

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. Sistemas multi-agente	6
2.3. Modelos epidemiológicos	7
2.3.1. El modelo SI	7
2.3.2. El modelo SIS	7
2.3.3. El modelo SIR	8
2.3.4. El modelo SIRS	8
2.3.5. El modelo SEIR	8

2.4. Procesos de Poisson	8
2.5. Redes Multiagentes	9
3. Revisión bibliográfica	11
4. Metodología	13
4.1. Medidas de contingencia	14
4.1.1. Vacunación	14
4.1.2. Cubrebocas	14
4.1.3. Aislamiento	15
5. Resultados	16
5.1. Vacunación	16
5.2. Cubrebocas	18
5.3. Aislamiento	18
6. Conclusiones	20
6.1. Contribuciones	20
6.2. Trabajo a futuro	20

ÍNDICE DE FIGURAS

2.1. Ejemplos de grafos.	5
2.2. Conexidad.	6
2.3. Modelos compartimentales.	9
5.1. Vacunando a los nodos influyentes de la red.	17
5.2. Vacunando nodos al azar de la red.	17
5.3. Cubrebocas.	18
5.4. Aislamiento.	19

ÍNDICE DE CUADROS

3.1. Comparativa entre trabajos revisados.	12
4.1. Distribución de perfiles de riesgo en una población [Cerami et al., 2021].	15

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.

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: 24.

OBJETIVOS Y MÉTODO DE ESTUDIO: Aquí debes poner tus objetivos y métodos de estudio. (Este es el formato).

CONTRIBUCIONES Y CONCLUSIONES: Y aquí tus contribuciones y conclusiones. (También es parte del formato).

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 efectos 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., 2010] 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 cual permita medir la propagación de una enfermedad infecciosa bajo distintas medidas de contingencia. Específicamente, del uso de cubrebocas, 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

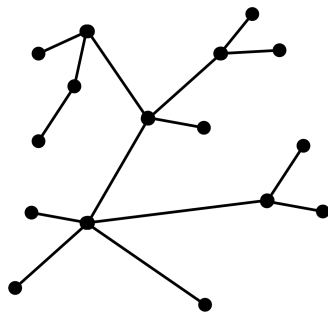
En el capítulo 2 se describen los conceptos de teoría de grafos, sistemas multi-agente, modelos epidemiológicos y de procesos markovianos necesarios para la comprensión de este trabajo. En el capítulo 3 se realiza una revisión de la literatura relacionada al tema, también se muestra una comparativa con 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

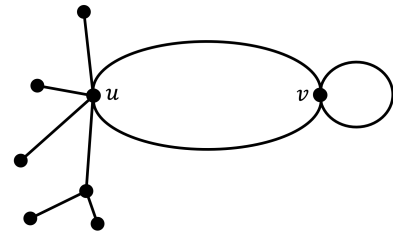
MARCO TEÓRICO

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 $E = \{\{u, v\} : u, v \in E, u \neq v\}$ 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.

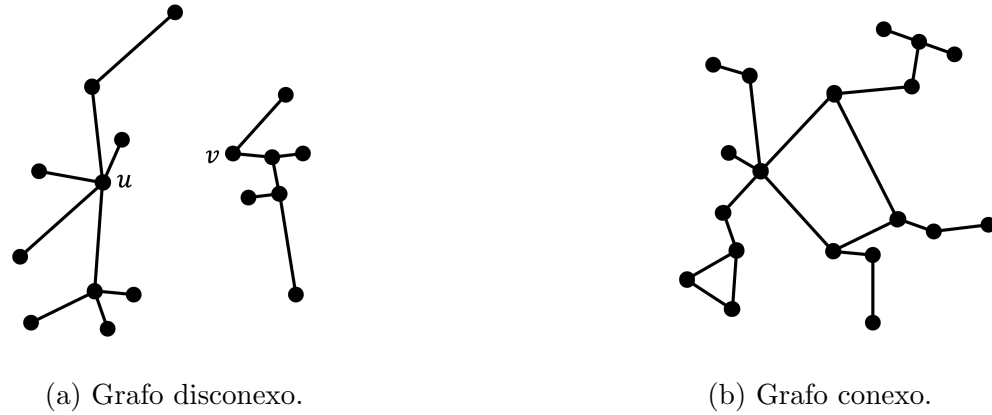


FIGURA 2.2: Conexidad.

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 and Bollobas [1998].

2.2 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. Una red o grafo multi-agente es una red donde consideramos a cada nodo como un agente dentro de

un sistema basado en agentes.

2.3 MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS

Se trabajará 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 mencionamos 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.

2.3.1 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 2.3a 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.

2.3.2 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 2.3b se muestra los cambios de estados que este modelo permite.

2.3.3 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 2.3c se muestra como un individuo puede cambiar de estados en este modelo.

2.3.4 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 2.3d se muestra los cambios de estados de este modelo.

2.3.5 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 2.3e 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

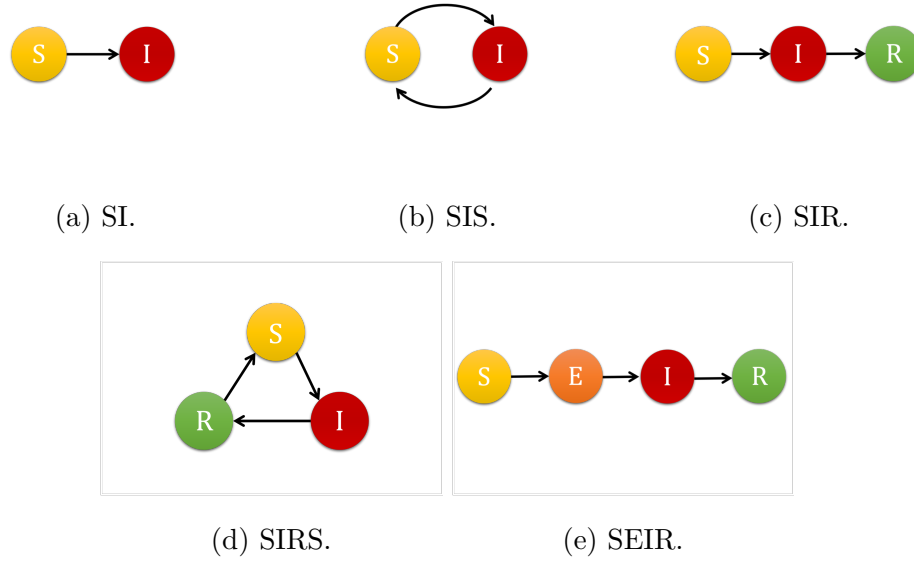


FIGURA 2.3: Modelos compartimentales.

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

$$X_t = \text{máx}\{n \geq 1 : T_1 + \dots + T_n \leq t\}, \quad (2.1)$$

donde $\text{máx} \emptyset := 0$.

2.5 REDES MULTIAGENTES

Como se vio en secciones anteriores, los modelos basados en agentes tratan de entender el comportamiento a nivel individual, mientras las redes ayudan a comprender las propiedades del entorno donde se desarrolla la epidemia. Es por eso que se trata de combinar dichas propiedades de ambos modelos.

Se define una red multiagente [Mei et al., 2015] como una red tradicional, donde los vértices son remplazados por agentes. Las aristas en la red representan los contactos entre los agentes y estas pueden variar con el tiempo.

CAPÍTULO 3

REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

Los modelos matemáticos para el estudio de epidemias han sido estudiados por décadas [Bailey, 1975, Britton, 2010]. Varios buscan predecir el tamaño final de una epidemia con alguna probabilidad, así como otros buscando controlar el contagio [Nowzari et al., 2016], mientras otros han estudiado el impacto de las medidas de contención de la propagación del virus [Fransson and Trapman, 2019]. En el caso específico de las simulaciones multi-agente, además de ser usadas para el estudio de epidemias [Hassin, 2021, Höertel et al., 2020, Perez and 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].

Cuadro 3.1: Comparativa entre trabajos revisados.

Trabajo	Modelo	Grafos	Multi-agente	CAN	Contención
Mei et al. [2010]	SIR	×	×	✓	×
Nadini et al. [2020]	SIR / SIS	×	✓	×	✓
Zheng and Tang [2019]	SIRS	✓	×	×	×
Ball et al. [2013]	SIR	✓	×	×	×
Manzo [2020]	SIR	✓	×	×	✓
Draief [2006]	SIS	✓	×	×	×
Höertel et al. [2020]	SIR	×	✓	×	✓
Spricer and Britton [2019]	SIR	✓	×	×	×

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/> **Añadir la versión**

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.

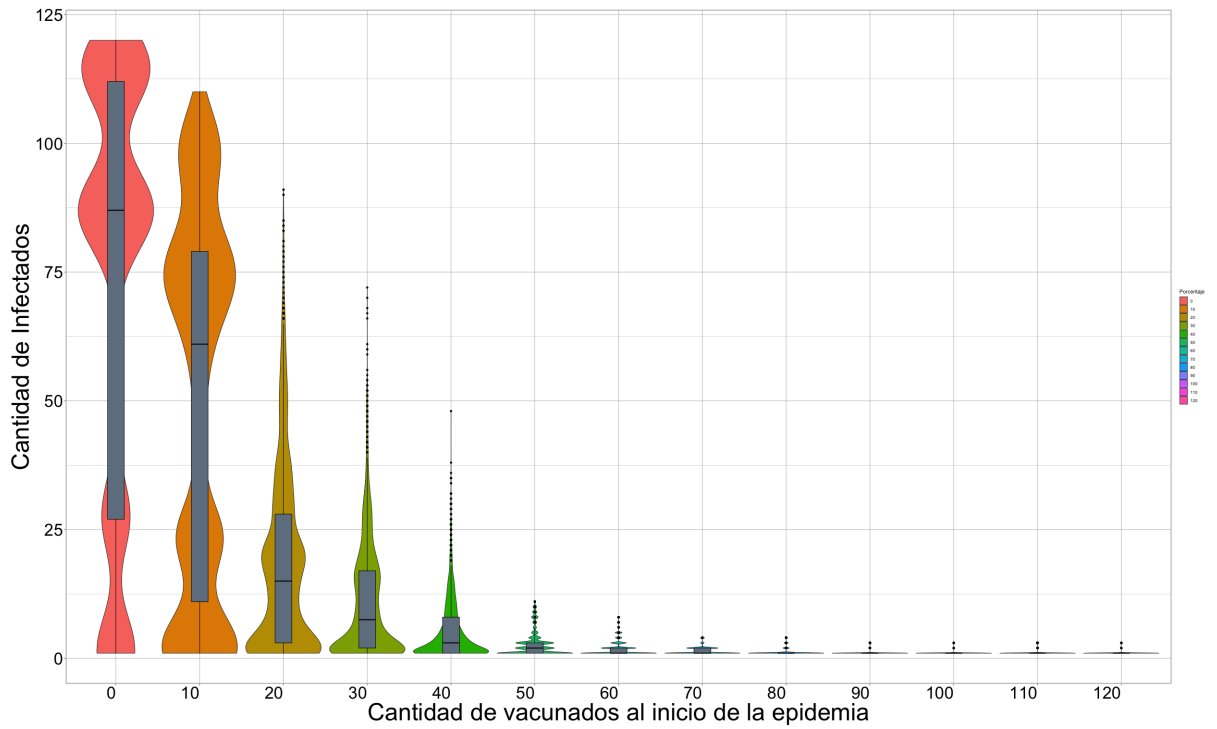


FIGURA 5.1: Vacunando a los nodos influyentes de la red.

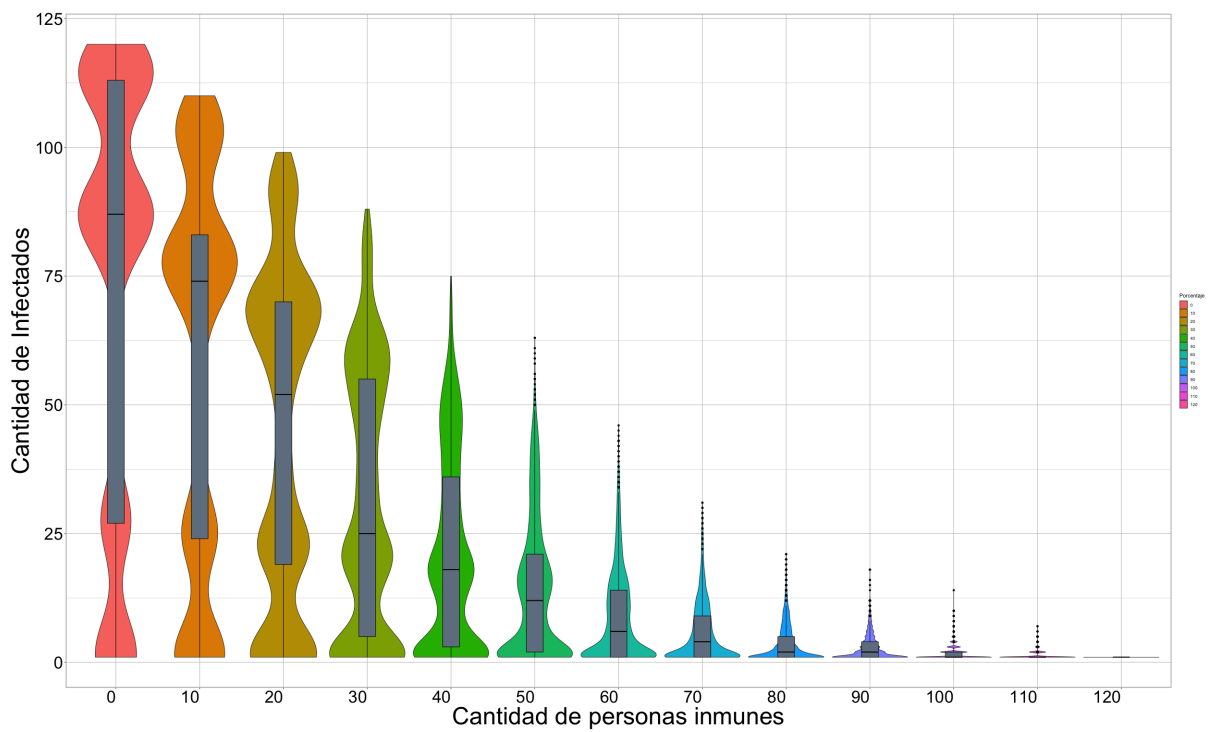


FIGURA 5.2: Vacunando nodos al azar de la red.

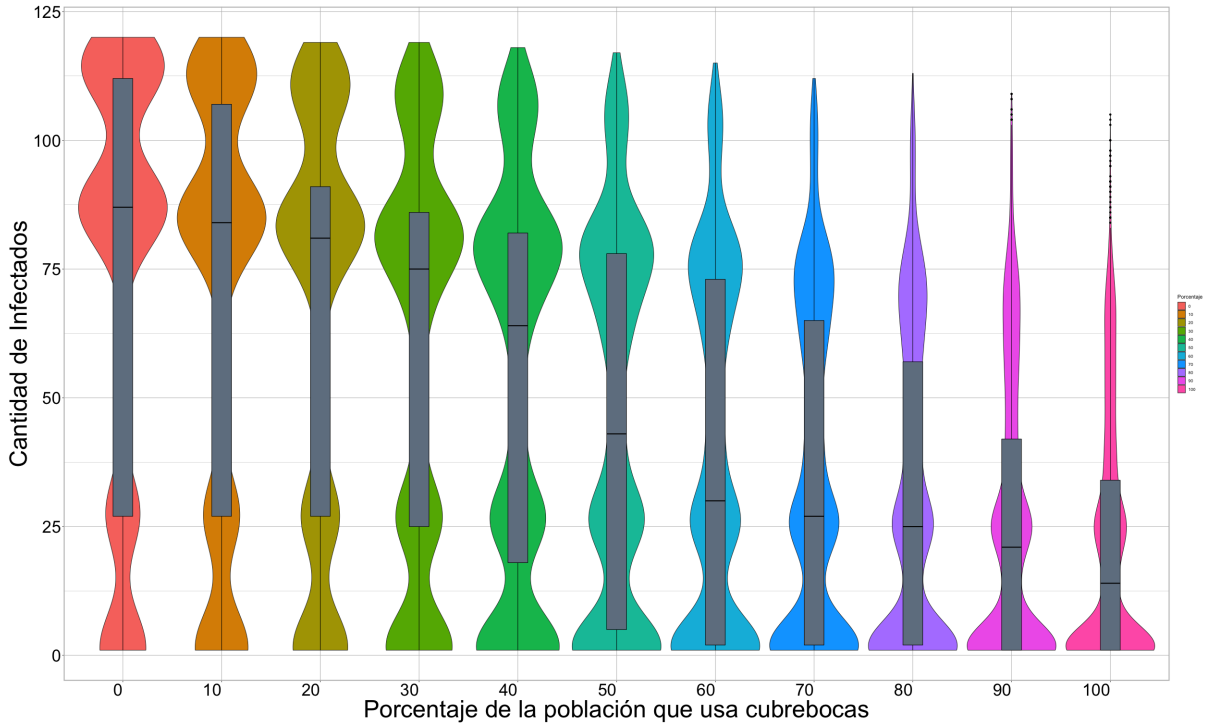


FIGURA 5.3: Cubrebocas.

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 $\beta_{fm} = 1$ (**buscar en la literatura una mejor manera de elegir este valor**).

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*

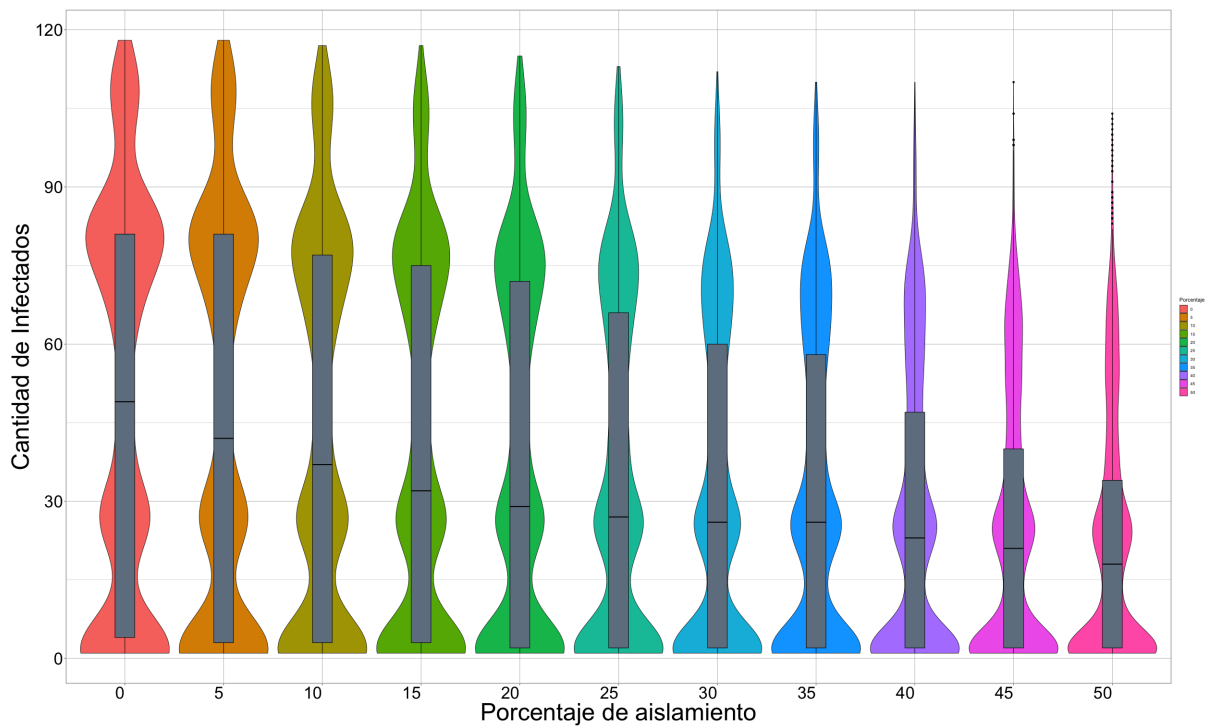


FIGURA 5.4: Aislamiento.

para ver como afecta que no sigan las medidas de contingencia, esto se varía desde 0 % 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.

CAPÍTULO 6

CONCLUSIONES

6.1 CONTRIBUCIONES

6.2 TRABAJO A FUTURO

BIBLIOGRAFÍA

- J. Badham, P. Barbrook-Johnson, C. Caiado, and B. Castellani. Justified Stories with Agent-Based Modelling for Local COVID-19 Planning. *Journal of Artificial Societies and Social Simulation*, 24(1):8, 2021. ISSN 1460-7425. doi: 10.18564/jasss.4532.
- N. T. J. Bailey. *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*. Griffin, London, 2nd edition, 1975. ISBN 978-0-85264-231-3.
- F. Ball, T. Britton, and D. Sirl. A network with tunable clustering, degree correlation and degree distribution, and an epidemic thereon. *Journal of Mathematical Biology*, 66(4–5):979–1019, Mar 2013. ISSN 0303-6812, 1432-1416. doi: 10.1007/s00285-012-0609-7.
- B. Bollobás and B. Bollobas. *Modern graph theory*, volume 184. Springer Science & Business Media, 1998.
- T. Britton. Stochastic epidemic models: A survey. *Mathematical Biosciences*, 225(1): 24–35, May 2010. ISSN 00255564. doi: 10.1016/j.mbs.2010.01.006. URL <https://linkinghub.elsevier.com/retrieve/pii/S0025556410000143>.
- C. Cerami, C. Galandra, G. C. Santi, A. Dodich, S. F. Cappa, T. Vecchi, and C. Crespi. Risk-aversion for negative health outcomes may promote individual compliance to containment measures in covid-19 pandemic. *Frontiers in Psychology*, 12, 2021.
- M. Draief. Epidemic processes on complex networks. *Physica A: Statistical Me-*

- chanics and its Applications*, 363(1):120–131, Apr 2006. ISSN 03784371. doi: 10.1016/j.physa.2006.01.054.
- C. Fransson and P. Trapman. SIR epidemics and vaccination on random graphs with clustering. *Journal of Mathematical Biology*, 78(7):2369–2398, June 2019. ISSN 0303-6812, 1432-1416. doi: 10.1007/s00285-019-01347-2. URL <http://link.springer.com/10.1007/s00285-019-01347-2>.
- R. Hassin. A Simple Markovian Spreading Process with Mobile Agents. *Stochastic Systems*, 11(1):19–33, Mar 2021. ISSN 1946-5238, 1946-5238. doi: 10.1287/stsy.2019.0061.
- S. Hörl. Agent-based simulation of autonomous taxi services with dynamic demand responses. *Procedia Computer Science*, 109:899–904, 2017. doi: 10.1016/j.procs.2017.05.418.
- N. Höertel, M. Blachier, C. Blanco, M. Olfson, M. Massetti, M. S. Rico, F. Limosin, and H. Leleu. A stochastic agent-based model of the SARS-CoV-2 epidemic in France. *Nature Medicine*, 26(9):1417–1421, Sep 2020. ISSN 1078-8956, 1546-170X. doi: 10.1038/s41591-020-1001-6.
- M. Lipsitch, L. Finelli, R. T. Heffernan, G. M. Leung, and S. C. Redd. Improving the evidence base for decision making during a pandemic: The example of 2009 influenza a/h1n1. *Biosecurity and Bioterrorism*, 9(2):28, 2011. doi: 10.1089/bsp.2011.0007.
- G. Manzo. Complex Social Networks are Missing in the Dominant COVID-19 Epidemic Models. *Sociologica*, Vol 14:31–49 Pages, May 2020. ISSN 1971-8853/10839. doi: 10.6092/ISSN.1971-8853/10839.
- C. Maringe, J. Spicer, M. Morris, A. Purushotham, E. Nolte, R. Sullivan, B. Rachet, and A. Aggarwal. 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, Aug 2020. ISSN 14702045. doi: 10.1016/S1470-2045(20)30388-0.
- S. Mei, P. Sloot, R. Quax, Y. Zhu, and W. Wang. Complex agent networks explaining the HIV epidemic among homosexual men in Amsterdam. *Mathematics and Computers in Simulation*, 80(5):1018–1030, Jan 2010. ISSN 03784754. doi: 10.1016/j.matcom.2009.12.008.
- S. Mei, N. Zarrabi, M. Lees, and P. M. Sloot. Complex agent networks: An emerging approach for modeling complex systems. *Applied Soft Computing*, 37:311–321, Dec 2015. ISSN 15684946. doi: 10.1016/j.asoc.2015.08.010.
- M. Nadini, L. Zino, A. Rizzo, and M. Porfiri. A multi-agent model to study epidemic spreading and vaccination strategies in an urban-like environment. *Applied Network Science*, 5(1):68, Dec 2020. ISSN 2364-8228. doi: 10.1007/s41109-020-00299-7.
- M. Newman. *Networks*, volume 1. Oxford University Press, Oct 2018. ISBN 978-0-19-880509-0. doi: 10.1093/oso/9780198805090.001.0001. URL <https://oxford.universitypressscholarship.com/view/10.1093/oso/9780198805090.001.0001/oso-9780198805090>.
- C. Nowzari, V. M. Preciado, and G. J. Pappas. Analysis and Control of Epidemics: A Survey of Spreading Processes on Complex Networks. *IEEE Control Systems Magazine*, 36(1):26–46, 2016. ISSN 1066-033X, 1941-000X. doi: 10.1109/MCS.2015.2495000.
- H. Pasquini-Descomps, N. Brender, and D. Maradan. Value for money in h1n1 influenza: A systematic review of the cost-effectiveness of pandemic interventions. *Value in Health*, 20(6):819—827, Jun 2017. ISSN 10983015. doi: 10.1016/j.jval.2016.05.005.
- R. Pastor-Satorras, C. Castellano, P. Van Mieghem, and A. Vespignani. Epidemic processes in complex networks. *Reviews of Modern Physics*, 87(3):925–979, Aug.

2015. ISSN 0034-6861, 1539-0756. doi: 10.1103/RevModPhys.87.925. URL <https://link.aps.org/doi/10.1103/RevModPhys.87.925>.
- L. Perez and S. Dragicevic. An agent-based approach for modeling dynamics of contagious disease spread. *International Journal of Health Geographics*, 8(1):50, 2009. ISSN 1476-072X. doi: 10.1186/1476-072X-8-50.
- L. Rincón. Procesos estocásticos. *Departamento de Matemáticas, Facultad de Ciencias de la UNAM*, 2007.
- S. M. Ross. *Introduction to probability models*. Academic press, 2014.
- A. Samitas, S. Polyzos, and C. Siriopoulos. Brexit and financial stability: An agent-based simulation. *Economic Modelling*, 69:181–192, 2018. doi: 10.1016/j.econmod.2017.09.019.
- K. Spricer and T. Britton. An SIR epidemic on a weighted network. *Network Science*, 7(4):556–580, Dec 2019. ISSN 2050-1242, 2050-1250. doi: 10.1017/nws.2019.54.
- L. Zheng and L. Tang. A Node-Based SIRS Epidemic Model with Infective Media on Complex Networks. *Complexity*, 2019:1–14, Feb. 2019. ISSN 1076-2787, 1099-0526. doi: 10.1155/2019/2849196. URL <https://www.hindawi.com/journals/complexity/2019/2849196/>.

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.