

CAsimulations: Modelación de dinámicas topológicas en la propagación de una enfermedad usando autómatas celulares

Jorge Andres Ibañez Huertas, Carlos Isaac Zainea Maya

Central University, Bogotá

Hoy en día existen distintos modelos matemáticos para proyectar el progreso de una enfermedad con el objetivo de brindar estrategias de control y de prevención [3]. Contingencias como la vivida con el COVID 19 promueven una mayor comprensión y planteamiento de estos modelos desde diferentes perspectivas.

Hemos identificado dos grupos de modelos: los que están basados en compartimientos y los modelos de aprendizaje. Entre los cuales cabe destacar que a pesar de su capacidad de predicción, se dejan de lado comportamientos espaciales y en ocasiones la implementación puede estar limitada por la naturaleza de los datos.

Hemos identificado que la gran mayoría de los modelos describen la propagación asumiendo comportamientos en masa como por ejemplo el desplazamiento entre regiones de un país [1] y esto nos motiva a preguntarnos por **¿cuál es el nivel de incidencia de las interacciones sociales en la propagación de una enfermedad?**

1. Crear una herramienta que permita analizar la propagación de una enfermedad en función de las interacciones sociales individuales.
2. Proporcionar una metodología para formular modelos epidemiológicos basados en agentes a partir de patrones y reglas lógicas.
3. Determinar el impacto de las interacciones sociales en la propagación de una enfermedad.

- 1 Preliminares**

 - Modelos compartimentales: Modelos SIS y SIR
 - Autómatas celulares y topología
- 2 Modelos epidemiológicos en autómatas celulares**

 - Relaciones entre células
 - Reglas de evolución
- 3 Ejemplo particular**

- 4 Conclusiones**

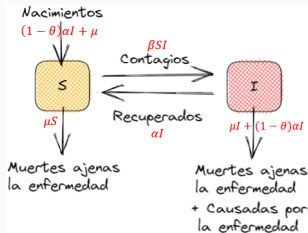
- 5 Referencias**

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 "compartimientos", según su estado de salud.

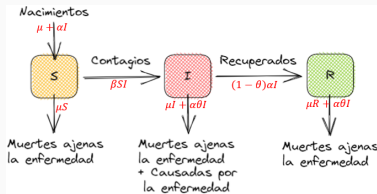
Generalmente, se consideran tres estados en las que podemos dividir a la población en el tiempo: Los que pueden contraer la enfermedad, los que se infectan y los que se recuperan. Los modelos que consideran estas variaciones se conocen como los modelos SIS y SIR.

Nota: Usaremos las versiones con tamaño de población constante de los modelos SIS y SIR. Se espera que en futuras investigaciones se profundice en poblaciones de tamaño variable.

El modelo SIS



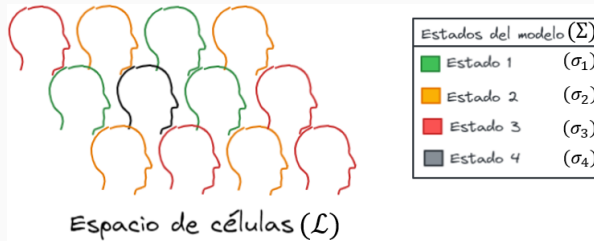
El modelo SIR



Parámetros de los modelos SIS y SIR

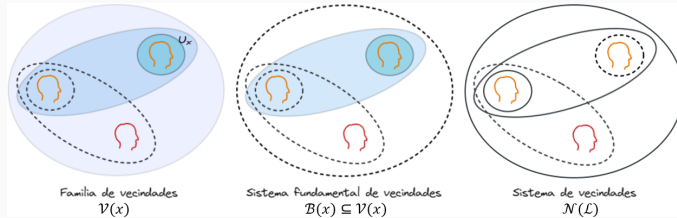
- **Tasa de infección β :**
Probabilidad que tiene un individuo susceptible de adquirir la enfermedad luego de tener contacto con un infectado.
- **Tasa de recuperación α :**
Probabilidad de que un infectado se recupere de la enfermedad. En ocasiones representa el tiempo medio que tarda un infectado en recuperarse de la enfermedad [2].
- **Tasa de natalidad/mortalidad μ .**
- **Tasa de muerte por enfermedad θ .**

Autómatas celulares y topología

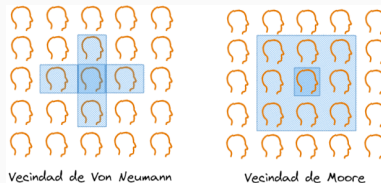


Las **reglas** que rigen el comportamiento de los estados de las células depende del estado de sus vecinos. Se deben aplicar en simultáneo sobre cada una de las células.

Autómatas celulares y topología

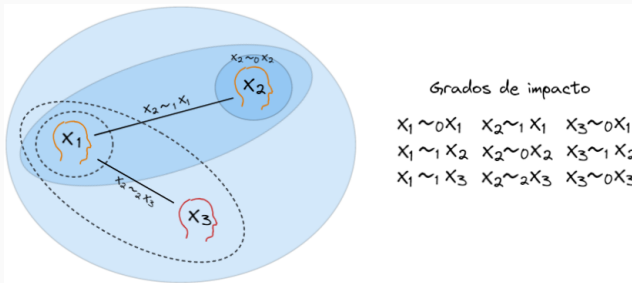


Vecindades usuales:



Definición: Un espacio topológico X que tiene un sistema fundamental de vecindades numerable en cada uno de sus puntos se dice que satisface el primer axioma de numerabilidad o simplemente que es uno-numerable.

Pensemos por un momento en que si un individuo susceptible a una enfermedad tiene contacto con muchos infectados, puede enfermarse con mucha más facilidad que un individuo que tiene contacto con pocos infectados. Ahora bien **¿cuántas interacciones con infectados de todas las que puede llegar a tener una célula, son suficientes para generar una probabilidad de contagio considerable?**



Teorema: Los grados de impacto de una célula x definen un sistema fundamental de vecindades.

Demostración:

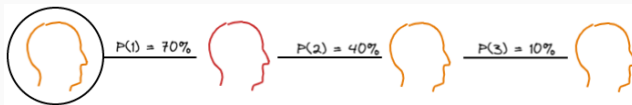
1. Para $x \in \mathcal{L}$ defina recursivamente a los conjuntos \mathcal{A}_k formados por los elementos son los puntos con grado de impacto k con x .
2. Se observa que $A_i \subseteq A_j$ para $0 \leq i \leq j$ y de ese modo $A_i \in \mathcal{V}(x)$ para $i = 0, 1, \dots, n$
3. Se comprueba que A_0 es la vecindad minimal de x .
 - 3.1 (\subseteq) Se toma $y \in U_x$ y se supone que $y \not\sim_0 x$ (Contradicción de la definición de \sim_n).
 - 3.2 (\supseteq) Se toma $y \in A_0$ y se afirma que $y \in \bigcap \mathcal{V}(x)$, por lo que $y \in U_x$.

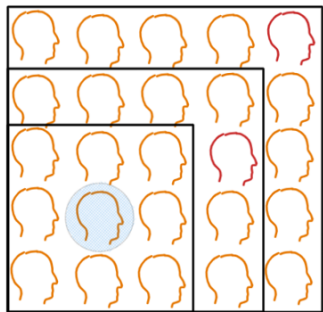
Proposición: Sea $x \in \mathcal{L}$ una célula y sea \mathcal{A} la familia de conjuntos encajados definidos por el grado de impacto con x . Entonces:

1. El conjunto \mathcal{A} posee elemento minimal igual a A_0 ,
2. \mathcal{A} es un conjunto ordenado finito con el orden de la contenencia, y
3. \mathcal{L} es un espacio uno-numerable.

El grado de impacto por si solo no nos proporciona una medida del impacto que tienen los cambios de estado de células "lejanas" (o de grado de impacto mayor a cero).

Estas medidas de impacto $P(g)$, se entenderán como la probabilidad de que un cambio de estado afecte a la célula con la que estamos realizando la comparación. De ese modo, las tasas de impacto serán valores entre 0 y 1 que pueden venir dados por cualquier tipo de función que tenga como dominio al conjunto de grados de impacto.





$P(0)=70\%$

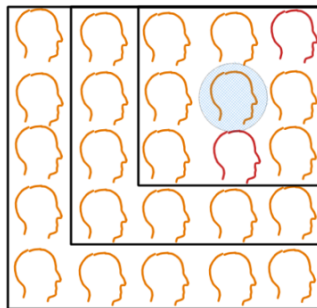
$P(1)=40\%$ $P(2)=10\%$

$$NI(S) = 8 \cdot 70\% + 6 \cdot 40\% + 8 \cdot 10\% = 8.8$$

$$NI(I) = 0 \cdot 70\% + 1 \cdot 40\% + 1 \cdot 10\% = 0.5$$

$$TCE(x_{4,2}) = \frac{0 \cdot 70\%}{8} + \frac{1 \cdot 40\%}{7} + \frac{1 \cdot 10\%}{9} \approx 6.8\%$$

$P(2)=10\%$ $P(1)=40\%$ $P(0)=70\%$



$$NI(S) = 6 \cdot 70\% + 7 \cdot 40\% + 9 \cdot 10\% = 7.9$$

$$NI(I) = 2 \cdot 70\% + 0 \cdot 40\% + 0 \cdot 10\% = 1.4$$

$$TCE(x_{2,4}) = \frac{2 \cdot 70\%}{8} + \frac{0 \cdot 40\%}{7} + \frac{0 \cdot 10\%}{9} \approx 17.5\%$$

Para cada célula en el espacio \mathcal{L} se debe cumplir que:

- Si la célula es susceptible a contraer la enfermedad, se mantendrá en ese estado con una probabilidad $i(x) = TCE(x) \cdot \frac{\beta}{\alpha}$, siempre y cuando el nivel de incidencia de la población susceptible sea mayor al de la población infectada.
- Si la célula no es susceptible y tampoco está infectada, se mantendrá en el mismo estado.
- Se infectará en otro caso.

Nota: En la implementación se usó una distribución uniforme para determinar el valor aleatorio usado para el cálculo de la probabilidad, se espera que en futuras investigaciones se profundice en cambios sobre la distribución usada.

Para cada célula en el espacio \mathcal{L} se debe cumplir que:

- Si es susceptible a contraer la enfermedad, aplique la regla SI.
- Si está infectada, se recuperará con una probabilidad α y se mantendrá enferma con una probabilidad $1 - \alpha$.
- Si es inmune a la enfermedad, se mantiene en ese estado (modelo SIR).

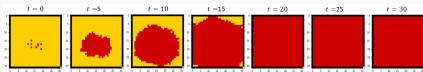


Figure: Evolución de la enfermedad - modelo SIS.

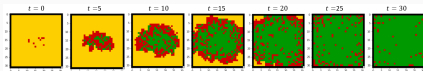


Figure: Evolución de la enfermedad - modelo SIR.

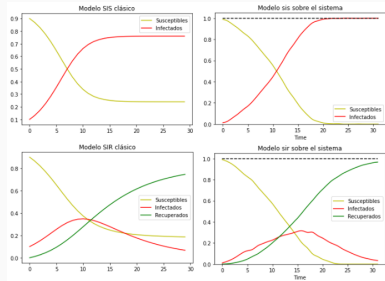
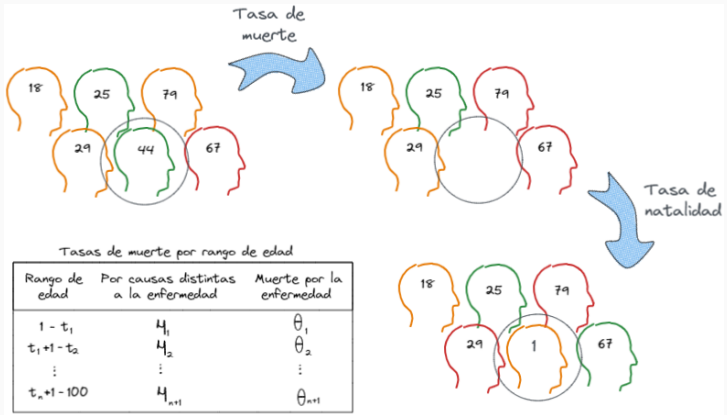
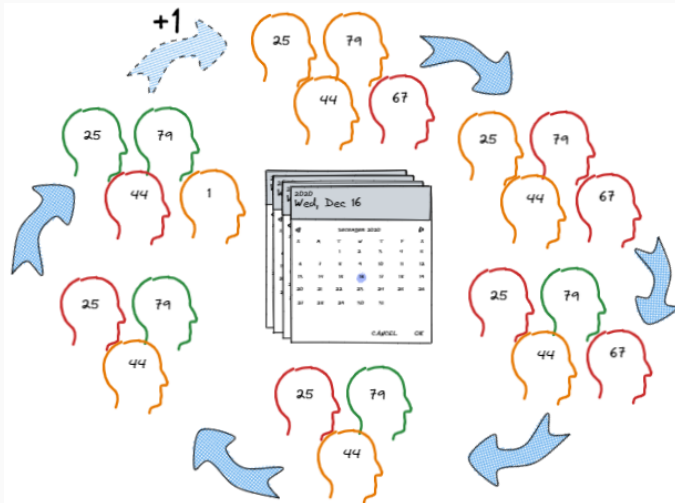


Figure: Evolución de la enfermedad - modelos clásicos vs reglas de evolución.





- **Escuela (E):** Se sabe que en el pueblo hay 9 niños y 2 profesores.
- **Oficinas (O):** Cuenta con un personal de 16 individuos.
- **Mercado (M):** Se identificaron 8 trabajadores.
- **Hospital (H):** Entre doctores, enfermeros y pacientes se identifica una cantidad de 14 individuos. Para un total de 49 personas en el pueblo.

28	90	40	38	48	50	30
31	7	26	36	41	12	35
75	41	35	29	37	38	29
61	80	32	39	4	39	41
2	36	9	33	2	32	37
60	48	53	51	56	35	40
55	59	11	8	50	47	7

O	H	O	H	O	O	E
O	E	O	O	O	E	H
H	M	O	M	H	E	O
M	H	M	O	E	H	O
E	H	E	M	E	O	O
M	H	M	H	H	M	
O	H	E	E	O	H	E

Rango de edades	Tasas
1 - 15	0.005
16 - 48	0.01
49 - 55	0.1
56+	0.25

Figure: Edades y ocupaciones en el pueblo.

Figure: Tasas de letalidad de la gripa.

En el caso de la enfermedad, tomaremos $\alpha = \frac{1}{5} = 0.2$ (la gripa dura en promedio 5 días), $\beta = 0.3$, tasas de natalidad del 2% y de mortalidad del 0.5%. Supondremos inicialmente que la enfermedad inicia en el hospital.

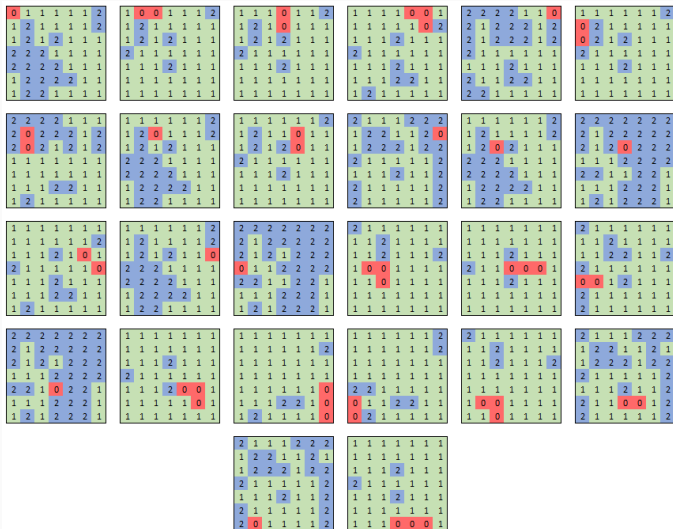


Figure: Grados de impacto.

Ejemplo particular

Para un periodo de 30 días y las tasas de impacto $P(0) = 1$, $P(1) = 0.5$ y $P(2) = 0.25$ se tiene el comportamiento descrito en la segunda figura:



Figure: Cambios de estado con punto de inicio en el hospital.

En la siguiente figura podremos observar la evolución promedio sobre 100 simulaciones de la enfermedad teniendo en cuenta diferentes tasas de impacto:

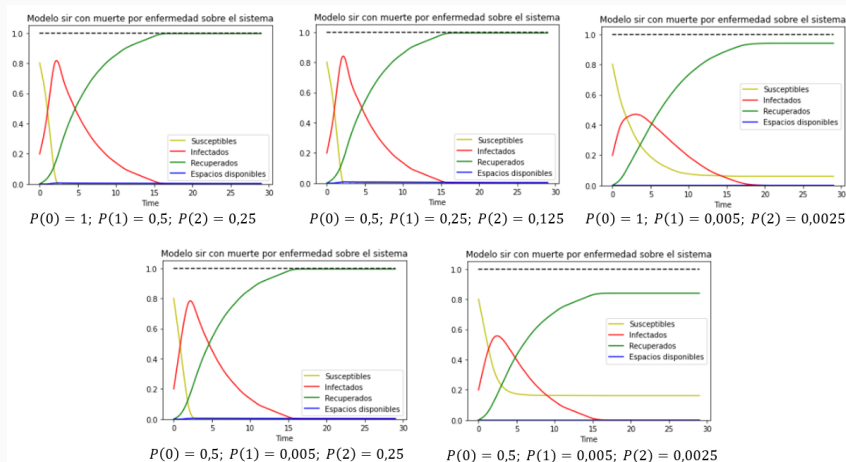


Figure: Evolución promedio de la enfermedad tomando distintas tasas de impacto.

Teniendo en cuenta que el ejemplo anterior muestra que diferentes tasas de impacto afectan a las curvas de evolución del modelo, podemos preguntarnos si ocurre algo similar con diferentes condiciones iniciales.

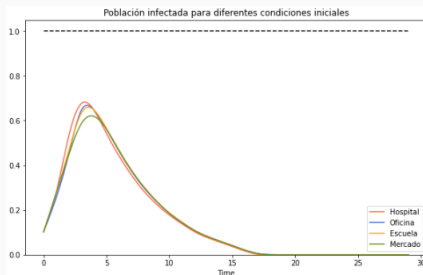


Figure: Población infectada por condición inicial.

Por otro lado, podemos también preguntarnos si el sistema de vecindades con el que se describen las interacciones, tiene algún tipo de incidencia en el comportamiento de la enfermedad.

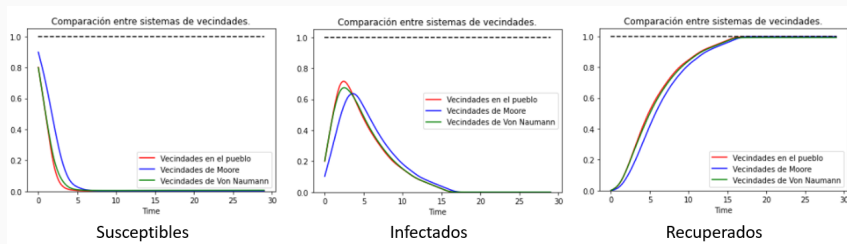


Figure: Evolución promedio de la enfermedad tomando tres sistemas de vecindades.

- Haciendo uso de las **propiedades de los autómatas celulares** para describir comportamientos espaciales y de los sistemas fundamentales de vecindades **es posible modelar las relaciones sociales** de un conjunto de individuos determinado.
- Las **condiciones iniciales** sobre cómo interactúan las células **no afectan a los puntos de equilibrio** de las curvas que describen el comportamiento de la enfermedad. Sin embargo, como se observa en los ejemplos realizados, los **cambios en la condición inicial** pueden afectar a la **velocidad de propagación** de la misma enfermedad.
- Se evidencia que limitar y/o reducir la intensidad de las interacciones sociales es una medida efectiva para disminuir los casos de individuos infectados.

- Las reglas y algoritmos propuestos **permiten visualizar de manera clara e intuitiva a la manera en la que una enfermedad evoluciona dentro de una población**, manteniendo un comportamiento que puede ser descrito en cierta medida por los modelos compartimentales clásicos.
- Si bien las reglas planteadas permiten analizar características que no eran posibles con los modelos clásicos, se evidencia una **limitación** en cuanto a que se asume una **capacidad máxima de individuos en el sistema**.
- La **metodología** empleada para el diseño e implementación de las reglas de evolución descritas en este trabajo, brindan un camino claro para la definición de reglas que modelen el comportamiento de modelos epidemiológicos más generales.

- [1] A.Holkoa, M.Medrek, Z.Pastuszakb, and K.Phusavat.
Epidemiological modeling with a population density map-based cellular automata simulation system.
ELSEVIER, 2016.
- [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] Miquel Porta.
A Dictionary of Epidemiology.
Oxford University Press, 2014.