

MODELITZACIÓ PROBABILISTA I CONTROL DE LA DIFUSIÓ D'EPIDÈMIES MITJANÇANT TRANSMISSIÓ DE MISSATGES

*Treball de Final de Màster - Treball divulgatiu (Beca de col·laboració amb
un grup de recerca de l'UBICS)*

Universitat de Barcelona

FACULTAT DE FÍSICA - DEPARTAMENT DE FÍSICA DE LA MATÈRIA
CONDENSADA

MÀSTER EN MODELITZACIÓ COMPUTACIONAL ATOMÍSTICA I
MULTIESCALA EN FÍSICA, QUÍMICA I BIOQUÍMICA

CURS 2020-21

Autor: Edgar Alvarez Galera
Director del TFM: Matteo Palassini
Responsable de la beca: Albert Diaz Guilera

29 de juliol del 2021

1 INTRODUCCIÓ I DESCRIPCIÓ DEL TREBALL

La **propagació d'epidèmies** és un tema de gran interès en els dies actuals. Si pensem en un procés epidemiològic a l'actualitat segurament se'ns vingui al cap la propagació de la COVID-19, o en general qualsevol tipus de malaltia que es propagui per **contagi**, tant respiratòries, com ETS, etc. En aquest projecte no ens centrem en la natura clínica de la malaltia, sinó en les propietats a gran escala de la seva difusió. De fet, ens referim a la “**malaltia**” com allò que es **transmet** entre individus, però podríem referir-nos a qualsevol tipus de procés que suposi la **propagació d'una senyal** per un membre “**infectat (I)**” i la captació d'aquesta per un de “**susceptible (S)**” (i que eventualment estarà “**recuperat/retirat (R)**”), ja sigui en el propi àmbit mèdic com en àmbits tals com la informàtica, la transmissió d'informació o idees, etc.

Com podem intuir, ens trobem a un àrea molt interdisciplinària, la qual involucra aspectes i tècniques de la física i les matemàtiques, així com l'ús d'eines computacionals i el marc del coneixement de la pròpia epidemiologia.

Els membres de la població formen una xarxa, és a dir, suposem que tenim un conjunt d'individus i que dos individus estableixen una **connexió o enllaç** si es relacionen entre sí. La malaltia només es podrà transmetre entre aquells nodes que, ja sigui eventualment o durant tot el rang de temps estudiat, han establert un **enllaç**. Durant el projecte s'han considerat diverses simulacions emprant **grafs** (xarxes de nodes en interacció), tant sintètiques com reals, així com estàtiques i dinàmiques.

Nosaltres considerem models compartimentals, on un determinat individu pot dur a terme transicions entre diversos estats (de forma unidireccional). L'estat d'un individu evoluciona d'una forma **estocàstica** (no predictable), ja sigui en esdeveniments espontanis (com la recuperació) o per influència dels seus veïns (contagi per part d'un contacte).

En aquest projecte es va començar estudiant l'evolució de l'epidèmia d'una forma més convencional emprant mètodes de tipus **Monte Carlo (MC)**, els quals podem considerar que ens proporcionen l'evolució real de l'epidèmia. Un cop estudiada la dinàmica de processos epidèmics mitjançant simulacions de Monte Carlo vam passar a l'objectiu d'aquest treball, que és la implementació d'un algoritme tipus “**Dynamic Message Passing (DMP)**” que suposa una aproximació força menys costosa a la resolució del problema. En primera instància vam comprovar la validesa de l'aproximació comparant ambdues dinàmiques.

Posteriorment vam fer servir la informació que ens proporciona aquest nou mètode (**missatges i probabilitats marginals**) per a dur a terme diverses estratègies d'intervenció.

2 XARXES COMPLEXES

Considerem que les nostres xarxes són un conjunt de N d'individus (**nodes**) que a un instant de temps donat estan connectats entre sí mitjançant E **enllaços**.

Cada node, que en general etiquetem amb índexs tipus i ($i = 1, \dots, N$) pot estar connectat a d_i (**gra** del node i) **veïns**.

Considerem que els nostres grafs són **no dirigits**, el que significa que la interacció entre els nodes és bidireccional (simètrica).

Representacions d'una xarxa complexa

- Matriu d'adjacència: conjunt d'elements $\{a_{ij}\}^{i,j=1,\dots,N}$, tals que, donats dos nodes i i j , poden valdre:

$$a_{ij} = \begin{cases} 1 & \text{si } i, j \text{ estan connectats} \\ 0 & \text{si } i, j \text{ no estan connectats} \end{cases}$$

- Llista d'enllaços: llistat de parelles de nodes i, j .
- Llista de veïns: donat un node i , llistem tots els nodes j_1, j_2, \dots, j_{d_i} que estan connectats a aquest.

Xarxes estàtiques

Els enllaços entre els nodes sempre són els mateixos.

Xarxes dinàmiques

Els enllaços entre els nodes poden anar canviant amb el temps (hi ha reconexions).

Xarxes sintètiques

Les connexions entre els nodes estan construïdes artificialment segons les propietats que ens interessin.

Per exemple, si considerem una "**Random Regular Graph (RRG)**", estariem imposant que les connexions entre els diversos individus són aleatòries, però que cada individu té una quantitat fixada de **veïns**. En general són útils per a modelitzar sistemes d'individus, tot i que no representa d'una forma prou acurada l'estructura de com es relacionen individus a la vida real, pel que pot suposar discrepàncies en l'estudi del model en qüestió.

Xarxes reals

Les connexions entre els nodes s'han creat a través de l'estudi estadístic de com interaccionen certs individus a la realitat. Donen una estructura més apropiada tot i que en general les dimensions són força més petites.

Aquestes xarxes es poden consultar a diverses llibreries de dades (per exemple a <http://www.sociopatterns.org/>).

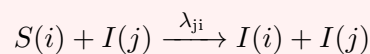
3 MODELS COMPARTIMENTALS EN EPIDEMIOLOGIA

En els anomenats models compartimentals dotem cada node de la xarxa amb una propietat: el seu estat. Cada estat possible és representat mitjançant un **compartiment**. L'estat d'un individu pot experimentar **transicions** entre els diversos compartiments, que suposem que es produeixen en una **única direcció** en un camí ben definit (no es pot tornar enrere a un estat previ). Els **ritmes de transició** ($\lambda_{ij}, \alpha_{ij}, \beta_{ij}, \mu_i, \nu_i, \dots$) són uns paràmetres que denoten la probabilitat que un cert node canviï d'estat a un instant de temps, i que són característics de cada procés epidèmic.

Quan volem modelitzar una epidèmia solem definir un nombre finit de compartiments, els quals considerem que descriuen les característiques importants d'aquesta. Alguns dels models més habituals en epidemiologia són els anomenats models SI, SIS, SIR, SIRS, SEIR, SIRV i SIRQ.

Model SI (2 estats - 1 transició)

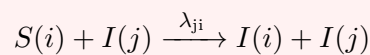
- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte (el segon pot infectar el primer amb una certa probabilitat definida pel paràmetre λ_{ji}):



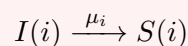
Model SIS (2 estats - 2 transicions)

Es poden produir dues transicions:

- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte:

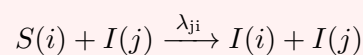


- quan un node infectat torna a ser susceptible:

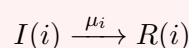


Model SIR (3 estats - 2 transicions)

- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte:

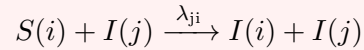


- quan un node infectat es recupera:

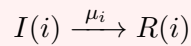


Model SIRS (3 estats - 3 transicions)

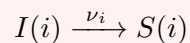
- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte:



- quan un node infectat es recupera:

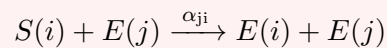


- quan un node infectat torna a ser susceptible:

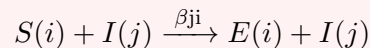


Model SEIR (4 estats - 3 transicions)

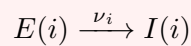
- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (exposat) entren en contacte:



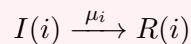
- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte:



- quan un node exposat passa a considerar-se infectat (presenta símptomes):

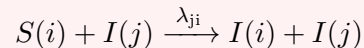


- quan un node infectat es recupera:

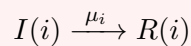


Model SIRV (4 estats - 3 transicions)

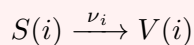
- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte:



- quan un node infectat es recupera:

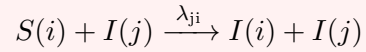


- quan un node susceptible s'immunitza (es vacuna):

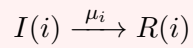


Model SIRQ (4 estats - 4 transicions)

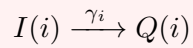
- quan una parella d'individus i (susceptible) i j (infectat) entren en contacte:



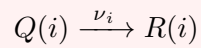
- quan un node infectat es recupera:



- quan un node infectat es posa en quarentena:



- quan un node en quarentena es recupera:



4 ESTUDI DE LA DINÀMICA D'UNA EPIDÈMIA

En epidemiologia clàssica s'estudia l'evolució de les epidèmies mitjançant aproximacions de **camp mitjà**, on obtenim equacions diferencials tals que la seva resolució ens dona una **solució determinista** de com varia la quantitat de nodes a cada estat. Aquest tipus de solucions, en canvi, es consideren que no són prou acurades.

Un procés epidèmic és de **natura estocàstica**, doncs no podem predir amb exactitud quan es produirà un procés de contagi. Llavors, necessitem plantejar nous escenaris que capturin aquesta essència aleatòria de les infeccions. Volem simular les infeccions i posteriors recuperacions dels nodes a la xarxa. Cada simulació, per suposat, donarà un resultat diferent per a un mateix node, tot i que esperem que en mitjana (considerant quantitats globals) les evolucions siguin similars. Fem servir algoritmes de tipus **Monte Carlo (MC)** com a solucions "exactes" de la dinàmica.

MC a temps continu

Com a primera idea podem fer servir simulacions a temps continu mitjançant l'**algoritme de Gillespie** (o **Kinetic Monte Carlo**), on fent servir una **distribució de probabilitat exponencial** per a la fracció de nodes infectats podem generar de forma aleatòria els temps entre dos esdeveniments consecutius (que poden ser tant d'infecció com de recuperació ponderats segons la quantitat d'**enllaços actius**, és a dir parelles de nodes S-I, i la quantitat de nodes infectats, respectivament). Aquests temps generats han d'estar distribuïts d'una manera compatible amb la pròpia distribució de probabilitat. Aquest mètode suposaria simular què i quan passarien els diversos esdeveniments (transicions) a un procés real.

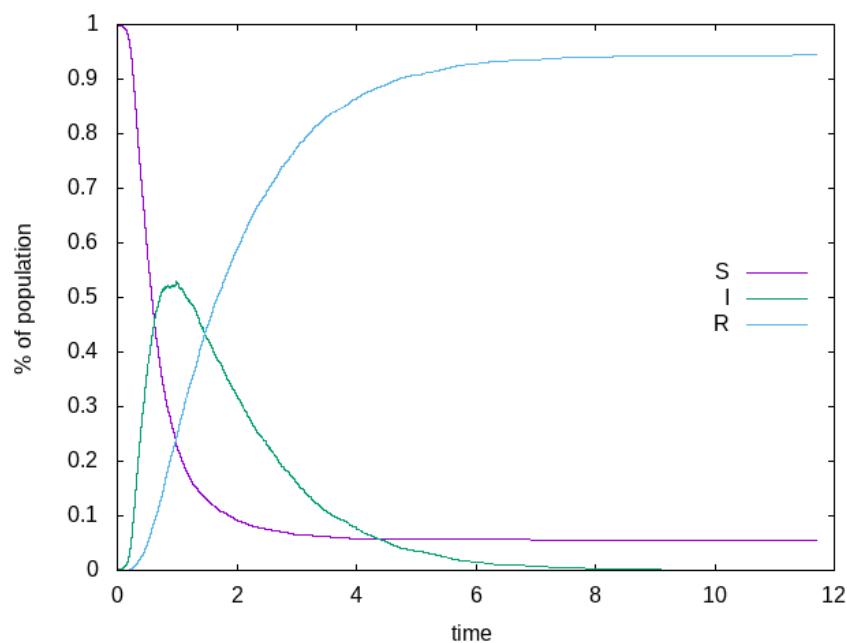


Figura 1: Exemple d'una simulació tipus Kinetic Monte Carlo de l'evolució d'una epidèmia (model SIR) amb paràmetres $\lambda = 0.4$ i $\delta = 0.8$. Es representen les fraccions de nodes en els estats S , I i R .

MC a temps discret

Per a simplificar la resolució de l'evolució podem fer servir un algoritme de Monte Carlo a temps discret. Suposant que l'epidèmia dura un cert temps, podem dividir aquest en intervals (passos de temps). Ens podem preguntar quins i quants esdeveniments s'hauran produït en cadascun d'aquests intervals. Per això mirem l'estat de cada node i llavors permetem la transició a l'estat consecutiu amb una probabilitat d'acord amb els paràmetres epidemiològics (probabilitats de transició).

Per tal d'obtenir informació de forma fiable, donada la natura aleatòria dels esdeveniments, necessitem obtenir un comportament mitjà a través de realitzar una quantitat de simulacions bastant elevada, cosa que computacionalment pot resultar bastant costosa (sobretot en temps). Precisament l'objectiu d'aquest treball és considerar una alternativa a les simulacions Monte Carlo que en gran mesura donen resultats similars, captant la natura estocàstica dels processos, però sent menys costosos.

Algoritme DMP

Ara considerem un escenari a **temps discret** com el descrit prèviament. Abans teníem per a cada individu una evolució exacta (tot i que no determinista) del seu estat. En tot moment disposàvem del coneixement de l'estat de tots els nodes que conformen la xarxa, i el que ens resultava desconegut era a quin moment es podria produir una transició. Ara en canvi, no ens preocuparem de l'estat de cada node, sinó que suposarem **probabilitats marginals**, és a dir, les probabilitats individuals que cadascun dels N nodes estigui a un dels compartiments fixats pel model. En comptes de voler estudiar com evolucionen els estats, volem obtenir l'evolució de les probabilitats mitjançant l'ús de les **equacions DMP**, que de manera recursiva es van actualitzant. La resolució iterativa (a cada **pas de temps**) d'aquestes equacions es coneix com l'algoritme de "**Dynamic Message Passing**".

Aquest tipus d'aproximació requereix que les xarxes emprades siguin, com a mínim localment, un **graf de tipus arbre**, és a dir, que no contingui bucles (no permetem que un node es connecti a si mateix). Si la xarxa no conté cap bucle, la resolució de les equacions donen una evolució exacta de l'epidèmia, mentre que en cas contrari resultarà una mera aproximació.

Missatges en les equacions DMP

Necessitem definir els **missatges** com una quantitat que a cada **pas de temps** un node envia als seus veïns. Els missatges que envia un node i a un dels seus veïns j contenen la informació que el node i rep de tots els seus veïns exceptuant el propi j (considerem un graf auxiliar amb cavitat, és a dir, on s'ha retirat j).

Equacions DMP en el model SIR

Missatges:

- $P_S^{i \rightarrow j}(t)$ = missatge de i al seu veí j que informa sobre la probabilitat que el primer sigui susceptible a l'instant de temps t .
Depèn del producte de missatges $\theta^{k \rightarrow i}(t)$ que rep i enviat pels seus veïns k excloent j (“**cavity graph**”) al mateix instant de temps t :

$$P_S^{i \rightarrow j}(t) = P_S^i(0) \prod_{k \in \partial i, k \neq j} \theta^{k \rightarrow i}(t). \quad (1)$$

- $\theta^{k \rightarrow i}(t)$ = probabilitat que el node k no hagi transmès la malaltia a i (en cap moment incloent l'instant de temps t).

És una quantitat que només pot disminuir, i ho fa si el node k està infectat, no ha transmès la senyal infecciosa a i en cap moment previ a t (el que succeeix amb una probabilitat $\phi^{k \rightarrow i}(t-1)$) i justament es produeixi un contagi a l'instant t (el que succeeix amb una probabilitat λ_{ki}):

$$\theta^{k \rightarrow i}(t) - \theta^{k \rightarrow i}(t-1) = -\lambda_{ki} \phi^{k \rightarrow i}(t-1) \quad (2)$$

- $\phi^{k \rightarrow i}(t-1)$ = probabilitat que el node k encara no ha transmès la senyal infecciosa a i però que en aquest instant de temps k està infectat. Hi ha 4 contribucions:

1. Disminueix $\lambda_{ki} \phi^{k \rightarrow i}(t-1)$, that is the probability that k is infected and has not transmitted the signal up to time $t-1$, but does it at time t .
2. Disminueix $\mu_k \phi^{k \rightarrow i}(t-1)$, that is the probability that k is infected and has not transmitted the signal up to time $t-1$, and node k gets recovered at time t
3. Incrementa $\lambda_{ki} \mu_k \phi^{k \rightarrow i}(t-1)$ (which is to take off the double counting of the joint probability of cases 1 and 2).
4. Disminueix $\Delta P_S^{k \rightarrow i}(t) = [P_S^{k \rightarrow i}(t) - P_S^{k \rightarrow i}(t-1)]$, which is the probability of switching from the susceptible state to the infected one at this time step.

$$\begin{aligned} \phi^{k \rightarrow i}(t) - \phi^{k \rightarrow i}(t-1) &= \lambda_{ki} \mu_k \phi^{k \rightarrow i}(t-1) - \\ &\quad - \lambda_{ki} \phi^{k \rightarrow i}(t-1) - \mu_k \phi^{k \rightarrow i}(t-1) - \\ &\quad - [P_S^{k \rightarrow i}(t) - P_S^{k \rightarrow i}(t-1)] \end{aligned} \quad (3)$$

Probabilitats marginals:

$$P_S^i(t) = P_S^i(0) \prod_{k \in \partial i} \theta^{k \rightarrow i}(t) \quad (4)$$

$$P_I^i(t) = 1 - P_S(t) - P_R(t) \quad (5)$$

$$P_R^i(t) = P_R^i(t-1) + \mu_i P_I^i(t-1). \quad (6)$$

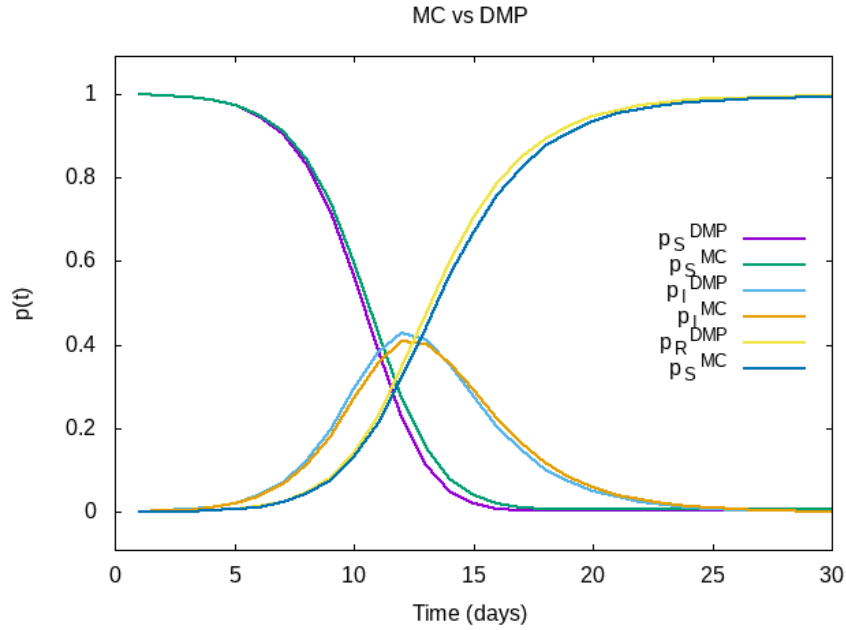


Figura 2: Exemple: comparació de les evolucions MC i DMP d'una epidèmia amb paràmetres $\lambda = 0.5$ i $\delta = 0.3$ (ambdós homogenis per tota la xarxa). S'ha considerat un sol pacient zero.

Equacions DMP en el model SEIR

Missatges:

$$\begin{aligned} \theta^{i \rightarrow j}(t) = & \theta^{i \rightarrow j}(t-1) - \alpha_{ij} \psi^{i \rightarrow j}(t-1) \\ & - \beta_{ij} \phi^{i \rightarrow j}(t-1) \end{aligned} \quad (7)$$

$$\begin{aligned} \phi^{i \rightarrow j}(t) = & (1 - \beta_{ij})(1 - \mu_i) \phi^{i \rightarrow j}(t-1) \\ & + (1 - \alpha_{ij}) \nu_i \psi^{i \rightarrow j}(t-1) \end{aligned} \quad (8)$$

$$\begin{aligned} \psi^{i \rightarrow j}(t) = & (1 - \alpha_{ij})(1 - \nu_i) \psi^{i \rightarrow j}(t-1) \\ & + P_S^{i \rightarrow j}(t-1) - P_S^{i \rightarrow j}(t) \end{aligned} \quad (9)$$

$$P_S^{i \rightarrow j}(t) = P_S^i(0) \prod_{k \in \partial i, k \neq j} \theta^{k \rightarrow i}(t) \quad (10)$$

Probabilitats marginals:

$$P_S^i(t) = P_S^i(0) \prod_{k \in \partial i} \theta^{k \rightarrow i}(t) \quad (11)$$

$$P_E^i(t) = 1 - P_S^i(t) - P_I^i(t) - P_R^i(t) \quad (12)$$

$$P_I^i(t) = (1 - \mu_i) P_I^i(t-1) + \nu_i P_E^i(t) \quad (13)$$

$$P_R^i(t) = P_R^i(t-1) + \mu_i P_I^i(t-1) \quad (14)$$

5 ESTRATÈGIES D'INTERVENCIÓ

Habitualment estem interessats en frenar la propagació de l'epidèmia. Per això podem aplicar diverses estratègies d'intervenció.

Transmissibilitat variable

En primer lloc podem intentar ajustar el paràmetre λ_{ij} , que representa la tendència a transmetre la malaltia de l'individu i al j . Els efectes de restriccions globals, tals com l'ús de mascaretes per a disminuir la probabilitat de contagi d'una malaltia respiratòria, millora d'hàbits d'higiene, imposició de normes de distància social, etc., es poden modelitzar de forma senzilla disminuint la transmissibilitat entre tots els individus de la xarxa. Per suposat, això suposaria un efecte global mitjà, que no és precís a nivell individual, però que farà que la quantitat total d'infectats disminueixi.

Així, podríem pensar en diversos tipus d'estratègies basades en aquesta idea. Per exemple, si la fracció d'infectats supera un cert llindar a un determinat instant de temps, llavors globalment fem els valors de λ_{ij} més petits.

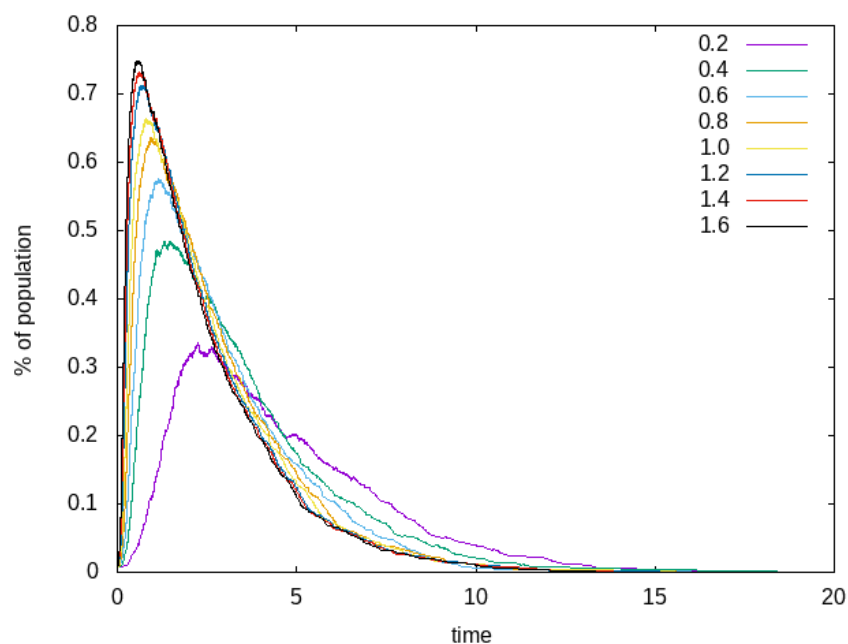


Figura 3: Percentatge de població infectada en funció del temps per a diversos valors de $\lambda = 0.2, 0.4, \dots, 1.6$ (que suposem que té el mateix valor per a totes les parelles d'individus la xarxa, és a dir, és homogènia) en $\delta = 1$ fixada. Observem que a major transmissibilitat més alt és el pic de la fracció d'infectats.

Efectes dels medicaments

De la mateixa manera, l'ús de medicaments per part d'individus infectats pot facilitar la recuperació d'aquests. Si tenim alguna eina per a identificar-los, per a tot individu infectat i que sigui detectat, podem modelitzar els efectes d'una recuperació més ràpida incrementant localment el seu valor de μ_i .

Diagrama de fases

Donada una determinada xarxa homogènia, podem construir un **diagrama de fases** amb els paràmetres (λ, μ) . Depenent a quin punt del diagrama ens trobem, l'epidèmia pot presentar escenaris completament diferents.

1. Hi haurà combinacions d'aquests paràmetres per als quals, donat un brot d'una malaltia, el ritme de recuperació serà molt més ràpid que el de contagi i, per tant, mai arribi a propagar-se a escales globals.
2. Hi haurà també estats intermedis per als quals només una fracció de la població s'infectarà, de manera que a l'acabar l'epidèmia (no quedi cap infectat), encara quedaran nodes susceptibles.
3. Finalment, trobarem escenaris on tard o d'hora tot individu serà eventualment infectat.

Per a una xarxa tipus "Random Regular Graph", on cada individu té d veïns, podem trobar les corbes que separen les fases. Per exemple, en el model SIR, els punts que separen les fases 2 i 3 vénen donats per la següent relació:

$$\lambda_c(\mu) = \frac{\mu}{\mu + d - 2}.$$

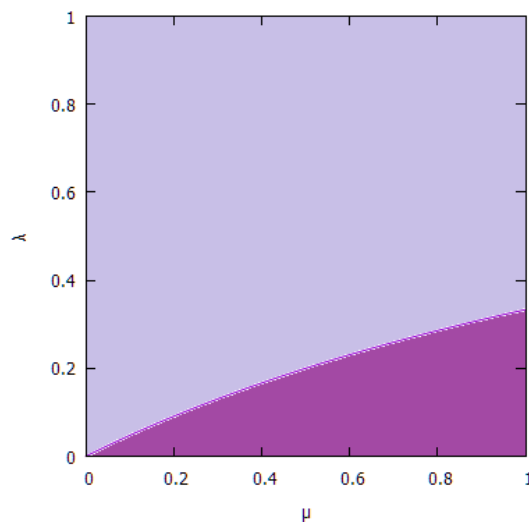


Figura 4: Separació entre les fases 2 i 3. Tots els punts (λ, μ) situats per sobre de la corba (zona pintada més clara) representen combinacions dels paràmetres per als quals l'epidèmia s'expandeix globalment; mentre que la zona fosca conté els punts on l'epidèmia com a màxim es propaga localment.

Aquesta idea es pot estendre per al model SEIR, on considerant algunes aproximacions es pot obtenir:

$$\alpha_c(\beta) = -\frac{\nu}{\mu}\beta + \frac{\nu}{d-1},$$

on

- Regió I: $\beta < \beta_c(\alpha) = -\frac{\mu}{\nu}\alpha + \frac{\mu}{d-1}$. L'epidèmia s'esvaeix de manera espontània.
- Regió II: $-\frac{\mu}{\nu}\alpha + \frac{\mu}{d-1} < \beta < \frac{\mu}{\mu+d-2}$. La **transmissió presimptomàtica** pot expandir arribar a expandir la malaltia a escales globals.
- Regió III: $\beta > \beta_c^{SIR} = \frac{\mu}{\mu+d-2}$. Transmissió global de l'epidèmia.

Cribatge dels individus

Donat que la resolució de les equacions DMP ens proporcionen probabilitats marginals, podríem dir “informació personal” dels individus, podem pensar a llistar aquells individus que presenten una major probabilitat a estar infectats. Podem identificar aquells individus que presenten un major risc a infectar-se i a cada pas de temps realitzar un test per a determinar el seu estat.

Algunes estratègies basades en el rànquing de les probabilitats marginals (per a cada pas de temps) són:

1. Testejar la fracció $x\%$ de nodes que presenten una major probabilitat a estar infectats.
2. Testejar una fracció $x\%$ de nodes entre els veïns d'aquells nodes que presenten una major probabilitat a estar infectats.
3. Test aleatori.
4. Quarentena o immunització d'aquells nodes que presenten major probabilitat a estar infectats (sense determinar el seu estat).

Donat que esperem que l'algoritme DMP ens proporcionï una estimació suficientment bona de l'evolució de l'epidèmia, podem fer servir aquesta informació per a simulacions MC sobre una mateixa xarxa. Veiem llavors que testejar aquells nodes amb major probabilitat a estar infectats és, efectivament, molt més eficient que realitzar tests de manera aleatòria.

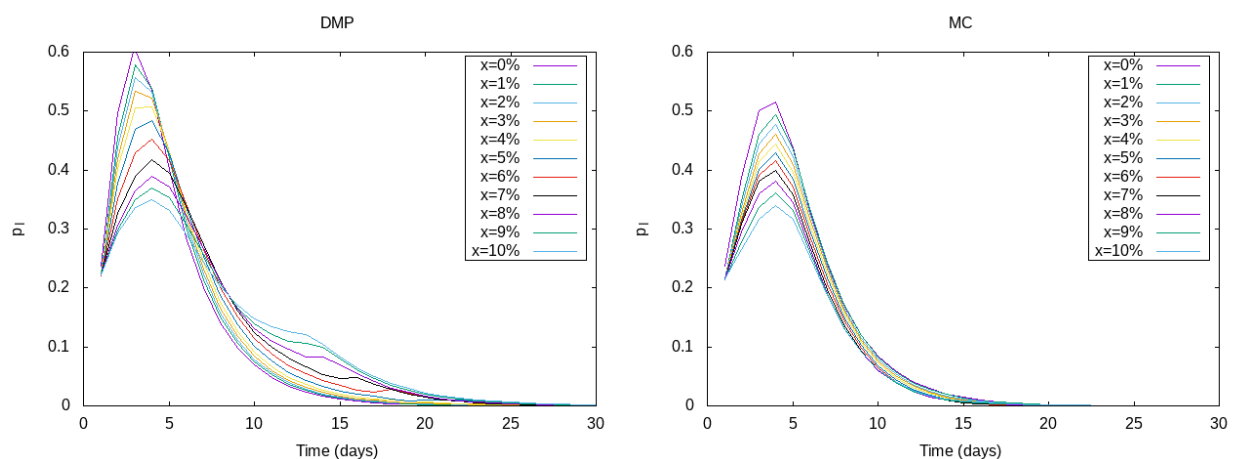


Figura 5: Comparació de les evolucions entre els algorismes MC i DMP a mesura que augmentem la fracció diària de tests (1 dia = 1 pas de temps) per a una mateixa història de tests. Correspon a una epidèmia amb paràmetres $\lambda = 0.7$ i $\mu = 0.5$ sobre una RRG amb $N = 10000$ nodes i $d = 4$. En aquest cas s'han distribuït els pacients zero (un 20% de la població inicialment infectada) de manera aleatòria.

Glossari

- actius** ens referim a aquells enllaços entre una parella S-I (eventualment un dels nodes és susceptible i l'altre infectat, de manera que en aquest instant pot produir-se un contagi) . 6
- camp mitjà** aproximació en que considerem els efectes de cadascuna de les parts dels voltants que interactuen amb un punt com una sola contribució mitjana . 6
- compartiment** cadascun dels possibles **estats** en què podem trobar un node a un instant de temps donat. 3
- contagi** Procés d'infecció per un contacte entre un individu susceptible i un altre infectat.. 1
- determinista** solució que, donades unes condicions inicials, podem predir (sempre donarà els mateixos resultats) . 6
- diagrama de fases** representació gràfica, donats els paràmetres del problema, de les transicions entre dos o més tipus de comportaments. 11
- Dynamic Message Passing (DMP)** mètode basat en l'intercanvi de missatges per a determinar probabilitats marginals. 1
- enllaç (o aresta)** connexió que uneix dos individus i que permet la interacció entre aquests. 1, 2
- estocàstica** referent a un procés que depèn d'una sèrie de variables aleatòries, i que per tant no és predecible (no determinista). 1, 6
- graf de tipus arbre** xarxa que no presenta camins tancats (**no té bucles**), és a dir, partint d'un node inicial, i recorrent qualsevol possible camí a través dels enllaços de la xarxa, mai no podem tornar al node inicial sense tornar enrere. 7
- grau** nombre de connexions (veïns) que té un determinat individu. 2
- infectat (I)** individu que ha contret la malaltia i que la pot propagar. 1
- malaltia** Allò que es transmet entre individus durant el procés epidèmic i que produeix la infecció. Pot tractar-se d'una malaltia des del punt vista mèdic, però fem servir el terme general per a qualsevol altre tipus de procés similar (ja sigui en àmbits com la informàtica, la sociologia, etc.) . 1
- missatges** mètode basat en l'intercanvi de missatges per a determinar probabilitats marginals. 1, 7
- Monte Carlo (MC)** mètode matemàtic-estadístic no determinista basat en la generació de nombres aleatoris. 1, 6
- node (o vèrtex):** element o individu. 2
- pacient zero** individu en el que s'origina l'epidèmia (node infectat a $t = 0$). 9
- pas de temps** cadascuna de les iteracions que hi ha donada una discretització del temps (per exemple, 1 dia). 7

probabilitats marginals probabilitats individuals de cadascun dels nodes. 1

recuperat/retirat (R) individu que ha passat la malaltia, i no la pot contraure. Sovint no es distingeixen entre individus que es recuperen (queden immunitzats) i aquells que es retiren (moren), ja que en ambdós casos no poden propagar la malaltia. També poden incorporar aquells individus en “quarentena” si el propi model no els distingeix explícitament. 1

ritmes de transició paràmetres que determinen la probabilitat que es produeixi un canvi d'estat, i que determinen l'escala de temps global del procés . 3

susceptible (S) individu que encara pot contraure la malaltia. 1

transmissió presimptomàtica contagi per un individu en estat exposat, és a dir, que encara no ha desenvolupat símptomes però que pot transmetre la malaltia. 12

veïns llista de nodes que estan connectats a un individu donat. 2

xarxa (o graf) conjunt de N nodes i E enllaços. 1