

# COVID19: Modelos epidemiológicos. Un enfoque de sistemas complejos.

Yuriria Cortés-Poza<sup>1\*</sup>, J. Rogelio Pérez-Buendía<sup>2</sup>, Carlos Aranda-Martínez<sup>1</sup>, Luis Juárez-Villalobos<sup>1</sup>, Rodolfo Escobar-Urbe<sup>1</sup>, Daniela Cervantes-Kantun<sup>3</sup>, Daniel Brito-Pacheco<sup>3</sup>.

## Resumen

La crisis por el COVID-19 que estamos enfrentando en este momento presenta retos importantes que vale la pena atacar. Consideramos que a partir del diseño e implementación de modelos confiables, podremos estudiar y analizar distintos escenarios, con la idea de dar predicciones y soluciones que pudieran ser útiles para nuestro país. En este trabajo se lleva a cabo un análisis de la epidemia de la enfermedad COVID-19 y su dinámica, con el objetivo de estudiar posibles escenarios futuros. Se hace un comparativo utilizando un modelo basado en ecuaciones diferenciales y otro utilizando un enfoque basado en sistemas complejos. Como caso de estudio se usan los datos del estado de Yucatán en México: número de enfermos reportados y el índice de reducción de movilidad que ha sido observado día a día desde que se presentó el primer caso en el estado. Este es un trabajo en proceso que muestra resultados preliminares que se irán actualizando conforme se vayan obteniendo.

## Palabras Clave

COVID-19, Modelos epidemiológicos, Ecuaciones diferenciales, Sistemas complejos

<sup>1</sup> Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas, UNAM, Unidad Mérida, <sup>2</sup> CONACYT-CIMAT, Mérida, <sup>3</sup> Facultad de Matemáticas, UADY

\*yuriria.cortes@iimas.unam.mx (Autor para Correspondencia, Corresponding Author)

## Introducción

Una epidemia es un ejemplo típico de un sistema complejo: está formada por un gran número de componentes que interactúan entre sí (individuos expuestos a la enfermedad), cuya actividad agregada es no lineal y que típicamente exhibe una auto-organización jerárquica bajo presiones selectivas. El modelado del esparcimiento de una enfermedad infecciosa como sistema complejo utiliza como herramientas modelos basados en agentes y redes complejas. Este enfoque nos permite considerar información detallada que no puede incluirse en modelos tradicionales, como los basados en ecuaciones diferenciales ([1]).

Para estudiar la dinámica de una epidemia se utilizan modelos compartimentales (introducidos por Kermack y McKendrick en 1927), que dividen en la población en diferentes grupos de acuerdo a su estado con respecto a la enfermedad ([2]). El más sencillo es el modelo SIR, que divide a la población en (S) susceptibles (personas que pueden infectarse), (I) infectados y (R) recuperados. Estos modelos pueden hacerse más sofisticados agregando distintos compartimentos. Nosotros trabajaremos con el modelo SEIR, que considera además de los grupos anteriores los expuestos (E): personas que han sido contagiadas y están en proceso de incubación de la enfermedad.

En este trabajo implementamos el modelo SEIR utilizando distintas herramientas: ecuaciones diferenciales, redes com-

plejas y agentes. Estas herramientas se complementan, nos permiten llevar a cabo análisis comparativo, ajustar parámetros de una forma más confiable y hacer predicciones de la dinámica de la enfermedad bajo distintos supuestos. Trabajamos con los datos disponibles en la literatura sobre la enfermedad COVID 19, como el periodo de incubación, días que es infeccioso un enfermo y el parámetro  $R_0$  ([3]). Para verificar el comportamiento de nuestros modelos y ajustar parámetros utilizamos los datos de enfermos reportados por la Secretaría de Salud de Yucatán.

## 1. Modelo basado en ecuaciones diferenciales

Utilizamos un modelo tipo SEIR basado en ecuaciones diferenciales. Trabajamos con los datos disponibles en la literatura sobre la enfermedad COVID 19, como el periodo de incubación, días que es infeccioso un enfermo y el parámetro  $R_0$  ([3]) y ajustamos parámetros al número de casos reportados por el gobierno del Estado de Yucatán y alimentamos al sistema con la reducción de movilidad observada en el estado a partir del primer enfermo detectado.

En la siguiente figura se muestra como se ajusta nuestro modelo a los casos reales (1).

En el estado de Yucatán el gobierno amplió el número de muestras a pacientes sospechosos de estar infectados con

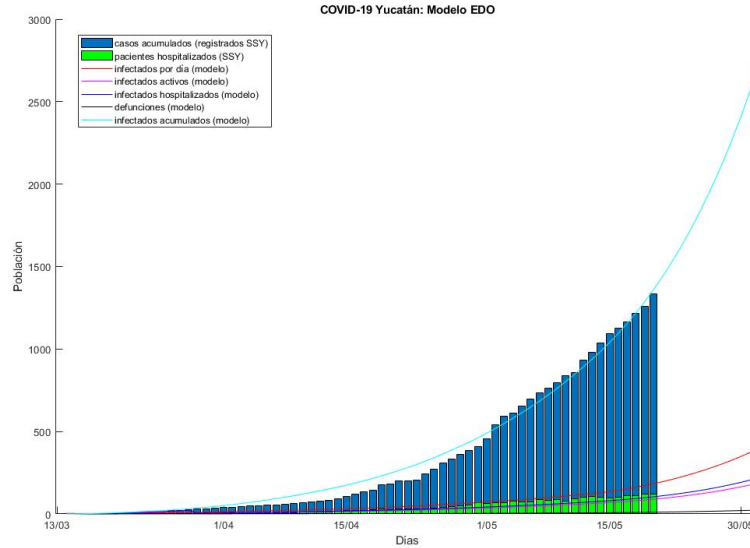


Figura 1. Ajuste modelo EDO, datos reales.

COVID-19 a partir del día 2 de mayo <sup>1</sup>, por lo que el número de casos registrados tienen un salto ese día. Considerando esto, ajustamos el modelo al comportamiento que se observa a partir del 2 de mayo.

Este modelo nos permitió ajustar los parámetros para que su comportamiento coincida con los casos registrados por la Secretaría de Salud de Yucatán. Una vez hecho esto se pueden hacer proyecciones a futuro analizando el comportamiento de la epidemia en el estado bajo distintos escenarios. En particular hacemos un análisis de cómo aumentan los casos considerando distintos grados de restricción en cuanto a la movilidad de la población.

## 2. Modelos basados en sistemas complejos

El modelado del esparcimiento de una enfermedad infecciosa como sistema complejo utiliza como herramientas modelos basados en agentes y redes complejas. Los modelos basados en ecuaciones suponen una población e interacción homogénea entre los individuos, cada uno de los cuales tiene la misma probabilidad de entrar en contacto con cualquier otro. Se pueden hacer ajustes en estos modelos que permitan distintas tasas de contacto en los grupos, pero las interacciones entre los individuos de cada grupo son siempre homogéneas. Una alternativa es utilizar un enfoque de sistemas complejos para modelar el problema, utilizando modelado basado en agentes y redes complejas. Aunque estas herramientas son computacionalmente más demandantes, tienen la ventaja de que pueden considerar información adicional y detallada que no puede incluirse en modelos basados en ecuaciones diferenciales. Específicamente, estos modelos logran capturar las

heterogeneidades de la población que está siendo modelada y la interacción entre agentes nos permite dar una mejor visión general de la epidemia. A cada agente se le pueden asignar características demográficas y de salud como la edad, género, comorbilidades, que se sabe que son importantes para decidir la gravedad de la enfermedad y que tan contagioso se vuelve el paciente. El modelado basado en sistemas complejos ha adquirido relevancia en los últimos años, gracias al aumento en capacidad computacional, en particular hay en la literatura muchos esfuerzos en este sentido para modelar epidemias, incluida la actual ([4],[5],[6],[1]).

### 2.1 Modelo basado en redes complejas

Se implementó un modelo basado en redes complejas. Se sabe que las redes que forman las sociedades humanas presentan las características de una red libre de escala [7]), construimos entonces una red libre de escala para simular en ella la epidemia con un modelo compartimental tipo SEIR. Trabajamos con una gráfica no dirigida con aristas pesadas, donde cada nodo representa un individuo. Hay una arista entre dos nodos si hay algún tipo de relación entre ellos. Los pesos están normalizados: uno indica un contacto estrecho y cero indica que no hay contacto, estos pesos se modifican de acuerdo a la movilidad que se observa (o se proyecta) en la población analizada. Cada individuo pertenecerá entonces a alguna de las cuatro categorías del modelo SEIR: Susceptibles, expuestos, infectados y recuperados. Las gráficas entonces serán de la siguiente forma (2).

Un nodo cambiará de estado dependiendo de su propio estado y el de sus vecinos, así, nodo susceptible pasará a expuesto si tiene un vecino infectado con una probabilidad que depende de la arista que los conecta.

Los primeros resultados (3) que obtenemos con este modelo se muestran a continuación:

<sup>1</sup>[http://www.yucatan.gob.mx/saladeprensa/ver\\_notas.php?id=2793](http://www.yucatan.gob.mx/saladeprensa/ver_notas.php?id=2793)

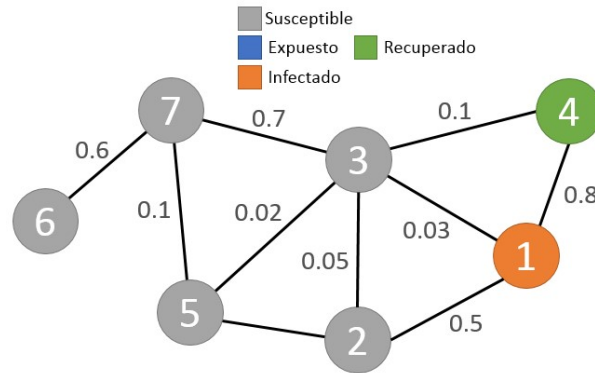


Figura 2. Gráfica modelo SEIR

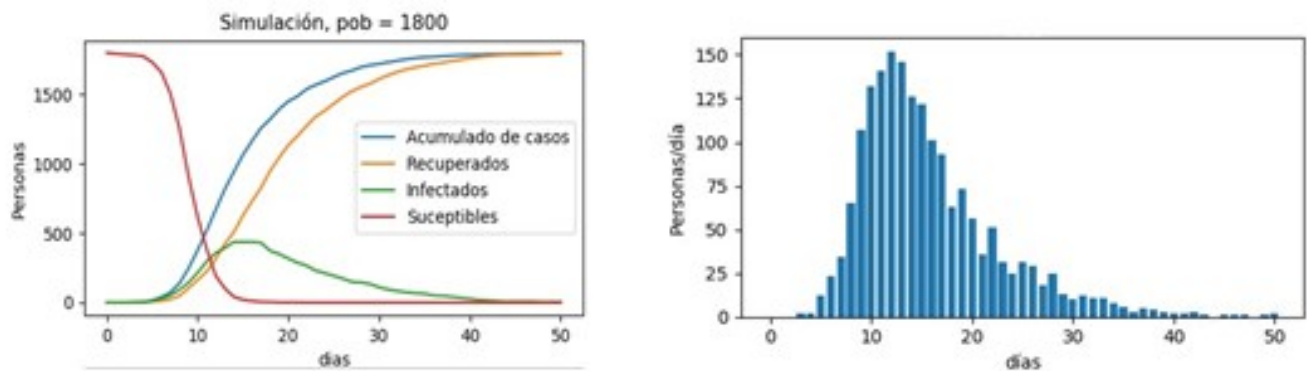


Figura 3. Resultados preliminares

## 2.2 Modelo basado en agentes

Se implementa un tercer modelo basado en agentes. En este caso, cada individuo es un agente que puede moverse en un espacio predeterminado y que puede estar en uno de cuatro estados correspondientes al modelo SEIR: Susceptibles, expuestos, infectados y recuperados. El mundo (o ambiente) es una gráfica dirigida y con aristas pesadas, donde cada municipio está representado por un nodo (4(a)).

Hay una arista entre dos nodos (municipios) si existe una vía terrestre (carretera) entre ellos. El peso está normalizado: cuando es uno, se permite el flujo libre de individuos y cuando es cero no hay tránsito de individuos entre los municipios. A su vez cada nodo contiene una retícula, que es el espacio donde estará cada agente y donde se podrá mover e interactuar, representando el movimiento de los individuos en el espacio físico (4(b)).

Cada agente puede moverse aleatoriamente en su espacio y puede estar en uno de 4 estados con respecto a la enfermedad: susceptible, expuesto, infectado y recuperado. Las características de la enfermedad determinarán el tiempo de incubación del virus (una vez que esté expuesto) y el tiempo de recuperación (una vez que esté infectado).

Para poder representar correctamente el fenómeno actual, se consideran los siguientes datos:

- Localización espacial de los municipios.
- Número de casos reportados por la Secretaría de Salud

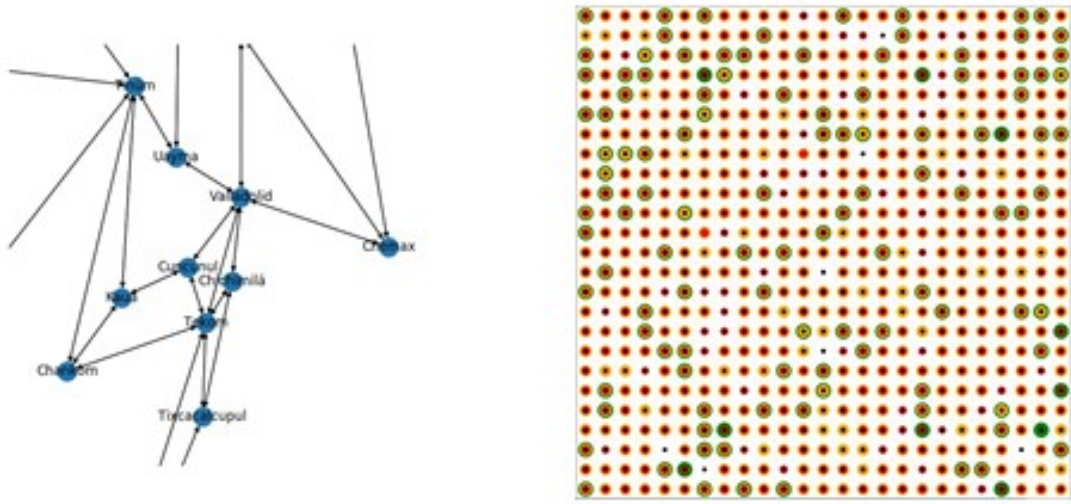
de Yucatán.

- Número de habitantes por municipio.
- Mapa de comunicación terrestre entre los municipios.

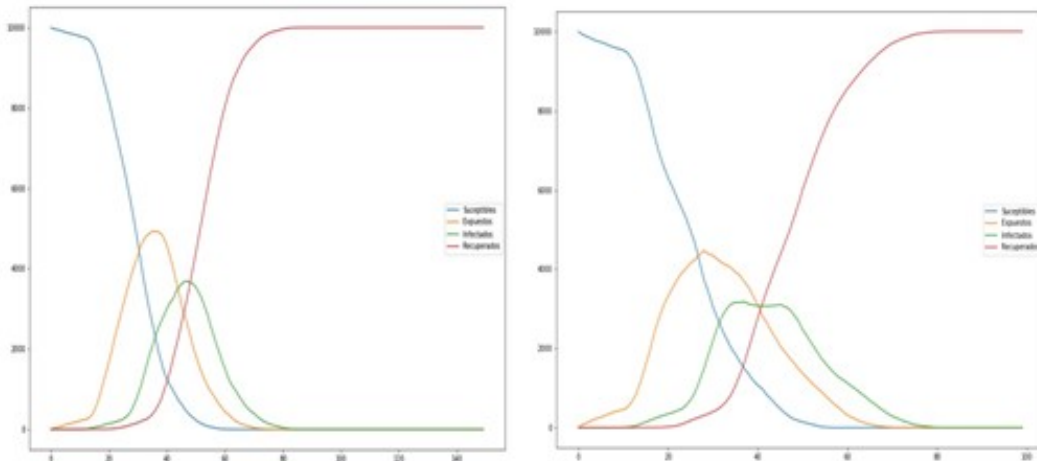
En las siguientes dos gráficas se muestra el comportamiento del sistema variando la movilidad de los agentes. En la primera (5(a)) los agentes se mueven libremente y en la segunda (5(b)) hay una restricción en la movilidad. Como podemos observar el sistema es sensible a este dato.

## 3. Discusión de resultados

El objetivo de este trabajo es desarrollar, implementar y evaluar comparativamente distintas técnicas de modelación matemática de la dinámica de transmisión del coronavirus SARS-CoV-2 en México y como un primer paso en Yucatán. Aplicaremos dichos modelos matemáticos al diseño y evaluación de políticas públicas, tales como las medidas de contención y mitigación de la epidemia. Esto se logrará analizando diversos escenarios de nuevas normalidades que no provoquen un nuevos picos de la infección, pero que sin embargo permitan lo más posible la movilidad de las personas y la recuperación de la vida económica del país. El contar con diversas formas de implementar el modelo compartimental de tipo SEIR nos ha sido de mucha utilidad para estimar parámetros y comparar resultados garantizando así que los modelos son adecuados. Este trabajo continua en proceso.



**Figura 4.** Visualización del ambiente. a) Visualización de una parte del grafo que representa al estado. b) Visualización de una rejilla, cada casilla puede contener uno o más agentes. En color verde se muestran agentes susceptibles, en amarillo expuestos, en rojo infectados y en negro recuperados.



**Figura 5.** (a) Comportamiento del sistema sin restricciones, (b) Comportamiento del sistema con restricción de movilidad.

## Referencias

- [1] Danon Lenon. Networks and the epidemiology of infectious diseases. *Network Perspectives on Infectious Disease Dynamics*, 2010.
- [2] Fred Brauer. *Compartmental Models in Epidemiology*. 2008.
- [3] Grantz K. Bi Q. Forrest K. Lauer, S.A. The incubation period of coronavirus disease 2019 (covid-19) from publicly reported confirmed cases: Estimation and application. *Annals of internal medicine*, 2020.
- [4] J. Kelleher E. Hunter, B. Mac Namee. An open-data-driven agent-based model to simulate infectious disease outbreaks. 2018.
- [5] J. Badham. Epidemiological modeling on complex networks. *Complex Systems and Networks*, 2015.
- [6] J. J. Valleron. Modeling in public health: Current applications and future directions. *Annu Rev Public Health*, 2018.
- [7] Piotr Fronczak. *Scale-Free Nature of Social Networks*. Springer New York, 2018.