Transiciones de fase en epidemias

¿Qué es una epidemia?

Cuando se habla de epidemias, generalmente la idea que nos viene a la cabeza es la propagación de enfermedades, pensamos en la existencia de un virus o bacteria que se difunde por una población más o menos extensa. Ejemplos de ello son la gripe estacional, que cada invierno es noticia en los telediarios; la gripe A, que llegó a tener un alcance a nivel global, o, a más pequeña escala, la propagación de los piojos en una clase de preescolares.

Lo que quizás no es tan obvio es que existen otros sucesos que no tienen nada que ver con las enfermedades y que en cambio también pueden ser descritos como procesos epidémicos. La aparición de una nueva tendencia en la moda, el aumento o retroceso de las oleadas de crímenes, un nuevo juego para el móvil al que pronto todo el mundo juega o un rumor difundiéndose por los pasillos de un instituto. ¿Qué tienen en común todos estos procesos? Primero, que todos se basan en el contagio de algo: de un virus biológico, una tendencia, una información, etc. Segundo, que para que estos procesos epidémicos tengan éxito no son necesarias medidas drásticas, sino que pequeños cambios en el sistema producen efectos a gran escala. Estas dos características definen un proceso epidémico.

¿Todas las epidemias son iguales?

Una vez identificada una epidemia como tal, ésta puede describirse mediante un número más o menos pequeño de parámetros. Estos parámetros son lo que hace que unas epidemias sean distintas de otras. ¿Por qué algunos procesos epidémicos triunfan y otros no? Existe en Youtube un vídeo de un gato tocando el piano que a día de hoy cuenta con treinta y cinco millones de visitas. Un vídeo parecido, con la única diferencia de que el protagonista es un perro, no llega a los cinco millones (figura 1). El vídeo es igual de gracioso, pero uno se expandió mucho más que el otro. ¿Por qué? ¿Quizás un perro resulta menos gracioso que un gato? ¿O es que el usuario que colgó el vídeo del gato tenía muchos más seguidores y por eso se hizo más famoso? ¿O es que el vídeo del perro, colgado dos años después que el del gato, se encontró con que ya había pasado su momento? Cualquiera de estos factores podría ser una explicación plausible de por qué uno se hace más famoso que otro, aunque generalmente es una mezcla de unos cuantos ingredientes lo que hace que una epidemia se comporte de una forma u otra.

Malcolm Gladwell, en su libro *The Tipping Point,* enumera tres factores como los decisivos para describir cualquier epidemia. Él los llama "La ley de los especiales", "El factor del gancho" y "El poder del contexto" [1].

"La ley de los especiales" se refiere a que no todas las entidades tienen la misma capacidad para transmitir. Si hablamos de propagar un rumor, seguramente una persona que tenga un círculo social más amplio, más amigos, será más beneficiosa para esta propagación. Si hablamos de propagar la gripe, aquella persona que esté en contacto con más gente durante el día será más propensa a transmitir el virus. En el caso del ejemplo del vídeo viral, el usuario que colgó el vídeo del gato tiene 57.000 seguidores mientras que el del perro apenas supera los 900. Quizás el primer usuario es uno de los especiales y el otro no.

"El factor del gancho" se refiere a la propia infectividad de la epidemia. En un ejemplo biológico, estaríamos hablando de la facilidad del patógeno a establecer una infección. En el caso de la difusión de un rumor, hablaríamos de cuán interesante es ese rumor, y en el caso del vídeo *online,* la clave es cuán gracioso resulta para los que lo ven.

El tercer y último factor es el que el autor llama "El poder del contexto". Se refiere a que el entorno de la epidemia es esencial para su desarrollo. ¿Funcionaría igual de bien un negocio *low cost* en una época de crisis que en una época de bonanza económica? ¿El alcance de una epidemia de gripe es el mismo si el invierno es largo y frío que si es corto y templado? ¿Conseguirá el mismo alcance el vídeo del perro si se publica dos años más tarde que el del gato y ya no existe el factor sorpresa?

Los factores expuestos conforman los elementos esenciales para poder modelizar, entender e incluso predecir el alcance de un proceso epidémico.

Modelos epidemiológicos simples

Los tres factores anteriores son decisivos para una epidemia, pero ¿cómo podemos cuantificar su efecto? Para poder entender una epidemia desde su base más fundamental, en física de sistemas complejos existen una serie de modelos que intentan describir y entender los fenómenos epidemiológicos. La literatura en ese ámbito es muy extensa, y los modelos pueden ser de lo más detallados a lo más sencillos. A continuación presentamos dos de los modelos epidemiológicos simples más usados: SIS y SIR (figura 2).

Fig. 1. Vídeos virales. En la izquierda el vídeo viral del gato tocando el piano con aproximadamente 35.000.000 de visitas, en la derecha el vídeo viral del perro con "sólo" 5.000.000 de visitas.

El modelo SIS responde a Susceptible-Infectado-Susceptible. Es un modelo útil para describir enfermedades estacionarias, aquellas que una vez el individuo se ha curado de la enfermedad, puede volverse a infectar de nuevo, como por ejemplo la gripe. Supongamos que tenemos un sistema donde hay un cierto número de individuos, y el estado de cada uno de ellos puede ser Susceptible (sano pero que se puede infectar) o Infectado. La enfermedad se propaga de un individuo Infectado a uno Susceptible, con una cierta probabilidad, cuando se produce un contacto entre ellos, de forma que el individuo Susceptible cambia al estado Infectado. También existe una probabilidad de que un Infectado se cure espontáneamente y vuelva al estado Susceptible. Pongamos que el sistema dispone de N individuos, llamémosle β a la probabilidad de infectarse y μ a la de recuperarse. Si nos interesa saber cuál es la evolución del número de individuos infectados y susceptibles, asumiendo una población en la que todos los individuos pueden establecer contacto con todos los individuos, podemos usar las siguientes ecuaciones diferenciales acopladas:

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \mu I$$

$$\frac{dS}{dt} = \mu I - \beta IS$$

La primera ecuación expresa que la variación en el número de nodos infectados es igual a la cantidad de contactos entre individuos susceptibles e infectados que han resultado en un contagio del susceptible, menos los infectados que se han recuperado. La segunda ecuación expresa justamente lo contrario, y la suma de las dos ecuaciones es cero ya que el número total de individuos se supone constante.

El modelo SIR es también muy popular y sirve para describir enfermedades que generan inmunidad, como por ejemplo la varicela. Por eso, se contemplan tres estados que corresponden a Susceptible-Infectado-Recuperado, con las mismas probabilidades de transición que antes, β y μ. El modelo es parecido al anterior pero se comporta de forma distinta debido a su naturaleza no cíclica. Si bien el modelo SIS asegura persistencia a largo plazo debido a la falta de inmunidad, el estado absorbente del SIR consiste en que todos los individuos se recuperen de la enfermedad y ésta desaparezca (suponiendo una población que no varía en número a lo largo del tiempo).

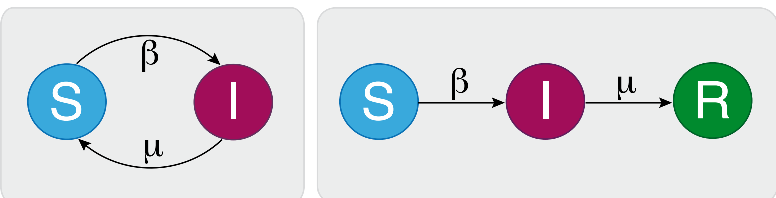

Fig. 2. Descripción conceptual del modelo SIS y SIR. Pasar del estado Susceptible a Infectado depende de la probabilidad β y del estado de los vecinos, mientras que recuperarse depende únicamente de la probabilidad m. La diferencia entre SIS y SIR es que en SIR la recuperación genera inmunidad, y no se vuelve al estado Susceptible.

Modelos epidemiológicos en redes complejas

Las redes complejas son una forma natural de representar el sustrato de un sistema complejo, una mezcla de teoría de grafos y física estadística. Esta disciplina está en auge desde hace un par de décadas debido a su gran utilidad. Una red compleja es la representación de un sistema complejo, donde los elementos del sistema se representan como nodos (o vértices) y las interacciones y relaciones entre ellos se representan como vínculos (o aristas).

¿Qué podemos representar con una red compleja? Por ejemplo: una red social, donde los nodos son las personas y los vínculos representan una relación de amistad; o una red de interacciones entre proteínas, donde los nodos representan proteínas y los vínculos son interacciones bioquímicas entre ellas. También podemos construir una red donde los nodos representen personas y los vínculos representen la frecuencia de interacción entre ellas. Así, cada persona sería un nodo de la red y tendría vínculos con la gente a la que ve regularmente: compañeros de trabajo, familia y amigos. Esta red se puede usar como base para los procesos epidemiológicos anteriores.

En el caso del SIS, cada nodo de la red puede estar Susceptible o Infectado, la probabilidad de que un nodo se infecte depende de la infectividad β de la epidemia y del estado de sus vecinos, y la probabilidad de recuperarse depende únicamente de μ (figura 3). En este contexto, podemos traducir los tres factores básicos de toda epidemia anteriores al modelo. Los especiales, esos individuos con más capacidad para transmitir son, en una red, aquellos nodos que tienen una conectividad mayor, o que por su localización dentro de la red resultan claves para la propagación (por ejemplo, nodos que unen comunidades[1]). El poder del gancho, es de-

1 En el contexto de redes complejas, una comunidad se entiende como un grupo de nodos que están muy conectados entre ellos y que en cambio no lo están tanto con el resto de la red [8]. Detectar e identificar estas comunidades o módulos es una disciplina por sí misma debido a la gran complejidad metodológica que este problema supone, y a la gran importancia del papel que desarrollan las comunidades en la mayoría de procesos dinámicos en redes (por ejemplo, en el contexto de epidemias, el hecho que una red tenga estructura de comunidades podría contener o ralentizar su difusión [9]). En una comunidad hay nodos que son más internos (la mayoría de sus

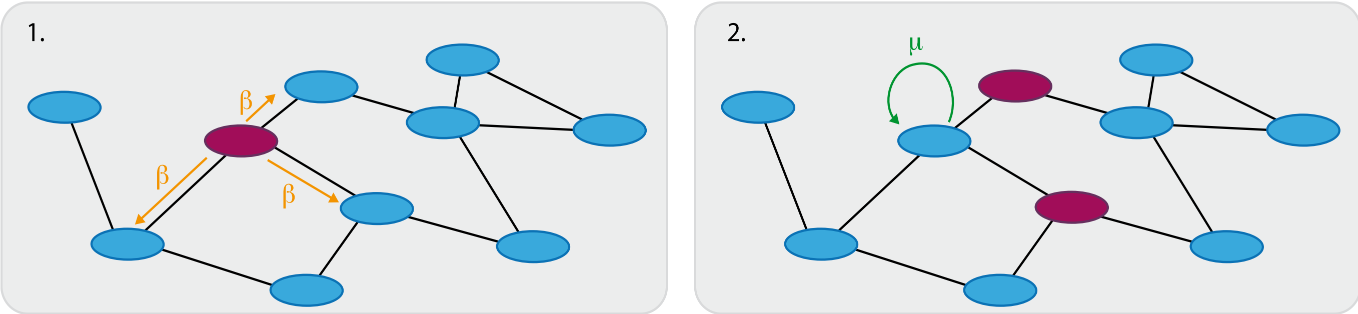

Fig. 3. Representación esquemática de contagio en una red mediante SIS. Red compleja donde inicialmente hay un único nodo en estado Infectado, el resto están Susceptibles. Para cada paso de tiempo existe una fase de infección y una de recuperación. (1) Infección: cada nodo infectado contacta con todos sus vecinos (o con una fracción de ellos) y éstos se infectan con probabilidad β. En este caso, se infectan dos de los tres vecinos. (2) Recuperación: los nodos originalmente infectados se recuperan con probabilidad m. En este caso, el nodo se recupera.

cir, la infectividad propia de la epidemia, se puede especificar a través de la probabilidad β, donde valores cercanos a cero indican una infectividad baja (el rumor tiene poco interés, la enfermedad no es muy contagiosa) y los valores cercanos a uno indican lo contrario. El contexto de una epidemia se explica parcialmente con la conectividad de la red y con una mezcla de ingredientes externos que puedan afectar a su propagación.

Transiciones de fase en epidemias

En física, una transición de fase es la transformación de un sistema de un estado macroscópico a otro. Un ejemplo son los cambios de estado (transiciones entre los estados de agregación de la materia), por ejemplo la transformación de agua en hielo, aunque el concepto también se refiere a cualquier otra transformación entre fases.

Usualmente, las transiciones de fase se describen mediante la definición de un parámetro de orden. Un parámetro de orden es una magnitud que permite cuantificar el estado macroscópico de un sistema como la agregación de los estados individuales de sus elementos. Por ejemplo, la magnetización es un parámetro de orden típico en sistemas magnéticos, que mide la fracción de elementos del sistema que han alineado sus variables magnéticas (momentos dipolares) en la misma dirección. La referencia al orden es clara, ya que la magnetización cuantifica cuán ordenada es la fase del sistema.

Las transiciones de fase siempre representan un cambio en el parámetro de orden que describe al sistema. Estos cambios pueden ser más o menos abruptos, y la continuidad del parámetro de orden respecto a esos cambios define el tipo de transición de fase con el que nos encontramos: transiciones de primer orden si el parámetro de orden presenta una discontinuidad, y transición de segundo orden si la discontinuidad está presente en su derivada. El punto en el que se produce la discontinuidad se conoce como punto crítico.

El estudio de los procesos dinámicos y la aparición de fenómenos colectivos en sistemas complejos sigue una ruta conceptual esencialmente equivalente al enfoque de la física estadística de las transiciones de fase [2]. Un ejemplo prototípico es el de los procesos de contagio SIS y SIR a los que hacíamos referencia anteriormente (figura 4). Esta descripción es extremadamente útil para poder predecir el impacto de un proceso epidémico en escenarios genéricos y particulares.

La fenomenología de las transiciones de fase en los procesos epidémicos en redes complejas es diversa, y su descripción ha producido avances importantes en la teoría de redes complejas en general. Una de las técnicas de análisis más interesantes surgida del estudio de estas transiciones es la comúnmente denominada aproximación de campo medio heterogéneo [3]. Consiste en una aproximación de campo medio (asume homogeneidad e isotropía) para cada clase de grado, es decir, asume que todos los nodos del mismo grado (el grado indica el número de vecinos) se comportan de manera idéntica. Esta simplificación es extremadamente interesante y clave en la determinación del punto crítico de la transición en epidemias en redes.

Curiosamente, la teoría determina que en el límite termodinámico (es decir, cuando el número de nodos tiende a infinito) una red heterogénea en grado, con distribución según una ley de potencias de exponente en el intervalo (2, 3), tiene el punto crítico del valor de infectividad, que tiende a cero, es decir, la infección siempre está presente en el sistema.

Sin embargo, las teorías efectivas en el límite termodinámico no son lo suficientemente precisas como para determinar las propiedades críticas en sistemas reales (finitos en número de elementos) y por lo tanto se necesitan nuevas ideas y aproximaciones para su estudio y determinación.

Entre los desarrollos más actuales en el tema, destacamos la formulación en términos probabilísticos de la incidencia de una epidemia por nodo [4], que permite construir una cadena de Markov. La solución analítica del estado estacionario permite determinar con gran precisión la incidencia de la epidemia en cualquier tipo de red, o incluso determinar cuál es el efecto de los procesos de difusión de información en la prevención y modificación del punto crítico en epidemias [5].

vínculos se establecen con los nodos de esa misma comunidad) o más externos (tienen también un número importante de vínculos con nodos que están en otras comunidades). En el texto nos referimos a estos últimos, puesto que son clave en la propagación de epidemias porque son un puente entre dos contextos que no estarían conectados de no ser por estos nodos.

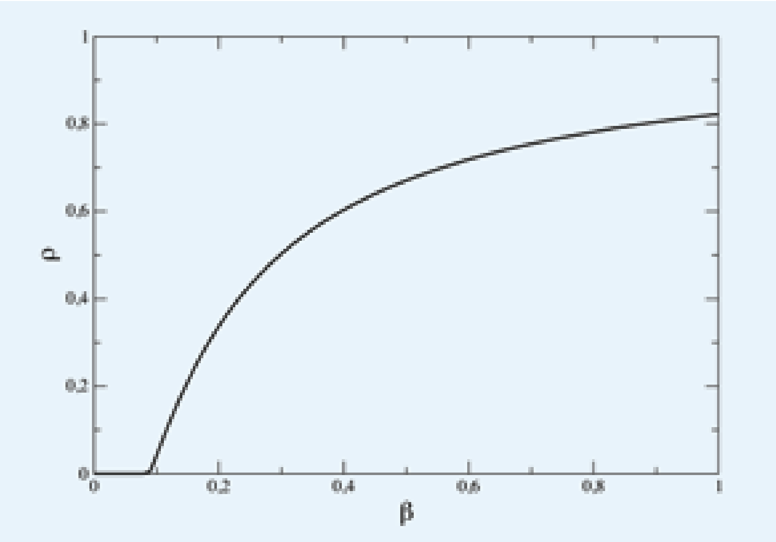

Fig. 4. Transiciones de fase en epidemias. Ilustración de la transición de fase en un modelo SIS sobre una red compleja. El parámetro de orden ρ representa la fracción de infectados en la red. Para valores de β inferiores al valor crítico, la epidemia desaparece. Por encima de este valor encontramos una fracción no nula de infectados estacionaria.

Retos de futuro

La modelización de epidemias usando teoría de redes complejas y física estadística sigue siendo un campo de estudio abierto. Aunque se conocen efectos como la dependencia topológica [6] o el tráfico [7], todavía se desconocen muchos aspectos de los procesos epidémicos, como por ejemplo determinar el origen más probable de un proceso epidémico, o cuál es la escala temporal del proceso transitorio de la epidemia dependiendo de la red en la que se propaga.

Entre los retos más importantes encontramos la modelización en contextos variables, donde la red es a su vez un sistema vivo, cambiante y donde la infectividad también tiene un comportamiento adaptativo. La inclusión de estos factores esenciales en la correcta descripción de los fenómenos epidémicos posiblemente supondrá un avance significativo en nuestra comprensión de los mismos.

Bibliografía

[1] M. Gladwell, *The tipping point: how little things can make a big difference,* Little, Brown and co. (2000).

[2] A. Vespignani, "Modelling dynamical processes in complex socio-technical systems", *Nature Physics* **8**, 32-39 (2012).

[3] R. Pastor-Satorras y A. Vespignani, "Epidemic Spreading in Scale-Free Networks", *Physical Review Letters* **86**, 3200 (2001).

[4] S. Gómez, A. Arenas, J. Borge-Holthoefer, S. Meloni e Y. Moreno, "Discrete-time Markov chain approach to contact-based disease spreading in complex networks", *Europhysics Letters* **89**, 38009 (2010).

[5] C. Granell, S. Gómez y A. Arenas, "Dynamical interplay between awareness and epidemic spreading in multiplex networks", *Physical Review Letters* **111**, 128701 (2013).

[6] M. E. J. Newman, "Spread of epidemic disease on networks", *Physical Review E* **86**, 016128 (2002).

[7] S. Meloni, Y. Moreno y A. Arenas, "Traffic-driven epidemic spreading in finite-size scale-free networks", *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America,* **106**(40), 16897-16902 (2009).

[8] S. Fortunato, "Community detection in graphs", *Physics Reports* **486**, 75-174 (2010).

[9] M. Salathé y J. H. Jones, "Dynamics and control of diseases in networks with community structure", *PLOS Computational Biology* **6**(4), e1000736 (2010).

Clara Granell, Sergio Gómez y Alex Arenas
Departament d'Enginyeria Informàtica
i Matemàtiques,Universitat Rovira i Virgili