

Dinámicas de transmisión de enfermedades en redes complejas: Integración de Modelos Epidemiológicos y Análisis de Grafos

Luis David Huante García
Tecnologías para la Información en Ciencias
Universidad Nacional Autónoma de México
luisdhuante@gmail.com

ABSTRACT

Este proyecto consiste en un análisis exhaustivo de la propagación de enfermedades infecciosas utilizando una combinación de teoría de redes y modelado epidemiológico. Utilizando Python y NetworkX, se construyeron y analizaron varios tipos de redes: aleatorias, de mundo pequeño y libres de escala, para simular la difusión de patógenos y aplicar el modelo SIR (Susceptibles, Infectados, Recuperados). Se investigaron las características y la dinámica de la propagación mediante el análisis de la centralidad de nodos y las simulaciones de infecciones en redes ficticias como la de Game of Thrones y una muestra real de la red de Facebook, examinando cómo la estructura de la red impacta la velocidad y el alcance de las epidemias. Los resultados incluyen la importancia de los nodos altamente conectados y las medidas de intervención en la contención de enfermedades, proporcionando información valiosa para el control y prevención de epidemias en diversos contextos sociales.

KEYWORDS

epidemiología, redes, grafos, modelado, enfermedades, transmisión, dinámica, estrategias, simulación, contagio, salud pública

1 INTRODUCCIÓN

La propagación de enfermedades infecciosas es un área de estudio crítica en la salud pública, caracterizada por su complejidad y multidimensionalidad. La comprensión detallada de cómo se propagan las enfermedades en las poblaciones es fundamental para implementar medidas eficaces de prevención y control.

En este contexto, el papel de la teoría de redes y la teoría de grafos se ha vuelto cada vez más prominente. La ciencia de las redes, en particular, ha revolucionado la investigación en la dinámica de elementos interactivos, siendo la epidemiología una de las disciplinas que más ha adoptado el potencial de la teoría de redes. La teoría de redes permite analizar las estructuras de transmisión y predecir la distribución y el crecimiento inicial de las infecciones, así como simular la dinámica completa de las epidemias [2].

Por otro lado, la teoría de grafos ofrece una herramienta matemática robusta para modelar y analizar la propagación de enfermedades infecciosas. Utilizando grafos, donde los nodos representan individuos o entidades y los enlaces representan relaciones o interacciones entre ellos, se pueden identificar fuentes de patógenos, patrones de transmisión y posibles intervenciones para prevenir o controlar infecciones. Esta aproximación no solo es útil para rastrear el origen de las enfermedades y predecir su comportamiento futuro, sino que también ayuda a simular la transmisión de enfermedades y diseñar estrategias efectivas para combatirlas.

Además, el análisis de redes sociales se ha utilizado ampliamente en el campo de la epidemiología para comprender cómo las estructuras de redes pueden influir en la exposición a riesgos entre los miembros de la red. Estos métodos se emplean para modelar y estudiar la propagación de enfermedades, como se ha demostrado en investigaciones que analizan datos de rastreo de contactos de pacientes diagnosticados con enfermedades infecciosas [3]. La integración de la epidemiología y el análisis de redes sociales también ha abierto nuevas perspectivas en el estudio de enfermedades infecciosas, cambiando potencialmente la forma en que entendemos y abordamos estos desafíos de salud [7].

El objetivo principal de este proyecto es profundizar en el entendimiento de la dinámica de las redes en la propagación de enfermedades infecciosas. Mediante el modelado de las interacciones y conexiones dentro de las poblaciones y la aplicación de técnicas de análisis de redes y teoría de grafos, es posible comprender más a detalle los patrones y mecanismos subyacentes que rigen la propagación de enfermedades y la expansión de una epidemia.

2 CARACTERIZACIÓN DE UNA EPIDEMIA

La importancia de caracterizar la propagación de enfermedades a través de métricas es ampliamente reconocida en varios campos. Estas métricas son fundamentales para entender y predecir la propagación de enfermedades infecciosas. Un estudio publicado en PMC destaca que la propagación de enfermedades se describe como un proceso de información, donde la información sobre los casos se difunde y se procesa en ubicaciones espaciales discretas. Algunas de estas métricas son:

- **Tasa de Reproducción Básica (R_0):** Es una de las métricas más importantes. R_0 indica el número promedio de casos nuevos generados por cada caso existente en una población donde todos son susceptibles de ser infectados. Un R_0 mayor a 1 indica que la epidemia está creciendo, mientras que un R_0 menor a 1 sugiere que está disminuyendo.
- **Incidencia:** Refiere al número de nuevos casos de una enfermedad en un periodo específico, lo que ayuda a entender la velocidad de propagación de la enfermedad.
- **Prevalencia:** Es el número total de casos (nuevos y existentes) en un momento dado, reflejando la carga total de la enfermedad en la población.
- **Tasa de Mortalidad:** Se refiere al número de muertes causadas por la enfermedad en relación con la población total o el número total de casos. Puede ser general (relacionada con la población total) o específica (por ejemplo, tasa de mortalidad en casos confirmados).

- **Tasa de Hospitalización y Uso de Recursos de Salud:** Mide el impacto de la epidemia en el sistema de salud, observando cuántos pacientes requieren hospitalización, cuidados intensivos o ventiladores.
- **Tasa de Recuperación:** Indica el porcentaje de personas que se han recuperado de la enfermedad, lo cual es importante para entender la carga continua de la enfermedad en la población.
- **Tasa de Crecimiento Epidémico:** Es la tasa a la que crece el número de casos, que puede ser calculada en términos diarios, semanales, etc.
- **Distribución Geográfica y Demográfica:** Analizar cómo se distribuye la enfermedad en diferentes regiones o entre diferentes grupos de edad, género, o condiciones de salud preexistentes.
- **Modelos Epidemiológicos:** Utilizan las métricas anteriores para predecir la trayectoria futura de la epidemia, asumiendo diferentes escenarios y medidas de intervención.

Ejemplos de cómo se aplican estas métricas pueden ser encontrados en el seguimiento de epidemias como la COVID-19, donde se han utilizado ampliamente para monitorear y responder a la crisis sanitaria. Por ejemplo, al inicio de la pandemia de COVID-19, se observó un R_0 elevado, variando entre 1.5 y 6.6 [6], lo que llevó a la implementación de medidas de confinamiento y distanciamiento social para reducir su valor y controlar la propagación del virus. Algunas de estas métricas y procedimientos serán explorados en este proyecto para modelar la propagación de enfermedades.

3 DINÁMICAS DE RED Y PROPAGACIÓN DE PATÓGENOS

La estructura de una red juega un papel crucial en la propagación de enfermedades, ya que dicta cómo y con qué rapidez una enfermedad puede propagarse entre los individuos. Una red densamente conectada, donde muchos individuos tienen múltiples conexiones, facilita una rápida transmisión del patógeno. En estas redes, un solo caso infectado tiene el potencial de transmitir la enfermedad a un gran número de personas en un corto periodo de tiempo, especialmente si los nodos (personas) conectados son altamente interactivos o móviles. Por otro lado, en redes más fragmentadas con grupos aislados, la enfermedad puede propagarse lentamente y estar limitada a clusters específicos, lo que facilita su contención. Según Newman (2010) en su estudio sobre redes y epidemiología, la densidad y la conectividad de las redes tienen un impacto directo en la velocidad y el alcance de la propagación de enfermedades [8].

La heterogeneidad en la estructura de la red también influye en la dinámica de la propagación de enfermedades. En redes donde algunos nodos actúan como clusters o superconectores —individuos que tienen un número desproporcionadamente alto de conexiones— el riesgo de eventos de superpropagación aumenta. Estos nodos pueden actuar como puentes entre diferentes comunidades o grupos, facilitando la transmisión de la enfermedad a través de la red. Además, las características demográficas y de comportamiento de los individuos dentro de la red, como la edad y las prácticas de salud, pueden influir en la susceptibilidad y la tasa de transmisión, afectando así la propagación global de la enfermedad. Barabási y Albert (1999), en su trabajo pionero sobre redes libres de escala,

destacaron cómo unos pocos nodos altamente conectados pueden influir significativamente en la dinámica de la red [1].

Finalmente, la dinámica temporal de las redes sociales puede tener un impacto significativo en la propagación de enfermedades. Las redes no son estáticas; cambian con el tiempo a medida que se forman nuevas conexiones y se disuelven las antiguas. Por ejemplo, durante una epidemia, las personas pueden alterar su comportamiento al reducir los contactos sociales o al formar "burbujas" de interacción. Estos cambios pueden ralentizar o incluso detener la propagación de una enfermedad. Por lo tanto, la adaptabilidad y la respuesta de una red a las condiciones cambiantes son factores clave en la determinación de cómo una enfermedad se propaga a lo largo del tiempo, como lo sugiere Gross y Blasius (2007) en su análisis de la adaptabilidad de las redes frente a epidemias [4].

En este proyecto, se utilizó Python y NetworkX para modelar y analizar la interacción entre la estructura de redes sociales y la propagación de patógenos. A través de este enfoque, se construyeron y simulaban diferentes tipos de redes —como redes aleatorias, de mundo pequeño y libres de escala— e integraron modelos epidemiológicos como el SIR o SEIR, además, se observará la propagación de enfermedades en redes reales para entender cómo diversas configuraciones afectan la dinámica de una enfermedad. Esta combinación de herramientas de modelado y análisis permite explorar aspectos cruciales como la influencia de nodos superconectores, la efectividad de estrategias de intervención y la importancia de la dinámica temporal de la red, aportando así información valiosa para el control y prevención de epidemias en distintos contextos sociales.

4 MODELO SIR

El modelo SIR es una herramienta fundamental en la epidemiología para analizar la propagación de enfermedades infecciosas [5]. Este modelo segmenta la población en tres categorías: Susceptibles (S), Infectados (I) y Recuperados (R). Los susceptibles son individuos no infectados pero susceptibles a la enfermedad. Los infectados son aquellos que actualmente tienen la enfermedad y son capaces de transmitirla. Finalmente, los recuperados son quienes se han recuperado de la enfermedad y, en el modelo SIR, se consideran inmunes a futuras infecciones. Este modelo fue desarrollado por Kermack y McKendrick en 1927 y es uno de los modelos más básicos y ampliamente utilizados en la epidemiología matemática.

Las transiciones entre estos estados se modelan utilizando ecuaciones diferenciales, que describen la tasa de cambio de un estado a otro. La tasa de infección depende de la interacción entre los susceptibles y los infectados, mientras que la tasa de recuperación determina cuán rápido los individuos infectados se convierten en recuperados. El modelo SIR es especialmente útil para entender el umbral epidemiológico y el número básico de reproducción (R_0), que es crucial para determinar si una enfermedad se propagará en una población o no. Este número representa el número promedio de casos nuevos generados por un caso infectado en una población completamente susceptible.

El modelo SIR es un componente crucial en la modelación de la propagación de enfermedades en redes. Al integrar el modelo SIR en una estructura de red, podemos simular cómo una enfermedad se propaga a través de diversas formas de red, desde redes aleatorias

hasta redes altamente estructuradas. Al modelar la propagación de enfermedades en redes con el modelo SIR, podemos explorar escenarios más realistas y dinámicos que reflejan las complejidades de las interacciones humanas en la propagación de enfermedades.

5 MODELOS INICIALES

Las redes aleatorias, mundo pequeño y libres de escala son tres tipos fundamentales de redes que se utilizan ampliamente en el estudio de sistemas complejos, incluida la propagación de enfermedades. En los primeros experimentos, se crearon 3 redes basadas en los siguientes modelos:

- (1) **Redes Aleatorias:** El modelo más conocido de una red aleatoria es el modelo Erdős-Rényi. En este modelo, los nodos se conectan de manera aleatoria. La probabilidad de que dos nodos cualesquiera estén conectados es la misma para todos los pares de nodos. Este tipo de red es útil para modelar sistemas en los que las conexiones entre elementos son completamente al azar, aunque rara vez se encuentra en sistemas reales debido a su naturaleza altamente no estructurada.
- (2) **Redes de Mundo Pequeño:** Introducidas por Watts y Strogatz, estas redes son un híbrido entre redes regulares y aleatorias. Presentan propiedades tanto de redes altamente estructuradas como de redes aleatorias, incluyendo caminos cortos entre cualquier par de nodos (como en las redes aleatorias) y una alto coeficiente de clustering (como en las redes regulares). Estas características las hacen particularmente interesantes para modelar fenómenos sociales y biológicos, donde tanto las interacciones locales como las conexiones a larga distancia son importantes.
- (3) **Redes Libres de Escala:** Caracterizadas por Barabási y Albert, estas redes se distinguen por tener una distribución de grado que sigue una ley de potencia. Esto significa que la mayoría de los nodos tiene pocas conexiones, mientras que unos pocos nodos tienen muchas conexiones. Estos nodos altamente conectados, o "hubs", son cruciales en la red y pueden desempeñar un papel significativo en la propagación de enfermedades. Las redes libres de escala se encuentran comúnmente en muchos sistemas reales, como las redes de Internet y ciertas redes sociales.

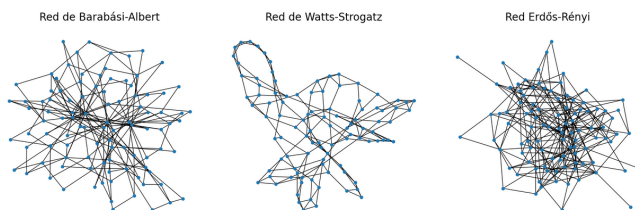


Figure 1: Visualización de redes basadas en los modelos de Barabasi-Albert, Watts-Strogatz y Erdos-Renyi

En los primeros experimentos, se emplearon estos tres tipos de redes para simular y analizar la propagación de patógenos. Cada tipo de red proporciona un escenario único y revelador: las redes aleatorias ofrecen un punto de partida para entender la propagación en

un entorno no estructurado; las redes de mundo pequeño permiten explorar el impacto de las conexiones locales y de largo alcance; y las redes libres de escala nos ayudan a comprender el papel de los hubs en la propagación de enfermedades. Al realizar experimentos de propagación en estos distintos tipos de redes, podremos obtener una comprensión más profunda de cómo la estructura de una red afecta la dinámica de las enfermedades infecciosas.

5.1 Red Barabasi-Albert

Para analizar cómo los cambios en las características de una red de Barabási-Albert influyen en la propagación de una enfermedad modelada por el modelo SIR, se realizaron tres simulaciones con diferentes configuraciones de red. En este caso, se cambiará el parámetro m que controla el número de enlaces que se añaden desde un nuevo nodo a nodos existentes en la red de Barabási-Albert. Este parámetro es crítico porque afecta la conectividad de la red.

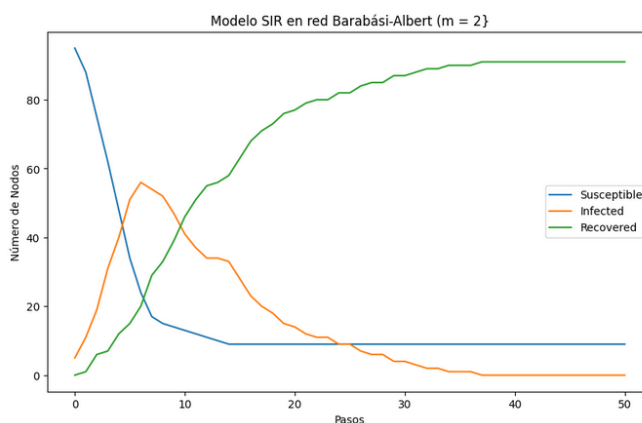


Figure 2: Experimento de Modelo SIR y red Barabasi-Albert con $m=2$

La dinámica de la enfermedad se modeló con:

- Una fracción inicial del 5% de nodos infectados.
- Una tasa de infección β de 0.3.
- Una tasa de recuperación γ de 0.1.

En la primera simulación, se utilizó un número bajo de enlaces (por ejemplo, $m=2$), lo que resultará en una red menos conectada. En la segunda y tercera simulación, se aumentó el número de enlaces (por $m=5$ y $m=9$), lo que dará como resultado redes más conectadas. Mantendremos constantes los otros parámetros del modelo SIR y de la red. Las tres redes tienen el mismo número de nodos (100).

Después de ejecutar las simulaciones, compararemos cómo varían las curvas de susceptibles, infectados y recuperados en el tiempo para cada configuración de la red. Esto nos dará una idea de cómo la conectividad de la red afecta la velocidad y el alcance de la propagación de la enfermedad.

Los gráficos muestran la simulación del modelo SIR en redes de Barabási-Albert con diferentes niveles de conectividad. La figura 3 muestra un gráfico que corresponde a una red con un nivel de conectividad más bajo, mientras que la figura 4 muestra, con el segundo y tercer gráfico, corresponden a redes con un nivel de conectividad

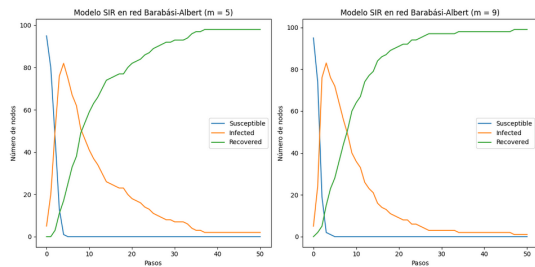


Figure 3: Experimento de redes Barabasi-Albert con $m=5$ y $m=9$

más

alto.

5.1.1 Análisis de Resultados.

- **Velocidad de Propagación:** En la red con mayor conectividad ($m=9$) y ($m=5$), la enfermedad se propaga más rápidamente, como se evidencia por el rápido aumento en el número de infectados en las primeras etapas. Esto se debe a que hay más caminos disponibles para la transmisión de la enfermedad entre los nodos. La diferencia $m = 5$ y $m = 9$ es virtualmente inexistente en el desarrollo de la enfermedad.
- **Pico de Infección:** El pico de infección (el punto más alto en la curva de infectados) se alcanza más rápidamente en la red más conectada. Además, este pico es más pronunciado, indicando un mayor número de individuos infectados al mismo tiempo.
- **Recuperación:** La fase de recuperación también parece ser más rápida en la red más conectada, con un aumento más rápido en el número de recuperados después de alcanzar el pico de infección.
- **Susceptibles Restantes:** Hacia el final de la simulación, el número de susceptibles restantes es menor en la red más conectada, lo que indica que una proporción más grande de la población ha sido afectada por la enfermedad.

Finalmente, para mostrar cómo el parámetro M de la red de Barabási-Albert influye en los estados del modelo SIR, se realizó una serie de simulaciones variando M y observando el efecto en la dinámica de la enfermedad. En este caso, representaremos gráficamente el máximo número de infectados alcanzado (pico de infección) y la rapidez con la que se alcanza este pico para diferentes valores de M . Procederemos de la siguiente manera:

Simularemos la red de Barabási-Albert para varios valores de M (por ejemplo, $M = 1, 2, 3, \dots, 30$).

- Para cada valor de M , utilizaremos el modelo SIR para simular la propagación de la enfermedad.
- Registraremos el pico máximo de infectados y el tiempo que tarda en alcanzar este pico para cada simulación.
- Graficaremos estos datos para visualizar cómo la conectividad de la red (determinada por M) afecta la propagación de la enfermedad.

Las dos gráficas ilustran cómo el parámetro M de la red de Barabási-Albert afecta la dinámica del modelo SIR en términos del pico máximo de infectados y el tiempo para alcanzar este pico.

- **Pico máximo de infectados vs. M (Gráfica izquierda):** Esta gráfica muestra que a medida que M aumenta (es decir, la red se vuelve más conectada), el pico máximo de infectados también aumenta, pero con una desviación estándar de 5 entre los infectados después de alcanzar una $M = 11$. Esto indica que redes más conectadas facilitan una mayor propagación de la enfermedad, afectando a más individuos.
- **Tiempo para alcanzar el pico vs. M (Gráfica derecha):** Aquí se observa que el tiempo para alcanzar el pico de infección disminuye a medida que M aumenta. Esto significa que en redes más conectadas, la enfermedad se propaga más rápidamente, alcanzando su pico de infección en menos tiempo.

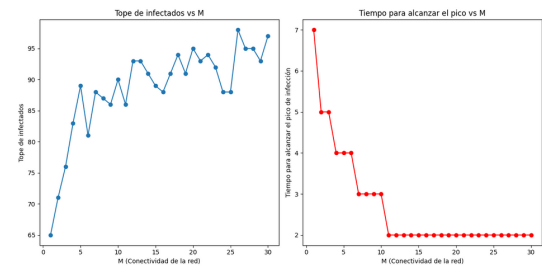


Figure 4: Experimento de variación de valores de M

Estos resultados demuestran claramente que la conectividad de una red (controlada por el parámetro M en la red de Barabási-Albert) tiene un impacto significativo en la propagación de enfermedades modeladas por el modelo SIR.

5.2 Red Watts-Strogatz

Para analizar cómo los cambios en las características de una red de Watts-Strogatz influyen en la propagación de una enfermedad modelada por el modelo SIR, se realizaron dos simulaciones con diferentes configuraciones de red. En este caso, variando el parámetro de reconexión p con $p = 0.1$ y $p = 0.9$, que controla la probabilidad de que cada enlace en la red se reconecte aleatoriamente. Se mantienen constantes el número de nodos ($n=100$) y el número de vecinos cercanos con los que cada nodo se conecta inicialmente ($k=4$).

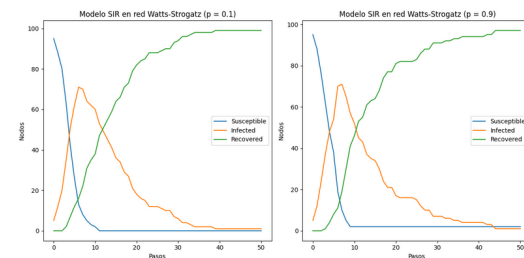


Figure 5: Experimento de variación de valores de p

5.2.1 Análisis de Resultados. Las gráficas anteriores representan la evolución temporal de una enfermedad en dos redes de Watts-Strogatz, que se diferencian en su probabilidad de reconexión, p . La probabilidad baja ($p = 0.1$) corresponde a una red que es casi regular, mientras que la probabilidad alta ($p = 0.9$) corresponde a una red que es casi aleatoria.

En la red con $p=0.1$, la enfermedad se propaga más lentamente, lo que se refleja en la curva de infectados que alcanza su pico más tarde y en una curva de susceptibles que disminuye más gradualmente. Esto sugiere que la enfermedad se mueve a través de la red de una manera más predecible y contenida.

Por otro lado, en la red con $p = 0.9$, la enfermedad se propaga más rápidamente, como lo demuestra la curva de infectados que alcanza su pico más pronto. La curva de susceptibles cae rápidamente, lo que indica que un número significativo de individuos se infecta en un periodo corto. Esto es típico de las redes aleatorias, donde los atajos permiten que la enfermedad salte rápidamente a través de la red.

Ambos gráficos muestran que después del pico de infectados, las curvas de recuperados suben constantemente hasta que la mayoría de los individuos se han recuperado, lo que es una característica común en la dinámica del modelo SIR.

Finalmente, para mostrar cómo el parámetro p de la red de Watts-Strogatz influye en los estados del modelo SIR, se realizó una serie de simulaciones variando p y observando el efecto en la dinámica de la enfermedad. En este caso, representaremos gráficamente el máximo número de infectados alcanzado (pico de infección) y la rapidez con la que se alcanza este pico para diferentes valores de p .

- **Gráfico de la Izquierda: Pico Máximo de Infectados vs. p :** No parece haber una tendencia clara que aumente o disminuya con p , lo que indica que las particularidades de cada red en cada simulación podrían estar influyendo en los resultados.
- **Gráfico de la Derecha: Tiempo para Alcanzar el Pico de Infección vs. p :** Este gráfico también muestra una variabilidad significativa, pero parece haber una tendencia más clara de que el tiempo para alcanzar el pico de infección disminuye a medida que p se acerca a 1. Esto es coherente con la idea de que las redes más aleatorias pueden facilitar una propagación más rápida de la enfermedad, alcanzando el pico de infección más rápidamente.

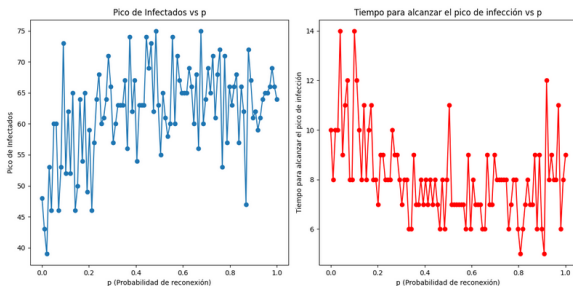


Figure 6: Experimento de variación de valores de p

Ambos gráficos juntos sugieren que la probabilidad de reconexión p en una red de Watts-Strogatz tiene un efecto complejo en la dinámica de la propagación de enfermedades. Mientras que el tiempo para alcanzar el pico de infección parece disminuir con redes más aleatorias, el número máximo de infectados no muestra una tendencia clara y directa con el aumento de p . Esto puede deberse a la naturaleza y estructura específica de cada red generada durante la simulación.

5.3 Red Erdos-Renyi

La realización de simulaciones del modelo SIR en redes de Erdős-Rényi puede resultar menos útil debido a la naturaleza altamente aleatoria de dichas redes. En una red de Erdős-Rényi, la probabilidad de que dos nodos cualesquiera estén conectados es la misma, lo que lleva a una estructura de red que carece de la agrupación y la estructura de la comunidad que se encuentra en muchas redes del mundo real. Esto significa que la propagación de una enfermedad en una red de Erdős-Rényi puede no reflejar con precisión los patrones de propagación en poblaciones reales, donde las conexiones no son completamente aleatorias y tienden agruparse en torno a grupos sociales, geográficos o de otro tipo.

Sin embargo, el análisis de los resultados puede proporcionar información sobre cómo se propagaría una enfermedad en un escenario donde cada individuo tiene la misma probabilidad de interactuar con cualquier otro individuo en la red. Esto puede ser útil para estudiar la velocidad de propagación de una enfermedad y la eficacia de diferentes estrategias de mitigación en condiciones teóricas. En este caso, se realizó una simulación para comprender mejor cómo es que en redes más conectadas (valores más altos de p), la enfermedad se propaga más rápidamente y alcanza a más individuos, mientras que en redes menos conectadas (valores más bajos de p), la propagación es más lenta y afecta a menos individuos.

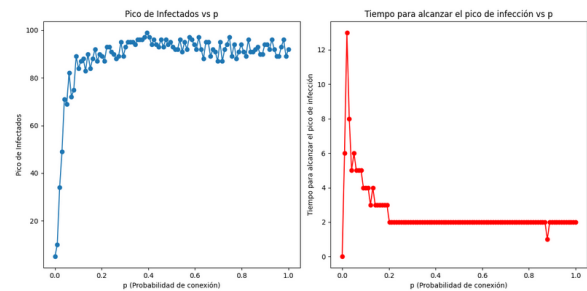


Figure 7: Experimento de variación de valores de p

- **Gráfico de la Izquierda: Pico de Infectados vs p :** Se observa que a medida que p aumenta desde 0 hasta aproximadamente 0.1, el pico de infectados aumenta drásticamente, indicando que incluso una pequeña probabilidad de conexión entre nodos puede llevar a un gran brote de enfermedad. Luego, el pico se estabiliza para valores de p mayores, sugiriendo que una vez que la red alcanza cierto nivel de conectividad, agregar más conexiones no cambia significativamente el tamaño del brote.

- **Gráfico de la Derecha: Tiempo para Alcanzar el Pico de Infección vs p :**

El tiempo para alcanzar el pico de infección disminuye rápidamente a medida que p aumenta desde 0 hasta aproximadamente 0.1, significando que la enfermedad se propaga más rápidamente en redes con una mayor probabilidad de conexión. Para valores más altos de p , este tiempo se mantiene relativamente constante, indicando que más allá de cierto punto, la conectividad adicional no acelera la velocidad de propagación de la enfermedad.

Estos gráficos muestran que en redes aleatorias de Erdős-Rényi, la conectividad tiene un fuerte impacto en la rapidez y la magnitud de la propagación de una enfermedad. Conectividades muy bajas limitan severamente el brote, mientras que una vez superado un umbral, los aumentos en la conectividad no tienen tanto impacto. Esto refleja la naturaleza no lineal de las epidemias en redes: una vez que hay suficientes conexiones para que la enfermedad se propague efectivamente, la estructura exacta de la red se vuelve menos relevante para la dinámica general de una epidemia.

6 EXPERIMENTO CON REDES REALES

La siguiente fase del proyecto se centrará en llevar a cabo experimentos y simulaciones para estudiar la propagación de enfermedades en redes extraídas de situaciones y contextos de la vida real. Esto nos permitirá aplicar y evaluar las métricas y conceptos de la teoría de redes en escenarios que simulan la propagación de enfermedades. En particular, analizaremos dos redes distintas:

- (1) **Red de Game of Thrones**
- (2) **Red de Amigos de Facebook**

El objetivo principal de estos experimentos y simulaciones con redes reales es descubrir qué nodos o individuos son cruciales en la estructura y dinámica de estas redes, ya sea por su posición o por su capacidad de influencia.

6.1 Red de Game of Thrones

El análisis de la red de "Game of Thrones" basado en las interacciones entre personajes proporciona información sobre la estructura de la red:

- **Nodos importantes:** Basados en el grado: Los cinco personajes más influyentes, determinados por el mayor número de conexiones, son Eddard Stark, Robert Baratheon, Tyrion Lannister, Catelyn Stark y Jon Snow.
- **Medidas de Centralidad:**
 - **Centralidad de Grado:** Indica la cantidad de conexiones directas que tiene cada personaje. Los personajes con mayor centralidad de grado son los más conectados y por lo tanto, pueden tener mayor influencia en la red. Los cinco principales según esta métrica son Eddard Stark, Robert Baratheon, Tyrion Lannister, Catelyn Stark y Jon Snow.
 - **Centralidad de Cercanía:** Refleja qué tan cerca está un personaje de todos los demás en la red. Los personajes con alta centralidad de cercanía pueden difundir información o en este caso, propagar enfermedades más rápidamente. Los cinco principales son Eddard Stark, Tyrion Lannister, Jon Snow, Robert Baratheon y Catelyn Stark.

Stark, Tyrion Lannister, Jon Snow, Robert Baratheon y Catelyn Stark.

- **Centralidad de Intermediación (Betweenness):** Mide la frecuencia con la que un personaje actúa como puente en el camino más corto entre otros dos personajes. Los personajes con alta centralidad de intermediación pueden controlar y afectar la difusión de la información dentro de la red. Los cinco principales son Eddard Stark, Robert Baratheon, Tyrion Lannister, Jon Snow y Catelyn Stark.
- **Centralidad de Eigenvector:** Esta métrica considera no solo el número de conexiones de un personaje, sino también la importancia de los personajes con los que está conectado. Los cinco principales en esta categoría son Eddard Stark, Robert Baratheon, Tyrion Lannister, Catelyn Stark y Jon Snow.

6.1.1 Propagación de enfermedad. En la siguiente figura, se muestra la evolución de una enfermedad a través de la red que representa las interacciones de los personajes de Game of Thrones después de infectar a algunos de los personajes con mayor centralidad de grado:

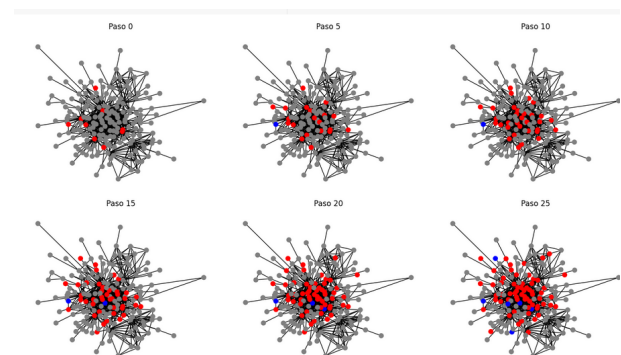


Figure 8: Propagación de enfermedad en red de GoT

En las primeras etapas (Pasos 0 a 10), se observa una rápida propagación de la infección, destacada por un aumento sustancial de nodos rojos (infectados), lo que refleja la influencia de personajes altamente conectados en la dinámica de la transmisión. A medida que la simulación avanza (Pasos 15 a 25), aparece un creciente número de nodos azules (recuperados), lo que indica que parte de la red está comenzando a recuperarse, proporcionando un efecto de inmunidad colectiva que frena la propagación del brote.

Hacia el final de la simulación (Paso 25), la enfermedad parece haber alcanzado y superado su pico, con una mayoría de nodos azules y una disminución en los nodos rojos, sugiriendo que la recuperación está en curso. La presencia de nodos recuperados reduce la cantidad de individuos susceptibles (nodos grises), limitando nuevas infecciones y llevando a la red hacia un estado más estable.

6.2 Red de Facebook

El análisis de una muestra de 500 nodos pertenecientes a la red de Facebook proporciona información sobre su estructura:

- **Nodos importantes:** Basados en el grado: Los cinco nodos más influyentes, determinados por el mayor número de conexiones, son el 107, 191, 21352, 1377 y 2324.
- **Medidas de Centralidad:**
 - **Centralidad de Grado:** Los cinco principales según esta métrica son los nodos 107, 1912, 1352, 1377 y 2324.
 - **Centralidad de Cercanía:** Los cinco principales son los nodos 107, 563, 1912, 363 y 526.
 - **Centralidad de Intermediación (Betweenness):** Los cinco principales son los nodos 107, 1912, 563, 567 y 553.
 - **Centralidad de Eigenvector:** Los cinco principales en esta categoría son los nodos 1912, 2602, 2324, 2559 y 2507.

Componente Conexa Más Grande de la Red de Facebook (Muestra Reducida)

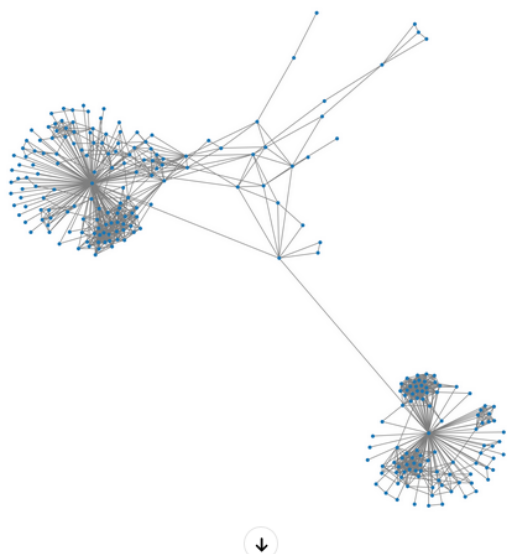


Figure 9: Muestra de alrededor de la red de Facebook

La componente conexa más grande de la muestra reducida de la red de Facebook muestra dos grupos prominentes que muestran la existencia de comunidades o círculos de amigos densamente interconectados. En cada grupo, se destacan varios nodos altamente conectados, que son probablemente individuos con un alcance social amplio o con alta actividad en la plataforma, conectando a personas de distintas esferas de su red personal.

Además, ciertos nodos actúan como puentes entre estas comunidades, facilitando el flujo de información y la cohesión general de la red, mientras que otros nodos periféricos con menos conexiones podrían ser usuarios menos activos o recientemente integrados a la red. La disposición de los nodos refleja una estructura de red libre de escala típica de las redes sociales, con una minoría de nodos sirviendo como conectores clave en una red caracterizada por la

presencia de muchos usuarios con un número reducido de conexiones.

6.2.1 Propagación de enfermedad. En la siguiente figura, se muestra la evolución de una enfermedad a través de una red que representa las interacciones de los usuarios de Facebook después de infectar a algunos de los nodos con mayor centralidad de intermediación:

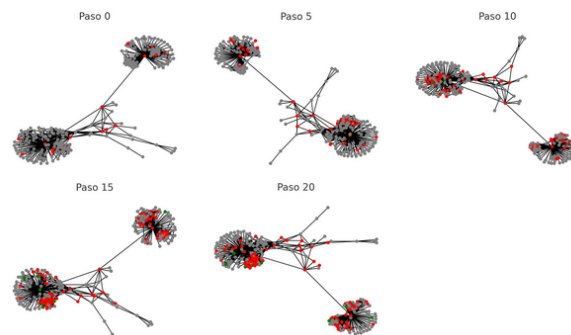


Figure 10: Propagación en la red de Facebook

La visualización de la simulación del modelo SIR en la componente conexa más grande de la muestra reducida de la red de Facebook indica que, aunque la enfermedad se propaga desde los nodos con alta centralidad de intermediación, no todos los nodos de la red se ven afectados de manera uniforme. Hay varias regiones dentro de la red que parecen permanecer mayormente no afectadas incluso después de varios pasos de la simulación. Esto podría indicar que la red tiene una estructura modular con comunidades bien definidas y que hay nodos que, aunque son centrales dentro de sus propios clústeres, no necesariamente facilitan la propagación de la enfermedad a través de toda la red. Además, la presencia de nodos que actúan como puentes entre estas comunidades es limitada, lo que podría estar impidiendo una rápida difusión de la enfermedad a través de la red completa.

7 CONCLUSIONES

El análisis de la dinámica de transmisión de enfermedades en redes complejas fue altamente útil para encontrar distintos hallazgos y proporcionar perspectivas alrededor del uso de la teoría de redes en distintos contextos. A través del análisis de redes basadas en el modelo de Barabási-Albert y la implementación del modelo SIR, se observa cómo la estructura de la red puede influir significativamente en la propagación de enfermedades. Se observó que los nodos con alta centralidad, tanto en términos de grado como de intermediación, juegan un papel crucial en la rapidez con la que una enfermedad puede propagarse a través de una población. Esto subraya la importancia de identificar y monitorear a estos nodos clave en el esfuerzo por controlar y mitigar brotes epidémicos.

Los experimentos realizados en redes de diferentes contextos, desde la ficción de "Game of Thrones" hasta una red social real de Facebook, han proporcionado una comparación valiosa de cómo las enfermedades pueden diseminarse en diversos tipos de redes. Las redes con comunidades densamente conectadas mostraron ser

menos vulnerables a una rápida y amplia propagación de la enfermedad, lo que sugiere la efectividad de las intervenciones dirigidas a comunidades específicas.

La investigación también pone de relieve la resistencia inherente de ciertas redes frente a perturbaciones, como la eliminación de nodos específicos. Se descubrió que las redes de Barabási-Albert son robustas frente a fallos aleatorios, pero vulnerables a ataques dirigidos, especialmente cuando estos ataques se centran en los nodos más conectados.

La adaptabilidad de las redes frente a la propagación de enfermedades también fue un tema de interés. La capacidad de una red para formar "burbujas" de interacción y reducir el número de conexiones puede ser una estrategia efectiva para limitar la propagación de enfermedades.

En conclusión, este proyecto ha proporcionado una comprensión más profunda de teoría de redes y además, la epidemiología. El trabajo más a fondo de la línea de investigación de este proyecto podría tener aplicaciones prácticas para el control de enfermedades infecciosas y la gestión de la salud pública.

REFERENCES

- [1] Albert-László Barabási and Réka Albert. 1999. Emergence of scaling in random networks. *Science* 286, 5439 (10 1999), 509–512. <https://doi.org/10.1126/science.286.5439.509>
- [2] León Danon, Ashley Ford, Thomas House, Chris Jewell, Matthew James Keeling, Gareth O. Roberts, Joshua V. Ross, and Matthew C. Vernon. 2011. Networks and the epidemiology of infectious disease. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases* 2011 (1 2011), 1–28. <https://doi.org/10.1155/2011/284909>
- [3] Abdulrahman M. El-Sayed, Peter Scarborough, Lars Seemann, and Sandro Galea. 2012. Social network analysis and agent-based modeling in social epidemiology. *Epidemiologic Perspectives Innovations* 9, 1 (2 2012). <https://doi.org/10.1186/1742-5573-9-1>
- [4] Thilo Groß and Bernd Blasius. 2007. Adaptive Coevolutionary Networks: a review. *Journal of the Royal Society Interface* 5, 20 (10 2007), 259–271. <https://doi.org/10.1098/rsif.2007.1229>
- [5] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. 1991. Contributions to the Mathematical Theory of Epidemics—I. *Bulletin of Mathematical Biology* 53, 1-2 (3 1991), 33–55. <https://doi.org/10.1007/bf02464423>
- [6] Supun Manathunga, I A Abeyagunawardena, and Samath D Dharmaratne. 2023. A comparison of transmissibility of SARS-COV-2 variants of concern. *Virology Journal* 20, 1 (4 2023). <https://doi.org/10.1186/s12985-023-02018-x>
- [7] Karikalan Nagarajan, Malaisamy Muniyandi, Bharathidasan Palani, and Senthil Sellappan. 2020. Social network analysis Methods for exploring SARS-COV-2 contact tracing data. *BMC Medical Research Methodology* 20, 1 (9 2020). <https://doi.org/10.1186/s12874-020-01119-3>
- [8] M. E. J. Newman. 2010. *Networks*. <https://doi.org/10.1093/acprof:oso/9780199206650.001.0001>