



Dynamique de propagation sur réseaux aléatoires

Caractérisation de la transition de phase

Mémoire

Guillaume St-Onge

Maîtrise en physique
Maître ès sciences (M.Sc.)

Québec, Canada

© Guillaume St-Onge, 2017

Dynamique de propagation sur réseaux aléatoires

Caractérisation de la transition de phase

Mémoire

Guillaume St-Onge

Sous la direction de:

Louis J. Dubé, directeur de recherche

Résumé

Pour modéliser des systèmes complexes où un grand nombre d'éléments interagissent, la science des réseaux offre une approche systématique et universelle où les éléments sont représentés par des noeuds et les interactions par des liens. Cette science est devenu un incontournable pour l'étude des dynamiques stochastiques de propagation, servant à modéliser la transmission d'un virus ou quelconque type d'information qui se propage par contacts à l'intérieur d'une population. Un des aspects intéressants des dynamiques de propagation sur réseaux est l'émergence d'un phénomène collectif, prenant la forme d'une transition de phase au sens de la physique statistique, lorsque l'on varie le taux de transmission. Ce phénomène critique marque le moment où une fraction non nulle de la population sera affectée par le processus.

Dans ce mémoire, on se consacre au développement de méthodes d'analyse pour caractériser la transition de phase des dynamiques de propagation sur réseaux. On s'intéresse plus particulièrement au modèle susceptible-infecté-susceptible sur réseaux aléatoires issus du modèle des configurations et variant temporellement. Nous proposons un cadre théorique pour l'étude de ce modèle, menant à une description autocohérente de l'état stationnaire du système. Cela nous permet d'obtenir plusieurs résultats analytiques associés au phénomène critique, notamment une expression implicite pour le seuil de transition de phase et des bornes pour la valeur des exposants critiques de certains observables. Ces résultats nous permettent de mieux comprendre le concept de transition de phase localisée et comment chaque classe de noeuds s'active au-delà du seuil d'épidémie.

Abstract

To study complex systems where a large number of elements interact with each other, network science gives a systematic and universal approach using nodes and edges to represent the elements and their interactions. This has become a must for the study of stochastic propagation dynamics, used to model the transmission of viruses or any kind of information propagating through contacts within a population. One interesting aspect of propagation dynamics on networks is the emergence of a collective phenomenon, a phase transition from the statistical physics' perspective, as the transmission rate is varied. This critical phenomenon is associated with a non-vanishing fraction of the population affected by the process.

The purpose of this work is to develop new analysis methods to characterize the phase transition of propagation dynamics on networks. We investigate more particularly the susceptible-infected-susceptible dynamics on time-varying configuration model networks. We propose a theoretical framework for the study of this model, leading to a self-consistent description of the stationary state of the system. This allows us to obtain a number of analytical results concerning the critical phenomenon, such as an implicit expression for the epidemic threshold and bounds for the critical exponents of various observables. These results help us to understand the concept of localized phase transition and how each class of nodes activates beyond the epidemic threshold.

Table des matières

Résumé	iii
Abstract	iv
Table des matières	v
Liste des tableaux	vii
Liste des figures	viii
Liste des contributions	x
Liste des abréviations	xi
Notation et définition de symboles	xii
Remerciements	xvi
Introduction	1
1 Notions préliminaires	4
1.1 Les réseaux complexes	4
1.1.1 Définitions mathématiques	5
1.1.2 La distribution des degrés	7
1.2 Ensembles de réseaux aléatoires : le modèle des configurations	10
1.2.1 Avant-propos sur les ensembles de réseaux aléatoires	11
1.2.2 Construction du modèle des configurations	11
1.2.3 Réseaux aléatoires temporels	15
1.3 Dynamiques de propagation	15
1.3.1 Modèles standards de propagation	16
1.3.2 Modèles de propagation réalistes	19
1.3.3 Phénomène critique pour les dynamiques de propagation	19
2 Dynamique SIS sur réseaux complexes	23
2.1 Formulation markovienne exacte	24
2.1.1 Le graphe complet	26
2.1.2 Temps moyen de passage à l'état absorbant	26
2.2 Approches numériques	28
2.2.1 Création d'une chaîne de Markov équivalente	29

2.2.2	Échantillonnage de la distribution quasi-stationnaire	30
2.2.3	Phénomène critique : analyse d'échelle en taille finie	31
2.3	Approches analytiques	33
2.3.1	Formalismes individuels	34
2.3.2	Formalismes compartimentaux	37
3	Transition de phase pour la dynamique SIS sur réseaux aléatoires tem-	
	porels	42
3.1	Avant-propos	43
3.2	Résumé	43
3.3	Abstract	44
3.4	Introduction	44
3.5	Mathematical framework	46
3.5.1	Compartmental formalism	46
3.5.2	Reduction and relation to other formalism	48
3.6	Stationary distributions	49
3.6.1	General expressions	49
3.6.2	Perturbative development	50
3.7	Threshold	52
3.7.1	Explicit upper bound	52
3.7.2	Self-consistent expression	53
3.7.3	Correspondence with existing approaches	53
3.7.4	Comparison with simulations	54
3.7.5	Non-monotonicity of the threshold	55
3.8	Critical exponents	57
3.8.1	Bounds on the critical exponents	58
3.8.2	Heterogeneous critical phenomenon	60
3.9	Beyond the hub activation threshold	62
3.10	Conclusion	64
3.11	Appendix I : Monte-Carlo simulations	65
3.12	Appendix II : Supplementary developments for the critical exponents	66
3.13	Complément	67
3.13.1	Relations entre les formalismes	67
3.13.2	Développement pour la solution stationnaire	68
3.13.3	Conservation des types de liens	70
3.13.4	Développement alternatif des exposants critiques	71
	Conclusion et perspectives	75
A	Méthodes numériques	79
A.1	Algorithme de Gillespie	79
A.2	Algorithme d'échantillonnage quasi-stationnaire	82
B	Démonstrations supplémentaires	84
B.1	Comportement critique de la dynamique SIR en champ moyen	84
B.2	Évolution de la distribution marginale des noeuds infectés	85
	Bibliographie	87

Liste des tableaux

3.1	Comparison of the properties of various formalisms.	49
3.2	Threshold estimates for certain formalisms.	52

Liste des figures

1.1	Exemples de représentations en réseaux pour des systèmes réels.	5
1.2	Représentation d'un réseau non dirigé avec boucles et liens multiples.	6
1.3	Distribution des degrés obtenue à partir de réseaux réels.	8
1.4	Modèles de distribution des degrés.	10
1.5	Construction d'un réseau par le modèle des configurations standard.	12
1.6	Trois configurations tirées du modèle standard possédant le même graphe. . . .	12
1.7	Réarrangement des demi-liens lors du processus de Markov.	16
1.8	Taux de transition entre les divers états possibles pour les dynamiques de propagation.	17
1.9	Évolution temporelle pour les modèles standards de propagation en champ moyen.	17
1.10	Transition de phase pour les modèles standards de propagation en champ moyen.	20
2.1	Changements d'état possibles pour la dynamique SIS.	25
2.2	Représentation d'un graphe complet de $N = 6$ noeuds.	25
2.3	Densité de noeuds infectés en fonction du temps pour le graphe complet.	26
2.4	Temps moyen de passage à l'état absorbant.	27
2.5	Répartition temporelle irrégulière des états pour un processus de sauts.	29
2.6	Densité de noeuds infectés en fonction du temps pour le graphe complet.	30
2.7	Distribution du nombre de noeuds infectés n pour le graphe complet.	32
2.8	Comportement des observables quasi-stationnaire en fonction du taux d'infection pour des graphes complets.	32
2.9	Évolution temporelle de la densité de noeuds infectés pour le modèle en champ moyen et le graphe complet.	39
3.1	One move of an edge switch to eventually sample the whole of the configuration model space.	46
3.2	Ratio θ_k^*/ρ^* against the degree k for the SIS dynamics in the quasi-static limit.	50
3.3	Ratio $\tilde{\kappa}_0/k_{\max}$ against the power-law degree distribution exponent γ in the quasi-static limit.	55
3.4	Threshold evaluation for power-law random networks.	56
3.5	Threshold against the rewiring rate for a regular random network.	56
3.6	Threshold against the rewiring rate for power-law degree distribution.	57
3.7	Critical exponent δ associated to the mean infected density ρ^* , for a power-law degree distribution.	60
3.8	Critical exponents η_k associated to θ_k^* , for power-law degree distribution. . . .	61
3.9	Critical behavior for $\theta_{k_{\min}}^*$ and $\theta_{k_{\max}}^*$	62
3.10	$\theta_k^*/\theta_{k_{\min}}^*$ near the absorbing phase for different values of rewiring rates.	63

3.11	Successive activation of the degree classes for a power-law degree distribution. .	64
3.12	Schéma des relations entre les formalismes mathématiques introduits.	68
3.13	Exposants critiques obtenus de notre formalisme pour la dynamique SIS.	73
A.1	Arbre de décision pour l'algorithme de Gillespie standard.	79
A.2	Arbre de décision pour l'algorithme de Gillespie amélioré.	81

Liste des contributions

Articles

- **G. St-Onge**, J.-G. Young, E. Laurence, C. Murphy et L. J. Dubé, *Phase transition of the susceptible-infected-susceptible dynamics on time-varying configuration model networks*, (soumis à Phys. Rev. E, code d'accès EJ11656), [arXiv:1709.09257](#).
- C. Murphy, A. Allard, E. Laurence, **G. St-Onge** et L. J. Dubé, *Geometric Evolution of Complex Networks*, (soumis à Phys. Rev. E, code d'accès EK11535), [arXiv:1710.01600](#).

Conférences

- **G. St-Onge**, E. Laurence, C. Murphy, J.-G. Young et L. J. Dubé, *Co-evolution of Growth and Dynamics on Network*, NetSci (2016), Séoul, Corée du sud.
- **G. St-Onge**, J.-G. Young, E. Laurence, C. Murphy et L. J. Dubé, *Susceptible-infected-susceptible dynamics on the rewired configuration model*, NetSci (2017), Indianapolis, États-Unis.

Liste des abréviations

Abréviations françaises

SIS **S**usceptible-**I**nfecté-**S**usceptible

SIR **S**usceptible-**I**nfecté-**R**etiré

Abréviations anglaises

HMF **H**eterogeneous **M**ean **F**ield

PHMF **P**air **H**eterogeneous **M**ean **F**ield

HPA **H**eterogeneous **P**air **A**pproximation

QMF **Q**uenched **M**ean **F**ield

PQMF **P**air **Q**uenched **M**ean **F**ield

RNA **R**ewired **N**etwork **A**pproach

Notation et définition de symboles

Notation

Dans cet ouvrage, nous travaillons souvent avec des systèmes dynamiques qui atteignent un point fixe. Pour distinguer les variables qui dépendent du temps de leur valeur dans la limite $t \rightarrow \infty$, les variables stationnaires seront toujours distinguées par un astérisque (*). Par exemple, soit $\rho(t)$ une densité quelconque, nous notons $\rho(t \rightarrow \infty) = \rho^*$.

Nous adoptons la convention que les vecteurs sont soulignés. Par exemple, un vecteur colonne de N composantes correspond à

$$\underline{k} \equiv [k_1, k_2, k_3, \dots, k_N]^\top.$$

De manière analogue, une matrice sera doublement soulignée, telle que $\underline{\underline{A}}$. Pour spécifier les ensembles et les multiensembles, nous utilisons des accolades $\{\dots\}$ et des accolades doubles $\{\{\dots\}\}$ respectivement.

Chapitre 1 : Notions préliminaires

Symboles propres à la structure

\mathcal{G}	Graphe représentant la structure.
\mathcal{V}	Ensemble des noeuds.
\mathcal{E}	Multiensemble des liens.
N	Nombre de noeuds dans le réseau.
M	Nombre de liens dans le réseau.
∂i	Voisinage du noeud i .
k_i	Degré du noeud i .
\underline{k}	Séquence des degrés.
$\underline{\underline{A}}$	Matrice d'adjacence.
a_{ij}	Élément de la matrice d'adjacence.

$P(k)$	Distribution des degrés.
k_{\min}	Degré minimal d'une distribution des degrés.
k_{\max}	Degré maximal d'une distribution des degrés.
$\langle k^n \rangle$	Moment d'ordre n de la distribution des degrés.
γ	Exposant d'une distribution des degrés en loi de puissance.
$\{y_i\}$	Ensemble de contraintes définissant un ensemble de réseaux aléatoires.
\mathcal{C}	Configuration d'un ensemble de réseaux aléatoires.
\mathcal{Q}	Ensemble des configurations.
p_{ij}	Probabilité d'existence d'un lien entre deux noeuds i et j .
$P(k k')$	Probabilité qu'un lien partant d'un noeud de degré k' soit connecté à un noeud de degré k .

Symboles propres aux dynamiques de propagation

S	État susceptible.
I	État infecté.
R	État retiré (ou récupéré).
μ	Taux de récupération d'un noeud infecté.
λ	Taux d'infection par contact avec un noeud infecté.
λ_c	Seuil de transition de phase.
ρ^S	Densité moyenne de noeuds susceptibles.
ρ^I	Densité moyenne de noeuds infectés.
ρ^R	Densité moyenne de noeuds récupérés.
Ψ	Paramètre d'ordre général pour les dynamiques de propagation.
δ	Exposant critique associé au paramètre d'ordre.

Chapitre 2 : Dynamique SIS sur réseaux complexes

X_i	Variable aléatoire associée à l'état binaire du noeud i .
x_i	État binaire du noeud i .
F	Support des X_i .
\underline{X}	Variable aléatoire associée l'état de l'ensemble des noeuds.
\underline{x}	État de l'ensemble des noeuds.
$w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')$	Taux de transition de l'état \underline{x} vers l'état \underline{x}' .
$p(\underline{x}, t)$	Distribution de probabilité des états du système.
ρ	Densité moyenne de noeuds infectés.
$n(\underline{x})$	Nombre de noeuds infectés pour l'état \underline{x} .

$\underline{0}$	État absorbant de la dynamique SIS.
τ	Temps de passage à l'état absorbant.
$\tilde{\lambda}$	Taux d'infection rééchelonné pour le graphe complet.
$\Delta T(\underline{x})$	Variable aléatoire associée au temps de vie de l'état \underline{x} .
Δt	Temps de vie associé à une réalisation de ΔT .
\mathcal{L}_x	Séquence d'états retournée par l'algorithme de Gillespie.
$\mathcal{L}_{\Delta t}$	Séquence de temps de vie retournée par l'algorithme de Gillespie.
$\bar{p}(\underline{x})$	Distribution quasi-stationnaire des états.
$\bar{\rho}$	Densité moyenne quasi-stationnaire de noeuds infectés.
χ	Susceptibilité.
$\lambda_p(N)$	Pic associé au maximum de la susceptibilité.
ρ_i	Probabilité que le noeud i soit infecté.
Λ_1	Plus grande valeur propre de la matrice d'adjacence.
l	Nombre de voisins infectés.
$\{c_\alpha\}$	Ensemble de classes d'équivalence pour un formalisme compartimental.
ρ^{c_α}	Densité moyenne de noeuds dans la classe c_α .
ρ_k	Probabilité moyenne qu'un noeud de degré k soit infecté.
θ_k	Probabilité moyenne qu'un noeud susceptible de degré k soit connecté à un noeud infecté.

Chapitre 3 : Transition de phase pour la dynamique SIS sur réseaux aléatoires temporels

ω	Taux de reconnexion des liens (« rewiring rate »).
Θ	Probabilité moyenne qu'un demi-lien reconnecté atteigne un noeud infecté.
l	Nombre de voisins infectés (degré infecté).
s_{kl}	Probabilité moyenne qu'un noeud de degré k soit <i>susceptible</i> et ait l voisins infectés.
i_{kl}	Probabilité moyenne qu'un noeud de degré k soit <i>infecté</i> et ait l voisins infectés.
Ω^S	Taux moyen auquel les voisins d'un noeud <i>susceptible</i> deviennent infectés.
Ω^I	Taux moyen auquel les voisins d'un noeud <i>infecté</i> deviennent infectés.
ϕ_k	Probabilité moyenne qu'un noeud infecté de degré k soit connecté à un noeud infecté.
$\tilde{\kappa}$	Degré d'auto-activation.
η_k	Exposant critique associé à l'observable θ_k^* .

Making the facts of nature the
servants of man

Warren Weaver

Remerciements

Choisir d’entreprendre une maîtrise, c’est avant tout accepter de se perdre, une étape essentielle pour apprendre à s’orienter en recherche.

Toute aventure nécessite un guide, c’est pourquoi j’aimerais tout d’abord remercier mon directeur de recherche, Louis J. Dubé. Je lui suis redevable pour l’accomplissement de ce mémoire, pour son dévouement, sa sagesse et son humour hors norme qui en font un modèle à suivre.

Je voudrais par la suite remercier ceux qui ont accepté d’évaluer ce mémoire, Patrick Desrosiers et Laurent Hébert-Dufresne, auprès desquels j’ai beaucoup appris. Je me dois d’ailleurs de souligner l’enseignement de Patrick Desrosiers, qui fut source de motivation pour moi à entreprendre des études graduées en physique théorique. Je tiens aussi à remercier Pierre Mathieu qui siégea au comité d’évaluation pour mon colloque.

Pour aller loin, toute quête exige le soutien d’une communauté, j’adresse alors mes remerciements à la grande famille *Dynamica*, avec qui j’ai partagé des moments incroyables, tant autour d’une tasse à café que d’un pichet de cidre. D’abord, je tiens à remercier notre sage doyen Jean-Gabriel Young, mon plus fidèle partenaire d’entraînement, avec qui j’ai eu maintes discussions éclairantes sur le chemin menant au PEPS. Je remercie ensuite Charles Murphy et Edward Laurence, leur humour et leur complicité unique apportant de la vigueur au groupe, ainsi que Jean-Luc Déziel pour sa bonne humeur qui *illumine* la confrérie. Parmi les membres passés, je tiens à remercier spécialement Antoine Allard pour ses conseils et sa bonne compagnie. Je remercie aussi le nouveau tandem, Vincent Thibeault et Xavier Roy-Pomerleau, avec qui j’ai bien hâte d’attaquer de nouveaux projets.

J’aimerais aussi remercier l’ensemble de mes collègues et amis de bureau avec qui j’ai effectué mon baccalauréat. Malgré votre malheureuse tendance à être souvent *en vacances*, nous avons eu de bons moments dans ce local trop peu éclairé, et plus encore à l’extérieur !

Finalement, je remercie ma famille, spécialement mes parents Yves, Josée et mon frère Olivier, ainsi que mes amis de jeunesse avec qui j’entretiens toujours une bonne relation. Bien que pour vous mes travaux de recherche eussent toujours été un peu nébuleux, sachez que votre fierté, vos encouragements et votre soutien ont alimenté et alimentent toujours ma passion pour la recherche.

Introduction

La science est une méthode pour résoudre des problèmes. Pas nécessairement tous les problèmes, mais une grande partie, qui sont importants et d'un intérêt pratique. Les problèmes que la science permet d'attaquer sont ceux sujets aux lois de la logique, et sont pour la plupart mesurables. La science est une méthode qui permet d'organiser les connaissances à propos de ces problèmes ; de canaliser et de discipliner l'imagination [...] cela pourrait nous porter à croire que la science est tout simplement la plus spectaculaire et florissante entreprise jamais initiée par l'homme.

Warren Weaver dans *Science and Complexity* [98] offre une vision très positive de la science, de la beauté de ses accomplissements, mais aussi des défis importants à venir, qui a inspiré et inspire encore notre cheminement vers la compréhension des *systèmes complexes*.

La science a permis d'obtenir des résultats remarquables dans ce que l'on pourrait appeler les problèmes de *simplicité*, où un nombre limité de variables est en jeu. Par simplicité, nous ne sous-entendons pas que les travaux associés furent faciles, ni sans répercussions importantes. Au contraire, la plupart des grandes avancées conceptuelles en physique, telles la compréhension du mouvement des astres ou la compréhension de la propagation des ondes, peuvent être associées à des problèmes de simplicité. Au fil des années, cela nous a menés à décortiquer, analyser et comprendre les lois physiques qui régissent notre univers, à forger notre compréhension de la nature.

Par contre, un ensemble important de problèmes pratiques n'implique pas une quantité faible de variables, mais plutôt un nombre très grand de degrés de liberté, représentant souvent plusieurs éléments en interaction. C'est le cas notamment d'un gaz de particules, d'un réseau cristallin, mais aussi ultimement des marchés financiers ou du cerveau humain. L'approche naïve face à ce type de problème serait de croire qu'une compréhension détaillée de chaque élément microscopique permet une compréhension unifiée du système global. Ce *réductionnisme* a inspiré bon nombre de recherches et a mené à de nombreux succès, il faut l'admettre, mais il se bute désormais à une limite intrinsèque : les systèmes complexes [44].

La définition la moins contraignante que l'on puisse imaginer pour un système complexe est

celle-ci : c'est un système composé de plusieurs éléments, possédant des propriétés *émergentes*, lesquelles ne peuvent pas être prédites uniquement à partir des éléments simples. Dit simplement, « More is different » pour citer Philip W. Anderson [4]. L'aimantation spontanée d'un système de spins ou la synchronisation d'un ensemble d'oscillateurs en sont parmi les manifestations les plus spectaculaires. Ces propriétés collectives illustrent la limitation claire associée au réductionnisme pour la compréhension des systèmes complexes.

Aussi, deux avancées théoriques du siècle dernier ont changé radicalement notre perspective sur l'étude des phénomènes naturels : la mécanique quantique et le chaos [43]. Depuis, nous savons qu'il est fondamentalement vain, dans la plupart des cas, de rechercher une description déterministe complète des phénomènes qui nous entourent. C'est pourquoi la compréhension de l'évolution des systèmes complexes, dont notre connaissance des règles exactes est limitée, passe inévitablement par l'étude des processus stochastiques.

La physique statistique s'est alors démarquée comme discipline pour l'étude des systèmes composés d'un grand nombre d'éléments. D'une part, elle permet d'étudier efficacement un sous-ensemble de problèmes représentant des systèmes où les éléments sont faiblement en interaction, interagissant de manière complètement désordonnée ou en interaction régulière, menant à des symétries exploitables. Cette classe de systèmes, qui regroupe ce qu'on pourrait appeler les problèmes complexes *réductibles*, inclut par exemple la physique des gaz, la matière condensée ou certains modèles de verres de spin. Bien qu'il reste encore énormément de défis dans ces domaines, la physique statistique a permis un avancement considérable dans chacun d'eux.

Toutefois, la compréhension des systèmes où l'interaction est forte, locale et non régulière (sans être totalement aléatoire non plus) et possédant un niveau élevé d'organisation structurelle, est plus limitée. Cette classe de systèmes, les problèmes complexes *organisés*, demeure parmi les plus importants défis théoriques à appréhender, notamment car les outils de la physique statistique ne sont souvent que partiellement applicables. Ces problèmes ne peuvent pas être réduits de manière systématique, au risque de perdre les propriétés émergentes : une étude méticuleuse de la structure est alors nécessaire. Le cerveau humain, les chaînes alimentaires ou la propagation d'infections virales dans des populations ne sont qu'un maigre échantillon de l'ensemble des systèmes complexes organisés existants.

Pour fixer l'organisation structurelle de tels systèmes, plusieurs scientifiques se tournent désormais vers le paradigme des *réseaux complexes*. C'est une approche universelle permettant de représenter l'interaction entre les divers composants d'un système sous la forme d'un réseau, composé de noeuds et de liens. Ce cadre conceptuel est étudié depuis longtemps par les mathématiciens, sous l'appellation de la théorie des graphes, mais récemment les physiciens ont pris d'assaut la science des réseaux afin d'analyser de manière systématique les systèmes complexes [7].

Dans cet ouvrage, nous nous intéressons à une classe particulière de problèmes, *les dynamiques de propagation* [82, 9, 5, 75, 14]. Celles-ci prennent la forme de dynamiques stochastiques permettant de modéliser un virus, une nouvelle, une rumeur, ou quelconque type d'information qui se propage à l'intérieur d'une population. Nous pouvons qualifier ces systèmes de complexes, car pour des tailles de population élevées, ces processus possèdent une transition de phase marquant l'émergence d'un phénomène collectif. De plus, de par la nature des interactions à l'intérieur d'une population, prenant naturellement la forme de réseaux de contacts, ce sont des systèmes qui sont fortement organisés. Par conséquent, les dynamiques de propagation représentent un cadre théorique idéal pour développer des outils théoriques et contribuer à l'avancement des connaissances dans le domaine des systèmes complexes.

Le sujet d'étude présenté dans ce mémoire est la caractérisation du phénomène critique des dynamiques de propagation sur réseaux complexes. Pour effectuer une analyse détaillée et exhaustive, nous portons notre attention sur un modèle de propagation particulier, la dynamique *susceptible-infecté-susceptible* (SIS), et sur les ensembles de réseaux aléatoires pour décrire la structure. En tant que physiciens, notre rôle est de comprendre la relation entre cette structure et l'émergence du comportement collectif associé au phénomène critique. Pour attaquer ce problème, nous adoptons une philosophie conjointe basée sur la physique statistique et la science des réseaux complexes.

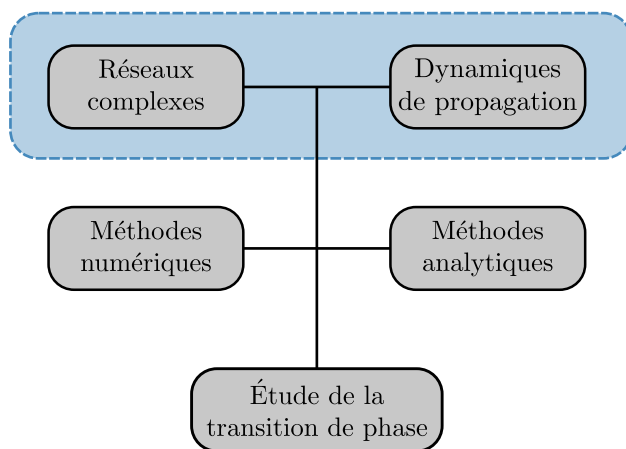
Cet ouvrage est divisé comme suit. Au chapitre 1 sont introduites les notions élémentaires pour effectuer une analyse mathématique des dynamiques de propagation. Les éléments essentiels de la théorie des réseaux complexes sont présentés, ainsi qu'une brève introduction aux modèles standards de propagation. Au chapitre 2, nous effectuons une rétrospective des développements effectués dans les dernières décennies pour étudier le modèle SIS sur réseaux complexes. Ceux-ci mènent à des outils numériques et analytiques fort utiles, nous permettant d'appréhender l'émergence du phénomène collectif associé à ce système. Le chapitre 3 contient quant à lui nos contributions originales pour la caractérisation de la transition de phase. Nous introduisons un cadre théorique pour l'étude du modèle SIS sur des réseaux aléatoires temporels, constamment en réarrangement, menant à une analyse détaillée du phénomène critique. Finalement, nous complétons cet ouvrage par une conclusion résumant les points importants de nos travaux et nous suggérons de nouvelles perspectives pour poursuivre l'étude des dynamiques de propagation.

Chapitre 1

Notions préliminaires

Ce chapitre couvre les notions mathématiques et physiques de base pour la compréhension des dynamiques de propagation sur réseaux complexes et à la caractérisation du phénomène critique associé. Cette introduction permet de définir les concepts essentiels utilisés dans les chapitres subséquents et de fixer une terminologie cohérente.

D’abord, à la section 1.1 sont introduites les définitions mathématiques et les propriétés essentielles rattachées aux réseaux. À la section 1.2 sont introduits les ensembles de réseaux aléatoires, un outil fondamental pour notre étude des dynamiques de propagation, définies à la section 1.3.



1.1 Les réseaux complexes

Comme il est mentionné dans l’introduction, la représentation en réseau est un paradigme en émergence pour l’étude des systèmes complexes [91, 77, 7]. Un réseau est constitué de noeuds et de liens : les noeuds représentent les éléments du système, et les liens les interactions entre ceux-ci. Ce paradigme est simple et *universel*, c’est-à-dire qu’il peut être utilisé dans plusieurs

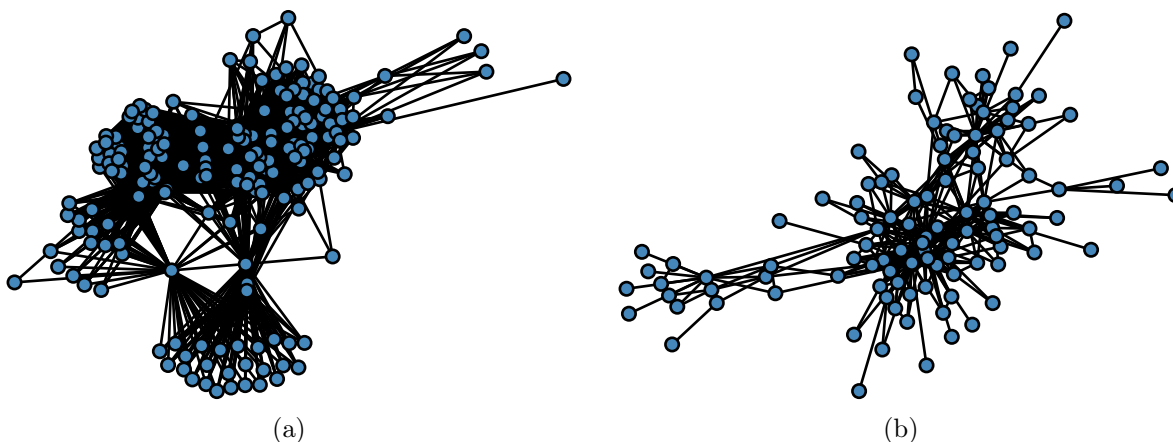


FIGURE 1.1 – Exemples de représentations en réseaux pour des systèmes réels. (a) Chaîne alimentaire des espèces retrouvées au lac Little Rock au Wisconsin en 1991. Un noeud représente une espèce et un lien indique que l’une des espèces s’alimente de l’autre [70]. (b) co apparition des personnages de la série « Game of Thrones », dans le livre « A Storm of Swords ». Chaque noeud représente un personnage et un lien indique que ces deux personnages ont été mentionnés à l’intérieur d’un même intervalle de 15 mots dans le texte [11].

disciplines, par exemple pour représenter des systèmes biologiques (réseaux métaboliques ou d’interaction protéine-protéine [19, 59], écosystèmes [70, 46]), des structures sociales (réseaux de contacts [63], réseaux d’affiliation [10]) ou des réseaux technologiques (lignes électriques [3], Internet [34]). Pour plus d’exemples et de détails, voir le livre de Mark Newman [75].

Un aspect qui explique l’émergence récente du domaine des réseaux complexe est l’avènement de la collecte de données massives. Il est désormais simple d’avoir accès à une multitude de réseaux, de type et de tailles variées, pour valider les modèles théoriques avec des données empiriques. Récemment, un index regroupant une partie importante des ensembles de données disponibles a été créé par l’Université du Colorado [1], accessible par Internet. À titre d’exemple, à la figure 1.1 nous avons extrait deux réseaux dont le type d’interaction et la taille sont complètement différents.

1.1.1 Définitions mathématiques

Soit un réseau, ou graphe¹, de N noeuds. La structure est représentée par un couple $\mathcal{G} = (\mathcal{V}, \mathcal{E})$. Le premier est un ensemble $\mathcal{V} \equiv \{1, 2, \dots, N\}$ contenant les indices pour chaque noeud du réseau, que l’on choisit comme étant les valeurs entières de 1 à N . Pour les besoins de ce mémoire, il est nécessaire de considérer les graphes avec des liens multiples et des boucles reliant un noeud à lui-même (voir figure 1.2), alors \mathcal{E} est formellement un multiensemble contenant chaque lien du réseau.

1. Dans ce document, nous ne faisons aucune distinction entre un graphe et un réseau : les deux termes seront utilisés et représentent la structure des interactions.

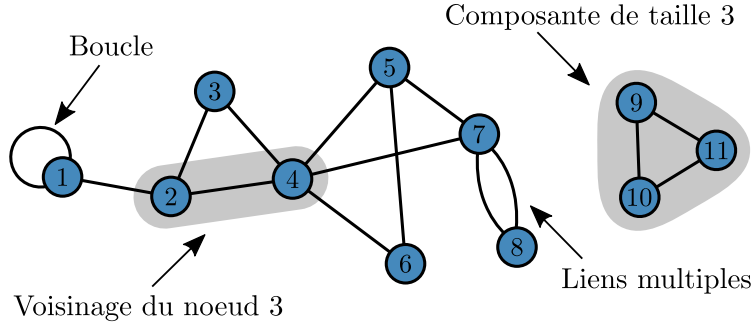


FIGURE 1.2 – Représentation d'un réseau non dirigé avec boucles et liens multiples.

Un lien dans un réseau peut être représenté par un couple (i, j) , indiquant que i est en relation avec le noeud j . De manière générale, ces interactions peuvent ne pas être réciproques, ce qui est fréquent notamment pour les chaînes alimentaires où le lien peut représenter une relation prédateur-proie [75]. Dans cet ouvrage, on considère uniquement les relations réciproques menant à des graphes *non dirigés*, alors $(i, j) = (j, i) \forall i, j$. Par conséquent, on peut écrire $\mathcal{E} \equiv \{(i, j)\}$ et $|\mathcal{E}| = M$ où M indique le nombre de liens dans le réseau.

Un réseau peut contenir plusieurs *composantes* $v_\alpha \subset \mathcal{V}$ où tous les noeuds $i \in v_\alpha$ peuvent être rejoints via les liens du réseau (voir figure 1.2). D'un point de vue dynamique, si les liens représentent l'interaction entre les éléments du système, les éléments appartenant à des composantes séparées peuvent être considérés comme totalement indépendants.

Description locale

Il existe d'autres représentations mathématiques de la structure qui seront utiles dans les prochains chapitres. D'un point de vue centré sur les noeuds, on définit le voisinage d'un noeud i comme le multiensemble ∂i contenant l'indice de chaque noeud à l'extrémité de chaque lien sortant du noeud i (voir figure 1.2). Une boucle sur le noeud i implique que l'indice i apparaît deux fois dans ∂i . Le voisinage nous permet entre autres d'avoir une description *locale* des interactions entre les noeuds. Cela permet aussi d'introduire une notion fondamentale dans la théorie des réseaux, soit le *degré* $k_i \equiv |\partial i|$ d'un noeud i représentant le nombre de liens qu'il possède avec l'ensemble des noeuds. On définit par le fait même la séquence des degrés sous la forme d'un vecteur $\underline{k} = [k_1, k_2, \dots, k_N]^\top$. Par exemple, pour le réseau à la figure 1.2, la séquence des degrés serait

$$\underline{k} = [3, 3, 2, 5, 3, 2, 4, 2, 2, 2, 2]^\top. \quad (1.1)$$

Description matricielle

Une autre représentation utile d'un graphe est sous forme d'une *matrice d'adjacence* $\underline{A} = [a_{ij}]$. L'élément $a_{ij} \in \mathbb{N}^+$ de la matrice représente le nombre de liens entre les noeuds i et j . Puisque nous considérons des graphes non dirigés dans ce mémoire, les éléments possèdent la symétrie

$a_{ij} = a_{ji}$. De plus, il est possible de relier les quantités de chaque représentation. Par exemple, en sommant sur les indices i et j , on obtient

$$\sum_{i,j} a_{ij} = \sum_i k_i = 2M . \quad (1.2)$$

Il existe d'autres généralisations possibles aux graphes [75, 2, 14]. Par exemple, il est possible de pondérer les interactions entre les noeuds par des poids $w_{ij} \in \mathbb{R}$, menant à un graphe pondéré. Une autre avenue est de considérer non pas seulement des interactions à deux corps (paire de noeuds), mais à corps multiples, ce qui mène au concept d'hypergraphes. Toutefois, dans le cadre de cet ouvrage, nous nous limiterons à la définition ci-haut.

1.1.2 La distribution des degrés

Notre rôle de modélisateur est de prendre un objet complexe, et de le transformer en une version plus simple, ne retenant que le nécessaire pour permettre une analyse mathématique satisfaisante. Une approche classique dans la science des réseaux est d'utiliser les propriétés *macroscopiques* ou *mésoscopiques* d'un réseau comme mesure descriptive, ce qui permet de faire abstraction des détails microscopiques. Une des propriétés fondamentales des réseaux complexes, la distribution des degrés, sera particulièrement importante tout au long de ce mémoire.

La distribution des degrés $P(k)$ correspond à la probabilité qu'un noeud $i \in \mathcal{V}$ soit de degré k s'il est choisi aléatoirement parmi l'ensemble \mathcal{V} . En d'autres mots, c'est une mesure de la densité de noeuds de degré k . Cette distribution de probabilité est proprement normalisée selon

$$\sum_{k=k_{\min}}^{k_{\max}} P(k) = 1 , \quad (1.3)$$

où k_{\min} et k_{\max} représentent les degrés minimum et maximum dans le réseau. De plus, les moments d'ordre n de la distribution des degrés sont définis comme suit

$$\langle k^n \rangle = \sum_{k=k_{\min}}^{k_{\max}} k^n P(k) , \quad (1.4)$$

où le premier moment $\langle k \rangle$ correspond au degré moyen dans le réseau. Par souci de cohérence, la notation $\langle \dots \rangle$ sera utilisée exclusivement pour représenter l'espérance sur la distribution des degrés $P(k)$.

Pour le réseau de la figure 1.2, la distribution des degrés est la suivante

$$P(2) = \frac{6}{11} , \quad P(3) = \frac{3}{11} , \quad P(4) = \frac{1}{11} , \quad P(5) = \frac{1}{11} , \quad (1.5)$$

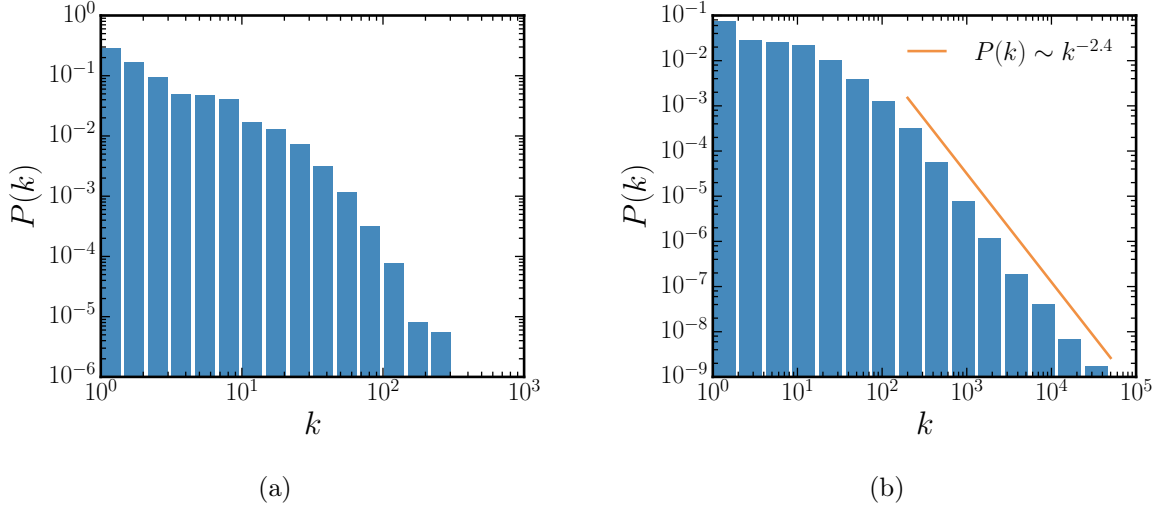


FIGURE 1.3 – Distribution des degrés obtenue à partir de réseaux réels. (a) Réseau d’interaction protéine-protéine pour la levure *Saccharomyces cerevisiae*, utilisée notamment pour la production de bière [60]. La taille du réseau est $N = 5151$ et les premiers moments sont $\langle k \rangle \approx 12$ et $\langle k^2 \rangle \approx 455$. (b) Réseau social des gens sur twitter ayant fait mention du boson de Higgs suite à la découverte de la particule en juillet 2012 [32]. La taille du réseau est $N \approx 4.56 \times 10^5$ et les premiers moments sont $\langle k \rangle \approx 65$ et $\langle k^2 \rangle \approx 1.32 \times 10^5$.

menant aux deux premiers moments

$$\langle k \rangle \approx 2.72, \quad \langle k^2 \rangle \approx 8.36. \quad (1.6)$$

De manière générale, on s’intéresse à des réseaux de taille beaucoup plus grande que celui de la figure 1.2. À titre d’exemple, à la figure 1.3 est présentée la distribution des degrés pour deux réseaux réels. Il est à noter que le degré des noeuds peut être très *hétérogène*, c’est-à-dire que la distribution des degrés possède une variance très élevée. Dans le cas de la découverte du boson de Higgs à la figure 1.3b, le second moment est environ 4 ordres de grandeur supérieurs au premier moment de la distribution. Pour le réseau d’interaction protéine-protéine à la figure 1.3a, la distribution des degrés est plus homogène, avec seulement un ordre de grandeur séparant le premier et le second moment.

Dans ce mémoire, le but est de s’abstraire le plus possible des données empiriques pour plutôt tirer des conclusions générales selon le caractère d’une distribution des degrés. Pour modéliser des distributions des degrés avec différents niveaux d’hétérogénéité, voici trois types de distribution aisément paramétrisables et fréquemment utilisés. Le degré maximal $k_{\max} \rightarrow \infty$ est utilisé si applicable à des fins de démonstration.

Distribution régulière

La distribution des degrés la plus homogène possible est simplement un delta de Kronecker

$$P(k) = \delta_{k,k_0} , \quad (1.7)$$

menant à un réseau *régulier* où tous les noeuds possèdent un même degré k_0 . Dans ce cas, les deux premiers moments sont simplement

$$\langle k \rangle = k_0 , \quad \langle k^2 \rangle = k_0^2 . \quad (1.8)$$

Bien que ce type de distribution ne peut modéliser qu'un ensemble limité de réseaux (les grilles de dimension k_0 par exemple), sa forme permet de simplifier grandement l'analyse mathématique, ce qui en fait un sujet d'étude intéressant d'un point de vue académique.

Distribution de Poisson

Un autre type de distribution homogène, mais cette fois-ci plus représentatif des systèmes réels est la distribution de Poisson

$$P(k) = \frac{\nu^k e^{-\nu}}{k!} , \quad (1.9)$$

où $k_{\min} = 0$ est considéré. Cette distribution est associée à la limite thermodynamique ($N \rightarrow \infty$) d'un réseau aléatoire pur, le graphe d'Erdős-Rényi [75], où seul le nombre de liens moyen $\langle M \rangle$ est fixé, ce qui explique son utilisation extensive dans la littérature. Les deux premiers moments de cette distribution sont

$$\langle k \rangle = \nu , \quad \langle k^2 \rangle = \nu^2 + \nu , \quad (1.10)$$

ce qui mène à une variance de ν également.

Distribution en loi de puissance

Pour modéliser des réseaux tels qu'à la figure 1.3b, il est nécessaire d'utiliser un type de distribution plus hétérogène que les deux cas précédents. En effet, si on étudie les définitions pour le premier et second moment de la distribution de Poisson, on remarque qu'il est impossible de bien représenter les deux premiers moments du réseau social associé au boson de Higgs.

Avec l'avènement de la collecte de données massives, il fut observé que plusieurs réseaux réels possèdent une distribution des degrés asymptotiquement en loi de puissance [75], c'est-à-dire que $P(k) \sim k^{-\gamma}$ pour $k \gg 1$. Cela motive l'utilisation de la distribution

$$P(k) = \frac{k^{-\gamma}}{\zeta(\gamma)} , \quad (1.11)$$

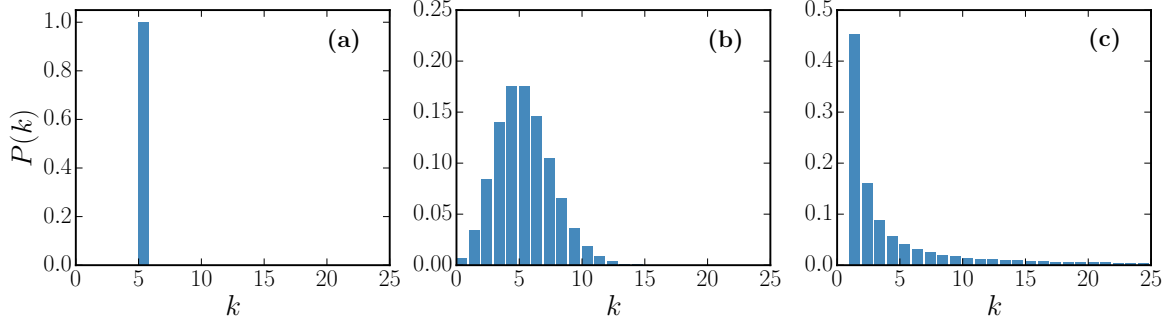


FIGURE 1.4 – Modèles de distribution des degrés. (a) Distribution régulière avec $k_0 = 5$. (b) Distribution de Poisson avec $\langle k \rangle = 5$. (c) Distribution en loi de puissance avec $\gamma = 3/2$.

où $k_{\min} = 1$ est considéré et $\zeta(\gamma)$ est la fonction zêta de Riemann. Les deux premiers moments sont alors simplement

$$\langle k \rangle = \frac{\zeta(\gamma - 1)}{\zeta(\gamma)}, \quad \langle k^2 \rangle = \frac{\zeta(\gamma - 2)}{\zeta(\gamma)}. \quad (1.12)$$

La plupart des comportements asymptotiques en loi de puissance observés placent l'exposant $\gamma \in [2, 3]$, ce qui mène à des seconds moments qui divergent dans la limite $k_{\max} \rightarrow \infty$. Pour des réseaux finis, cela permet d'obtenir des distributions des degrés très hétérogènes.

L'omniprésence des lois de puissance, ou *réseaux libres d'échelle*, peut être expliquée notamment par des mécanismes de croissance effectifs pour la structure des réseaux, tel que l'attachement préférentiel [87, 8, 55]. Cette universalité est toutefois aujourd'hui remise en question [20], puisque d'autres distributions que les lois de puissances correspondent mieux aux données recueillies. Malgré ce débat sur la représentativité de cette distribution, nous utiliserons fréquemment celle-ci. Au-delà d'un bon comportement asymptotique, la distribution en loi de puissance permet de délimiter, au niveau de l'analyse mathématique, les différents régimes dynamiques pour certaines dynamiques de propagation [23, 24, 39].

1.2 Ensembles de réseaux aléatoires : le modèle des configurations

En choisissant de caractériser un réseau uniquement à partir de certaines propriétés, on suppose que celles-ci sont suffisantes pour l'étude théorique ou numérique que l'on désire réaliser. Dans le cadre de ce mémoire, la propriété qui sera centrale pour l'étude des dynamiques de propagation est la séquence des degrés \underline{k} , ou de manière équivalente la distribution des degrés $P(k)$ caractérisant \underline{k} . Pour valider et explorer le champ d'application de cette hypothèse, on se tourne vers le concept de réseaux aléatoires, et plus spécifiquement vers le *modèle des configurations* (« configuration model »).

1.2.1 Avant-propos sur les ensembles de réseaux aléatoires

Soit un ensemble de contraintes $\{y_i\}$ représentant un ensemble de propriétés fixées. Pour modéliser la structure d'un réseau à partir de ces contraintes, il est naturel de considérer non pas un seul graphe \mathcal{G} , mais plutôt un ensemble de graphes respectant ces contraintes prédéterminées $\{\mathcal{G} | \{y_i\}\}$. En attribuant une probabilité d'observer chaque graphe $P(\mathcal{G})$, cela donne naissance à un ensemble de *réseaux aléatoires*. Cette perspective suit la même ligne directrice que mentionnée plus tôt : on désire se détacher d'un exemple particulier, pour plutôt tirer des conclusions générales qui s'appliquent à un ensemble.

Pour générer des ensembles de réseaux aléatoires, deux approches typiques existent [81, 75]. La première considère explicitement les possibles mécanismes de connexion responsables de la création du graphe \mathcal{G} . Par exemple, les mécanismes de croissance tels que l'attachement préférentiel [8, 55] entrent dans cette catégorie ; l'expérimentateur tente alors d'ajuster les paramètres du modèle de telle sorte que les graphes engendrés respectent au mieux les contraintes $\{y_i\}$. Cette approche est pertinente dans l'optique où la compréhension du phénomène donnant naissance au réseau est l'objet d'intérêt. Toutefois, il est souvent plus difficile d'extraire des propriétés analytiques de l'ensemble en utilisant cette méthode.

La deuxième approche néglige complètement les mécanismes ayant donné naissance au réseau et s'appuie plutôt sur le principe de *maximisation d'entropie*. Du point de vue de la théorie de l'information [58], c'est une approche rigoureuse qui permet de définir le plus objectivement possible l'ensemble, en introduisant uniquement l'information connue et fixée par les contraintes $\{y_i\}$. De plus, de par la simplicité de la méthode, plusieurs résultats analytiques peuvent être extraits. Puisque dans le cadre de ce mémoire les réseaux servent uniquement de substrat pour les dynamiques de propagation, nous adoptons cette deuxième approche.

1.2.2 Construction du modèle des configurations

L'objectif est de construire un ensemble de réseaux aléatoires avec une séquence des degrés \underline{k} fixée. Afin d'avoir une approche formelle, nous allons différencier une configuration \mathcal{C} dans l'ensemble (une réalisation du processus) et le graphe lui-même \mathcal{G} . Cette différence sera clarifiée dans les prochains paragraphes, mais pour l'instant il suffit de garder en tête que plusieurs configurations $\{\mathcal{C}_i\}$ peuvent correspondre à un même graphe \mathcal{G} .

La contrainte peut alors s'écrire comme une mesure sur chaque configuration telle que $y(\mathcal{C}) = \underline{k}$. L'ensemble des configurations correspond alors à $\mathcal{Q} = \{\mathcal{C} | y(\mathcal{C}) = \underline{k}\}$. Du point de vue de la physique statistique, cela correspond à un ensemble *microcanonique* où chaque configuration respecte exactement une contrainte donnée. Par conséquent, afin d'avoir un ensemble maximale entropie, la probabilité d'observer une configuration doit être

$$P(\mathcal{C}) = \frac{1}{|\mathcal{Q}|} , \quad (1.13)$$

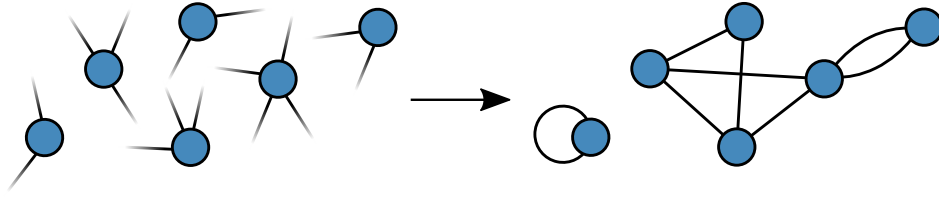


FIGURE 1.5 – Construction d’un réseau par le modèle des configurations standard pour une séquence des degrés $(2, 3, 3, 2, 4, 2)$.

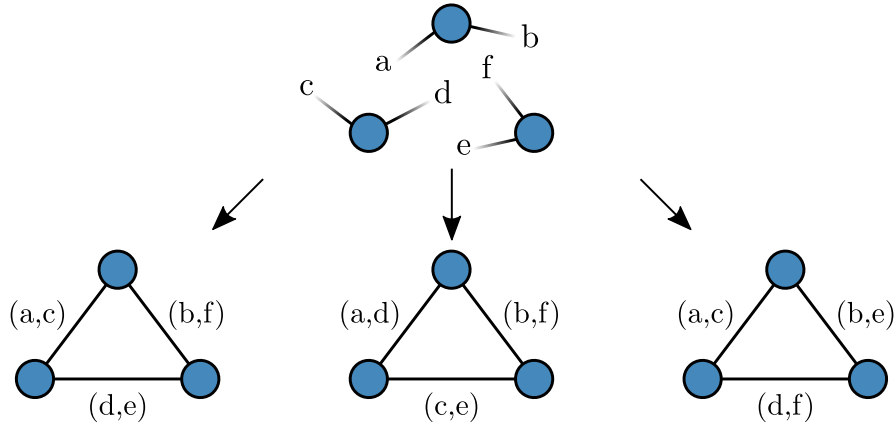


FIGURE 1.6 – Trois configurations tirées du modèle standard possédant le même graphe.

c’est-à-dire que chaque configuration est équiprobable.

Pour compléter la définition du modèle des configurations, il faut établir une méthode permettant de générer des configurations de l’ensemble. L’approche la plus simple est par construction et s’effectue en deux étapes [75] : d’abord on assigne k_i demi-liens à chaque noeud $i \in \mathcal{V}$, puis on connecte deux à deux les demi-liens jusqu’à l’obtention d’une configuration, tel qu’illustrée à la figure 1.5. La parité de la séquence des degrés ($\sum_i k_i$ donne un nombre pair) est considérée ici pour que la construction soit réalisable.

De manière implicite, cette méthode considère certaines hypothèses concernant la nature de chaque configuration. Pour éviter toutes confusions, voici les trois hypothèses considérées

1. Les boucles sont permises.
2. Les liens multiples sont permis.
3. Les demi-liens sont *discernables*.

Les deux premiers éléments sont évidents par le processus de construction : rien n’empêche la création de tels types de liens. Toutefois, la fraction représentée par ces liens tend vers zéro dans la limite $N \rightarrow \infty$ si le second moment de la distribution des degrés $\langle k^2 \rangle \lesssim N^{1/2}$ [75]. Il est donc possible de s’assurer que l’impact de ces liens est négligeable.

La troisième hypothèse est plus subtile et met en évidence la différence entre une configuration \mathcal{C} et un graphe \mathcal{G} . Par exemple, à la figure 1.6 sont présentées différentes configurations

obtenues du modèle, menant toutes à un même graphe. Cette discernabilité des demi-liens fait en sorte que la probabilité d'observer un graphe dans l'ensemble est [75]

$$P(\mathcal{G}) = \frac{N_{\mathcal{G}}}{|\mathcal{Q}|}, \quad (1.14)$$

où $N_{\mathcal{G}}$ donne le nombre de configurations menant au graphe \mathcal{G} . Il est à noter que dépendamment des hypothèses considérées sur les configurations, on peut obtenir différents ensembles de réseaux aléatoires [12]; l'ensemble présenté ici correspond à ce que nous appelons le *modèle des configurations standard*.

Un avantage de ce modèle est la simplicité des expressions mathématiques permettant de décrire la structure. Grâce à l'indépendance de chaque évènement de connexion des demi-liens, on peut écrire le nombre moyen de liens entre deux noeuds i et j

$$E[a_{ij}] = \sum_{k'=1}^{k_i} \frac{k_j}{2M-1} = \frac{k_i k_j}{2M-1} \approx \frac{k_i k_j}{2M}, \quad (1.15)$$

où l'espérance est prise en réalité sur la distribution des configurations $P(\mathcal{C})$. Dans une certaine limite, cela représente aussi la probabilité d'existence d'un lien p_{ij} entre les noeuds i et j . La probabilité qu'il n'y ait pas de liens entre i et j peut s'écrire

$$1 - p_{ij} = \prod_{k'=1}^{k_i} \left(1 - \frac{k_j}{2M - 2k' + 1}\right) \approx \left(1 - \frac{k_j}{2M}\right)^{k_i} \approx 1 - \frac{k_i k_j}{2M}, \quad (1.16)$$

où on suppose $k_i \ll M$, $k_j \ll 2M$ et $k_i k_j \ll 2M$. Cela mène à

$$p_{ij} \approx E[a_{ij}]. \quad (1.17)$$

La contrainte la plus forte, $k_i k_j \ll 2M$ demande entre autres que $k_{\max} = o(\sqrt{M})$.

Une autre propriété très importante du modèle des configurations standard est qu'il est *non corrélé*, c'est-à-dire que la probabilité $P(k|k')$ qu'un demi-lien partant d'un noeud de degré k' soit connecté à un noeud de degré k est indépendante de k' . En fait, on peut démontrer que

$$\begin{aligned} P(k|k') &= \frac{\text{Nombre de demi-liens partant de } k' \text{ vers } k}{\text{Nombre de demi-liens partant de } k'} , \\ &= \frac{\sum_{ij} \delta_{k_i, k'} \delta_{k_j, k} E[a_{ij}]}{\sum_i k_i \delta_{k_i, k'}} , \\ &= \frac{k P(k)}{\langle k \rangle} . \end{aligned} \quad (1.18)$$

Puisque la distribution $P(k|k')$ ne dépend pas du noeud k' , celle-ci correspond aussi à la distribution des degrés des *voisins*. Cette dernière est associée à la probabilité d'arrivée à un noeud de degré k , choisissant aléatoirement un lien et prenant l'une des deux extrémités.

Ensemble alternatif : graphes simples et demi-liens indiscernables

On pourrait contester notre choix de permettre les boucles, de permettre les liens multiples et de considérer les demi-liens comme discernables. En effet, ce choix peut affecter les propriétés structurelles de l'ensemble² [40]. Le modèle des configurations standard tel que défini précédemment est probablement la version la plus simple de définir un ensemble de réseaux avec une séquence des degrés fixée, ce qui motive son utilisation fréquente [75]. Afin de montrer que les propriétés de cet ensemble ne sont pas un artifice associé à notre méthode de construction particulière, considérons un autre ensemble de réseaux aléatoires microcanonique.

Supposons un ensemble où les boucles et les liens multiples ne sont pas permis. De plus, considérons que les demi-liens sont indiscernables. Dans ce cas-ci, chaque configuration \mathcal{C} est en relation une à une avec un graphe \mathcal{G} , menant à un ensemble $\mathcal{Q}' = \{\mathcal{G} | y(\mathcal{G}) = \underline{k}\}$ et

$$P(\mathcal{G}) = \frac{1}{|\mathcal{Q}'|} . \quad (1.19)$$

Regardons la probabilité de connexion p_{ij} dans cet ensemble. En utilisant des multiplicateurs de Lagrange ω_i pour fixer le degré k_i de chaque noeud, dans la limite $N \gg 1$ on obtient [12]

$$p_{ij} \approx \frac{e^{\omega_i + \omega_j}}{1 + e^{\omega_i + \omega_j}} , \quad (1.20)$$

où chaque multiplicateur est contraint par

$$k_i = \sum_{j \neq i} \frac{e^{\omega_i + \omega_j}}{1 + e^{\omega_i + \omega_j}} . \quad (1.21)$$

On remarque dès lors que $p_{ij} \neq f(\omega_i)f(\omega_j)$, donc ne se factorise pas comme dans le modèle des configurations standard. Cela implique aussi que l'ensemble \mathcal{Q}' possède naturellement une corrélation entre les degrés $P(k'|k) = f(k', k)$ [12].

Par contre, en supposant $e^{\omega_i} \ll 1 \ \forall i$, on peut écrire

$$k_i \approx e^{\omega_i} \sum_{j=1}^N e^{\omega_j} , \quad (1.22)$$

menant à une probabilité de connexion

$$p_{ij} \approx \frac{k_i k_j}{2M} . \quad (1.23)$$

Cette forme est valide encore une fois uniquement si $k_{\max} = o(\sqrt{M})$ [12]. L'ensemble est alors décorrélé, comme le modèle des configurations standard.

Il existe une multitude d'ensembles de réseaux aléatoires où la séquence des degrés est fixée exactement, menant à des ensembles microcanoniques [12], ou seulement en moyenne, menant

2. L'effet peut être dramatique dépendamment de l'utilisation faite de l'ensemble. Pour plus de détails [40].

à des ensembles *canoniques* [81]. Pour tous ces types d'ensembles, les propriétés structurelles sont semblables dans la limite $N \rightarrow \infty$ lorsqu'on suppose une borne supérieure au degré de la forme $k_{\max} = o(\sqrt{M})$. Cette borne est en effet souvent nommée *coupure structurelle* [18, 25]. Pour le reste de ce mémoire, nous considérons le modèle des configurations standard.

1.2.3 Réseaux aléatoires temporels

Pour échantillonner l'ensemble associé au modèle des configurations, on pourrait simplement utiliser la méthode de construction présentée précédemment, obtenir une configuration \mathcal{C} , puis recommencer jusqu'à l'obtention d'un échantillonnage $\{\mathcal{C}_i\}$. Une manière alternative est de considérer une chaîne de Markov définie par la probabilité de transition $P(\mathcal{C}'|\mathcal{C})$.

Supposons qu'avec probabilité uniforme $1/\binom{M}{2}$, on choisisse deux liens aléatoirement parmi l'ensemble \mathcal{E} . On brise les liens et on reconnecte les demi-liens tel que présenté à la figure 1.7, passant d'une configuration $\mathcal{C} \rightarrow \mathcal{C}'$. Ce processus permet de connecter n'importe quels demi-liens, alors la chaîne de Markov est ergodique et explore \mathcal{Q} [40]. De plus, puisque la probabilité de transition est indépendante de \mathcal{C} et \mathcal{C}' , cette chaîne est trivialement réversible [74] et respecte la condition de bilan détaillé

$$P^*(\mathcal{C})P(\mathcal{C}'|\mathcal{C}) = P^*(\mathcal{C}')P(\mathcal{C}|\mathcal{C}') , \quad (1.24)$$

où $P^*(\mathcal{C})$ représente la distribution stationnaire du processus de Markov. Cela implique que

$$P^*(\mathcal{C}) = \text{cte} = \frac{1}{|\mathcal{Q}|} . \quad (1.25)$$

Ce processus permet d'échantillonner l'ensemble \mathcal{Q} de manière *dynamique*. Cet échantillonnage de proche en proche peut notamment être utilisé pour simuler une dynamique structurelle effective, définissant ce qu'on appelle un *réseau aléatoire temporel* (ou réseau aléatoire variant temporellement). La dynamique structurelle est alors complètement déterminée par le taux de reconnexion des liens.

Les réseaux aléatoires temporels peuvent être vus comme un cas particulier de réseaux temporels. C'est un sujet qui attire beaucoup l'attention actuellement en science des réseaux [57], car pour les systèmes complexes étudiés, la nature des interactions est souvent mieux représentée par un graphe $\mathcal{G}(t)$ variant dans le temps.

1.3 Dynamiques de propagation

En 1760, Daniel Bernoulli publie ce que plusieurs considèrent comme les premiers modèles mathématiques en épidémiologie. Dans cet ouvrage, il traite des avantages de la variolisation ³

3. Ancêtre de la vaccination : un individu était mis en contact contrôlé avec la variole de manière à provoquer une infection mineure, dans le but de développer une immunité.

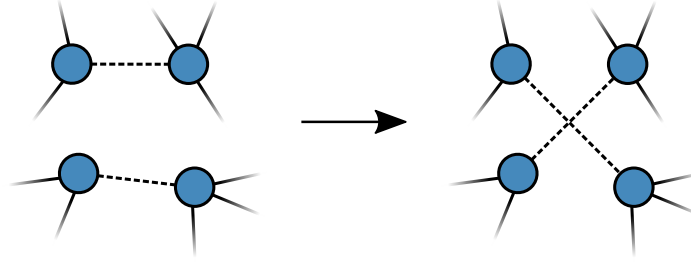


FIGURE 1.7 – Réarrangement des demi-liens lors du processus de Markov.

pour lutter contre la variole et augmenter l'espérance de vie [41]. Depuis, les modèles furent grandement améliorés, notamment grâce à l'utilisation de réseaux comme substrats [82, 41, 61], ce qui permet aujourd'hui de mieux comprendre *comment* une maladie infectieuse se répand ou se maintient dans une population.

Au-delà de l'épidémiologie, les concepts et les modèles furent appliqués dans plusieurs autres domaines, de la cybersécurité (prolifération de virus informatiques) aux sciences sociales (diffusion d'information, propagation de fausses nouvelles, etc.) [41, 82, 61]. Due à la portée étendue des modèles épidémiologiques, nous adoptons plutôt dans cet ouvrage le terme *dynamique de propagation*. Malgré cette utilisation généralisée des dynamiques de propagation, nous utilisons la terminologie associée à l'épidémiologie par cohérence avec la définition des modèles standards.

1.3.1 Modèles standards de propagation

Soit une population fixe de N individus. La manière la plus simple de décrire une dynamique de propagation est de considérer que chaque individu puisse être dans un *état* particulier, caractérisant l'état de la maladie [9]. Les états les plus communément utilisés sont : *susceptible* (S), *infecté* (I) et *retiré* (R). L'état susceptible indique que l'individu peut devenir infecté s'il est mis en contact avec des individus infectés ; l'état retiré implique que l'individu fut infecté, a récupéré, et ne peut plus l'être en raison d'une immunité développée ou simplement par décès.

Les dynamiques de propagation standards sont des processus *stochastiques* [43] : chaque individu dans un certain état A a la possibilité de transiter dans un état B à un taux $w(A \rightarrow B) \equiv w_{AB}$, tel qu'illustré à la figure 1.8. Fixer les différents taux de transition permet de définir le modèle. Afin de suivre l'évolution de tels systèmes, il est souvent plus simple et révélateur de suivre l'évolution des valeurs moyennes, représentatives de l'ensemble des états possibles partant d'une même condition initiale, que de suivre l'état spécifique du système en fonction du temps (voir section 2.3.2 pour des motivations plus formelles). On introduit alors les densités moyennes d'individus $\rho^A(t) \in [0, 1]$ pour chaque état A au temps t .

Pour introduire simplement les deux dynamiques de propagation standards, considérons un

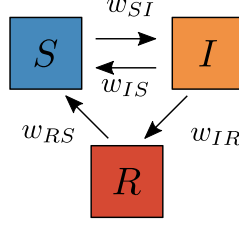


FIGURE 1.8 – Taux de transition entre les divers états possibles pour les dynamiques de propagation.

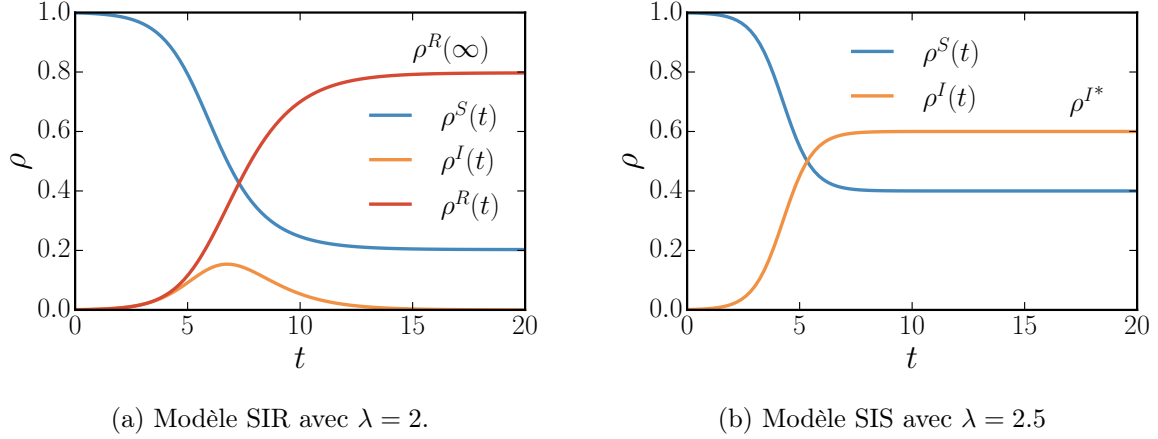


FIGURE 1.9 – Évolution temporelle pour les modèles standards de propagation en champ moyen. Les systèmes sont initialisés avec une densité d'individus infectés $\rho^I = 10^{-3}$.

modèle en *champ moyen* [74] : au lieu de considérer un ensemble d'interactions par paires limitées représenté par un graphe \mathcal{G} tel que défini à la section 1.1, on considère que tous les individus sont en contact, mais que l'interaction est faible. On considère aussi que la population est très grande ($N \rightarrow \infty$). C'est équivalent à considérer une matrice d'adjacence pondérée avec $a_{ij} = N^{-1} \forall i, j \in \mathcal{V}$, ou un principe d'action de masse [9]. Tous les individus sont alors indiscernables et les modèles standards peuvent être décrits exactement par un système d'équations différentielles.

Dynamique susceptible-infecté-retiré (SIR)

Le modèle SIR est défini comme suit : un individu susceptible devient infecté à un taux constant $w_{SI} = \lambda$ par contact avec un individu infecté ; un individu infecté devient retiré à un taux constant $w_{IR} = \mu$. Tous les autres taux de transition possible entre les états (voir figure 1.8) sont nuls. Ce modèle permet de représenter les situations où les individus ne peuvent être infectés qu'une seule fois, typique de certaines infections virales (variole, rougeole) ou de certains phénomènes sociaux (partage d'un vidéo viral ou d'une fausse nouvelle). En tout temps, la contrainte de conservation des densités est respectée

$$\rho^S + \rho^I + \rho^R = 1. \quad (1.26)$$

En utilisant le modèle en champ moyen introduit plus tôt, il est possible d'écrire le système d'équations différentielles ci-dessous

$$\frac{d\rho^S}{dt} = -\lambda\rho^S\rho^I, \quad (1.27a)$$

$$\frac{d\rho^I}{dt} = -\mu\rho^I + \lambda\rho^S\rho^I, \quad (1.27b)$$

$$\frac{d\rho^R}{dt} = \mu\rho^I. \quad (1.27c)$$

On remarque que la somme des équations (1.27) est nulle, donc pour une initialisation cohérente, le système respecte la contrainte de conservation des densités.

Il est possible de faire une analyse dimensionnelle du système : en rééchelonnant le temps $t \mapsto t\mu^{-1}$ et le taux d'infection $\lambda \mapsto \lambda\mu$ par rapport au taux de récupération, on obtient

$$\frac{d\rho^S}{dt} = -\lambda\rho^S\rho^I, \quad (1.28a)$$

$$\frac{d\rho^I}{dt} = -\rho^I + \lambda\rho^S\rho^I, \quad (1.28b)$$

$$\frac{d\rho^R}{dt} = \rho^I. \quad (1.28c)$$

Cette adimensionnalisation pouvant toujours se faire pour les dynamiques de propagation, nous la ferons de manière implicite à l'avenir.

Le comportement typique pour l'évolution temporelle du système est présenté à la figure 1.9a. On remarque que le nombre d'individus infectés croît, puis s'éteint, menant à une fraction finale $\rho^R(t \rightarrow \infty) \equiv \rho^R(\infty)$ d'individus affectés par la propagation. Nous ne notons pas cette densité moyenne finale par un astérisque, car celle-ci correspond à une dynamique éteinte et dépend des conditions initiales.

Dynamique susceptible-infecté-susceptible (SIS)

Le modèle SIS est défini comme suit : un individu susceptible devient infecté à un taux constant $w_{SI} = \lambda$ par contact avec un individu infecté ; un individu infecté redevient susceptible à un taux constant $w_{IS} = \mu$. Tous les autres taux de transition possible entre les états (voir figure 1.8) sont nuls. Ce modèle permet de représenter les situations où les individus peuvent être infectés plusieurs fois, ce qui est le cas notamment pour certaines infections, telle la gonorrhée, ou certains comportements sociaux. En tout temps, la contrainte de conservation des densités est respectée

$$\rho^S + \rho^I = 1. \quad (1.29)$$

En utilisant le modèle en champ moyen et l'adimensionnalisation précédemment effectuée, on obtient le système

$$\frac{d\rho^S}{dt} = \rho^I - \lambda \rho^S \rho^I, \quad (1.30a)$$

$$\frac{d\rho^I}{dt} = -\rho^I + \lambda \rho^S \rho^I. \quad (1.30b)$$

Encore une fois, on remarque que pour une initialisation cohérente, le système d'équations (1.30) respecte la contrainte de conservation des densités.

À la figure 1.9b est présentée une réalisation typique du système, menant à une densité non nulle d'individus infectés en moyenne ρ^{I*} dans la limite $t \rightarrow \infty$. Contrairement à la dynamique SIR, la dynamique SIS mène à un état *stationnaire universel*, indépendant des conditions initiales, ne dépendant que du taux d'infection λ . Cet état correspond à un équilibre dynamique où, en moyenne, autant de nouveaux individus se font infecter que d'individus récupèrent.

1.3.2 Modèles de propagation réalistes

Les modèles SIS et SIR sont parmi les dynamiques de propagation les plus simples, mais sont peu représentatifs de systèmes réels. Afin de rajouter du réalisme aux dynamiques de propagation, plusieurs éléments peuvent être intégrés aux modèles. D'abord, d'autres états pourraient être considérés pour caractériser d'autres stades de la maladie. À titre d'exemple, un état *exposé* correspondrait à un individu ayant contracté la maladie, mais n'étant pas encore infectieux. On pourrait aussi considérer des fluctuations démographiques avec un taux de naissance et de décès, associer une susceptibilité différente pour chaque individu de contracter la maladie (par exemple par tranche d'âge), et ainsi de suite [5].

Rajouter des éléments apporte certes un réalisme, mais complexifie énormément l'analyse mathématique. De plus, peu importe le nombre d'états ajoutés, il n'en demeure pas moins qu'il existe deux types possibles de finalité pour le système dans limite $t \rightarrow \infty$:

1. Une dynamique éteinte, où une fraction $\rho^R(\infty)$ de la population aura été touchée.
2. Un équilibre dynamique où une fraction ρ^{I*} de la population demeure infectée.

Ces deux cas sont très bien représentés par les simples modèles SIS et SIR, tel que présentés à la figure 1.9. Toute avancée théorique pour l'un ou l'autre de ces modèles permet une meilleure compréhension des autres modèles basés sur ceux-ci. Cela motive leur utilisation comme banc d'essai pour l'étude du phénomène de transition de phase.

1.3.3 Phénomène critique pour les dynamiques de propagation

Notre perspective est de considérer les dynamiques de propagation du point de vue de la physique statistique. En effet, les modèles SIS et SIR correspondent à des systèmes physiques hors d'équilibre [69]. L'état de chaque noeud est analogue au spin dans un modèle de Potts

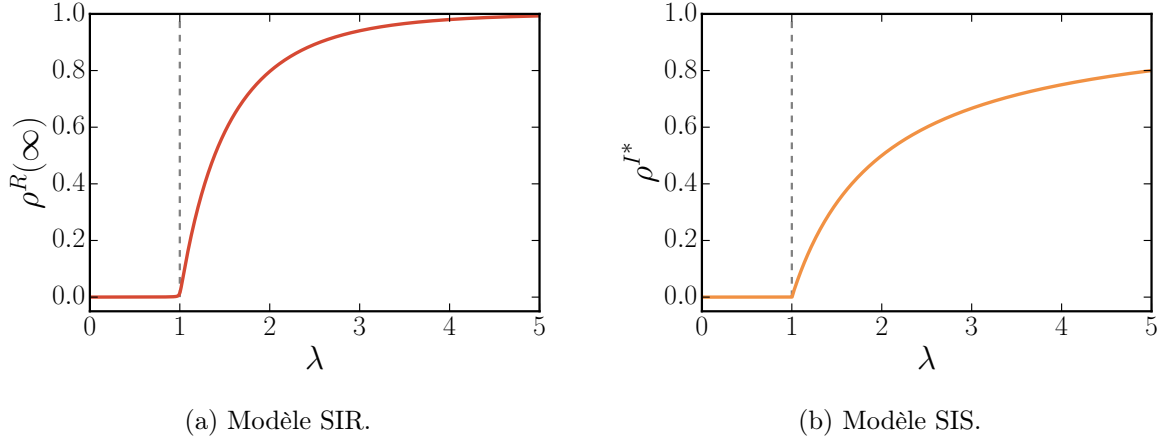


FIGURE 1.10 – Transition de phase pour les modèles standards de propagation en champ moyen. Les systèmes sont initialisés avec une densité d'individus infectés $\rho^I = 10^{-3}$.

[80], et le taux d'infection adimensionnalisé λ est quant à lui analogue à un paramètre de température inverse.

L'analogie peut être portée plus loin : tel le modèle d'Ising en champ moyen [90, 89, 74], les modèles SIR et SIS en champ moyen possèdent eux aussi une transition de phase continue. Il est donc possible de faire une étude du phénomène critique pour les dynamiques de propagation en définissant un *paramètre d'ordre* Ψ qui caractérise le changement qualitatif d'une phase à une autre [90, 89]. Près de la transition de phase, le paramètre d'ordre est alors caractérisé par un *seuil* λ_c et un *exposant critique*, menant à une relation d'échelle de la forme

$$\Psi \sim (\lambda - \lambda_c)^\delta, \quad (1.31)$$

pour $\lambda > \lambda_c$. Dans le cadre des dynamiques de propagation, λ_c est souvent appelé le *seuil d'épidémie* : au-delà de cette valeur, une fraction non nulle de la population est affectée par le processus.

Dynamique SIR

Le paramètre d'ordre communément utilisé pour caractériser le phénomène critique du modèle SIR est la densité finale d'individus retirés $\rho^R(\infty)$. Puisque le modèle SIR ne mène pas à un état d'équilibre stationnaire universel, en théorie $\rho^R(\infty)$ peut dépendre des conditions initiales. Afin de faire une analyse cohérente du phénomène critique, on suppose comme conditions initiales $\rho^S(0) = 1 - \epsilon$, $\rho^R(0) = 0$ et $\rho^I(0) = \epsilon$, avec $\epsilon \rightarrow 0$.

La transition de phase sépare le régime où une fraction négligeable $\rho^R(\infty) = \mathcal{O}(\epsilon)$ sera atteinte et le régime où une fraction macroscopique du système $\rho^R(\infty) = \mathcal{O}(1)$ aura été infectée. À

partir de l'équation (1.28b), une fraction initiale faible sera amplifiée lorsque

$$\left. \frac{d\rho^I}{dt} \right|_{t=0} > 0 \quad \Rightarrow \quad -\epsilon + \lambda(1 - \epsilon)\epsilon > 0 . \quad (1.32)$$

Dans la limite $\epsilon \rightarrow 0$, cela correspond à $\lambda > 1$. À la figure 1.10a est tracé $\rho^R(\infty)$ pour différentes valeurs de λ . Le paramètre d'ordre permet bien de discerner un phénomène critique, tel que présenté à l'équation (1.31), avec $\lambda_c = 1$ et $\delta = 1$. En effet, par une analyse plus approfondie de $\rho^R(\infty)$ (voir annexe B.1) pour $\epsilon \rightarrow 0$ et $\lambda \rightarrow \lambda_c$, on obtient

$$\rho^R(\infty) \approx 2(\lambda - \lambda_c) . \quad (1.33)$$

Dynamique SIS

Le paramètre d'ordre habituel pour le modèle SIS est la densité stationnaire d'individus infectés ρ^{I*} . Contrairement au modèle SIR, un état stationnaire indépendant des conditions initiales est atteint, en supposant que le système est initialisé avec une densité non nulle $\rho^I(0)$.

Autre différence avec le modèle SIR : la dynamique SIS possède un *état absorbant*, c'est-à-dire que le système demeure piégé dans cet état s'il est atteint, correspondant à $\rho^{I*} = 0$. Par conséquent, la transition de phase est d'une tout autre nature : le système est soit dans une phase *active*, où une fraction non nulle ρ^{I*} du système demeure infectée, soit dans une phase *absorbante*, où éventuellement le système atteint l'état où tous les individus sont redevenus susceptibles.

À partir des équations (1.30) et de la contrainte de conservation des densités, on peut ramener le système à une seule équation différentielle de la forme

$$\frac{d\rho^I}{dt} = -\rho^I + \lambda(1 - \rho^I)\rho^I . \quad (1.34)$$

Cette équation différentielle possède deux points fixes [92]. Par une analyse de stabilité linéaire, on obtient

$$\rho^{I*} = \begin{cases} 0 & \lambda \leq 1 , \\ 1 - \lambda^{-1} & \lambda > 1 . \end{cases} \quad (1.35)$$

Par conséquent, le système est dans une phase active pour $\lambda > 1$, ce qui est bien représenté à la figure 1.10b. La dynamique SIS mène donc aussi à un phénomène critique où le paramètre d'ordre ρ^{I*} est décrit par $\lambda_c = 1$ et $\delta = 1$. En effet, près de la phase absorbante, on obtient à partir de l'équation (1.35)

$$\rho^{I*} \approx \lambda - \lambda_c .$$

Classes d'universalités

Le concept de *classes d'universalité* a émergé en physique statistique suite à l'observation que plusieurs systèmes physiques à l'équilibre possèdent un comportement critique très similaire [90, 89], et ce malgré des règles dynamiques différentes. Près du seuil de transition de phase, tous les systèmes dans une même classe vont posséder un même ensemble d'exposants critiques d'où la notion d'universalité. Le concept s'applique aussi aux systèmes hors d'équilibre et aux systèmes dynamiques non linéaires tels que les applications discrètes [80, 69, 35].

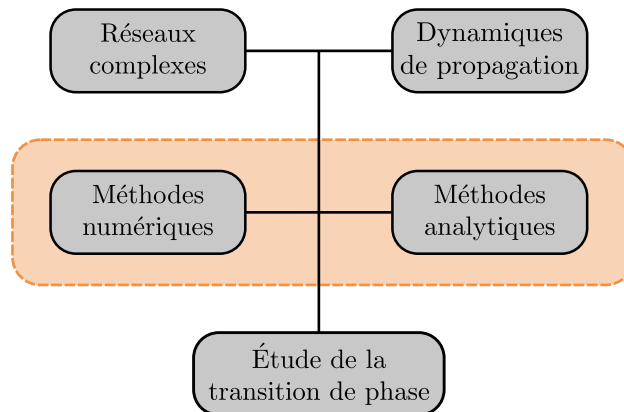
Malgré le fait que les modèles en champ moyen pour la dynamique SIS et SIR mènent aux mêmes valeurs de seuil et d'exposant critique, ces deux processus n'appartiennent pas à la même classe d'universalité. Le modèle SIR appartient à la classe d'universalité de la percolation standard [22, 93]. En fait, de manière générale il est possible de relier ce modèle à la percolation sous certaines approximations [52, 76, 62]. Cela permet notamment d'utiliser les techniques développées pour la théorie de la percolation afin d'estimer le paramètre d'ordre $\rho^R(\infty)$. Le modèle SIS quant à lui appartient à la classe d'universalité de la percolation dirigée comme l'ensemble des processus avec un état absorbant menant à une transition de phase [80].

Chapitre 2

Dynamique SIS sur réseaux complexes

Pour le reste de cet ouvrage, l'emphase sera mise sur le modèle SIS, qui est au coeur de nos contributions. Le modèle en champ moyen de la section 1.3.1 étant une représentation trop simpliste des interactions sociales, nous utilisons la représentation universelle en termes de réseaux complexes introduite à la section 1.1. Dans ce chapitre, nous effectuons une rétrospective des contributions associées la dynamique SIS sur réseaux, plus particulièrement celles concernant l'analyse de la transition de phase. Bien qu'à la section 1.2.3 nous mentionnions que les interactions peuvent être modélisées par des réseaux temporels $\mathcal{G}(t)$, dans ce chapitre nous considérons que la structure est statique dans le but de simplifier l'analyse.

D'abord, à la section 2.1 est introduite de manière rigoureuse et exacte la dynamique SIS sur réseaux comme un processus de Markov. À la section 2.2, nous présentons les méthodes numériques permettant de simuler le processus de Markov et de caractériser la transition de phase. À la section 2.3, nous présentons un aperçu des approches analytiques standards développées au cours des dernières années pour étudier cette dynamique stochastique.



2.1 Formulation markovienne exacte

La dynamique SIS sur réseaux peut être décrite formellement par un processus de Markov homogène à temps continu [43], plus particulièrement un processus de sauts¹. Le système au temps t est décrit par une suite de variables aléatoires $X_i(t)$ représentant l'état du noeud $i \in \mathcal{V}$. D'un point de vue global, l'état du système est représenté par un vecteur de ces variables aléatoires $\underline{X}(t)$. Nous utilisons la représentation binaire pour l'état des noeuds : le support pour $X_i(t)$ est $F = \{0, 1\}$, ce qui implique que le support pour $\underline{X}(t)$ est F^N . L'état $X_i = 0$ ou 1 indique que le noeud i est susceptible ou infecté respectivement.

Un état particulier du processus stochastique sera noté $x_i \in F$ pour le noeud i et $\underline{x} \in F^N$ pour le système complet. Cela nous permet d'introduire la distribution de probabilité des états $p(\underline{x}, t) \equiv P[\underline{X}(t) = \underline{x}]$ et le taux de transition entre les états $w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')$ défini à partir de la relation

$$P[\underline{X}(t + dt) = \underline{x}' | \underline{X}(t) = \underline{x}] = w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}') dt, \quad (2.1)$$

où dt est un intervalle de temps infinitésimal.

Puisque la dynamique stochastique est à temps continu, les transitions d'état pour un noeud (infection ou récupération) sont toujours des événements asynchrones. Cela a deux conséquences :

1. $w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}') \neq 0$ uniquement si \underline{x} et \underline{x}' diffèrent par un seul événement d'infection ou de récupération. Autrement dit, il faut que la distance de Hamming² $d(\underline{x}, \underline{x}') = 1$.
2. Si la différence entre \underline{x} et \underline{x}' implique le noeud i , alors $w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}') = w(x_i \rightarrow x'_i)$.

Selon la définition donnée à la section 1.3.1, les noeuds susceptibles deviennent infectés à un taux constant λ par contact avec des noeuds infectés ; les noeuds infectés redeviennent susceptibles à un taux constant unitaire (suite à une adimensionnalisation). Par conséquent, supposons $x_i = 0$ et $x'_i = 1$, alors les taux de transition sont

$$w(x_i \rightarrow x'_i) = \lambda \sum_{j \in \partial i} x_j(t), \quad (2.2)$$

$$w(x'_i \rightarrow x_i) = 1. \quad (2.3)$$

Un exemple pour les taux de transition entre les états d'un système pour la dynamique SIS est illustré à la figure 2.1.

De manière générale, l'évolution d'un tel processus est régie par une équation maîtresse de la forme suivante

$$\frac{d}{dt} p(\underline{x}, t) = \sum_{\underline{x}' \in F^N} [w(\underline{x}' \rightarrow \underline{x}) p(\underline{x}', t) - w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}') p(\underline{x}, t)]. \quad (2.4)$$

1. Un processus de sauts (« jump process ») possède des changements d'état discontinus, ici reliés à un espace des états discrets.

2. La distance de Hamming retourne le nombre d'éléments différents entre les deux vecteurs.

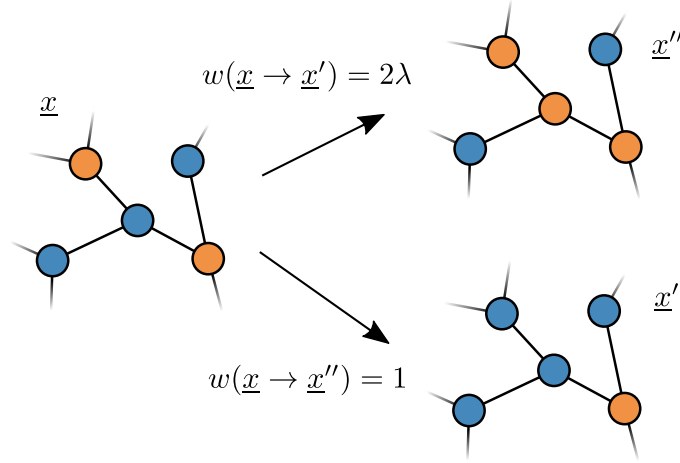


FIGURE 2.1 – Deux changements d'état possibles, impliquant un évènement d'infection et de récupération, avec leurs taux de transition respectifs.

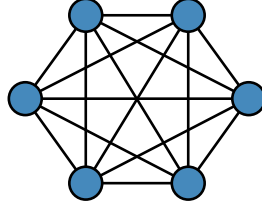


FIGURE 2.2 – Représentation d'un graphe complet de $N = 6$ noeuds.

Celle-ci renferme toute l'information disponible sur la dynamique stochastique. Entre autres, la densité moyenne de noeuds infectés peut s'écrire

$$\rho^I(t) \equiv \frac{E[n^I(\underline{x})]}{N} = \sum_{\underline{x} \in F^N} p(\underline{x}, t) \frac{n^I(\underline{x})}{N} \quad (2.5)$$

où $n^I(\underline{x})$ donne le nombre de noeuds infectés pour l'état \underline{x} et l'espérance est prise sur la distribution de probabilité des états. Puisque nous considérons exclusivement la dynamique SIS pour le reste de cet ouvrage, nous noterons simplement $\rho(t) \equiv \rho^I(t)$ et $n(\underline{x}) \equiv n^I(\underline{x})$ sans ambiguïté.

L'équation maîtresse, quoique générale et bien définie pour tous les processus markoviens, est limitée par la taille du support qui croît exponentiellement avec le nombre de noeuds, $|F| = 2^N$. Les solutions analytiques ou numériques à l'équation maîtresse ne sont possibles en pratique que pour les petits systèmes ou des réseaux à symétries particulières, dont le graphe complet.

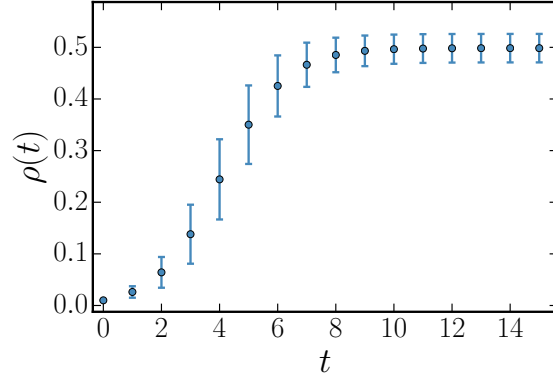


FIGURE 2.3 – Densité de noeuds infectés en fonction du temps pour le graphe complet de taille $N = 10^3$. Le taux d’infection est $\lambda = 0.002$ et la densité initiale est $\rho(0) = 0.01$. Les cercles correspondent aux valeurs moyennes obtenues de l’équation maîtresse et les barres d’erreur à l’écart-type sur chaque valeur.

2.1.1 Le graphe complet

Plusieurs fois dans ce chapitre nous utiliserons un graphe complet de taille N comme exemple pour illustrer certains aspects de la dynamique SIS. Tous les noeuds sont reliés l’un à l’autre par un lien, c’est-à-dire que les éléments de la matrice d’adjacence sont $a_{ij} = 1 \forall i, j$ (voir figure 2.2).

Pour ce cas idéalisé, l’équation maîtresse peut être simplifiée énormément, car tous les noeuds sont indiscernables, menant à un simple processus de naissance-mort (« birth-death process ») [43]. On peut se limiter à seulement $N + 1$ états discernables, chacun associé à un nombre $0 \leq n \leq N$ de noeuds infectés. En dénotant $p(n, t)$ la probabilité que n noeuds soient infectés et $w_{n,n'} \equiv w(n \rightarrow n')$, l’équation maîtresse est réécrite sous la forme

$$\frac{d}{dt}p(n, t) = w_{n-1,n}p(n-1, t) + w_{n+1,n}p(n+1, t) - (w_{n,n+1} + w_{n,n-1})p(n, t) . \quad (2.6)$$

De plus, les taux de transition correspondent aux expressions simples suivantes

$$w_{n,n+1} = \lambda n(N - n) , \quad (2.7a)$$

$$w_{n,n-1} = n . \quad (2.7b)$$

À la figure 2.3 est présenté un exemple d’évolution de la densité de noeuds infectés selon l’équation maîtresse pour le graphe complet.

2.1.2 Temps moyen de passage à l’état absorbant

Comme il est présenté à la section 1.3.1, une des particularités de la dynamique SIS est qu’elle possède un *état absorbant*, correspondant à $\underline{x} = \underline{0}$, où tous les noeuds sont susceptibles.

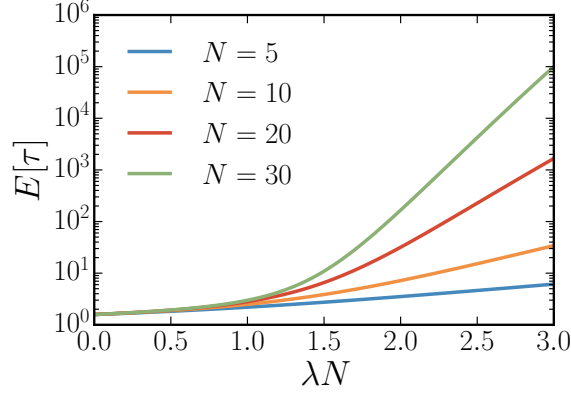


FIGURE 2.4 – Temps moyen de passage à l'état absorbant en fonction du taux d'infection pour des graphes complets de différentes tailles. La distribution initiale des états est dans chaque cas $p(n, 0) = \delta_{n,1}$.

Lorsque le système atteint cet état, il y demeure piégé, car $w(\underline{0} \rightarrow \underline{x}') = 0 \forall \underline{x}' \in F^N$. Au niveau de l'équation maîtresse, cela implique

$$\frac{d}{dt}p(\underline{0}, t) = \sum_{\underline{x}' \in F^N} w(\underline{x}' \rightarrow \underline{0})p(\underline{x}', t) \geq 0. \quad (2.8)$$

Puisque qu'à partir de n'importe quel état $\underline{x} \in F^N$ il est possible d'atteindre l'état absorbant, $p(\underline{0}, t)$ est strictement croissant. Cela implique que la distribution stationnaire des états est toujours $p(\underline{x}, t \rightarrow \infty) \equiv p^*(\underline{x}) = \delta_{\underline{x}, \underline{0}}$. Cette distribution stationnaire unique et universelle de la dynamique SIS est un invariant dynamique de l'équation maîtresse et implique $\rho^* = 0$.

Pour les processus avec une finalité si contraignante, on s'intéresse au temps requis pour tomber sur l'état absorbant. Soit τ une variable aléatoire représentant le temps de passage à l'état absorbant, dont le support est l'ensemble des réels positifs \mathbb{R}^+ . Afin de simplifier la définition, on considère que l'état initial est toujours un seul noeud infecté de manière aléatoire [42]. La mesure d'intérêt est alors le temps moyen de passage à l'état absorbant

$$E[\tau] = \int_0^\infty P[\underline{X}(t) \neq \underline{0}] dt = \int_0^\infty [1 - p(\underline{0}, t)] dt. \quad (2.9)$$

Ce temps de relaxation quantifie à quel point le réseau permet de maintenir la dynamique SIS.

Pour illustrer le comportement de cette mesure, on utilise l'exemple du graphe complet. En solutionnant numériquement les équations (2.6) et (2.7) sur un intervalle de temps suffisamment long, puis en effectuant la quadrature associée à l'équation (2.9), on obtient le temps moyen de passage à l'état absorbant. Celui-ci est présenté à la figure 2.4 pour différentes tailles de réseaux et divers taux d'infection λ .

Phénomène critique émergeant dans la limite thermodynamique

On remarque que pour $\lambda N > 1$, et $N \gg 1$, le temps moyen de passage à l'état absorbant présenté à la figure 2.4 suit la relation approximative

$$\ln E[\tau] \sim \lambda N, \quad (2.10)$$

ce qui implique $E[\tau] = \mathcal{O}(e^{a\lambda N})$, où a est une constante non nulle. Par conséquent, malgré une distribution stationnaire unique $p^*(\underline{x}) = \delta_{\underline{x}, \underline{0}}$, il est possible d'observer le système dans un état dynamique pour une période de temps prolongée, dont la durée moyenne croît exponentiellement avec la taille du réseau. Pour $\lambda N \leq 1$, nous avons plutôt un comportement de la forme $E[\tau] = \mathcal{O}(1)$. Dans ce cas-ci, l'état absorbant sera atteint dans un temps fini observable.

Pour une structure générale, ces deux comportements qualitatifs différents sont aussi observés et peuvent être interprétés comme une transition de phase dans la limite thermodynamique ($N \rightarrow \infty$). Pour un taux d'infection $\lambda > \lambda_c$, nous pouvons considérer que le système est dans une *phase active* : si on initialise le système avec une fraction non nulle de noeuds infectés, il demeurera dans un état d'équilibre dynamique pour une durée moyenne $E[\tau] = \mathcal{O}(e^{a\lambda N}) \rightarrow \infty$. La distribution stationnaire des états $p^*(\underline{x}) = \delta_{\underline{x}, \underline{0}}$ est alors un invariant *instable* de l'équation maîtresse, de telle sorte que l'on observe une densité moyenne stationnaire de noeuds infectés $\rho^* > 0$. Pour un taux d'infection $\lambda \leq \lambda_c$, nous pouvons considérer que le système est dans une *phase absorbante* : l'état absorbant est atteint dans un temps fini, peu importe l'état initial. L'invariant associé à la distribution stationnaire $p^*(\underline{x}) = \delta_{\underline{x}, \underline{0}}$ est *stable*, menant à $\rho^* = 0$.

Pour le graphe complet, la phase active correspond à $\lambda N > 1$, donc $\lambda_c \rightarrow 0$ dans la limite thermodynamique. Il est alors plus intéressant d'étudier le graphe complet en utilisant un taux d'infection rééchelonné $\tilde{\lambda} \equiv \lambda N$, auquel cas $\tilde{\lambda}_c = 1$. Dans les prochaines sections, nous utiliserons ce taux d'infection rééchelonné, uniquement dans le cadre du graphe complet, afin d'avoir un exemple clair de transition de phase avec un seuil fini.

2.2 Approches numériques

Nous sommes intéressés à des systèmes de tailles bien plus élevées que ceux utilisés à la figure 2.4. De plus, bien que le graphe complet soit un cas académique intéressant, il ne représente pas bien les systèmes réels. Par conséquent, pour des réseaux généraux, on ne peut pas réduire l'espace des états en exploitant l'indiscernabilité des noeuds, ce qui rend l'équation maîtresse (2.4) inutilisable en pratique.

Par contre, afin de valider des approches analytiques ou tout simplement pour étudier un système en particulier, il est fort utile d'avoir une description statistiquement exacte de la dynamique SIS. Une telle description est obtenue via des méthodes numériques simulant le processus de Markov continu introduit à la section 2.1. L'idée est d'obtenir une (ou plusieurs) réalisation de ce processus de Markov pour estimer des observables de la dynamique.

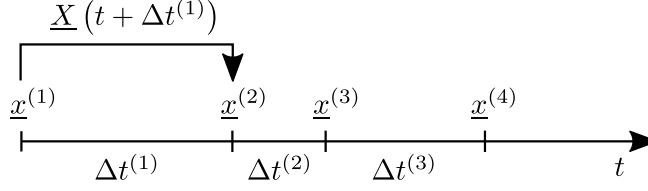


FIGURE 2.5 – Répartition temporelle irrégulière des états pour un processus de sauts.

2.2.1 Création d'une chaîne de Markov équivalente

La méthode la plus simple et intuitive serait d'utiliser une discrétisation temporelle Δt et de mettre à jour *localement* l'état des noeuds en transformant les taux de transition $w(x_i \rightarrow x'_i)$ en probabilité de transition

$$P(x'_i | x_i) \approx w(x_i \rightarrow x'_i) \Delta t . \quad (2.11)$$

Cela mène à une chaîne de Markov, laquelle peut être facilement implémentée numériquement. Dans la limite $\Delta t \rightarrow 0$, ce processus discret représente exactement le processus continu. Par contre, cette méthode possède plusieurs désavantages, malgré sa simplicité [36]

1. Il n'existe pas de manière objective pour déterminer un Δt approprié.
2. Pour un Δt trop petit, la simulation numérique devient longue et inefficace. Certains pas de temps ne mène à aucun changement d'état global.
3. Pour un Δt trop grand, plusieurs évènements d'infection et de récupération ont lieu de manière synchrone : la chaîne n'est alors plus représentative du processus continu.

Pour ces raisons, il est plus intéressant de considérer l'algorithme de Gillespie [45], qui est établi de manière exacte à partir de la formulation markovienne.

La dynamique SIS est un processus de sauts, créant naturellement une séquence d'états discrets $(\underline{x}^{(1)}, \underline{x}^{(2)}, \dots)$, où chaque état $\underline{x}^{(i)}$ est observé pendant un intervalle de temps $\Delta t^{(i)}$, son *temps de vie* (voir figure 2.5). Partant d'un état \underline{x} , il suffit de déterminer le temps de vie de \underline{x} ainsi que l'état suivant \underline{x}' .

Soit $\Delta T(\underline{x})$ une variable aléatoire associée au temps de vie de l'état \underline{x} . Son support est l'ensemble des réels positifs \mathbb{R}^+ et une réalisation de cette variable aléatoire correspond à Δt . La probabilité d'observer un temps de vie supérieur à Δt correspond à la probabilité qu'un processus de Poisson n'ait aucune occurrence, soit

$$P[\Delta T(\underline{x}) > \Delta t] = e^{-r(\underline{x})\Delta t} , \quad (2.12)$$

où $r(\underline{x}) \equiv \sum_{\underline{x}'} w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')$ est le taux total de transition vers les états accessibles. Par conséquent, la probabilité que le temps de vie $\Delta T(\underline{x})$ soit dans un intervalle infinitésimal $[\Delta t, \Delta t + dt]$ est

$$P\{\Delta T(\underline{x}) \in [\Delta t, \Delta t + dt]\} = r(\underline{x})^{-1} e^{-r(\underline{x})\Delta t} dt , \quad (2.13)$$

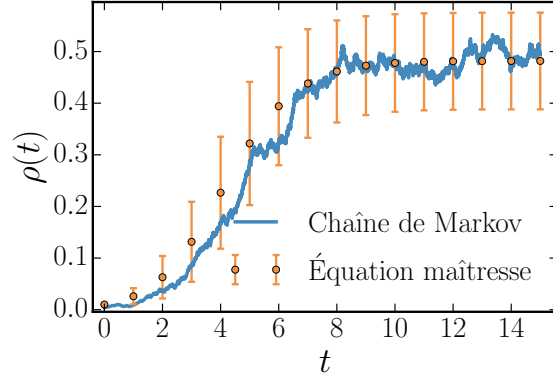


FIGURE 2.6 – Densité de noeuds infectés en fonction du temps pour le graphe complet de taille $N = 500$. Le taux d’infection est $\lambda = 0.004$ et la densité initiale est $\rho(0) = 0.01$. La ligne bleue représente une réalisation de la chaîne de Markov obtenue par l’algorithme de Gillespie. Les cercles correspondent aux valeurs moyennes obtenues de l’équation maîtresse et les barres d’erreur à l’écart-type sur chaque valeur.

ce qui mène d’ailleurs au temps de vie moyen $E[\Delta T(\underline{x})] = r(\underline{x})^{-1}$. Pour déterminer l’état suivant, il suffit ensuite d’utiliser la probabilité de transition

$$P(\underline{x}'|\underline{x}) = \frac{w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')}{r(\underline{x})}, \quad (2.14)$$

correspondant au ratio du taux de transition spécifique à un état \underline{x}' sur le taux de transition total [95].

L’algorithme de Gillespie retourne un échantillonnage de la forme $\mathcal{S} = (\mathcal{L}_x, \mathcal{L}_{\Delta t})$ où $\mathcal{L}_x = (\underline{x}^{(1)}, \underline{x}^{(2)}, \dots)$ est une séquence d’états et $\mathcal{L}_{\Delta t} = (\Delta t^{(1)}, \Delta t^{(2)}, \dots)$ est une séquence représentant le temps de vie de chaque état. À titre d’exemple, à la figure 2.6 est présentée l’évolution temporelle d’une chaîne de Markov permettant de représenter le processus continu. Pour plus de détails sur la manière d’implémenter l’algorithme de Gillespie, se référer à l’annexe A.1.

2.2.2 Échantillonnage de la distribution quasi-stationnaire

Une distribution stationnaire $p^*(\underline{x}) \neq \delta_{\underline{x}, \underline{0}}$ n’est possible que dans la limite thermodynamique $N \rightarrow \infty$. Pour tout système de taille finie, près du taux d’infection critique λ_c , $E[\tau]$ est suffisamment faible pour que l’état absorbant soit atteint par les simulations numériques du processus de Markov.

Pour étudier le phénomène de transition de phase associé à la dynamique SIS en utilisant des réseaux finis, il faut se tourner vers la distribution *quasi-stationnaire* des états $\bar{p}(\underline{x})$, dont la définition mathématique est la suivante

$$\bar{p}(\underline{x}) = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{p(\underline{x}, t)}{1 - p(\underline{0}, t)}, \quad (2.15)$$

avec $\bar{p}(\underline{0}) \equiv 0$. Celle-ci correspond à la distribution des états n'ayant pas atteint l'état absorbant dans la limite $t \rightarrow \infty$. La distribution quasi-stationnaire est proprement normalisée puisque

$$\sum_{\underline{x} \in F^N} \bar{p}(\underline{x}) = 1, \quad (2.16)$$

et permet d'attribuer une probabilité non nulle à chaque état non absorbant du système. Bien que la distribution quasi-stationnaire puisse être très différente de la distribution stationnaire, dans la limite $N \rightarrow \infty$ et pour $\lambda > \lambda_c$, les deux deviennent totalement identiques par définition.

Pour pouvoir échantillonner $\bar{p}(\underline{x})$, il faut modifier légèrement l'algorithme de Gillespie. À chaque fois que le système atteint l'état absorbant, il suffit de réinitialiser celui-ci dans un état \underline{x} , choisi à partir de la distribution quasi-stationnaire $\bar{p}(\underline{x})$ elle-même, puis de poursuivre la simulation. Cette procédure, que l'on nomme l'algorithme d'échantillonnage quasi-stationnaire, garantit que l'échantillonnage recueilli corresponde à la distribution $\bar{p}(\underline{x})$. En effet, à partir de l'équation (2.15) on sait que la distribution quasi-stationnaire respecte la contrainte suivante

$$\bar{p}(\underline{x}) = \lim_{t \rightarrow \infty} [p(\underline{x}, t) + p(\underline{0}, t)\bar{p}(\underline{x})]. \quad (2.17)$$

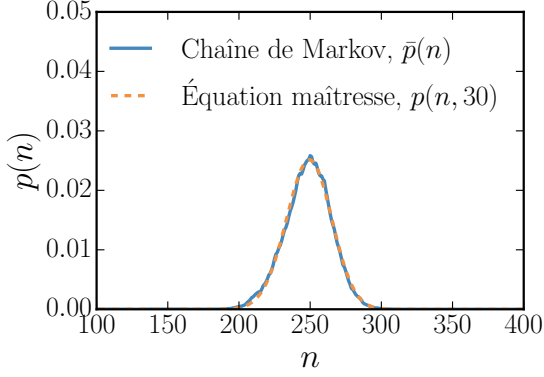
De manière informelle, le deuxième terme à droite nous indique que l'on doit compenser les passages à l'état absorbant par des états actifs distribués directement à partir de $\bar{p}(\underline{x})$ (voir [33] pour une démonstration rigoureuse).

Toutefois, réinitialiser le système dans un état choisi à partir de la distribution quasi-stationnaire elle-même est récursif, car c'est justement la distribution que l'on tente d'échantillonner. Pour contourner ce problème, on peut utiliser la séquence des états visités \mathcal{L}_x , et tirer aléatoirement un état parmi ceux-ci, proportionnellement au temps de vie de chacun. Cela assure la convergence de l'échantillonnage vers $\bar{p}(\underline{x})$ [13]. Pour plus de détails sur la manière d'implémenter numériquement l'algorithme d'échantillonnage quasi-stationnaire, se référer à l'annexe A.2.

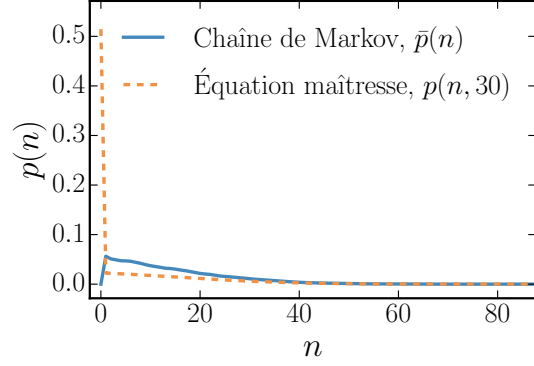
À la figure 2.7 est présentée la distribution quasi-stationnaire des états pour le graphe complet, obtenue par l'algorithme d'échantillonnage quasi-stationnaire. Celle-ci est comparée à la distribution des états obtenue par l'équation maîtresse pour un temps fini. Les deux distributions correspondent bien l'une à l'autre à la figure 2.7a pour $\tilde{\lambda} > \tilde{\lambda}_c$: la distribution quasi-stationnaire représente bien la distribution des états d'un système dans une phase active que l'on observerait sur une période de temps prolongée. Pour $\tilde{\lambda} = \tilde{\lambda}_c$, les deux distributions sont très différentes, car l'état absorbant est accessible en un temps raisonnable (voir figure 2.7b).

2.2.3 Phénomène critique : analyse d'échelle en taille finie

Comme il est mentionné à la section 1.3.3, la dynamique SIS appartient à la classe d'universalité de la percolation dirigée, regroupant l'ensemble des processus avec un état absorbant menant à une transition de phase. L'hypothèse est que les observables de ces processus, pour

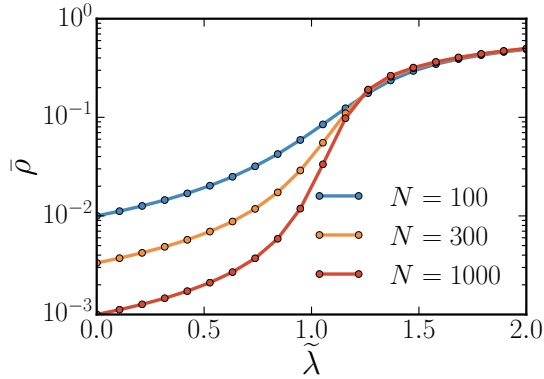


(a) Le taux d'infection est $\tilde{\lambda} = 2$.

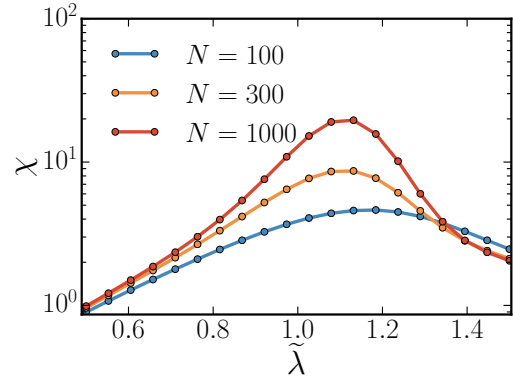


(b) Le taux d'infection est $\tilde{\lambda} = 1$.

FIGURE 2.7 – Distribution du nombre de noeuds infectés n pour le graphe complet de taille $N = 500$. La ligne pleine en bleu représente la distribution quasi-stationnaire échantillonnée par la chaîne de Markov, sur un intervalle de temps $t = [0, 10000]$. La ligne pointillée orange représente la distribution des états donnée par l'équation maîtresse à $t = 30$.



(a) Densité moyenne de noeuds infectés.



(b) Susceptibilité.

FIGURE 2.8 – Comportement des observables quasi-stationnaire en fonction du taux d'infection pour des graphes complets de différentes tailles. La distribution quasi-stationnaire des états $\bar{p}(n)$ est obtenue à partir l'équation maîtresse (2.6) et de l'équation (2.15) avec $t = 1000$.

des tailles élevées $N \gg 1$, possèdent les mêmes comportements critiques près de la transition de phase, exprimées sous la forme de *relations d'échelle* [69].

Soit la densité moyenne *quasi-stationnaire* de noeuds infectés $\bar{\rho}(\Delta, N) \equiv E[n(\underline{X})]/N$, où l'espérance est prise sur la distribution quasi-stationnaire. Son comportement est illustré à la figure 2.8a pour différentes tailles de graphes complets. Nous posons l'Ansatz suivant, basé sur l'analyse du procédé de contact [69]

$$\bar{\rho}(\Delta, N) \sim N^{-\delta/\nu} f(\Delta N^{1/\nu}), \quad (2.18)$$

où $\Delta \equiv \lambda - \lambda_c$, $f(y)$ est une fonction d'échelle et δ, ν sont des exposants d'échelle. La fonction d'échelle est définie de telle sorte que $f(0) \equiv 1$. Nous avons explicité la dépendance en N de

la densité quasi-stationnaire, mais pour $\Delta > 0$ celle-ci doit être indépendante de la taille du système³

$$\bar{\rho}(\Delta, N) \sim \Delta^\delta, \quad (2.19)$$

car la densité moyenne est par définition une observable intensive. Par conséquent, la fonction d'échelle est forcément homogène de comportement $f(y) \sim y^\delta$ pour $y \gg 0$.

Pour $\Delta < 0$ par contre, le nombre de noeuds infectés doit être $\mathcal{O}(1)$, car les états près⁴ de l'état absorbant sont favorisés. Cela implique une distribution quasi-stationnaire $\bar{\rho} \sim N^{-1}$, ce qui mène à une relation d'échelle $f(y) \sim |y|^{-\nu+\delta}$ pour $y \ll 0$. En somme, la fonction d'échelle possède un comportement de la forme

$$f(y) \sim \begin{cases} y^\delta & \text{pour } y \gg 0, \\ 1 & \text{pour } y = 0, \\ |y|^{-\nu+\delta} & \text{pour } y \ll 0. \end{cases} \quad (2.20)$$

En effectuant des simulations numériques du processus pour différentes tailles N et en comparant le comportement de la fonction d'échelle dans les différents régimes, il est possible d'estimer les exposants d'échelle δ et ν . À titre d'exemple, pour le graphe complet avec le taux d'infection rééchelonné $\tilde{\lambda}$, nous serions en mesure d'observer $\delta = 1$ et $\nu = 1/2$ [69].

Dans ce mémoire, nous ne mettons pas l'emphasis sur la validation de ces exposants critiques par l'analyse d'échelle en taille finie. Par contre, nous sommes intéressés à vérifier la position du seuil de transition de phase λ_c . L'observable d'intérêt dans ce cas-ci est la susceptibilité [37]

$$\chi = \frac{E[n(\underline{X})^2] - E[n(\underline{X})]^2}{E[n(\underline{X})]}. \quad (2.21)$$

Près de la transition de phase, nous posons un Ansatz similaire pour la susceptibilité

$$\chi \sim N^{\xi/\nu} g(\Delta N^{1/\nu}), \quad (2.22)$$

avec encore une fois $g(0) \equiv 1$. Toutefois, cette fois-ci $g(y) \sim |y|^{-\xi}$ pour $|y| \gg 0$ [69]. Par conséquent, la susceptibilité demeure $\mathcal{O}(1)$ pour $|\Delta| > 0$, mais diverge comme $\mathcal{O}(N^{\xi/\nu})$ pour $\Delta \rightarrow 0$, comme on peut le voir à la figure 2.8b. Le pic associé au maximum de la susceptibilité $\lambda_p(N)$ peut donc être utilisé pour estimer le seuil de transition de phase λ_c . Il est à noter que la hauteur et la position du maximum de susceptibilité sont aussi liées aux exposants d'échelle.

2.3 Approches analytiques

À la section précédente, nous avons détaillé les méthodes numériques utilisées pour caractériser le phénomène de transition de phase pour la dynamique SIS. Bien que ces méthodes soient très

3. L'exposant δ est le même que celui employé à la section 1.3.3 pour décrire le paramètre d'ordre.

4. La notion de proximité ici est basée sur la distance de Hamming $d(\underline{x}, \underline{x}')$.

utiles comme outils de validation, elles ne donnent aucune intuition sur le comportement d'un système avec une structure particulière. Comme ce fut détaillé à la section 1.2, nous allons nous concentrer sur un type particulier de structure : le modèle des configurations.

Nous introduisons les principales approches analytiques qui furent développées au cours des dernières années pour étudier la dynamique SIS dans ce contexte. Celles-ci peuvent être divisées en deux grandes familles, que nous appelons les *formalismes individuels* et les *formalismes compartimentaux*.

2.3.1 Formalismes individuels

Les formalismes individuels ont pour but d'estimer la distribution marginale des noeuds infectés $P[X_i(t) = 1] \equiv \rho_i(t)$ à partir de la formulation markovienne introduite à la section 2.1. Nous pouvons qualifier ces formalismes d'*ascendant* (« bottom-up »), c'est-à-dire qu'une description microscopique de la dynamique est utilisée, à partir de laquelle il est possible d'extraire des comportements macroscopiques émergents.

Puisque nous utilisons la représentation binaire pour l'état des noeuds, nous avons que $\rho_i \equiv E[X_i]$, ce qui permet d'obtenir l'équation exacte suivante pour l'évolution de la distribution marginale [82]

$$\frac{d\rho_i}{dt} = -\rho_i + \lambda \sum_{j \in \partial i} a_{ij} \{\rho_j - E[X_i X_j]\} . \quad (2.23)$$

Pour une démonstration rigoureuse de cette équation à partir de l'équation maîtresse (2.4), se référer à l'annexe B.2. Le premier terme à droite de l'équation (2.23) est un terme d'annihilation, correspondant à la récupération du noeud i ; le deuxième terme en est un de création, correspondant à l'infection du noeud i par ses voisins $j \in \partial i$ qui sont infectés *lorsque le noeud i est susceptible*. En effet, l'impact d'un voisin infecté sur i est nul lorsque i est lui-même infecté.

Le système d'équations (2.23) est exact, mais il n'est pas fermé : l'évolution du premier moment $\rho_i \equiv E[X_i]$ dépend des seconds moments $E[X_i X_j]$. En fait, il est possible d'écrire des équations différentielles régissant l'évolution des seconds moments, qui dépendent à leur tour des troisièmes moments $E[X_i X_j X_k]$, et ainsi de suite. Il serait possible de poursuivre le développement des moments jusqu'à l'obtention d'un système fermé comportant $2^N - 1$ équations [82], qui toutefois ne serait guère plus pratique que l'équation maîtresse. L'approximation du système par la fermeture des moments est alors utilisée.

Fermeture sur le premier moment

La manière la plus simple de fermer les moments est d'utiliser une approximation de champ moyen : $E[X_i X_j] \approx E[X_i]E[X_j] \equiv \rho_i \rho_j$. L'équation (2.23) prend alors la forme simple

$$\frac{d\rho_i}{dt} = -\rho_i + \lambda(1 - \rho_i) \sum_{j \in \partial i} a_{ij} \rho_j . \quad (2.24)$$

Cette approximation porte le nom de « quenched mean field theory » (QMF).

Bien que cette approximation soit la plus simple qu'il soit possible d'appliquer au système exact (2.23), celui résultant comporte tout de même N équations couplées. Cela limite son utilisation directe pour estimer l'évolution temporelle de la dynamique SIS sur réseaux. Par contre, il est possible d'obtenir certains résultats théoriques intéressants à partir de l'équation (2.24), notamment une estimation du seuil de transition de phase.

D'abord, on remarque que l'état absorbant $\rho_i = 0 \forall i$ est toujours un invariant de la dynamique. La transition de la phase absorbante à la phase active survient lorsque ce point fixe devient instable. Par la linéarisation de l'équation (2.24) autour de l'état absorbant, on conclut que l'état absorbant est instable si la plus grande valeur propre de la matrice jacobienne

$$J_{ij} = \lambda a_{ij} - \delta_{ij} , \quad (2.25)$$

est supérieure à 0. Par conséquent, soit Λ_1 la plus grande valeur propre de la matrice d'adjacence a_{ij} , alors

$$\lambda_c^{\text{QMF}} = \frac{1}{\Lambda_1} . \quad (2.26)$$

C'est un résultat très général, valide pour n'importe quelle matrice d'adjacence. De plus, il est possible de montrer que [82]

$$\lambda_c \geq \lambda_c^{\text{QMF}} = \frac{1}{\Lambda_1} . \quad (2.27)$$

L'inverse de la plus grande valeur propre de la matrice d'adjacence est alors une borne inférieure pour le seuil de transition de phase.

Une remarque concernant le seuil prédit par la théorie QMF : λ_c^{QMF} existe pour des valeurs de N finies, ce qui semble notamment entrer en contradiction avec la définition de la transition de phase. Toutefois, cela provient du fait que l'on utilise une fermeture sur les moments, dans ce cas-ci une approximation de champ moyen. De manière analogue, cela est aussi observé pour la théorie de champ moyen du modèle d'Ising [90]. C'est pourquoi on s'intéresse généralement au comportement de λ_c lorsque $N \rightarrow \infty$.

Dans le cadre particulier du modèle des configurations, il fut prouvé que dans la limite thermodynamique la plus grande valeur propre tend presque sûrement vers [29]

$$\Lambda_1 \simeq \max \left[\sqrt{k_{\max}}, \frac{\langle k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \right], \quad (2.28)$$

ce qui implique

$$\lambda_c^{\text{QMF}} \simeq \min \left[\frac{1}{\sqrt{k_{\max}}}, \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle} \right]. \quad (2.29)$$

La théorie QMF prédit alors que pour n'importe quel réseau aléatoire où le degré maximal n'est pas borné supérieurement, le seuil de transition de phase devient nul pour $N \rightarrow \infty$.

Fermeture sur les seconds moments : approximation par paires

Bien que la théorie QMF prédise un comportement qui soit en accord *qualitatif* avec les simulations numériques [37], l'approximation de champ moyen n'est pas assez raffinée pour avoir des prédictions qui soient correctes *quantitativement*. Un des aspects problématiques de cette approche est qu'elle mène toujours à une *corrélations dynamique* (corrélations entre l'état des noeuds voisins) nulle, car la covariance

$$\text{Cov}[X_i, X_j] \equiv E[X_i X_j] - E[X_i]E[X_j] = 0. \quad (2.30)$$

Pour construire sur cette approche, des approximations d'ordres supérieurs furent développées, notamment en effectuant une fermeture sur les seconds moments [72, 26]. Le type de fermeture le plus souvent employé est *l'approximation par paires*⁵. Soit (i, j, k) un triplet de noeuds connectés, avec j le noeud central. L'approximation par paire correspond à

$$P(X_i, X_j, X_k) \approx P(X_i, X_j)P(X_k|X_j) = \frac{P(X_i, X_j)P(X_j, X_k)}{P(X_j)}. \quad (2.31)$$

Implicitement, cette factorisation de la probabilité jointe suppose l'indépendance de l'état des voisins i et k une fois ceux-ci conditionnés sur l'état du noeud j . En utilisant la représentation binaire, cela se ramène à

$$E[X_i X_j X_k] \approx \frac{E[X_i X_j]E[X_j X_k]}{E[X_j]}. \quad (2.32)$$

L'expression (2.32), permet de tenir compte de la corrélations dynamique et mène à des résultats très précis dans le contexte des réseaux aléatoires [72]. Toutefois, cela nécessite l'utilisation d'un système de $\mathcal{O}(N^2)$ équations.

5. L'approximation par paires est un cas particulier de « cluster mean field theory », où on approxime la probabilité jointe de $n + 1$ noeuds par la probabilité jointe de n noeuds. Cette approche est commune pour les dynamiques stochastiques sur réseaux réguliers [69].

Désavantages des formalismes individuels

Malgré un pouvoir prédictif élevé pour les réseaux finis, il est difficile d’extraire des résultats analytiques concernant la transition de phase de la dynamique SIS à l’aide des formalismes individuels. En effet, ceux-ci dépendent explicitement de la taille et de la structure complète du système, donc la limite thermodynamique $N \rightarrow \infty$ ne peut être évaluée que dans certains cas bien particuliers.

Aussi, bien qu’une expression analytique pour le seuil de transition de phase fut identifiée dans le cadre de la théorie QMF, aucune expression ne fut identifiée pour les approximations d’ordres supérieurs. De plus, aucune analyse des formalismes individuels, à notre connaissance, n’a pu fournir une caractérisation satisfaisante de l’exposant critique δ associé à

$$\rho^* \sim (\lambda - \lambda_c)^\delta. \quad (2.33)$$

En fait, l’analyse couramment acceptée mène à $\delta = 1$ [94], peu importe le type de structure. Toutefois, cela entre en contradiction notamment avec les bornes exactes prédites dans le cadre des réseaux aléatoires avec une distribution des degrés en loi de puissance $P(k) \sim k^{-\gamma}$ [28], soit

$$\gamma - 1 < \delta < 2\gamma - 3. \quad (2.34)$$

Pour une analyse plus flexible de la dynamique SIS sur réseaux aléatoires, on se tourne alors vers les formalismes compartimentaux.

2.3.2 Formalismes compartimentaux

Au lieu d’estimer la distribution marginale ρ_i pour chaque noeud, on s’intéresse plutôt à la probabilité moyenne qu’un noeud appartenant à une certaine *classe d’équivalence* $c_\alpha \subset \mathcal{V}$ soit infecté. Cette compartimentalisation du réseau peut être vue comme un moyennage à gros grains, où seulement les propriétés qui sont considérées comme pertinentes pour l’évolution de la dynamique sont conservées. Contrairement aux formalismes individuels, nous pouvons qualifier les formalismes compartimentaux de *descendant* (« top-down »), c’est-à-dire que l’on commence souvent avec une description macroscopique, que l’on raffine graduellement en spécifiant mieux les classes d’équivalence.

Afin de fixer une classe c_α , il suffit de choisir un ensemble de propriétés partagées par les noeuds. Ce peut être des caractéristiques structurelles, par exemple le degré k , l’appartenance à une communauté [56] ou l’emplacement dans un espace caché [17]. Ce peut aussi être des propriétés reliées à la dynamique, tel le degré infecté $l \leq k$ donnant le nombre de voisins infectés [68]. Plus il y a de caractéristiques fixées pour les classes, plus l’approche est précise. En contrepartie, celle-ci perd de sa maniabilité analytique : il y a alors de manière intrinsèque un compromis à considérer.

Les formalismes compartimentaux sont définis à partir d'un système d'équations différentielles décrivant la variation de la densité de noeuds dans chaque classe d'équivalence. Soit $\rho^{c_\alpha}(t)$ la densité moyenne de noeuds dans la classe c_α . Un formalisme compartimental général aura la forme

$$\frac{d\rho^{c_\alpha}}{dt} = \sum_{\beta} [q(c_\beta \rightarrow c_\alpha)\rho^{c_\beta} - q(c_\alpha \rightarrow c_\beta)\rho^{c_\alpha}] , \quad (2.35)$$

où $q(c_\beta \rightarrow c_\alpha)$ est le taux moyen auquel un noeud de la classe c_β transite vers la classe c_α . L'équation (2.35) peut être vue comme une projection déterministe de l'équation maîtresse (2.4) sur les densités moyennes [9]. La validité de cette projection peut être établie dans la limite thermodynamique.

Convergence vers un système d'équations différentielles déterministe

La description de processus de sauts en termes d'équations différentielles fut démontrée par un ensemble de théorèmes établis par Thomas G. Kurtz [65, 66]. La démonstration de ces théorèmes est hors de la portée de ce mémoire, alors nous allons uniquement paraphraser la conséquence importante de ces théorèmes pour les formalismes compartimentaux.

Si les classes c_α représentent chacune une fraction finie du système, alors les fluctuations autour des densités moyennes ρ^{c_α} deviennent négligeables dans la limite thermodynamique. Par conséquent un système d'équations différentielles tel que (2.35) permet de saisir l'essentiel du processus stochastique. Il faut toutefois être conscient que la limite $N \rightarrow \infty$ est considérée de manière implicite dès lors que l'on utilise ce type d'équation. Pour l'étude du phénomène critique, cela constitue en fait un avantage considérable par rapport aux formalismes individuels.

Un formalisme compartimental fut utilisé de manière informelle à la section 1.3.1 avec le modèle en champ moyen pour réseaux homogènes. L'équation (1.30) est l'approche compartimentale la plus simple associée à la dynamique SIS, où une simple partition selon l'état des noeuds est utilisée. Il est intéressant de souligner que ce modèle de champ moyen permet de décrire exactement la dynamique SIS pour un graphe complet dans la limite thermodynamique [6] lorsque l'on utilise le taux d'infection rééchelonné $\tilde{\lambda}$. Cela est illustré à la figure 2.9, où les fluctuations autour de la densité moyenne $\rho \equiv \rho^I$ diminuent avec la taille du système.

Pour des structures plus générales, il est rarement possible d'obtenir un système d'équations fermé donnant une description exacte de la dynamique SIS pour $N \rightarrow \infty$. L'approche compartimentale est alors souvent accompagnée d'un schéma d'approximation.

Compartimentalisation par degrés

Dans le cadre des réseaux aléatoires issus du modèle des configurations, il est naturel de considérer une partition selon l'état des noeuds, mais aussi selon le degré k , car par construction

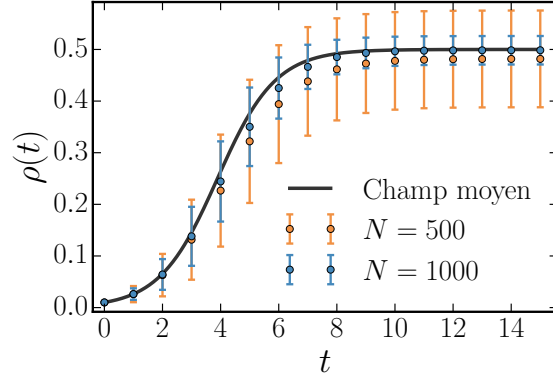


FIGURE 2.9 – Évolution temporelle de la densité de noeuds infectés pour le modèle en champ moyen et le graphe complet avec différentes tailles de réseau et $\bar{\lambda} = 2$. Les barres d'erreur correspondent aux écarts-types sur la densité ρ mesurée à partir de l'équation maîtresse (2.6).

tous les noeuds d'un même degré sont statistiquement équivalents⁶. Par conséquent, on définit les classes S_k et I_k , caractérisant les noeuds de degré k susceptibles et infectés, de densité moyenne $\rho^{S_k}(t)$ et $\rho^{I_k}(t)$ respectivement. L'équation compartimentale (2.35) prend alors la forme

$$\frac{d\rho^{I_k}}{dt} = -q(I_k \rightarrow S_k)\rho^{I_k} + q(S_k \rightarrow I_k)\rho^{S_k}, \quad (2.36a)$$

$$\frac{d\rho^{S_k}}{dt} = q(I_k \rightarrow S_k)\rho^{I_k} - q(S_k \rightarrow I_k)\rho^{S_k}. \quad (2.36b)$$

La somme à l'équation (2.35) a disparu, car les noeuds transitent uniquement entre classes d'équivalence de même degré k . Toutefois, il est important de souligner que les densités moyennes associées à différentes classes de degré demeurent couplées à cause du taux moyen $q(S_k \rightarrow I_k)$.

Il est possible de simplifier davantage l'équation (2.36) en factorisant les densités moyennes par la distribution des degrés, soit $\rho^{S_k} \equiv P(k)(1 - \rho_k)$ et $\rho^{I_k} \equiv P(k)\rho_k$, où $\rho_k(t)$ est la probabilité moyenne qu'un noeud de degré k soit infecté. On peut alors écrire

$$\frac{d\rho_k}{dt} = -q(I_k \rightarrow S_k)\rho_k + q(S_k \rightarrow I_k)(1 - \rho_k). \quad (2.37)$$

Le taux $q(I_k \rightarrow S_k) = 1$, car cela correspond à la récupération des noeuds. Le taux moyen d'infection des noeuds de degré k peut quant à lui se factoriser comme $q(S_k \rightarrow I_k) \equiv \lambda k \theta_k$, où $\theta_k(t)$ est la probabilité moyenne qu'un noeud susceptible de degré k soit connecté à un noeud infecté. Cela mène à

$$\frac{d\rho_k}{dt} = -\rho_k + \lambda k \theta_k (1 - \rho_k). \quad (2.38)$$

A priori, il n'est pas possible d'écrire directement θ_k à partir de ρ_k . Pour obtenir un système d'équations fermé, l'approximation la plus simple est encore une fois celle du champ

6. Si on moyenne sur l'ensemble des configurations, les noeuds de même degré sont équivalents.

moyen. On suppose que chaque lien du réseau mène à un noeud infecté selon une probabilité moyenne $\theta_k(t) \mapsto \Theta(t)$. En utilisant la distribution des degrés des voisins pour le modèle des configurations définie à l'équation (1.18), on peut exprimer cette probabilité comme

$$\Theta = \frac{\langle k\rho_k \rangle}{\langle k \rangle}, \quad (2.39)$$

que l'on combine à l'équation (2.38) pour obtenir le système d'équations fermé

$$\frac{d\rho_k}{dt} = -\rho_k + \lambda k(1 - \rho_k)\Theta. \quad (2.40)$$

Cette approximation porte le nom de « heterogeneous mean field theory » (HMF). Celle-ci néglige la corrélation dynamique, tout comme la théorie QMF pour les formalismes individuels, mais en plus suppose un voisinage homogène pour chaque classe de degré, représenté par la probabilité Θ .

La théorie HMF permet une analyse simple, menant à plusieurs résultats analytiques. Dans la limite stationnaire, nous avons les probabilités moyennes

$$\rho_k^* = \frac{\lambda k \Theta^*}{1 + \lambda k \Theta^*}, \quad (2.41)$$

qui mène à une relation d'auto-cohérence en utilisant l'équation (2.39), soit

$$\Theta^* = \left\langle \frac{\lambda k^2 \Theta^*}{1 + \lambda k \Theta^*} \right\rangle \langle k \rangle^{-1}. \quad (2.42)$$

L'équation (2.42) permet alors d'identifier rapidement le seuil de transition de phase en prenant la limite $\Theta^* \rightarrow 0$, correspondant à un voisinage sain pour tous les noeuds

$$\lambda_c^{\text{HMF}} = \frac{\langle k \rangle}{\langle k^2 \rangle}. \quad (2.43)$$

Ce seuil peut être équivalent à celui de la théorie QMF [voir équation (2.29)] pour certains types de distribution des degrés, mais de manière générale les deux sont différents [37].

Cette approche permet aussi de caractériser l'exposant critique δ dans le cadre des réseaux aléatoires avec une distribution des degrés en loi de puissance $P(k) \sim k^{-\gamma}$, menant à [83]

$$\delta^{\text{HMF}} = \begin{cases} 1/(3 - \gamma) & \text{for } \gamma < 3, \\ 1/(\gamma - 3) & \text{for } 3 < \gamma < 4, \\ 1 & \text{for } \gamma \geq 4. \end{cases} \quad (2.44)$$

Bien que simple et efficace, cette approche en champ moyen et l'analyse qui en découle ne sont pas adéquates pour décrire tous les types de structure. Par exemple, pour des lois de puissance avec un exposant $\gamma > 5/2$, l'exposant critique δ^{HMF} entre en contradiction avec les bornes exactes de l'équation (2.34).

D'autres formalismes utilisant une compartimentalisation par degrés furent développés pour caractériser le phénomène critique de la dynamique SIS, notamment en utilisant l'approximation par paires [71, 21]. Toutefois, aucune de ces approches n'a permis une caractérisation de la transition de phase qui soit en accord avec les simulations numériques, les formalismes individuels et les résultats analytiques exacts. Une approche compartimentale plus raffinée doit alors être utilisée pour étudier le comportement critique de la dynamique SIS sur réseaux aléatoires, ce qui est fait au chapitre suivant.

Chapitre 3

Transition de phase pour la dynamique SIS sur réseaux aléatoires temporels

**Phase transition of the susceptible-infected-susceptible dynamics on time-varying
configuration model networks**

Guillaume St-Onge, Jean-Gabriel Young, Edward Laurence

Charles Murphy, Louis J. Dubé

Département de Physique, de Génie Physique, et d'Optique,
Université Laval, Québec (Québec), Canada, G1V A06

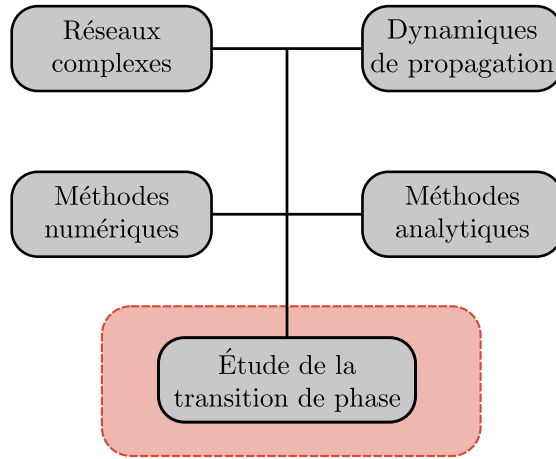
Soumis à Phys. Rev. E, code d'accès EJ11656

Référence : [arXiv:1709.09257](https://arxiv.org/abs/1709.09257) (2017)

3.1 Avant-propos

Les chapitres précédents ont introduit les notions élémentaires pour les dynamiques de propagation sur réseaux, puis certains concepts spécifiques à l'analyse de la transition de phase pour la dynamique SIS. Ce qui suit est en quelque sorte la convergence des précédents chapitres : nous développons de nouvelles méthodes théoriques pour étudier ce phénomène critique, dans le cadre des réseaux aléatoires temporels.

Ce chapitre contient deux volets. Le premier volet, correspondant aux sections 3.2 à 3.12, est une adaptation d'un article de revue en cours de soumission. Il est écrit en anglais, à l'exception du résumé qui fut traduit. Le deuxième volet, correspondant à la section 3.13, est un complément écrit en français apportant des commentaires et des développements supplémentaires reliés à l'article.



3.2 Résumé

Nous présentons un cadre théorique centré sur le degré des noeuds pour étudier la dynamique susceptible-infecté-susceptible (SIS) sur des réseaux aléatoires issus du modèle des configurations et variant temporellement (en réarrangement). À partir de ce cadre théorique, nous fournissons une analyse détaillée de l'état stationnaire du système qui couvre, pour une certaine structure, tous les régimes dynamiques accessibles via un taux de reconnexion des liens. Cette analyse nous permet de caractériser la transition de phase, ce qui mène à trois contributions majeures. (i) Nous obtenons une expression autocohérente pour le seuil de transition de phase permettant de saisir les deux types d'activation, collective et localisée (autour des noeuds de haut degré). (ii) Nous réobtenons les prédictions d'un ensemble d'approches existantes en tant que cas limites de notre analyse, ce qui fournit un point de vue unificateur pour la dynamique SIS sur réseaux aléatoires. (iii) Nous réinterprétons le concept de transition de phase localisée. Selon notre cadre théorique, cela peut être vu comme un phénomène

critique hétérogène : les mêmes observables pour différentes classes de degrés possèdent un comportement d'échelle différent lorsque l'on varie le taux d'infection. Ce phénomène critique hétérogène est suivi d'une activation successive des classes de degré au-dessus du seuil.

3.3 Abstract

We present a degree-based theoretical framework to study the susceptible-infected-susceptible (SIS) dynamics on time-varying (rewired) configuration model networks. Using this framework, we provide a detailed analysis of the stationary state that covers, for a given structure, every dynamic regimes easily tuned by the rewiring rate. This analysis is suitable for the characterization of the phase transition and leads to three main contributions. (i) We obtain a self-consistent expression for the absorbing-state threshold, able to capture both collective and hub activation. (ii) We recover the predictions of a number of existing approaches as limiting cases of our analysis, providing thereby a unifying point of view for the SIS dynamics on random networks. (iii) We reinterpret the concept of hub-dominated phase transition. Within our framework, it appears as a heterogeneous critical phenomenon : observables for different degree classes have a different scaling with the infection rate. This leads to the successive activation of the degree classes beyond the epidemic threshold.

3.4 Introduction

The susceptible-infected-susceptible (SIS) dynamics is one of the classical models of disease propagation on complex networks [9, 75, 82]. It can be understood as a specific case of binary-state dynamics [47, 48] where nodes are either susceptible (S) or infected (I). Susceptible nodes become infected at rate λl where l represents the number of infected neighbors ; infected nodes recover and become susceptible at rate μ , set to unity without loss of generality. This model has drawn much attention due to its characteristic phase transition in the stationary state ($t \rightarrow \infty$) : It possesses an *absorbing phase*—consisting of all nodes being susceptible—distinct from an *active phase* where a constant fraction of the nodes remains infected on average. The former is attractive for any initial configurations with infection rate $\lambda \leq \lambda_c$, which defines the threshold λ_c . From a statistical physics perspective, this represents a critical phenomenon, where the density of infected nodes in the stationary state plays the role of the order parameter.

It is now common knowledge in network science that the degree distribution $P(k)$, the probability that a random node has k neighbors, is a fundamental property to quantify the extent of an epidemic outbreak [9, 82]. To this end, random networks with an arbitrary degree distribution have been extensively used to study the impact of complex interaction patterns on the spreading of diseases [16, 23, 47, 24, 37, 72, 71, 73, 82, 21, 31, 39]. One further result from network science has been to observe that the heterogeneity of the degree distribution has a

dramatic effect on the phase transition. For instance, heterogeneous distributions lead to a rapidly vanishing threshold λ_c in the thermodynamic limit (number of nodes $N \rightarrow \infty$) [84].

Recently, a more profound impact of the degree distribution has been unveiled, leading to an interesting dichotomy for the nature of the phase transition of the SIS dynamics. The activity just beyond the threshold is either localized in the neighborhood of high degree nodes (hubs), sustained by correlated reinfections, or delocalized and maintained collectively by the whole network [23, 24, 73, 39]. As in Ref. [39], we will use the terminology *hub activation* and *collective activation* to discriminate these two scenarios.

To capture the dynamics and describe its critical behavior, various analytical approaches have been developed using mean field, pair approximation and dynamic message passing techniques [16, 96, 47, 26, 72, 71, 86, 21] (see Refs. [82, 97] for recent reviews). They can be divided into two major families : *degree*-based and *individual*-based formalisms. The former is a compartmental modeling scheme that assumes the statistical equivalence of each node in a same degree class. It leads to simple approaches with explicit analytical predictions, but restricted to infinite size random networks. The latter relies explicitly on the (quenched) structure, described by an adjacency matrix a_{ij} , to estimate the marginal probability of infection for each node. Its range of applicability goes beyond infinite size random networks, with the possible drawback of a less transparent interpretability.

Despite the same basic structural information—the degree distribution—there remain disparities between the predictions of degree-based and individual-based formalisms. An important theoretical gap that needs to be addressed is that current characterizations of the phase transition based on degree-based approaches are unable to describe a hub activation correctly.

We provide in the following a degree-based theoretical analysis of the SIS dynamics on time-varying (edges are being rewired) random networks with a fixed degree sequence in the thermodynamic limit. Our emphasis is on the characterization of the critical phenomenon for both, collective and hub activation. Considering dynamically rewired networks permits us to simulate an effective structural dynamics (real contact patterns are seldom static [57]). Mathematically, this leads to an interpolation between existing compartmental approaches.

The paper is organized as follows. In Sec. 3.5, we introduce a compartmental formalism to characterize the dynamics and we show how it is related to other approaches. In Sec. 3.6, we obtain the stationary distributions that we develop near the absorbing phase. Using this framework, we draw a general portrait of the phase transition. In Sec. 3.7, we present an explicit upper bound and an implicit expression for the threshold λ_c , that we compare analytically and numerically with the predictions of a number of existing approaches. In Sec. 3.8, we obtain bounds for the critical exponents describing the stationary distributions near the absorbing phase, bringing to light a heterogeneous critical phenomenon associated with the hub activation. In Sec. 3.9, we discuss the impacts of structural dynamics on the hub-dominated

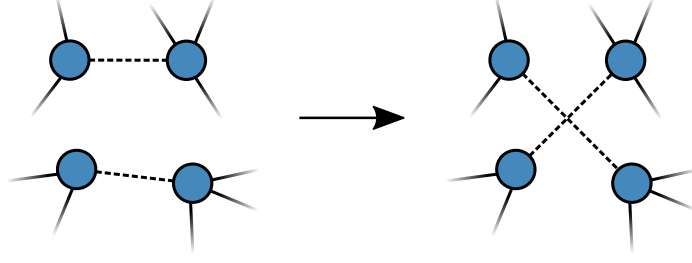


FIGURE 3.1 – One move of an edge switch to eventually sample the whole of the configuration model space.

property of a phase transition, and show the successive activation of the degree classes beyond the threshold. We finally gather concluding remarks and open challenges in Sec. 3.10. They are followed by two Appendices, giving details of the Monte-Carlo simulations (Appendix 3.11) and of the mathematical developments for the critical exponents (Appendix 3.12).

3.5 Mathematical framework

We introduce a mathematical framework to study the SIS model on an infinite size ($N \rightarrow \infty$) dynamic random network with a fixed degree sequence \underline{k} drawn from a degree distribution $P(k)$. The structure is evolving according to a continuous Markov process, independent of the SIS dynamics. At rate ω , each stub is involved in a rewiring event, meaning that two edges are disconnected and rematched as presented in Fig. 3.1. This process samples the configuration model and leaves the degree sequence unaltered [40].

3.5.1 Compartmental formalism

Since we consider a rewired network preserving the degree sequence, the statistical equivalence of each node with a same degree k is guaranteed. This implies that the probability $\rho_k(t)$ that a node of degree k is infected follows the rate equation

$$\dot{\rho}_k = -\rho_k + \lambda k(1 - \rho_k)\theta_k, \quad (3.1)$$

where $\theta_k(t)$ is the probability of reaching an infected node following a random edge starting from a degree k susceptible node. In the stationary limit ($\dot{\rho}_k = 0 \ \forall k$), the following relations

$$\rho_k^* = \frac{\lambda k \theta_k^*}{1 + \lambda k \theta_k^*} \quad \text{or} \quad \lambda k \theta_k^* = \frac{\rho_k^*}{1 - \rho_k^*}, \quad (3.2)$$

are obtained. Stationary values will be marked hereafter with an asterisk (*). Equation (3.2) expresses that a node's probability of being infected is directly related to its neighborhood's state, quantified by θ_k^* . Our objective is therefore to find the most precise expression for this probability, taking into account the rewiring process. In the general case, we must have a degree dependent solution to represent θ_k^* .

For our purpose, we adapt the approach proposed in Refs. [68, 47], which consists of a set of differential equations governing the evolution of the compartments of nodes of a specified degree k and infected degree l (see also Refs. [67, 48]). To incorporate the rewiring process, we introduce the probability $\Theta(t)$ that a newly rewired stub reaches an infected node

$$\Theta \equiv \frac{\langle k \rho_k \rangle}{\langle k \rangle}, \quad (3.3)$$

where all averages $\langle \dots \rangle$ are taken over $P(k)$. Let $s_{kl}(t)$ [$i_{kl}(t)$] be the probability that a degree k node is susceptible (infected) and has $l \leq k$ infected neighbors. The rate equations for these probabilities are

$$\begin{aligned} \dot{s}_{kl} = & i_{kl} - \lambda l s_{kl} + [1 + \omega(1 - \Theta)] [(l + 1)s_{k(l+1)} - l s_{kl}] \\ & + (\Omega^S + \omega\Theta) [(k - l + 1)s_{k(l-1)} - (k - l)s_{kl}] , \end{aligned} \quad (3.4a)$$

$$\begin{aligned} \dot{i}_{kl} = & \lambda l s_{kl} - i_{kl} + [1 + \omega(1 - \Theta)] [(l + 1)i_{k(l+1)} - l i_{kl}] \\ & + (\Omega^I + \omega\Theta) [(k - l + 1)i_{k(l-1)} - (k - l)i_{kl}] , \end{aligned} \quad (3.4b)$$

where $\Omega^S(t)$ and $\Omega^I(t)$ are the mean infection rates for the neighbors of susceptible and infected nodes. These rates can be estimated from the compartmentalization [47], yielding

$$\Omega^S = \lambda \frac{\sum_l \langle (k - l) l s_{kl} \rangle}{\sum_l \langle (k - l) s_{kl} \rangle}, \quad \Omega^I = \lambda \frac{\sum_l \langle l^2 s_{kl} \rangle}{\sum_l \langle l s_{kl} \rangle}. \quad (3.5)$$

Equations (3.4) form an $\mathcal{O}(k_{\max}^2)$ system of equations and do not lead to simple stationary solutions. Since our objective is to characterize analytically the phase transition, we use a dimensionality reduction scheme as proposed in Ref. [47]. Let $\phi_k(t)$ be the probability of reaching an infected node following a random edge starting from a degree k *infected* node. Using Eqs. (3.4), we can define a rate equation for θ_k and ϕ_k together with the definitions $\sum_l l s_{kl} = (1 - \rho_k)k\theta_k$ and $\sum_l l i_{kl} = \rho_k k \phi_k$. This leads to the following system of equations

$$\begin{aligned} \dot{\theta}_k = & - \frac{\lambda}{k(1 - \rho_k)} \sum_l l^2 s_{kl} + r_k \phi_k + (\Omega^S + \omega\Theta)(1 - \theta_k) \\ & - [1 + \omega(1 - \Theta)] \theta_k - \theta_k (r_k - \lambda k \theta_k) , \end{aligned} \quad (3.6a)$$

$$\begin{aligned} \dot{\phi}_k = & \frac{\lambda}{k \rho_k} \sum_l l^2 s_{kl} - \phi_k + (\Omega^I + \omega\Theta)(1 - \phi_k) \\ & - [1 + \omega(1 - \Theta)] \phi_k + \phi_k (1 - \lambda k \theta_k r_k^{-1}) , \end{aligned} \quad (3.6b)$$

with $r_k \equiv \rho_k / (1 - \rho_k)$.

To obtain a closed system for Eqs. (3.6), we use the *pair approximation*

$$\sum_{l=0}^k l^2 s_{kl} \approx (1 - \rho_k) [k \theta_k + k(k - 1) \theta_k^2] , \quad (3.7)$$

which implies that the state of each neighbor is independent. The mean infection rates follow accordingly

$$\Omega^S = \lambda \frac{\langle (1 - \rho_k)(\theta_k - \theta_k^2)(k - 1)k \rangle}{\langle (1 - \rho_k)(1 - \theta_k)k \rangle}, \quad (3.8a)$$

$$\Omega^I = \lambda \frac{\langle (1 - \rho_k)[\theta_k k + \theta_k^2 k(k - 1)] \rangle}{\langle (1 - \rho_k)\theta_k k \rangle}. \quad (3.8b)$$

The dynamics is then completely described by Eqs. (3.1), (3.6), (3.7) and (3.8) of dimension $\mathcal{O}(k_{\max})$.

3.5.2 Reduction and relation to other formalism

The rewiring rate $\omega \geq 0$ permits us to tune the interplay between the disease propagation and the structural dynamics, for which we can distinguish two extreme limits. There is the *annealed* network limit when the rewiring is much faster than the propagation dynamics ($\omega \rightarrow \infty$). It is equivalent to consider the SIS dynamics on an annealed network with adjacency matrix $a_{ij} = k_i k_j / 2M$ [82]. In this limit, our compartmental approach is identical to the heterogeneous mean field theory (HMF) [84, 83, 16].

For annealed networks, the *dynamic correlation* and the *neighborhood heterogeneity* can be neglected. On the one hand, the absence of a dynamic correlation implies that the states of neighbor nodes are independent [49, 82, 97]. On the other hand, the absence of neighborhood heterogeneity implies that the degree of a node, on average, does not affect the state of its neighbors. From a degree-based perspective, this would mean that θ_k^* is a probability independent of the degree class.

In contrast with the annealed limit, there is the *quasi-static* network limit ($\omega \rightarrow 0$), where both the dynamic correlation and the neighborhood heterogeneity cannot be neglected. Between each rewiring event, the SIS dynamics has enough time to relax and reach a stationary distribution—temporal averages for the dynamics are then equivalent to ensemble averages on every static realizations of the configuration model. In this limit, our compartmental approach is equivalent to the heterogeneous pair approximation (HPA) of Ref. [47], which considers both the dynamic correlation and the neighborhood heterogeneity.

We stress that our mathematical framework (as well as HPA) is different from other pair approximation formalisms that neglect the neighborhood heterogeneity, such as the pair heterogeneous mean field theory (PHMF) [71] or similar approaches [21]. In the quasi-static limit, we also expect our compartmental formalism to be in agreement with individual-based approaches such as quenched mean-field theory (QMF) [96, 94, 82] and pair QMF (PQMF) [72, 26].

Our mathematical framework and all ensuing developments effectively interpolate between HMF and HPA through the rewiring of the network. We thereby refer to our model as the

TABLE 3.1 – Comparison of the properties of various formalisms.

Formalism	Individual -based	Degree -based	Dynamic correlation	Neighborhood heterogeneity
HMF		✓		
PHMF		✓	✓	
HPA		✓	✓	✓
QMF	✓			✓
PQMF	✓		✓	✓
RNA		✓	✓	✓

rewired network approach (RNA). The properties of each formalism are compiled in Table 3.1.

3.6 Stationary distributions

3.6.1 General expressions

Combining Eq. (3.7) with Eqs. (3.6a) and (3.6b) in the stationary limit, we find

$$\theta_k^*(\omega, \lambda) = \begin{cases} \frac{\beta}{\kappa - 1} & \text{if } k = 1, \\ \frac{k - \kappa + \sqrt{(k - \kappa)^2 + 4\alpha\beta(k - 1)}}{2\alpha(k - 1)} & \text{if } k > 1, \end{cases} \quad (3.9)$$

where the parameters are

$$\alpha = \frac{1 + \omega + \Omega^{I*}}{\Omega^{I*} + \omega\Theta^*}, \quad (3.10a)$$

$$\beta = \frac{(\Omega^{S*} + \omega\Theta^*)(2 + \omega + \Omega^{I*})}{\lambda(\Omega^{I*} + \omega\Theta^*)}, \quad (3.10b)$$

$$\kappa = \frac{(\lambda + 1 + \Omega^{S*} + \omega)(2 + \omega + \Omega^{I*}) - \lambda}{\lambda(\Omega^{I*} + \omega\Theta^*)}. \quad (3.10c)$$

As desired, we have obtained a degree dependent solution for θ_k^* . At this point, one can already verify the consistency with HMF in the annealed limit : Taking $\omega \rightarrow \infty$ in Eq. (3.9), one recovers $\theta_k^* \rightarrow \Theta^*$. For finite ω however, we obtain a solution that is potentially very heterogeneous among degree classes, especially near the absorbing phase ($|\lambda - \lambda_c|/\lambda_c \ll 1$).

To illustrate the heterogeneity of θ_k^* near λ_c , we use the ratio θ_k^*/ρ^* , where $\rho^* \equiv \langle \rho_k^* \rangle$ is the mean infected density. Figure 3.2 shows that this ratio is qualitatively different depending on the type of phase transition. For a collective one [Fig. 3.2(a)], θ_k^* is a growing function of k , but it remains of the same order of magnitude over the whole range, while for a hub activation [Fig. 3.2(b)], θ_k^* varies by many orders of magnitude. According to Eq. (3.2), this also implies that the mean infected density per degree class ρ_k^* varies over multiple orders of magnitude. This can be interpreted as the fact that just beyond the threshold, only the hubs and their

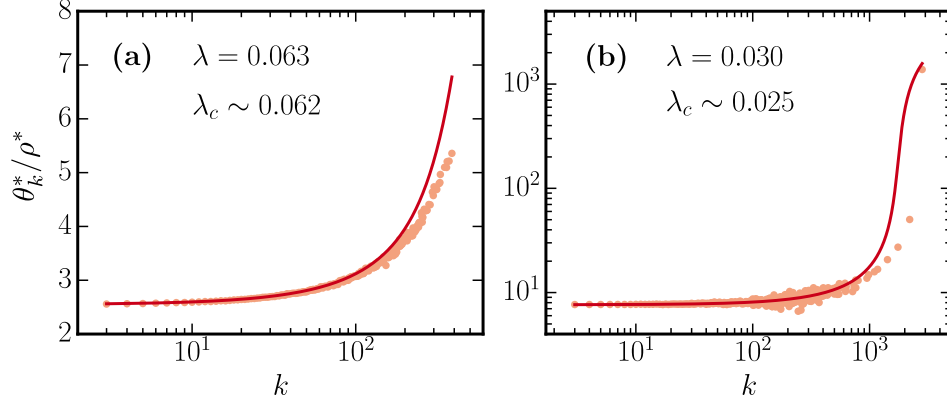


FIGURE 3.2 – (Color online). Ratio θ_k^*/ρ^* against the degree k for the SIS dynamics in the quasi-static limit ($\omega \rightarrow 0$), near the absorbing phase. The solid line corresponds to Eq.(3.9) and the markers to Monte-Carlo simulations. Averages are made on multiple rewired realizations of a same degree sequence to simulate the quasi-static limit. To prevent the system from reaching the absorbing state, we have sampled the quasi-stationary distribution of the system [33, 38, 85]. (a) *Collective activation* : 10^2 realizations with $P(k) \sim k^{-\gamma} \exp(-k/k_c)$, $\gamma = 2.5$, $k_c = 100$ and $N = 10^6$. (b) *Hub activation* : 5×10^3 realizations with $P(k) \sim k^{-\gamma}$, $\gamma = 3.5$ and $N = 10^7$.

direct neighbors are effectively active in the network [24, 23, 39]. One notes that our solution [Eq. (3.9)] reproduces the qualitative behavior for both scenarios.

3.6.2 Perturbative development

As seen in Fig. 3.2, the solution for θ_k^* can be heterogeneous near the absorbing phase. To provide further insights, we consider the absorbing-state limit : we start with an active phase ($\lambda > \lambda_c$), then we take the limit $\lambda \rightarrow \lambda_c$, which leads to $\rho_k^*, \theta_k^* \rightarrow 0 \forall k$. According to Eq. (3.9), to force $\theta_k^* \rightarrow 0 \forall k$, we must require that

$$\lim_{\lambda \rightarrow \lambda_c} \beta = 0 \quad \text{and} \quad \lim_{\lambda \rightarrow \lambda_c} \kappa \geq k_{\max} . \quad (3.11)$$

These strong constraints allow us to introduce a perturbative development : any quantity around the critical threshold is expressed as a power series of β .

Since, the RNA is self-consistent, all quantities [Eqs. (3.8), (3.9), (3.10)] are interrelated. Therefore, we need to develop them recursively in a coherent way. First, we develop the stationary probability θ_k^* near the absorbing phase.

$$\begin{aligned} \theta_k^*(\omega, \lambda) &= \frac{k - \kappa + |k - \kappa| + \frac{2\alpha\beta(k-1)}{|k-\kappa|}}{2\alpha(k-1)} + \mathcal{O}(\beta^2) \\ &= \frac{\beta}{\kappa - k} + \mathcal{O}(\beta^2) , \end{aligned} \quad (3.12)$$

where the second equality comes from Eq. (3.11). However, κ also depends on β through the quantities Ω^{S^*} , Ω^{S^*} and Θ^* . Using Eq. (3.12) with Eqs. (3.8) and (3.3), we obtain the following

leading behaviors

$$\Omega^{S*} = \mathcal{O}(\beta) , \quad \Omega^{I*} = \lambda + \mathcal{O}(\beta) , \quad \Theta^* = \mathcal{O}(\beta) .$$

This fixes κ to order zero, i.e., from Eq. (3.10), we obtain

$$\kappa = \tilde{\kappa}(\omega, \lambda) + \mathcal{O}(\beta) , \quad (3.13)$$

where

$$\tilde{\kappa}(\omega, \lambda) \equiv \frac{1 + (\lambda + 1)^2 + \omega(2\lambda + 3) + \omega^2}{\lambda^2} . \quad (3.14)$$

Combining Eq. (3.13) with Eq. (3.12), we have a coherent development for θ_k^*

$$\theta_k^*(\omega, \lambda) = \beta f_k(\omega, \lambda) + \mathcal{O}(\beta^2) , \quad (3.15)$$

with the auxiliary function

$$f_k(\omega, \lambda) \equiv \frac{1}{\tilde{\kappa}(\omega, \lambda) - k} . \quad (3.16)$$

Using these definitions, it is possible to express all quantities to first order

$$\Omega^{S*} = \frac{\lambda \langle f_k k (k-1) \rangle}{\langle k \rangle} \beta + \mathcal{O}(\beta^2) , \quad (3.17a)$$

$$\Omega^{I*} = \lambda + \frac{\lambda \langle f_k^2 k (k-1) \rangle}{\langle f_k k \rangle} \beta + \mathcal{O}(\beta^2) , \quad (3.17b)$$

$$\Theta^* = \frac{\lambda \langle f_k k^2 \rangle}{\langle k \rangle} \beta + \mathcal{O}(\beta^2) . \quad (3.17c)$$

One could continue this perturbative scheme in order to extract the quadratic terms in β and so forth. However, the first order development is quite sufficient to characterize the absorbing-state threshold in Sec. 3.7.

Approximate exponential form

We can rewrite the solution for θ_k^* in Eq. (3.15) as

$$\begin{aligned} \theta_k^* &= \frac{\beta}{\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)} \exp \left[-\ln \left(1 - \frac{k}{\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)} \right) \right] + \mathcal{O}(\beta^2) , \\ &\approx \frac{\beta}{\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)} \exp \left[\frac{k}{\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)} \right] , \end{aligned} \quad (3.18)$$

where the approximate exponential form is valid provided k is sufficiently small compared to $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)$. Near the threshold, the density of infected nodes for each degree class is to good approximation $\rho_k^* \approx \lambda k \theta_k^*$ [Eq. (3.2)]. In the quasi-static limit ($\omega \rightarrow 0$) and considering $\lambda \ll 1$, $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda \ll 1) \approx 2/\lambda^2$ [Eq. (3.14)], which leads to the exponential form

$$\rho_k^* \sim k \exp(\lambda^2 k/2) , \quad (3.19)$$

TABLE 3.2 – Threshold estimates for certain formalisms.

Formalism	Threshold estimate λ_c
HMF [16]	$\langle k \rangle / \langle k^2 \rangle$
PHMF [71]	$\langle k \rangle / (\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle)$
QMF [96]	$1 / \max(\sqrt{k_{\max}}, \langle k^2 \rangle / \langle k \rangle)$

This form has been obtained previously by other means in Ref. [99], based upon the results of Ref. [15]. However, they needed to extract $\tilde{\kappa} \sim \lambda^{-2}$ from numerical simulations, whereas it emerges naturally in our framework. A similar expression has also been found in Ref. [39] to describe the hub lifetime.

Clearly, the approximate expression Eq. (3.18) will be inadequate to describe the activity of high degree nodes if $k \sim \tilde{\kappa}(\omega, \lambda)$. In fact, in Sec. 3.7.3 we show that the ratio $k_{\max}/\tilde{\kappa} \rightarrow 1$ near the threshold for a hub dominated phase transition and the development of Eq. (3.18) breaks down. It is therefore safer to use $\rho_k^* \sim kf_k$, [see Eq. (3.16)], as prescribed by the RNA.

3.7 Threshold

We now turn our attention towards the absorbing-state threshold λ_c . Using the perturbative development of Sec. 3.6.2, we obtain an explicit upper bound and an implicit expression for λ_c , which we analytically and numerically compare with existing expressions gathered in Table 3.2.

3.7.1 Explicit upper bound

An important parameter from the perturbative development is $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)$, that we call hereafter the *self-activating degree*. In fact, it will become clear throughout the following sections that $\tilde{\kappa}$ is a good proxy of the minimal degree class able to sustain by itself the dynamics in its neighborhood with correlated reinfections.

In the absorbing-state limit, Eq. (3.11) leads to the constraint $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda_c) \geq k_{\max}$. This can be interpreted as follows : the self-activating degree must be higher than the maximal degree, otherwise the system would be in an active phase, sustained by the maximal degree class. This constraint is rewritten as

$$\lambda_c(\omega) \leq \frac{1 + \omega + \sqrt{2k_{\max} - 1 + \omega(3k_{\max} - 1) + \omega^2 k_{\max}}}{k_{\max} - 1}. \quad (3.20)$$

Equation (3.20) sets a general upper bound on the threshold λ_c for any rewiring regime specified by ω . Notably, our approach predicts a vanishing threshold for any random networks with finite ω in the limit $k_{\max} \rightarrow \infty$.

In the quasi-static limit, we have

$$\lambda_c(\omega \rightarrow 0) \equiv \lambda_c^{\text{qs}} \leq \frac{1 + \sqrt{2k_{\text{max}} - 1}}{k_{\text{max}} - 1} . \quad (3.21)$$

For large k_{max} , Eq. (3.21) is well approximated by $\lambda_c^{\text{qs}} \lesssim \sqrt{2/k_{\text{max}}}$. This upper bound is qualitatively in agreement with QMF (see Table 3.2) and numerical simulations on static networks [37]. Moreover, Eq. (3.21) is quantitatively in agreement with pair QMF [72].

In the annealed limit, one expects a finite threshold in the limit $k_{\text{max}} \rightarrow \infty$ for bounded second moment $\langle k^2 \rangle$ [83]. For this condition to be satisfied, Eq. (3.20) prescribes that the rewiring rate $\omega \gtrsim \sqrt{k_{\text{max}}}$. Therefore, a network with higher degree nodes will require a faster structural dynamics to be considered annealed.

3.7.2 Self-consistent expression

Using the definition of β in Eq. (3.10b) with the first order developments of Eqs (3.17), we write the self-consistent expression

$$\beta = \beta \left[\frac{(\langle k(k-1)f_k \rangle + \omega \langle k^2 f_k \rangle) (2 + \omega + \lambda)}{\lambda \langle k \rangle} \right] + \mathcal{O}(\beta^2) , \quad (3.22)$$

which can be rewritten as

$$\mathcal{O}(\beta) = \left(\lambda - \frac{(2 + \omega) \langle k f_k \rangle}{(2 + \omega) \langle k^2 f_k \rangle - 2 \langle k f_k \rangle} \right) . \quad (3.23)$$

In the absorbing-state limit, which implies $\beta \rightarrow 0$, the term in parentheses on the right must be zero. This defines an implicit expression for the threshold

$$\lambda_c(\omega) = \frac{(2 + \omega) \langle k f_k(\omega, \lambda_c) \rangle}{(2 + \omega) \langle k^2 f_k(\omega, \lambda_c) \rangle - 2 \langle k f_k(\omega, \lambda_c) \rangle} . \quad (3.24)$$

Equation (3.24) is a central result of the RNA—it allows the accurate evaluation of λ_c for any degree distribution $P(k)$, and all dynamic regimes. For arbitrary ω and $P(k)$, Eq. (3.24) is transcendental and must be solved numerically.

3.7.3 Correspondence with existing approaches

The transcendental expression for the threshold admits some simplifications for certain limiting cases, leading to many correspondences with current formalisms. First, we consider the extreme regimes of the rewiring process. Equation (3.24) becomes

$$\lambda_c = \begin{cases} \langle k \rangle / \langle k^2 \rangle & \text{if } \omega \rightarrow \infty , \\ \langle k f_k^{\text{qs}} \rangle / (\langle k^2 f_k^{\text{qs}} \rangle - \langle k f_k^{\text{qs}} \rangle) & \text{if } \omega \rightarrow 0 . \end{cases} \quad (3.25)$$

where $f_k(\omega \rightarrow 0, \lambda_c) \equiv f_k^{\text{qs}}$. Hence, we recover as expected the HMF threshold [16] in the annealed limit. In the quasi-static limit, we obtain a threshold similar in form to the one predicted by PHMF, except for the presence of f_k^{qs} in each average (see Table 3.2).

To make further progress in the quasi-static limit, let us consider the limit $k_{\max} \rightarrow \infty$. To simplify the notation, we let $\tilde{\kappa}_0 \equiv \tilde{\kappa}(\omega \rightarrow 0, \lambda_c)$. In this case, there are two possible scenarios for the threshold, depending on the scaling of $\tilde{\kappa}_0$ with k_{\max} . On the one hand, if $\tilde{\kappa}_0/k_{\max} \rightarrow \infty$, then $f_k \rightarrow \beta/\tilde{\kappa}_0$, which is independent of the degree. On the other hand, if $\tilde{\kappa}_0/k_{\max} \rightarrow c \geq 1$, then the threshold λ_c is obtained directly. Together, this leads to

$$\lambda_c^{\text{qs}} = \begin{cases} \langle k \rangle / (\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle) & \text{if } \tilde{\kappa}_0/k_{\max} \rightarrow \infty, \\ \sqrt{2}/\sqrt{ck_{\max}} & \text{if } \tilde{\kappa}_0/k_{\max} \rightarrow c. \end{cases} \quad (3.26)$$

In accordance with the literature, we identify the first case in Eq. (3.26) (incidentally the exact same form as the PHMF threshold) with the collective activation scenario. Indeed, since the self-activating degree $\tilde{\kappa}_0$ is much larger than the maximal degree k_{\max} just beyond the threshold, none of the degree classes are able to self-sustain the dynamics. The critical phenomenon is therefore truly a collective one. We associate the second case in Eq. (3.26) with the hub dominated scenario. Effectively, $\tilde{\kappa}_0 \sim k_{\max}$, such that the active phase just beyond the threshold is attributed to the self-activation of the maximal degree class.

This correspondence can be verified explicitly for power-law degree distributions $P(k) \sim k^{-\gamma}$, for which it is known that a transition between the collective and hub dominated scenario appears at $\gamma = 5/2$ [24, 50]. This is done in Fig. 3.3 where, as expected, the ratio $\tilde{\kappa}_0/k_{\max}$ is a growing function of k_{\max} for $\gamma < 5/2$, while it goes to 1 for $\gamma > 5/2$ —the threshold then coalesces with the upper bound (3.21). This type of results has been observed numerically [37, 72] and is coherent with individual-based approaches [82]. Precisely at $\gamma = 5/2$, the ratio of the first two moments, $\langle k^2 \rangle / \langle k \rangle$, is equal to $\sqrt{k_{\max}k_{\min}}$, which lead all curves of $\tilde{\kappa}_0/k_{\max}$ to cross at same point $c = 2k_{\min}$.

3.7.4 Comparison with simulations

We expect that Eq. (3.24) should be a good approximation of λ_c for finite size realizations of the configuration model with large N . This can be verified by sampling the configurations of the system that do not fall on the absorbing state, the *quasi-stationary distribution* [33, 38, 85], to evaluate the susceptibility

$$\chi = \frac{E[n^2] - E[n]^2}{E[n]}, \quad (3.27)$$

with $n \leq N$ the number of infected nodes in the system and $E[\dots]$ denotes the expectation over the quasi-stationary distribution. The susceptibility exhibits a sharp maximum at $\lambda_p(N)$ as shown in Fig. 3.4(a) and 3.4(b), corresponding to the epidemic threshold of the system in the thermodynamic limit [37].

We have first validated Eq. (3.24) regarding the two possible activation schemes using a power-law degree distribution $P(k) \sim k^{-\gamma}$ in the quasi-static limit. Figures 3.4(c) and 3.4(d) show

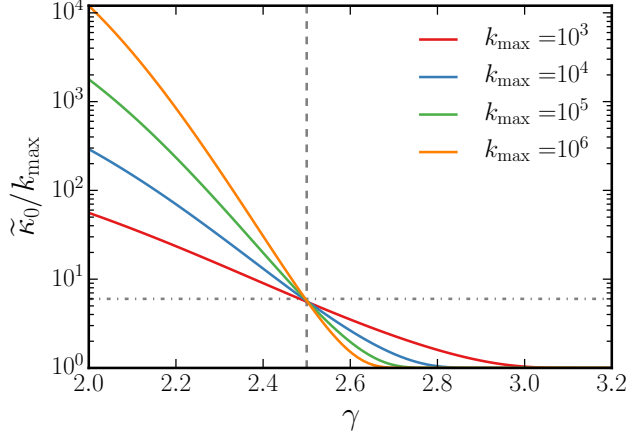


FIGURE 3.3 – (Color online). Ratio $\tilde{\kappa}_0/k_{\max}$ against the power-law degree distribution exponent γ in the quasi-static limit ($\omega \rightarrow 0$), for different values of maximum degree k_{\max} . The minimum degree is $k_{\min} = 3$. Vertical dashed line corresponds to $\gamma = 5/2$. Horizontal dashed line corresponds to $\tilde{\kappa}_0/k_{\max} = 2k_{\min}$, identified using Eq. (3.26).

that the RNA yields a threshold in agreement with the susceptibility for both the collective ($\gamma \leq 5/2$) and the hub dominated ($\gamma > 5/2$) phase transition. As a comparison, it is seen in Fig. 3.4(d) that the prediction of PHMF does not reproduce the scaling of $\lambda_p(N)$ for the hub activation scenario. This is explained by the fact that this approach neglects the neighborhood heterogeneity. Despite being accurate for collective activation [71], as seen in Fig. 3.4(c), it is unable to describe correctly a hub dominated dynamics. This observation also invalidates the recent conjecture of Ref. [21] concerning the finiteness of λ_c for scale-free networks with bounded second moment, $\langle k^2 \rangle$, since an approach that neglects the neighborhood heterogeneity is used.

Moreover, Eq. (3.24) is versatile and predicts the threshold for all intermediate regimes between the annealed and quasi-static limit. To illustrate this feature, we have extended the standard quasi-stationary distribution method to include the rewiring procedure (see Appendix 3.11). For the sake of simplicity, we have applied it to a regular random network with distribution $P(k) = \delta_{kk_0}$, for which Eq. (3.24) yields the threshold

$$\lambda_c(\omega) = \frac{2 + \omega}{(2 + \omega)k_0 - 2} . \quad (3.28)$$

The validation is presented in Fig. 3.5. Equation (3.28) reproduces with good accuracy the smooth transition from one regime to another.

3.7.5 Non-monotonicity of the threshold

Equation (3.28) and Fig. 3.5 suggest a monotonically decreasing threshold with growing rewiring rate ω . One may ask : is this always the case? Equation (3.24) is much more intricate and does not possess an explicit dependence upon ω for general degree distributions.

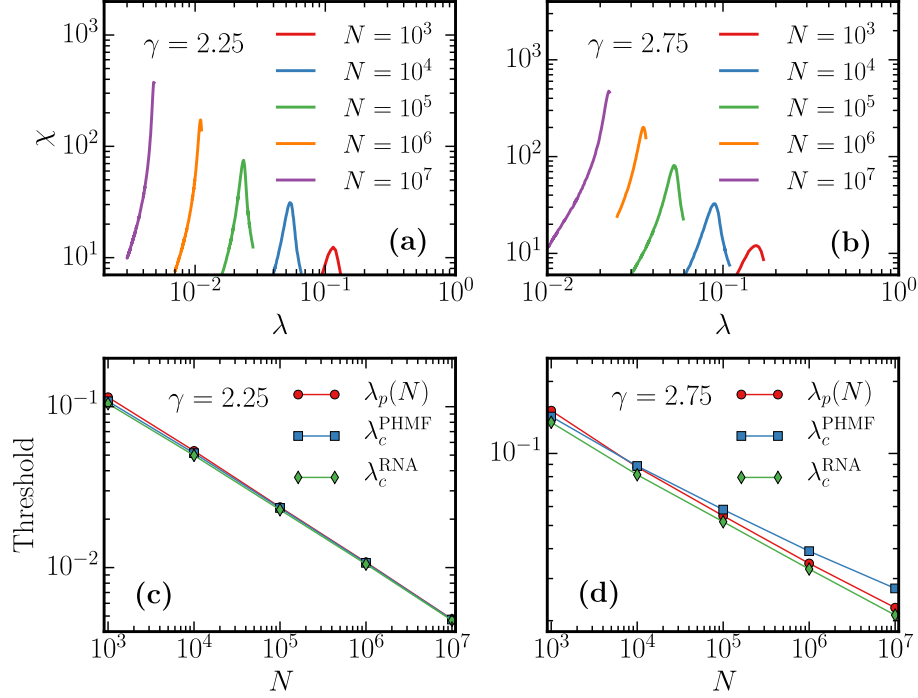


FIGURE 3.4 – (Color online). Threshold evaluation for power-law random networks of degree distribution $P(k) \sim k^{-\gamma}$, minimum degree $k_{\min} = 3$ and maximum degree $k_{\max} \leq N^{1/2}$. (a)–(b) Susceptibility against the infection rate for a single network realization. (c)–(d) Threshold against the number of nodes (averaged over 10 network realizations) estimated by : the position of the susceptibility peak $\lambda_p(N)$, the threshold λ_c^{RNA} of Eq. (3.25) for $\omega \rightarrow 0$ and the PHMF threshold λ_c^{PHMF} .

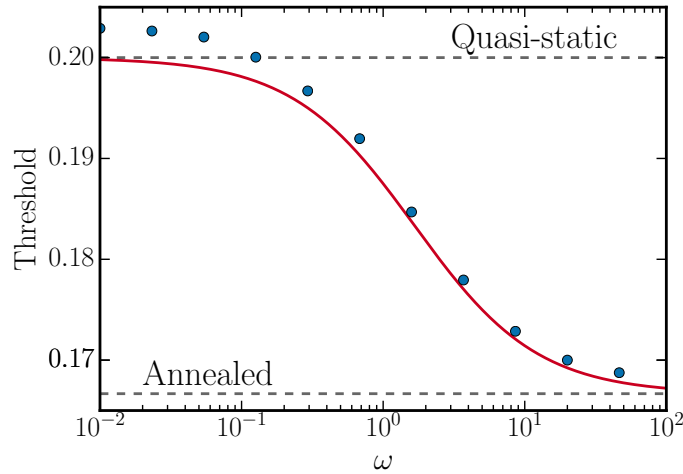


FIGURE 3.5 – (Color online). Threshold against the rewiring rate for a regular random network with degree $k_0 = 6$ and network size $N = 10^5$. The solid line represents the threshold estimated by Eq. (3.28) and the markers represent the positions of the susceptibility peaks $\lambda_p(N)$. The disparity with the simulations is attributed to a combination of finite size effects and approximations leading to Eq. (3.24).

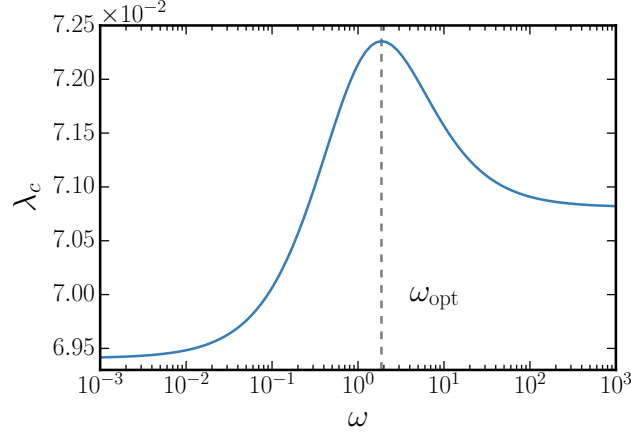


FIGURE 3.6 – Threshold against the rewiring rate for power-law degree distribution $P(k) \sim k^{-\gamma}$ with exponent $\gamma = 2.75$ and maximal degree $k_{\max} = 50$. The threshold is evaluated with Eq. (3.24). The dashed line marks the optimal value ω_{opt} at which λ_c is maximized.

To answer this question, it is important to note that the random rewiring of the edges affects the threshold in two different ways. On the one hand, it promotes the contact between infected and susceptible nodes (the dynamic correlation is reduced), which decreases the threshold (see Fig. 3.5). On the other hand, random rewiring inhibits the reinfection of hubs by their neighbors, which is driving the hub dominated phase transition.

For heterogeneous networks that are affected by both mechanisms, this leads to a non-monotonic relation for $\lambda_c(\omega)$, as presented in Fig. (3.6). There exists a value ω_{opt} at which $\lambda_c(\omega)$ is maximized : the hub reinfection mechanism is inhibited, without too much stimulating the spreading through new infected-susceptible contacts. The value ω_{opt} then defines the optimal rewiring rate to hinder the infection spreading on a network with a specified degree distribution.

3.8 Critical exponents

To complete the phase transition portrait, we address the theoretical determination of the critical exponents of ρ^* , the mean infected density, and θ_k^* , which describes the neighborhood for each degree class. More specifically, we characterize the scaling exponents δ associated with

$$\rho^* \sim (\lambda - \lambda_c)^\delta, \quad (3.29)$$

and $\{\eta_k\}$ related to

$$\theta_k^* \sim (\lambda - \lambda_c)^{\eta_k}. \quad (3.30)$$

To make analytical progress, we restrict ourselves to power-law degree distribution $P(k) = Ak^{-\gamma}$ in the limit $k_{\max} \rightarrow \infty$. The case $\omega \rightarrow \infty$, the annealed limit, has already been analyzed

through the HMF framework [83] and leads to the following critical exponents

$$\delta^{\text{HMF}} = \begin{cases} 1/(3 - \gamma) & \text{for } \gamma < 3, \\ 1/(\gamma - 3) & \text{for } 3 < \gamma < 4, \\ 1 & \text{for } \gamma \geq 4, \end{cases} \quad (3.31)$$

$$\eta_k^{\text{HMF}} = \begin{cases} (\gamma - 2)/(3 - \gamma) & \text{for } \gamma < 3, \\ 1/(\gamma - 3) & \text{for } 3 < \gamma < 4, \\ 1 & \text{for } \gamma \geq 4, \end{cases} \quad (3.32)$$

with η_k being the same $\forall k$. Note that for $\gamma > 3$, $\lambda_c > 0$ for annealed networks.

In this section, we consider the case study of finite ω , leading to a vanishing threshold $\lambda_c \rightarrow 0$ for all degree distribution exponents γ in the limit $k_{\text{max}} \rightarrow \infty$ [see Eq. (3.20)].

3.8.1 Bounds on the critical exponents

The solution for θ_k^* in Eq. (3.9) has a complicated dependence on each degree class and is ill suited for the direct estimation of the critical exponents. Instead, we consider lower and upper bounds for various quantities near the absorbing phase, each identified by the subscript “−” or “+” respectively. For instance, θ_-^* and θ_+^* are lower and upper bounds for θ_k^* respectively, valid for all degree classes.

We are mostly interested in the scaling of these quantities with λ near the absorbing phase, hence lower and upper bounds are expressed only up to a constant factor. According to Eq. (3.9), we can set the following bounds for θ_k^* (see Appendix 3.12 for details)

$$\theta_-^* \equiv \left[\frac{\beta}{\kappa} \right]_- \sim \Omega^{S*}_- + \omega \Theta_-^*, \quad (3.33a)$$

$$\theta_+^* \equiv \left[\frac{1}{\alpha} \right]_+ \sim \Omega^{I*}_+ + \omega \Theta_+^*, \quad (3.33b)$$

This permits us to obtain bounds for other quantities in terms of the bounds for θ_k^* —for instance Ω^{S*}_- in terms of θ_-^* , leading to self-consistent expressions.

Since the developments for lower and upper bounds are the same, we write explicit equations in terms of θ_\pm^* . For Ω^{S*} , according to Eq. (3.8), this leads to

$$\Omega^{S*}_\pm = \frac{\lambda(1 - \theta_\pm^*)}{\langle k \rangle} \left[A\theta_\pm^* \int_{k'}^\infty \frac{(k^{2-\gamma} - k^{1-\gamma})}{1 + \lambda\theta_\pm^* k} dk + \theta_\pm^* \langle (k-1)k \rangle_{k'} \right] + \mathcal{O}(\lambda^2 \theta_\pm^{*2}), \quad (3.34)$$

where $\langle \cdots \rangle_{k'}$ represents an average over $P(k)$ from k_{min} to $k' - 1$, and k' is a finite value chosen such that the rest of the average can be approximated by an integral.

For $\lambda\theta_\pm^* \rightarrow 0$, we can then extract the leading terms of the integral in Eq. (3.34) (see Appendix 3.12). This leads to

$$\Omega^{S*}_\pm = (1 - \theta_\pm^*) \left[a_1(\lambda\theta_\pm^*)^{\gamma-2} + a_2\lambda\theta_\pm^* + a_3(\lambda\theta_\pm^*)^{\gamma-1} \right] + \mathcal{O}(\lambda^2 \theta_\pm^{*2}) \quad (3.35)$$

Similarly, using Eq. (3.8) and (3.3), we obtain

$$\Omega_{\pm}^{I*} = \lambda + b_1 \frac{(\lambda \theta_{\pm}^*)^{\gamma-1}}{\rho_{\pm}^*} + b_2 \frac{\lambda^2 \theta_{\pm}^{*2}}{\rho_{\pm}^*} + b_3 \frac{(\lambda \theta_{\pm}^*)^{\gamma}}{\rho_{\pm}^*} + \mathcal{O}\left(\frac{\lambda^3 \theta_{\pm}^{*3}}{\rho_{\pm}^*}\right), \quad (3.36)$$

$$\Theta_{\pm}^* = c_1 (\lambda \theta_{\pm}^*)^{\gamma-2} + c_2 \lambda \theta_{\pm}^* + \mathcal{O}(\lambda^2 \theta_{\pm}^{*2}), \quad (3.37)$$

$$\rho_{\pm}^* = d_1 \lambda \theta_{\pm}^* + d_2 (\lambda \theta_{\pm}^*)^{\gamma-1} + \mathcal{O}(\lambda^2 \theta_{\pm}^{*2}) \quad (3.38)$$

where the coefficients $\{a_i, b_i, c_i, d_i\}$ are non-vanishing constants in the absorbing-state limit. We now consider separately the region $2 < \gamma < 3$ and $\gamma \geq 3$.

Region $2 < \gamma < 3$

Since Ω^{S*} and Θ^* possess the same critical behavior according to Eqs. (3.35) and (3.37), the lower bound θ_-^* possesses the simple self-consistent expression

$$\theta_-^* \sim (\lambda \theta_-^*)^{\gamma-2} \Rightarrow \theta_-^* \sim \lambda^{(\gamma-2)/(3-\gamma)}. \quad (3.39)$$

Combining this with Eq. (3.38), we obtain

$$\rho_-^* \sim \lambda^{1/(3-\gamma)} \equiv \lambda^{\delta_+}. \quad (3.40)$$

The upper bound is slightly more complicated : Ω^{I*} and Θ^* might not possess the same critical behavior. However, by definition we know that $\Omega^{I*} \geq \Omega^{S*} \sim \Theta^*$, hence Ω^{I*} is always dominant for finite rewiring rates ω . This implies that a finite rewiring rate does not have any impact on the critical exponents. We therefore have

$$\theta_+^* \sim \Omega_+^{I*} \simeq \lambda + b_1 \frac{(\lambda \theta_+^*)^{\gamma-1}}{\rho_+^*}. \quad (3.41)$$

Using Eq. (3.38), we obtain

$$\theta_+^* \sim \lambda^{\psi}, \quad \rho_+^* \sim \lambda^{\psi+1} \equiv \lambda^{\delta_-}. \quad (3.42)$$

where

$$\psi = \begin{cases} \frac{\gamma-2}{3-\gamma} & \text{for } \gamma \leq 5/2, \\ 1 & \text{for } \gamma > 5/2. \end{cases} \quad (3.43)$$

Equations (3.40) and (3.42) fix the bounds for the critical exponent δ , as presented in Fig. 3.7. In the region $\gamma \leq 5/2$, associated to the collective activation scheme, upper and lower bounds collapse to the annealed exponent of Eq. (3.31), namely $\delta = 1/(3-\gamma)$. This is in fact the region where the annealed regime describes the dynamics well, even for static networks [37].

However, in the hub activation region ($\gamma > 5/2$), the bounds are different, $\delta_+ = 1/(3-\gamma)$, $\delta_- = 2$, giving rise to a wide range for the values of the critical exponent. We will see in Sec. 3.8.2 that this behavior is related to the emergence of a *heterogeneous critical phenomenon* in this region. Nevertheless, it is straightforward to verify that these bounds are not in contradiction with the exact ones ($\gamma - 1 \leq \delta \leq 2\gamma - 3$) of Ref. [28] for static networks.

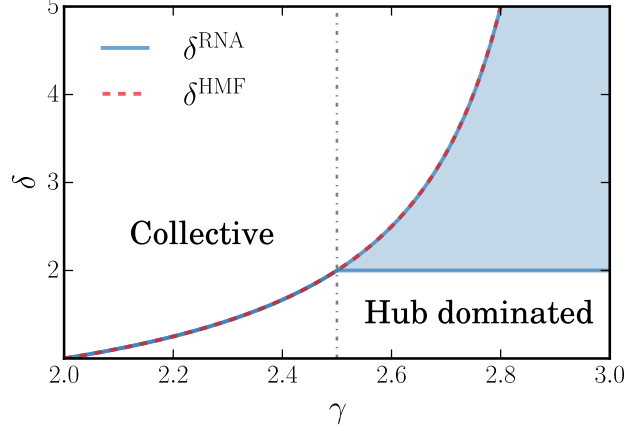


FIGURE 3.7 – (Color online). Critical exponent δ associated to the mean infected density ρ^* , for a power-law degree distribution $P(k) \sim k^{-\gamma}$ in the thermodynamic limit. The bounded (shaded) region and the solid line correspond to the RNA exponent and the dashed line to the HMF exponent. The dashed-dotted line indicates the transition from the collective to the hub dominated region ($\gamma = 5/2$).

Region $\gamma \geq 3$

The lower bound θ_-^* in this region can be determined again using $\theta_-^* \sim \Omega_-^{S^*} + \omega \Theta_-^*$. More explicitly, in this region we have

$$\theta_-^* \simeq e_1 \lambda \theta_-^* + e_2 (\lambda \theta_-^*)^{\gamma-2} - e_3 \lambda \theta_-^{*2}, \quad (3.44)$$

where $\{e_i\}$ are non-vanishing constants formed by the combination of $\{a_i, c_i\}$. This leads to a critical behavior of the form

$$\rho_-^* \sim \theta_-^* \sim (\lambda - \lambda_e)^\nu, \quad (3.45)$$

where $\nu = \max[1, 1/(\gamma - 3)]$. Therefore, the lower bound is associated with a finite effective threshold defined by $\lambda_e \equiv e_3^{-1}$. This is at odds with the upper bound in this region, which is the continuity of the previous region

$$\theta_+^* \sim \lambda, \quad \rho_+^* \sim \lambda^2. \quad (3.46)$$

In brief, the two bounds are even more separated from each other in this region.

3.8.2 Heterogeneous critical phenomenon

Using the results of Sec. 3.8.1, it is also possible to get some insight on the critical behavior of θ_k^* for extreme degree classes, $\theta_{k_{\min}}^*$ and $\theta_{k_{\max}}^*$ (the limit $k_{\max} \rightarrow \infty$ is still implicitly considered). We stress that $\theta_{k_{\min}}^*$ and $\theta_{k_{\max}}^*$ are different from θ_-^* and θ_+^* .

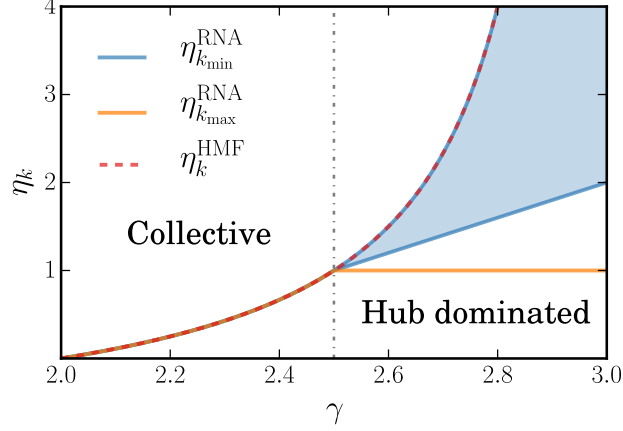


FIGURE 3.8 – (Color online). Critical exponents η_k associated to θ_k^* , for power-law degree distribution $P(k) \sim k^{-\gamma}$ in the thermodynamic limit. The bounded (shaded) region and the solid lines correspond to the RNA exponents and the dashed line to the HMF exponent. The dashed-dotted line indicates the transition from the collective to the hub dominated region ($\gamma = 5/2$).

According to Eq. (3.9), we have the following behavior near the absorbing phase (see Appendix 3.12 for details)

$$\theta_{k_{\min}}^* \simeq \frac{\beta}{\kappa} \sim \Omega^{S^*} + \omega \Theta^*, \quad (3.47a)$$

$$\theta_{k_{\max}}^* \simeq \frac{1}{\alpha} \sim \Omega^{I^*} + \omega \Theta^*. \quad (3.47b)$$

Using the expressions for θ_-^* and θ_+^* to bound Ω^{S^*} and Ω^{I^*} , we arrive at the following portrait

$$\theta_{k_{\min}}^* \lesssim \lambda^{(\psi+1)(\gamma-2)}, \quad (3.48)$$

$$\theta_{k_{\min}}^* \gtrsim \theta_-^*, \quad (3.49)$$

$$\theta_{k_{\max}}^* \sim \lambda^\psi, \quad (3.50)$$

which characterizes the critical exponents $\eta_{k_{\min}}$ and $\eta_{k_{\max}}$. For instance, for $2 < \gamma < 3$, we have

$$\min \left[2\gamma - 4, \frac{\gamma - 2}{3 - \gamma} \right] \leq \eta_{k_{\min}} \leq \frac{\gamma - 2}{3 - \gamma}, \quad (3.51)$$

and

$$\eta_{k_{\max}} = \min \left[1, \frac{\gamma - 2}{3 - \gamma} \right]. \quad (3.52)$$

It is a striking new result : as presented in Fig. (3.8), in the hub dominated regime ($\gamma > 5/2$), the bounded regions for $\eta_{k_{\min}}$ and $\eta_{k_{\max}}$ are disjoint. These different asymptotic scalings are validated for finite k_{\max} in Fig. 3.9.

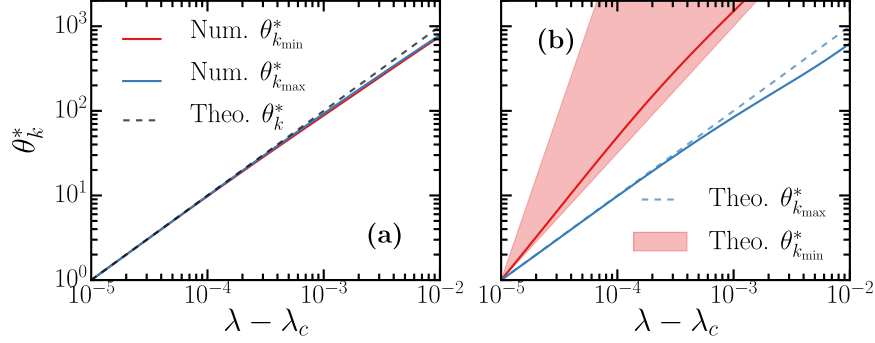


FIGURE 3.9 – (Color online). Critical behavior for $\theta_{k_{\min}}^*$ and $\theta_{k_{\max}}^*$. All curves have been normalized to the value of θ_k^* at the origin of the abscissae. Dashed lines and shaded regions correspond to the theoretical scaling predicted in the limit $k_{\max} \rightarrow \infty$. Solid lines represent the numerical evaluation of Eq. (3.9) for bounded degree distribution with $k_{\min} = 3$ and $k_{\max} = 5 \times 10^5$. (a) Power-law degree distribution with exponent $\gamma = 2.5$. (b) Power-law degree distribution with exponent $\gamma = 2.75$.

Different critical exponents for extreme degree classes is also an elegant explanation for the neighborhood heterogeneity observed in Fig. 3.2. Indeed, near the absorbing phase,

$$\frac{\theta_{k_{\min}}^*}{\theta_{k_{\max}}^*} \sim \lambda^{\eta_{k_{\min}} - \eta_{k_{\max}}} \equiv \lambda^{\Delta}, \quad (3.53)$$

with $\Delta > 0$ for $\gamma > 5/2$. Moreover, it illustrates that the critical phenomenon is itself *heterogeneous*, involving different mechanisms depending on the degree class : for hubs, activity is supported locally through correlated reinfections, while for the rest of the system, activity is mostly due to the propagation induced by the hubs.

This results also have an impact on how ρ_k^* grows for each degree class beyond λ_c , according to Eq. (3.2). It explains the wide bounds we obtained for $\rho^* = \langle \rho_k^* \rangle$ in the hub activation region, since ρ_k^* grows differently for each degree class.

3.9 Beyond the hub activation threshold

As presented in Sec. 3.7.3, a collective activation leads to $\theta_k^* \sim f_k$ of the same order of magnitude for each degree class, while a hub activation leads to variations over many orders of magnitude (see Fig. 3.2). The latter is formally identified as a heterogeneous critical phenomenon [Eq. (3.53)]. However, this analysis based on the critical exponents is well defined only in the combined limit $k_{\max} \rightarrow \infty$ and $\lambda \rightarrow 0$, in which case the impact of the rewiring is lost.

Beyond the threshold and for finite k_{\max} , the dichotomy is not as well defined and the rewiring rate ω does have a significant impact. In fact, the structural dynamics permits us to interpolate between the two scenarios. According to Eq. (3.14), the rewiring rate ω increases the self-activating degree $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda)$, forcing a more collective activation. This leads to a more

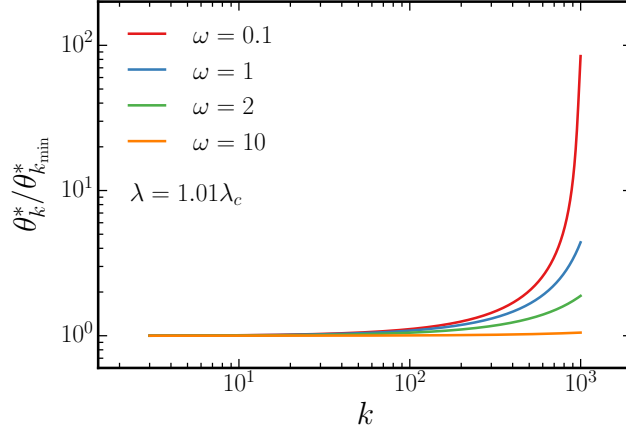


FIGURE 3.10 – (Color online). $\theta_k^*/\theta_{k_{\min}}^*$ near the absorbing phase for power-law degree distribution with exponent $\gamma = 3.1$ and maximal degree $k_{\max} = 1000$, for different values of rewiring rates ω . The minimal degree is $k_{\min} = 3$.

homogeneous neighborhood among the degree classes near the absorbing phase, as seen in Fig. 3.10. In consequence, this suggests that interaction patterns subject to hub activation are more influenced by structural dynamics than the ones displaying a collective activation scheme.

Also, critical exponents of Sec. 3.8 do not inform us on the behavior of the system far beyond the hub activation threshold. For power-law degree distribution having an exponent $\gamma > 3$, it has been observed in numerical simulations that the *delocalization* of the dynamics, where not only hubs sustain the propagation, happens at a finite λ . This leads to a second peak on the susceptibility curve χ , associated with the activation of the maximum k -core of the network [37] and seems to correspond with the HMF threshold [73].

Our compartmental formalism is not well suited to identify precisely this second transition. However, we are able to describe how the system behaves as the infection rate is increased beyond λ_c , towards this delocalized regime. An interesting feature is the *successive activation* of the degree classes. According to Eq. (3.14), the self-activating degree $\tilde{\kappa}$ is a monotonically decreasing function of λ . Since $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda_c) \rightarrow k_{\max}$ for hub activation, $\tilde{\kappa}(\omega, \lambda) = k < k_{\max}$ for $\lambda > \lambda_c$. In words, for λ beyond the absorbing phase, lower degree classes than k_{\max} are able to self-sustain the dynamics in their neighborhood, largely increasing their infected density ρ_k^* .

This successive activation mechanism is observed in Fig. 3.11(a), where each ρ_k^* sharply increases as $k \sim \tilde{\kappa}$, then saturates according to Eq. (3.2). This is also well portrayed by the derivative of ρ_k^* with respect to λ , $\partial_\lambda \rho_k^* \equiv \zeta_k^*$, which exhibits a maximum for $k \sim \tilde{\kappa}$ [Fig. 3.11(b)].

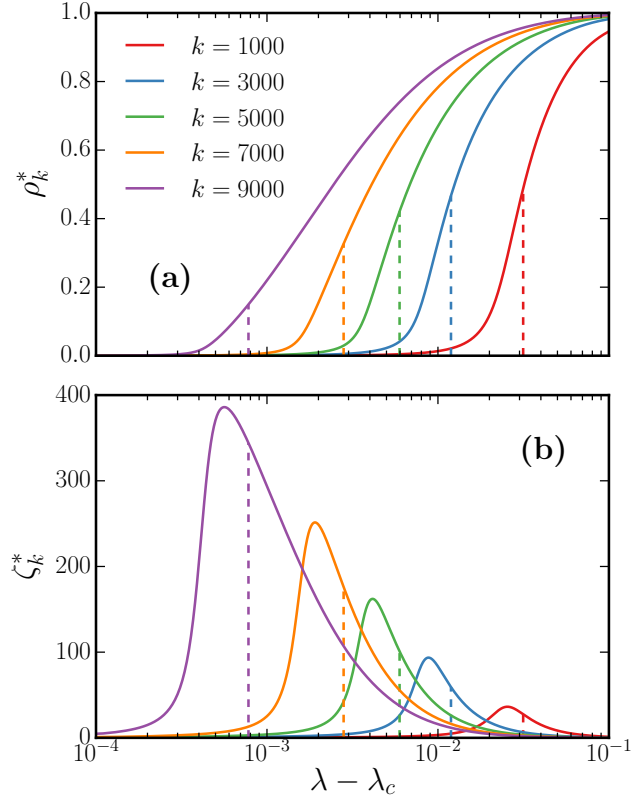


FIGURE 3.11 – (Color online). Successive activation of the degree classes for a power-law degree distribution with exponent $\gamma = 3.1$, maximal degree $k_{\max} = 10^4$ and rewiring rate $\omega = 0$. The minimal degree is $k_{\min} = 3$. The vertical dashed lines corresponds to $\tilde{\kappa} = k$ for each degree k involved. (a) Infected density per degree class ρ_k^* as a function of the infection rate λ . (b) Derivative of ρ_k^* with respect to λ , ζ_k^* , as a function of the infection rate λ .

3.10 Conclusion

Using a degree-based theoretical framework, we have developed a stationary state analysis to study the SIS dynamics on time-varying configuration model networks. The rewiring mechanism allowed us to take into account the effect of an effective structural dynamics, which mathematically represented an interpolation between a heterogeneous pair approximation (HPA) and a heterogeneous mean field theory (HMF).

This led to a general portrait of the phase transition, valid for collective and hub activation, filling the theoretical gap between degree-based and individual-based formalisms. First, using perturbative analysis, we have accurately described the absorbing-state threshold λ_c . Second, using bounds on various quantities, we were able to characterize the critical exponents of ρ^* and θ_k^* for power-law degree distributions. Noteworthy, it allowed us to unveil the heterogeneous critical phenomenon for the hub activation scenario, which elegantly discriminate between collective and hub-dominated phase transitions.

We have also studied the behavior of the system beyond the hub activation threshold. In between the localized and delocalized regime, we observed that each degree class undergoes a certain type of activation as the infection rate λ is increased. We associate this behavior with the infection rate at which these nodes are able to sustain by themselves the dynamics in their neighborhood.

Despite many years of studies of the SIS dynamics, our work exposes a number of open challenges. Using a more rigorous approach, one could prove and extend the notion of a heterogeneous critical phenomenon exposed in our study. Also, one could refine the analysis regarding the critical exponents within our framework. Several extensions can be studied, for instance by applying the stationary state analysis to other types of rewiring processes. These can be adaptive processes [53, 54, 68] or rewiring mechanisms that preserve other structural properties, apart from the degree sequence. Finally, due to the generality and versatility of the RNA, it can easily be applied to other binary-state dynamics.

3.11 Appendix I : Monte-Carlo simulations

To simulate the SIS dynamics on networks, we used a modified Gillespie algorithm [45]. During the simulation process, we track the number of infected nodes $n(t)$ and the number of stubs emanating from them $u(t)$. The total number of stubs is $2M$ and is fixed according to our rewiring process. At each step, three event types are possible with the following probability

$$P(\text{Recovery}) = n/(n + \lambda u + \omega M/2) , \quad (3.54a)$$

$$P(\text{Infection}) = \lambda u/(n + \lambda u + \omega M/2) , \quad (3.54b)$$

$$P(\text{Rewiring}) = (\omega M/2)/(n + \lambda u + \omega M/2) . \quad (3.54c)$$

Each event occurs as follows

- Recovery event : an infected node is chosen randomly and becomes susceptible.
- Infection attempt event : an infected node is chosen proportionally to its degree. We then choose one of its emanating stubs randomly and infect the node at the other endpoint. If it is already infected, we do nothing : this phantom process [30] corrects the probability in order to make the process equivalent to randomly choosing an edge among the set of all susceptible-infected edges.
- Rewiring event : Two edges (a_1, b_1) and (a_2, b_2) are randomly chosen with a_i, b_i the labels for the nodes; choosing an edge (b_1, a_1) is equally likely. We then rematch the stubs according to the following scheme $(a_1, b_1), (a_2, b_2) \mapsto (a_1, b_2), (a_2, b_1)$. Loops and multi-edges are permitted.

After all events—even the frustrated ones—we update the time with $t \mapsto t + \Delta t$ where $\Delta t \equiv E[\Delta t] = [n(t) + \lambda u(t) + \omega M/2]^{-1}$.

To evaluate some observables for infection rates λ near the absorbing phase, we sample the configurations of the system that do *not* fall on the absorbing state—the quasi-stationary distribution [69, 33, 38, 85]. When the system visits the absorbing state, the current state is replaced by a configuration randomly chosen among the set \mathcal{H} of previously stored active configurations. Also, with probability $\xi\Delta t$, each active configuration is stored, replacing a randomly chosen one among \mathcal{H} , thus updating the set of states proportionally to their average lifetime [33]. The system is then expected to converge on the quasi-stationary distribution [13] over which we measure observables. In all our simulations, we chose $|\mathcal{H}| \in [50, 100]$ and $\xi = 10^{-2}$.

3.12 Appendix II : Supplementary developments for the critical exponents

Lower and upper bounds on θ_k^*

Our insight is that θ_k^* is a monotonically increasing function of the degree k . Higher degree nodes have a higher probability of being infected, hence their neighbors can only be more infected on average. This is reflected in Eq. (3.9), despite not being explicit.

The lower and upper bounds are then fixed using the minimal and maximal values for the degree in Eq. (3.9).

$$\theta_-^* \equiv \left[\frac{\beta}{\kappa} \right]_- \leq \frac{\beta}{\kappa - 1} , \quad (3.55)$$

$$\theta_+^* \equiv \left[\frac{1}{\alpha} \right]_+ = \lim_{k \rightarrow \infty} \theta_k^* . \quad (3.56)$$

The parameters α, β, κ are considered finite when taking the limit $k \rightarrow \infty$ in the second equation, which is true for any $\lambda > \lambda_c$.

Integral approximation

Let us consider an integral of the form

$$I = k'^{-a} b^{-1} \int_{k'}^{\infty} \frac{k^{a-1}}{1 + k(bk')^{-1}} dk , \quad (3.57)$$

where $b \equiv (\lambda\theta^*k')^{-1}$ and $a < 1$, equal to $(3-\gamma)$ or $(2-\gamma)$ according to the integrals appearing in Eq. (3.34). Using $z \equiv k'k^{-1}$, this can be rewritten as

$$I = \int_0^1 \frac{z^{-a}}{1 + bz} dz . \quad (3.58)$$

This integral can be associated with the hypergeometric function [51]

$$I = (1-a)^{-1} {}_2F_1(1, 1-a; 2-a; -b) . \quad (3.59)$$

Since near the absorbing phase $b \gg 1$, to extract the leading terms of Eq. (3.59), we use the transformation formulas for the hypergeometric function [51], leading to

$$I = \Gamma(1-a)\Gamma(a)b^{a-1} - (ab)^{-1} {}_2F_1(1, a; a+1; -b^{-1}) . \quad (3.60)$$

The leading terms are finally

$$I = h_1 b^{a-1} + h_2 b^{-1} + \mathcal{O}(b^{-2}) , \quad (3.61)$$

where $\{h_i\}$ are non-vanishing constants. Appropriate limits must be taken for all values of $a = 0$ or negative integer values.

Critical behavior of $\theta_{k_{\min}}^*$ and $\theta_{k_{\max}}^*$

Near the phase transition ($\lambda \rightarrow 0$ in this case), according to Eq. (3.14), $\kappa \simeq \tilde{\kappa}(\omega, \lambda)$ is very large. Since we can choose λ arbitrarily small, we can let $\kappa \rightarrow \infty$, keeping however $\kappa \ll k_{\max} \rightarrow \infty$.

For $\theta_{k_{\min}}^*$, we simply use the perturbative development [Eq. (3.12)] to extract the leading term

$$\theta_{k_{\min}}^* = \frac{\beta}{\kappa - k_{\min}} + \mathcal{O}(\beta^2) \simeq \frac{\beta}{\kappa} . \quad (3.62)$$

For $\theta_{k_{\max}}^*$, we need to develop Eq. (3.9) in terms of $\kappa/k_{\max} \rightarrow 0$ instead. In this case, we obtain

$$\theta_{k_{\max}}^* = \frac{1}{\alpha} + \mathcal{O}\left(\frac{\kappa}{k_{\max}}\right) \simeq \frac{1}{\alpha} . \quad (3.63)$$

3.13 Complément

3.13.1 Relations entre les formalismes

Dans ce chapitre, nous avons considéré et comparé un ensemble important de formalismes pour la dynamique SIS sur réseaux issus du modèle des configurations. À la figure 3.12, nous avons résumé certaines des relations qui existent entre ces formalismes, prenant la forme de limites.

Remarque : Bien que nous n'ayons pas pu relier explicitement les formalismes PQMF et HPA (RNA dans la limite $\omega \rightarrow 0$), la similarité des résultats concernant le seuil de transition de phase suggère que ces deux formalismes pourraient être équivalents dans le cadre du modèle des configurations dans la limite $N \rightarrow \infty$. Les deux considèrent la corrélation dynamique et permettent de saisir l'activation localisée (autour des noeuds de haut degré).

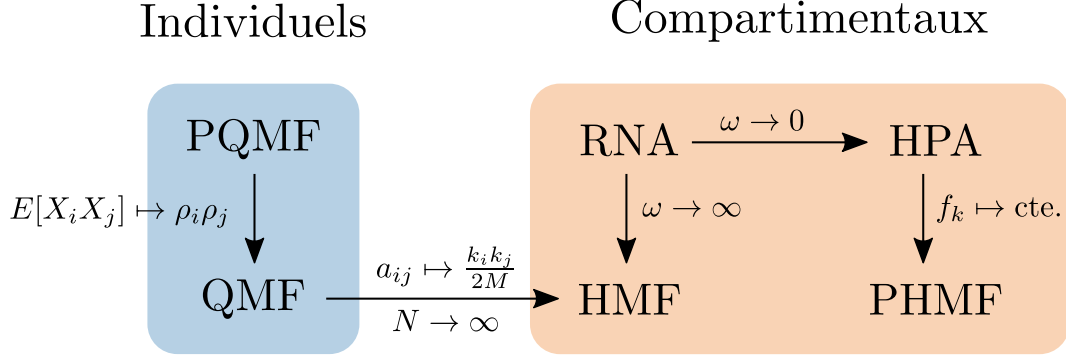


FIGURE 3.12 – Schéma des relations entre les formalismes mathématiques introduits.

3.13.2 Développement pour la solution stationnaire

Nous retraçons les étapes menant à la solution stationnaire pour θ_k^* à partir du système d'équations (3.4). D'abord, on peut exprimer les premiers moments de s_{kl} et de i_{kl} selon

$$\sum_l s_{kl} = (1 - \rho_k), \quad \sum_l i_{kl} = \rho_k, \quad \sum_l l s_{kl} = (1 - \rho_k) \theta_k k, \quad \sum_l l i_{kl} = \rho_k \phi_k k. \quad (3.64)$$

Nous retrouvons alors l'évolution temporelle des probabilités θ_k et ϕ_k par la dérivée en chaîne

$$\dot{\theta}_k = \frac{\sum_l \dot{s}_{kl} l}{(1 - \rho_k) k} + \frac{\dot{\rho}_k \theta_k}{1 - \rho_k}, \quad (3.65a)$$

$$\dot{\phi}_k = \frac{\sum_l \dot{i}_{kl} l}{\rho_k k} - \frac{\dot{\rho}_k \phi_k}{\rho_k}. \quad (3.65b)$$

En explicitant la somme sur l aux équations (3.65a) et (3.65b), on obtient

$$\begin{aligned} \dot{\theta}_k = & \frac{1}{k(1 - \rho_k)} \sum_l \left\{ -\lambda l^2 s_{kl} + l i_{kl} + [1 + \omega(1 - \Theta)] [l(l+1) s_{k(l+1)} - l^2 s_{kl}] \right. \\ & \left. + (\Omega^S + \omega\Theta) [l(k-l+1) s_{k(l-1)} - l(k-l) s_{kl}] \right\} - \frac{\theta_k}{1 - \rho_k} [\rho_k - \lambda k \theta_k (1 - \rho_k)], \end{aligned} \quad (3.66a)$$

$$\begin{aligned} \dot{\phi}_k = & \frac{1}{k \rho_k} \sum_l \left\{ \lambda l^2 s_{kl} - l i_{kl} + [1 + \omega(1 - \Theta)] [l(l+1) i_{k(l+1)} - l^2 i_{kl}] \right. \\ & \left. + (\Omega^I + \omega\Theta) [l(k-l+1) i_{k(l-1)} - l(k-l) i_{kl}] \right\} + \frac{\phi_k}{\rho_k} [\rho_k - \lambda k \theta_k (1 - \rho_k)]. \end{aligned} \quad (3.66b)$$

Avec l'équation (3.64), nous pouvons dégager les relations

$$\sum_l \{l(l+1)s_{k(l+1)} - l^2 s_{kl}\} = -k(1 - \rho_k)\theta_k , \quad (3.67a)$$

$$\sum_l \{l(l+1)i_{k(l+1)} - l^2 i_{kl}\} = -k\rho_k\phi_k , \quad (3.67b)$$

$$\sum_l \{l(k-l+1)s_{k(l-1)} - l(k-l)s_{kl}\} = k(1 - \rho_k)(1 - \theta_k) , \quad (3.67c)$$

$$\sum_l \{l(k-l+1)i_{k(l-1)} - l(k-l)i_{kl}\} = k\rho_k(1 - \phi_k) . \quad (3.67d)$$

En utilisant les équations (3.67) et (3.66), nous obtenons

$$\dot{\theta}_k = -\frac{\lambda}{k(1 - \rho_k)} \sum_l \{l^2 s_{kl}\} + r_k\phi_k + (\Omega^S + \omega\Theta)(1 - \theta_k) - [1 + \omega(1 - \Theta)]\theta_k - \theta_k(r_k - \lambda k\theta_k) , \quad (3.68a)$$

$$\dot{\phi}_k = \frac{\lambda}{k\rho_k} \sum_l \{l^2 s_{kl}\} - \phi_k + (\Omega^I + \omega\Theta)(1 - \phi_k) - [1 + \omega(1 - \Theta)]\phi_k + \phi_k(1 - \lambda k\theta_k r_k^{-1}) , \quad (3.68b)$$

où $r_k \equiv \rho_k/(1 - \rho_k)$. On remarque que les équations (3.68a) et (3.68b) ne dépendent plus de i_{kl} . Dans la limite stationnaire, l'équation (3.1) mène à

$$\rho_k^* = \frac{\lambda k\theta_k^*}{1 + \lambda k\theta_k^*} \quad \text{ou} \quad \lambda k\theta_k^* = \frac{\rho_k^*}{1 - \rho_k^*} = r_k^* . \quad (3.69)$$

En utilisant ce résultat avec l'équation (3.68a) et (3.68b) dans la limite stationnaire, on obtient

$$0 = -\frac{\lambda}{k(1 - \rho_k^*)} \sum_l \{l^2 s_{kl}^*\} + \lambda k\theta_k^*\phi_k^* + (\Omega^{S^*} + \omega\Theta^*)(1 - \theta_k^*) - [1 + \omega(1 - \Theta^*)]\theta_k^* , \quad (3.70a)$$

$$0 = \frac{\lambda}{k(1 - \rho_k^*)} \sum_l \{l^2 s_{kl}^*\} - \lambda k\theta_k^*\phi_k^* + (\Omega^{I^*} + \omega\Theta^*)(1 - \phi_k^*)\lambda k\theta_k^* - [1 + \omega(1 - \Theta^*)]\lambda k\theta_k^*\phi_k^* . \quad (3.70b)$$

En additionnant l'équation (3.70a) et (3.70b), on exprime ϕ_k^* à partir de θ_k^*

$$\phi_k^* = \frac{(\Omega^{S^*} + \omega\Theta^*)(1 - \theta_k^*) - [1 + \omega(1 - \Theta^*)]\theta_k^* + \lambda\theta_k^*k(\Omega^{I^*} + \omega\Theta^*)}{\lambda\theta_k^*k(\Omega^{I^*} + 1 + \omega)} . \quad (3.71)$$

Pour obtenir une forme fermée de θ_k^* , on utilise l'approximation par paires

$$\sum_{l=0}^k l^2 s_{kl}^* \approx (1 - \rho_k^*) \left[k\theta_k^* + k(k-1)\theta_k^{*2} \right] , \quad (3.72)$$

En combinant l'équation (3.70a), (3.71) et (3.72), nous obtenons l'équation de contrainte

$$0 = \theta_k^{*2}(k-1)\alpha + \theta_k^*(\kappa - k) - \beta , \quad (3.73)$$

avec les paramètres définis selon

$$\alpha = \frac{1 + \omega + \Omega^{I*}}{\Omega^{I*} + \omega\Theta^*}, \quad \beta = \frac{(\Omega^{S*} + \omega\Theta^*)(2 + \omega + \Omega^{I*})}{\lambda(\Omega^{I*} + \omega\Theta^*)}, \quad \kappa = \frac{(\lambda + 1 + \Omega^{S*} + \omega)(2 + \omega + \Omega^{I*}) - \lambda}{\lambda(\Omega^{I*} + \omega\Theta^*)}. \quad (3.74)$$

L'équation (3.73) mène finalement à la solution

$$\theta_k^*(\omega, \lambda) = \begin{cases} \frac{\beta}{\kappa - 1} & \text{if } k = 1, \\ \frac{k - \kappa + \sqrt{(k - \kappa)^2 + 4\alpha\beta(k - 1)}}{2\alpha(k - 1)} & \text{if } k > 1, \end{cases} \quad (3.75)$$

où le signe positif en avant de la racine est choisi pour que θ_k^* soit positif.

3.13.3 Conservation des types de liens

Comme il est mentionné à la section 1.3.1, une contrainte fondamentale pour la dynamique SIS est la conservation des densités moyennes de noeuds dans chaque état, soit

$$\rho^I + \rho^S = 1. \quad (3.76)$$

Pour une dynamique sur réseaux, on peut aussi dégager la contrainte de conservation des densités moyennes de chaque type de liens. Soit ρ^{AB} la densité moyenne par noeud de liens reliant un noeud dans un état A à un autre dans un état B . La conservation des densités correspond à l'équation suivante

$$\rho^{SS} + \rho^{II} + 2\rho^{SI} = \langle k \rangle, \quad (3.77)$$

où nous avons utilisé le fait que $\rho^{SI} = \rho^{IS}$. Ces densités peuvent s'écrire comme

$$\rho^{SS} = \langle (1 - \rho_k)(1 - \theta_k)k \rangle, \quad (3.78a)$$

$$\rho^{II} = \langle \rho_k \phi_k k \rangle, \quad (3.78b)$$

$$\rho^{SI} = \langle (1 - \rho_k)\theta_k k \rangle. \quad (3.78c)$$

Dans la limite stationnaire, en utilisant (3.69) et (3.78), la contrainte de conservation devient

$$\begin{aligned} \left\langle \left(\frac{1}{1 + \lambda\theta_k^*k} \right) [\lambda\theta_k^*\phi_k^*k^2 + (1 - \theta_k^*)k + 2\theta_k^*k - (1 + \lambda\theta_k^*k)k] \right\rangle &= 0, \\ \left\langle \left(\frac{\theta_k^*k}{1 + \lambda\theta_k^*k} \right) [\lambda\phi_k^*k + 1 - \lambda k] \right\rangle &= 0. \end{aligned} \quad (3.79)$$

En combinant l'équation (3.71) et (3.79), on obtient

$$\left\langle \left(\frac{k}{1 + \lambda\theta_k^*k} \right) \left(\Omega^{S*} + \omega\Theta^* + \theta_k^* \left\{ \Omega^{I*} - \Omega^{S*} - \lambda k [1 + \omega(1 - \Theta^*)] \right\} \right) \right\rangle = 0. \quad (3.80)$$

Nous pouvons vérifier que le développement perturbatif introduit à la section 3.6.2 respecte la contrainte de conservation des densités moyennes de chaque type de liens, si on néglige les termes $\mathcal{O}(\beta^2)$. En utilisant les développements au premier ordre des observables aux équations (3.15) et (3.17) dans l'équation (3.80), on obtient

$$\left\langle k \left(\frac{\lambda \langle f_k k(k-1) \rangle}{\langle k \rangle} + \omega \frac{\lambda \langle f_k k^2 \rangle}{\langle k \rangle} + f_k [\lambda - \lambda k(1 + \omega)] \right) \right\rangle \beta + \mathcal{O}(\beta^2) = 0 ,$$

$$\underbrace{[\lambda \langle f_k k(k-1) \rangle + \omega \lambda \langle f_k k^2 \rangle + \lambda \langle f_k k \rangle - \lambda(1 + \omega) \langle f_k k^2 \rangle]}_0 \beta + \mathcal{O}(\beta^2) = 0 , \quad (3.81)$$

Par conséquent, l'équation (3.80) ne constitue pas une contrainte supplémentaire sur les distributions stationnaires dans le cadre du développement perturbatif. Plus intéressant encore, cela implique (heureusement) que l'expression pour le seuil λ_c respecte naturellement cette contrainte fondamentale.

3.13.4 Développement alternatif des exposants critiques

Suite à la soumission de l'article, nous avons développé une approche alternative pour la caractérisation des exposants critiques. Celle-ci est moins rigoureuse que l'approche de la section 3.8, mais elle est plus simple et permet de fixer directement les exposants, sans avoir à les borner. Les résultats de ce développement doivent présentement être considérés comme des *conjectures* qui pourront être confirmées par des travaux futurs.

Nous considérons encore une distribution des degrés en loi de puissance $P(k) \sim k^{-\gamma}$ dans la limite $k_{\max} \rightarrow \infty$. De plus, nous considérons la limite quasi-statique ($\omega \rightarrow 0$)¹ afin de simplifier l'analyse. L'astuce est de déterminer les deux régions où θ_k^* possède des comportements différents. Comme montré à la section 3.12, nous avons que

$$\theta_k^* \approx \begin{cases} \frac{\beta}{\kappa} \simeq \Omega^{S^*} & \text{si } \kappa \gg k , \\ \frac{1}{\alpha} \simeq \Omega^{I^*} & \text{si } \kappa \ll k . \end{cases} \quad (3.82)$$

Le paramètre κ permet alors de délimiter ces deux régions.

Nous pouvons déterminer le comportement dominant des observables près de la transition de phase en séparant le domaine d'intégration sur ces deux régions. Nous négligeons les facteurs multiplicatifs constants (et non nuls) sans perte de généralité. Estimons Ω^{S^*} à partir de l'équation (3.8)

$$\Omega^{S^*} \sim \int_{k_{\min}}^{\infty} \frac{\lambda \theta_k^* k^{2-\gamma}}{1 + \lambda \theta_k^* k} dk ,$$

$$\approx \underbrace{\int_{k_{\min}}^{\kappa} \frac{\lambda \Omega^{S^*} k^{2-\gamma}}{1 + \lambda \Omega^{S^*} k} dk}_{I_1} + \underbrace{\int_{\kappa}^{\infty} \frac{\lambda \Omega^{I^*} k^{2-\gamma}}{1 + \lambda \Omega^{I^*} k} dk}_{I_2} , \quad (3.83)$$

1. Comme ce fut démontré à la section 3.8, un taux ω fini n'influence pas les exposants critiques.

où nous avons remplacé θ_k^* par son comportement approximatif dans ces deux régions. Évaluons I_1 d'abord. Le terme $\lambda\Omega^{S^*}k \ll 1$ sur la majorité du domaine d'intégration, car la borne supérieure $\kappa \sim (\lambda\Omega^{I^*})^{-1}$ selon l'équation (3.10) et $\Omega^{I^*} > \Omega^{S^*}$. On approxime alors I_1 par

$$I_1 \approx \int_{k_{\min}}^{\kappa} \lambda\Omega^{S^*} k^{2-\gamma} dk ,$$

$$\sim \begin{cases} \lambda\Omega^{S^*} \kappa^{3-\gamma} & \text{si } \gamma < 3 , \\ \lambda\Omega^{S^*} & \text{si } \gamma \geq 3 . \end{cases} \quad (3.84)$$

Pour I_2 , le terme $\lambda\Omega^{I^*}k > 1$ sur tout le domaine d'intégration. On pose le changement de variable $z = k\kappa^{-1}$, menant à

$$I_2 = \lambda\Omega^{I^*} \kappa^{3-\gamma} \int_1^{\infty} \frac{z^{2-\gamma}}{1 + \lambda\Omega^{I^*} \kappa z} dz . \quad (3.85)$$

Près de la transition de phase, l'intégrale dans l'équation précédente tend vers une constante non nulle, bornée supérieurement $\forall \gamma > 2$ et indépendante de λ . En effet, le terme $\lambda\Omega^{I^*} \kappa \sim 1$, menant à un intégrande décroissant en $z^{1-\gamma}$ pour $z \gg 1$. Par conséquent

$$I_2 \sim \lambda\Omega^{I^*} \kappa^{3-\gamma} . \quad (3.86)$$

En analysant le résultat des intégrales I_1 et I_2 pour $\gamma < 3$, on conclut que I_2 domine, car $\Omega^{I^*} > \Omega^{S^*}$. Pour $\gamma > 3$, I_2 domine encore, car près de la transition de phase $\lambda \rightarrow 0$; le terme $\lambda\Omega^{S^*}$ ne peut donc pas être le terme dominant pour Ω^{S^*} . Ensuite, en utilisant $\kappa \sim (\lambda\Omega^{I^*})^{-1}$ encore une fois près de la transition de phase, nous avons

$$I_2 \sim (\lambda\Omega^{I^*})^{\gamma-2} \quad (3.87)$$

Par conséquent, le comportement de Ω^{S^*} dépend directement de Ω^{I^*} .

Un développement similaire nous permettrait d'obtenir le terme dominant de Ω^{I^*} , toutefois les bornes obtenues à la section 3.8 sont suffisantes pour fixer complètement son comportement. En effet, puisque $\Omega^{I^*} \sim \theta_{k_{\max}}^*$, on peut directement écrire

$$\Omega^{I^*} \sim \lambda^\psi , \quad (3.88)$$

où ψ est défini comme

$$\psi = \begin{cases} \frac{\gamma-2}{3-\gamma} & \text{si } \gamma \leq 5/2 , \\ 1 & \text{si } \gamma > 5/2 . \end{cases} \quad (3.89)$$

Cela fixe le comportement de Ω^{S^*} , soit

$$\Omega^{S^*} \sim \lambda^\xi , \quad (3.90)$$

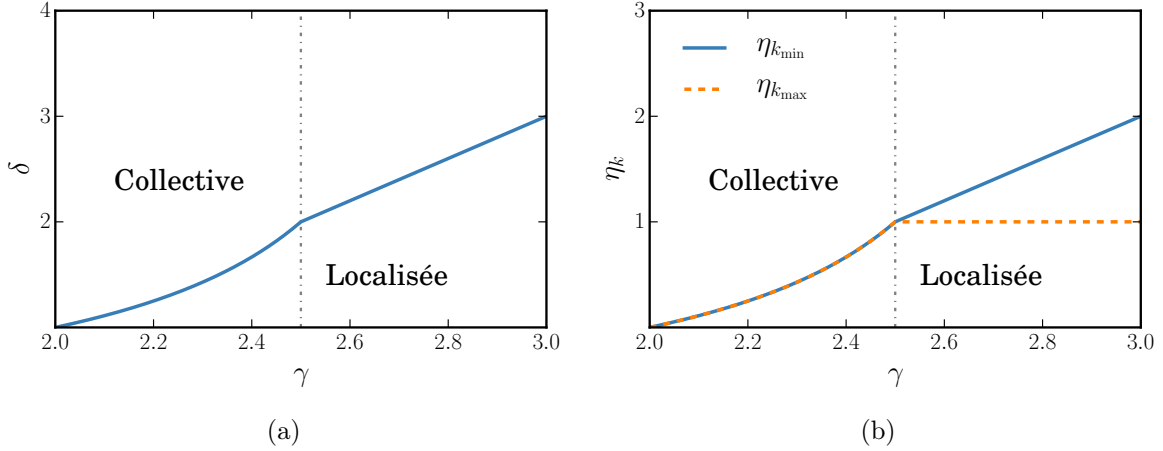


FIGURE 3.13 – Exposants critiques obtenus de notre formalisme pour la dynamique SIS sur réseaux aléatoires issus du modèle des configurations. La distribution des degrés est une loi de puissance $P(k) \sim k^{-\gamma}$ et la limite quasi statique ($\omega \rightarrow 0$) est considérée. La ligne pointillée à $\gamma = 5/2$ sépare les régimes d’activation collective et localisée (autour des noeuds de haut degré). (a) Exposant critique associé à ρ^* . (b) Exposants critiques associés à $\theta_{k_{\min}}^*$ et $\theta_{k_{\max}}^*$.

où ξ est défini comme

$$\xi = \begin{cases} \frac{\gamma - 2}{3 - \gamma} & \text{si } \gamma \leq 5/2, \\ 2\gamma - 4 & \text{si } \gamma > 5/2. \end{cases} \quad (3.91)$$

Par correspondance, cela fixe aussi les exposants critiques pour $\theta_{k_{\min}}^*$ et $\theta_{k_{\max}}^*$, soit $\eta_{k_{\min}} = \xi$ et $\eta_{k_{\max}} = \psi$, ce qui est en accord avec le comportement critique hétérogène prédit à la section 3.8.2. Les exposants sont présentés à la figure 3.13b.

Finalement, nous sommes en mesure de donner une valeur claire à l’exposant critique δ de la densité moyenne de noeuds infectés ρ^* .

$$\rho^* \sim \int_{k_{\min}}^{\infty} \frac{\lambda \theta_k^* k^{1-\gamma}}{1 + \lambda \theta_k^* k} dk. \quad (3.92)$$

On remarque que la forme intégrale diffère de celle à l’équation (3.83) par une simple substitution de $2 - \gamma \mapsto 1 - \gamma$. Les résultats précédents étant généraux pour $\gamma > 2$, ils sont encore valides après cette substitution. En étudiant les différents termes, on conclut que le terme dominant est

$$\rho^* \sim \lambda \Omega^{S^*} \sim \lambda^{\xi+1}. \quad (3.93)$$

Par conséquent, nous avons que

$$\delta = \begin{cases} \frac{1}{3 - \gamma} & \text{si } \gamma \leq 5/2, \\ 2\gamma - 3 & \text{si } \gamma > 5/2. \end{cases} \quad (3.94)$$

L'exposant δ est présenté à la figure 3.13a. Il est intéressant de constater que la valeur obtenue est à l'intérieur des bornes exactes prescrites par la référence [28] ($\gamma - 1 \leq \delta \leq 2\gamma - 3$) pour $\gamma < 5/2$ et correspond exactement à la borne supérieure pour $\gamma \geq 5/2$.

Conclusion et perspectives

Les problèmes de complexité touchent à un large éventail de phénomènes observables, lesquels ne peuvent être compris ou analysés par une approche réductionniste. Ce constat a grandement motivé l'étude de ce que l'on nomme aujourd'hui les systèmes complexes, dont la notion fondamentale qui leur est associée est celle de propriété collective émergente. Dans ce mémoire, cette notion fut mise de l'avant par l'émergence de la transition de phase pour les dynamiques de propagation.

Les dynamiques stochastiques de propagation permettent de modéliser un ensemble important de phénomènes naturels et sociaux, comme la diffusion d'une rumeur ou d'un virus à l'intérieur d'une population. Dans ce contexte, la transition de phase représente un changement qualitatif du processus stochastique : au-delà d'un certain seuil de transmission, une fraction non nulle de la population est affectée par le processus. Cela peut prendre la forme d'une vidéo virale sur les réseaux sociaux ou littéralement une épidémie biologique associée à un agent pathogène. Bien que dans cet ouvrage nous nous sommes surtout concentrés sur les aspects théoriques de la propagation, la modélisation mathématique des dynamiques de propagation est couramment utilisée par les institutions publiques comme outil de prévention, de prédiction et de contrôle pour les phénomènes mentionnés ci-dessus.

La science des réseaux est devenue incontournable pour formaliser les interactions à l'intérieur d'une population sous la forme d'un graphe. C'est pourquoi l'objectif des travaux présentés était d'étudier la transition de phase associée aux dynamiques de propagation sur réseaux complexes. Afin d'effectuer une analyse rigoureuse et exhaustive, nous nous sommes concentrés sur la dynamique SIS et sur le modèle des configurations standard pour décrire une structure avec une distribution des degrés fixée.

Dans ce contexte, nous avons présenté au chapitre 2 une rétrospective des principales approches numériques et analytiques qui furent développées au cours des dernières années. Pour ce qui est des méthodes numériques, nous avons introduit des algorithmes et une analyse en taille finie permettant d'identifier le seuil de la transition de phase et l'exposant critique associé à la densité moyenne de noeuds infectés. Cette analyse est toutefois limitée par la taille du réseau et ne permet pas d'extraire des comportements généraux, ce qui en fait surtout un outil de validation. Au niveau des approches analytiques, nous les avons segmentées en deux fa-

milles : les formalismes individuels et compartimentaux. Le premier type d’approche, bien que précis pour les réseaux finis, est difficilement interprétable dans la limite thermodynamique, ce qui nous a poussés à favoriser les formalismes compartimentaux pour la caractérisation du phénomène critique.

Le chapitre 3 fut dédié à nos contributions originales sur le sujet. Nous avons utilisé une compartimentalisation raffinée des noeuds pour étudier la dynamique SIS sur réseaux aléatoires temporels, échantillonnant l’ensemble associé au modèle des configurations standard. L’analyse des distributions stationnaires qui en découle nous a permis de caractériser le phénomène critique, en obtenant une expression fermée pour le seuil de transition de phase et en obtenant des bornes pour les exposants critiques de certaines observables. Il est important de souligner que c’est, à notre connaissance, la première analyse d’un formalisme compartimental qui permettait d’observer la dichotomie *activation collective* versus *activation localisée* (autour des noeuds de haut degré). Cela nous a d’ailleurs amenés à réinterpréter l’activation localisée comme un *phénomène critique hétérogène*, suivi d’une activation successive des classes de degré. Aussi, le fait de considérer des réseaux aléatoires temporels nous a permis de simuler une dynamique structurelle effective : les interactions humaines étant rarement statiques, cela rajoute à la généralité de l’approche. Mathématiquement, cela nous a amenés à dresser une série de correspondances avec des formalismes existants et à interpoler entre eux, ce qui donne un caractère unificateur à nos travaux.

En prenant du recul par rapport à nos résultats et à ceux des deux dernières décennies, il est intéressant de se poser la question suivante : *la dynamique SIS sur réseaux aléatoires issus du modèle des configurations, et plus particulièrement la transition de phase associée, est-elle bien comprise ?* Bien que ce puisse sembler audacieux, nous pouvons répondre par l’affirmative. En effet, nous sommes en mesure de saisir et de décrire mathématiquement (de manière qualitative du moins) l’ensemble des impacts de la distribution des degrés, telle l’évanescence du seuil critique pour un degré maximal non borné, ou la dichotomie sur le type de transition de phase. Nous avons expliqué les disparités entre les formalismes analytiques existants, et même unifié leurs résultats grâce à une approche compartimentale flexible. Pour poursuivre sur ce sujet, il pourrait toutefois être intéressant de compléter notre approche par une analyse permettant de suivre les fluctuations stochastiques autour des densités moyennes, tel que présenté dans l’article [79]. Aussi, notre analyse s’est limitée aux exposants critiques décrivant la limite stationnaire ($t \rightarrow \infty$) : il serait intéressant d’estimer les exposants critiques *dynamiques* permettant de caractériser notamment le temps de relaxation vers la distribution stationnaire [80, 69].

Bien que l’influence de la distribution des degrés soit désormais bien comprise, la dynamique SIS sur réseaux complexes demeure un sujet qui mérite l’attention des modélisateurs. Il faut par contre aller au-delà de l’hypothèse d’un réseau aléatoire où uniquement la distribution des degrés est fixée. La structure des interactions sociales, que ce soit des interactions physiques

ou virtuelles à travers les réseaux sociaux, possède un niveau d'organisation bien plus riche que ce que le modèle des configurations nous permet de représenter.

L'aspect *hiérarchique* des structures sociales doit inévitablement être considéré. Herbert A. Simon dans *The Architecture of Complexity* [88] illustre bien le fait que plusieurs des systèmes complexes sont des objets qui peuvent être partitionnés en sous-systèmes, à différents niveaux, et ce de manière récursive. Par exemple, la société peut être étudiée et partitionnée au niveau des ménages, lesquels se retrouvent dans des villes, puis des provinces, et ainsi de suite. À chaque niveau, les dynamiques de propagation peuvent prendre une forme différente par l'émergence de propriétés nouvelles. Afin d'analyser les systèmes hiérarchiques, on peut utiliser le fait que les sous-systèmes sont aussi souvent presque indépendants les uns des autres : l'interaction entre deux individus de pays différents est moins fréquente que celle à l'intérieur d'un même village. Cette *modularité* des structures pourrait notamment être appréhendée via des modèles génératifs de réseaux aléatoires, comme le modèle stochastique par blocs [46].

Une autre approche intéressante pour inclure une organisation structurelle plus raffinée utilise les relations entre les réseaux complexes et les *espaces métriques*. Par exemple, si on considère la propagation d'un virus biologique sur le globe, on sait que la structure des contacts entre individus est fortement influencée par le fait que les gens sont, la plupart du temps, situés dans une région fixe d'un espace localement euclidien en deux dimensions. D'autre part, l'espace métrique n'a pas besoin d'être directement relié à un espace physique réel, ce qui en fait un outil de modélisation très général. Les modèles génératifs où les noeuds possèdent des variables cachées [17] ou sont disposés dans un espace hyperbolique [64] permettent notamment de générer simplement des ensembles de réseaux aléatoires plus riches et réalistes que le modèle des configurations. Cette approche pourrait donc s'avérer complémentaire à une description hiérarchique des réseaux complexes.

Aussi, la variation temporelle de la structure attire beaucoup l'attention dans le domaine des dynamiques de propagation sur réseaux [57, 82]. Bien que dans cet ouvrage nous ayons considéré une dynamique effective pour la structure, celle-ci correspond à un processus de Poisson, menant à une distribution exponentielle des temps de vie pour chaque lien. Toutefois, l'acquisition de données empiriques nous informe que la distribution réelle est plutôt hétérogène, mieux représentée par une loi de puissance [27] (encore une fois). Considérer cette hétérogénéité temporelle dans le contexte des formalismes compartimentaux et de la dynamique SIS pourrait s'avérer une avenue intéressante.

Finalement, bien que l'on s'efforce de généraliser les interactions par une représentation mathématique universelle, le graphe, il ne faut pas oublier que chaque noeud du réseau peut être lui-même un système complexe, possédant ses particularités et possiblement doté d'une capacité d'adaptation. Par exemple, un humain conscient que son entourage est infecté risque de limiter ses interactions ou changer ses fréquentations pour des gens en santé. Ce type de

rétroaction est étudié sous le cadre des *réseaux adaptatifs* [53, 54, 68], un champ de recherche qui pourrait certainement inspirer nos travaux futurs.

Annexe A

Méthodes numériques

A.1 Algorithme de Gillespie

Méthode standard

Pour implémenter numériquement la chaîne de Markov décrivant la dynamique SIS, la méthode de Gillespie standard consiste à garder en mémoire deux ensembles¹ : $\mathcal{V}^I = \{i \in \mathcal{V} | X_i = 1\}$ l'ensemble des noeuds infectés et $\mathcal{E}^{SI} = \{(i, j) \in \mathcal{E} | X_i = 0 \wedge X_j = 1\}$ l'ensemble des liens entre un noeud susceptible et infecté. De plus, la probabilité de transition de l'équation (2.14) est segmentée en un produit de plusieurs probabilités de transition, prenant la forme d'un arbre de décision tel que présenté à la figure A.1.

1. Une combinaison des conteneurs *vector* et *set* fut utilisée en C++.

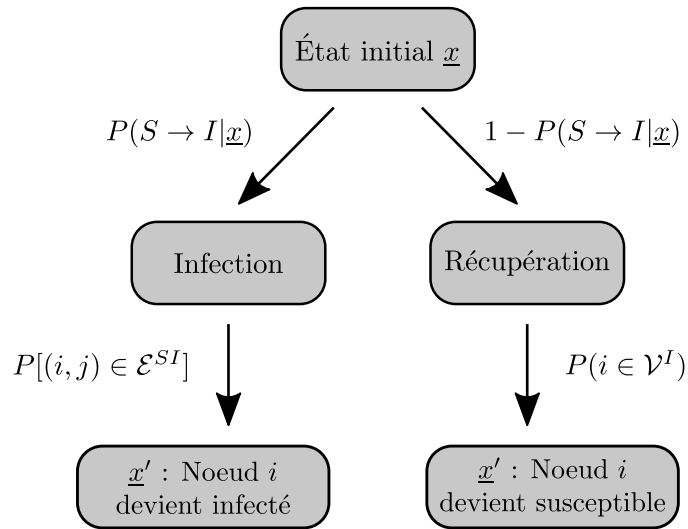


FIGURE A.1 – Arbre de décision pour l'algorithme de Gillespie standard.

La probabilité d'un évènement d'infection $P(S \rightarrow I|\underline{x})$, la probabilité de choisir un lien (i, j) pour un évènement d'infection $P[(i, j) \in \mathcal{E}^{SI}]$ et la probabilité de choisir un noeud i pour un évènement de récupération $P(i \in \mathcal{V}^I)$ s'expriment

$$P(S \rightarrow I|\underline{x}) = \frac{\lambda|\mathcal{E}^{SI}|}{\lambda|\mathcal{E}^{SI}| + |\mathcal{V}^I|} , \quad (\text{A.1})$$

$$P[(i, j) \in \mathcal{E}^{SI}] = |\mathcal{E}^{SI}|^{-1} , \quad (\text{A.2})$$

$$P(i \in \mathcal{V}^I) = |\mathcal{V}^I|^{-1} . \quad (\text{A.3})$$

En théorie, chaque temps de vie devrait être tiré de la distribution associée à l'équation (2.13), mais puisque l'on s'intéresse au comportement typique associée à une séquence d'états \mathcal{L}_x , nous utilisons $\Delta t \equiv E[\Delta T(\underline{x})]$ directement [30, 37]. C'est équivalent à effectuer le moyennage de chaque séquence \mathcal{L}_x sur l'ensemble des séquences temporelles possibles. Le temps de vie moyen d'un état pour l'algorithme de Gillespie standard est simplement

$$E[\Delta T(\underline{x})] = \frac{1}{\lambda|\mathcal{E}^{SI}| + |\mathcal{V}^I|} . \quad (\text{A.4})$$

On remarque que les probabilités de transition et le temps de vie moyen s'expriment tous directement à partir de la taille des ensembles, ce qui rend la méthode simple à implémenter. L'utilisation successive de l'algorithme 1 permet d'obtenir un échantillonnage \mathcal{S} , où chaque étape de transition $\underline{x} \rightarrow \underline{x}'$ nécessite $\mathcal{O}(|\mathcal{E}^{SI}|)$ opérations.

Algorithm 1 Algorithme de Gillespie standard

```

function GILLESPIE_STEP( $\underline{x}$ )
   $p \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in [0, 1]$ 
  if  $p < P(S \rightarrow I|\underline{x})$  then                                      $\triangleright$  Évènement d'infection
     $(i, j) \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in \mathcal{E}^{SI}$ 
     $x_i \rightarrow 1$ 
  else                                                              $\triangleright$  Évènement de récupération
     $i \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in \mathcal{V}^I$ 
     $x_i \rightarrow 0$ 
  end if
   $\underline{x}' \leftarrow \underline{x}$ 
   $\Delta t \leftarrow E[\Delta T(\underline{x}')]
  return  $\underline{x}', \Delta t$ 
end function$ 
```

Méthode améliorée

Puisque la taille de l'ensemble \mathcal{E}^{SI} peut être très grande, surtout pour des réseaux avec une distribution des degrés très hétérogène (telles les distributions en loi de puissance), une option plus efficace dans le contexte des dynamiques de propagation, la méthode de Gillespie améliorée, fut proposée [30]. La différence fondamentale avec la méthode standard est l'utilisation d'évènements *fantômes*, où l'état après l'évènement reste le même ($\underline{x}' = \underline{x}$).

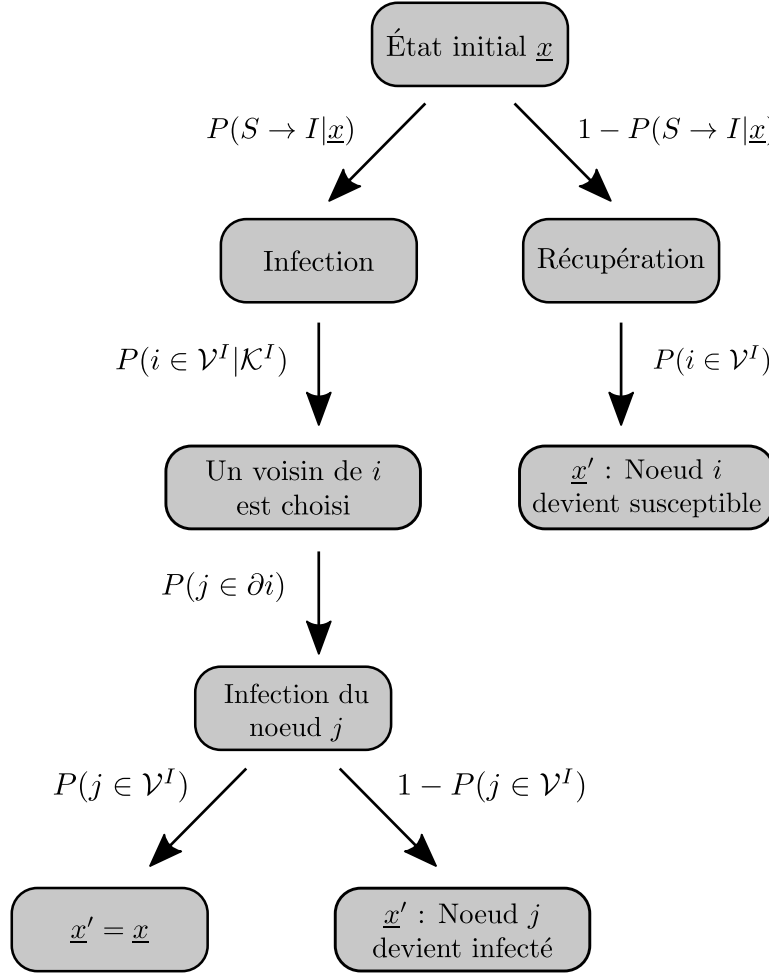


FIGURE A.2 – Arbre de décision pour l’algorithme de Gillespie amélioré.

Deux ensembles sont nécessaires, encore une fois $\mathcal{V}^I = \{i \in \mathcal{V} | X_i = 1\}$ l’ensemble des noeuds infectés et $\mathcal{K}^I = \{k_i \forall i \in \mathcal{V}^I\}$ l’ensemble des degrés des noeuds infectés. La probabilité de transition de l’équation (2.14) est encore une fois segmentée en un produit de plusieurs probabilités de transition, prenant la forme d’un arbre de décision tel que présenté à la figure A.2. Comme on peut le voir, les évènements de récupération sont identiques à la méthode standard.

Pour les évènements d’infection, au lieu de choisir un lien entre un noeud infecté et un noeud susceptible, on choisit aléatoirement un noeud infecté, proportionnellement à son degré, avec probabilité $P(i \in \mathcal{V}^I | \mathcal{K}^I)$. Ensuite, on choisit aléatoirement un voisin avec probabilité $P(j \in$

∂i) et celui-ci devient infecté s'il ne l'est pas déjà. Les probabilités s'expriment

$$P(S \rightarrow I|\underline{x}) = \frac{\lambda \sum_{k \in \mathcal{K}^I} k}{\lambda \sum_{k \in \mathcal{K}^I} k + |\mathcal{V}^I|} , \quad (\text{A.5})$$

$$P(i \in \mathcal{V}^I | \mathcal{K}^I) = \frac{k_i}{\sum_{k \in \mathcal{K}^I} k} , \quad (\text{A.6})$$

$$P(j \in \partial i) = \frac{1}{k_i} . \quad (\text{A.7})$$

Le temps de vie moyen d'un état pour l'algorithme de Gillespie amélioré est

$$E[\Delta T(\underline{x})] = \frac{1}{\lambda \sum_{k \in \mathcal{K}^I} k + |\mathcal{V}^I|} . \quad (\text{A.8})$$

On remarque que $E[\Delta T(\underline{x})]$ est sous-estimé, car $\sum_{k \in \mathcal{K}^I} k$ surestime le nombre de liens entre un individu susceptible et un individu infecté. Cela fait aussi en sorte que la probabilité d'un évènement d'infection est surestimée. Ces modifications sont contre-balancées par la probabilité non nulle d'évènements fantômes où l'état ne change pas. En somme, cette méthode mène aussi à une chaîne de Markov statistiquement équivalente au processus continu.

L'utilisation successive de l'algorithme 2 permet d'obtenir un échantillonnage \mathcal{S} , où chaque étape de transition $\underline{x} \rightarrow \underline{x}'$ nécessite $\mathcal{O}(|\mathcal{V}^I|)$ opérations. Pour des réseaux hétérogènes, c'est une nette amélioration par rapport à l'algorithme standard.

Algorithm 2 Algorithme de Gillespie amélioré

```

function GILLESPIE_STEP( $\underline{x}$ )
   $p \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in [0, 1]$ 
  if  $p < P(S \rightarrow I|\underline{x})$  then ▷ Évènement d'infection
     $i \leftarrow$  aléatoire, proportionnel au degré  $\in \mathcal{V}^I$ 
     $j \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in \partial i$ 
    if  $x_j = 0$  then
       $x_j \rightarrow 1$ 
    end if
  else ▷ Évènement de récupération
     $i \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in \mathcal{V}^I$ 
     $x_i \rightarrow 0$ 
  end if
   $\underline{x}' \leftarrow \underline{x}$ 
   $\Delta t \leftarrow E[\Delta T(\underline{x}')]
  return  $\underline{x}', \Delta t$ 
end function$ 
```

A.2 Algorithme d'échantillonnage quasi-stationnaire

Pour implémenter l'algorithme d'échantillonnage quasi-stationnaire, il faudrait garder en mémoire une longue séquence d'états $\mathcal{L}_x = (\underline{x}^{(1)}, \underline{x}^{(2)}, \dots)$. Chaque fois que le système tomberait

sur l'état absorbant, on remplacerait l'état du système par un état aléatoirement pigé dans la séquence, proportionnellement au temps de vie de chaque état. Un problème avec cette méthode est que la taille de la séquence \mathcal{L}_x croît continuellement lors de l'échantillonnage. En pratique, on désire mesurer certaines propriétés du réseau pour chaque observation d'un état, sans avoir à garder en mémoire \mathcal{L}_x au complet.

Par conséquent, une manière plus judicieuse de procéder implique de conserver un historique des états \mathcal{H} de taille $|\mathcal{H}|$ finie. Cet historique est mis à jour avec probabilité $a\Delta t$, ou a est un facteur constant, à chaque fois que le système visite un état \underline{x} . Un état aléatoire choisi uniformément dans l'historique \mathcal{H} est enlevé et remplacé par l'état \underline{x} . Si le facteur de mise à jour a et la taille $|\mathcal{H}|$ sont choisis correctement de manière à ce que les états dans \mathcal{H} ne soit pas corrélés entre eux², l'historique \mathcal{H} est représentatif de la distribution quasi-stationnaire ; à chaque fois que le système visite l'état absorbant, il est remplacé par un état choisi aléatoirement et uniformément dans \mathcal{H} . Le tout est compilé dans l'algorithme 3.

Algorithm 3 Algorithme de la distribution quasi-stationnaire

```

function QS_STEP( $\underline{x}$ )
   $\underline{x}', \Delta t \leftarrow \text{GILLESPIE\_STEP}(\underline{x})$ 
   $p \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in [0, 1]$ 
  if  $p < a\Delta t$  then
     $\underline{y} \leftarrow$  aléatoire, uniformément  $\in \mathcal{H}$ 
    Enlève  $\underline{y}$  de  $\mathcal{H}$ 
    Ajoute  $\underline{x}'$  dans  $\mathcal{H}$ 
  end if
  return  $\underline{x}', \Delta t$ 
end function

```

2. Si a est trop grand ou $|\mathcal{H}|$ trop petit, les états dans \mathcal{H} seront corrélés entre eux et avec l'état du système. $a = 0.01$ et $|\mathcal{H}| = 50$ sont utilisés pour l'ensemble des simulations dans ce mémoire.

Annexe B

Démonstrations supplémentaires

B.1 Comportement critique de la dynamique SIR en champ moyen

En divisant l'équation (1.28a) par l'équation (1.28c), on obtient

$$\frac{d\rho^S}{d\rho^R} = -\lambda\rho^S, \quad (\text{B.1})$$

dont la solution est simplement

$$\rho^S(t) = \rho^S(0)e^{-\lambda\rho^R(t)}, \quad (\text{B.2})$$

avec $\rho^R(0) = 0$. Dans la limite $t \rightarrow \infty$, on a que $\rho^I(\infty) = 0$, c'est-à-dire que la dynamique est éteinte. Dans ce cas, $\rho^R(\infty) = 1 - \rho^S(\infty)$. Si de plus on considère $\rho^S(0) \rightarrow 1$, donc une faible densité de noeuds infectés initialement, alors

$$\rho^R(\infty) = 1 - e^{-\lambda\rho^R(\infty)}. \quad (\text{B.3})$$

On remarque que cette contrainte est extrêmement similaire à celle associée à la fraction S des noeuds à l'intérieur de la composante géante dans un graphe aléatoire pure [78]

$$S = 1 - e^{-\langle k \rangle S}. \quad (\text{B.4})$$

En effet, cette similarité n'est pas un hasard : il y a des liens forts entre la dynamique SIR et la percolation sous certaines conditions [22, 62]. Le taux d'infection λ , ici ayant le même rôle que $\langle k \rangle$, détermine le nombre moyen de nouvelles infections créées par un noeud infecté.

Le comportement critique de $\rho^R(\infty)$ est déterminé en prenant $\lambda = 1 + x$, où $x \rightarrow 0$, ce qui implique aussi $\rho^R(\infty) \rightarrow 0$. On pose l'hypothèse que $\rho^R(\infty) = \mathcal{O}(x)$. On peut alors développer l'exponentielle, ce qui mène à

$$\begin{aligned} \rho^R(\infty) &= 1 - \left[1 - (1+x)\rho^R(\infty) + \frac{(1+x)^2}{2}\rho^R(\infty)^2 \right] + \mathcal{O}(x^3) \\ &= (1+x)\rho^R(\infty) - (1+2x)\frac{\rho^R(\infty)^2}{2} + \mathcal{O}(x^2) \end{aligned} \quad (\text{B.5})$$

En réarrangeant les termes, on arrive à

$$\rho^R(\infty) = 2x + \mathcal{O}(x^2) , \quad (\text{B.6})$$

ce qui est cohérent avec l'hypothèse initiale.

B.2 Évolution de la distribution marginale des noeuds infectés

À partir de l'équation maîtresse (2.4), il est possible de démontrer l'équation (2.23) régissant l'évolution temporelle de la distribution marginale des noeuds infectés $P[X_i(t) = 1] \equiv \rho_i(t)$. D'abord, on sait que cette distribution marginale correspond à

$$\rho_i = \sum_{\underline{x} \in F^N} p(\underline{x}, t) \delta_{x_i, 1} . \quad (\text{B.7})$$

Par conséquent, on somme l'équation maîtresse sur toutes les configurations $\underline{x} \in F^N$ où $x_i = 1$, ce qui donne

$$\frac{d\rho_i}{dt} = \sum_{\underline{x}', \underline{x} \in F^N} \delta_{x_i, 1} \{w(\underline{x}' \rightarrow \underline{x})p(\underline{x}', t) - w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')p(\underline{x}, t)\} . \quad (\text{B.8})$$

Ensuite, on sait que $w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}') = 0$ si $d(\underline{x}, \underline{x}') \neq 1$, où $d(\underline{x}, \underline{x}')$ est la distance de Hamming¹. Par conséquent, on peut rajouter une contrainte supplémentaire à l'équation de la distribution marginale

$$\frac{d\rho_i}{dt} = \sum_{\underline{x}', \underline{x} \in F^N} \delta_{d(\underline{x}, \underline{x}'), 1} \delta_{x_i, 1} \{w(\underline{x}' \rightarrow \underline{x})p(\underline{x}', t) - w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')p(\underline{x}, t)\} . \quad (\text{B.9})$$

Maintenant, voici une remarque astucieuse

$$\sum_{\underline{x}', \underline{x} \in F^N} \delta_{d(\underline{x}, \underline{x}'), 1} \delta_{x_i, 1} \boxed{\delta_{x'_i, 1}} \{w(\underline{x}' \rightarrow \underline{x})p(\underline{x}', t) - w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')p(\underline{x}, t)\} = 0 , \quad (\text{B.10})$$

par symétrie du terme entre accolades suite à l'ajout de $\delta_{x'_i, 1}$. Par conséquent, l'équation de la distribution marginale est réécrite comme

$$\frac{d\rho_i}{dt} = \sum_{\underline{x}', \underline{x} \in F^N} \delta_{d(\underline{x}, \underline{x}'), 1} \delta_{x_i, 1} \delta_{x'_i, 0} \{w(\underline{x}' \rightarrow \underline{x})p(\underline{x}', t) - w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}')p(\underline{x}, t)\} . \quad (\text{B.11})$$

Nous pouvons maintenant simplifier la forme de celle-ci. D'abord,

$$\sum_{\underline{x} \in F^N} \left(\delta_{d(\underline{x}, \underline{x}'), 1} \delta_{x_i, 1} \delta_{x'_i, 0} \right) w(\underline{x}' \rightarrow \underline{x}) = \delta_{x'_i, 0} \lambda \sum_{j \in \partial i} a_{ij} x'_j , \quad (\text{B.12})$$

$$\sum_{\underline{x}' \in F^N} \left(\delta_{d(\underline{x}, \underline{x}'), 1} \delta_{x_i, 1} \delta_{x'_i, 0} \right) w(\underline{x} \rightarrow \underline{x}') = \delta_{x_i, 1} , \quad (\text{B.13})$$

1. La distance de Hamming retourne le nombre d'éléments différents entre les deux vecteurs.

car uniquement les taux impliquant le noeud i sont alors nécessaires. De plus, en utilisant la représentation binaire à notre avantage, on note que

$$\delta_{x_i,1} = x_i , \tag{B.14}$$

$$\delta_{x'_i,0} = 1 - x'_i . \tag{B.15}$$

L'équation d'évolution pour la distribution marginale prend alors la forme suivante

$$\frac{d\rho_i}{dt} = \sum_{\underline{x}' \in F^N} \left[(1 - x'_i) \lambda \sum_{j \in \partial i} a_{ij} x'_j p(\underline{x}', t) \right] - \sum_{\underline{x} \in F^N} x_i p(\underline{x}, t) , \tag{B.16}$$

pouvant être réécrite comme l'équation (2.23) en utilisant la notation $E[\cdots]$ pour représenter l'espérance.

Bibliographie

- [1] *The Colorado Index of Complex Networks (ICON)*, 2017.
- [2] ALBERT, R. ET BARABÁSI, A.-L., *Statistical mechanics of complex networks*, Rev. Mod. Phys., 74 (2002), p. 47–97.
- [3] AMARAL, L. A. N., SCALA, A., BARTHÉLÉMY, M. ET STANLEY, H. E., *Classes of small-world networks*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 97 (2000), p. 11149–11152.
- [4] ANDERSON, P. W., *More is different*, Science, 177 (1972), p. 393–396.
- [5] ANDERSON, R. M. ET MAY, R. M., *Infectious Diseases of Humans : Dynamics and Control*, Oxford Science Publications, 1991.
- [6] ARMBRUSTER, B. ET BECK, E., *An elementary proof of convergence to the mean-field equations for an epidemic model*, IMA Journal of Applied Mathematics, 82 (2017), p. 152–157.
- [7] BARABÁSI, A.-L., *The network takeover*, Nat. Phys., 8 (2012), p. 14–16.
- [8] BARABÁSI, A.-L. ET ALBERT, R., *Emergence of scaling in random networks*, Science, 286 (1999), p. 509–512.
- [9] BARRAT, A., BARTHELEMY, M. ET VESPIGNANI, A., *Dynamical Processes on Complex Networks*, Cambridge University Press, 2008.
- [10] BEARMAN, P. S., *Social organization of an urban grants economy*, Social Forces, 66 (1988), p. 846–847.
- [11] BEVERIDGE, A. ET SHAN, J., *Network of thrones*, Math Horizons, 23 (2016), p. 18–22.
- [12] BIANCONI, G., *Entropy of network ensembles*, Phys. Rev. E, 79 (2009), p 036114.
- [13] BLANCHET, J., GLYNN, P. ET ZHENG, S., *Theoretical analysis of a stochastic approximation approach for computing quasi-stationary distributions*, arXiv :1401.0364, (2014).
- [14] BOCCALETTI, S., LATORA, V., MORENO, Y., CHAVEZ, M. ET HWANG, D.-U., *Complex networks : Structure and dynamics*, Phys. Rep., 424 (2006), p. 175 – 308.

- [15] BOGUÑÁ, M., CASTELLANO, C. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Nature of the epidemic threshold for the susceptible-infected-susceptible dynamics in networks*, Phys. Rev. Lett., 111 (2013), p 068701.
- [16] BOGUÑÁ, M. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Epidemic spreading in correlated complex networks*, Phys. Rev. E, 66 (2002), p 047104.
- [17] ———, *Class of correlated random networks with hidden variables*, Phys. Rev. E, 68 (2003), p 036112.
- [18] BOGUÑÁ, M., PASTOR-SATORRAS, R. ET VESPIGNANI, A., *Cut-offs and finite size effects in scale-free networks*, Eur. Phys. J. B, 38 (2004), p. 205–209.
- [19] BOWER, J. M. ET BOLOURI, H., *Computational Modeling of Genetic and Biochemical Networks*, MIT press, 2001.
- [20] BROIDO, A. ET AARON, C., *Scale-free networks are rare*, Présenté lors de la conférence NetSci, Indianapolis, IN, USA, 2017.
- [21] CAI, C.-R., WU, Z.-X., CHEN, M. Z. Q., HOLME, P. ET GUAN, J.-Y., *Solving the dynamic correlation problem of the susceptible-infected-susceptible model on networks*, Phys. Rev. Lett., 116 (2016), p 258301.
- [22] CARDY, J. L. ET GRASSBERGER, P., *Epidemic models and percolation*, J. Phys. A, 18 (1985), p L267.
- [23] CASTELLANO, C. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Thresholds for epidemic spreading in networks*, Phys. Rev. Lett., 105 (2010), p 218701.
- [24] ———, *Competing activation mechanisms in epidemics on networks*, Sci. Rep., 2 (2012), p 371.
- [25] CATANZARO, M., BOGUÑÁ, M. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Generation of uncorrelated random scale-free networks*, Phys. Rev. E, 71 (2005), p 027103.
- [26] CATOR, E. ET VAN MIEGHEM, P., *Second-order mean-field susceptible-infected-susceptible epidemic threshold*, Phys. Rev. E, 85 (2012), p 056111.
- [27] CATTUTO, C., BROECK, W.V. D. , BARRAT, A., COLIZZA, V., PINTON, J.-F. ET VESPIGNANI, A., *Dynamics of person-to-person interactions from distributed rfid sensor networks*, PLOS ONE, 5 (2010), p. 1–9.
- [28] CHATTERJEE, S. ET DURRETT, R., *Contact processes on random graphs with power law degree distributions have critical value 0*, Ann. Probab., 37 (2009), p. 2332–2356.
- [29] CHUNG, F., LU, L. ET VU, V., *Spectra of random graphs with given expected degrees*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 100 (2003), p. 6313–6318.

- [30] COTA, W. ET FERREIRA, S. C., *Optimized Gillespie algorithms for the simulation of Markovian epidemic processes on large and heterogeneous networks*, arXiv :1704.01557, (2017).
- [31] COTA, W., FERREIRA, S. C. ET ÓDOR, G., *Griffiths effects of the susceptible-infected-susceptible epidemic model on random power-law networks*, Phys. Rev. E, 93 (2016), p 032322.
- [32] DE DOMENICO, M., LIMA, A., MOUGEL, P. ET MUSOLESI, M., *The anatomy of a scientific rumor*, Sci. Rep., 3 (2013), p 2980.
- [33] OLIVEIRA, M. M.D. ET DICKMAN, R., *How to simulate the quasistationary state*, Phys. Rev. E, 71 (2005), p 016129.
- [34] FALOUTSOS, M., FALOUTSOS, P. ET FALOUTSOS, C., *On power-law relationships of the internet topology*, SIGCOMM Comput. Commun. Rev., 29 (1999), p. 251–262.
- [35] FEIGENBAUM, M. J., *Universal behavior in nonlinear systems*, Physica D, 7 (1983), p. 16–39.
- [36] FENNELL, P. G., MELNIK, S. ET GLEESON, J. P., *Limitations of discrete-time approaches to continuous-time contagion dynamics*, Phys. Rev. E, 94 (2016), p 052125.
- [37] FERREIRA, S. C., CASTELLANO, C. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Epidemic thresholds of the susceptible-infected-susceptible model on networks : A comparison of numerical and theoretical results*, Phys. Rev. E, 86 (2012), p 041125.
- [38] FERREIRA, S. C., FERREIRA, R. S. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Quasistationary analysis of the contact process on annealed scale-free networks*, Phys. Rev. E, 83 (2011), p 066113.
- [39] FERREIRA, S. C., SANDER, R. S. ET PASTOR-SATORRAS, R., *Collective versus hub activation of epidemic phases on networks*, Phys. Rev. E, 93 (2016), p 032314.
- [40] FOSDICK, B. K., LARREMORE, D. B., NISHIMURA, J. ET UGANDER, J., *Configuring random graph models with fixed degree sequences*, arXiv :1608.00607, (2016).
- [41] FU, X., SMALL, M. ET CHEN, G., *Propagation Dynamics on Complex Networks : Models, Methods and Stability Analysis*, Wiley Online Library, 2014.
- [42] GANESH, A., MASSOULIE, L. ET TOWSLEY, D., *The effect of network topology on the spread of epidemics*, dans Proceedings IEEE 24th Annual Joint Conference of the IEEE Computer and Communications Societies., vol. 2, March 2005, p. 1455–1466.
- [43] GARDINER, C., *Stochastic Methods*, Springer Series in Synergetics (Springer-Verlag, Berlin, 2009), (1985).
- [44] GELL-MANN, M., *The Quark and the Jaguar : Adventures in the Simple and the Complex*, Macmillan, 1995.

- [45] GILLESPIE, D. T., *A general method for numerically simulating the stochastic time evolution of coupled chemical reactions*, J. Comput. Phys., 22 (1976), p 403.
- [46] GIRVAN, M. ET NEWMAN, M. E. J., *Community structure in social and biological networks*, Proc. Natl. Acad. Sci. USA, 99 (2002), p. 7821–7826.
- [47] GLEESON, J. P., *High-accuracy approximation of binary-state dynamics on networks*, Phys. Rev. Lett., 107 (2011), p 068701.
- [48] ———, *Binary-state dynamics on complex networks : Pair approximation and beyond*, Phys. Rev. X, 3 (2013), p 021004.
- [49] GLEESON, J. P., MELNIK, S., WARD, J. A., PORTER, M. A. ET MUCHA, P. J., *Accuracy of mean-field theory for dynamics on real-world networks*, Phys. Rev. E, 85 (2012), p 026106.
- [50] GOLTSEV, A. V., DOROGOVTSSEV, S. N., OLIVEIRA, J. G. ET MENDES, J. F. F., *Localization and spreading of diseases in complex networks*, Phys. Rev. Lett., 109 (2012), p 128702.
- [51] GRADSHTEYN, I. S. ET RYZHIK, I. M., *Table of Integrals, Series, and Products*, Academic press, 2014.
- [52] GRASSBERGER, P., *On the critical behavior of the general epidemic process and dynamical percolation*, Math. Biosci., 63 (1983), p. 157 – 172.
- [53] GROSS, T., D’LIMA, C. J. D. ET BLASIUS, B., *Epidemic dynamics on an adaptive network*, Phys. Rev. Lett., 96 (2006), p 208701.
- [54] GROSS, T. ET SAYAMA, H., éds., *Adaptive Networks*, Springer, 2009.
- [55] HÉBERT-DUFRESNE, L., ALLARD, A., YOUNG, J.-G. ET DUBÉ, L. J., *Constrained growth of complex scale-independent systems*, Phys. Rev. E, 93 (2016), p 032304.
- [56] HÉBERT-DUFRESNE, L., NOËL, P.-A., MARCEAU, V., ALLARD, A. ET DUBÉ, L. J., *Propagation dynamics on networks featuring complex topologies*, Phys. Rev. E, 82 (2010), p 036115.
- [57] HOLME, P. ET SARAMÄKI, J., *Temporal networks*, Phys. Rep., 519 (2012), p. 97–125.
- [58] JAYNES, E. T., *Probability Theory : The Logic of Science*, Cambridge university press, 2003.
- [59] JEONG, H., MASON, S. P., BARABÁSI, A.-L. ET OLTVAI, Z. N., *Lethality and centrality in protein networks*, Nature, 411 (2001), p 41.
- [60] JIANG, X., NARIAI, N., STEFFEN, M., KASIF, S. ET KOLACZYK, E. D., *Integration of relational and hierarchical network information for protein function prediction*, Bmc Bioinformatics, 9 (2008), p 350.

- [61] KEELING, M. J. ET EAMES, K. T. D., *Networks and epidemic models*, J. Royal Soc. Interface, 2 (2005), p. 295–307.
- [62] KENAH, E. ET ROBINS, J. M., *Second look at the spread of epidemics on networks*, Phys. Rev. E, 76 (2007), p 036113.
- [63] KILLWORTH, P. D., JOHNSEN, E. C., BERNARD, H. R., SHELLEY, G. A. ET MCCARTY, C., *Estimating the size of personal networks*, Social Networks, 12 (1990), p. 289 – 312.
- [64] KRIOUKOV, D., PAPADOPOULOS, F., KITSACK, M., VAHDAT, A. ET BOGUÑÁ, M., *Hyperbolic geometry of complex networks*, Phys. Rev. E, 82 (2010), p 036106.
- [65] KURTZ, T. G., *Solutions of ordinary differential equations as limits of pure jump markov processes*, J. Appl. Prob., 7 (1970), p 49–58.
- [66] KURTZ, T. G., *Limit theorems for sequences of jump markov processes approximating ordinary differential processes*, J. Appl. Prob., 8 (1971), p. 344–356.
- [67] LINDQUIST, J., MA, J., VAN DEN DRIESCHE, P. ET WILLEBOORDSE, F. H., *Effective degree network disease models*, J. Math. Biol., 62 (2011), p 143.
- [68] MARCEAU, V., NOËL, P.-A., HÉBERT-DUFRESNE, L., ALLARD, A. ET DUBÉ, L. J., *Adaptive networks : Coevolution of disease and topology*, Phys. Rev. E, 82 (2010), p 036116.
- [69] MARRO, J. ET DICKMAN, R., *Nonequilibrium Phase Transitions in Lattice Models*, Cambridge University Press, 2005.
- [70] MARTINEZ, N. D., *Artifacts or attributes ? Effects of resolution on the Little Rock Lake food web*, Ecol. Monogr., 61 (1991), p. 367–392.
- [71] MATA, A. S., FERREIRA, R. S. ET FERREIRA, S. C., *Heterogeneous pair-approximation for the contact process on complex networks*, New J. Phys., 16 (2014), p 053006.
- [72] MATA, A. S. ET FERREIRA, S. C., *Pair quenched mean-field theory for the susceptible-infected-susceptible model on complex networks*, EPL, 103 (2013), p 48003.
- [73] MATA, A. S. ET FERREIRA, S. C., *Multiple transitions of the susceptible-infected-susceptible epidemic model on complex networks*, Phys. Rev. E, 91 (2015), p 012816.
- [74] MEZARD, M. ET MONTANARI, A., *Information, Physics, and Computation*, Oxford University Press, 2009.
- [75] NEWMAN, M., *Networks : An Introduction*, Oxford university press, 2010.
- [76] NEWMAN, M. E. J., *Spread of epidemic disease on networks*, Phys. Rev. E, 66 (2002), p 016128.
- [77] ———, *The physics of networks*, Phys. today, 61 (2008), p. 33–38.

- [78] NEWMAN, M. E. J., STROGATZ, S. H. ET WATTS, D. J., *Random graphs with arbitrary degree distributions and their applications*, Phys. Rev. E, 64 (2001), p 026118.
- [79] NOËL, P.-A., ALLARD, A., HÉBERT-DUFRESNE, L., MARCEAU, V. ET DUBÉ, L. J., *Propagation on networks : An exact alternative perspective*, Phys. Rev. E, 85 (2012), p 031118.
- [80] ÓDOR, G., *Universality classes in nonequilibrium lattice systems*, Rev. Mod. Phys., 76 (2004), p. 663–724.
- [81] PARK, J. ET NEWMAN, M. E. J., *Statistical mechanics of networks*, Phys. Rev. E, 70 (2004), p 066117.
- [82] PASTOR-SATORRAS, R., CASTELLANO, C., VAN MIEGHEM, P. ET VESPIGNANI, A., *Epidemic processes in complex networks*, Rev. Mod. Phys., 87 (2015), p. 925–979.
- [83] PASTOR-SATORRAS, R. ET VESPIGNANI, A., *Epidemic dynamics and endemic states in complex networks*, Phys. Rev. E, 63 (2001), p 066117.
- [84] ———, *Epidemic spreading in scale-free networks*, Phys. Rev. Lett., 86 (2001), p. 3200–3203.
- [85] SANDER, R. S., COSTA, G. S. ET FERREIRA, S. C., *Sampling methods for the quasistationary regime of epidemic processes on regular and complex networks*, Phys. Rev. E, 94 (2016), p 042308.
- [86] SHRESTHA, M., SCARPINO, S. V. ET MOORE, C., *Message-passing approach for recurrent-state epidemic models on networks*, Phys. Rev. E, 92 (2015), p 022821.
- [87] SIMON, H. A., *On a class of skew distribution functions*, Biometrika, 42 (1955), p. 425–440.
- [88] ———, *The architecture of complexity*, dans Facets of Systems Science, Springer, 1991, p. 457–476.
- [89] SORNETTE, D., *Critical Phenomena in Natural Sciences : Chaos, Fractals, Selforganization and Disorder : Concepts and Tools*, Springer Science & Business Media, 2006.
- [90] STANLEY, E. H., *Phase Transitions and Critical Phenomena*, Clarendon Press, Oxford, 1971.
- [91] STROGATZ, S. H., *Exploring complex networks*, Nature, 410 (2001), p 268.
- [92] ———, *Nonlinear Dynamics and Chaos : With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering*, Westview press, 2014.
- [93] TOMÉ, T. ET ZIFF, R. M., *Critical behavior of the susceptible-infected-recovered model on a square lattice*, Phys. Rev. E, 82 (2010), p 051921.

- [94] VAN MIEGHEM, P., *Epidemic phase transition of the sis type in networks*, EPL, 97 (2012), p 48004.
- [95] VAN MIEGHEM, P., *Performance Analysis of Complex Networks and Systems*, Cambridge University Press, 2014.
- [96] VAN MIEGHEM, P., OMIC, J. ET KOOIJ, R., *Virus spread in networks*, IEEE/ACM Trans. Netw., 17 (2009), p. 1–14.
- [97] WANG, W., TANG, M., STANLEY, H. E. ET BRAUNSTEIN, L. A., *Unification of theoretical approaches for epidemic spreading on complex networks*, Rep. Prog. Phys., 80 (2017), p 036603.
- [98] WEAVER, W., *Science and complexity*, dans Facets of Systems Science, Springer, 1991, p. 449–456.
- [99] WEI, Z.-W., LIAO, H., ZHOU, M., XIE, J.-R., ZHANG, H.-F., WANG, B.-H. ET CHEN, G.-L., *Localized-endemic state transition in the susceptible-infected-susceptible model on networks*, arXiv :1704.02925, (2017).