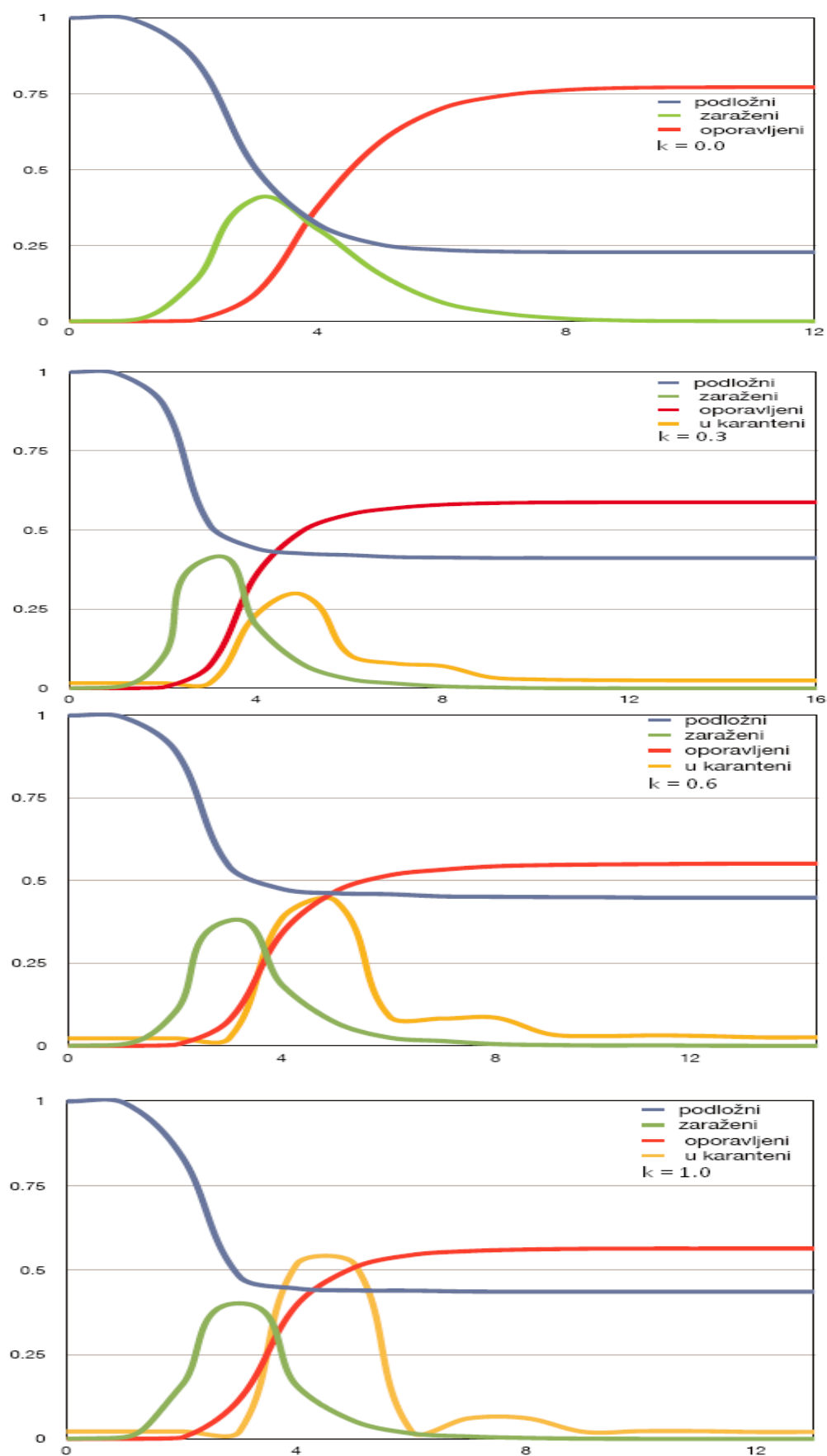
5.5.1. Karantena 1

Dinamika epidemije SIR modela za karantenu 1 mreže „Internet“ , prikazana je na slici 5.25. Udio oporavljenih jedinki bez utjecaja karantene je oko 75%, dok se kod primjenjivanja apsolutne karantene spušta na oko 55%. Tako mala razlika izazvana je izrazito visokim prosječnim stupnjem čvorova mreže, koji za „Internet“ mrežu iznosi približno 33. Suzbijanje epidemije kod mreža gdje je svaka jedinka u prosjeku povezana sa 33 druge jedinice je izrazito teško.

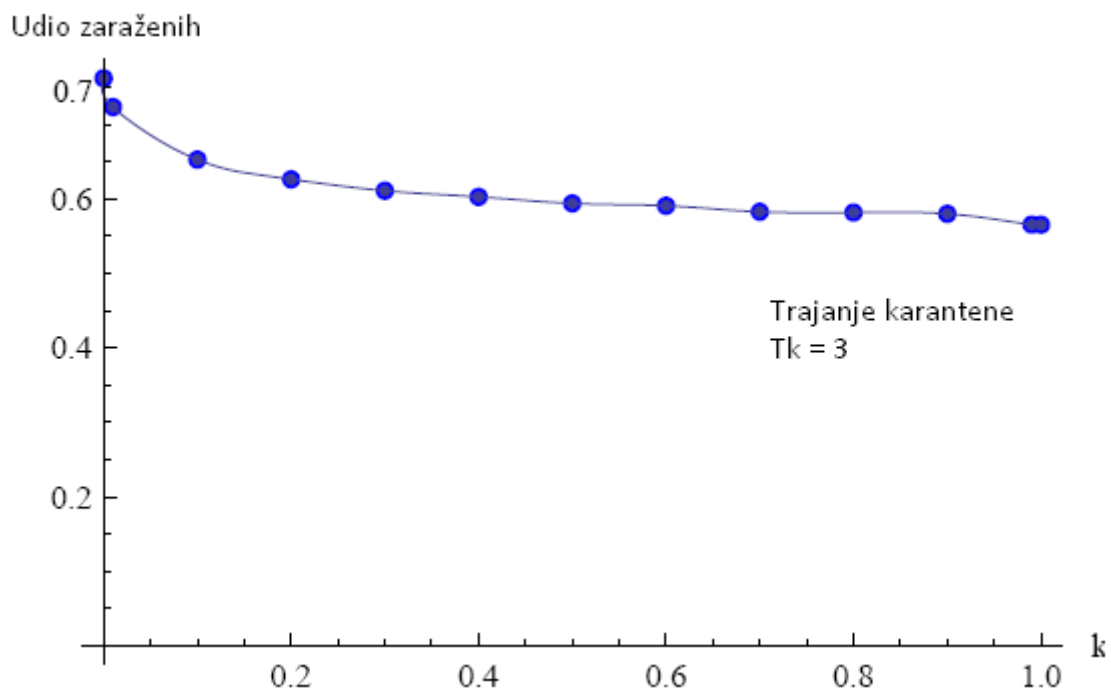
Slika 5.26 prikazuje graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k . Rezultat je u skladu sa rezultatima dinamike SIR modela, postiže se malo smanjenje ukupne populacije zaraženih jedinki.

Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k i trajanju karantene T_k (slika 5.27) daje iznenađujuće rezultate. Za dulje trajanje karantene epidemija se višestruko jače obuzda. Za trajanje karantene od 10 koraka na više dobivaju se odlični rezultati. Iz ovakvih rezultata može se zaključiti da za mreže sa visokim prosječnim stupnjem čvorova, potrebno je višestruko produljiti trajanje ovakve karantene. Karantena 1 u ovakvim mrežama stvara veće izolirane *podmreže* za koje nije dovoljno primijeniti uobičajeno dvostruko trajanje očekivanog oporavka već 6 do 10 puta dulje trajanje karantena koje daje dobre rezultate.

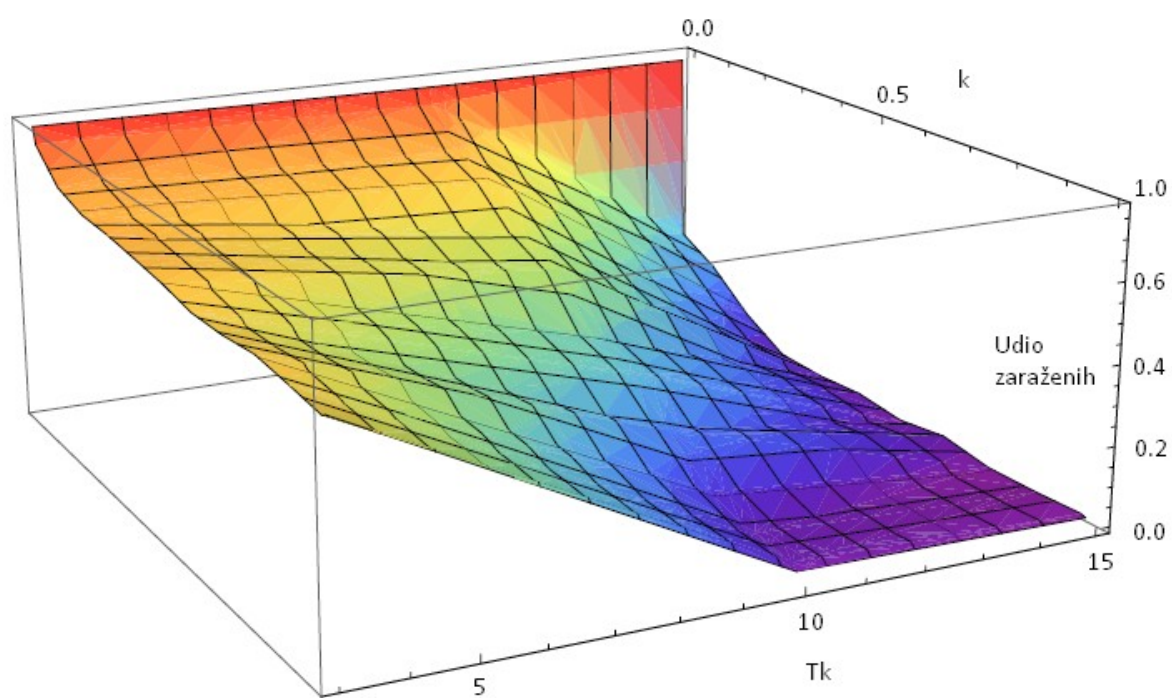
Slika 5.28 prikazuje histograme učestalosti zaraze svih jedinki populacije za trajanje karantene $T_k = 3$. Vidljivo je smanjenje učestalosti zaraze povećavanjem koeficijenta karantene k .



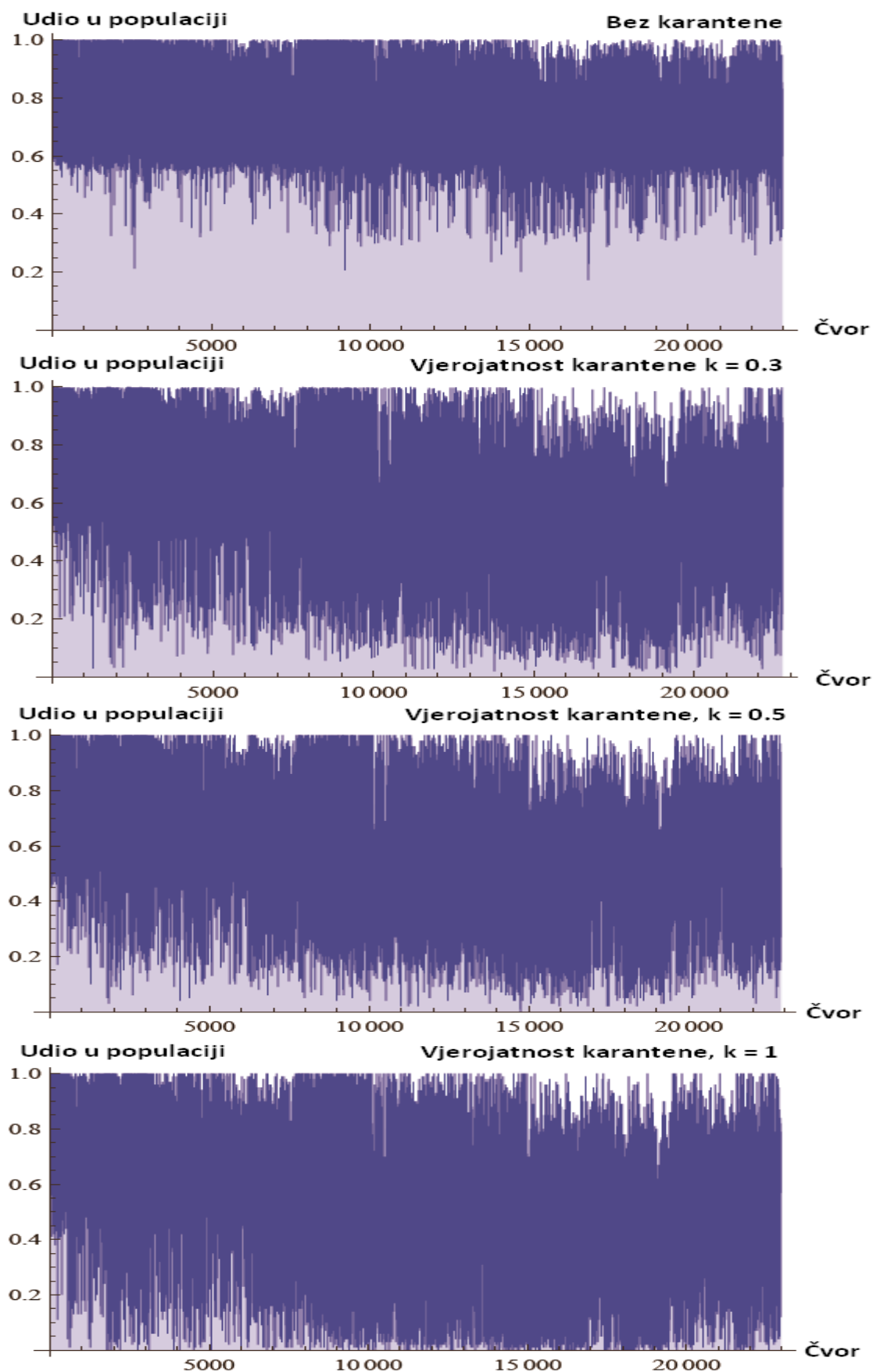
Slika 5.25 Dinamika karantene 1 za različite vrijednosti k



Slika 5.26 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.27 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.28 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

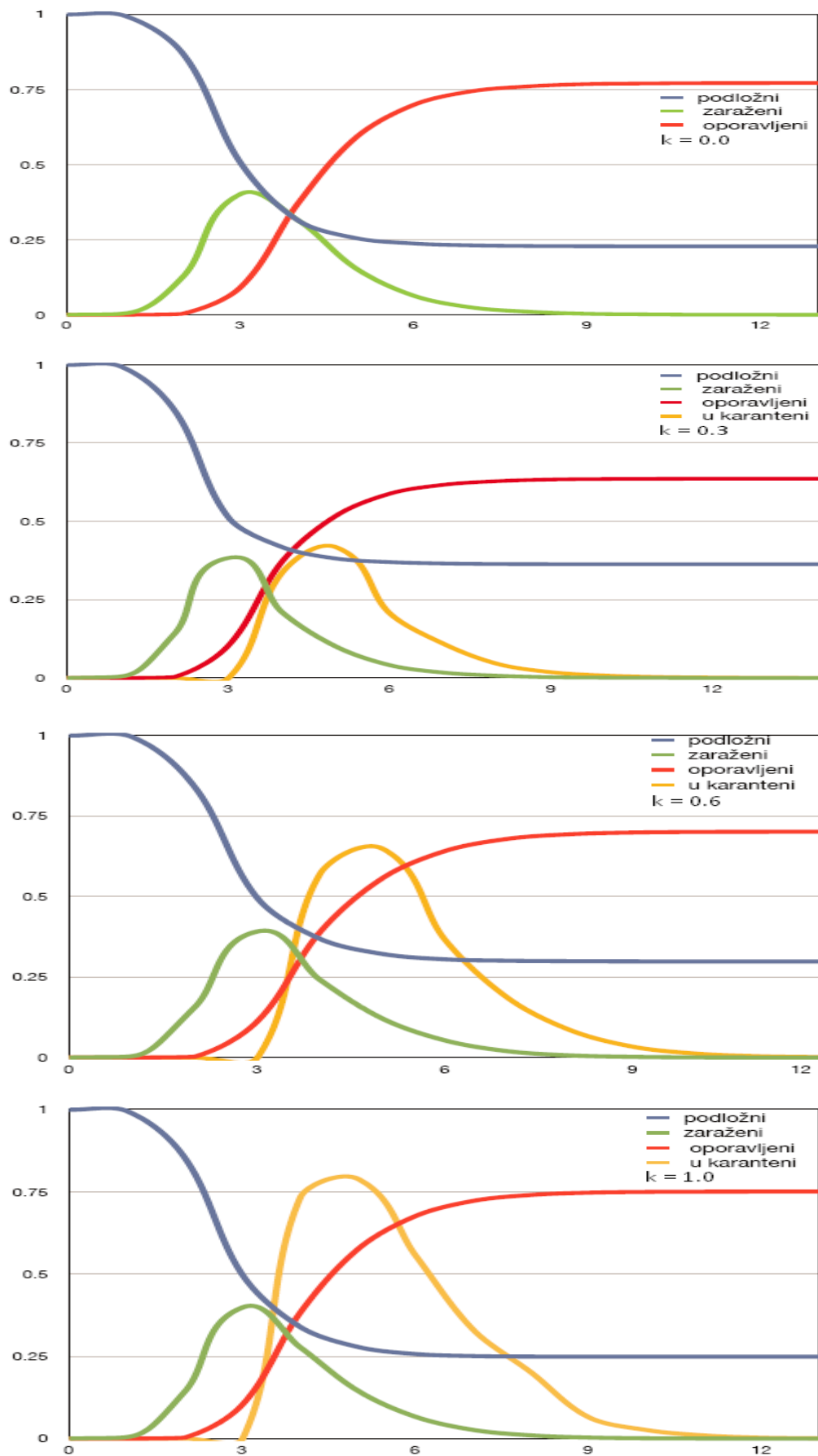
5.5.2. Karantena 2

Dinamika SIR modela epidemije za karantenu 2 prikazana je na slici 5.29. Bez utjecaja karantene, udio oporavljenih jedinki je oko 76%. Povećanjem utjecaja karantene javlja se slična situacija kao kod ostalih mreža. Nakon određenog koeficijenta k , udio oporavljenih jedinki ponovno raste. Vidljivo je da se za apsolutnu karantenu ($k = 1.0$), u jednom trenutku u karanteni nalazi skoro 80% populacije.

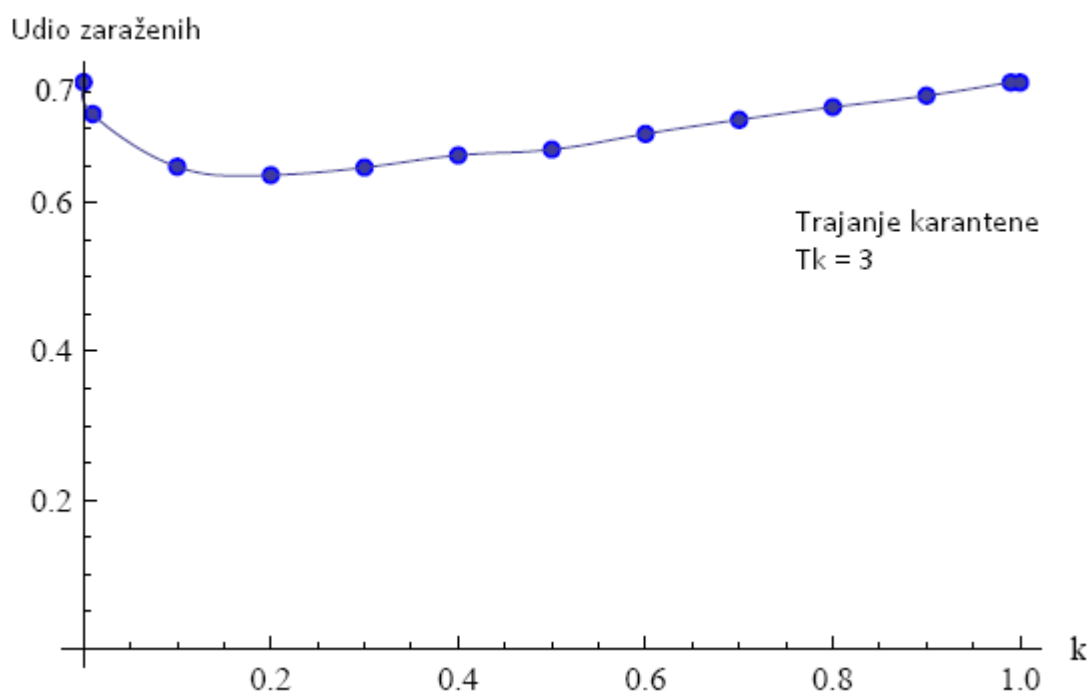
Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k prikazan je na slici 5.30. Minimum se postiže za $k = 0.2$ i iznosi oko 65%. U ovom slučaju je razlika najboljih vrijednosti karantene 1 i karantene 2 oko 5%, što ne opravdava upotrebu skuplje karantene 1.

Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k i trajanju karantene T_k (slika 5.31) pokazuje slično ponašanje kao i za karantenu 1. Produljenjem trajanja karantene preko 10 koraka, za vjerojatnost karantene $k = 0.2$ dobiva se rezultat sličan karanteni 1. Obje karantene postižu dobre minimume za trajanje karantene dulje od 10 koraka.

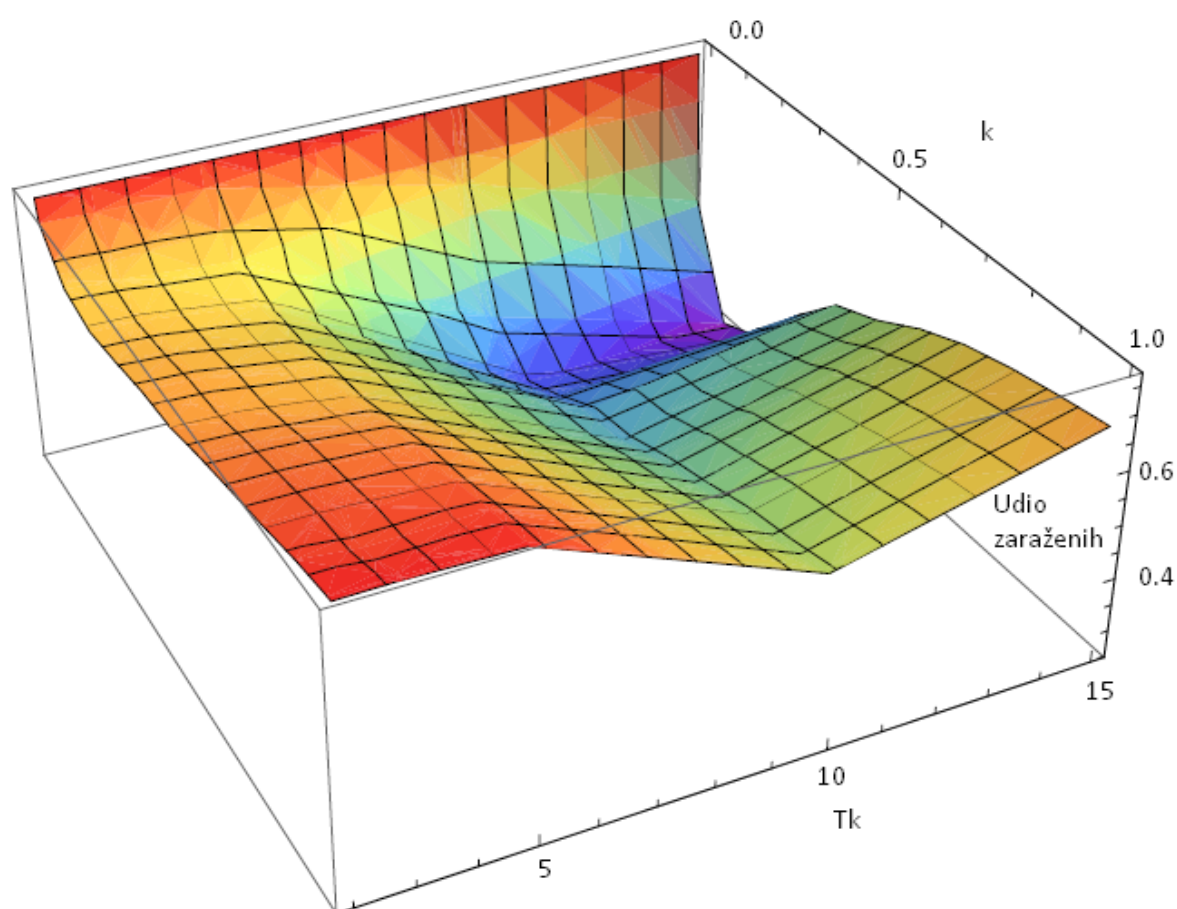
Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora prikazani na slici 5.32 pokazuju smanjenje zaraze za $k = 0.3$. Ostali histogrami pokazuju veće učestalosti zaraze.



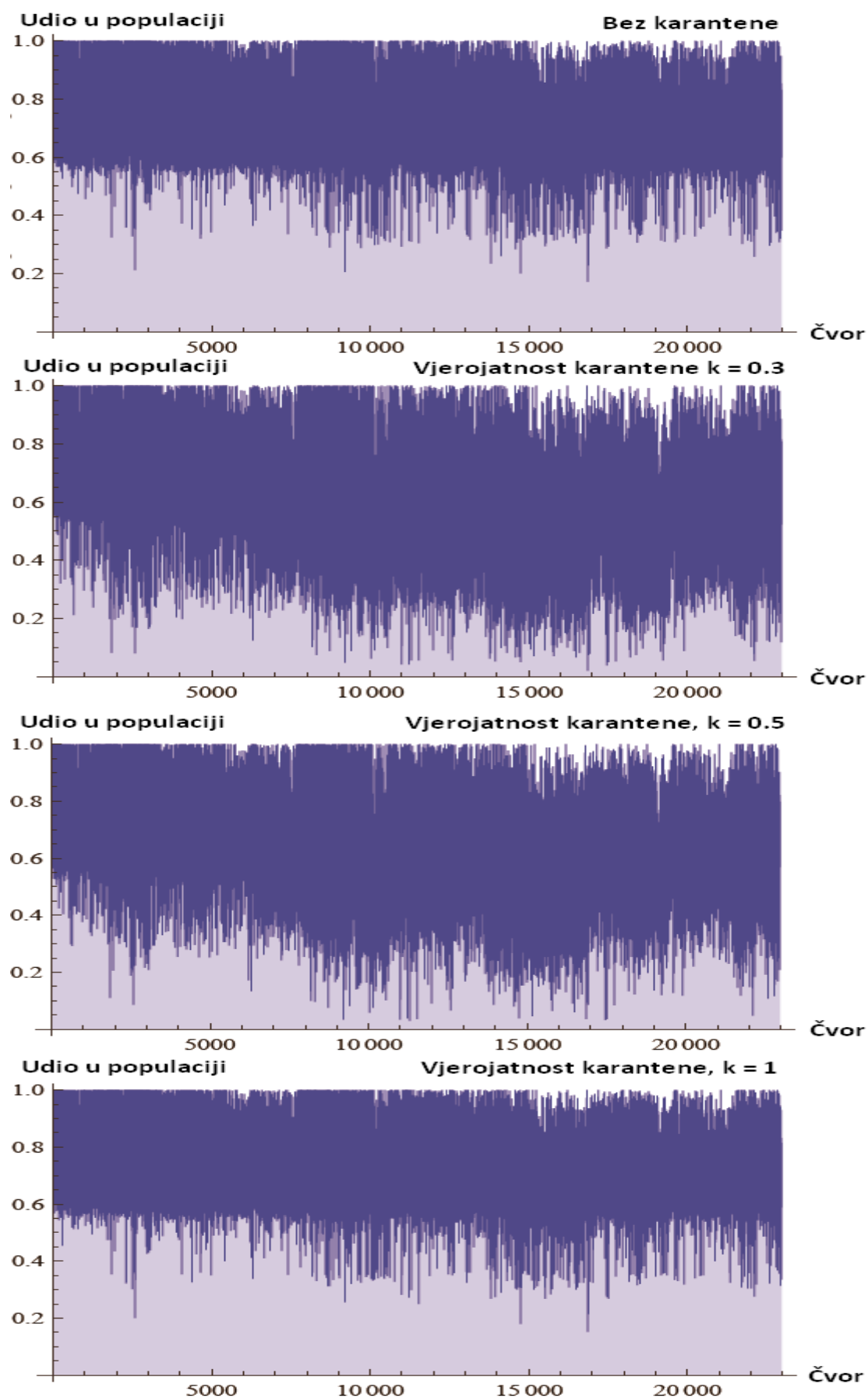
Slika 5.29 Dinamika karantene 2 za različite vrijednosti k



Slika 5.30 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.31 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.32 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

5.6. Rezultati „Internet“ mreže (poseban slučaj)

U ovom potpoglavlju prikazan izniman slučaj epidemije kojoj su vrijednosti zaraze i oporavka:

- Vjerojatnost zaraze ($p = 0.04$)
- Vjerojatnost oporavka ($q = 0.6$)

Izabrana konfiguracija predstavlja epidemiju koja se jako sporo širi a brzo gasi kako bi usporedili ponašanje u odnosu na dosadašnju zarazu koja se brzo širila na mreži sa visokim prosječnim stupnjem čvora poput „Internet“ mreže.

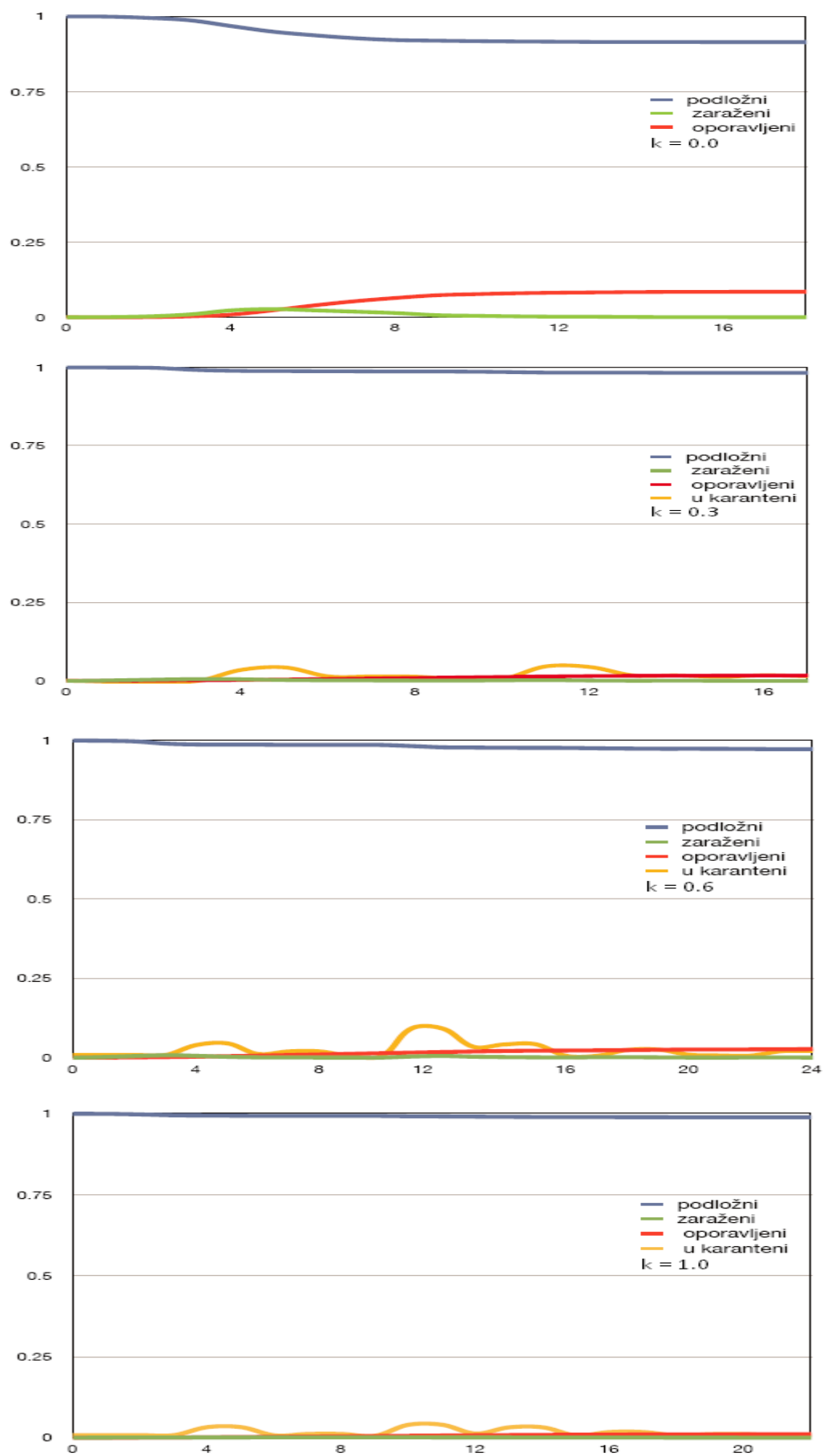
5.6.1. Karantena 1

Slika 5.33 prikazuje dinamiku SIR modela epidemije. Bez utjecaja karantene, zarazi se 10% populacije. Uz utjecaj karantene $k = 0.3$ udio oporavljenih pada na oko 1% populacije. Usprkos velikom prosječnom stupnju čvora, zaraza nije dovoljno jaka kako bi prouzročila ozbiljnije širenje među populacijom. Malim utjecajem karantene širenje se u potpunosti suzbija.

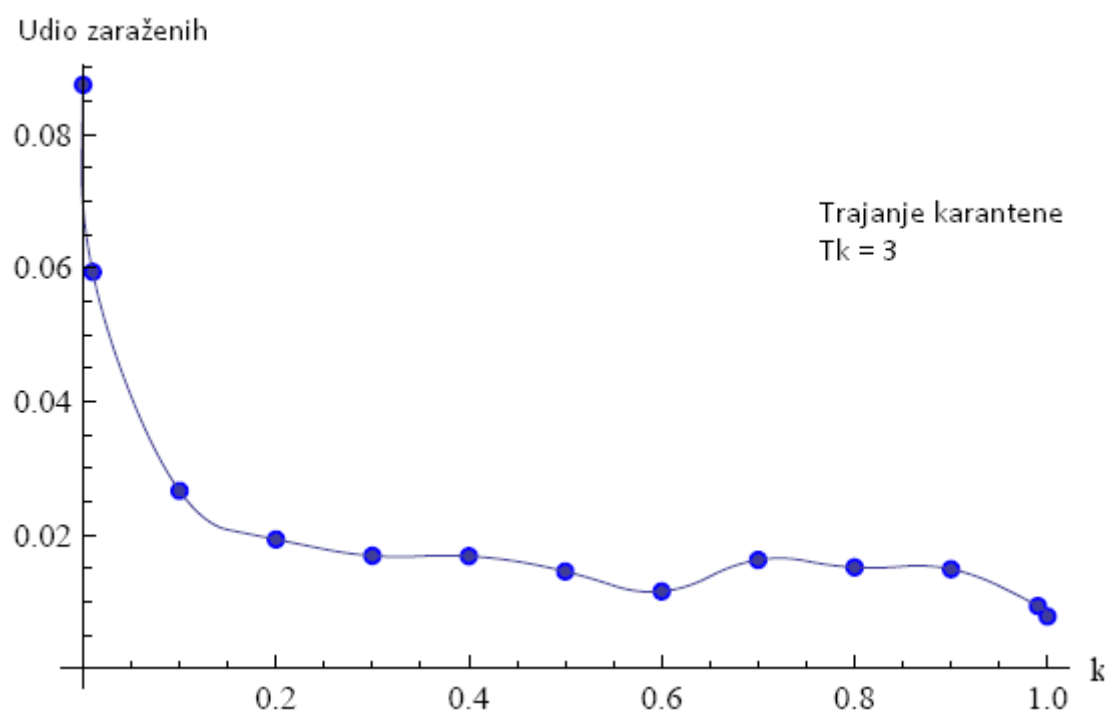
Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k prikazan je na slici 5.34. Udio zaraženih opada sa 10% do 1% ukupne populacije.

Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k i trajanju karantene T_k (slika 5.35) pokazuje da trajanje karantene malo utječe na smanjenje zaraze. Utjecaj do $T_k = 10$ koraka je vidljiv, više koraka nema utjecaja.

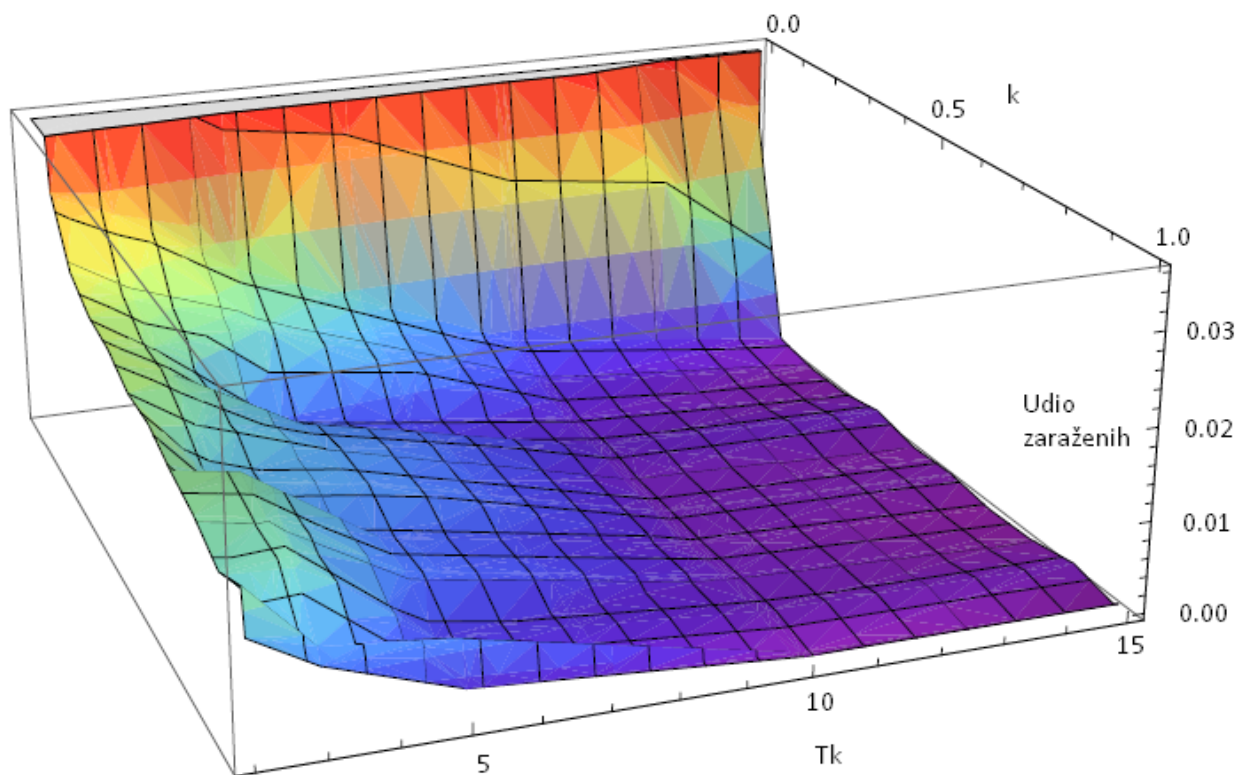
Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora prikazani na slici 5.36 pokazuju konstantno smanjenje zaraze.



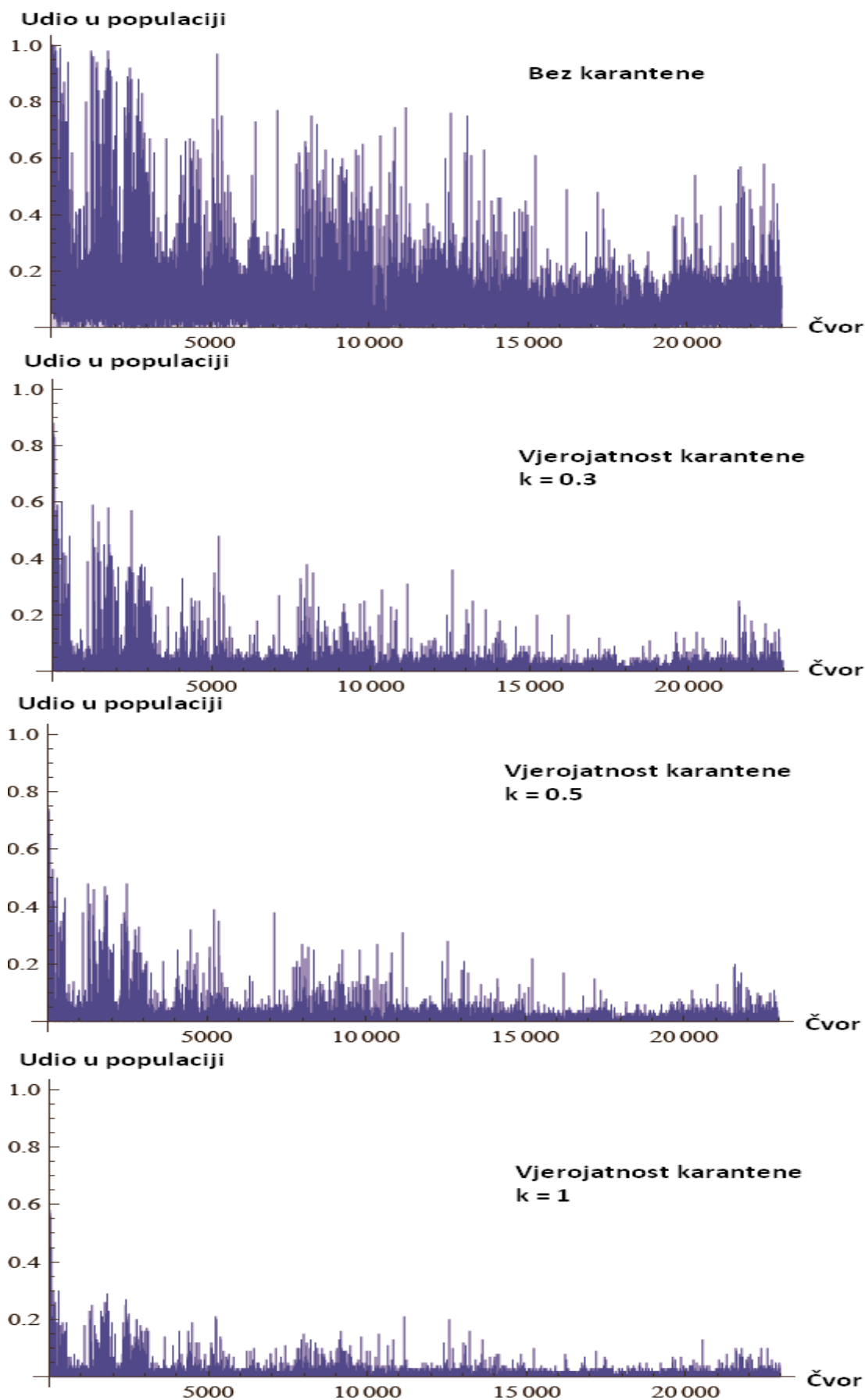
Slika 5.33 Dinamika karantene 1 za različite vrijednosti k



Slika 5.34 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.35 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.36 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

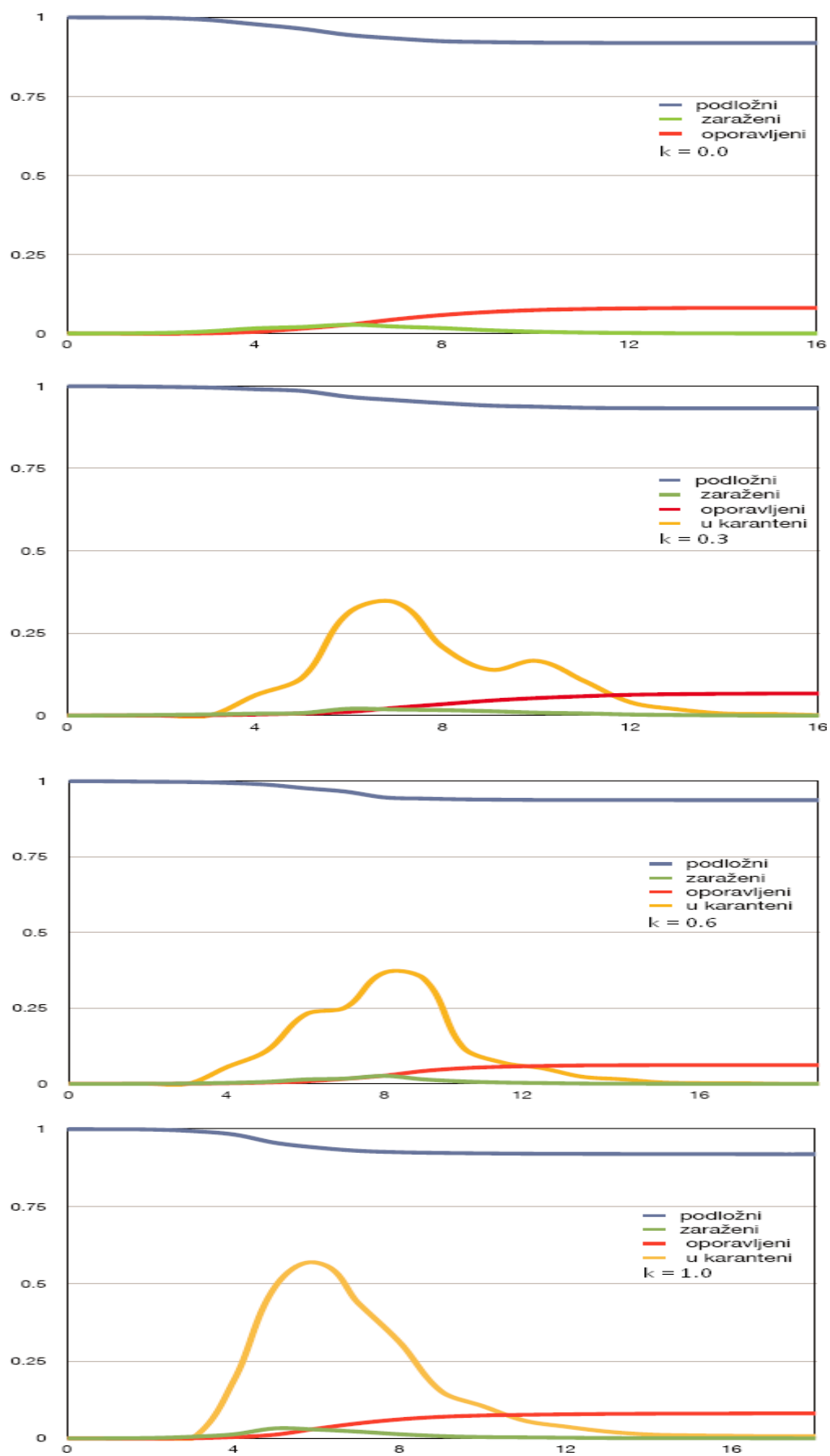
5.6.2. Karantena 2

Dinamika SIR modela epidemije za karantenu 2 prikazana je na slici 5.37. Za apsolutnu karantenu ($k = 1.0$), u jednom trenutku se u karanteni nalazi skoro 60% populacije.

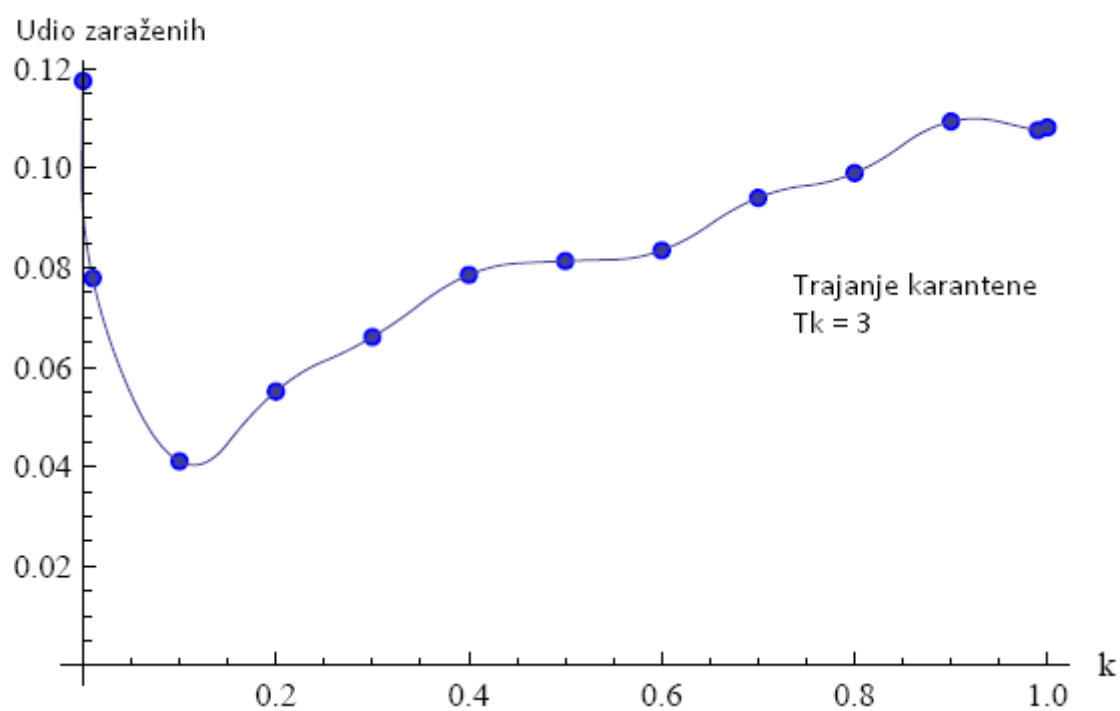
Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k prikazan je na slici 5.38. Minimum se postiže za $k = 0.1$ i iznosi oko 4%. U ovom slučaju je relativna razlika najboljih vrijednosti karantene 1 i karantene 2 oko 3%, što nije puno, no obzirom na maksimalnu zaraznost od 10%, učinak karantene 2 je 30% slabiji.

Graf ovisnosti ukupnog udjela zaraženih o koeficijentu karantene k i trajanju karantene T_k (slika 5.39) ne pokazuje veliku razliku utjecaja trajanja karantene. Minimum se postiže oko vrijednosti $T_k = 8$.

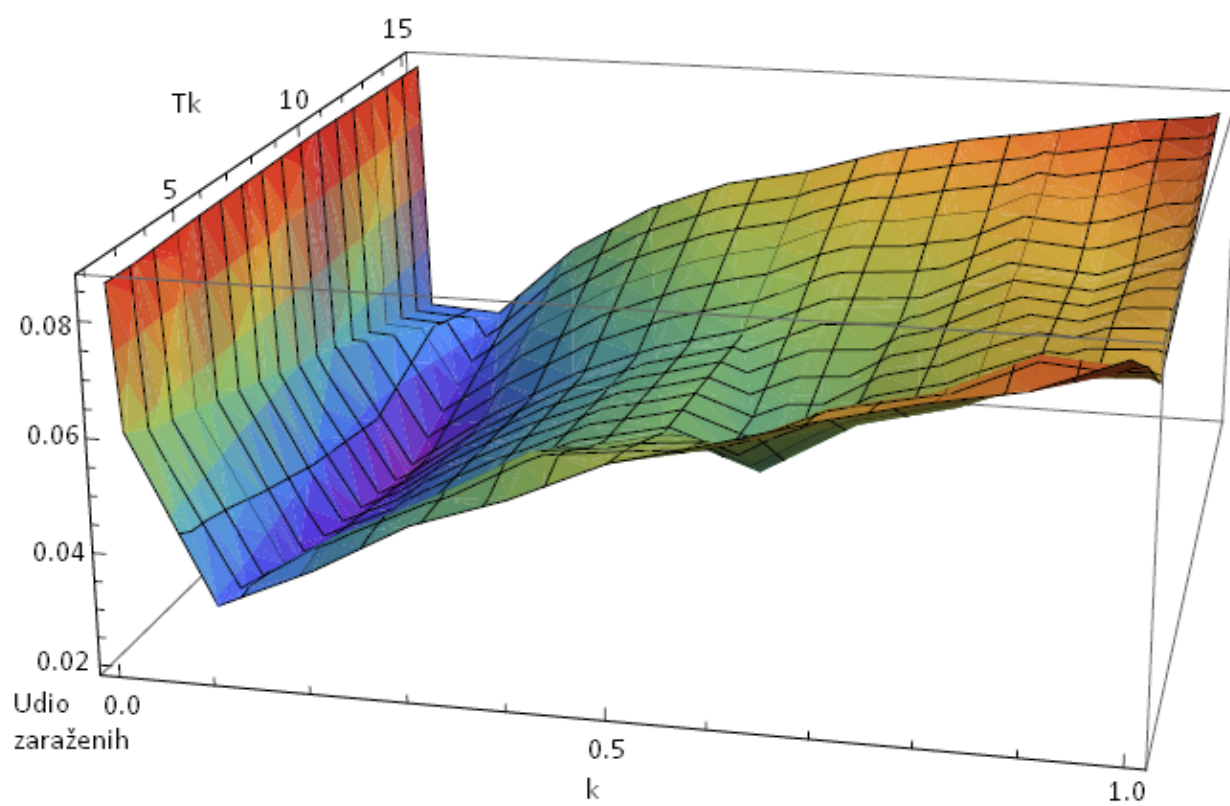
Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora prikazani su na slici 5.40.



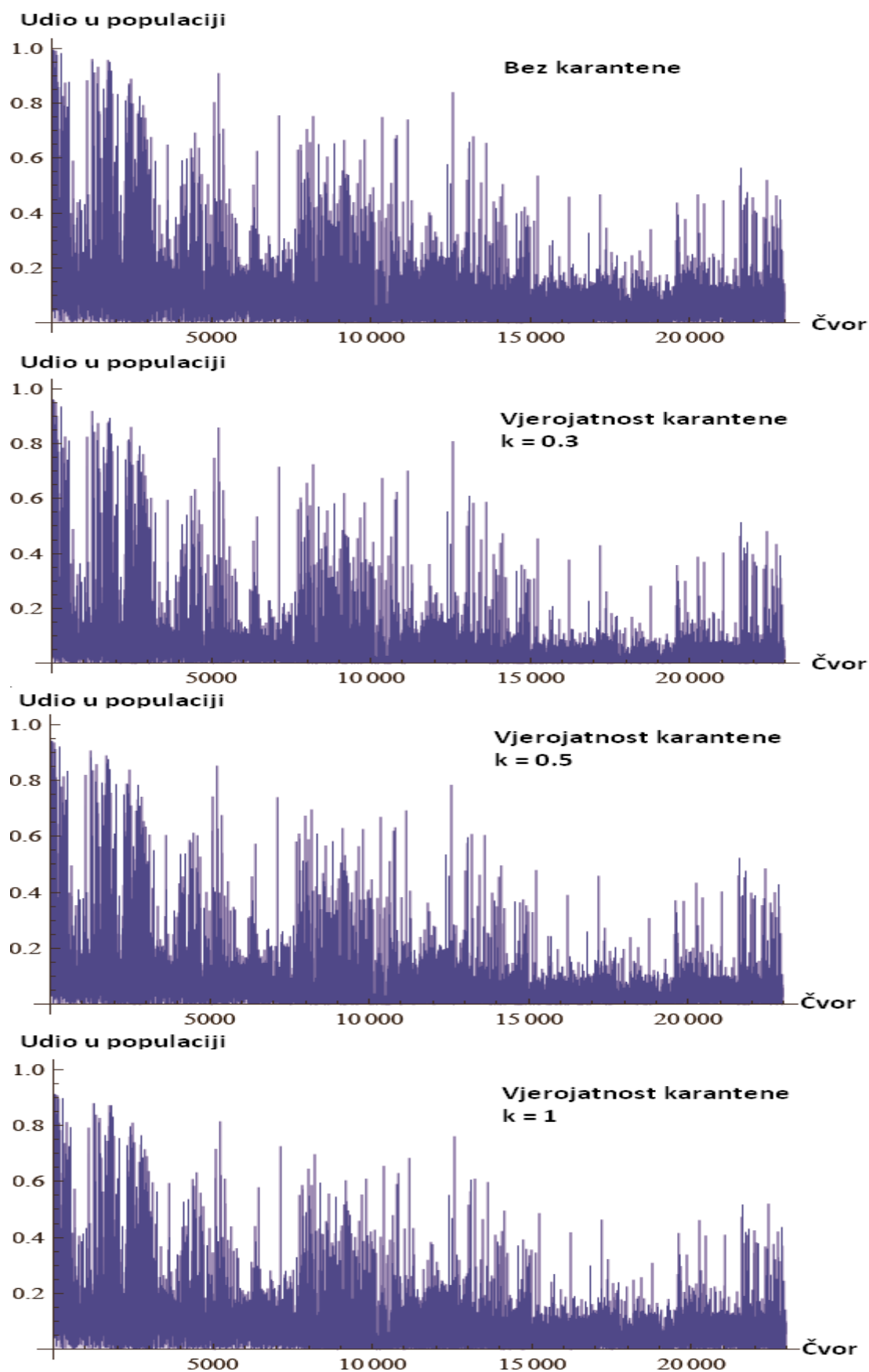
Slika 5.37 Dinamika karantene 2 za različite vrijednosti k



Slika 5.38 Ovisnost zaraženih jedinki i faktora karantene k



Slika 5.39 Graf ovisnosti udjela zaraženih o trajanju karantene T_k i faktoru k



Slika 5.40 Histogrami učestalosti zaraze svakog čvora na 1000 simulacija

6. Diskusija rezultata

Rezultati istraživanja pokazali su ponašanje i prirodu oba modela karantena. Paralelnim prezentiranjem rezultata svake karantene za sve kompleksne mreže, dane su dobre usporedbe dobrih i loših strana.

Sigurno se može zaključiti da je karantena 1 efikasnija i temeljitija u suzbijanju epidemije u populaciji. Mehanizam kojim je ostvarena karantena 1 ciljano fizički odvaja zarazu od mreže, što je najbolji način lokaliziranja zaraze. Rezultati su pokazali visoku učinkovitost takve karantene, gdje su u nekim slučajevima zaraze suzbijene čak 90%. Cijena takvog sustava je razlog zašto se razmatraju i druga potencijalna rješenja. Potpuna fizička izolacija radno sposobnog stanovništva u velik broj malih grupica nije lak zadatak.

Kao jeftiniju i isplativiju varijantu karantene predstavljena je karantena 2. Cijena ovakve karantene je donekle niža, no to plaća učinkovitost. Ponašanje modela je specifično, na način da stroža primjena karantene nije nužno dobra. Slikovito bi se ovakav model mogao opisati izolacijom na otoku, gdje svi smješteni u karantenu imaju uobičajenu interakciju među sobom i svojim susjedima, dok god su i ti susjedi u karanteni. Ukoliko se primjeni blaga karantena, odvojit će se mali dio zaražene populacije i njihovih susjeda, čime efektivno dijelimo „fond“ zaraženih i ublažavamo posljedice velikog broja zaraženih. Ako se primjeni stroga karantena, dogodit će se situacija u kojoj će većina populacije prijeći u karantenu i nastaviti normalne interakcije, što dovodi do gubitka utjecaja karantene. Rezultati su pokazali kako ne postoji univerzalna granica primjene karantena, no većina najboljih rezultata se kreće oko vjerojatnosti $k = 0.2$. Najbolji učinak ovakve karantene i dalje je lošiji od učinka karantene 1.

Trajanje karantene je parametar koji je imao velik učinak u učinkovitosti karantena. Uobičajeno trajanje karantena izračunato je kao dvostruko očekivano trajanje oporavka ($2 * E_q$). U našem slučaju uobičajeno trajanje karantene iznosi $T_k = 3$. Za velike mreže sa velikim prosječnim stupnjem čvora ovo vrijeme nije davalo zadovoljavajuće rezultate. Višestruko duljom primjenom karantena postignuti su zadovoljavajući rezultati. Razlog tomu su velike karantene, za koje je bilo potrebno

dulje vrijeme izolacije. Povlači se zaključak kako je trajanje karantene proporcionalno veličini karantene.

6.1. Daljnji razvoj

Postoji mnogo prostora za proširenje i nastavak istraživanja o primjeni karantena u kompleksnim mrežama.

Sa stajališta učinkovitosti, razvoj boljih algoritama za česte brze izmjene topologije mreža i optimiziranje postojećih ideja. Primjena paralelnog programiranja (*MPI*, eng. *Message passing interface*) za primjenu na računalnim grozdovima (eng. *Cluster*).

Shvaćanje mehanizama i ispitivanje svih utjecaja karantena na svojstva kompleksnih mreža. Primjena na detaljnije i bolje modele poput SEIR modela.

7. Zaključak

Područje kompleksnih mreža je široke primjene, ovaj rad se bazira na primjeni kompleksnih mreža u simuliranju epidemija, te proučava utjecaj karantena na njihovo širenje.

Prikazane su tri mreže različitih dimenzija i kompleksnosti, te su nad njima provedene simulacije i prikazani rezultati. Primijenjena su dva modela karantena, model 1 čiji temelj je bila fizička izolacija dijelova mreže i model 2 čiji temelj je bila logičko odvajanje mreže.

Uočene su mnoge ovisnosti intenziteta primjene karantene o suzbijanju zaraze. Za velike mreže, uočen je važan faktor trajanja karantene na velike razlike u učinkovitosti. Razmotreni su odnosi rezultata obiju karantena o njihovim cijenama. Potrebno je odlučiti u kojoj situaciji je potrebna koja karantena. Karantena 1 je skuplja ali osjetno bolja.

Proučavanje kompleksnog modela s velikim brojem parametara i svojstava provodi se sustavno. Ovo je jedan od načina na koji možemo proučavati epidemije i karantene u kompleksnim mrežama, te nam daje informacije i smjernice za daljnje istraživanje.

Mario Ogrizek - Tomaš

8. Literatura

- [1] F. Liljeros, C. R. Edling, L. A. N. Amaral, H. E. Stanley, and Y. Aberg, "The Web of Human Sexual Contacts", *Nature* 411, 907 (2001).
- [2] M. E. J. Newman, The structure of scientific collaboration networks, *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 98, 404 (2001).
- [3] V. Capasso, *The Mathematical Structure of Epidemic Systems*, Springer Verlag (1993).
- [4] 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.
- [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] Xiefei Yan, Yun Zou, Jianliang Li. Optimal quarantine and isolation strategies in epidemics control, *World Journal of Modeling and Simulation*, 2007, 3: 202-211.
- [7] M. E. J. Newman. The structure and function of complex networks, *SIAM Review* 45, 167-256 (2003).
- [8] A.L. Barabasi, E. Bonabeau. Scale-free networks, *SIAM*, 288:50-59 (2003).
- [9] P. Boldi, B. Codenotti, M. Santini, S. Vigna, Structural Properties of the African Web, <http://www2002.org/CDROM/poster/164/>, 16.4.2010.
- [10] I. Miloš, Diplomski rad, Utjecaj karantene i imunizacije na širenje zaraze u kompleksnim mrežama, Fakultet elektrotehnike i računarstva, Zagreb, rujan 2008.
- [11] GML: A portable Graph File Format, Michael Himsolt, <http://www.infosun.fim.unipassau.de/Graphlet/GML/gml-tr.html>, 14.3.2010.

- [12] Network Data, 13.1.2008., Newman,
<http://wwwpersonal.umich.edu/~mejn/netdata/>, 14.3.2010.
- [13] I. Čanadi, M. Ogrizek-Tomaš, A. Rakipović, G. Vidojević, Širenje zaraze na kompleksnim mrežama, Fakultet elektrotehnike i računarstva, Zagreb, prosinac 2009.