

KOVID-19 PANDEMİ SÜRECİNİN DEĞERLENDİRİLMESİNDE SOSYAL AĞ ANALİZİNİN KULLANIMI

Sevim UNUTULMAZ *

Murat Ali DULUPÇU**

ÖZET

İnsanlık tarihinde geniş coğrafyalara yayılan ve toplu ölümlere neden olan pek çok salgın hastalık yaşanmıştır. Bu hastalıkların ortaya çıkmasının önlenmesi, izlenmesi ve kontrol altına alınması yıllarca birincil öneme sahip halk sağlığı sorunu olarak görülmüştür. Temas ağları, enfeksiyonların popülasyonda yayılmasını görselleştirmek, modelleme yaklaşımlarının temelini oluşturmak ve müdahale için kilit bireyleri tanımlamak amacıyla kullanılmaktadır. Bu çalışmada bulaşıcı hastalıkların yayılmasını anlamak için sosyal ağ analizlerinin sağladığı olanaklar ele alınmaktadır. Hem epidemiyolojide kullanılan tekniklere hem de sosyal ağ analizinde yeni perspektifler açan son çalışmalara odaklanılmıştır. Sosyal ağ analizi temaslar arasındaki çok sayıda ara bağlantı ve yoğun döngüsel şekilleri göstererek enfekte vaka hastaları ve temaslar arasında yakın ilişkiler olduğunu ortaya koymuştur. Ayrıca temas ağırlıkları kullanılarak, bireysel enfeksiyon riskinin tahmin edilebileceği ve koruyucu aşılama gibi hedefe yönelik müdahalelerin etkin bir şekilde uygulanabileceği görülmüştür. Sosyal ağ analizi aracılığı ile elde edilen kilit bilgiler Covid-19 denetleyicileri için ileriye tahmin etmeye olanak sağlayarak salgın hastalıkların yayılımını önlemeye yardımcı olabilir.

Anahtar Kelimeler: Salgın Hastalıklar, KOVID-19, Sosyal Ağ Analizi.

Jel Kodu: B23, E02, 022.


THE USE OF SOCIAL NETWORK ANALYSIS IN THE EVALUATION OF THE COVID-19 PANDEMIC PROCESS


ABSTRACT

There have been many epidemic diseases in human history that spread to wide geographies and cause mass deaths. The prevention, monitoring and control of the emergence of these diseases has been seen as a primary health problem for many years. Contact networks are used to visualize the spread of infections in the population, form the basis of modeling approaches, and identify key individuals for intervention. In this study, the possibilities provided by social network analysis are discussed to understand the spread of infectious diseases. Both the techniques used in epidemiology and the recent studies that open new perspectives in social network analysis are focused on. Social network analysis revealed a large number of interconnections between contacts and intensive cyclical shapes, revealing close relationships between infected case patients and contacts. It has also been found that by using contact weights, the risk of individual infection can be estimated and targeted interventions such as preventive vaccination can be effectively implemented. Key information obtained through social network analysis can help prevent the spread of epidemics by enabling predictions for Covid-19 controllers.

Keywords: Outbreak Diseases, COVID-19, Social Network Analysis.

JEL Codes: B23, E02, 022.

*  Süleyman Demirel Üniversitesi, İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi, İktisat Bölümü, Doktora Öğrencisi, sevimunutulmaz@hotmail.com

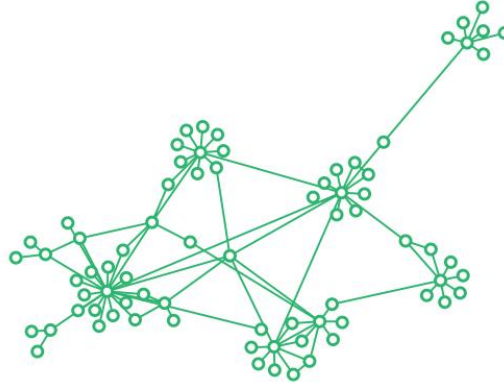
**  Süleyman Demirel Üniversitesi, İktisadi ve İdari Bilimler Fakültesi, İktisat Bölümü, Prof. Dr., muratdulupcu@sdu.edu.tr

GİRİŞ

Özellikle coğrafi keşifler ile birlikte birey ve toplumlar arasındaki etkileşim artmıştır. Bu etkileşim sosyal ve ekonomik olarak başlamış olsa da bugün dijitalleşmenin de etkisi ile ilişki tür, sıklık ve yoğunlukları insanlığın daha önce şahit olmadığı biçimde zenginleşmiştir. Çoğu insanın aklına "sosyal ağ" denilince Facebook, Twitter, Instagram gibi çevrimiçi sosyal ağ hizmetleri gelmektedir. Aslında sosyal ağlar günümüzdeki bilgisayar enkarnasyonlarından çok daha fazlasını içermektedir. Bu bağlamda ağları inceleyen araştırmacılar arasında sosyologlar, en uzun ve en köklü nicel, ampirik çalışma geleneğine sahip kişilerdir. Alanın gerçek temeli, 1930'larda genellikle insan grupları arasındaki sosyal etkileşim dinamikleriyle ilgilenen Rumen bir göçmen olan psikiyatrist *Jacob Moreno*'ya atfedilmektedir (Newman, 2010: 36). Daha sonrasında sosyal ağ analizi kullanılarak birçok farklı alanda araştırmalar gerçekleştirilmiştir. Bunlara örnek olarak akrabalık ve toplum çalışmaları, sosyal hareketlilik, sınıf yapısı, sınıf algısı, kurumsal güç, uluslararası ticaret borsaları, sapkın gruplar içindeki temaslar, refah desteği, bilimsel atıflar ve göç modelleri gösterilebilir. Hatta sosyal ağ analizinin güvenlik birlikleri tarafından terörist ağların izlenmesinde de kullanıldığı görülmüştür. Ayrıca ağ kavramı AIDS' in cinsel temas yoluyla yayılmasını izlemek ve enfeksiyonu sınırlamak adına stratejiler geliştirmek için de kullanılmaya başlanmıştır (Scott, 1988: 116).

Sosyal ağ, bir veya daha fazla ilişki seti ile birbirine bağlanmış bir dizi aktörden oluşan yapıdır. Bu iki temel bileşen çoğu ağ tanımında ortaktır. Örneğin sosyal yapılar ağlar olarak temsil edilebilmektedir (Wellman ve Berkowitz, 1988: 4). *Mitchell* sosyal ağların tanımını 'insanlar arasındaki birtakım belirli bağlantılar' şeklinde yapmıştır. Bu bağlar bütünü ile ele alındığında ağa dahil insanların sosyal davranışlarını yorumlamada da kullanılabilir (Tichy vd., 1979: 507).

Şekil 1. Ağ Örneği



Kaynak: (Haraldsdottir vd., 1992: 377)

Ağlar, popülasyonların bağlantı örüntülerini temsil etmek ve hastalığın bulaşma yollarını tanımlamak için kullanılabilir (Diekmann vd., 1998). Bu bağlamda temas izleme verileri aracılığı ile hayvanları (Porphyrevd., 2008), çiftlikleri (Ortiz-Pelaezvd., 2006), okulları, toplulukları veya hane halklarını (Giebultowiczvd., 2011) temsil eden bir ağ oluşturulabilir. Bağlantılar, içeriğe bağlı çok çeşitli ilişkileri veya gerçek fiziksel temasları temsil edebilir. Ağ analizi, temas inceleme verilerinin haritalandırılmasına ve görselleştirilmesine olanak sağlar. Ayrıca zaman içinde vakalar tanımlandıkça kişiler arasındaki bağlantıları ortaya çıkarır. Ağ analizi her bir teması bağımsız bir bilgi kümesi olarak değerlendirmek yerine, temas araştırmalarından toplanan tüm verileri incelemeyi ve açıklamayı amaçlamaktadır (McElroy, 2003: 487).

Sosyal ağ yaklaşımının pandemi süreçlerinin analizinde kullanılmasına aracılık eden hastalıklardan en önemlisi AIDS'dir. Her ne kadar günümüzde ölümcüllüğü hafiflese de AIDS, 1980'lerde ünlüler arasında yaygınlaşması ve bulaş yolu nedeni ile ilgi çekici olmuştur. AIDS hastalığının Afrika'daki kaynağından dışarı çıkıp esas olarak cinsel ilişki yoluyla partnerden partnere geçerek dünyayı sarması

on yılı almış ve ardından 1980'lerin karmaşık cinsel şebekesindeki bağlantıları izleyerek hastalık yayılmıştır (Barabasi, 2010: 165). Günümüzün en büyük pandemilerinden olan AIDS dünya genelinde benzeri görülmemiş boyutlara ulaşabilen en önemli sağlık sorunlarından birisidir. Günümüze kadar küresel HIV / AIDS salgını 39 milyon ölümlü sonuçlanmıştır ve şu anda dünya çapında HIV / AIDS ile yaşayan 35 milyondan fazla insan vardır (Shafiee vd., 2015: 387). Bir virüsün ya da bir yeniliğin yayılmasında sosyal şebekenin oynadığı bir rol var mıdır ve eğer varsa nedir?

Sosyal ağ analizi, altta yatan temas ağı yapısına sahip salgınları tanımlamak için değerli bir araçtır. İlk salgın yayılımında ağlar, genellikle büyük şehirlerarasında veya hayvan pazarları gibi büyük ulaşım veya ticaret yolları üzerinde gerçekleşir. *Şiddetli Akut Solunum Sendromu (SARS)*, Vietnam'da tespit edilmeden önce ilk kez Çin ve Hong Kong'dan uluslararası hava yolculuğu ile yayılmıştır. Daha sonrasında Singapur ve Kanada'daki hastanelerdeki hastalarda ve sağlık çalışanlarında görüldükten sonra tanımlanmıştır (Dünya Sağlık Örgütü, 2003). Dünyada 2002 yılının sonlarında görülmeye başlamış olan bu hastalık, 2003 yılı başlarında yayılarak 29 ülkeyi etkilemiş ve 700'den fazla ölüme neden olmuştur. Bulaşma hızının yüksekliği, hava yolu seyahatleriyle tüm dünyaya yayılabilme potansiyeli ve klinik tablonun ortaya çıkışındaki sürat nedeniyle SARS, diğer hastalıklardan farklıdır ve AIDS' den sonra ortaya çıkan en ciddi global sağlık tehditlerinden birisi olarak değerlendirilmektedir (Beşirbellioğlu, 2007: 502).

Ortadoğu Solunum Sendromu, bir diğer ismiyle *MERS*, ilk kez 2012 yılında Suudi Arabistan'da tespit edildi. MERS hastalığı da hayvanlardan insanlara geçen bir koronavirüsten kaynaklanıyordu. Dünya Sağlık Örgütü'nün yayınladığı verilere göre, bugüne kadar MERS nedeni ile ölen hasta sayısı 858'dir. 2009 yılı Nisan ayı ortalarında *pandemik influenza A/H1N1* ilk kez Amerika Birleşik Devletleri'nde görülüp hastalığın Meksika'dan yayıldığı tespit edilmiştir (WHO, 2009). Üç hafta içinde üç kıtada 30 ülkeden vaka bildirilmiştir (Firestone, 2012: 124). Dünya Sağlık Örgütü verilerine göre Ocak 2010 tarihinin başı itibarıyla tüm dünyada yaklaşık 13.000 ölüm meydana gelmiştir.

Dünya Sağlık Örgütü 2019' un sonlarında Çin'in Hubei eyaletinin başkenti Wuhan'da meydana gelen zatürre vakalarından haberdar olduktan sonra, Ocak 2020'nin başından bu yana salgın hakkında kamuya açıklama yapmaya başlamıştır. Daha sonrasında etiyolojik faktörlerin tanımlanması ve vaka ve hastalık sayısı verilerinin toplanması ile Dünya Sağlık Örgütü SARS-CoV-2'nin neden olduğu hastalığı KOVİD-19 (*Coronavirus Hastalığı- 2019*) olarak adlandırmıştır. Hastalığın ilk bulaşma yolu henüz bilinmemektedir. Ancak damlacık yolu, virüs içeren vücut yüzeyi ve cansız ortamlar ile temas sonucu insandan insana bulaşabileceği ve virüsün kuluçka süresinin ortalama 6.4 gün (2.1 ile 11.1 gün arasında) olduğu tespit edilmiştir (Backer vd. 2020: 3). En sık görülen klinik semptomlar yüksek ateş (% 88), kuru öksürük (% 68), yorgunluk (% 38), balgam üretimi (% 33), nefes darlığı (% 19), eklem ağrıları (% 15), boğaz ağrısı (% 14) ve baş ağrısı (% 14) dır. Hastaların yaklaşık % 80'inde hafif semptomlar görülürken, % 20'sinde ciddi hastalıklar görülmüştür. Bu hastaların neredeyse % 5'inde solunum durması, septik şok, çoklu organ yetmezliği gibi kritik hastalık belirtileri vardır. Hipertansiyon, diyabet, kardiyovasküler hastalık, kronik akciğer hastalığı veya kanser olan altmış yaşın üzerindeki erkek hastalarda hastalık daha şiddetli seyir göstermektedir (WHO, 2020).

Bir salgının temelini karmaşık bir temas ağı yapısı oluşturduğunda geleneksel yaklaşımlar salgının örneğini uygun bir şekilde tanımlamak ve temel parametreleri tahmin etmek için yetersiz kalmaktadır (Small vd., 2007). Bu amaçla sosyal ağ analizi (SNA), hem insan (McElroyvd., 2003; Sena vd., 2007) hem de hayvan (Shirley ve Rushton, 2005; Ortiz-Pelaezvd., 2006) popülasyonlarındaki salgınlarda temasları incelemek için kullanılmıştır. Ayrıca müdahalede kilit bireyleri tanımlamak amacıyla da kullanılabilir (Eames vs., 2009: 70). Halk sağlığı araştırmacıları, aktörlerden hangisinin enfekte olma ve hangi aktörün başka bir aktöre hastalığı bulaştırma olasılığının yüksek olduğunu bulmakla ilgilenmektedir. Bu durum bulaşıcılık ile ilgili yapısal kavramların ölçümlerini araştırmaya yönelmiştir (Bell vd., 1999: 5-6).

Bu çalışmada sırasıyla sosyal ağ analizi araçları, sosyal ağ analizinin pandemi için ne anlam ifade ettiği, salgınların yayılımında kullanılan sosyal ağ modelleri ve bu modeller kullanılarak pandemide elde edilen olumlu sonuçlar incelenecektir.

1. SOSYAL AĞ ANALİZİ ARAÇLARI

Ağ teorisi bireyler arasındaki etkileşimleri ayrıntılı olarak tartışmak için genel bir çerçeve sunmaktadır. Karmaşık ağların topolojisinin farklı yönlerini karakterize etmek için çok sayıda metrik tanımlanmıştır. Bu bölümde, epidemik yayılma ile ilgili ağların ana tanımları ve özelliklerine değinilecektir.

1.1. Düğüm ve Kenar

Düğümler mevcut ağ içinde aktif olan, hareket eden ve ağın yapısını şekillendiren bileşenlerdir. Bağlar ise, düğümler arasındaki iletişimi ve ilişkiyi anlamlandıran yapılardır (Haythornthwaite, 2005: 5). Kenarlar yönlü (directed) veya yönsüz (undirected) olmaktadır. Yönlü kenarlar yay (arc) olarak da adlandırılır. Yönsüz kenarların çizimi için düz çizgi kullanılırken, yönlü kenarların çiziminde yönü gösterecek şekilde oklu çizgi kullanılmaktadır. Ayrıca yönsüz kenarlar simetrik bağ (symmetric tie) ve yönlü kenarlar ise asimetrik bağ (asymmetric tie) olarak bilinmektedir. Grafikler, kenarların yönlü veya yönsüz olmasına bağlı olarak yönlü grafik ya da yönsüz grafik şeklinde adlandırılır (Tunalı, 2016: 7). Yönsüz bir sosyal ilişki ağı olan aile bir kenarla temsil edilmektedir çünkü her iki birey de ilişkiye eşit derecede dâhil olmaktadır (De Nooy vd., 2018: 7).

1.2. En Kısa Yol Uzunluğu ve Ağ Çapı

Düğümler arasındaki mesafeyi karakterize etmek için, bazen kimyasal mesafe veya jeodezik mesafe olarak da adlandırılan en kısa yol uzunluğu kullanılmaktadır. İki i ve j düğümü arasındaki en kısa yol mesafesi l_{ij} , i ve j 'yi birleştiren en kısa yolun (zorunlu olarak benzersiz değildir) uzunluğu olarak tanımlanır. Bir ağın çapı, tüm en kısa yol uzunluklarının maksimum değeridir ve ortalama en kısa yol uzunluğu $\langle l \rangle$, ağdaki tüm köşe çiftleri boyunca l_{ij} değerinin ortalamasıdır (Pastor-Satorras vd., 2015: 933).

1.3. Derece ve Derece Dağılımı

Grafiğin bir noktasının derecesi, noktanın üzerinde bulunduğu grafiğin çizgi sayısıdır. Bağlı grafik, herhangi bir üyenin sahip olduğu bilgileri gruptaki diğer tüm kişilere iletilebildiği iletişim modelini temsil etmektedir. Bir noktanın derecesi, ilgili grup üyesinin doğrudan iletişim kurabileceği kişi sayısını tanımlamaktadır (Harary ve Norman, 1953: 2). Derece dağılımı ağların en önemli istatistiksel özelliklerinden biridir. Derece dağılımı genellikle ağların topolojik yapısını belirgin bir şekilde tanımlar ve ağın evrim özelliklerini yansıtması nedeniyle önemlidir (Chang vd., 2007: 689). Derece dağılımı kavramını, her k değeri için k dereceli düğüm sayısı şeklinde genellemek mümkündür. Başka bir deyişle k 'nin her değeri için, k kenarlarına 'dokunan' düğüm sayısını vermektedir (Pržulj, 2007: 179).

1.4. Kümelenme Katsayısı ve Kümelenme Spektrumu

Watt ve Strogatz (1998) yönsüz ağlarda, ağın yüksek ve düşük yoğunluklara sahip olduğu alanları tespit etmek amacıyla "kümelenme katsayısı" olarak adlandırdıkları bir ölçü geliştirmişlerdir. Ölçüme belirli bir düğüme bağlı olan düğümler arasındaki bağların yoğunluğunu ölçerek başlamışlardır. Buna bireysel kümelenme katsayısı denilmektedir. Daha sonra toplam kümelenme katsayısını elde etmek için bu miktarı tüm düğümler arasında ortalama alabilmek için kullanmışlardır.

Kümelenmeyi ölçmek amacıyla ağırlıkların ortalamalarını almak daha iyi sonuçlar vermiştir (Borgatti vd., 2018:156). Bir i düğümünün çevresinde ağın yoğunluğu, i 'den geçen üçgenlerin sayısı ile ilgilidir. Eğer bir i düğümünün komşuları ile k_i sayıda bağlantısı varsa, bu durumda i 'nin komşularının bir klik oluşturması halinde sahip olacakları toplam bağlantı sayısı $k_i (k_i - 1) / 2$ olur. i 'nin komşuları

arasındaki fiili bağlantı sayısını ise E_i ile gösterirsek, bu durumda kümelenme katsayısı şu şekilde formülleşir (Gürsaka, 2009: 101):

$$C_i = E_i / [k_i (k_i - 1) / 2]$$

$$C_i = 2 E_i / [k_i (k_i - 1)]$$

Ağın ortalama kümelenmesi $\langle c \rangle$, ağın tüm köşelerindeki c_i lerin ortalaması olarak tanımlanır. Kümeleme spektrumu $\bar{c}(k)$ ise, k dereceli köşelerin ortalama kümelenme katsayısı olarak tanımlanır. $\langle c \rangle = \sum_k P(k) c(k)$ (Vázquez vd., 2002; Ravasz ve Barabási, 2003).

1.5. Ağlarda Merkezilik

Merkezilik kavramı, ağ içindeki bir düğümün göreceli önemini sosyal ağ analizi bağlamında ortaya koyar (Wasserman ve Faust, 1994). Düğümlerin yapısal önemini farklı göstergelerine dayanarak merkeziliğin birçok farklı tanımı önerilmiştir. Bunlardan en basiti *derece merkeziliği* olarak adlandırılan merkezilik kavramıdır. Bir düğümün derecesi ne kadar yüksek olursa, o kadar etkili veya ağın merkezinde olduğu söylenebilir. Alternatif tanımlar köşeler arasındaki en kısa yollara dayanır. Yakınlık merkeziliği C_i , ağdaki i köşesinden diğer tüm köşelere en kısa yol uzunluklarının ortalamasının tersi olarak tanımlanmaktadır. Merkeziliğe farklı bir bakış açısı olan *aradalık merkeziliği* ise, köşe i 'den geçen ve ağdaki herhangi iki köşe arasındaki en kısa yolların sayısı olarak tanımlanmaktadır (Freeman, 1977) (Pastor-Satorras vd., 2015: 933-934).

2. SNA PANDEMİ İÇİN NE ANLAM İFADE EDER?

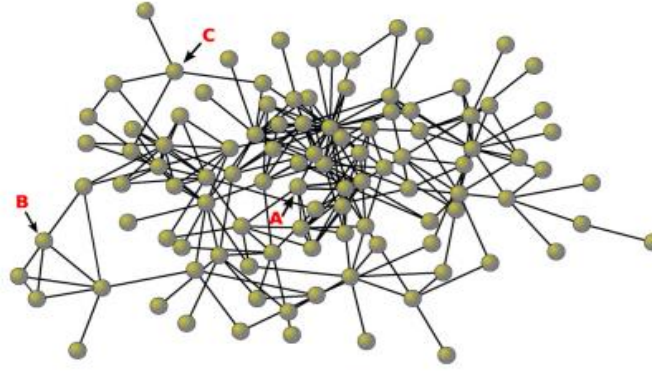
Bulaşıcı hastalıklar, halk sağlığı için önemli bir tehdittir. Küresel hastalık yükünün % 43'ünü oluşturduğu tahmin edilmektedir. Yayılmalarını hafifletmek için çevresel faktörleri ve bulaşmanın sosyal yapısını anlamamız gerekmektedir. Ağ teorisi bu yapıyı incelemek için değerli bir çerçeve haline gelmiştir (Masuda ve Holme, 2013: 1). Bireyler arasındaki sosyal ağlar salgının yayılma olasılığını, kapsamını ve hızını etkiler. Bulaşıcı salgınların tespiti için mevcut yöntemler, salgının seyri hakkında çağdaş bilgiler vermektedir. Bir sosyal ağın merkezine yakın bireylerin salgın sırasında, çevredeki kişilerden ortalama olarak daha erken enfekte olduğu bilinmektedir. Ne yazık ki enfeksiyon için izlenebilecek merkezi bireyleri tanımlamak için tüm bir ağı haritalamak genellikle çok zordur (Christakis ve Fowler, 2010: 1).

Sosyal ağ analizi, kişiden kişiye yayılan bulaşıcı hastalığın dinamiklerini araştırmak ve sosyal iletişim ağlarında bir difüzyon süreci ile patojen bulaşmasını kavramsallaştırmak için yaygın olarak kullanılmaktadır. Zengin bir literatür derece dağılımları (Moreno vd., 2002, May ve Lloyd, 2001), kümelenme katsayıları (Watts ve Strogatz, 1998, Smieszek vd. 2009) ve topluluk yapısı (Girvan ve Newman, 2002, Salathe ve Jones, 2010) gibi topolojik temas ağı özelliklerinin hastalık dinamikleri üzerindeki rolünü araştırmıştır (Campbell ve Salathe, 2013: 1). Temas araştırmalarında ağ analizinin kullanılmasının altında yatan hipotez, bu stratejinin pandemi denetleyicilerinin belirli bir sosyal ortamda ek temaslar bulmasına yardımcı olacağı görüşüdür. Bulaşıcı bir kişinin temasları, doğrudan kaynak hastaya veya toplumda belki de henüz tanımlanamayan bulaşıcı bir kaynağa doğrudan maruz kalmasının bir sonucu olabilir. (McElroy, 2003: 487). Aynı zamanda ağ yaklaşımı, enfekte olmuş bir bireyin sosyal çevresinde yer alan teşhis taramasından ve uygun tedaviden yararlanabilecek kişilerin belirlenmesini kolaylaştırır. Sosyal ağ analizi temaslar arasındaki çok sayıda ara bağlantı ve yoğun döngüsel şekilleri göstererek enfekte vaka hastaları ve temaslar arasında yakın ilişkiler olduğunu ortaya koymuştur (Seña vd., 2007: 283-284).

Bir temas ağı tamamen belirlenirse enfeksiyon riski en yüksek olan kişiler tespit edilebilir. Bu durumda tedavisi veya aşılması en büyük etkiye sahip olan kişileri belirlemek için simülasyonlar veya merkezilik önlemleri kullanılabilir (Christley vd., 2005, Corner vd., 2003, Wasserman ve Faust, 1994, Webb, 2005) (Eames vd., 2009: 72). Enfeksiyon bulaşma çalışmalarında, bireyler arasındaki yollar bir bulaşma yolu anlamına gelebilir. Sosyal ağ analizi, HIV/AIDS bulaşma tespitinde (Rothenberg

vd., 1996) uygulanmıştır. Bu çalışmalarda SNA risk altındaki bireyleri tanımlamak ve sosyal gruplara giren enfeksiyonun sonucunu tahmin etmek için kullanılmıştır (Corner vd., 2003: 148-149). Hong Kong ve Kanada'daki SARS vakaları gibi bir salgından sonra, saha temelli epidemiyologlar her vaka için enfeksiyon kaynağının belirlenmesine büyük önem vermişlerdir (Haydon vd., 2003). Bu şekilde enfekte olmuş her bir kişi enfeksiyonu temas halinde olduğu diğerine ve hastalığı ilettikleri değişken sayıda başka kişiye bağlanmaktadır. Böylece tek bir salgında enfeksiyonun yayıldığı tüm bağlantılardan oluşan bir iletim ağı gerçekleşmektedir (Keeling ve Eames, 2005: 298).

Şekil 2. Temas Şekillerinin Salgınlardaki Rolü

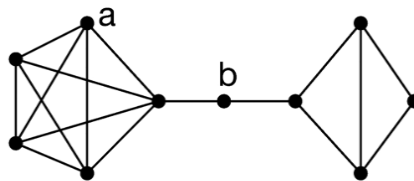


Kaynak: (Christakis ve Fowler, 2010: 2)

105 kişiden oluşan bu ağda her daire bir kişiyi ve her çizgi bir bağı temsil etmektedir. A ve B düğümlerinin farklı "derece" leri vardır. Bu bağların sayısını gösterir. Daha yüksek dereceli düğümler daha yüksek "merkeziyet" e sahiptir (altı arkadaşına sahip A düğümü, dört arkadaşı olan B ve C den daha merkezidir). Bulaşmalar bir salgının başlangıcında insanları rastgele enfekte ederse merkezi bireylerin daha erken enfekte olma olasılığı yüksektir çünkü ağdaki diğer tüm bireylerden ortalama daha az sayıda adım atarlar. B ve C düğümleri aynı dereceye sahip olsalar da "geçişlilik" konusunda farklılık gösterebilirler. B düğümü, birbirini tanıyan birçok arkadaşına sahiptir ve bu nedenle yüksek geçişlilik gösterir. C düğümünün ise arkadaşları birbirine bağlı değildir ve bu nedenle salgının erken döneminde enfekte olmaları daha bağımsız olasılıklara bağlıdır (Christakis ve Fowler, 2010: 2).

Aradalık, yakınlık ve spektral ölçümler hastalığın ağda yaygın olarak yayılması açısından önemli olan düğümleri tespit etmek amacı ile kullanılabilir. Aradalık merkeziliği, hastalığın ağdaki en kısa yollardan geçerken akışının bir düğümden geçmesinin ne kadar olası olduğunu belirtir ve düğümler arasında bağlantı sağlayan köprü düğümleri tanımlamaya yardımcı olmaktadır. Yakınlık merkeziliği ise bir düğümün diğer düğümlere ortalama kenar sayısı olarak ne kadar yakın olduğunu ve dolayısıyla bu düğümden başlayan bir salgının ağın büyük bir bölümünü ne kadar hızlı etkileyebileceğini ölçmektedir (Enright ve Kao, 2018: 93). Örneğin sosyal ağda gerçekleşen bulaşıcı bir salgında, her birey için enfeksiyonun en kısa yolu aldığı varsayılarak bulaşıcı organizmanın varıştan bu yana geçen süresi yakınlık olarak tanımlanmaktadır (Borgatti, 1995) (Corner vd., 2003: 163-164).

Şekil 3. Merkezi Düğüm Ölçülerindeki Farklılıklara Örnek



Kaynak: (Christakis ve Fowler, 2010: 93)

Şekil 3'te görüldüğü üzere düğüm a, b'den daha yüksek bir dereceye ancak çok daha düşük bir aradalığa sahiptir. Bir salgında a önemli bir konumdadır çünkü daha fazla sayıda başka düğüme bulaşabilir veya bunlardan etkilenebilir. b düğümünün ise aradalık değeri yüksektir çünkü ağın sol ve sağ tarafları arasındaki köprü vazifesi görmektedir (Enright ve Kao, 2018: 93).

3. EŞİK, SIR (SUSCEPTIBLE -INFECTIVE – REMOVED/RECOVERED) VE SIS (SUSCEPTIBLE-INFECTIVE-SUSCEPTIBLE) MODELLERİ

Bazı buluşlar, söylentiler ve virüsler bütün yerküreyi sararken, bazılarının kısmen yayılmasının veya silinip gitmesinin sebebi ne olabilir? Akımlardan ve virüslerden bazılarının yok olmasını, bazılarının ise yayılmasını açıklamayı amaçlayan sosyal bilimciler ve epidemiyologlar *eşik modeli* denilen çok yararlı bir araç geliştirmişlerdir. Bunun için kritik eşiğin hesaplanması gerekmektedir. Bu yeniliğin yayıldığı şebekenin özelliklerine göre belirlenen bir niceliktir. Akımların ve virüslerin yayılması için bir kritik eşik aşmanın önkoşul olduğunun kavranması, yayılma sürecini anlamak açısından belki de en önemli kavramsal ilerlemedir. Günümüzde kritik eşik her yayılma teorisinin bir parçasıdır. Epidemiyologlar AIDS virüsünde olduğu gibi, yeni bir enfeksiyonun bir salgına dönüşme olasılığını bir modele oturturken kritik eşik esas almaktadırlar (Barabasi, 2010: 171).

Bir popülasyonda hastalığın yayılması için $R > 1$ olmak üzere, kritik 'eşik yoğunluğu' $X > N_T$ şeklinde ifade edilebilir.

$$N_T = (\gamma + \mu) (\sigma + \mu) / \beta \sigma \quad (1)$$

Bu, *Kermack ve McKendrick*' in (1927) ünlü eşik teoremidir. Daha genel olarak, R' yi aşağıdaki şekilde ifade edebiliriz:

$$R = X / N_T \quad (2)$$

Bu eşitlik popülasyondaki duyarlılık sayısı oranının hastalık kalıcılığı için gerekli eşik yoğunluğuna bölümüdür. Sürekli bir duyarlılık girişi olmadığında ($\mu N = 0$ olduğunda), $R > 1$ kriteri, bir epideminin meydana gelmesi için yerine getirilmesi gereken koşulu temsil eder. Bu koşullar altında, duyarlılık N_T 'nin altına düştüğünde hastalık ortadan kalkacaktır (Anderson, 2013: 6). Eşik kavramı, klasik ve güncel epidemiyolojik teorisinin merkezi bir parçasını oluşturur ve hastalığın ortadan kalkması ve aşılama programları için önemli çıkarımlar taşımaktadır. Son modelleme çalışmaları (May ve Lloyd, 2001, Moore ve Newman, 2000, Pastor-Satorras ve Vespignani, 2001, May ve Anderson, 1984, Anderson ve May, 1991) ağlardaki bireylerin bağlantılarını yöneten sosyal ve mekansal yapıların, enfeksiyonların yayılması ve iç hastalık eşiklerinin ortaya çıkması üzerinde büyük etkiye sahip olduğunu göstermektedir (Olinky ve Stone, 2004: 70).

Epidemiyolojide *SIR* (*Sağlam-Enfektif-Geçiren*; *Susceptible-Infective-Recovered*) ve *SIS* (*Sağlam-Enfektif-Sağlam*, *Susceptible-Infective-Susceptible*) yaklaşımları temel modeller olarak kabul edilmektedir. t zamanında N kişiden oluşan bir topluluğun aşağıdaki üç gruptan birinde yer aldığı kabul edilir:

Sağlamlar, S(t): Henüz hasta olmayan kişilerdir. İleride hasta olacak insanları temsil ederler.

Enfektifler, I(t): Enfeksiyon oluşturan ya da enfeksiyonla bağlantısı olan kişilerdir. Başka insanları da enfekte ederler.

Geçirenler, R(t): Bu gruptaki insanlar hastalığı atlatıp başka insanlara bulaştırmayan kişilerdir. Hastalığı tekrar geçirmezler (Çetin vd., 2009: 199).

Standart SIR modelinin gelişimi sırasıyla duyarlı (S), enfekte (I) ve geri kazanılmış (R) bireyler için sırasıyla bir dizi sıradan diferansiyel denklem ile tanımlanır (Saeedian vd., 2017: 2):

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t), \quad (3)$$

$$\begin{aligned}\frac{dI(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \quad (4) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \gamma I(t) \quad (5)\end{aligned}$$

β ve γ sırasıyla enfeksiyon ve iyileşme katsayılarıdır. Enfekte olan birey ortalama $1 / \gamma'$ lik birim bulaşıcı sürede β temas yapar. Modelin evrimi, salgın eşiğinin üzerinde olacak şekilde β/γ miktarı ile kontrol edilir. Öyle ki salgın eşiğinin üstünde, $(\beta/\gamma)_c$ hastalık bireylerin sınırlı bir kısmı arasında yayılmaktadır.

Tüm hastalıklar kurtulanlarına bağışıklık kazandırmaz. Örneğin ilaçla tedavi edilebilen hastalıklar genellikle şanssız bir hasta tarafından tekrar edilebilir. Buna tüberküloz ve bel soğukluğu çok çalışılmış iki örnektir. Bilgisayar virüsleri de bu kategoriye girmektedir. Bir bilgisayar antivirüs yazılımı tarafından “iyileştirilebilir” ancak kalıcı bir virüs kontrol programı olmadan bilgisayarın aynı virüsün daha sonraki saldırılarını önleme yolu yoktur. Bu tip hastalıklarda iyileştirilen taşıyıcılar enfekte gruptan iyileşenler grubuna değil, duyarlı ve riske açık gruba geçer. Bu tür dinamiklere sahip modele SIS modeli denir. Modelin dinamiği farklı denklemlerle tanımlanmaktadır (Newman, 2003: 232):

$$\frac{ds}{dt} = -\beta is + \gamma i, \quad (5)$$

$$\frac{di}{dt} = \beta is - \gamma i, \quad (6)$$

Denklemlerde β ve γ enfeksiyon ve iyileşme oranlarıdır.

4. SNA MODELİ KULLANILARAK PANDEMİDE ELDE EDİLEN OLUMLU SONUÇLAR

Aşağıdaki tabloda, sosyal ağ analizinin salgın hastalıklarda kullanımı sonucunda elde edilen bazı önemli sonuçlara yer verilmiştir.

Tablo 1. Sosyal Ağ Analizinin Salgın Hastalıklarda Kullanıldığı Çalışmalar ve Sonuçları

Çalışmanın Adı	Sosyal Ağ Analizi Araçları	Sonuç
Epidemic Outbreaks in Complex Heterogeneous Networks	Derece Dağılımları	Ölçekten bağımsız ağlarda enfeksiyonun yayılması muazzam bir şekilde güçlenir. Ağlarda bulunan büyük bağlantı dalgalanmalarının salgınların etkisini önemli ölçüde artırdığı görülmüştür.
Infection Dynamics on Scale-Free Networks	Derece Dağılımları	Enfeksiyon süreçlerinin ölçeksiz ağlardaki özellikleri tartışılıp, bunlar ağı karakterize eden düğüm bağlantı dağılımı ile ilişkilendirilmiştir.
Models of Epidemics: When Contact Repetition and Clustering Should Be Included	Kümelene Katsayıları Susceptible-Infectious-Recovered (SIR) Model	Kızamık gibi tipik çocukluk çağı hastalıklarında, günlük temas sayısı veya temas bulaşma olasılığı yüksekse rastgele karıştırma modelinin toplam salgın boyutunun kabul edilebilir tahminlerini sağladığı gösterilmiştir. Çok kısa bulaşıcı dönemler söz konusu olduğunda tekrar eden temasların olduğu varsayılan modeller de rastgele karıştırma modeline benzer davrandığı görülmüştür.
Dynamics and Control of Diseases in Networks with Community Structure	Susceptible-Infectious-Recovered (SIR) Model Merkezilik Ölçümleri	Toplumsal yapıya sahip ağlarda hastalığın yayılmasını araştırmak için ampirik ve simüle edilmiş ağlar kullanılmıştır. Ortalama salgın boyutunun, salgın süresinin ve salgının tepe yaygınlığının, ağın derece dağılımından bağımsız olan topluluk yapısı bağlantısındaki değişiklikten güçlü bir şekilde etkilendiği görülmüştür.

Epidemic Prediction and Control in Weighted Networks	Susceptible-Infectious-Recovered (SIR) Model Merkezilik Ölçümleri Derece Dağılımları	Bireyin salgın üzerindeki etkisini değerlendirmek için temas ağırlıkları kullanılarak, bireysel enfeksiyon riskinin tahmin edilebileceği ve koruyucu aşılama gibi hedefe yönelik müdahalelerin etkin bir şekilde uygulanabileceği gösterilmiştir. Bununla birlikte, bir bireyin toplam sosyal temas sayısı veya hatta sadece bir gün boyunca temas sayısı gibi daha basit önlemlerin, rastgele aşılama büyük iyileşmelere yol açabileceği görülmüştür. Bu nedenle, birçok enfeksiyon için, gelişmiş sosyal temas verilerinin hastalık kontrolünü iyileştirmek için kullanılabileceği anlaşılmıştır.
Transmission Network Analysis to Complement Routine Tuberculosis Contact Investigations	Merkezilik Ölçümleri Derece Dağılımları	Ağ görselleştirme, vakalar arasındaki bağlantıları belirlemek, bir salgının büyüklüğünü ölçmek ve genotipleme sonuçlarını beklerken kontrol önlemlerine başlamak için bir araç sağlamıştır. Tüm tüberküloz hastaları ve temasları arasındaki bağlantıları kolektif olarak görselleştirildiğinde, 1 hasta dışında hepsinin indeks hastasına doğrudan veya dolaylı olarak bağlı olduğu gözlemlenmiştir. Metrikler ağda kimlerin merkezi olduğunu, kimin en çok bağlantıya sahip olduğunu, ağın ne kadar yoğun olduğunu ve tüm düğümler arasındaki ortalama yolun ne kadar sürdüğünü ortaya koymuştur. Ayrıca ağdaki gruplar arasında yer aldıkları için bazı temaslar takip için önceliklendirilebilir. Sosyal ağ yoluyla enfeksiyonu yayarak köprü görevi görebilirler.
Infection in Social Networks: Using Network Analysis to Identify High-Risk Individuals	Susceptible-Infectious-Recovered (SIR) Model En Kısa Yol Uzunluğu ve Ağ Çapı Merkezilik Ölçümleri Derece Dağılımları	Derece dağılımları ile merkezilik ölçümleri iyi bir performans sergilemiştir. Bu durum SNA ölçümlerinin, enfeksiyon riskini tahmin etmek için uygun olduğunu göstermektedir. Ayrıca indeks durumunun derecesi, kümeleme katsayısı ve her bir merkezi önlem enfeksiyon riski ile ilişkili bulunmuştur.
Personal Risk Taking and The Spread of Disease: Beyond Core Groups	Merkezilik Ölçümleri	Bulaşıcı hastalık yayılımına sosyal ağ analizi teknikleri uygulanmıştır. Çalışma sosyal yapının hastalık bulaşmasında bir engel veya kolaylaştırıcı olarak etki edebileceğini ve riskli bir eylemin epidemiyolojik etkisinin sosyal ortama göre değiştiğini göstermektedir. Riskli davranışlar için yerel bağlamın bulaşma dinamikleri üzerinde önemli etkileri vardır.
A Network Informed Approach to Investigating a Tuberculosis Outbreak: Implications for Enhancing Contact Investigations	Veriler epidemiyolojik analiz için SAS Ağ analizi ve görselleştirme UCINET ve PAJEK	Mevcut çalışmadan elde edilen bulgulara dayanarak, tüberküloz temas araştırmalarını geliştirmek için ağ analizinin kullanımına ilişkin iki ana kavramı vurgulanmıştır: 1. Bu yöntemler, daha önce geleneksel temas araştırma yöntemleriyle tanınmayan Latent tüberkülozlu vakalar ve kişiler arasındaki bağlantıları açıklayabilmektedir. 2. Grup üyeleri arasındaki benzerliklere rağmen, dikkatleri uygun alt gruplara odaklamaya yardımcı olan bir gruptaki davranış farklılıklarını belirleyebilmektedir.

Centrality Measures for Disease Transmission Networks	Merkezlilik Ölçümleri Ağ analizi ve görselleştirme UCINET	Ampirik bir kokain enjektörleri ağı içinde, HIV bulaşma olasılıklarını tahmin etmek için bir simülasyon gerçekleştirilmiştir. Daha sonrasında simülasyon sonuçları, hastalıklara karşı korunmasızlık ve bulaşıcılığın ağ ölçümlerini değerlendirmek amacıyla kriter olarak kullanılmıştır. İncelenen hastalık bulaşma ağının türlerinde yapılan analiz sonucunda, ego ağ tabanlı önlemler alınmasının hastalık ve bulaşıcılığa karşı kırılabilirliğin ölçülmesi için yeterli olabileceği sonucuna ulaşılmıştır.
Epidemic Prediction and Control in Weighted Networks	Susceptible-Infectious-Recovered (SIR) Model	Bireyin salgın üzerindeki etkisini değerlendirmek için temas ağırlıkları kullanılarak, bireysel enfeksiyon riskinin tahmin edilebileceği ve koruyucu aşılama gibi hedefe yönelik müdahalelerin etkin bir şekilde uygulanabileceği görülmüştür.

SONUÇ

Son yirmi-otuz yılda sosyal ağ analizinin inanılmaz derecede çeşitlendiğine tanık olunmuştur. Sosyal ağ analizi, yeni tarım ürünlerinin benimsenmesini incelemekten tutun da, AIDS'in yayılışına ya da çok satanların nasıl belirlendiğini anlamamıza kadar geniş bir bakış açısı kazandırmıştır. Her yayılma sürecinde gelişigüzelin devreye girmesine karşın, bu sürecin kesin matematiksel ifadelerle formüle edilebilecek yasaları izlediği görülmüştür. Bu sebeple sosyal şebekenin bu süreçlerde oynadığı önemli rol anlaşılmalıya başlanmıştır. Biyolojik silahlara dayalı terörizm tehdidinin artmasına ve AIDS'in duraksamasız yayılmasına bağlı olarak, gittikçe hareketli hale gelen dünyamızda ölümcül virüsleri önceden saptayacak ve izleyecek güçte olmamız artık yaşamsal bir ihtiyaçtır çünkü hastalık kapmış kişiler bir uçağa atladıkları anda, yerel bir salgını genel bir salgına dönüştürebilirler (Barabasi, 2010: 183).

Ağların epidemiyolojik süreçler hakkındaki anlayışımızı şekillendirmede önemli bir rolü vardır. Etkileşimlerin bir popülasyonun tamamı yerine ağ içindeki kısıtlamalarla sınırlandırılması, enfeksiyonun yayılmasını yavaşlatır ve azaltır. Bu nedenle, bireysel düzey gözlemlerden nüfus düzeyindeki dinamikleri tahmin etmeye çalışırsak, ağ yapısının dikkate alınması hayati önem taşır. Ek olarak, temas izleme veya halka aşılama gibi birçok kontrol yöntemi sadece ağ tabanlı yaklaşımlar kullanılarak doğru bir şekilde yakalanabilir ve modellenir. Ağ modelleme araçlarının ortaya çıkması, bu daha karmaşık müdahalelerin incelenmesine ve yapay bir ortamda farklı stratejilerin test edilmesine olanak tanır (Keeling ve Eames, 2005:304).

Vaka kümeleri ve bunlarla ilişkili enfekte ve enfekte olmamış temasların, ağ analizi dahil sistematik yöntemlerle tanımlanması ve anlaşılması gerekir. Mevcut çalışmalardan elde ettiğimiz bulgulara dayanarak, Kovid temas araştırmalarını geliştirmek için ağ analizinin kullanımına ilişkin iki temel kavramı vurgulamak istiyoruz:

- 1) Bu yöntemler, daha önce geleneksel temas araştırma yöntemleriyle tanınmayan Kovid hastaları ve kişiler arasındaki bağlantıları açıklayabilir,
- 2) Grup üyeleri arasındaki benzerliklere rağmen, dikkatleri uygun alt gruplara odaklamaya yardımcı olan bir gruptaki davranış farklılıklarını belirleyebilirler.

Ağ üyelerinin, özelliklerinin analizi ile birlikte görüntülenmesi, Kovid kontrolörlerinin Kovid tedavisi için aday olan ek yüksek riskli ağ üyeleri bulmasına yardımcı olabilir. Örneğin, ağın kenarındaki düğümlerin özellikleri, kontrol stratejilerini planlamak için muhtemelen ağdaki daha merkezi

konumdaki düğümlerin özelliklerinden daha az ilgilidir. Ağ analizi benzer bir grubun çeşitli üyeleri arasındaki davranış veya ilişki farklılıklarını ayırt etmeye yardımcı olabilir ve aktarımı açıklayabilecek davranışlardaki farklılığı ortaya koyabilir (McElroy, 2003: 491). Yapılacak ağ analizleri halk sağlığı açısından maliyetli müdahalelerin gerekip gerekmediği (örneğin okulların kapatılması), aşı kampanyalarını ve dağıtımlarını organize etme stratejileri, yeni enfeksiyonları en aza indirme çabaları ve genel olarak sağlık hizmetlerini nasıl daha iyi tasarlayacağımızı belirlemeye yardımcı olabilmektedir (Shao et al., 2016: 3).

KAYNAKÇA

- Anderson, R. M. ve May, R. M. (1992). *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*, Oxford University Press..
- Anderson, R. M. (2013). *The Population Dynamics of Infectious Diseases: Theory and Applications*, Springer.
- Backer, J. A., Klinkenberg, D. ve Wallinga, J. (2020). "Incubation Period of 2019 Novel Coronavirus (2019-Ncov) Infections Among Travellers From Wuhan, China, 20–28 January 2020", *Eurosurveillance*, 25(5), 2000062.
- Barabási, A. L. ve Elhüseyni, N. (2010). *İş Hayatında, Bilimde ve Günlük Yaşamda Bağlantılar*, Optimist Yayın Dağıtım.
- Bell, D. C., Atkinson, J. S. ve Carlson, J. W. (1999). "Centrality Measures for Disease Transmission Networks", *Socialnetworks*, 21(1), 1-21.
- Beşirbellioğlu, B. A. SARS Kuşukulu ve Damlacık Çekirdeği İle Bulaşan İnfeksiyonlarda DAS Yönetimi.
- Borgatti, S. P. (1995). "Centrality and AIDS", *Connections*, 18(1), 112-114.
- Borgatti, S. P., Everett, M. G. ve Johnson, J. C. (2018). *Analyzing social Networks*, Sage.
- Campbell, E. ve Salathé, M. (2013). "Complex Social Contagion Makes Networks More Vulnerable to Disease Outbreaks", *Scientific Reports*, 3, 1905.
- Chang, H., Su, B. B., Zhou, Y. P. ve He, D. R. (2007). "Assortativity and Act Degree Distribution of Some Collaboration Networks", *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 383(2), 687-702.
- Christakis, N. A. ve Fowler, J. H. (2010). "Social Network Sensors for Early Detection of Contagious Outbreaks", *PloSone*, 5(9).
- Christley, R. M., Pinchbeck, G. L., Bowers, R. G., Clancy, D., French, N. P., Bennett, R. ve Turner, J. (2005). "Infection in Social Networks: Using Network Analysis to Identify High-Risk Individuals", *American Journal of Epidemiology*, 162(10), 1024-1031.
- Corner, L. A. L., Pfeiffer, D. U. ve Morris, R. S. (2003). "Social Network Analysis of Mycobacterium Bovis Transmission Among Captive Brushtail Possums (Trichosurus Vulpecula)", *Preventive Veterinary Medicine*, 59(3), 147-167.
- Çetin, E., Kiremitçi, B., ve Yurt, İ. D. (2009). "Matematiksel Epidemiyoloji: Pandemik A/H1N1 Gribi Vakası", *Istanbul University Journal of the School of Business Administration*, 38(2).
- De Nooy, W., Mrvar, A. ve Batagelj, V. (2018). *Exploratory Social Network Analysis With Pajek: Revised and Expanded Edition For Updated Software* (Vol. 46), Cambridge University Press.
- Diekmann, O., De Jong, M. C. M. ve Metz, J. A. J. (1998). "A Deterministic Epidemic Model Taking Account of Repeated Contacts Between The Same Individuals", *Journal of Applied Probability*, 35(2), 448-462.
- Eames, K. T., Read, J. M. ve Edmunds, W. J. (2009). "Epidemic Prediction and Control in Weighted Networks", *Epidemics*, 1(1), 70-76.
- Enright, J. ve Kao, R. R. (2018). "Epidemics on Dynamic Networks", *Epidemics*, 24, 88-97.
- Firestone, S. M., Christley, R. M., Ward, M. P. ve Dhand, N. K. (2012). "Adding The Spatial Dimension to The Social Network Analysis of an Epidemic: Investigation of The 2007 Outbreak of Equine Influenza in Australia", *Preventive Veterinary Medicine*, 106(2), 123-135.
- Freeman, L. C. (1977). "A set of Measures of Centrality Based on Betweenness", *Sociometry*, 35-41.
- Giebertowicz, S., Ali, M., Yunus, M. ve Emch, M. (2011). "A Comparison of Spatial And Social Clustering of Cholera in Matlab, Bangladesh", *Health & Place*, 17(2), 490-497.
- Girvan, M., & Newman, M. E. (2002). "Community Structure in Social And Biological Networks", *Proceedings of The National Academy of Sciences*, 99(12), 7821-7826.
- Gürsakal, N. (2009). *Sosyal Ağ Analizi: Pajek Ucinet Ve Gmine Uygulamalı*, Dora yayınları.
- Haraldsdottir, S., Gupta, S. ve Anderson, R. M. (1992). "Preliminary Studies of Sexual Networks in A Male Homosexual Community in Iceland", *Journal of Acquired Immune Deficiency Syndromes*, 5(4), 374-381.

- Harary, F., & Norman, R. Z. (1953). *Graph Theory as A Mathematical Model in Social Science* (p. 45), Ann Arbor: University of Michigan, Institute for Social Research.
- Haydon, D. T., Chase-Topping, M., Shaw, D. J., Matthews, L., Friar, J. K., Wilesmith, J. ve Woolhouse, M. E. J. (2003). "The Construction and Analysis of Epidemic Trees With Reference to The 2001 UK Foot and Mouth Outbreak", *Proceedings of The Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1511), 121-127.
- Haythornthwaite, C. (2005). "Social Network Methods and Measures For Examining E-Learning", *Social Networks*, 2005, 1-22.
- Keeling, M. J. ve Eames, K. T. (2005). "Networks and Epidemic Models", *Journal of the Royal Society Interface*, 2(4), 295-307.
- Masuda, N. ve Holme, P. (2013). "Predicting and Controlling Infectious Disease Epidemics Using Temporal Networks", *F1000Prime Reports*, 5.
- May, R. M. ve Lloyd, A. L. (2001). "Infection Dynamics On Scale-Free Networks", *Physical Review E*, 64(6), 066112.
- McElroy, R.D., Rothenberg, R.B., Varghese, R., Woodruff, R., Minns, G.O., Muth, S.Q., Lambert, L.A. ve Ridzon, R. (2003). "A Network-Informed Approach to Investigating A Tuberculosis Outbreak: Implications For Enhancing Contact Investigations", *The International Journal of Tuberculosis and Lung Disease*, 7(12), 486-493.
- Moreno, Y., Pastor-Satorras, R. ve Vespignani, A. (2002). "Epidemic Outbreaks In Complex Heterogeneous Networks", *The European Physical Journal B-Condensed Matter and Complex Systems*, 26(4), 521-529.
- Newman, M. E. (2000). "Models of The Small World", *Journal of Statistical Physics*, 101(3-4), 819-841.
- Newman, M. E. (2003). "The Structure And Function Of Complex Networks", *SIAM review*, 45(2), 167-256.
- Newman, M. (2010). *Networks*, Oxford University Press.
- Olinky, R., & Stone, L. (2004). Unexpected epidemic thresholds in heterogeneous networks: The role of disease transmission. *Physical Review E*, 70(3), 030902.
- Olinky, R. ve Stone, L. (2004). "Unexpected Epidemic Thresholds in Heterogeneous Networks: The Role Of Disease Transmission", *Physical Review E*, 70(3), 030902.
- Ortiz-Pelaez, A., Pfeiffer, D. U., Soares-Magalhaes, R. J. ve Guitian, F. J. (2006). "Use of Social Network Analysis To Characterize The Pattern of Animal Movements In The Initial Phases of The 2001 Foot And Mouth Disease (FMD) Epidemic In The UK", *Preventive Veterinary Medicine*, 76(1-2), 40-55.
- Pastor-Satorras, R., Vázquez, A. ve Vespignani, A. (2001). "Dynamical and Correlation Properties of The Internet", *Physical Review Letters*, 87(25), 258701.
- Pastor-Satorras, R., Castellano, C., Van Mieghem, P. ve Vespignani, A. (2015). "Epidemic Processes In Complex Networks", *Reviews of Modern Physics*, 87(3), 925.
- Porphyre, T., Stevenson, M., Jackson, R. ve McKenzie, J. (2008). "Influence of Contact Heterogeneity on TB Reproduction Ratio R_0 in A Free-Living Brushtail Possum *Trichosurus Vulpecula* Population", *Veterinary Research*, 39(3), 1.
- Pržulj, N. (2007). "Biological Network Comparison Using Graphlet Degree Distribution", *Bioinformatics*, 23(2), 177-183.
- Ravasz, E. ve Barabási, A. L. (2003). "Hierarchical Organization In Complex Networks". *Physical review E*, 67(2), 026112.
- Rothenberg, R. B., Potterat, J. J. ve Woodhouse, D. E. (1996). "Personal Risk Taking and The Spread of Disease: Beyond Core Groups", *Journal of Infectious Diseases*, 174(Supplement_2), 144-149.
- Saeedian, M., Khalighi, M., Azimi-Tafreshi, N., Jafari, G. R. ve Ausloos, M. (2017). "Memory Effects on Epidemic Evolution: The Susceptible-Infected-Recovered Epidemic Model", *Physical Review E*, 95(2), 022409.
- Salathé, M. ve Jones, J. H. (2010). "Dynamics and Control of Diseases In Networks With Community Structure", *Plos Computational Biology*, 6(4).
- Scott, J. (1988). "Sosyal ağ analizi", *Sosyoloji*, 22 (1), 109-127.
- Seña, A. C., Muth, S. Q., Heffelfinger, J. D., O'Dowd, J. O., Foust, E. ve Leone, P. (2007). "Factors and The Sociosexual Network Associated With A Syphilis Outbreak In Rural North Carolina", *Sexually Transmitted Diseases*, 34(5), 280-287.
- Shao, H., Hossain, K. S. M., Wu, H., Khan, M., Vullikanti, A., Prakash, B. A., ... ve Ramakrishnan, N. (2016). "Forecasting The Flu: Designing Social Network Sensors For Epidemics", *Arxiv Preprint Arxiv:1602.06866*.

- Shafiee, H., Wang, S., Inci, F., Toy, M., Henrich, T. J., Kuritzkes, D. R. ve Demirci, U. (2015). “Emerging Technologies For Point-of-Care Management of HIV İnfection”, *Annual Review of Medicine*, 66, 387-405.
- Shirley, M. D. F. ve Rushton, S. P. (2005). “Where Diseases And Networks Collide: Lessons To Be Learnt From A Study of The 2001 Foot-And-Mouth Disease Epidemic”, *Epidemiology & Infection*, 133(6), 1023-1032.
- Small, M., Walker, D. M. ve Tse, C. K. (2007). “Scale-Free Distribution of Avian Influenza Outbreaks”, *Physical Review Letters*, 99(18), 188702.
- Smieszek, T., Fiebig, L. ve Scholz, R. (2010). “Models of Epidemics: When Contact Repetition And Clustering Should Be Included”, *Das Gesundheitswesens*, 72(08/09), V119.
- Tichy, N. M., Tushman, M. L. ve Fombrun, C. (1979). “Social Network Analysis For Organizations”, *Academy of Management Review*, 4(4), 507-519.
- Tunalı, V. (2016). *Sosyal Ağ Analizine Giriş. Ankara: Nobel Yayıncılık.*
- Vázquez, A., Pastor-Satorras, R. ve Vespignani, A. (2002). “Large-Scale Topological And Dynamical Properties Of The Internet”, *Physical Review E*, 65(6), 066130.
- Wasserman, S. ve Faust, K. (1994). *Social Network Analysis:Methods and Applications (Vol. 8)*, Cambridge University Press.
- Watts, D. J. ve Strogatz, S. H. (1998). “Collective Dynamics of ‘Small-World’ Networks”, *Nature*, 393(6684), 440.
- Webb, C. R. (2005). “Farm Animal Networks: Unraveling The Contact Structure of The British Sheep Population”, *Preventive Veterinary Medicine*, 68(1), 3-17.
- Wellman, B. ve Berkowitz, S. D. (1988). *Social Structures: A Network Approach (Vol. 2)*, CUP Archive.
- World Health Organization (WHO). (2003). Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS): Status of The Outbreak And Lessons For The Immediate Future. World Health Organization, Geneva, [Http://Www.Who.İnt/Csr/Sars/Resources/En/İndex.Html](http://www.who.int/csr/sars/resources/en/index.html).
- World Health Organization (WHO). (2009). New İnfluenza A (H1N1) Virusinfections: Global Surveillance Summary, May 2009. *Wkly Epidemiol. Rec.* 84, 173–184.
- World Health Organization (WHO). (2020). WHO Statement Regarding Cluster of Pneumoniases In Wuhan, China. ([https://Www.Who.İnt/China/News/Detail/09-01-2020-Who-Statement-Regarding-Cluster-of-Pneumonia-Cases-In-Wuhan-China.](https://www.who.int/china/news/detail/09-01-2020-who-statement-regarding-cluster-of-pneumonia-cases-in-wuhan-china))