

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

Jorge Andres Ibañez Huertas

Central University, Bogotá

1

Preliminares

- Estudio epidemiológico
- Modelos compartimentales: Modelos SIS y SIR
- Topología
- Autómatas celulares

2

Modelos epidemiológicos en autómatas celulares

- Relaciones entre células
- Reglas de evolución

3

Ejemplo particular

4

Conclusiones

5

Referencias

La epidemiología es la rama de las ciencias que 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 [1].

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.

Número básico de reproducción \mathcal{R}_0

Se define como la cantidad de individuos que infecta el paciente cero en una población completamente susceptible. En general, si $\mathcal{R}_0 < 1$ la enfermedad desaparecerá paulatinamente y si $\mathcal{R}_0 > 1$, podríamos estar ante un caso de endemia.

$$\mathcal{R}_0 = \int_0^{\infty} b(t)F(t)dt, \quad (1)$$

Diagramas compartimentales para los modelos SIS y SIR en sus versiones con muerte causada por enfermedad:

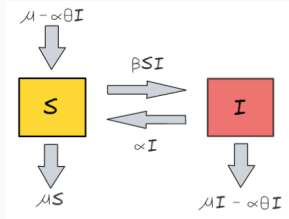


Figure: El modelo SIS

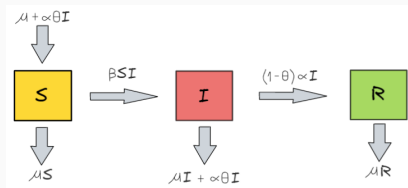


Figure: El modelo SIR

Vistos como ecuaciones diferenciales:

$$\begin{cases} S' = \mu(1 - S) + (1 - \theta)\alpha I - \beta SI, \\ I' = \beta SI - (1 - \theta)\alpha I - \mu I. \end{cases}$$

$$\begin{cases} S' = \mu(1 - S) + \alpha\theta I - \beta SI, \\ I' = \beta SI - \alpha I - \mu I, \\ R' = \alpha I - \alpha\theta I - \mu R. \end{cases}$$

Donde el indicador \mathcal{R}_0 para cada modelo es:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha(1 - \theta) + \mu}$$

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta}{\alpha + \mu}.$$

Definición: Sean X un espacio topológico y $x \in X$. Diremos que un subconjunto V de X es una *vecindad* de x , si existe un abierto A tal que $x \in A \subseteq V$. Denotaremos por $\mathcal{V}(x)$ a la familia de todas las vecindades de x .

Proposición: Sea X un espacio topológico, entonces para cada $x \in X$:

1. Si $U \in \mathcal{V}(x)$, entonces $x \in U$,
2. si $U, V \in \mathcal{V}(x)$, entonces $U \cap V \in \mathcal{V}(x)$,
3. para cada $U \in \mathcal{V}(x)$, existe $V \in \mathcal{V}(y)$ tal que $U \in \mathcal{V}(y)$ para cada $y \in V$, y
4. si $U \in \mathcal{V}(x)$ y $U \subseteq V \subseteq X$ entonces $V \in \mathcal{V}(x)$.

Definición: Para un punto x en un espacio topológico X , un subconjunto $\mathcal{B}(x)$ de $\mathcal{V}(x)$ es un *sistema fundamental de vecindades de x* si para cada $V \in \mathcal{V}(x)$, existe $B \in \mathcal{B}(x)$ tal que $B \subseteq V$. Los elementos de $\mathcal{B}(x)$ son llamados *vecindades (o entornos) básicos* de x .

Proposición: La unión de todas las vecindades minimales U_x para $x \in X$ forma una base para la topología de X . Esta base es llamada *base minimal*.

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.

Autómatas celulares

Un **espacio de células** \mathcal{L} es el conjunto donde viven e interactúan todas las células que se consideran para el modelo.

El **conjunto de estados** Σ es el conjunto finito de todas las posibles categorías en las que pueden estar las células del espacio \mathcal{L} .

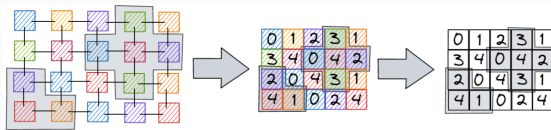


Figure: Implementación computacional clásica de un autómatas celular

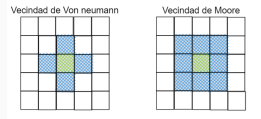


Figure: Vecindades usuales para autómatas celulares

Las **reglas** que rigen el comportamiento de los estados de las células depende del estado de sus vecinos y su asignación puede ser de dos posibles tipos: determinística o totalística.

Reglas determinísticas

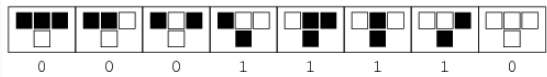


Figure: Regla 30 de Wolfram. Captura tomada de [2]

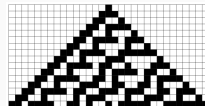


Figure: Evolución del espacio en 15 iteraciones.

Reglas totalísticas

$$\phi : \Sigma_x \times \overbrace{\Sigma \times \Sigma \times \dots \times \Sigma}^N \longrightarrow \left\{ \begin{array}{ll} \sigma_1 \subseteq \Sigma_x & \text{si el estado de } x \text{ es } s_1 \\ \sigma_2 \subseteq \Sigma_x & \text{si el estado de } x \text{ es } s_2 \\ \vdots & \vdots \\ \sigma_k \subseteq \Sigma_x & \text{si el estado de } x \text{ es } s_k \end{array} \right. ,$$

donde k es la cantidad de posibles estados que puede tomar x .

Un **autómata celular** es una la tupla de la forma $A = (\mathcal{L}, \Sigma, \mathcal{N}(\mathcal{L}), \phi)$ con $\mathcal{N}(\mathcal{L})$ un sistema de vecindades sobre \mathcal{L} .

Pensemos ahora en las características que hay detrás de relación cercana entre individuos o células. Denotaremos la relación entre células con el símbolo \sim y una vez dicho esto tenemos que:

- Todas las células están en contacto con ellas mismas, por lo que para cada célula x se cumple $x \sim x$.
- Si una célula estuviera en contacto con alguna otra entonces esa célula estaría en contacto con la primera, es decir, $x \sim y$ implica $y \sim x$.
- Si una célula interactúa con otras dos no implica necesariamente que estas interactúen entre sí, por lo que $x \sim y$ y $x \sim z$ no implican que $y \sim z$.

Ejemplo

Consideremos por ejemplo el conjunto $X = \{a, b, c\}$ y a la sub-colección \mathcal{A} dada por $\mathcal{A} = \{\emptyset, \{a\}, \{b\}, \{a, b\}, \{a, c\}, \{a, b, c\}\}$. Las relaciones de interacción presentes en la topología \mathcal{A} son:

$$a \sim a, \quad b \sim b, \quad a \sim b, \quad a \sim c, \quad \text{y} \quad b \sim c,$$

junto con sus relaciones simétricas equivalentes.

Definición: Denotaremos como $a \sim_n b$ con $n \in \mathbb{N}$, a la menor cantidad de interacciones entre a y b . Conoceremos como **grado de impacto** a la relación \sim_n .

Del ejemplo anterior se obtiene que:

$$a \sim_0 a, \quad b \sim_0 b, \quad a \sim_1 c, \quad a \sim_1 b, \quad b \sim_1 a, \quad b \sim_2 c, \quad c \sim_0 a, \quad c \sim_0 c$$

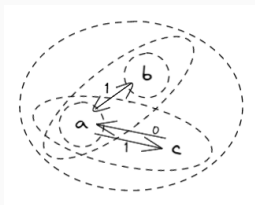


Figure: Grados de impacto para el espacio X con la topología \mathcal{A} .

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.

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 . Se cumplen las siguientes propiedades:

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.

Antes de comenzar a definir nuestras reglas de evolución definiremos las siguientes notaciones:

- El estado de la célula x en un momento t se denotará como $\pi^t(x)$.
- La cantidad de individuos con grado de impacto g y estado K de una célula x en un momento t , será representado como $\sigma_{g,K}^t(x)$.
- Para representar a la cantidad de individuos con un grado de impacto g usaremos el símbolo Δ_g .
- Usaremos los símbolos $\mathcal{S}^t, \mathcal{I}^t, \mathcal{R}^t$ y \mathcal{D}^t para denotar a los conjuntos de células susceptibles, infectadas, recuperadas y muertas respectivamente en el espacio \mathcal{L} en el tiempo t . Con lo cual

$$\mathcal{S}^t = \{x \in \mathcal{L} : \pi^t(x) = S\},$$

y de manera análoga se definen los conjuntos $\mathcal{I}^t, \mathcal{R}^t$ y \mathcal{D}^t . Note que

$$\mathcal{S}^t \cup \mathcal{I}^t \cup \mathcal{R}^t \cup \mathcal{D}^t = \mathcal{L} \text{ para todo tiempo } t.$$

Definición: Para una célula x en un espacio \mathcal{L} definimos la regla SI como:

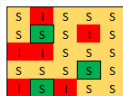
$$\phi_{SI}^t(x) = \begin{cases} S & \text{si } \pi^t(x) = S, \sum_g \sigma_{g,I}^t(x) \cdot P(g) \leq \sum_g \sigma_{g,S}^t(x) \cdot P(g) \text{ y } \rho \geq i(t), \\ I & \text{si } \pi^t(x) \in \{S, I\}, \\ \pi^t(x) & \text{en otro caso,} \end{cases} \quad (2)$$

con $\rho \in \mathcal{U}_{[0,1]}$, $P(g)$ la tasa de impacto del grado g e

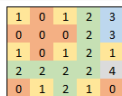
$$i(t) = \frac{\beta}{\alpha} \sum_g \frac{\sigma_{g,I}^t(x)}{\Delta_g} \cdot P(g), \quad (3)$$

donde el factor $\frac{\beta}{\alpha}$ indica la afectación ocasionada por la enfermedad y el factor restante corresponde al comportamiento de las células y su impacto en la célula x .

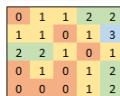
Ejemplo: En la figura 8 podemos encontrar la configuración de estados para un sistema de 25 células: en las tres del lado derecho encontramos la disposición de grados de impacto para las tres células marcadas en color verde (primera imagen), donde SFV es una abreviación de Sistema Fundamental de Vecindades.



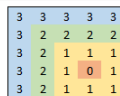
Espacio de células



SFV para x22



SFV para x52



SFV para x44

Grados	Tasas
0	0.5
1	0.3
2	0.25
3	0.1
4	0.05

Figure: Configuración inicial de estados y sistemas fundamentales de vecindades

Figure: Relación entre tasas y grados de impacto.

$$\sum_g \sigma_{g,s}^0(x_{2,2}) \cdot P(g) = 4 \cdot 0.5 + 6 \cdot 0.3 + 6 \cdot 0.25 + 2 \cdot 0.1 + 1 \cdot 0.05 = 5.55$$

$$\sum_g \sigma_{g,l}^0(x_{2,2}) \cdot P(g) = 3 \cdot 0.5 + 1 \cdot 0.3 + 2 \cdot 0.25 + 0 \cdot 0.1 + 0 \cdot 0.05 = 2.3$$

$$i_{2,2}(0) = \frac{\beta}{\alpha} \cdot \left(\frac{3 \cdot 0.5}{7} + \frac{1 \cdot 0.3}{7} + \frac{2 \cdot 0.25}{8} + \frac{0 \cdot 0.1}{2} + \frac{0 \cdot 0.05}{1} \right) = \frac{179}{560} \cdot \frac{\beta}{\alpha}$$

Para una tasa $\beta = 0.5$ y una tasa $\alpha = 0.2$ se tiene que $i_{2,2}(0) = 0.8$.

Reglas de evolución: Modelos SIS y SIR

Definición: Dada una célula x en un conjunto \mathcal{L} definimos respectivamente las reglas de evolución para los modelos SIS y SIR respectivamente como:

$$\phi_{SIS}^t(x) = \begin{cases} \phi_{SI}^t(x) & \text{si } \pi^t(x) = S, \\ I & \text{si } \pi^t(x) = I \text{ y } \rho > \alpha, \\ S & \text{si } \pi^t(x) = I \text{ y } \rho \leq \alpha. \end{cases} \quad (4)$$

$$\phi_{SIR}^t(x) = \begin{cases} \phi_{SI}^t(x) & \text{si } \pi^t(x) = S, \\ I & \text{si } \pi^t(x) = I \text{ y } \rho > \alpha, \\ R & \text{si } \pi^t(x) = I \text{ y } \rho \leq \alpha, y \\ R & \text{si } \pi^t(x) = R, \end{cases} \quad (5)$$

donde $\rho \in \mathcal{U}_{[0,1]}$.

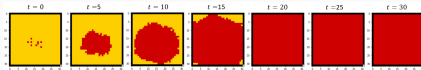


Figure: Evolución de la enfermedad en 30 días (modelo SIS).

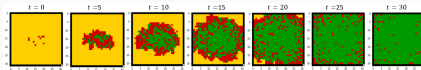


Figure: Evolución de la enfermedad en 30 días (modelo SIR).

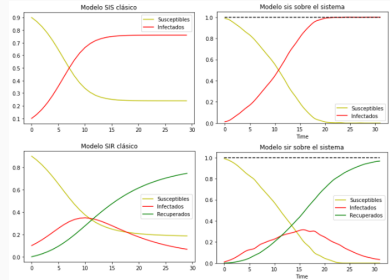


Figure: Evolución de la enfermedad en 30 días (modelos clásicos vs reglas de evolución).

Para estos modelos se considerarán las "edades" de las células, por lo que

$$\text{Dom}(\phi_\mu) = \Sigma_x \times K \times \overbrace{\Sigma \times \cdots \times \Sigma}^N, \text{ con } K = \{1, 2, \dots, 100\},$$

$$\text{Ran}(\phi_\mu) = \Sigma_x \times K.$$

La manera en la que interpretaremos el nacimiento de una célula será con la ocupación del espacio que deja una que muere.

Definición: Definimos la regla de evolución con nacimientos y muertes para M como:

$$\mu_{M,T}^t(x) = \begin{cases} D, 0 & \text{si } t \not\equiv 0 \text{ (modulo } T), \pi^t(x) \in \{S, I, R\} \text{ y } \rho \leq \omega_k, \\ D, 0 & \text{si } \pi^t(x) = D \text{ y } \rho > b, \\ S, 1 & \text{si } \pi^t(x) = D \text{ y } \rho \leq b, \\ \phi_M^t(x), E^t(x) & \text{si } t \not\equiv 0 \text{ (modulo } T), \\ \phi_M^t(x), E^t(x) + 1 & \text{si } t \equiv 0 \text{ (modulo } T), \end{cases}$$

donde ω_k es la probabilidad de morir por causas ajenas a la enfermedad para las edades en la partición k -ésima del intervalo $[0, 100]$, b es la tasa de natalidad, ϕ_M^t es la regla de evolución del modelo epidemiológico, $E^t(x)$ denota la edad de la célula x en el momento t y $\rho \in \mathcal{U}_{[0,1]}$.

Definición: Sea x una célula en un conjunto \mathcal{L} , M un modelo epidemiológico (SIS , SIR , etc.) y T una unidad temporal (días, meses, años, etc.). Definimos la regla de evolución con muerte por enfermedad para M como:

$$\theta_{M,T}^t(x) = \begin{cases} D, 0 & \text{si } \pi^t(x) = I \text{ y } \rho \leq \theta_k, \\ \mu_{M,T}^t(x) & \text{en otro caso.} \end{cases} \quad (6)$$

Donde θ_k es la probabilidad de morir por la enfermedad para los individuos con una edad en el intervalo k -ésimo de la partición del intervalo $[0, 100]$, $\mu_{M,T}^t$ es la regla de evolución para modelos con nacimientos y muertes y $\rho \in \mathcal{U}_{[0,1]}$.

Supongamos que se descubre el inicio de un brote de gripa en el hospital de un pueblo con 49 personas y deseamos analizar el comportamiento de la enfermedad para establecer medidas de control para variaciones futuras de la misma gripa.

- **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.

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	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%.

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

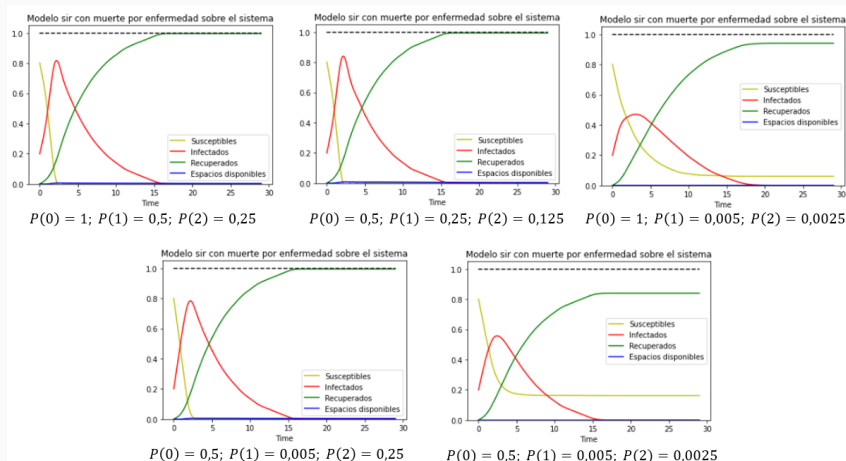


Figure: Evolución promedio de la enfermedad tomando distintas tasas de impacto.

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.

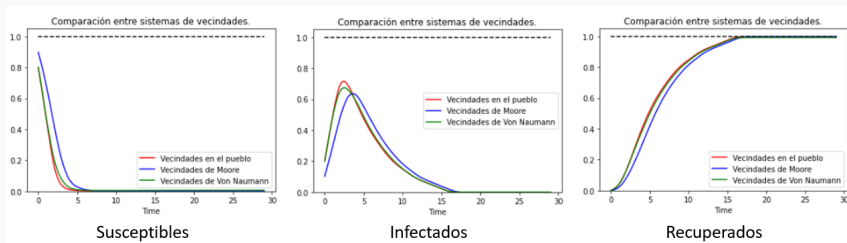


Figure: Evolución promedio de la enfermedad tomando tres sistemas de vecindades.

- 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 la manera en la que interactúan las células no impacta a los puntos de equilibrio de las curvas que describen el comportamiento de la 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.
- Se comprobó que es posible alcanzar una inmunidad de rebaño si se reducen significativamente las interacciones entre individuos.

- 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] Miquel Porta.
A Dictionary of Epidemiology.
Oxford University Press, 2014.
- [2] Eric W. Weisstein.
Rule 30.
Technical report, MathWorld—A Wolfram Web Resource,
<https://mathworld.wolfram.com/Rule30.html>, 1983.