



Predicción del comportamiento de una enfermedad simulada en autómatas celulares con un algoritmo propuesto en redes neuronales

Jorge Andrés Ibáñez Huertas

Universidad Central
Departamento de Matemáticas
Bogotá, Colombia
2021

Predicción del comportamiento de una enfermedad simulada en autómatas celulares con un algoritmo propuesto en redes neuronales

Jorge Andrés Ibáñez Huertas

Trabajo de grado presentado como requisito parcial para optar al título de:
Matemático

Director:
Carlos Isaac Zainea

Universidad Central
Departamento de Matemáticas
Bogotá, Colombia
2021

Agradecimientos

Resumen

Abstract

Lista de Figuras

1-1	Diagrama de compartimientos para el modelo MSEIR	3
-----	--	---

Contenido

Lista de figuras	xI
1 Epidemiología	2
Bibliografía	5

1 Epidemiología

¿Qué es la epidemiología?

De acuerdo con [11], la epidemiología se encarga de estudiar la ocurrencia y distribución de eventos, estados y procesos relacionados con la salud de distintas poblaciones, con el objetivo de brindar estrategias de control y prevención de problemas de salud relevantes.

Breve historia de la epidemiología

El primer intento por modelar teóricamente la propagación de una enfermedad, fue realizado por Daniel Bernoulli en 1760, en el cual, basándose en sus conocimientos en medicina y matemáticas, desarrolló un modelo que describe el comportamiento de la viruela y evalúa el impacto teórico de la inoculación para su época [1].

Sin embargo, en el modelamiento epidemiológico se considera como punto de partida el modelo descrito por Kermack y McKendrick en 1927, también conocido como modelo SIR, en el que se establecen relaciones entre tres estados de una enfermedad (Susceptible-Infectado-Recuperado) y se implementan los conceptos de tasa de contagio y de recuperación [10]. Desde entonces se han desarrollado múltiples variaciones sobre el modelo SIR, con el objetivo de analizar diferentes tipos de enfermedades de una manera más precisa, considerando por ejemplo diferentes estados, tasas de natalidad y mortalidad, entre otros [2].

Por otra parte y debido a los avances tecnológicos de las últimas décadas, se han desarrollado modelos y simulaciones que permiten analizar características que no eran posibles con los modelos anteriormente mencionados. Por ejemplo, patrones de movilidad [3, 5], disminución en la cantidad de contagios debido a un aislamiento preventivo [8], contagios de individuo a individuo [13] e interacciones en masa [4, 9], la mayoría realizadas con una fuerte influencia de las redes neuronales y complejas, apoyadas fuertemente sobre la teoría de grafos.

Modelos Compartimentales

Tradicionalmente, se han utilizado modelos de compartimientos para elaborar análisis epidemiológicos. En estos modelos, cada individuo perteneciente a la población de estudio es clasificado en uno de n posibles estados, según su estado de salud.

Las siglas de cada estado del modelo definen su nombre, por ejemplo, el modelo MSEIR define la interacción entre poblaciones con inmunidad "pasiva." temporal (M), en donde la inmunidad de los individuos se genera a partir de los anticuerpos heredados de la madre.

Con la desaparición de los anticuerpos, estos individuos se vuelven susceptibles a contraer la enfermedad (S). Si un individuo susceptible entra en contacto con un individuo infectado, pasará al estado de exposición (E) en donde ya se considera infectado pero incapaz de transmitir la enfermedad. En el momento en el que el individuo adquiera la capacidad de contagiar la enfermedad, se pasará al estado (I) y finalmente, cuando el individuo se recupere y adquiera inmunidad, pasará al estado (R) del modelo. [12]

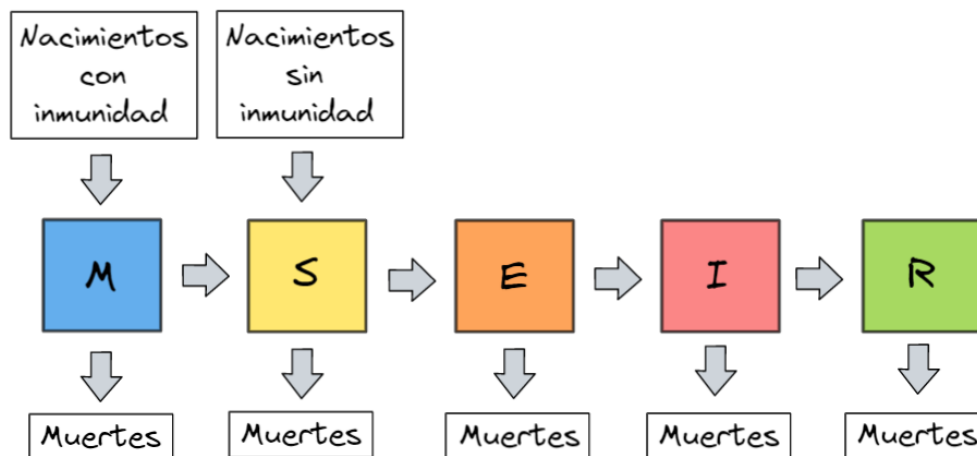


Figura 1-1: Diagrama de compartimientos para el modelo MSEIR

Nota: Durante el desarrollo del presente documento trabajaremos con valores normalizados, por lo que

$$M(t) + S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = 1 \quad , \text{ para todo tiempo } t.$$

Estudio epidemiológico

Uno de los objetos de estudio con mayor importancia en el campo de la epidemiología es la cualidad endémica de la enfermedad, es decir, si la enfermedad afectará a la población por un largo periodo de tiempo o si desaparecerá gradualmente. La manera en la que se determina esta capacidad está dada por los siguientes indicadores:

- **Número básico de reproducción R_0 :** Se define como la cantidad de individuos que infecta el paciente cero en una población completamente susceptible. En general, si $R_0 < 1$ la enfermedad desaparecerá paulatinamente y si $R_0 > 1$, podríamos estar ante un caso de endemia.
- **Número de contactos adecuados $\sigma(t)$:** Es la cantidad de contactos con individuos del sistema que realiza un individuo infectado durante su etapa de infección, cuando se introduce en la población en el momento t .

- **Número de desplazamiento $R(t)$:** Se entiende como la cantidad promedio de infecciones secundarias que produce un individuo infectado durante su etapa de infección, cuando es introducido en la población en el momento t . De ese modo, $R(t) = \sigma(t) \cdot S(t)$, donde $S(t)$ indica la cantidad de individuos susceptibles en el momento t .

Función de supervivencia

Heesterbeek y Dietz definen el número básico de reproducción R_0 como

$$R_0 = \int_0^{\infty} b(a)F(a)da \quad (1-1)$$

donde $b(a)$ representa la cantidad promedio de nuevos contagios que producirá un individuo infectado durante un tiempo a y $F(a)$, conocida como la función de supervivencia, representa la probabilidad de que un individuo recién infectado se mantenga en ese estado durante al menos un tiempo a [6, 7].

Bibliografía

- [1] Nicolas Bacaer. *A Short History of Mathematical Population Dynamics*. Springer, 2011.
- [2] Diego de Pereda Sebastián. Modelización matemática de la difusión de una epidemia de peste porcina entre granjas. Master's thesis, Universidad Complutense de Madrid, 2010.
- [3] Songgaojun Deng, Shusen Wang, Huzefa Rangwala, Lijing Wang, and Yue Ning. Colagnn: Cross-location attention based graph neural networks for long-term ili prediction. *arXiv*, 2019.
- [4] Cornelius Fritza, Emilio Dorigattia, and David Rugamera. Combining graph neural networks and spatio-temporal disease models to predict covid-19 cases in germany. *arXiv*, 2021.
- [5] Valerio La Gatta, Vincenzo Moscato, Marco Postiglione, and Giancarlo Sperlí. An epidemiological neural network exploiting dynamic graph structured data applied to the covid-19 outbreak. *ELSEVIER*, 2021.
- [6] J.A.P. Heesterbeek and K. Dietz. The concept of R_0 in epidemic theory. *Statistica Neerlandica*, 1996.
- [7] R. J. Heffernan, J.M. and Smith and L. M. Wahl. Perspectives on the basic reproductive ratio. *The Royal Society*, 2005.
- [8] Ilias N. Lymperopoulos. stayhome to contain covid-19: Neuro-sir – neurodynamical epidemic modeling of infection patterns in social networks. *ELSEVIER*, 2021.
- [9] George Panagopoulos, Giannis Nikolentzos, and Michalis Vazirgiannis. Transfer graph neural networks for pandemic forecasting. *arXiv*, 2021.
- [10] Mario Castro Ponce, Manuel de León, and Antonio Gómez Corral. Las matemáticas contra la malaria y el modelo sir. *Matemáticas y sus fronteras*, 2020.
- [11] Miquel Porta. *A Dictionary of Epidemiology*. Oxford University Press, 2014.
- [12] Laura García Rovira. Modelos matemáticos compartimentales en epidemiología. Technical report, Universidad de La Laguna.

- [13] Kao RR. *Networks and Models with Heterogeneous Population Structure in Epidemiology*, chapter 4. Network Science, 2010.