

MODELADO DE ENFERMEDADES CONTAGIOSAS MEDIANTE UNA CLASE DE REDES SOCIALES DINÁMICAS

JOSÉ LUÍS HERRERA¹ Y GILBERTO GONZÁLEZ-PARRA*¹

¹ Grupo de Matemática Multidisciplinar, Facultad de Ingeniería Universidad de Los Andes, Mérida, Venezuela.
e-mail: gcarlos@ula.ve

RESUMEN

En este artículo estudiamos el modelo clásico epidemiológico susceptible-infeccioso-recuperado (SIR) utilizando las redes dinámicas sociales, las cuales están basadas en grafos dinámicos donde los nodos representan los individuos y las conexiones entre nodos representan las interrelaciones sociales capaces de transmitir enfermedades. Las simulaciones del modelo estocástico se realizan mediante el método de Monte Carlo y muestran cómo la dinámica de la red afecta la evolución de las epidemias. Adicionalmente, también se estudia cómo el grado de conectividad social y la estructura inicial de la red, influyen sobre la propagación de las enfermedades infecciosas.

Palabras clave: Epidemias de enfermedades transmisibles, Redes dinámicas, Modelos matemático SIR.

MODELING INFECTIOUS DISEASES USING A CLASS OF DYNAMICAL SOCIAL NETWORKS

ABSTRACT

In this article we study the classical susceptible-infectious-recovered (SIR) epidemiological model by means of social dynamical networks which are based on dynamical graphs where the nodes represents the individuals and the links between nodes representing the social relationships with potential to transmit a disease. The simulations of the proposed model are made using Monte Carlo method and show how the dynamics of the graph affects the epidemics evolution. Additionally, we study how the social connectivity degree and the initial structure of the network affect the propagation of the infectious diseases.

Key words: Epidemics of communicable diseases, Dynamical networks, SIR mathematical models.

INTRO

DUCCIÓN

Las enfermedades infecciosas son un gran problema de dimensiones globales en la salud pública, debido a que provocan alrededor de 13 millones de muertes cada año. Distintos modelos matemáticos que describen la dinámica de de las enfermedades infecciosas han sido propuestos. La finalidad de los modelos matemáticos aplicados a la epidemiología, es proporcionar información útil para tomar decisiones y establecer medidas operativas en el control de una enfermedad infecciosa (Hethcote, 2000; Murray, 2002).

Una pregunta fundamental en el estudio de las epidemias es ¿la enfermedad desaparecerá? Esto va a depender de las tasas de transmisión y recuperación de la enfermedad. La tasa de transmisión dependerá de muchos factores, entre ellos la infectividad y la estructura conectiva de la población. Uno de los modelos más utilizados para el estudio de epidemias, es el susceptible-infeccioso-recuperado (SIR), que se utiliza en enfermedades infecciosas en las que se adquiere inmunidad permanente después de padecer la infección (Hethcote, 2000; Murray, 2002).

Entre los modelos estocásticos hay una gran variedad incluyendo el uso de ecuaciones diferenciales estocásticas, autómatas celulares, agentes y redes. Los modelos con redes están siendo utilizados cada vez más debido a que

permiten simular de forma más real la estructura de la población y su evolución en relación con la transmisión de enfermedades. Los modelos con redes o grafos están compuestos por nodos o vértices conectados por arcos que pueden representar relaciones sociales, económicas u otras. La evolución de la red ocurre de diversas formas (Newman, 2002; Keeling & Eames, 2005). La mayoría de los estudios de la dinámica de enfermedades se han hecho utilizando redes estáticas. Por otra parte, nuevos estudios están comenzando a utilizar las redes dinámicas o adaptativas, en las cuales la estructura de la red cambia y esto afecta la dinámica de la epidemia. Estas redes son más complejas de analizar, pero pueden ser más reales y parece lógico asumir que individuos sanos evitarán tener contactos con individuos infectados y de esta forma la relación entre dos individuos puede verse afectada. Este cambio en las conexiones entre individuos puede tener un efecto sobre la evolución de la epidemia (Gross et al. 2006; Gross & Blasisus, 2008).

En esta investigación se presenta el análisis del modelo SIR en una red dinámica. Se podrá observar cómo se interrelacionan la topología de la red con la propagación de la enfermedad. En particular, dada una probabilidad de contagio entre individuos β asumimos una probabilidad $(1-\beta)$ para eliminar un arco (relación) entre nodos (individuos).

Adicionalmente, se estudia cómo el grado de conectividad media $\langle k \rangle$ de la red afecta la evolución de la epidemia o enfermedad.

MODELO SIR UTILIZANDO REDES O GRAFOS DINÁMICOS

El modelo SIR divide la población en tres clases: Los susceptibles $S(t)$, es decir aquellos individuos que pueden contagiarse; la clase de los infecciosos $I(t)$ y la clase de los recuperados $R(t)$, que corresponden a aquellos que, habiéndose enfermado y aliviado, han adquirido inmunidad. Este modelo SIR puede describirse con el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales:

(1)

(2)

(3)

En este modelo, $N(t)$ es la población total, β es la tasa de contagio y γ es la tasa de recuperación. El modelo SIR tiene muchas variantes y ha sido utilizado para estudiar la evolución de muchas enfermedades entre ellas la influenza, dengue y virus respiratorios (Chowell et al. 2006; Andreasen et al. 2008; Arenas et al. 2009).

Existen otras formas alternativas de presentar el modelo SIR, entre ellas se pueden mencionar la utilización de redes. De igual forma, los modelos de redes pueden presentar una gran cantidad de variantes, en las cuales una de las más resaltantes es si la red es dinámica o estática. El resultado de la simulación para redes estáticas con grafos completos, puede ser muy diferente del modelo determinista; sin embargo, para una gran cantidad de realizaciones o simulaciones la media de la solución debe comportarse como el modelo determinista (Green et al. 2006; Gonzalez-Parra et al. 2010).

En este trabajo se desea estudiar el efecto que tiene la red dinámica o adaptativa sobre la evolución de la epidemia en un modelo SIR. Estudios similares en los cuales la estructura de la población va cambiando han sido realizados (Marceau et al. 2010). La población es representada como una colección de individuos, llamados nodos y los nodos están relacionados por un enlace, los cuales representan relaciones entre individuos con potencial de transmitir la enfermedad si alguno está infectado (Pastor-Satorras & Vespignani, 2001).

En general la topología de una red estática tiene influencia sobre el crecimiento de la epidemia (Boguna et al. 2003; Xiaoyan & Zonghua, 2008; Isham et al. 2010). Un parámetro importante en la caracterización de un grafo o red es el grado de conectividad $\langle k \rangle$, el cual indica el promedio de nodos que están conectados a un nodo.

Existen muchas formas de simular la evolución de la enfermedad en la red dinámica las cuales van a depender de las suposiciones. A continuación se presentan los pasos del algoritmo seleccionado para analizar la evolución de la epidemia en nuestra red dinámica.

1. Se crea un grafo con N nodos en el cual $(N-1)$ nodos están susceptibles y uno solo infectado.
2. Se avanza un paso Δt en el tiempo y se escoge un nodo aleatoriamente. Si el nodo es susceptible entonces se selecciona aleatoriamente uno de sus nodos vecinos. Si el nodo vecino está infectado, entonces el susceptible pasará al estado infectado con probabilidad β y en caso contrario se desconectará con probabilidad $(1-\beta)$ para evitar el contagio. Si ocurre la desconexión, el nodo seleccionado inicialmente se conecta aleatoriamente con otro nodo con el que no tenga conexión. Si el nodo seleccionado inicialmente está en el estado infectado se selecciona aleatoriamente uno de sus nodos vecinos. Si el nodo vecino es susceptible, entonces el susceptible pasará al estado infectado con probabilidad β y, en caso contrario, se desconectará con probabilidad $(1-\beta)$ para evitar el contagio. Si el nodo vecino seleccionado está infectado o recuperado, entonces el nodo infectado seleccionado originalmente pasará al estado recuperado con probabilidad γ . Como última posibilidad, si el nodo inicial seleccionado aleatoriamente está recuperado, no hay cambio de estado ya que se asume inmunidad permanente (Hethcote, 2000).
3. De esta forma el paso 2 se repite sucesivamente hasta que el número de nodos en el estado infectado sea igual a cero que es la condición para terminar la simulación ya que la red social llega a un estado estacionario.

Puede verse que la red social presentada mantiene constante el número de nodos y el número de conexiones totales. Para el tamaño de la red se

utilizan distintos valores de N . Para presentar de una forma más clara la evolución de los estados de los individuos y la red, se muestran de forma grafica los procesos de infección y recuperación en las Figuras. 1 y 2.

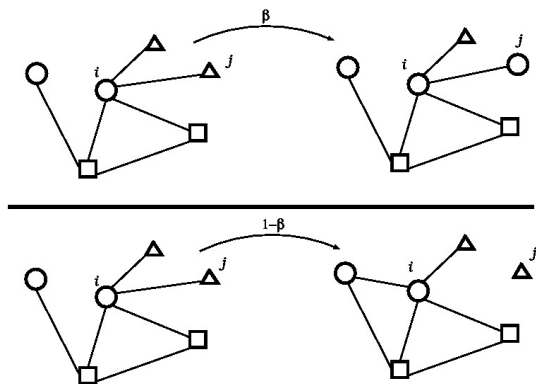


Figura 1. Proceso en un paso de iteración cuando un agente i infectado (círculo) selecciona uno de sus vecinos, j , que es susceptible (triángulo). Con probabilidad β lo contagia, y con probabilidad $(1-\beta)$ se cambia el enlace, a un agente que no era vecino de i

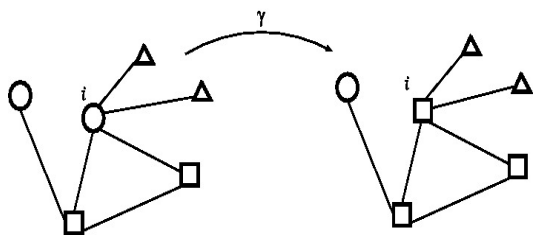


Figura 2. Proceso en un paso de iteración con un agente i infectado (círculo), cuando con probabilidad γ , pasa de ser infectado (círculo) a recuperado (cuadrado)

SIMULACIONES DEL MODELO SIR UTILIZANDO REDES DINÁMICAS

Con la finalidad de analizar cómo la dinámica y la topología de la red afecta la evolución de las enfermedades tipo SIR, se utilizó distintos valores para los parámetros de transmisión y recuperación. Las simulaciones se realizaron mediante el método de Monte Carlo. Debido a la naturaleza estocástica del algoritmo de simulación los resultados se presentaron utilizando promedios de las variables que se estudian en el estado estacionario.

En las simulaciones mostradas se utilizan $N=500$ nodos, grados de conectividad $\langle k \rangle$ entre 4 y 24 y se calculan los promedios utilizando al menos 100 realizaciones de cada configuración. En general se utiliza un tasa de recuperación de $\gamma=0.02$ días⁻¹ la cual está cercana a la tasa de varias enfermedades.

SIMULACIONES VARIANDO LA TASA DE DE TRANSMISIÓN β

La primera simulación se hace variando la tasa de transmisión β . En la Figura. 3 se puede observar que la proporción de número de individuos susceptibles en el estado asintótico se acerca a cero a medida de que la tasa de transmisión de la enfermedad β se hace más grande. Este resultado es el esperado, sin embargo es importante resaltar que a partir del valor $\beta=0.04$ es cuando la proporción de individuos susceptibles o sanos deja de ser uno (100% de la población) y para un valor $\beta=0.16$ aproximadamente es cuando la proporción de individuos susceptibles desaparece totalmente.

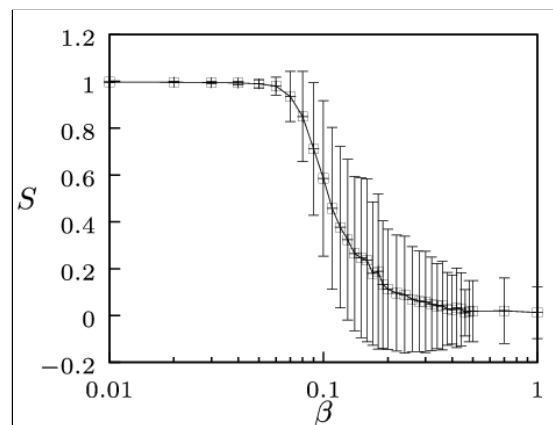


Figura 3. Los puntos y barras corresponden a la media y desviación estándar respectivamente del número de individuos susceptibles en el estado asintótico para distintos valores del parámetro β utilizando la red dinámica con grado de conectividad media $\langle k \rangle=8$, tasa de recuperación $\nu=0.02$ y 500 simulaciones de Monte Carlo

En la Figura. 4 se presentan los tiempos necesarios para llegar al estado asintótico y de forma general se puede afirmar que a mayor tasa de transmisión β mayor será el tiempo necesario para llegar al estado en el cual no hay nodos infectados. Este resultado puede resultar contra intuitivo y es opuesto totalmente a lo que sucedería en una red estática y de aquí su importancia para el estudio de la propagación de enfermedades en el mundo real. Una forma de explicar este fenómeno es pensar que al tener un β bajo la probabilidad de reconectarse $(1-\beta)$ es grande y de esta forma la red o sociedad se protege contra la enfermedad. En esta situación no todos los nodos llegan a padecer la enfermedad y esta desaparece más rápidamente. Para valores grandes de β la enfermedad llega a más individuos y permanece más tiempo en el sistema; en este caso la probabilidad de reconexión $(1-\beta)$ para protegerse es muy baja.

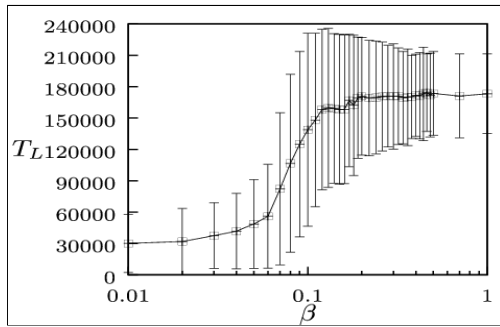


Figura 4. Los puntos y barras corresponden a la media y desviación estándar respectivamente del tiempo necesario para llegar al estado asintótico (sin infectados) para distintos valores del parámetro β utilizando la red dinámica con grado de conectividad media $\langle k \rangle = 8$, tasa de recuperación $\nu = 0.02$ y 500 simulaciones de Monte Carlo

SIMULACIONES VARIANDO EL GRADO DE CONECTIVIDAD $\langle K \rangle$

Se desea analizar el efecto que tienen el grado de conectividad $\langle k \rangle$. En la Figura 5 se puede observar que el pico máximo de la curva correspondiente a la proporción de número de nodos infectados es mayor para $\langle k \rangle = 16$. Adicionalmente, se puede observar que este valor máximo se alcanza en un tiempo menor en comparación con las otras redes con menor grado de conectividad. Este resultado nos indica que a mayor conectividad la propagación de la enfermedad es más rápida y mayor.

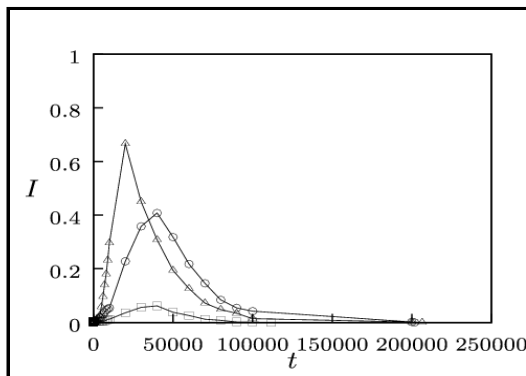


Figura 5. Distintas curvas correspondientes a la proporción de número de nodos infectados. Se utilizan los grados de conectividad $\langle k \rangle = 4, 8$ y 16 . Los cuadrados (\square) denotan grado de conectividad media $\langle k \rangle = 4$, círculos (\circ) $\langle k \rangle = 8$ y triángulos (Δ) $\langle k \rangle = 16$

En la Figura 6 se puede observar que para mayor grado de conectividad $\langle k \rangle$ la proporción de nodos susceptibles en el estado asintótico es menor. De igual forma a mayor tasa de transmisión β menos nodos susceptibles quedarán en el estado de equilibrio. Por lo tanto, podemos afirmar que sucede lo mismo que en la red estática en la cual a

mayor conectividad mayor es la propagación de la enfermedad.

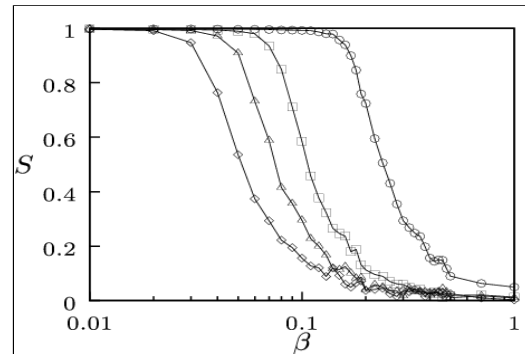


Figura 6. Susceptibles en el estado asintótico para distintos valores de β utilizando la red dinámica con distintos grados de conectividad. Los círculos (\circ) denotan grado de conectividad media $\langle k \rangle = 4$, cuadrados (\square) $\langle k \rangle = 8$, triángulos (Δ) $\langle k \rangle = 16$ y rombos (\diamond) $\langle k \rangle = 24$

En la Figura 7 se presentan los tiempos para llegar al estado asintótico. Como puede observarse el tiempo de simulación para un β fijo es mayor para las redes de mayor grado de conectividad media $\langle k \rangle$. Esto puede explicarse debido a que cuando la red tiene poca conectividad la enfermedad no llega a todos los individuos y por lo tanto se extingue más rápidamente. Por lo tanto, una sociedad con poco grado de conectividad tiene el potencial de extinguir más rápidamente la epidemia.

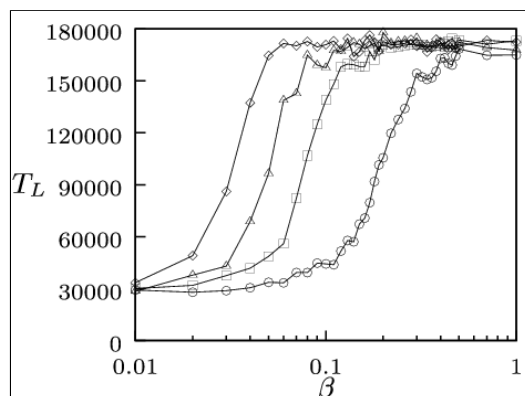


Figura 7. Tiempo necesario para llegar al estado asintótico (sin infectados) para distintos valores del parámetro β utilizando la red dinámica. Los círculos (\circ) denotan grado de conectividad media $\langle k \rangle = 4$, cuadrados (\square) $\langle k \rangle = 8$, triángulos (Δ) $\langle k \rangle = 16$ y rombos (\diamond) $\langle k \rangle = 24$

CONCLUSIONES

Los modelos de predicción son importantes para poder optimizar la utilización de recursos y evitar la propagación del virus en la población. De igual forma estos modelos permiten estudiar la implementación de terapias antivirales o posibles

vacunas. En este artículo se estudia el modelo clásico epidemiológico susceptible-infeccioso-recuperado (SIR) utilizando las redes dinámicas sociales que están basadas en grafos dinámicos en los cuales los nodos representan los individuos y las conexiones entre nodos representan las interrelaciones sociales capaces de transmitir enfermedades.

Las simulaciones del modelo presentado en redes se realizó mediante el método de Monte Carlo y muestran cómo la dinámica de la red en algunos casos afecta la evolución de la epidemia. En particular se observa que a mayor tasa de transmisión de la enfermedad β mayor será el tiempo necesario para llegar al estado asintótico donde no hay nodos infectados. La explicación que puede dársele a este fenómeno es que al tener una tasa de transmisión β baja, la probabilidad de reconectarse ($1-\beta$) es grande y de esta forma la red o sociedad se protege contra la enfermedad. En esta situación no todos los nodos llegan a padecer la enfermedad y ésta desaparece más rápidamente. Para valores grandes de β la enfermedad llega a más individuos y permanece más tiempo en el sistema; en este caso la probabilidad de reconexión ($1-\beta$) para protegerse es muy baja y la red social no logra protegerse contra la enfermedad.

REFERENCIAS

ANDREASEN, V., VIBOUD, C., SIMONSEN, L. (2008). Epidemiologic characterization of the 1918 influenza pandemic summer wave in Copenhagen: implications for pandemic control strategies. *J. Infect. Dis.* 197 (2): pp. 270–278.

[ARENAS, A. J.](#), [GONZÁLEZ-PARRA, G.](#), [MORAÑO, J. A.](#) (2009). Stochastic modeling of the transmission of respiratory syncytial virus (RSV) in the region of Valencia, Spain. *Biosys.* 96 (3): pp. 206-212.

BOGUNA, J. M., PASTOR-SATORRAS, R., VESPIGNANI, A. (2003). Epidemic spreading in complex networks with degree correlations, *Lect. Notes Phys.* 625: pp. 127–147.

CHOWELL, G., AMMON, C., HENGARTNER, N., HYMAN, J. (2006). Transmission dynamics of the great influenza pandemic of 1918 in Geneva, Switzerland: Assessing the effects of hypothetical interventions. *J. Theor. Biol.* 241 (2): pp. 93–204.

Finalmente, se desea mencionar algunas consecuencias desde el punto de vista práctico que tienen los resultados mostrados en este artículo. En primer lugar, debemos resaltar el que en poblaciones donde sus individuos se encuentran altamente conectados es necesario tomar medidas epidemiológicas preventivas más urgentemente. En segundo lugar, resaltar la importancia que tienen las reconexiones en la prevención de la propagación de las enfermedades como lo hemos visto en las simulaciones. Por último, deseamos mencionar algunas líneas futuras de estudio. Un modelo adicional que se debe estudiar sería incluir redes en las cuales el grado de conectividad cambie en el tiempo, lo cual hace el sistema más complejo y dinámico aún, pero podría acercarse más a la realidad y parece tener sentido cuando hay epidemias en una población. Estas ideas pueden ayudar a mejorar la prevención de la propagación de las enfermedades en una población.

Agradecimientos

El primer autor desea agradecer financiamiento del CDCHTA-ULA bajo el proyecto I-1235-10-05-B.

GREEN, D. M., KISS, I. Z., KAO, R. R. (2006). Parameterization of individual-based models: Comparisons with deterministic mean-field models, *J. Theor. Biol.*, 239(3): pp. 289-297.

HETHCOTE, H. W. (2000). The Mathematics of Infectious Diseases. *SIAM REVIEW* 42: pp. 599-653.

ISHAM, V., HARDEN, S., NEKOVEE, M. (2010). Stochastic epidemics and rumours on finite random networks, *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 389(3) pp. 561 – 576.

GONZALEZ-PARRA, G., ACEDO, L., VILLANUEVA, R. J., ARENAS, A. J. (2010). Modeling the social obesity epidemic with stochastic networks, *Physica A: Stat. Mech. Appl.* 389 (17): pp. 3692-3701.

GROSS, T., DOMMAR D'LIMA, C. J., BLASIUS, B. (2006). Epidemic Dynamics on an Adaptive Network, *Phys.Rev.Lett.* 96 (20): pp. 208701.

- GROSS, T., BLASIUS, B. (2008). Adaptive coevolutionary networks: a review, *J. R. Soc. Interface* March 6, 2008 5: pp. 259-27.
- KEELING, M. J., EAMES, K. T. D. (2005). Networks and epidemic models, *J. R. Soc. Interface* 2(4): pp. 295-307.
- MURRAY, J. D. (2002). *Mathematical Biology I. An Introduction*. Springer, Berlin.
- NEWMAN, M. E. J. (2002) Spread of epidemic disease on networks, *Phys. Rev. E* 66(1): pp. 016128.
- PASTOR-SATORRAS, R., VESPIGNANI, A. (2001). Epidemic Spreading in Scale-Free Networks, *Phys. Rev. Lett.* 86(14), pp. 3200-3203.
- MARCEAU, V., NOEL, P. A., HEBERT-DUFRESNE, L., ALLARD, A., DUBE, L. J. (2010). Adaptive networks: Coevolution of disease and topology, *Phys. Rev. E* 82(3): pp. 036116.
- XIAOYAN, W., ZONGHUA, L. (2008). How community structure influences epidemic spread in social networks, *Physica A: Stat. Mech. Appl.* 387: pp. 623 – 630.