

ESTUDIO DE LA PROPAGACIÓN DE EPIDEMIAS MEDIANTE MODELOS DE METAPOBLACIONES SOBRE REDES

Rodrigo Pino Trueba

Grupo C-412

Victor Manuel Cardentey Fundora

Grupo C-411

Adrian Rodríguez Portales

Grupo C412

David Guaty Domínguez

Grupo C412

Rodrigo García Gómez

Grupo C-412

Tutor(es):

Dra. Ángela León Mecías

Camila Pérez Mosquera

Resumen

En el presente informe se implementa un modelo computacional que permite el estudio de epidemias mediante metapoblaciones basadas en redes. Seleccionando el modelo compartimental en cada nodo de la red, el sistema es capaz de simular y predecir epidemias tomando en cuenta la localización espacial de los sujetos.

Palabras Clave: Metapoblaciones, Modelo epidemiológico, Redes.

1. Introducción

En los últimos dos años las investigaciones sobre la propagación de epidemias se han incrementado enormemente debido a la actual pandemia de la COVID-19 causada por las diferentes variantes del virus SARS-Cov-2. Los modelos compartimentales constituyen la vía más común para caracterizar el avance de una epidemia, pero tienen la desventaja de no considerar la distribución espacial de la población. Entre los modelos epidémicos que son capaces de eliminar esta deficiencia se encuentran los llamados de metapoblaciones. Una metapoblación es la división de una población de individuos de la misma especie en un conjunto de subpoblaciones separadas espacialmente, pero con interacciones entre ellas.

Considere una enfermedad humana específica que se transmite por contacto de persona a persona en el contexto de un país con un pequeño número de ciudades potencialmente grandes y un sistema de transporte. Entonces, los movimientos de una ciudad a otra son rápidos y la propagación de una epidemia tiene lugar solo en el lugar de destino. En este escenario, los viajes de individuos entre regiones geográficas discretas (ciudades) deben desempeñar algún papel en la propagación de la enfermedad. La situación es entonces la de un grafo dirigido, con los vértices representando las ciudades (o regiones geográficas discretas o parches) y los

arcos representando los vínculos entre estas ciudades.

La principal desventaja de este enfoque es la alta dimensionalidad de los modelos resultantes. Por lo tanto, dichos modelos a menudo se estudian mediante simulaciones por computadora.

1.1 Modelos metapoblacionales

Una metapoblación es un grupo de poblaciones de la misma especie que viven en áreas espacialmente aisladas pero que interactúan en algún nivel. Las metapoblaciones ocurren cuando diferentes poblaciones viven en hábitats fragmentados pero están conectadas a través de la migración.

La migración puede ser a corto o largo plazo. En la migración a corto plazo, las personas visitan otro lugar por un período de tiempo y regresan a su lugar de origen. Aunque el movimiento es a corto plazo, aún permite que un individuo infectado transmita el patógeno a un individuo susceptible de una localidad distinta, propagando así la enfermedad a otros lugares. La migración a largo plazo surge cuando los individuos se trasladan a otro lugar y se establecen allí.

Estos dos tipos de migración se modelan de manera diferente. El movimiento a corto plazo se ha denominado movimiento lagrangiano y los modelos correspondientes se denominan modelos metapoblacionales lagrangianos o modelos *Simple Trip*. El movimiento a

largo plazo se ha denominado movimiento euleriano, y los modelos correspondientes se denominan modelos de metapoblación eulerianos o *modelos Flux*.

Los modelos metapoblacionales consisten en un grafo dirigido de n nodos que representan las n localidades espacialmente aisladas y conectadas mediante procesos de migración. Se supone que la población de cada nodo se mezcla homogéneamente. Se divide en las clases epidemiológicas típicas de los modelos compartimentales, tales como susceptibles, infectados y otras. Los tamaños de cada una de estas clases son diferentes en diferentes nodos. Los individuos de algunas o todas las clases viajan entre los nodos, lo que conduce al movimiento de la enfermedad.

MODELO SIMPLE TRIP

Supongamos que el número total de ciudades es n . En adelante, llamamos residentes de una ciudad i a las personas que residen habitualmente en esa ciudad y viajeros a las personas que en el momento de ser considerados no se encuentran en la ciudad en la que residen. Denotamos el número de residentes de la ciudad i que están presentes en la ciudad j en el tiempo t por N_{ij} .

Por lo que el total de residentes de la ciudad i será:

$$N_i^r = \sum_{j=1}^n N_{ij}$$

Y el total de personas en una ciudad i en un tiempo t será:

$$N_i^p = \sum_{j=1}^n N_{ji}$$

Los residentes de la ciudad i salen de su ciudad a una ciudad j a una tasa per cápita $\phi_{ij} \geq 0$ por unidad de tiempo, $\phi_{ii} = 0$. Los residentes de la ciudad i que están en la ciudad j regresan a i a una tasa per cápita de $\tau_{ij} > 0$, con $\tau_{ii} = 0$.

Dadas las anteriores definiciones es posible entonces definir como evoluciona N_{ij} para $i, j = 1 \dots n$.

Para $i = j$:

$$\frac{dN_{ii}}{dt} = - \sum_{j=1}^n \phi_{ij} N_{i,i} + \sum_{j=1}^n \tau_{ij} N_{ij}$$

O sea, los residentes de la ciudad i que están en la ciudad i en el tiempo t disminuye debido a los que se van a visitar la ciudad j y aumenta en la cantidad de las personas que residen en i , están en la ciudad j y regresan.

Para $i \neq j$:

$$\frac{dN_{ij}}{dt} = \phi_{ij} N_{i,i} - \tau_{ij} N_{ij}$$

O sea, el número de residentes de la ciudad i que están en otra ciudad j en el tiempo t cambian debido a los residentes que regresan a su ciudad i y a los residentes de la ciudad i que visitan la ciudad j .

MODELO FLUX

Para formular el modelo Flux, se asume que la población vive en n ciudades. Se supone que los individuos se trasladan a otra ciudad y se establecen allí, convirtiéndose en parte de la población de la otra ciudad. Además, asumimos que dentro de cada ciudad, la población se mezcla homogéneamente y la distribución de la enfermedad se describe mediante un modelo compartimental.

Se definimos f_{ij} como la tasa per cápita de la población en la ciudad i que se dirige a la ciudad j y N_i como la cantidad de habitantes de la ciudad i entonces podemos formular la evolución de cada ciudad mediante:

$$\frac{dN_i}{dt} = - \sum_{j=1}^n f_{ij} N_i + \sum_{j=1}^n f_{j,i} N_j$$

O sea, el número de residentes de la ciudad i en el tiempo t cambian debido a la población que entra desde otra ciudad j con tasa f_{ji} y a la población de la ciudad i que se va a la ciudad j con tasa f_{ij} .

OBJETIVOS

Los modelos poblacionales se combinan con los modelos compartimentales para dar lugar a modelos epidemiológicos que consideran la ubicación espacial de cada variable poblacional del modelo compartimental.

Dada la enorme cantidad de posibilidades de modelos compartimentales a elegir, así como la alta dimensionalidad que adquieren los modelos al ser combinados con los modelos metapoblaciones, es necesaria una solución computacional que permita simular con facilidad una red de n localidades cada una con un modelo epidemiológico para lograr una mejor comprensión de una epidemia.

La solución computacional debe permitir:

1. Emplear diferentes modelos compartimentales para la propagación de la epidemia en los nodos de la red.
2. Emplear diferentes modelos de movimiento de individuos a través de las aristas de la red.
3. Evaluar parámetros claves sobre la propagación de la epidemia.
4. Graficar la evolución de la epidemia en subpoblaciones (nodos de la red) seleccionados.
5. Predecir la evolución de la epidemia.

2. Modelos compartimentales

Para lograr representar tantos modelos compartimentales como fueran necesarios, en vez de tener muchos modelos implementados, se diseñó una gramática que capta un subconjunto de fórmulas de Latex convenientes para las expresiones de sistemas de ecuaciones diferenciales. Esto brinda flexibilidad para incorporar

cualquier nuevo modelo al sistema computacional. Luego de obtener el ast de las fórmulas en latex se puede generar cualquier código que represente tal modelo. En el informe técnico se especifica que módulo de la aplicación se encarga de esto.

GRÁMATICA

Grammar

Rule 0	S' -> system
Rule 1	system -> equation_list
Rule 2	equation_list -> equation
Rule 3	equation_list -> equation LBREAK equation_list
Rule 4	equation -> differential EQUAL expression
Rule 5	differential -> FRAC OCUR DIF identifier OCUR OCUR DIF identifier OCUR
Rule 6	fraction -> FRAC OCUR expression CCUR OCUR expression CCUR
Rule 7	expression -> arith
Rule 8	expression -> MINUS expression
Rule 9	arith -> term
Rule 10	arith -> arith PLUS term
Rule 11	arith -> arith MINUS term
Rule 12	term -> term STAR factor
Rule 13	term -> idlist
Rule 14	idlist -> factor idlist
Rule 15	idlist -> factor
Rule 16	factor -> fraction
Rule 17	factor -> NUMBER
Rule 18	factor -> OPAR expression CPAR
Rule 19	factor -> identifier
Rule 20	factor -> PERCENT identifier
Rule 21	identifier -> atom
Rule 22	atom -> SYMBOL
Rule 23	atom -> MACRO
Rule 24	identifier -> atom UNDER atom
Rule 25	identifier -> atom UNDER NUMBER
Rule 26	identifier -> atom UNDER OCUR identifier CCUR

Figura 1: Producciones de la gramática

CCUR	: 5 5 6 6 26
CPAR	: 18
DIF	: 5 5
EQUAL	: 4
FRAC	: 5 6
LBREAK	: 3
MACRO	: 23
MINUS	: 8 11
NUMBER	: 17 25
OCUR	: 5 5 6 6 26
OPAR	: 18
PERCENT	: 20
PLUS	: 10
STAR	: 12
SYMBOL	: 22
UNDER	: 24 25 26
error	:

Figura 2: Terminales de la gramática.

Nonterminals , with rules where they appear

arith	: 7 10 11
atom	: 21 24 24 25 26
differential	: 4
equation	: 2 3
equation_list	: 1 3
expression	: 4 6 6 8 18
factor	: 12 14 15
fraction	: 16
identifier	: 5 5 19 20 26
idlist	: 13 14
system	: 0
term	: 9 10 11 12

Figura 3: No terminales de la gramática.

3. Combinando un modelo compartimental con un modelo metapoblacional

En la aplicación se combinan los modelos compartimentales con uno de los dos modelos metapoblacionales produciendo un tercer modelo el cual se puede simular y obtener variables de interes para cada ciudad y en su totalidad.

3.1 Combinando con el modelo Flux

Para combinar un modelo compartimental con el modelo Flux, cada variable del modelo se descompone en n variables, siendo n la cantidad de nodos de la red. Por ejemplo, si se tiene la variable S de susceptibles, entonces se pasará a tener n variables $S_i, i = 1...n$. S_i son los susceptibles que habitan en el nodo i . Así con las demás variables epidemiológicas.

Por ejemplo, en un modelo SIR donde S es:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}$$

Se tendrá

$$\frac{dS_i}{dt} = -\beta_i \frac{S_i I_i}{N_i} - \sum_{j=1}^n f_{ij} S_i + \sum_{j=1}^n f_{j,i} S_j$$

Note que la segunda parte de la ecuación tiene la misma forma que la ecuación del modelo flux en la sección de introducción.

El nuevo sistema de ecuaciones tendrá $k * n$ ecuaciones, donde n es la cantidad de nodos de la red y k el número de variables del modelo compartimental.

3.2 Combinando con el modelo Simple Trip

Combinar el modelo compartimental con el modelo simple trip no es tan uniforme como con el modelo de flux. Ahora, cada variable se descompone en n^2 variables, siendo n la cantidad de nodos de la red. Considere el modelo SIS, ahora I_{ij} contendrá los infectados que residen en i y que están en el nodo j . Siguiendo las ecuaciones del modelo simple trip en la introducción, I_{ij} se expresará en dos ecuaciones, de acuerdo a que si $i = j$. Pero hay ciertas dificultades en la transformación del modelo.

Variable I en el modelo SIS :

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I(N - I)}{N} - \gamma I$$

La transformación del modelo combinándolo con el modelo simple trip es :

$$\frac{dI_{ii}}{dt} = \beta_i \frac{\sum_{k=1}^n I_{ki}}{\sum_{k=1}^n N_{ki}} (N_{ii} - I_{ii}) - \gamma I_{ii} - \sum_{k=1}^n \phi_{ik} I_{ii} + \sum_{k=1}^n \tau_{ik} I_{ik}$$

$$\frac{dI_{ij}}{dt} = \beta_i \frac{\sum_{k=1}^n I_{kj}}{\sum_{k=1}^n N_{kj}} (N_{ij} - I_{ij}) - \gamma I_{ij} + \phi I_{ii} - \tau_{ij} I_{ij}$$

Note como la misma variable I en el lado derecho de la ecuación cambia de dos formas distintas cuando se combinan el modelo compartimental y modelo simple trip.

Para lograr desambiguar estas transformaciones se introduce un nuevo símbolo especial que indica cómo cambia la variable al combinarse con el modelo simple trip. El símbolo escogido es %.

Luego, la ecuación para I en el sistema SIS debe quedar de la siguiente forma para lograr las dos ecuaciones anteriores:

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{\%I(N - I)}{\%N} - \gamma I$$

4. Resultados

A continuación se observa un ejemplo de ejecución en la red de transporte de La Habana por municipios. Cada nodo posee un modelo compartimental SIR.

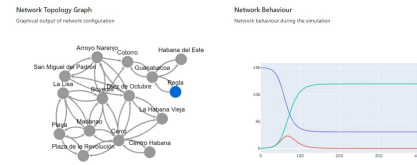


Figura 4: Ejemplo de ejecución

Se puede seleccionar ver los resultados por cada nodo o en total.

Los datos usados no son reales y se usaron para comprobar que el modelo resultara en un resultado semántico acorde con lo esperado. Las conexiones de los nodos se escogieron de acuerdo a la siguiente figura que representa las vías de comunicación entre municipios mediante las ómnibus.

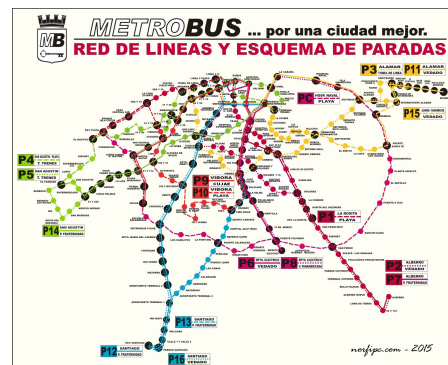


Figura 5: Mapa de las rutas de ómnibus de La Habana

Los pesos de las aristas del grafo resultante, que significan la tasa por cápita en la que los individuos de un municipio visitan otro en una unidad de tiempo t , se asignaron acorde a la densidad que una localidad posee en cuanto a número de rutas que la atraviesan.

Recoger datos reales para tales modelos representa un desafío, pues se requiere que se midan muchos parámetros alrededor de toda la ciudad; como número de personas diarias que pasan por una parada, cantidad de ómnibus disponibles por cada tipo de ómnibus, tiempo en que se demora en viajar cada ómnibus entre un municipio y otro, entre otras.

Por lo que para realizar pruebas para el funcionamiento de la aplicación, al menos semánticamente, los datos fueron escogidos como se explica anteriormente. Se hicieron varias pruebas con diferentes parámetros también. Una posible solución al problema de asignación de los parámetros sería disponer de las curvas reales de las variables, y ajustar los parámetros por el método de mínimos cuadrados u otro método de ajuste de curvas. Por lo que la aplicación sigue siendo un prototipo que se debe probar en la práctica.

En toda la literatura consultada solo se encontró combinaciones puntuales de modelos compartimentales con modelo de metapoblaciones. La aplicación presente en el informe toma cualquier tipo de modelo compartimental y lo combina dinámicamente para compilar un nuevo modelo. Por lo que se podría decir que es

más general. En ninguna de las literaturas consultadas se observó este tipo de enfoque. Además, se hicieron pruebas con los mismos modelos compartimentales y topología de la red que otros artículos y coinciden con los resultados que se exponen en dichos artículos.

En cuanto a rendimiento, el programa es capaz de parsear modelos de distinta complejidad como SIR, SIS, SIRS y que permite utilizarlo en metamodelos de forma eficiente pudiendo generar y simular sistemas de hasta 900 ecuaciones en menos de 1 minuto. Este es el caso del sistema de ómnibus de La Habana, que al tener 15 nodos, se puede llegar hasta $15^2 \cdot 4$ ecuaciones.

5. Conclusiones

Se logró simular una epidemia mediante varios modelos compartimentales en combinación con modelos de metapoblaciones. La aplicación exhibe flexibilidad en cuanto a seleccionar los modelos a simular y la entrada de datos cuando una red alcanza una escala mayor. Al implementar el sistema en casos reales, se podrían realizar varias simulaciones para determinar si cortando el paso entre algunas localidades se logra controlar la epidemia en cuestión. La alta dimensionalidad de los modelos podría ser un problema y hubiese que recurrir a un poder de cómputo más potente. Además, el modelo se puede generalizar para incluir otros factores, como el efecto de la inmunidad colectiva y el papel de la vacunación, a medida que los países toman las medidas necesarias para volver a la nueva normalidad.

6. Limitaciones y recomendaciones

Entre las limitaciones podemos encontrar el uso de modelos que tengan distintos conjuntos, siendo posible utilizar redes con distintos modelos compartimentales en los nodos estos deben cumplir poseer los mismos conjuntos. Esta limitación pudiese abordarse desde el enfoque de que todos los nodos tienen los mismos conjuntos sin embargo plantea grandes retos, por ejemplo si población vacunada pasa de un nodo a otro que no tiene dicho conjunto cómo debería ser el comportamiento del conjunto en este nuevo nodo. Otra limitación importante es que debido a que los modelos son procesados simbólicamente durante la compilación puede darse el caso donde conjuntos con símbolos distintos tienen un mismo significado semántico sin embargo la aplicación no tiene forma de reconocer esto por lo que es necesario un uso consciente de la notación por parte del usuario. Algunas adiciones interesantes podrían ser nuevos modelos de redes o meta modelos como redes con varios niveles o extender el modelo Simple Trip para un viaje de k nodos.

Referencias

- [1] Arino and van den Driessche. *A multi-city epidemic model*.
- [2] Daniel T. Citron. *Comparing metapopulation dy-*

namics of infectious diseases under different models of human movement.

- [3] Martcheva. *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. 2015
- [4] Aleta Casas. *Modelos metapoblacionales para la difusión de epidemias*. 2014