

Dinámicas epidémicas emergentes en un modelo SIR espacial basado en agentes

Paula Rosa Rodríguez Morales

Abstract

La propagación de enfermedades infecciosas es un ejemplo claro de cómo interacciones simples a nivel individual pueden dar lugar a dinámicas colectivas complejas. Los modelos compartimentales clásicos, como el SIR, describen la evolución epidémica a un nivel agregado, pero suelen ignorar la estructura espacial y las interacciones estocásticas. En este trabajo se estudia una implementación basada en agentes de un modelo SIR espacial en el que los individuos se mueven aleatoriamente e interactúan localmente. A pesar de su simplicidad, el modelo reproduce características cualitativas clave de los brotes epidémicos, como ondas epidémicas o picos de infección. Al variar la probabilidad de infección se muestra cómo la intensidad de la transmisión afecta tanto a la duración como a la severidad del brote. Los resultados destacan la importancia de las interacciones locales y la movilidad en la configuración del comportamiento epidémico macroscópico.

1 Introducción

Entender cómo se propagan las enfermedades infecciosas en las poblaciones ha sido un problema en la epidemiología matemática durante más de un siglo. Los primeros enfoques se centraron en modelos compartimentales deterministas, como el marco Susceptible–Infectado–Recuperado (SIR), que describe la dinámica poblacional mediante sistemas de ecuaciones diferenciales [7, 1]. Estos modelos han sido ampliamente utilizados debido a su tractabilidad analítica y poder explicativo.

Sin embargo, las epidemias reales se desarrollan a través de interacciones entre individuos, que son inherentemente heterogéneas, espacialmente limitadas y estocásticas. En las últimas décadas, los modelos basados en agentes (ABM, por sus siglas en inglés) han emergido como una alternativa poderosa para estudiar procesos epidémicos al representar explícitamente a los individuos y sus interacciones [3, 4]. Estos modelos son especialmente adecuados para explorar cómo reglas locales y estructura espacial dan lugar a dinámicas globales emergentes.

En este trabajo se investiga un modelo SIR espacial mínimo basado en agentes implementado en NetLogo. El objetivo no es alcanzar realismo cuan-

titativo, sino demostrar cómo patrones epidémicos clásicos puedenemerger a partir de reglas simples de movimiento y contacto.

2 Desafío

El desafío central abordado en este trabajo es el siguiente: ¿cómo pueden emerger dinámicas epidémicas macroscópicas, como ondas de infección y extinción del brote, a partir de interacciones locales simples entre individuos en movimiento? Los modelos SIR clásicos asumen mezcla homogénea, mientras que las poblaciones reales interactúan localmente y se desplazan en el espacio. Capturar estos mecanismos sin introducir una complejidad excesiva sigue siendo un reto metodológico clave en la modelización epidémica [6].

3 Estado del arte

Los modelos epidémicos tradicionales se basan en enfoques compartimentales introducidos por Kermack y McKendrick [7], posteriormente ampliados en numerosas direcciones [1]. Estos modelos asumen poblaciones bien mezcladas y transiciones

deterministas entre compartimentos.

Los modelos epidémicos basados en agentes relajan estas suposiciones al modelar explícitamente a los individuos [3]. Estudios previos han demostrado que los ABM pueden reproducir patrones epidémicos realistas, especialmente cuando se consideran la estructura espacial y la movilidad [2].

4 Brechas de investigación

A pesar del amplio trabajo existente sobre modelos epidémicos basados en agentes, muchos estudios incorporan redes de contacto complejas, heterogeneidad demográfica o reglas de comportamiento complejas. Si bien estos elementos aumentan el realismo, también pueden dificultar la identificación de los mecanismos fundamentales que gobiernan la dinámica epidémica [5].

En este contexto, el presente trabajo adopta un enfoque complementario, centrándose en un modelo SIR espacial deliberadamente mínimo, con el objetivo de examinar hasta qué punto la movilidad aleatoria y la transmisión local probabilística son suficientes para generar patrones epidémicos globales.

5 Experimentación

5.1 Diseño del modelo

El modelo consiste en una población de agentes que representan individuos moviéndose en un espacio continuo bidimensional. Cada agente puede encontrarse en uno de tres estados epidemiológicos: Susceptible (S), Infectado (I) o Recuperado (R), siguiendo el marco SIR clásico [7].

Los agentes se mueven aleatoriamente en cada paso de tiempo discreto. La transmisión de la enfermedad ocurre a través de interacciones locales: cuando un agente infectado se encuentra dentro de un radio fijo de un agente susceptible, la infección puede producirse con una determinada probabilidad. Los agentes infectados se recuperan tras un tiempo de recuperación fijo y adquieren inmunidad.

El tiempo avanza en pasos discretos (ticks), una convención estándar en simulaciones basadas en agentes [3].

5.2 Implementación

El modelo fue implementado en NetLogo, una plataforma diseñada específicamente para la modelización basada en agentes [8]. La simulación sigue un esquema de actualización sincrónica en el que en cada tick, todos los agentes se mueven, interactúan y actualizan su estado epidemiológico.

La implementación separa explícitamente los procesos de movimiento, infección y recuperación, garantizando transparencia y reproducibilidad. En lugar de incorporar la dinámica de la enfermedad en ecuaciones globales, todas las transiciones surgen de interacciones locales a nivel de agente.

Para asegurar la reproducibilidad y facilitar futuras extensiones, el código fuente completo del modelo está disponible públicamente en un repositorio de GitHub¹.

Las simulaciones se ejecutaron hasta que el sistema alcanzó un estado estacionario, que típicamente se suelen encontrar tras 700–1000 ticks.

6 Resultados

La simulación exhibe de forma consistente un ciclo epidémico completo. Está caracterizado por una fase inicial de crecimiento, un pico de infección bien definido y una extinción final del brote. Este comportamiento emerge sin imponer dinámicas globales, como ocurre en los modelos compartimentales clásicos, y es el resultado directo de interacciones locales entre individuos en movimiento.

La Figura 1 ilustra la condición inicial del sistema, donde un único agente infectado se introduce en una población completamente susceptible. En esta etapa, las interacciones son escasas y la infección se propaga lentamente debido al carácter estocástico de los encuentros entre agentes.

A medida que la simulación evoluciona, el número de agentes infectados aumenta y el sistema alcanza un pico epidémico pronunciado. La Figura 2 muestra la configuración espacial en esta etapa, donde coexisten agentes susceptibles, infectados y recuperados. La imagen revela una fuerte heterogeneidad espacial, indicando que la infección

¹<https://github.com/paularodriguez3/dinamicas-epidemicas-sir-abm>

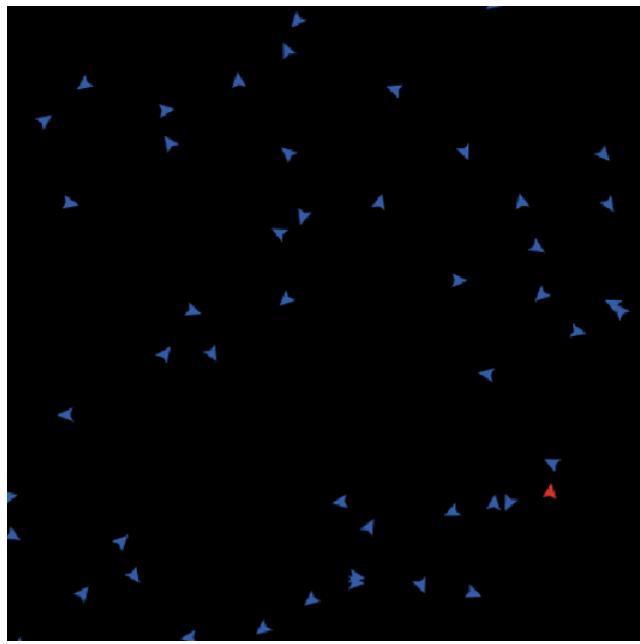


Figure 1: Configuración inicial del modelo basado en agentes. Todos los agentes son susceptibles excepto un único individuo infectado introducido aleatoriamente.

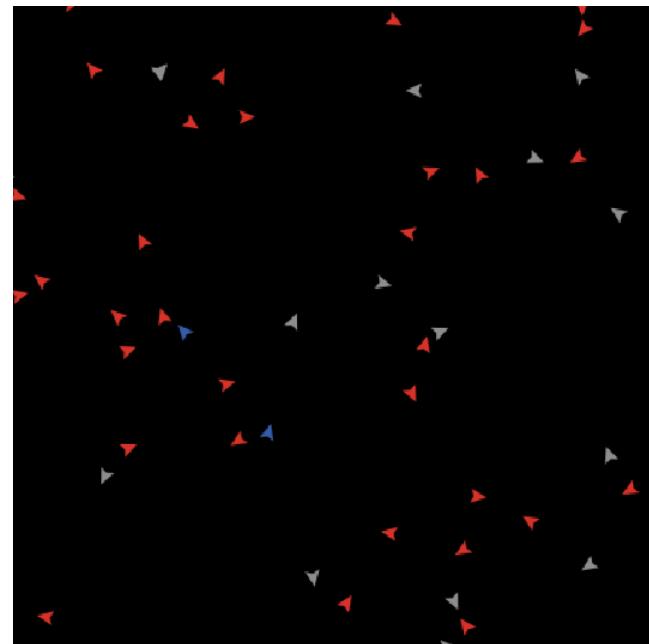


Figure 2: Distribución espacial de los agentes en el pico epidémico para una probabilidad de infección $p = 0.2$. Coexisten agentes infectados, susceptibles y recuperados, ilustrando dinámicas de transmisión local.

se propaga a través de conglomerados localizados en lugar de hacerlo uniformemente en toda la población.

Tras el pico epidémico, el número de agentes susceptibles disminuye sustancialmente, lo que conduce a una reducción progresiva de nuevas infecciones. Finalmente, el brote se extingue cuando los agentes infectados se recuperan y no es posible una mayor transmisión. La configuración final del sistema se muestra en la Figura 3, donde la población está dominada por agentes recuperados y no quedan individuos infectados.

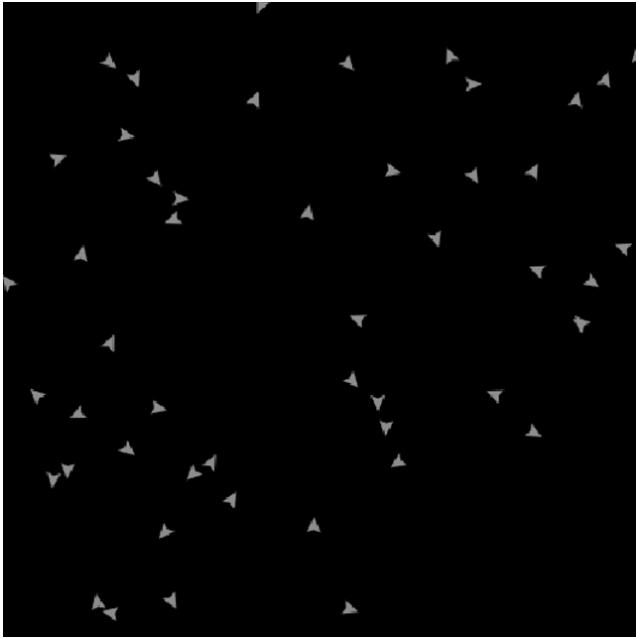


Figure 3: Configuración final del sistema tras la extinción del brote epidémico. La población está dominada por agentes recuperados y no quedan individuos infectados.

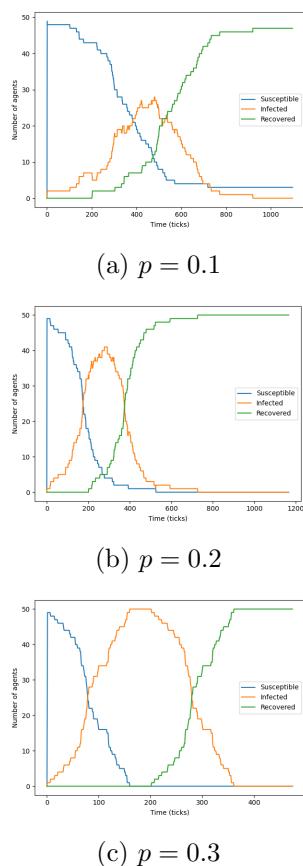


Figure 4: Evolución temporal de los agentes susceptibles (azul), infectados (naranja) y recuperados (verde) para diferentes probabilidades de infección.

Para evaluar la robustez de estas dinámicas, se analizó la evolución temporal del sistema para distintos valores de la probabilidad de infección. La Figura 4 compara las series temporales de agentes susceptibles, infectados y recuperados para tres escenarios representativos. Un aumento en la probabilidad de infección conduce a picos epidémicos más altos y duraciones de brote más cortas, mientras que probabilidades menores dan lugar a epidemias más lentas y menos extensas.

7 Discusión

Los resultados demuestran que patrones epidémicos clásicos pueden emergir a partir de reglas locales simples. A pesar de la ausencia de mezcla homogénea, el modelo reproduce el pico de infección característico predicho por la teoría SIR clásica [1].

La compensación observada entre intensidad y duración del brote refleja dinámicas no lineales impulsadas por la disminución de susceptibles, guardando relación con estudios previos basados en agentes [2, 6]. De forma destacable, estas dinámicas surgen sin redes de contacto estructuradas, lo que indica que la proximidad espacial y la movilidad son suficientes para generar ondas epidémicas.

Estos resultados respaldan el uso de modelos basados en agentes mínimos como herramientas conceptuales para comprender el comportamiento epidémico emergente [5].

8 Conclusión

Este trabajo presenta un modelo SIR espacial mínimo basado en agentes que reproduce características cualitativas clave de la dinámica epidémica. Al modelar explícitamente el movimiento individual y las interacciones locales, el modelo demuestra cómo los patrones epidémicos macroscópicos emergen a partir de reglas microscópicas simples.

Los resultados enfatizan la importancia de la estructura espacial y la estocasticidad en la modelización epidémica y proporcionan un puente claro entre los modelos compartimentales clásicos y los enfoques basados en agentes. Trabajos futuros

podrían extender el modelo incorporando movilidad heterogénea, estrategias de vacunación o redes de contacto estructuradas.

References

- [1] Roy M. Anderson and Robert M. May. *Infectious Diseases of Humans: Dynamics and Control*. Oxford University Press, 1991.
- [2] Duygu Balcan et al. “Multiscale mobility networks and the spatial spreading of infectious diseases”. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences* 106.51 (2009), pp. 21484–21489.
- [3] Joshua M. Epstein. “Modelling to contain pandemics”. In: *Nature* 460.7256 (2009), p. 687.
- [4] Stephen Eubank et al. “Modelling disease outbreaks in realistic urban social networks”. In: *Nature* 429.6988 (2004), pp. 180–184.
- [5] Volker Grimm et al. “Pattern-oriented modeling of agent-based complex systems: Lessons from ecology”. In: *Science* 310.5750 (2005), pp. 987–991.
- [6] Matt J. Keeling and Pejman Rohani. *Modeling Infectious Diseases in Humans and Animals*. Princeton University Press, 2008.
- [7] William O. Kermack and Anderson G. McKendrick. “A contribution to the mathematical theory of epidemics”. In: *Proceedings of the Royal Society of London. Series A* 115.772 (1927), pp. 700–721.
- [8] Uri Wilensky. *NetLogo*. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University. 1999. URL: <https://ccl.northwestern.edu/netlogo/>.