



Simulación de la Propagación de una Epidemia Utilizando un Autómata Celular de Difusión Bidimensional

W. F. Oquendo y J. D. Muñoz

Grupo de Simulación de Sistemas Físicos, Departamento de Física, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional de Colombia.

Recibido 22 de Oct. 2007; Aceptado 16 de Jun. 2008; Publicado en línea 25 de Jul. 2008

Resumen

Se presenta un modelo de autómata celular bidimensional de difusión que permite estudiar la propagación de una epidemia. En este modelo definimos un conjunto de reglas que permiten observar la dependencia de la difusión de la epidemia, medida como el aumento del número de infectados, en términos de los parámetros de infección y de cura del modelo SIR. La ventaja principal de un modelo de autómatas celulares respecto a modelos de ecuaciones diferenciales para estudiar la propagación de epidemias es que los autómatas celulares permiten incluir interacciones de carácter local y geográfico, factores que son muy difíciles de simular en un modelo de ecuaciones diferenciales. Se muestran comparaciones cualitativas entre el modelo SIR y el modelo de autómata celular propuesto.

Palabras Clave: Física Computacional, Autómatas Celulares, Modelo SIR, Epidemiología

Abstract

A bidimensional cellular automata model for epidemic spreading is presented. In this model a set of rules is defined that allows to study the dependence of the epidemic diffusion, computed as the increasing of infected elements, as a function of the infection and cure parameters of the SIR model. The principal advantage of a cellular automata model, in contrast with differential equations in the study of epidemic diseases, is that cellular automata allows to include easily geographic and spatial interactions, something complex with differential equations. Qualitative comparisons between the SIR model and our proposed model are showed.

Keywords: Computational Physics, Cellular Automata, SIR Model, Epidemiology

©2008. Revista Colombiana de Física. Todos los derechos reservados.

1. Introducción

Los autómatas celulares fueron formulados por Von Neumann en los años 50 para tratar de crear un sistema que semejara los organismos vivos. Desde entonces, la misma idea de autómata celular ha sido explotada en diversos escenarios para estudiar sistemas cada vez más complejos, y sus aplicaciones han sido muy exitosas. Un autómata celular consiste básicamente de una malla o discretización del espacio, un estado para cada componente de esta malla, una vecindad de la malla y un

conjunto de reglas llamada “reglas de evolución” que permiten obtener el estado del autómata en el siguiente paso de tiempo a partir del estado actual del mismo. Su formulación es intrínsecamente paralelizable, y muchas aplicaciones podrán ser explotadas en el nuevo modelo computacional que surge actualmente: la computación cuántica.

En este trabajo usaremos un autómata celular para simular la propagación de una epidemia en dos dimensiones. El estudio de la propagación de epidemias tiene una gran importancia en la salud pública, especialmente

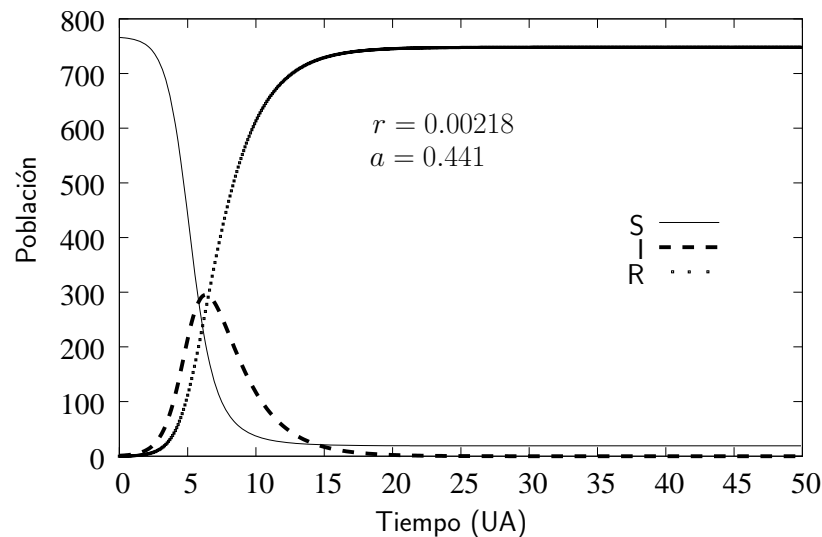


Figura 1. Resultado típico del modelo SIR. Resultado obtenido por Runge-Kutta de cuarto orden. Se muestran las probabilidades de infección y de cura. Las unidades de tiempo son arbitrarias.

en países tropicales y endémicos como Colombia. Anteriormente se han usado autómatas celulares para simular procesos epidémicos, como la propagación de la fiebre Aftosa en Argentina, o la propagación de la peste negra en Europa, pero no se ha hecho una conexión directa y simple entre la propagación de la epidemia y un proceso difusivo. Nos basaremos en un conjunto de reglas que simulan la difusión bidimensional [1]. Adicionalmente a los estados ocupado/desocupado del autómata celular de difusión definiremos tres más: el estado (S)usceptible, el estado (I)nfectado y el estado (R)emovido, en analogía al extendido modelo de epidemias SIR [2]. También definiremos un conjunto de reglas para la interacción entre los estados SIR y su evolución. Este conjunto de reglas nos permitirá observar cómo cambian las densidades de infectados, removidos y susceptibles en nuestro modelo. Mostraremos algunos resultados de nuestro modelo que son similares a los del modelo SIR en forma cualitativa. En la realidad, el presente modelo corresponde a una región en donde mucha gente se encuentra en contacto y la infección se transmite por contacto directo o por cercanía. Se ignoran efectos como tiempo de incubación, que se supone muy pequeño, nacimiento de personas y disminución de la población, o modelos diferentes como el SIS. Sin embargo, la inclusión de estos efectos representa una sencilla adición de nuevas reglas para el autómata, lo que demuestra el poder de este método de simulación.

2. Modelo y reglas del autómata

El autómata consiste de una discretización bidimensional del espacio en celdas cuadradas. La vecindad de cada celda será una de tipo cuadrada [1]. En cada celda se tienen cuatro direcciones, una hacia arriba, una hacia abajo, una hacia la derecha y una hacia la izquierda. En cada una de estas direcciones por celda se tienen los estados vacío/lleño, y cuando se está lleno, puede estar Susceptible, Infectado o ser un Removido (puede considerarse como alguien que ha sido curado). La regla de evolución tiene dos partes: la primera corresponde al proceso difusivo y es la estándar, mientras que la segunda define la interacción entre los posibles estados SIR. De forma explícita, las reglas son:

- **Movimiento difusivo:** Las reglas del autómata bidimensional de difusión [1].
 - Choque: Rotar con igual probabilidad.
 - Movimiento: Mover en cada dirección. Las fronteras son periódicas.
- **Contagio epidémico:** En cada punto se examina en cada dirección.
 - Si está vacío sigue vacío.
 - Si está inmune sigue inmune (como en el modelo SIR).
 - Si está infectado se cura con probabilidad p_{Inm} : $I \xrightarrow{p_{Inm}} R$
 - Si está sano y tiene infectados en el mismo punto se infecta con probabilidad al número de enfermos en las otras direcciones.

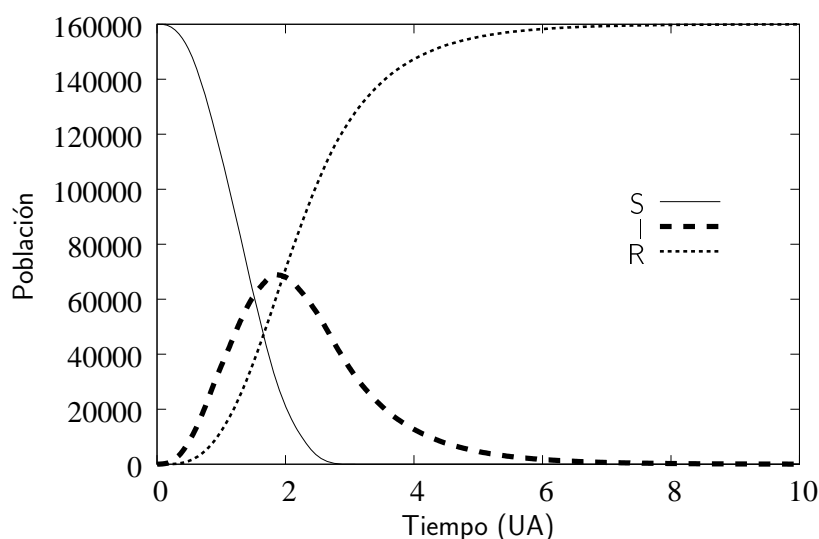


Figura 2. Evolución de la población de susceptibles, infectados y removidos para el autómata celular de difusión y las reglas de contagio. Las unidades de tiempo son arbitrarias, unidades del autómata.

3. Resultados

Un resultado típico del modelo SIR se muestra en la Figura 1. Los valores de probabilidad de infección r y de cura a son, respectivamente, $r = 0,00218$ y $a = 0,441$. En este caso hubo epidemia, dado que el número de infectados creció en el tiempo. Sin embargo, la epidemia fué controlada, y al final el número de infectados cayó a cero mientras que hubo un pequeño número de susceptibles que no se infectaron.

Usando nuestro modelo de autómata celular de difusión con las reglas mostradas anteriormente obtenemos el comportamiento mostrado en la Figura 2. El autómata celular usado tiene las siguientes características: 200x200 celdas, el total de población es $N_0 = 160000$, el número inicial de susceptibles es $S_0 = 159985$, el número inicial de infectados es $I_0 = 15$, y por lo tanto, el número inicial de removidos es $R_0 = 0$. La probabilidad de volverse inmune es $pInm = 0,4$.

Se puede observar que cualitativamente se obtiene el mismo comportamiento del modelo SIR (Figura 1). La Figura 3 muestra el número final de susceptibles como función de la probabilidad de curarse $a = pInm$. Este comportamiento también es análogo al obtenido por el modelo SIR.

4. Conclusiones

Hemos mostrado un conjunto de reglas muy sencillas para el contagio de una epidemia que junto a las reglas de difusión bidimensional permiten simular la propa-

gación de una epidemia con resultados cualitativamente muy similares a los del modelo SIR. A través de este modelo es posible investigar, por ejemplo, el número de susceptibles a tiempo infinito como función de la probabilidad de curarse, o como función del número de infectados iniciales. También se pueden estudiar casos muy difíciles por medio de las ecuaciones diferenciales del modelo SIR, como la influencia de factores geográficos que afecten las probabilidades de infección y cura en forma local, posibles tiempos de incubación de la enfermedad, nacimiento y muerte de personas y mucho más, solamente añadiendo un nuevo conjunto de reglas.

El modelo de autómata muestra que parte del proceso de contagio en una epidemia que se transmita por cercanía está gobernado por un proceso difusivo. Por medio de autómatas celulares hemos mostrado que la difusión tiene relación directa con la propagación de la epidemia, algo muy difícil de realizar por medio de ecuaciones diferenciales, en donde se haría necesario usar cálculo estocástico.

Este modelo puede ser extendido a muchos otros tipos de epidemias mediante un conjunto apropiado de reglas. también pueden estudiarse efectos geográficos sobre la propagación de epidemias como la construcción de barreras. Estos efectos serían condiciones de frontera en la malla del autómata. También es posible calibrar el click del reloj del autómata por medio de medidas experimentales del proceso difusivo, lo que permitiría obtener información muy profunda sobre los tiempos de propagación y duración de la epidemia. Esperamos que este trabajo sirva para mostrar cómo un conjunto de reglas sencillas pueden reproducir un comportamiento

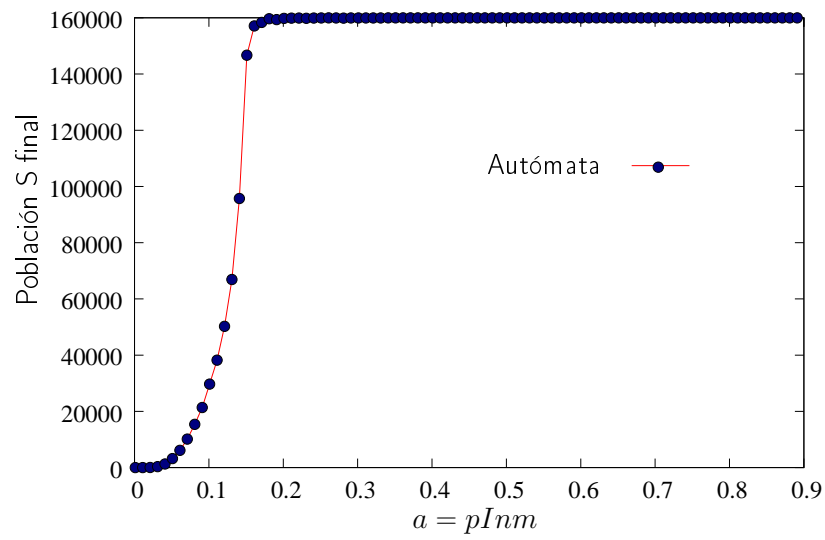


Figura 3. Número final de Susceptibles como función de la probabilidad de curarse.

tan complejo como el de una epidemia.

of Geneva.

[2] James D. Murray. *Mathematical Biology*. Springer Verlag, third edition, 2002.

Referencias

[1] B. Chopard and M. Droz. *Cellular Automata Modeling of Physical Systems*. Cambridge University Press, 1999. University