

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE INGENIERÍA MECÁNICA Y ELÉCTRICA

SUBDIRECCIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO



SIMULACIÓN DE EPIDEMIAS
BAJO MEDIDAS DE CONTINGENCIA

POR

ERICKA FABIOLA VÁZQUEZ ALCALÁ

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA INGENIERÍA

CON ORIENTACIÓN EN SISTEMAS

AGOSTO 2022

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN

FACULTAD DE INGENIERÍA MECÁNICA Y ELÉCTRICA

SUBDIRECCIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO



SIMULACIÓN DE EPIDEMIAS
BAJO MEDIDAS DE CONTINGENCIA

POR

ERICKA FABIOLA VÁZQUEZ ALCALÁ

COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL GRADO DE

MAESTRÍA EN CIENCIAS DE LA INGENIERÍA

CON ORIENTACIÓN EN SISTEMAS

AGOSTO 2022



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE INGENIERÍA MECÁNICA Y ELÉCTRICA
SUBDIRECCIÓN DE ESTUDIOS DE POSGRADO

Los miembros del Comité de Tesis recomendamos que la Tesis *Simulación de epidemias bajo medidas de contingencia*, realizada por la alumna Ericka Fabiola Vázquez Alcalá, con número de matrícula 1564189, sea aceptada para su defensa como requisito parcial para obtener el grado de Maestría en Ciencias de la Ingeniería con orientación en Sistemas.

El Comité de Tesis

Dra. Satu Elisa Schaeffer
Co-asesora

Dr. José Arturo Berrones Santos
Co-asesor

Dr. Romeo Sánchez Nigenda
Revisor

Vo. Bo.

Dr. Simón Martínez Martínez
Subdirector de Estudios de Posgrado

San Nicolás de los Garza, Nuevo León, agosto 2022

A mi papá en el cielo, a mi mamá, y a Gerardo.

ÍNDICE GENERAL

Agradecimientos	ix
Resumen	x
1. Introducción	1
1.1. Hipótesis y objetivo	3
1.2. Estructura de la tesis	4
2. Marco teórico	5
2.1. Grafos	5
2.2. Redes Multi-agentes	6
2.2.1. Sistemas multi-agente	7
2.2.2. Redes complejas	8
2.2.3. Redes complejas multi-agente	9
2.3. Modelos epidemiológicos	12
2.4. Procesos de Poisson	13

3. Revisión bibliográfica	15
4. Metodología	18
4.1. Medidas de contingencia	19
4.1.1. Vacunación	19
4.1.2. Cubrebocas	19
4.1.3. Aislamiento	20
5. Resultados	21
5.1. Vacunación	21
5.2. Cubrebocas	23
5.3. Aislamiento	23
5.4. Aislamiento con cubrebocas	24
6. Conclusiones	28
6.1. Contribuciones	28
6.2. Trabajo a futuro	28

ÍNDICE DE FIGURAS

2.1. Ejemplos de grafos.	5
2.2. Conexidad.	6
2.3. Ejemplos de redes complejas.	8
2.4. Correspondencia entre un sistema multi-agente y una red compleja. .	10
2.5. Modelos compartimentales.	14
5.1. Vacunando a los nodos influyentes de la red.	22
5.2. Vacunando nodos al azar de la red.	22
5.3. Cubrebocas.	23
5.4. Aislamiento.	24
5.5. Uso de cubrebocas combinado con aislamiento.	26

ÍNDICE DE CUADROS

3.1. Comparativa entre trabajos revisados.	17
4.1. Distribución de perfiles de riesgo en una población (Cerami <i>et al.</i> , 2021).	20

AGRADECIMIENTOS

Mis más profundos agradecimientos a la Universidad Autónoma de Nuevo León (UANL) por la oportunidad que me ha brindado de formarme en sus aulas desde el nivel medio superior, y por los apoyos económicos derivados de los proyectos *Simulación de epidemias bajo medidas de contingencia* (CE1842-21, Mayo 2021 - Diciembre 2021) y *Exploración algorítmica de relaciones entre calidad de aire y bienestar* (CE1421-20, Agosto 2020 – Diciembre 2020). A la Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica, por acogerme para mis estudios de maestría. Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología por el financiamiento otorgado para que pudiera estudiar de tiempo completo.

Agradezco al Posgrado en Ingeniería de Sistemas por recibirme como estudiante de maestría, en especial a mis asesores Satu Elisa Schaeffer y José Arturo Berrones Santos, sin cuya orientación y apoyo no habría podido obtener este grado. También a mis revisores por aceptar formar parte de mi comité de tesis y por sus valiosas observaciones.

En especial, agradezco a Gerardo Palafox Castillo por apoyarme en todo momento y por alentarme a seguir adelante con mis estudios.

RESUMEN

Ericka Fabiola Vázquez Alcalá.

Candidato para obtener el grado de Maestría en Ciencias de la Ingeniería con orientación en Sistemas.

Universidad Autónoma de Nuevo León.

Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica.

Título del estudio: SIMULACIÓN DE EPIDEMIAS BAJO MEDIDAS DE CONTINGENCIA.

Número de páginas: 35.

OBJETIVOS Y MÉTODO DE ESTUDIO: El objetivo es diseñar una simulación de un modelo epidemiológico utilizando una combinación de redes complejas y sistemas multi-agentes, el cuál permita explorar la magnitud del impacto que distintas medidas de contingencia, o la ausencia de estas (específicamente, del uso de cubrebocas, distanciamiento social y aislamiento) tengan en la propagación de la enfermedad, como lo son porcentaje final de infectados, duración de la epidemia, máxima cantidad de infectados simultáneamente.

CONTRIBUCIONES Y CONCLUSIONES: En este trabajo, se realizan simulaciones de procesos infecciosos en modelos de redes multi-agentes bajo distintas medidas de contingencia, estudiando sistemáticamente los efectos de las mismas en la cantidad final de infectados. Se concretó un programa computacional de código abierto¹ con el cuál se puede simular un proceso infeccioso, ajustando la tasa de contagio y recuperación de éste, así como las medidas de contingencia deseadas y la red subyacente de contactos. Esto potencialmente facilita la toma de decisiones para el control de epidemias.

Firma de los asesores

Dra. Satu Elisa Schaeffer
Co-asesora

Dr. José Arturo Berrones Santos
Co-asesor

CAPÍTULO 1

INTRODUCCIÓN

Los modelos matemáticos intentan capturar el funcionamiento del mundo real para explicar ciertos comportamientos y para predecir sucesos. La desventaja de estos es que no importa que tan complicado sea el modelo, ninguno será perfecto debido a la complejidad del mundo real. George Box dice que “Todos los modelos están equivocados; algunos modelos son útiles”. El enfoque de modelado matemático ha sido utilizados para estudiar epidemias y así ayudar en la toma de decisiones para responder de forma rápida y efectiva contra enfermedades emergentes (Badham *et al.*, 2021; Lipsitch *et al.*, 2011). En este trabajo se busca construir un modelo útil que pueda medir el impacto de distintas medidas de contingencia en el esparcimiento de una enfermedad contagiosa.

La humanidad ha sido asediada por enfermedades infecciosas a lo largo de la historia. Ejemplos en la era moderna incluyen las epidemias del SARS, MERS, influenza AH1N1 ébola y en la actualidad, el SARS CoV-2, virus que causa la enfermedad conocida como *covid-19*. Ante estas eventualidades, gobiernos de distintos niveles deben adoptar medidas prontas y efectivas para evitar una crisis de salud pública. Sin embargo es difícil saber el impacto que tendrán las acciones tomadas ante un sistema complejo y dinámico, como lo es la propagación de una enfermedad en una población. Ante la inviabilidad logística, y quizá ética, de ensayar distintas medidas directamente a nivel población, surge la necesidad de realizar ensayos

computacionales mediante modelos matemáticos de la enfermedad. La naturaleza aleatoria y evolutiva de los procesos de contagio hace de las simulaciones estocásticas una de las maneras más efectivas de estudiar y predecir el fenómeno.

El uso de redes como una forma de modelar se ha utilizado en diversas áreas de la ciencia (ver por ejemplo la parte 1 del libro de Newman (2018)). Particularmente han encontrado uso en estudiar el esparcimiento de una infección, y en técnicas para mitigar el impacto de la misma. Anteriormente en los modelos epidemiológicos se consideraba una población homogénea, donde todos los individuos podían contagiar a cualquier otro individuo (Bailey, 1975). Conforme el paso del tiempo surgió la necesidad de incorporar diversas características a estos modelos para permitirles ser más acertados, como la estructura de contactos que existe en la población, características específicas de los individuos como su estado socio-económico, edad, sexo, entre otros. Una forma de lograr esto fue modelar a la población mediante el uso de redes.

Diversos modelos se han implementado para el modelado de epidemias, desde los simples que solamente segmentan a la población en pocos compartimientos de estado de infección, hasta otros más complejos que utilizan redes de gran escala basados en agentes para simular características individuales. Los modelos simples permiten analíticamente estudiar mecanismos básicos como si ocurrirá una epidemia, cuánto durará y qué tan grande será, pero se sacrifica precisión asumiendo efectos secundarios. Usando modelos que incorporan mayor detalle en el comportamiento individual y en la enfermedad, se tendría un mayor poder de predicción, pero debido a su complejidad se necesita mayor esfuerzo computacional.

Un modelo determinista no puede capturar las incertidumbres asociadas al mundo real. Por ejemplo, un individuo infectado contagia a otro siempre con alguna probabilidad, y no con certeza absoluta. Esto nos motiva a adoptar modelos estocásticos con la esperanza de obtener resultados más realistas.

Las técnicas de simulación multi-agente permiten analizar y cuantificar los efec-

tos de distintas medidas de contención ante la propagación de enfermedades, tales como el distanciamiento social, el uso de cubrebocas, o el aislamiento social, además de interacciones con otros factores como la densidad poblacional, nivel socioeconómico y la calidad del aire. La comprensión de estas diferencias conlleva a una toma de decisiones facilitada y basada en evidencia científica. Aunado a esto, representar las conexiones e interacciones entre nuestros agentes por medio de una red, permite el uso de técnicas matemáticas bien estudiadas de teoría de grafos y sistemas de propagación en redes. Así, al combinar la estructura de contacto poblacional usando redes con las características que se le asignan a un agente, se busca modelar de una manera eficiente, y un poco más real, el esparcimiento de una epidemia. Este tipo de modelos se han implementado para describir el comportamiento de la epidemia del VIH (Mei *et al.*, 2010a). Combinando estas metodologías, confiamos que las redes complejas multi-agentes son idóneas para la simulación estocástica de epidemias bajo medidas de contención.

1.1 HIPÓTESIS Y OBJETIVO

La hipótesis es que la simulación de modelos epidemiológicos por medio de redes multi-agente permite observar y cuantificar el impacto que distintas medidas de contención tienen en la propagación de una enfermedad infecciosa. Esto permitiría una toma de decisiones públicas más informada y con mejores resultados.

El objetivo general es diseñar, implementar y analizar una simulación multi-agente epidemiológica en una red que permita medir los efectos que tienen distintas medidas de contención contra el contagio y propagación de una enfermedad infecciosa. Los objetivos específicos para el presente trabajo son:

Modelación. Diseñar una simulación multi-agente en red de un modelo epidemiológico, el cuál permita medir la propagación de una enfermedad infecciosa bajo distintas medidas de contingencia. Específicamente, del uso de cubrebo-

cas, distanciamiento social y aislamiento.

Implementación. Implementar un prototipo computacional del modelo desarrollado para explorar la magnitud del impacto que distintas medidas de contingencia, o la ausencia de estas, tengan en medidas clave de la propagación de la enfermedad, como lo son porcentaje final de infectados, duración de la epidemia, máxima cantidad de infectados simultáneamente.

Visualización. Crear visualizaciones de la propagación de la enfermedad en una red acorde a los resultados obtenidos con la implementación del modelo mencionado, así como del impacto de las medidas de contingencia.

1.2 ESTRUCTURA DE LA TESIS

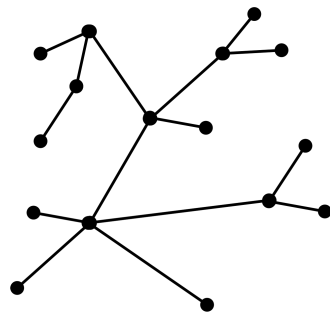
En el capítulo 2 se describen los conceptos de teoría de grafos, sistemas multi-agente, modelos epidemiológicos y de procesos markovianos necesarios para la comprensión de este trabajo. En el capítulo 3 se realiza una revisión de la literatura relacionada al tema, también se muestra una comparativa con los trabajos actuales y nuestro trabajo. En el capítulo 4 se describe la metodología empleada para la solución del problema. Por último en el capítulo 5 se muestran los resultados obtenidos de los experimentos y en el capítulo 6 se describen las conclusiones obtenidas.

CAPÍTULO 2

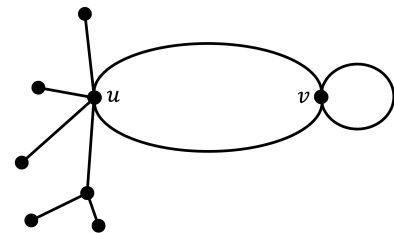
MARCO TEÓRICO

2.1 GRAFOS

Un grafo (o red) simple es una dupla $G = (V, E)$ que consiste de un conjunto de vértices V y un conjunto de aristas $E = \{\{u, v\} \mid u, v \in V, u \neq v\}$ que no posee bucles o aristas múltiples. En la figura 2.1a se tiene un ejemplo de un grafo simple, mientras que en la figura 2.1b se muestra un grafo no simple, ya que contiene dos aristas que conectan a u y v , además de que se tiene el bucle $\{v, v\}$. Cuando existe una arista $\{u, v\} \in E$ se dice que u y v son *adyacentes* y son *vecinos*. Al número de aristas que conecta a un nodo con otros se le denomina *grado* del vértice.



(a) Grafo simple.



(b) Grafo no simple.

FIGURA 2.1: Ejemplos de grafos.

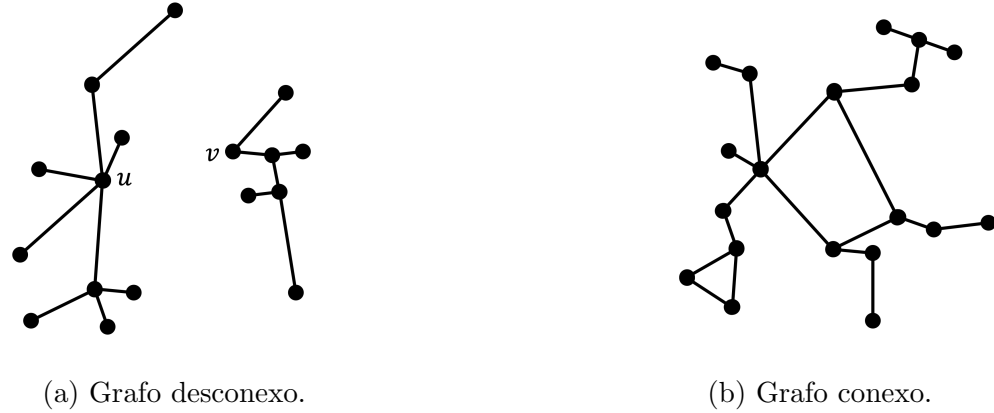


FIGURA 2.2: Conexidad.

Un camino entre vértices v_0 y v_n es una secuencia ordenada de vértices $v_0, v_1, v_2, \dots, v_n$ tal que cualesquiera dos vértices consecutivos son adyacentes. A v_0 y v_n se les llama extremos del camino y se dice que están *conectados*. Si para cualesquiera dos nodos $u, v \in V$ en un grafo $G = (V, E)$ existe un camino para los cuales u, v están conectados, se dice que G es *conexo*.

En la figura 2.2 se muestra un ejemplo de grafo desconexo, figura 2.2a, ya que en este grafo no existe un camino para los cuales los vértices u y v sean extremos, es decir, no están conectados. En la figura 2.2b se tiene un grafo que sí es conexo, ya que podemos encontrar un camino para que cualesquiera dos vértices estén conectados. Más sobre teoría de grafos se puede encontrar en el libro de Bollobás (1998).

2.2 REDES MULTI-AGENTES

Una red multi-agente intenta combinar las propiedades de los sistemas multi-agentes y de las redes complejas para simular epidemias tanto de forma individual como de forma poblacional. Cada agente tiene una información individual y personal, la red compleja trabaja con las relaciones dinámicas entre estos agentes.

2.2.1 SISTEMAS MULTI-AGENTE

Un sistema basado en agentes consiste de un conjunto de entidades heterogéneas, llamadas *agentes*, que interactúan entre sí acorde a un sistema de reglas. A través de estas interacciones emergen fenómenos a nivel del sistema. Estos agentes tienen ciertas características (Mei *et al.*, 2015):

Autonomía. El agente actúa conforme a su base de creencias.

Visión Local. Ningún agente tiene una visión global del sistema, o el sistema es demasiado complejo para el entendimiento del agente.

Descentralización. No hay control del agente.

Macal (referencia) da definiciones para los modelos basados en agentes de acuerdo a cierto tipo de características que poseen, como

Individual. Es aquel en el que los agentes en el modelo son representados individualmente y tiene diversas características.

Autónomo. Es aquel en el que los agentes individuales tienen comportamientos internos que les permiten ser autónomos, capaces de sentir cualquier condición que ocurre en el modelo en cualquier tiempo, y actuar apropiadamente de acuerdo a su comportamiento.

Interactivo. Es aquel en los agentes autónomos interactúan con otros agentes y con el entorno.

Adaptativo. Es aquel en el cual los agentes autónomos que interactúan cambian sus comportamientos durante la simulación, conforme los agentes aprenden, se encuentran con situación nuevas, o como población ajustan su composición para incluir grandes proporciones de agentes sean los que se adaptan satisfactoriamente.

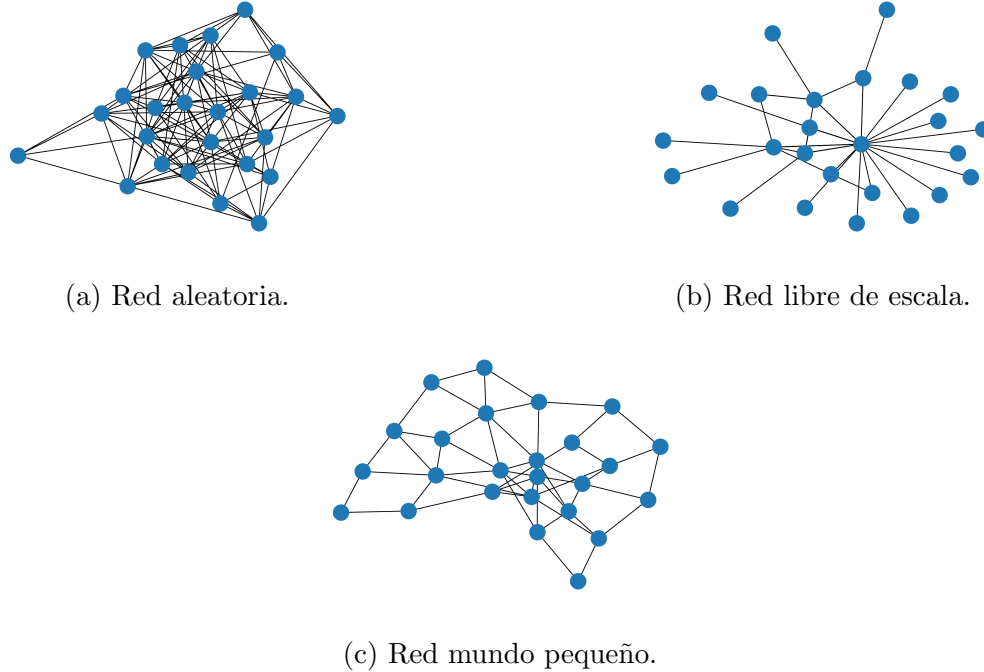


FIGURA 2.3: Ejemplos de redes complejas.

2.2.2 REDES COMPLEJAS

Una red compleja puede ser descrita como un grafo compuesto de un conjunto de vértices y un conjunto de aristas. Existen diversos tipos como, libre de escala, mundo pequeño y redes aleatorias. La figura 2.3 muestra un ejemplo de dichas redes.

Libre de escala. Es un tipo de red con una distribución de grados que sigue una ley de potencia de la forma $P(k) \sim k^{-\gamma}$, donde k es el grado, $P(k)$ es la probabilidad de que un nodo tenga grado k , y γ es el exponente de la ley de potencia.

Mundo pequeño. Son redes en donde la mayor parte de pares de vértices están conectados a través de un camino corto.

Redes aleatorias. Son la forma más simple de un grafo complejo, en el cuál cada par de nodos están conectados aleatoriamente con una probabilidad inde-

pendiente p . La distribución de los grados de este tipo de grafos siguen una distribución de Poisson.

2.2.3 REDES COMPLEJAS MULTI-AGENTE

Se define una red compleja multi-agente de la misma forma que una red compleja simple, donde se reemplazan los vértices por agentes. Las aristas representan los contactos, interacciones o relaciones entre los agentes, y estas pueden cambiar con el tiempo. En la imagen 2.4 se muestra la correspondencia entre una red y un modelo multi-agente. Se define la red como

$$G(t) = (\mathbb{V}(t), \mathbb{E}(t)) \quad (2.1)$$

donde si $v \in \mathbb{V}(t)$, a este se le llama *nodo agente*. Cada arista $a \in \mathbb{E}(t)$ conecta a dos nodos agentes formada por la interacción de estos dos.

Las redes complejas multi-agente evolucionan con el tiempo t , por lo que son dinámicas. En este tiempo, los nodo agente cambian entre estados y las aristas varían entre si existen o no, o en el peso que se les pudiera asignar.

Cada nodo agente posee ciertas características y atributos, que se definen a continuación (Mei *et al.*, 2015):

Estado. Es una abstracción de los atributos de los agentes, describe el estado, fase o actividad en el que el agente se encuentra.

Evento. Cambios en el estado del sistema en el punto de tiempo t .

Acción. Es la ejecución que causa cambios en el mismo individuo o en el entorno, y es el componente básico del comportamiento.

Actividad. Es una orden de secuencias que se activan por los eventos o son iniciadas por los individuos.

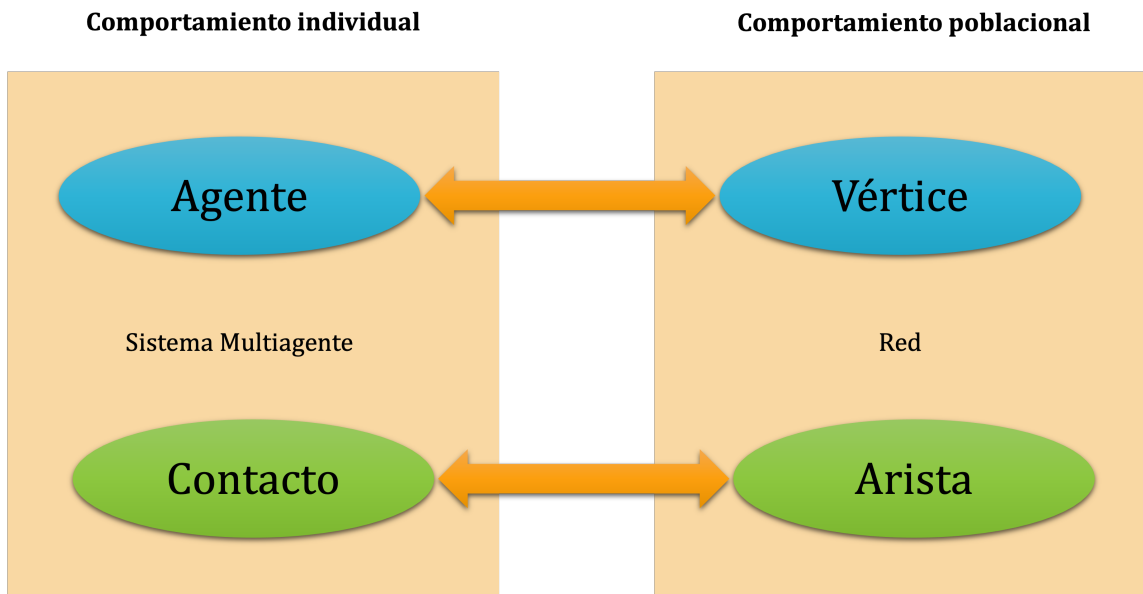


FIGURA 2.4: Correspondencia entre un sistema multi-agente y una red compleja.

Comportamiento. Representa las reacciones al entorno y sus posibles acciones.

Para medir el esparcimiento de la enfermedad infecciosa, se pueden usar distintas métricas.

1. *Casos totales*, por lo general se denota por T , y como su nombre lo indica es el total de agentes que permanecen en estado infeccioso después de un periodo determinado de tiempo t .
2. *Nuevos casos*, denotado por N , es el número de agentes que se infectan en un determinado periodo de tiempo.
3. *Muertes*, se suele denotar por D y es el número de agentes que se mueren en un periodo de tiempo determinado.
4. *Prevalencia*, se denota por P , es el cociente de los casos totales y el tamaño de la población.
5. *Tasa de incidencia*, denotado por I , es el número de casos nuevos por población en un periodo de tiempo dado.

6. *Mortalidad*, se denota por M , es la fracción de muertes y el tamaño total de la población en un periodo de tiempo.
7. *Número de reproducción*, se denota por R , es el número de casos promedio que un infectado genera durante el transcurso de su tiempo en ese estado.

El estado del sistema (es decir, de la población en general) se guarda en términos de las medidas que se tienen para el esparcimiento de la epidemia dependiendo del tiempo,

$$\Omega = \{T(t), N(t), D(t), P(t), I(t), M(t), R(t)\}. \quad (2.2)$$

Para calcular Ω en términos de la red compleja multi-agente $G^t = (\mathbb{V}^t, \mathbb{E}^t)$, se utiliza los siguientes conjuntos de nodos agente,

$$\mathbb{I}(t) = \text{agentes que permanecen infectados en el periodo de tiempo } t, \quad (2.3)$$

$$\mathbb{S}(t) = \text{agentes que han sido infectados antes del tiempo } t, \quad (2.4)$$

$$\mathbb{N}(t) = \text{agentes que se infectan justo en el periodo de tiempo } t, \quad (2.5)$$

$$\mathbb{D}(t) = \text{agentes que murieron en el periodo de tiempo } t, \quad (2.6)$$

$$\mathbb{T}(t, \mathbb{V}_i) = \{\mathbb{V}_j \mid \exists k \in [1, t] \Rightarrow \exists \mathbb{E}_{i,j}^k \wedge \text{agente}_i^k \text{ infecta agente}_j^k\}, \quad (2.7)$$

con lo que tenemos

$$\Omega = \begin{cases} T(t) = |\mathbb{I}(t)|, \\ N(t) = |\mathbb{N}(t)|, \\ D(t) = |\mathbb{D}(t)|, \\ P(t) = \frac{T(t)}{|\mathbb{V}^t|}, \\ \\ I(t) = \frac{N(t)}{|\mathbb{V}^t|}, \\ \\ M(t) = \frac{D(t)}{|\mathbb{V}^t|}, \\ \\ R(t) = \frac{\sum_{k=1}^{|\mathbb{S}(t)|} |\mathbb{T}(t, \mathbb{S}(t)_k)|}{|\mathbb{S}(t)|}. \end{cases} \quad (2.8)$$

2.3 MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

Se trabaja con modelos epidemiológicos de compartimentos, a tiempo continuo, modelando la población subyacente con un grafo $G = (V, E)$. En estos se tiene una cantidad finita de compartimentos C_1, \dots, C_q , y en el tiempo t , cada nodo $u \in V$ es asignado a un C_i para un solo $i \in \{1, \dots, q\}$. A continuación se mencionan algunos de los modelos más conocidos, refiriendo al lector al capítulo 16 del libro de Newman (2018) o al artículo de Pastor-Satorras *et al.* (2015) para más detalles.

El modelo SI Es el modelo más simple ya que se consideran solamente dos estados S (*susceptible*) y I (*infectado*); en el caso de que un individuo sea susceptible significa que es alguien que aún no tiene la enfermedad pero podría tenerla si entra en contacto con otro que sí la tenga. Un individuo infectado es aquel que tiene la enfermedad y que puede transmitirla si entra en contacto con algún individuo que sea susceptible. En la figura 2.5a se muestra un diagrama de flujo

del modelo SI, como se aprecia, una vez que el individuo pasa a ser infectado ya no podrá salir de dicho estado.

El modelo SIS. A diferencia del modelo anterior, en modelo SIS se puede tener una reinfección de la enfermedad, es decir el individuo infeccioso pasa de nuevo a ser susceptible después de un tiempo, no adquiere una inmunidad a la infección por haberla tenido. En la figura 2.5b se muestra los cambios de estados que este modelo permite.

El modelo SIR. En este modelo se trabaja con otro estado R , al que se le denomina *recuperado*, el cual representa que un individuo infeccioso adquiere inmunidad a la enfermedad después haberse recuperado. En la figura 2.5c se muestra como un individuo puede cambiar de estados en este modelo.

El modelo SIRS. Existen modelos más complejos, en los cuales se trabaja con inmunidad temporal. Un individuo infeccioso pasa a recuperado después de un tiempo determinado y está en dicho estado solo un tiempo para pasar nuevamente a ser susceptible y poder infectarse nuevamente de la enfermedad. En la figura 2.5d se muestra los cambios de estados de este modelo.

El modelo SEIR. Para este modelo se trabaja con un estado extra que se representa con E y significa que un individuo susceptible estuvo *expuesto* a la enfermedad y esta aún no se ha desarrollado al punto de que pueda transmitirla a otros individuos. En la figura 2.5e se muestra el diagrama de flujo de los estados de este modelo.

2.4 PROCESOS DE POISSON

Un *proceso estocástico* $\{X(t) : t \in \mathbf{T}\}$ es una colección de variables aleatorias, indexada por un conjunto \mathbf{T} que interpretamos como el tiempo, donde las variables toman valores en un conjunto S llamado espacio de estados. Cuando \mathbf{T} es un conjunto

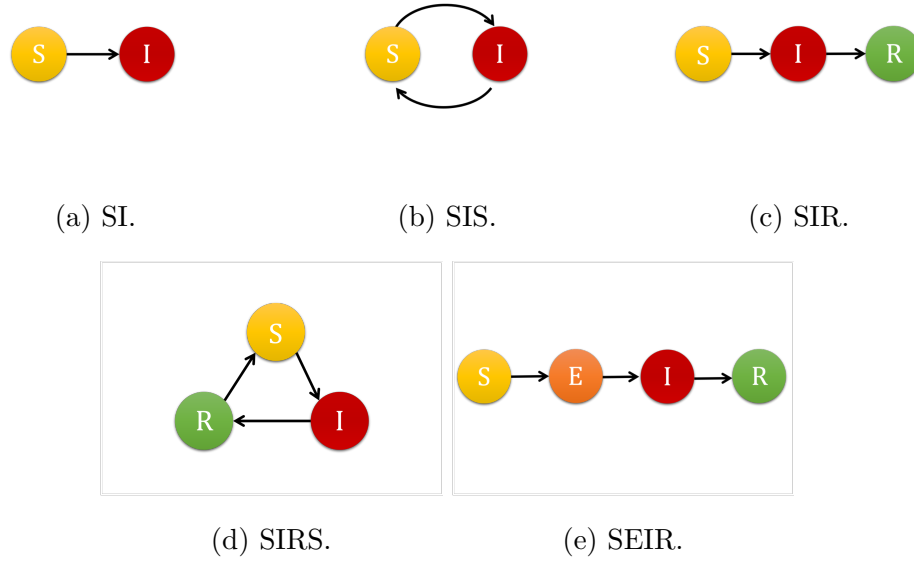


FIGURA 2.5: Modelos compartimentales.

contable, decimos que el proceso es de tiempo discreto. Cuando \mathbf{T} es un intervalo en la recta real, decimos que el proceso es de tiempo continuo (Rincón, 2007; Ross, 2014). Sea T_1, T_2, \dots una sucesión de variables aleatorias independientes, donde para cada i , T_i tiene distribución $\text{Exp}(\lambda)$. Rincón (2007) define el *proceso de Poisson con parámetro λ* como el proceso estocástico a tiempo continuo $\{X_t : t \in [0, \infty)\}$ definido por

$$X_t = \text{máx}\{n \geq 1 : T_1 + \dots + T_n \leq t\}, \quad (2.9)$$

donde $\text{máx} \emptyset := 0$. En investigación de operaciones, algunos modelos de líneas de espera consideran los tiempos de llegadas a un sistema como un proceso de Poisson (Hillier y Lieberman, 2002). En el contexto de simulación de epidemias, los tiempos en que un individuo infeccioso contacta a sus vecinos en el proceso SIR Markoviano, siguen un proceso de Poisson (Britton, 2020).

CAPÍTULO 3

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Los modelos matemáticos para el estudio de epidemias han sido estudiados por décadas (Bailey, 1975; Britton, 2010). En particular, los modelos con población heterogénea representada por medio de redes han sido ampliamente analizados en tiempos recientes (López-García, 2016; Britton, 2020; Van Mieghem *et al.*, 2009; Spricer y Britton, 2019; Pastor-Satorras *et al.*, 2015; Danon *et al.*, 2011). Entre las investigaciones realizadas se encuentran trabajos que buscan predecir el tamaño final de una epidemia con cierta probabilidad (Trapman y Bootsma, 2009; Ball *et al.*, 2009), controlar el contagio (Nowzari *et al.*, 2016), estudiar el impacto de las medidas de contención de la propagación del virus (Fransson y Trapman, 2019), la duración de una epidemia en redes con cierta secuencia de grado (Lashari *et al.*, 2020). Los estudios han abarcado más allá del modelo SIR estocástico que usamos en este trabajo. Por ejemplo, existen trabajos que abordan un punto de vista determinístico (Mei *et al.*, 2017), epidemias con inmunidad temporal (Li *et al.*, 2014; Ruhi y Hassibi, 2015; Zheng y Tang, 2019; Zhong *et al.*, 2017; Ottaviano y Bonaccorsi, 2019; Cai *et al.*, 2017), epidemias en redes de orden superior (Cisneros-Velarde y Bullo, 2020; Iacopini *et al.*, 2019). Algunos de los retos que aún enfrenta el área se pueden encontrar en el trabajo de Pellis *et al.* (2015).

Se ha utilizado los modelos basados en agentes para la modelación diversas epidemias (Gordon, 2003; Hassin, 2021; Perez y Dragicevic, 2009) como la del VIH

(Teweldemedhin *et al.*, 2004) y SARS-CoV-2 (Höertel *et al.*, 2020). Una de los beneficios de trabajar con agentes es poder modelar el comportamiento humano (Bonabeau, 2002) y ciertas características como la movilidad (Frias-Martinez *et al.*, 2011). Varias estrategias para la contención de la epidemia han sido implementadas, como la vacunación (Nadini *et al.*, 2020; Peng *et al.*, 2010), distancia social (Paarporn *et al.*, 2015), usando declaraciones de emergencia (Azizi *et al.*, 2020). Silva *et al.* (2020) propone un modelo basado en agentes con el cual, además de medir el impacto de distintos escenarios usando distintas medidas de contingencia en la epidemia, mide el impacto que hay de la misma en el ámbito económico.

Además de ser usadas para el estudio de epidemias (Hassin, 2021; Höertel *et al.*, 2020; Perez y Dragicevic, 2009) también se han usado para abordar problemas de transporte (Hörl, 2017) o finanzas (Samitas *et al.*, 2018).

Nuestro gobierno no está exento de los retos que presenta enfrentar una crisis sanitaria de naturaleza epidémica, y tomar la decisión equivocada puede tener costos exorbitantes tanto en materia económica como en vida humanas (Lipsitch *et al.*, 2011; Maringe *et al.*, 2020; Pasquini-Descomps *et al.*, 2017).

En el cuadro 3.1 se muestra una comparativa entre distintos trabajos y su metodología, como se aprecia, hay distintos trabajos que utilizan distintas medidas de contingencia para determinar que tan bien contienen la epidemia.

Se ha hecho uso de las redes complejas multi-agentes para modelar la epidemia de la influenza A (H1N1) (Mei *et al.*, 2010b) simulando escenarios utilizando diversas medidas de contingencia como el aislamiento solo de casos que hayan sido confirmados y una mezcla entre la medida anterior con una vacunación al azar de personas susceptibles. Por otra parte, Mei *et al.* (2011) analiza la epidemia del VIH entre hombres que tienen sexo con otros hombres, haciendo uso de las CAN para analizar el comportamiento de riesgo de las personas. Mediante la creación de distintos escenarios, concluyen que el perjuicio de altos comportamientos de riesgo superan los beneficios dados al recibir tratamiento farmacológico.

Cuadro 3.1: Comparativa entre trabajos revisados.

Trabajo	Modelo	Grafos	Multi-agentes	Vacunación al azar	Otro tipo de vacunación	Aislamiento	Cubrebocas
Mei <i>et al.</i> (2010a)	SI	✓	✓	×	×	×	×
Nadini <i>et al.</i> (2020)	SIR / SIS	✓	✓	✓	✓	×	×
Höertel <i>et al.</i> (2020)	SIR	×	✓	×	×	✓	×
Britton <i>et al.</i> (2007)	SIR	✓	×	✓	✓	×	×
Silva <i>et al.</i> (2020)	SEIR	×	✓	×	×	✓	✓
Grauer <i>et al.</i> (2020)	SIR	×	✓	×	✓	×	×
Mei <i>et al.</i> (2010b)	SIR	✓	✓	×	✓	✓	×
Trabajo actual	SIR	✓	✓	✓	✓	✓	✓

El presente trabajo se enmarca en el uso de redes complejas multi-agentes para modelar cualquier proceso infeccioso, sin restringirlo a alguna enfermedad o población particular. Se crea un programa de código abierto en el que se pueden ajustar las tasas de contagio y recuperación de la infección, así como variar distintas medidas de contingencia, o la red subyacente de contactos.

CAPÍTULO 4

METODOLOGÍA

Se representa una población mediante una red, donde los nodos representan a los individuos y las aristas representan los contactos que surgen entre ellos.

El modelo base de transmisión es el modelo markoviano SIR, donde cada nodo pertenece a uno y solo uno de los estados *susceptible*, *infeccioso* o *recuperado*, con parámetros β (tasa de contagio) y γ (tasa de recuperación). Al tiempo $t = 0$, un nodo escogido uniformemente al azar se torna infeccioso, mientras el resto permanece susceptible. Mientras un nodo es infeccioso, tiene contactos infecciosos de manera aleatoria con sus vecinos susceptibles, acorde a procesos independientes de Poisson con tasa β . Cada nodo permanece infeccioso durante un periodo de tiempo aleatorio con distribución exponencial con parámetro γ . Pasando su periodo de infección, el nodo pasa a ser recuperado y permanece inmune por el resto del proceso infeccioso, el cual concluye hasta el primer tiempo $t = T_f$ donde haya cero infecciosos. El tamaño final de la epidemia es el número de nodos que hayan resultado infectados durante el proceso, que corresponde con el número de nodos recuperados al tiempo T_f .

4.1 MEDIDAS DE CONTINGENCIA

El modelo markoviano SIR será modificado para incluir atributos en cada nodo y construir un modelo de epidemia bajo medidas de contingencia. A saber, en la sección 4.1.1 se identificarán nodos influyentes en la topología de la red mediante el algoritmo **Vote Rank**. En la sección 4.1.2 se describirá como se ve afectada la epidemia cuando algunos nodos usan cubrebocas, acorde a un nivel de tolerancia al riesgo individual basado en la literatura (Cerami *et al.*, 2021). En la sección 4.1.3, los nodos tendrán conocimiento de la infección propia y de vecinos, y decidirán aislarse acorde a esto.

4.1.1 VACUNACIÓN

Una de las medidas de contención en una epidemia es la de vacunar a la población. La vacunación es un proceso costoso tanto por suministros como en logística, por lo que a veces resulta preferible escoger con cuidado a qué sectores de la población se inoculará. Usando el algoritmo **Vote Rank** de la librería **NetworkX**¹, se identifican a los nodos más influyentes del grafo, y se les identifica como recuperados desde el inicio de la epidemia. A su vez, comparamos los resultados anteriores con un modelo en el que se inoculan a elementos arbitrarios de la población, para medir la importancia de escoger con cuidado a los individuos a vacunarse.

4.1.2 CUBREBOCAS

Se escogen distintas fracciones aleatorias de la población para adoptar el uso de cubrebocas, cuyo impacto en la infectividad se refleja usando una tasa de contagio $\beta_{fm} : \beta_{fm} < \beta$ para estos nodos. Se compara el tamaño final de la epidemia en

¹<https://networkx.org/> versión 2.6.

Cuadro 4.1: Distribución de perfiles de riesgo en una población (Cerami *et al.*, 2021).

Actitud ante toma de riesgos	Distribución
Amante al riesgo	51.6 %
Neutral al riesgo	14.6 %
Ligeramente averso al riesgo	24.6 %
Altamente averso al riesgo	9.2 %

poblaciones con distintos porcentajes de adopción de cubrebocas.

4.1.3 AISLAMIENTO

Cerami *et al.* (2021) menciona el nivel de aversión al riesgo a la salud que suele observarse en una población, dividiendo a la población de la forma descrita en el cuadro 4.1. Basado en este perfil, a los nodos de la red se les asignará una actitud ante la toma de riesgos y se aislarán de forma acorde. Específicamente, el aislamiento consistirá en particionar todas las aristas entre *abiertos* y *cerrados*, donde la infección solo puede pasarse de un nodo infeccioso a uno susceptible cuando estén unidos por una arista abierta. Acorde a su perfil de riesgo, un nodo que pase a infeccioso, cerrará un porcentaje de las aristas incidentes en él.

CAPÍTULO 5

RESULTADOS

En los siguientes experimentos se trabaja con una epidemia con una tasa de contagio $\beta = 1.5$ y una tasa de recuperación de $\gamma = 1$

5.1 VACUNACIÓN

Se sabe que las vacunas son una medida de contingencia efectiva contra una epidemia, lo que se quiere mostrar con este experimento es la diferencia entre la cantidad de infectados cuando se eligen distintas estrategias de vacunación.

Se trabaja con dos distintas estrategias, una es la vacunación aleatoria y la otra es tomando en cuenta los nodos que más influyen en la red. En ambos experimentos se varía la cantidad de nodos vacunados desde el inicio de la epidemia, es decir, tienen un estado de *recuperado* desde el inicio.

En la figura 5.2 tenemos los resultados de utilizar la estrategia aleatoria y en la figura 5.1 los resultados de vacunar influyentes. Como se nota en ambas, la cantidad final de infectados disminuye conforme la cantidad de vacunados crece, pero se nota que la disminución es mayor cuando se vacunan a *personas* influyentes.

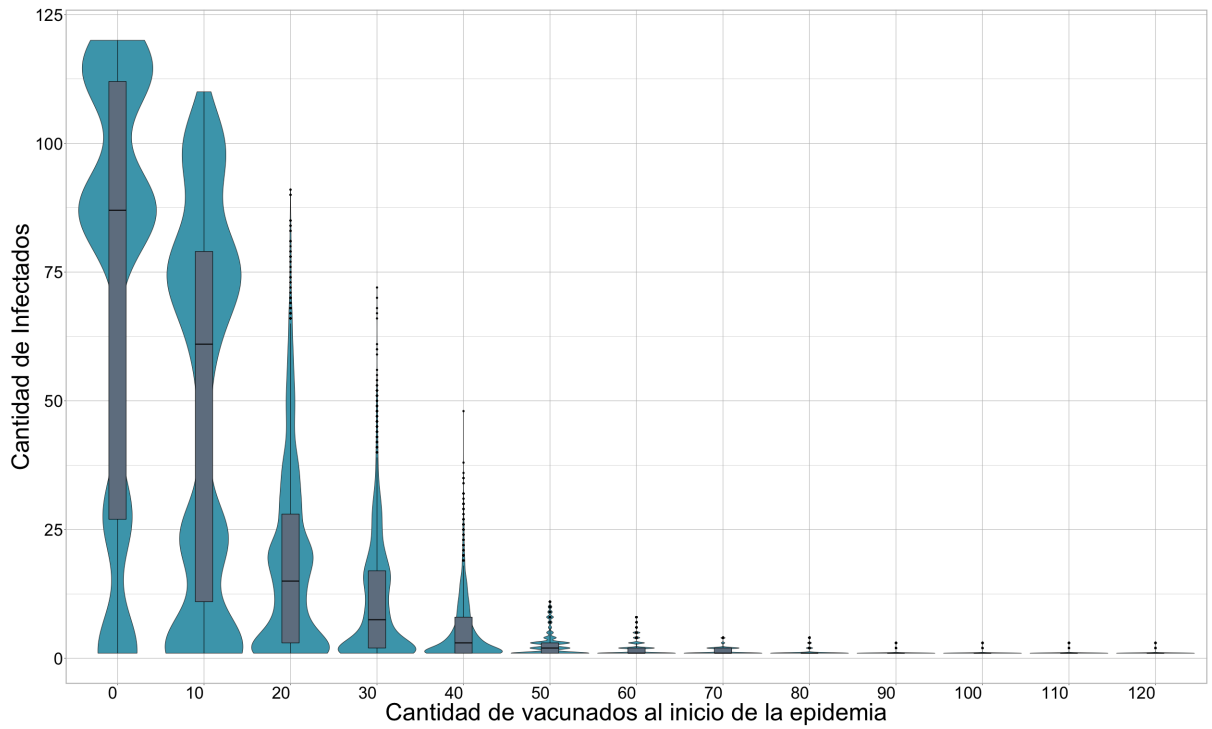


FIGURA 5.1: Vacunando a los nodos influyentes de la red.

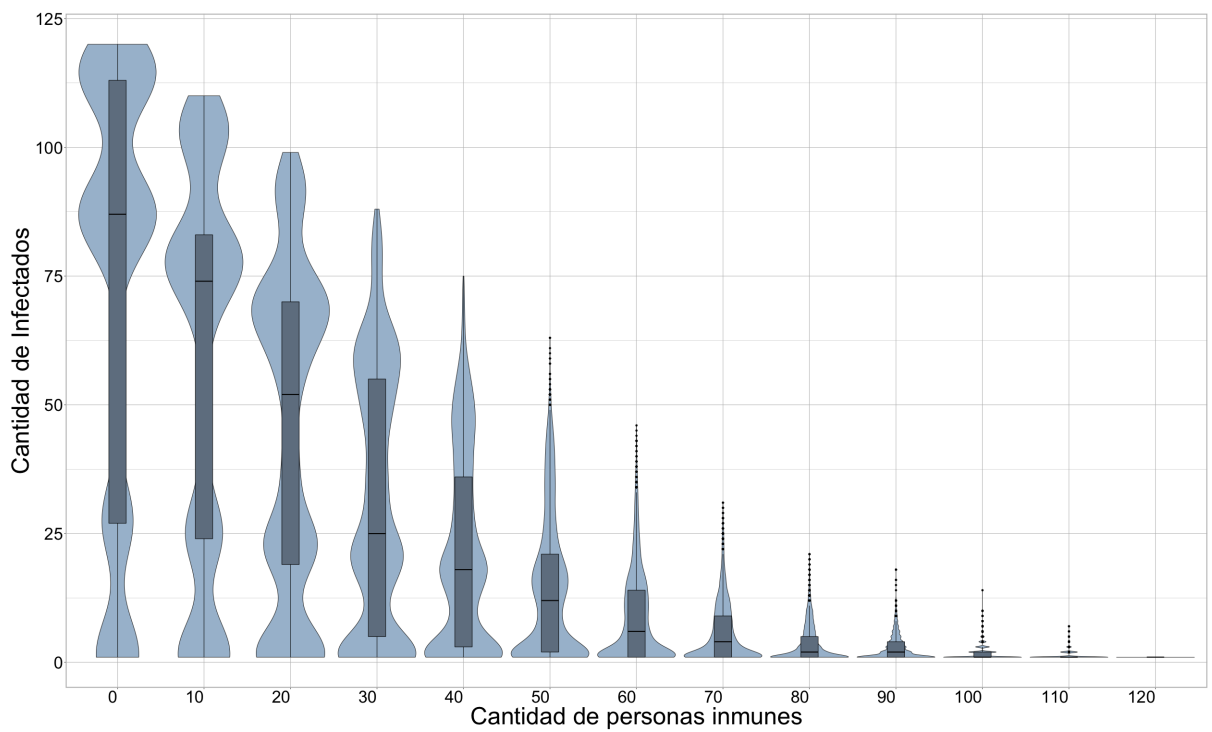


FIGURA 5.2: Vacunando nodos al azar de la red.

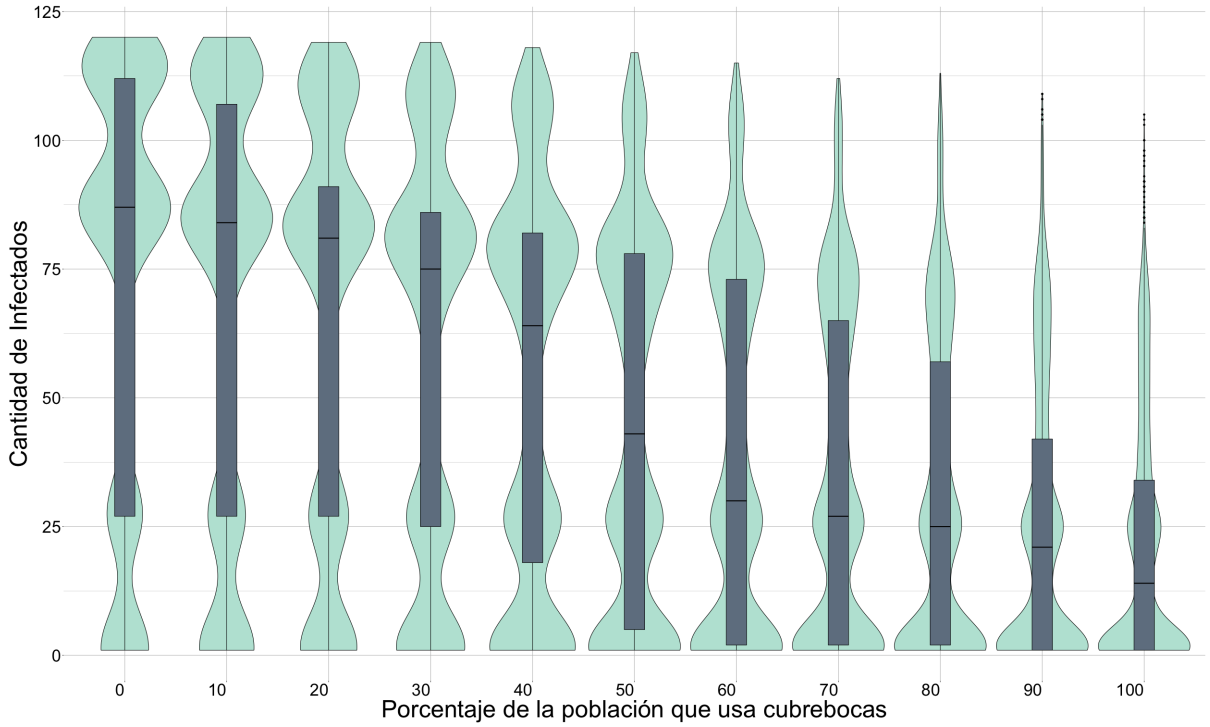


FIGURA 5.3: Cubrebocas.

5.2 CUBREBOCAS

Se realiza un experimento donde se varía la cantidad de personas que utiliza cubrebocas, en la figura 5.3 se muestran los resultados obtenidos y como se disminuye la cantidad total de infectados cuando más gente utiliza esta medida de contingencia. Los nodos que poseen cubrebocas fue elegido de forma pseudo-aleatoria y se les asignó una tasa menor de contagio, en este caso de $\beta_{\text{fm}} = 1$.

5.3 AISLAMIENTO

Se identifica a los nodos en cuatro tipos distintos, referentes a su actitud ante la toma de riesgos, basados en la tabla 4.1. Se realiza un experimento variando el porcentaje de aislamiento que toma el grupo identificado como *amantes al riesgo* para ver como afecta que no sigan las medidas de contingencia, esto se varía desde 0 %

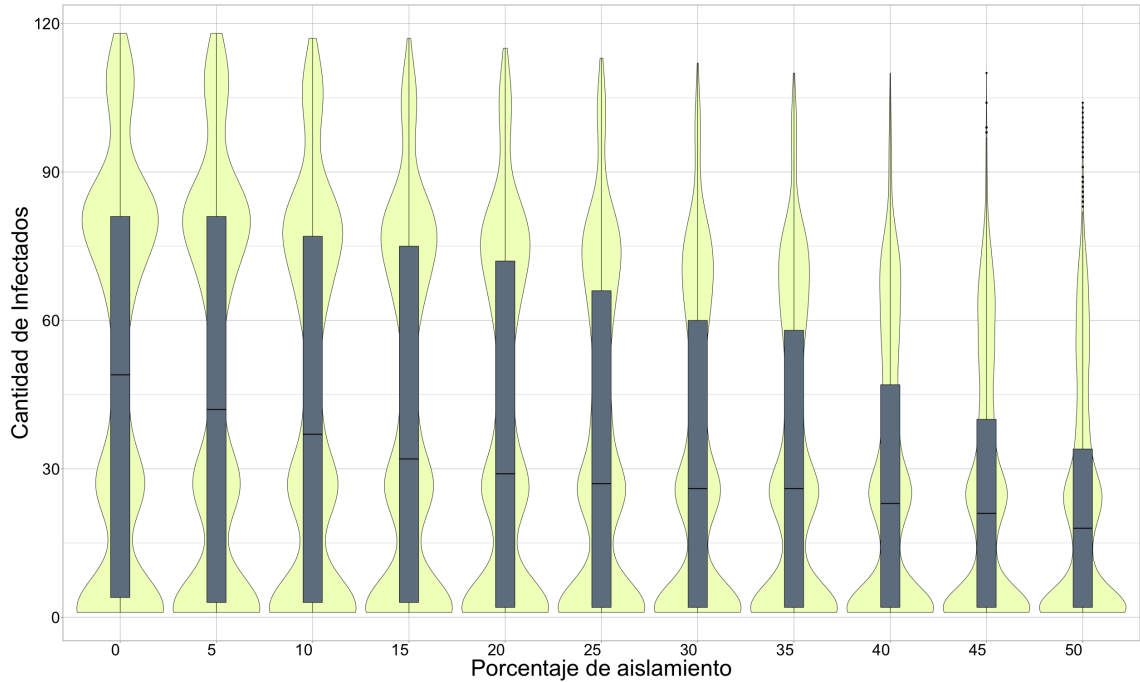


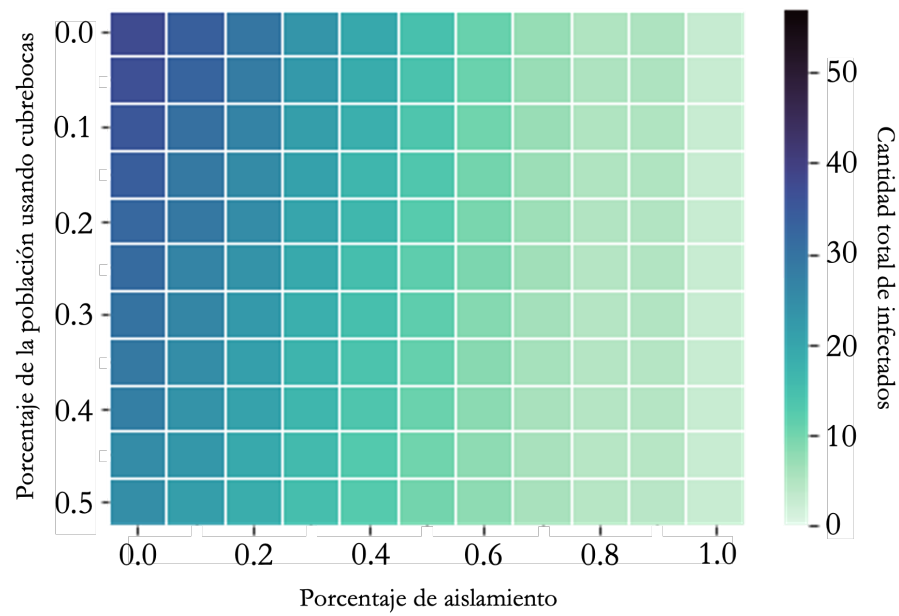
FIGURA 5.4: Aislamiento.

al 50 % en saltos de 5. El grupo neutral al riesgo tiene un porcentaje de aislamiento del 10 %, los ligeramente aversos al riesgo tienen un porcentaje del 50 % y, por último, los altamente averso al riesgo un 90 %.

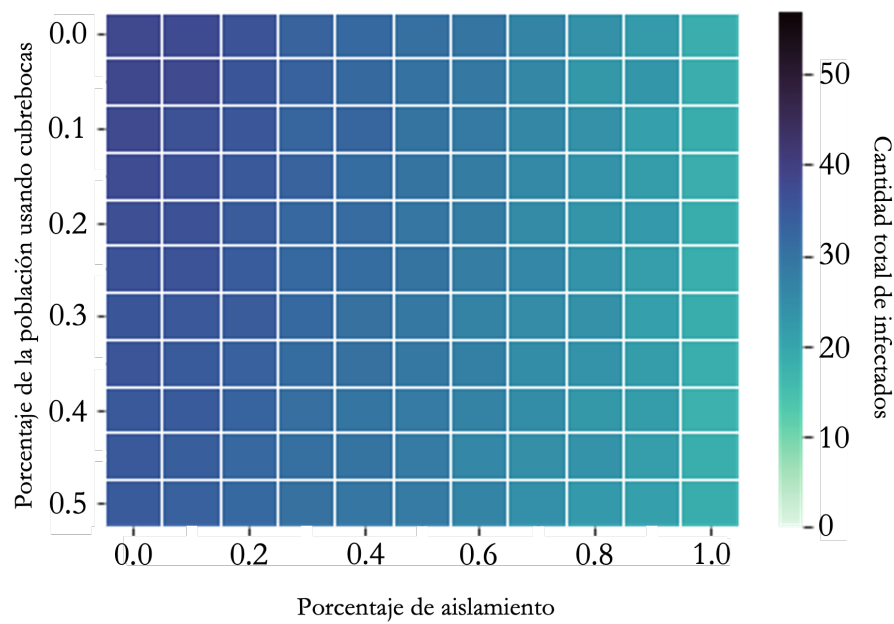
La figura 5.4 muestra como se reduce la cantidad de infectados conforme este grupo aumenta su aislamiento.

5.4 AISLAMIENTO CON CUBREBOCAS

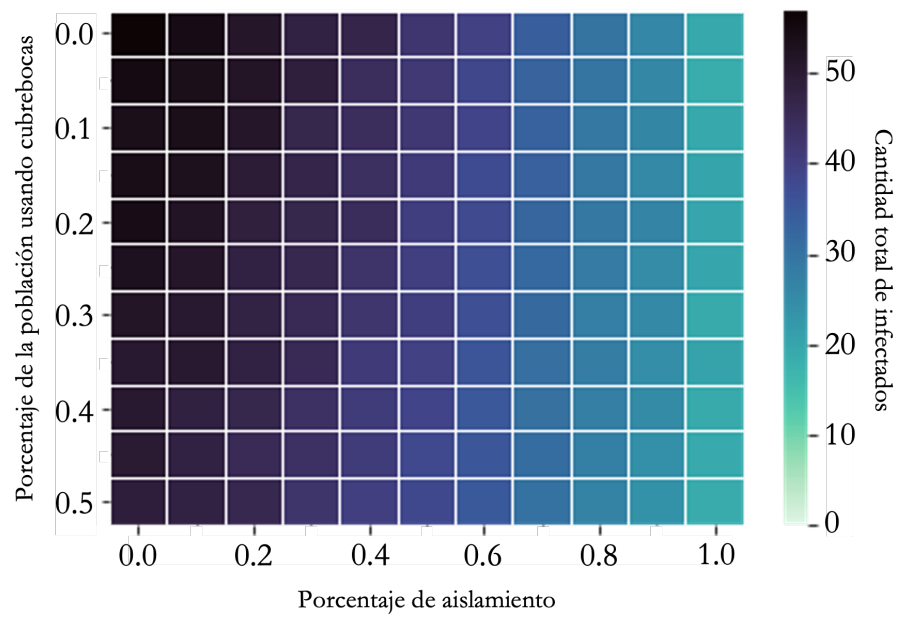
En este caso, se trabaja con las particiones de la población en base al perfil de riesgo para variar dos medidas de contingencia simultáneamente, el aislamiento y el uso de cubrebocas. Para el primero, se varía el porcentaje de aristas que cierra para ya no tener contacto; y para el segundo se toma un porcentaje de la población con el perfil seleccionado que usará cubrebocas durante todo el horizonte de tiempo simulado.



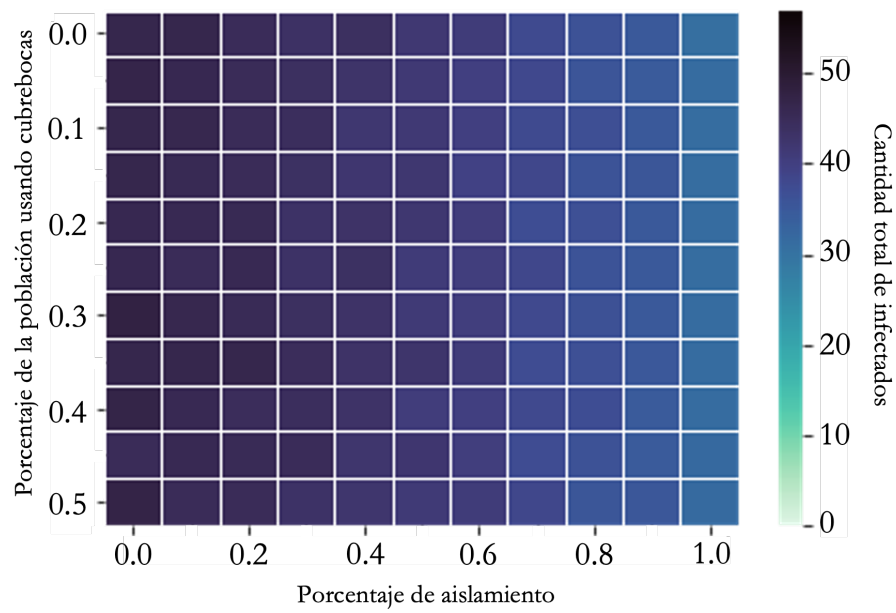
(a) Amantes al riesgo.



(b) Neutral al riesgo.



(c) Ligeramente averso al riesgo.



(d) Altamente averso al riesgo.

FIGURA 5.5: Uso de cubrebocas combinado con aislamiento.

La figura 5.5 muestra un conjunto de cuatro mapas de calor mostrando la cantidad total de infectados que hubo en las simulaciones variando dichas medidas de contingencia. La figura 5.5a muestra los resultados obtenidos trabajando con la población que tiene el perfil de *amantes al riesgo*, en los resultados obtenidos la mayor cantidad de infectados fue de 38 infectados y un mínimo de 3 infectados totales cuando se tiene que el 50% de dicha población usa cubrebocas y se aíslan completamente cuando están infectados. Cuando se trabaja con la población que tiene un perfil de *altamente averso al riesgo* los resultados obtenidos no muestran una variación visible en cuanto a los colores mostrados en la figura 5.5d, la cantidad máxima de infectados en este escenario es de 47 y la mínima es de 32.

Se realizó una prueba de correlación para determinar si las medidas de contingencia en este experimento afectaban a la cantidad final de infectados, el coeficiente de correlación obtenido para el aislamiento es de aproximadamente -0.9813 y para el del uso de cubrebocas es de aproximadamente -0.9974, con lo que se concluye que mientras más aumenten estas medidas de contingencia menor será la cantidad de infectados.

CAPÍTULO 6

CONCLUSIONES

En este trabajo, realizamos simulaciones de procesos infecciosos en modelos de redes multiagentes bajo distintas medidas de contingencia, estudiando sistemáticamente los efectos de las mismas en la cantidad final de infectados.

6.1 CONTRIBUCIONES

Se concretó un programa computacional de código abierto¹ con el cuál se puede simular un proceso infeccioso, ajustando la tasa de contagio y recuperación de éste, así como las medidas de contingencia deseadas y la red subyacente de contactos. Esto potencialmente facilita la toma de decisiones para el control de epidemias.

6.2 TRABAJO A FUTURO

Nuestro trabajo se puede generalizar a modelos compartamentales más realistas que el SIR, permitiendo añadir características específicas de la infección como inmunidad temporal o periodos asintomáticos. La metodología de dotar a los nodos con las propiedades de un agente se puede llevar a generalizaciones de grafos como

¹github.com/fvzqa/

redes multicapa, hipergrafos o complejos simpliciales. Otros modelos de propagación que no abordamos pero que consideramos prometedor abordar bajo nuestra metodología es el de la propagación de rumores o información en una población.

BIBLIOGRAFÍA

- Azizi, A., Montalvo, C., Espinoza, B., Kang, Y., y Castillo-Chavez, C. (2020). Epidemics on networks: Reducing disease transmission using health emergency declarations and peer communication. *Infectious Disease Modelling*, 5:12–22.
- Badham, J., Barbrook-Johnson, P., Caiado, C., y Castellani, B. (2021). Justified Stories with Agent-Based Modelling for Local COVID-19 Planning. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*, 24(1):8.
- Bailey, N. T. J. (1975). *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*. Griffin, London, 2nd edición.
- Ball, F., Sirl, D., y Trapman, P. (2009). Threshold behaviour and final outcome of an epidemic on a random network with household structure. *Advances in Applied Probability*, 41(3):32.
- Bollobás, B. (1998). *Modern graph theory*, volumen 184. Springer Science & Business Media.
- Bonabeau, E. (2002). Agent-based modeling: Methods and techniques for simulating human systems. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99:7280–7287.
- Britton, T. (2010). Stochastic epidemic models: A survey. *Mathematical Biosciences*, 225(1):24–35.
- Britton, T. (2020). Epidemic models on social networks—With inference. *Statistica Neerlandica*, 74(3):222–241.

- Britton, T., Janson, S., y Martin-Löf, A. (2007). Graphs with specified degree distributions, simple epidemics, and local vaccination strategies. *Advances in Applied Probability*, 39(4):922–948.
- Cai, Y., Kang, Y., y Wang, W. (2017). A stochastic SIRS epidemic model with nonlinear incidence rate. *Applied Mathematics and Computation*, 305:221–240.
- Cerami, C., Galandra, C., Santi, G. C., Dodich, A., Cappa, S. F., Vecchi, T., y Crespi, C. (2021). Risk-aversion for negative health outcomes may promote individual compliance to containment measures in covid-19 pandemic. *Frontiers in Psychology*, 12.
- Cisneros-Velarde, P. y Bullo, F. (2020). Multi-group sis epidemics with simplicial and higher-order interactions. *arXiv:2005.11404 [physics]*. arXiv: 2005.11404.
- Danon, L., Ford, A. P., House, T., Jewell, C. P., Keeling, M. J., Roberts, G. O., Ross, J. V., y Vernon, M. C. (2011). Networks and the Epidemiology of Infectious Disease. *Interdisciplinary Perspectives on Infectious Diseases*, 2011:1–28.
- Fransson, C. y Trapman, P. (2019). SIR epidemics and vaccination on random graphs with clustering. *Journal of Mathematical Biology*, 78(7):2369–2398.
- Frias-Martinez, E., Williamson, G., y Frias-Martinez, V. (2011). An Agent-Based Model of Epidemic Spread Using Human Mobility and Social Network Information. En *2011 IEEE Third International Conference on Privacy, Security, Risk and Trust and 2011 IEEE Third International Conference on Social Computing*, p. 57–64. IEEE.
- Gordon, T. J. (2003). A simple agent model of an epidemic. *Technological Forecasting and Social Change*, 70(5):397–417.
- Grauer, J., Löwen, H., y Liebchen, B. (2020). Strategic spatiotemporal vaccine distribution increases the survival rate in an infectious disease like covid-19. *Scientific Reports*, 10(1):21594.

- Hassin, R. (2021). A Simple Markovian Spreading Process with Mobile Agents. *Stochastic Systems*, 11(1):19–33.
- Hillier, F. S. y Lieberman, G. J. (2002). *Investigación de operaciones*. McGraw-Hill/Interamericana Editores, SA.
- Hörl, S. (2017). Agent-based simulation of autonomous taxi services with dynamic demand responses. *Procedia Computer Science*, 109:899–904.
- Höertel, N., Blachier, M., Blanco, C., Olfson, M., Massetti, M., Rico, M. S., Limosin, F., y Leleu, H. (2020). A stochastic agent-based model of the SARS-CoV-2 epidemic in France. *Nature Medicine*, 26(9):1417–1421.
- Iacopini, I., Petri, G., Barrat, A., y Latora, V. (2019). Simplicial models of social contagion. *Nature Communications*, 10(1):2485.
- Lashari, A. A., Serafimović, A., y Trapman, P. (2020). The duration of an $\$SIR\$$ epidemic on a configuration model. *arXiv:1805.05117 [math]*. arXiv: 1805.05117.
- Li, C.-H., Tsai, C.-C., y Yang, S.-Y. (2014). Analysis of epidemic spreading of an SIRS model in complex heterogeneous networks. *Communications in Nonlinear Science and Numerical Simulation*, 19(4):1042–1054.
- Lipsitch, M., Finelli, L., Heffernan, R. T., Leung, G. M., y Redd, S. C. (2011). Improving the evidence base for decision making during a pandemic: The example of 2009 influenza a/h1n1. *Biosecurity and Bioterrorism*, 9(2):28.
- López-García, M. (2016). Stochastic descriptors in an SIR epidemic model for heterogeneous individuals in small networks. *Mathematical Biosciences*, 271:42–61.
- Maringe, C., Spicer, J., Morris, M., Purushotham, A., Nolte, E., Sullivan, R., Rachet, B., y Aggarwal, A. (2020). The impact of the covid-19 pandemic on cancer deaths due to delays in diagnosis in england, uk: a national, population-based, modelling study. *The Lancet Oncology*, 21(8):1023—1034.

- Mei, S., Quax, R., van de Vijver, D., Zhu, Y., y Sloot, P. M. A. (2011). Increasing risk behaviour can outweigh the benefits of antiretroviral drug treatment on the hiv incidence among men-having-sex-with-men in amsterdam. *BMC Infectious Diseases*, 11(1):118.
- Mei, S., Sloot, P., Quax, R., Zhu, Y., y Wang, W. (2010a). Complex agent networks explaining the HIV epidemic among homosexual men in Amsterdam. *Mathematics and Computers in Simulation*, 80(5):1018–1030.
- Mei, S., van de Vijver, D., Xuan, L., Zhu, Y., y Sloot, P. (2010b). Quantitatively evaluating interventions in the influenza a (h1n1) epidemic on china campus grounded on individual-based simulations. *Procedia Computer Science*, 1(1):1675–1682.
- Mei, S., Zarrabi, N., Lees, M., y Sloot, P. M. (2015). Complex agent networks: An emerging approach for modeling complex systems. *Applied Soft Computing*, 37:311–321.
- Mei, W., Mohagheghi, S., Zampieri, S., y Bullo, F. (2017). On the dynamics of deterministic epidemic propagation over networks. *Annual Reviews in Control*, 44:116–128.
- Nadini, M., Zino, L., Rizzo, A., y Porfiri, M. (2020). A multi-agent model to study epidemic spreading and vaccination strategies in an urban-like environment. *Applied Network Science*, 5(1):68.
- Newman, M. (2018). *Networks*, volumen 1. Oxford University Press.
- Nowzari, C., Preciado, V. M., y Pappas, G. J. (2016). Analysis and Control of Epidemics: A Survey of Spreading Processes on Complex Networks. *IEEE Control Systems Magazine*, 36(1):26–46.
- Ottaviano, S. y Bonaccorsi, S. (2019). Some aspects of the Markovian SIRS epidemics on networks and its mean-field approximation. *arXiv:1912.11287 [math, q-bio]*. arXiv: 1912.11287.

- Paarporn, K., Eksin, C., Weitz, J. S., y Shamma, J. S. (2015). Epidemic spread over networks with agent awareness and social distancing. En *2015 53rd Annual Allerton Conference on Communication, Control, and Computing (Allerton)*, p. 51–57. IEEE.
- Pasquini-Descomps, H., Brender, N., y Maradan, D. (2017). Value for money in h1n1 influenza: A systematic review of the cost-effectiveness of pandemic interventions. *Value in Health*, 20(6):819—827.
- Pastor-Satorras, R., Castellano, C., Van Mieghem, P., y Vespignani, A. (2015). Epidemic processes in complex networks. *Reviews of Modern Physics*, 87(3):925–979.
- Pellis, L., Ball, F., Bansal, S., Eames, K., House, T., Isham, V., y Trapman, P. (2015). Eight challenges for network epidemic models. *Epidemics*, 10:58–62.
- Peng, C., Jin, X., y Shi, M. (2010). Epidemic threshold and immunization on generalized networks. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 389(3):549–560.
- Perez, L. y Dragicevic, S. (2009). An agent-based approach for modeling dynamics of contagious disease spread. *International Journal of Health Geographics*, 8(1):50.
- Rincón, L. (2007). Procesos estocásticos. *Departamento de Matemáticas, Facultad de Ciencias de la UNAM*.
- Ross, S. M. (2014). *Introduction to probability models*. Academic press.
- Ruhi, N. A. y Hassibi, B. (2015). SIRS epidemics on complex networks: Concurrence of exact Markov chain and approximated models. En *2015 54th IEEE Conference on Decision and Control (CDC)*, pp. 2919–2926, Osaka. IEEE.
- Samitas, A., Polyzos, S., y Siriopoulos, C. (2018). Brexit and financial stability: An agent-based simulation. *Economic Modelling*, 69:181–192.
- Silva, P. C., Batista, P. V., Lima, H. S., Alves, M. A., Guimarães, F. G., y Silva, R. C. (2020). COVID-ABS: An agent-based model of COVID-19 epidemic to simulate

- health and economic effects of social distancing interventions. *Chaos, Solitons & Fractals*, 139:110088.
- Spricer, K. y Britton, T. (2019). An SIR epidemic on a weighted network. *Network Science*, 7(4):556–580.
- Teweldemedhin, E., Marwala, T., y Mueller, C. (2004). Agent-based Modelling: A Case Study in HIV Epidemic. En *Fourth International Conference on Hybrid Intelligent Systems (HIS'04)*, pp. 154–159.
- Trapman, P. y Bootsma, M. C. J. (2009). A useful relationship between epidemiology and queueing theory: The distribution of the number of infectives at the moment of the first detection. *Mathematical Biosciences*, 219(1):15–22.
- Van Mieghem, P., Omic, J., y Kooij, R. (2009). Virus Spread in Networks. *IEEE/ACM Transactions on Networking*, 17(1):1–14.
- Zheng, L. y Tang, L. (2019). A Node-Based SIRS Epidemic Model with Infective Media on Complex Networks. *Complexity*, 2019:1–14.
- Zhong, X., Guo, S., y Peng, M. (2017). Stability of stochastic SIRS epidemic models with saturated incidence rates and delay. *Stochastic Analysis and Applications*, 35(1):1–26.

RESUMEN AUTOBIOGRÁFICO

Ericka Fabiola Vázquez Alcalá

Candidato para obtener el grado de
Maestría en Ciencias de la Ingeniería
con orientación en Sistemas

Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ingeniería Mecánica y Eléctrica

Tesis:

SIMULACIÓN DE EPIDEMIAS
BAJO MEDIDAS DE CONTINGENCIA

Nací el 29 de octubre de 1994 en la ciudad de Monterrey, Nuevo León; mis padres son Fidel Vázquez Ayala(†) y María Sanjuana Alcalá Espinosa. En 2016 egresé como Licenciada en Matemáticas en la Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas de la Universidad Autónoma de Nuevo León.