

Trabajo final

Disease spreading in populations of moving agents

M.Paula Caral*

Departamento de Física, Facultad de Ciencias Exactas y Naturales, Universidad de Buenos Aires,
Pabellón I, Ciudad Universitaria, 1428 Buenos Aires, Argentina.

(A. Buscarino, L. Fortuna, M. Frasca y V. Latora)

En este trabajo se reprodujeron las simulaciones realizadas por la publicación original de A. Buscarino *et al.* en las que se estudia un modelo epidémico en el que los agentes tienen la posibilidad de moverse. Más específicamente, los individuos pueden realizar viajes de larga distancia (*long jumps*). Se estudian los efectos de este factor sobre el número de infectados en función del tiempo, observando que cuanto mayor es la probabilidad de un *long jump*, más agentes se infectan en menos tiempo. A su vez, en este trabajo se estudió la dependencia del número de infectados con el tiempo infectivo de los agentes, observando que si la probabilidad de recuperarse es baja, aún en el caso en que los agentes no realizan viajes largos, la enfermedad se propaga por todo el sistema.

I. Introducción

Al estudiar la propagación de una enfermedad se ha visto en la literatura que tanto la dinámica de la propagación como el estado final dependen de la topología de acoplamiento. En general, se ha estudiado el caso en que la topología es estática, por lo que la red subyacente está fija. Un modelo más real de la situación es considerar que la red es dinámica. En el trabajo de estudio *Disease spreading in populations of moving agents* (A. Buscarino, L. Fortuna, M. Frasca y V. Latora)[1], se proponen estudiar una red dinámica que se modifica según el movimiento espacial de los agentes. Demuestran que la posibilidad de movimiento de los agentes, usualmente descartada en modelos epidémicos, tiene un efecto relevante sobre la propagación de la enfermedad. En este trabajo final se propone recrear y expandir los resultados obtenidos por el trabajo original al simular este nuevo modelo.

II. Modelo

El modelo que propone A. Buscarino *et al.* es un sistema de N agentes idénticos que se mueven de forma independiente en una celda de dos dimensiones de lado D tal que $\rho = N/D^2$ donde ρ es la densidad de agentes. Inicialmente, los N agentes están en posiciones aleatorias en la celda y luego se les da la posibilidad de moverse: puede ser en su entorno o realizando un *long jump* que representa la posibilidad de los individuos de viajar largas distancias. Los agentes realizarán alguno de los dos movimientos con una cierta probabilidad. En particular, llaman p_j a la probabilidad de hacer un *long jump* y, por lo tanto, $1 - p_j$ será la probabilidad de moverse en su entorno.

■ Movimiento en un entorno de su posición inicial.

En este caso, la posición del agente se actualiza según las siguientes ecuaciones:

$$r_i(t+1) = r_i(t) + v_i(t) \quad (\text{II.1})$$

$$v_i(t) = v(\cos\theta_i(t), \sin\theta_i(t)) \quad (\text{II.2})$$

$$\theta_i(t) = \xi_i \quad (\text{II.3})$$

Donde v es el módulo de la velocidad que se mantiene constante a lo largo de la simulación y para todos los agentes y ξ_i es un número aleatorio elegido con probabilidad uniforme del intervalo $[-\pi, \pi]$.

■ Long jump.

Si el agente debe realizar un *long jump*, esto se introduce en la simulación dándole a ese agente una posición aleatoria dentro de la celda.

En cada nuevo instante t además de actualizarse las posiciones de los agentes, se actualizan sus estados. Se tienen 3 posibles estados para cada individuo: susceptible, infectado y recuperado. La cantidad de agentes en cada estado debe sumar la cantidad total N , es decir, $N = N_S + N_I + N_R$ a todo tiempo t . Inicialmente, sólo una pequeña porción de los individuos está infectado. Cada agente susceptible puede infectarse con una cierta probabilidad que depende de cuántos agentes infectados haya en un radio r de su entorno. Llamamos λ a la probabilidad de pasar al estado I de un agente S si solo uno de sus vecinos está infectado. Así, si N_{I_r} es la cantidad de infectados en el radio r , la probabilidad de contagiarse será $1 - (1 - \lambda)^{N_{I_r}}$. De manera similar, cada agente en el estado I se recupera (pasando

* paulacaral@hotmail.com

al estado R y no pudiendo contagiarse de nuevo) con probabilidad μ .

Durante este trabajo se desarrolló código en C que recrea la simulación que se hizo en el trabajo original. El código puede verse en el siguiente repositorio de GitHub (link). La simulación se realizó para un total de $N = 1000$ agentes, una densidad de agentes $\rho = 1$, módulo de la velocidad $v = 0,1$, probabilidad $\lambda = 0,1$ de que un agente susceptible se infecte y probabilidad $\mu = 0,05$ de que un agente infectado se recupere. La cantidad inicial de infectados fue de $N_I = 10$ y se realizaron 300 frames de simulación (representando el tiempo t). Para un valor de p_j fijo, la simulación se realizó 100 veces con el fin de promediar los valores de $N_I(t)$ y obtener mejores resultados.

Finalmente, los valores de p_j utilizados fueron 0, 0,01, 0,1 y 1.

III. Resultados

A. N_I para distintas probabilidades p_j

El resultado que se recreó de la publicación original es la curva del número de infectados N_I en función del tiempo para las diferentes probabilidades p_j de realizar un long jump. En la figura 1 se puede ver el resultado obtenido de las simulaciones del código desarrollado en C. Para realizar este gráfico, los datos se procesaron en Python (dicho código también está incluido en el repositorio de GitHub). Se puede ver que el gráfico reproduce con precisión los resultados originales: N_I alcanza un máximo mayor y en menos tiempo cuanto más grande es la probabilidad de que los individuos hagan un viaje de larga distancia.

A su vez, se hizo una visualización de las simulaciones frame a frame en una animación (también realizada con Python), lo cual permite ver de forma clara qué sucede en la celda. El video de la animación puede verse en el mismo repositorio de GitHub. Los agentes susceptibles están identificados en color amarillo, los infectados en rojo y los recuperados en azul. En la visualización se puede observar cómo el número de infectados aumenta y disminuye muy rápidamente para $p_j = 1$, mientras que para $p_j = 0$ sólo se observan agrupamientos pequeños de agentes infectados, es decir, se propaga muy poco la enfermedad.

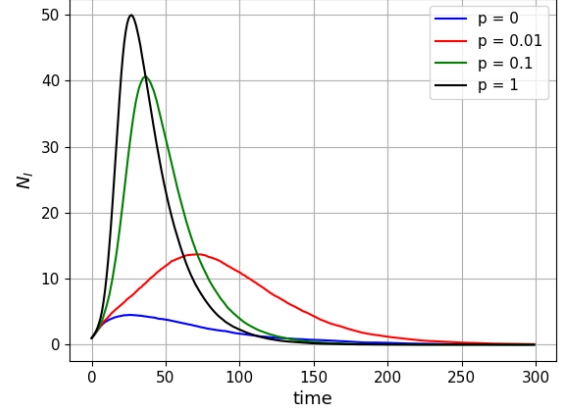


Figura 1: Resultados logrados con la simulación hecha en C, imitando la simulación del trabajo original.

B. N_I para distintas probabilidades μ

Es posible estudiar también qué ocurre si se varía el tiempo infectivo, es decir, durante cuánto tiempo un agente infectado permanece infectado y puede contagiar a uno susceptible. En la simulación esto se realizó modificando el parámetro μ que representa la probabilidad de que un agente infectado se recupere. Cuanto más grande es la probabilidad μ , más chico es el tiempo infectivo y viceversa.

En el gráfico de la figura 2 se puede ver la comparación entre los resultados obtenidos originalmente (figura 1, $\mu = 0,05$, líneas sólidas) y los obtenidos con un nuevo valor de $\mu = 0,01$ (líneas punteadas). Los nuevos datos corresponden a un tiempo infectivo mayor, y eso se refleja en las curvas obtenidas: para un mismo valor de probabilidad, los máximos de número de infectados son mayores, lo cual tiene sentido porque significa que más agentes llegan a infectarse. En el caso específico en que la probabilidad de *long jump* es $p_j = 0$, cuando la probabilidad era $\mu = 0,05$, casi no había infectados y la propagación de la enfermedad quedaba controlada; ahora con $\mu = 0,01$ tenemos un 20% más de infectados. A su vez, el tiempo que lleva que todos los agentes infectados se recuperen es mucho mayor. De hecho, los 300 frames iniciales no son suficientes para ver que la curva de $N_I(t)$ se anule completamente.

Otra comparación interesante es ver qué sucede para diferentes valores de μ con una probabilidad p_j fija. En la figura 3 se pueden ver las curvas correspondientes a probabilidad de *long jump* $p_j = 0$ y diferentes μ . Se observa nuevamente el comportamiento esperado: estando los agentes fijos (se mueven solo en un pequeño entorno de su posición original), el aumento de μ hace que la propagación sea cada vez más controlada. Específicamente, el número de infectados es básicamente

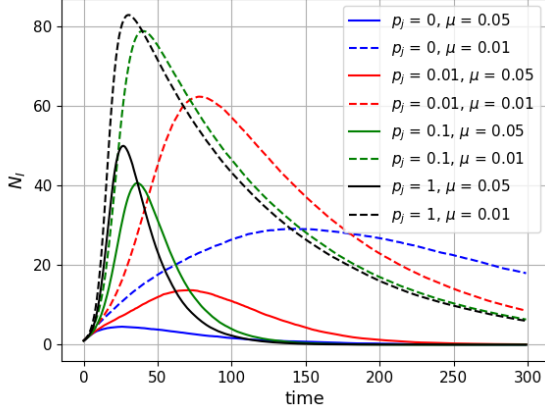


Figura 2: Comparación de resultados originales ($\mu = 0,05$) vs los nuevos modificando el tiempo infectivo ($\mu = 0,01$).

nulo cuando probabilidad de recuperarse es máxima.

De la misma forma, el gráfico de la figura 4 muestra las curvas para diferentes valores de μ cuando $p_j = 1$. Cualitativamente se observa lo mismo que en el caso anterior: cuanto mayor es la probabilidad de recuperación μ , menor es la propagación de la enfermedad. No obstante, hay una gran diferencia en la forma funcional que siguen las curvas respecto del caso con $p_j = 0$. Los máximos de N_I en este caso son mayores (indicando que la probabilidad de viajar a largas distancias influye directamente en la propagación de la enfermedad) y su decrecimiento ocurre más rápido en el tiempo. En otras palabras: se infecta una cantidad mayor de agentes en menor tiempo pero también se recuperan más rápido (pues se contagian antes).

Para estos resultados también se realizó una visualización que puede encontrarse en el mismo repositorio de GitHub.

IV. Conclusiones

Como conclusión, en este trabajo fue posible recrear uno de los resultados de la publicación original de A. Buscarino *et al.* y estudiar la dependencia de la propagación de la enfermedad con el tiempo infectivo.

Estudiando la dependencia de N_I con la probabilidad de que los individuos viajen a larga distancia, se observó que el número de infectados N_I alcanza su máximo mucho antes en el tiempo cuanto mayor es la probabilidad p_j . Asimismo, el valor de este máximo

aumenta con p_j , infiriendo que es mayor la cantidad de individuos que se contagian en este caso.

Por otro lado, al estudiar el sistema para diferentes tiempos infectivos se ve que cuando la probabilidad de recuperarse es máxima, la enfermedad no se propa-

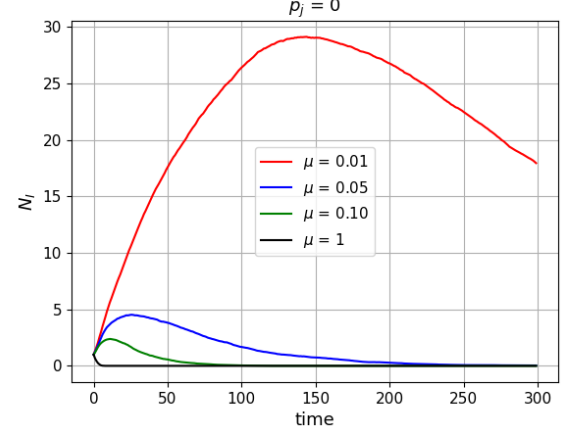


Figura 3: Curvas obtenidas para probabilidad de *long jump* fija en $p_j = 0$ y diferentes valores de probabilidad de recuperación μ .

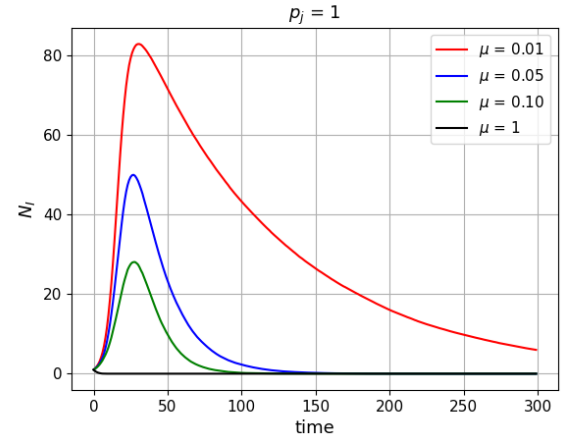


Figura 4: Curvas obtenidas para probabilidad de *long jump* fija en $p_j = 1$ y diferentes valores de probabilidad de recuperación μ .

ga aunque la probabilidad de viajar largas distancias también sea máxima ($p_j = 1$). En cambio, cuando la probabilidad de recuperarse es muy baja, aunque todos los agentes se queden en su entorno ($p_j = 0$), la enfermedad se propaga por toda la celda.