

TRABAJO DE FIN DE GRADO

Grado en Física

Control de epidemias en metapoblaciones heterogéneas

Autor:

Marco Fernández da Silva

Codirector:

Alfonso de Miguel Arribas

Director:

Yamir Moreno Vega

Departamento de Física teórica,
Facultad de Ciencias,
Universidad de Zaragoza.

Índice

1. Introducción	1
2. Marco teórico	3
2.1. Modelo SIR	3
2.2. Matriz de contactos y de siguiente generación	4
2.2.1. Introducción de los parámetros para la matriz de contactos	4
2.2.2. Matriz de contactos C	5
2.2.3. Reparametrización de la matriz de contactos	6
2.3. Matriz de siguiente-generación	6
2.4. Modelos de metapoblación	7
2.4.1. Redes complejas	7
2.4.2. Modelo de difusión	8
2.4.3. Reacciones epidemiológicas	8
2.4.4. Umbral de invasión global R_*	9
3. Modelo	10
3.1. Estructura espacial utilizada y parámetros	10
3.2. Modelo de difusión y parámetros	10
3.3. Modelo de contagio y parámetros	10
3.4. Modelo de medidas de control	10
3.5. Limitaciones de la reducción de contactos	11
4. Resultados y discusión	13
4.1. Umbral de movilidad para invasión global	13
4.2. Comportamiento bajo invasión global	14
4.3. Nuevo umbral de invasión global debido a las medidas de control	15
4.4. Análisis de las medidas de control en la prevalencia	16
4.5. Análisis del efecto de las medidas de control	18
4.6. Aplicación sobre datos reales	20
4.7. Análisis para los diferentes tipos de escenarios	22
5. Conclusión	24
A. Efecto de la movilidad bajo medidas de control	26
B. Umbral de movilidad	27
C. Algoritmo ABC	28

1. Introducción

Este trabajo profundiza en el campo de modelización de epidemias, cuyo objetivo es intentar comprender mejor cómo se propaga una epidemia en una población. Este campo comprende desde modelos muy simples para observar las propiedades cualitativas de difusión de epidemias, donde basta con información epidemiológica del patógeno, a modelos más complejos que intentan descifrar qué medidas de contención son las adecuadas para frenar una epidemia (vacunas, reducción de contactos, reducción de movilidad, etc). Los más complejos, además de utilizar datos epidemiológicos, utilizan datos demográficos y de movilidad de personas entre poblaciones. Cuanto más complejo sea el modelo, mejor se aproximará al comportamiento real de la epidemia, pero a cambio de mayor complejidad de estudiar soluciones analíticas y mayor coste computacional en el caso que de que se lleven a cabo simulaciones de tipo Monte Carlo.

Con el objetivo de estudiar este comportamiento, se introducen los modelos compartimentales, donde cada individuo de la población se encuentra en un estado dentro de los n compartimentos. El ejemplo más simple podría ser el modelo SI, pero existen multitud de modelos, como el SIS, el SEIR, o el SIR. Cada uno de estos modelos se usa para un tipo de patógeno, dependiendo de sus características y sus efectos en la población.

El marco teórico de metapoblaciones supone una herramienta estándar para acercarnos a las situaciones en las que la distribución espacial es relevante en la propagación de una epidemia. Estos modelos representan una distribución espacial de la población. Podemos hablar de la red de aeropuertos, de una red de ciudades, de barrios dentro de una misma ciudad, etc. El proceso de difusión de personas vendrá dado por el parámetro de movilidad de personas entre estas subpoblaciones. Por lo tanto, ahora, además de datos epidemiológicos sobre el patógeno, también se necesitan datos demográficos y de movilidad. Usualmente estos modelos están asociados a una estructura real de las mencionadas anteriormente, de las cuales existen datos de conectividades y del tráfico de personas de la red. En el caso de la red de aeropuertos, presenta una gran heterogeneidad en la distribución de grado, es decir, en el número de conexiones de cada nodo, estando caracterizada esta distribución por una ley de potencias [1]. Esta propiedad es relevante dado que en topologías de estas características en el límite termodinámico ($N \rightarrow \infty$) el umbral epidémico tiende a cero, es decir, no existe, y es muy fácil la difusión de patógenos [2, 3]. También se puede estudiar el parámetro de invasión global, siendo el parámetro que caracteriza la propagación de una epidemia en una metapoblación [4].

La estructura de contactos puede ser un modelo "bien mezclado", donde todos los individuos tienen relación con todos dentro de un área determinada, o establecer redes de contacto más complejas con el objetivo de conseguir una mejor aproximación a la sociedad, dado que no todas las personas tienen el mismo número de contactos. En este trabajo se va más allá de la población bien mezclada habitual y se trabaja con una población heterogénea de dos grupos dentro de cada nodo. A su vez, la metapoblación tiene una topología de red libre de escala.

Como no toda la población tiene las mismas características, se puede dividir esta en grupos creando un modelo de población heterogénea. Dentro de los modelos de metapoblaciones, la introducción

de poblaciones heterogéneas es una cuestión más bien poco explorada. La introducción de heterogeneidad en la población puede proporcionar nuevas perspectivas a la hora de analizar el impacto de una epidemia en una población, o de proponer medidas de control específicas según grupos, por ejemplo. A su vez, a la hora de concebir un modelo, se introduce una mayor complejidad computacional, y es más complicado establecer modelos analíticos o explorar el paisaje de soluciones de las simulaciones. En la sección 2.2.1 se explican los formalismos usados para parametrizar los tipos de población, pero se puede entender como una división de la sociedad en dos tipos, bien pueden ser trabajadores esenciales y no esenciales, división por grupos de edad (adultos y menores), división en personas de riesgo y no riesgo, división por clases sociales, etc.

En Apolloni et al. [5] se trata una distinción en dos tipos de agentes, clasificando estos por su rango de edad (adultos y niños). Dependiendo de estos tipos de comportamiento podremos obtener un desarrollo de la epidemia u otro. El trabajo principal de Apolloni es la parametrización de las clases de agentes, a través de la cual se propone una matriz de contactos que se utiliza para la modelación de los diferentes escenarios de interés. Se presentan algunos escenarios límites de forma analítica y se utilizan simulaciones de Monte Carlo para aquellos casos en los que la solución analítica es difícil de alcanzar. El objetivo es encontrar el umbral de invasión global en cada uno de los escenarios considerados. El alcance del trabajo implica una amplia variedad de parámetros, lo cual permite una comprensión completa del modelo. Los resultados de este análisis contribuyen a la mejora de las políticas de prevención y control de epidemias, ya que se logra identificar los diferentes escenarios en los que nos podemos situar dependiendo de la parametrización de las dos clases de agentes. En resumen, este estudio es una herramienta valiosa para la toma de decisiones en el campo de la salud pública. Aún así, este trabajo solo hace un análisis de la difusión en condiciones normales de la epidemia, no estudia la imposición de diferentes medidas para frenar la epidemia.

Otro ámbito de interés en la modelización de epidemias es el efecto de medidas de prevención o de control. Estas medidas se clasifican en dos tipos: farmacéuticas y no farmacéuticas. Las primeras implican el uso de medicamentos o vacunación, mientras que las segundas se centran en restricciones de movilidad, de contactos, límites de aforos, uso de profilaxis (como higiene de manos, mascarillas, etc).

Nuestra pregunta es: ¿Cuál es el impacto epidémico si solo una parte de la población puede cumplir las medidas de control? La respuesta dependerá de como se conforme la sociedad en cuestión, qué fracción de la población es la que puede cumplir con las medidas, cuán activa es, y cómo se relaciona con la parte que no quiere o no puede cumplir.

2. Marco teórico

En esta sección se explican y desarrollan los conceptos teóricos principales sobre los que se asienta el trabajo.

2.1. Modelo SIR

El modelo SIR es un modelo compartimental en el que hay tres estados o compartimentos:

- Susceptibles (S): Las personas que no han contraído la enfermedad y son susceptibles de hacerlo.
- Infectados (I): Las personas que tienen la enfermedad y pueden contagiar a las demás.
- Recuperados (R): Personas que han padecido la enfermedad, pueden ser recuperados que han ganado inmunidad ante la infección o fallecidos, pero a efectos del modelo dejan de interactuar en la dinámica de la epidemia.

La dinámica se puede representar esquemáticamente mediante las dos transiciones siguientes:



El primer suceso ocurre con una tasa β , denominándose tasa de transmisión de la enfermedad o transmisividad. Por otro lado, μ es la tasa con que un infectado se recupera, esta transición no necesita de un contacto.

La simulación se realiza siguiendo las siguientes premisas para cada clase:

- Población bien mezclada, es decir, todos los individuos interactúan con todos.
- Población homogénea, todos los individuos tienen las mismas tasas de transmisión β y de recuperación μ .
- Aproximación markoviana: el estado del sistema depende únicamente del estado previo; es decir, son procesos sin memoria. Por ejemplo, no contribuye la cantidad de pasos temporales que un individuo este infectado, siempre tiene probabilidad de recuperación μ .

Un parámetro de vital importancia en el campo de la epidemiología es R_0 , denominado el número reproductivo básico. Se define como el número de infecciones secundarias que se derivan de un infectado durante su etapa infecciosa en una población totalmente susceptible. Su valor marca el desarrollo de la epidemia, si $R_0 < 1$, la epidemia no percola en la población, mientras que si $R_0 > 1$ sucede un brote. En el caso del modelo SIR, se puede encontrar que R_0 viene dado por $R_0 = \beta/\mu$.

El observable de interés en el caso del modelo SIR es la prevalencia al final de la epidemia, denominada $R(\infty)$, o normalizada respecto de la población total, $r(\infty)$. El final de la epidemia se da cuando $I(t) = 0$, es decir, cuando no hay más infectados.

2.2. Matriz de contactos y de siguiente generación

2.2.1. Introducción de los parámetros para la matriz de contactos

Como ya se ha mencionado, el objetivo de este trabajo es realizar las simulaciones bajo una población heterogénea. En este caso, la población se va a dividir en dos tipos, una clase más social y otra por tanto menos social. Como se menciona anteriormente, esta separación se puede aplicar a las diferentes clases reales de múltiples maneras.

Para empezar, la población se dividirá en dos clases de manera que:

$$N = \alpha_1 N + \alpha_2 N. \quad (2)$$

Consecuentemente $\alpha_1 + \alpha_2 = 1$. Definimos así $N_1 = \alpha_1 N$ y $N_2 = \alpha_2 N$. Las dos clases tienen oportunidad de establecer contacto con otros agentes independiente de su clase. Sea k_a el número de contactos por agente a , se define ahora:

$$k_a = k_{a,1} + k_{a,2}, \quad (3)$$

siendo $k_{a,1}$ el número de contactos del agente a con agentes de clase 1 y $k_{a,2}$ el número de contactos del agente a con agentes de clase 2. Esto nos lleva a la definición de $K_{i,T}$, definido como el número de contactos totales de la clase i :

$$K_{i,T} = \sum_{a \in i} k_a = \sum_{a \in i} k_{a,1} + \sum_{a \in i} k_{a,2} = K_{i,1} + K_{i,2} \quad i \in 1,2. \quad (4)$$

$K_{i,1}$ representa los contactos totales de la clase i exclusivamente con la clase 1 y $K_{i,2}$ representa el número de contactos totales de la clase i exclusivamente con la clase 2. Asumiendo estas definiciones para los valores $i = 1,2$, asumimos simetría de contactos entre clases de siguiendo la expresión 5:

$$K_{1,2} = K_{2,1}. \quad (5)$$

Definimos por otro lado la probabilidad de contacto de individuos de clase i con individuos de clase j de manera:

$$p_{i,j} = \frac{K_{i,j}}{K_{i,T}} \quad i,j = 1,2. \quad (6)$$

En el caso específico de dos clases es trivial que:

$$p_{1,1} + p_{1,2} = 1. \quad (7)$$

Siguiendo la relación 5, se obtiene $p_{12}K_{1,T} = p_{21}K_{2,T}$.

Ahora, considerando la distribución de contactos de cualquier clase de agente, se define $N_{i,k}$ como el número de agentes de clase- i con número de contactos k . Se tiene entonces que la probabilidad de encontrar a un agente de clase- i con contactos k es $P_i(k) = N_{i,k}/N_i$. El número de contactos promedio $\langle k \rangle_i$ de clase- i se define entonces como:

$$\langle k \rangle_i = \sum_{\forall k} k P_i(k) \quad \text{for } i = 1,2. \quad (8)$$

Reordenando términos llegamos a la expresión:

$$\langle k \rangle_i = \frac{K_{i,T}}{N_i}. \quad (9)$$

Convenientemente es mejor hablar de tasa de contactos en lugar de número de contactos, por lo que se define:

$$q_i = \langle k \rangle_i \cdot \frac{1}{\Delta t}, \quad i = 1, 2. \quad (10)$$

Siendo q_i el número medio de contactos de agentes de clase- i durante un intervalo Δt . Para economía de la notación reabsorberemos Δt .

2.2.2. Matriz de contactos C

Siguiendo la parametrización de [5], se puede crear una matriz de contactos de dimensiones 2×2 (dos clases de agentes) denominada C . Donde los elementos C_{ij} corresponden a la tasa de contactos de agentes de clase- i con agentes de clase- j .

Tenemos que $C_{ij} \propto K_{i,j}$, además, reordenando los parámetros usados para definir $K_{i,j}$ se obtiene la expresión 11 :

$$K_{i,j} = p_{ij} q_i N_i. \quad (11)$$

Sabemos por lo tanto que la matriz de contactos C tiene la siguiente forma:

$$C \propto \begin{pmatrix} K_{1,1} & K_{1,2} \\ K_{2,1} & K_{2,2} \end{pmatrix}. \quad (12)$$

Para normalizar la matriz de contactos, se multiplica por un término $1/N_i$ para obtener los contactos per-capita y luego se multiplica por $1/N_j$ para obtener el término de acción de masas. La matriz de contactos C toma la forma:

$$C = \frac{1}{N} \begin{pmatrix} \frac{p_{11}q_1}{\alpha_1} & \frac{p_{12}q_1}{\alpha_2} \\ \frac{p_{12}q_2}{\alpha_1} & \frac{p_{22}q_2}{\alpha_2} \end{pmatrix}. \quad (13)$$

Siendo esta matriz algo diferente a la usada en [5].

De esta manera la fuerza de infección λ_i es:

$$\lambda_i = \beta (C_{i1}I_1 + C_{i2}I_2). \quad (14)$$

El hecho de que las contribuciones a la fuerza de infección no sean inversamente proporcionales a N es debido a que la tasa de contactos per-capita está incluida en la matriz de contactos C .

2.2.3. Reparametrización de la matriz de contactos

Para seguir la misma notación de referencia de [5], se usa la misma reparametrización. Esta reparametrización redistribuye los parámetros de forma que es más sencillo realizar un barrido a todos los posibles comportamientos sociales que con la parametrización de la sección anterior. La reparametrización se realiza siguiendo la expresión 15:

$$\eta = \frac{q_2}{q_1}, \quad \epsilon = \alpha_1 p_{12} = \alpha_2 p_{21} \eta. \quad (15)$$

El primer parámetro η , mide la asimetría de la actividad social entre las dos clases. Sin perder generalidad, se puede establecer siempre la clase 1 como la más social con el fin de definir el parámetro η en el rango $[0,1]$. El segundo parámetro ϵ viene de la simetría requerida de $C_{ij} = C_{ji}$, y cuantifica el grado de mezcla de asociación entre clases. Como los elementos de la matriz C no pueden ser negativos porque no tiene sentido físico, ϵ se define en el intervalo $0 < \epsilon < \min(\alpha_1, \eta \alpha_2)$. Los valores de ϵ cercanos a cero indican un sistema asortativo, donde la tendencia de los individuos es juntarse con individuos de la misma clase, mientras que escenarios con un ϵ cercano a su cota superior, nos sitúan en un sistema donde los contactos realizan más interacciones interclases que intraclases. Lejos de estos escenarios extremos, tenemos una población con los escenarios comprendidos entre estas cotas.

Tras esta reparametrización, la matriz de contactos queda:

$$C = \frac{q_1}{N} \begin{pmatrix} \frac{\alpha_1 - \epsilon}{\alpha_1^2} & \frac{\epsilon}{\alpha_1 \alpha_2} \\ \frac{\epsilon}{\alpha_1 \alpha_2} & \frac{\eta \alpha_2 - \epsilon}{\alpha_2^2} \end{pmatrix}. \quad (16)$$

Esta será la notación usada a partir de ahora, donde los diferentes escenarios vienen dados por las combinaciones de los siguientes parámetros de control:

- α_1 : controla la fracción de agentes de clase 1, que al ser un sistema cerrado, también controla la fracción de agentes de clase 2.
- η : controla la asimetría de actividad entre clase 2 y clase 1. Se asume que $q_1 = 1$.
- ϵ : controla la mezcla de contactos entre clases.

2.3. Matriz de siguiente-generación

Como sabemos, el número reproductivo básico R_0 para población homogénea es $R_0 = \beta/\mu$, pero la expresión no es tan sencilla cuando hablamos de poblaciones heterogéneas.

La herramienta comunmente usada es la *next generation matrix* obtenida de [6], donde los elementos R_{ij} representan el número promedio de infecciones secundarias de tipo i generadas por un caso primario de tipo j . La matriz se puede construir siguiendo la expresión 17:

$$R = \frac{\beta}{\mu} \Gamma \cdot C = \frac{\beta}{\mu} \begin{pmatrix} 1 - \frac{\epsilon}{\alpha_1} & \frac{\epsilon}{\alpha_2} \\ \frac{\epsilon}{\alpha_1} & \eta - \frac{\epsilon}{\alpha_2} \end{pmatrix}, \quad (17)$$

donde Γ es una matriz diagonal con las respectivas fracciones de población de cada clase. El número reproductivo R_0 es el mayor autovalor de la matriz R .

En lugar de fijar un valor de transmisividad β y a continuación calcular R_0 , se suele fijar un valor de R_0 y se obtiene β despejando el proceso inverso. De aquí en adelante se trabaja con un valor de $R_0 = 1.25$. La expresión para obtener el parámetro de transmisión β es:

$$\beta = \frac{2\mu R_0}{R_{11} + R_{22} + \sqrt{(R_{11} + R_{22})^2 - 4(R_{11}R_{22} - R_{12}R_{21})}}. \quad (18)$$

2.4. Modelos de metapoblación

2.4.1. Redes complejas

El uso de redes complejas para la difusión de una epidemia (bien representen conexiones entre ciudades, países, barrios de una ciudad, etc) da lugar a lo que se denomina como metapoblación en red. Una metapoblación engloba varias subpoblaciones (nodos de la red) conectadas entre sí de diferentes maneras (enlaces de la red). Que estén conectadas entre sí indica que las personas pueden viajar de un nodo a otro directamente.

Una metapoblación es un modelo que simula la difusión de personas entre subpoblaciones, en este caso ayudando a estudiar cómo afecta la movilidad a la difusión de la epidemia. De teoría de redes, se pueden aplicar varios tipos de redes, véase red Erdős-Rényi, red libre de escala, red aleatoria geométrica, etc.

Con el fin de comprender un poco mejor el uso de estas redes complejas para simular sistemas reales, se ha reproducido la red de aeropuertos del mundo a partir de dos bases de datos, una con los aeropuertos y sus coordenadas y otra con sus rutas, es decir, sus conexiones.



Figura 1: Red de aeropuertos del mundo y sus rutas, para realizar esta red se han usado 3214 aeropuertos.

2.4.2. Modelo de difusión

Una vez se crea la red, hay que imponer un tipo de movilidad a través de las subpoblaciones conectadas, es decir, definir el tráfico de personas en la metapoblación. Hay muchas posibilidades en cuanto a simular la difusión humana a lo largo del sistema, pero con el objetivo de no complicar en exceso el modelo, se va a usar una probabilidad homogénea de viaje, siendo esto un objetivo de mejora de cara a futuros trabajos.

Una difusión homogénea se caracteriza con una probabilidad uniforme de difusión a cualquier vecino, sin importar el destino. La tasa de difusión de una subpoblación i a una subpoblación j conectadas viene dada por la expresión 19:

$$d_{ij} = \frac{p}{k_i} \quad i \neq j. \quad (19)$$

Donde p , el parámetro de movilidad, es la probabilidad de que una persona viaje a algún vecino. Sumando sobre todos los vecinos j , tenemos

$$\sum_{j \in \text{vecinos}} d_{ij} = \sum_{j \in \text{vecinos}} \frac{p}{k_i}. \quad (20)$$

Pero también hay que tener en cuenta la posibilidad de no viajar, es decir, d_{ii} . De esta manera se cumple que :

$$\sum_{j \in \text{vecinos}} d_{ij} + d_{ii} = 1, \quad \sum_{j \in \text{vecinos}} \frac{p}{k_i} + d_{ii} = 1. \quad (21)$$

Se puede comprobar que si $p = 0$, el sumatorio sobre los vecinos es nulo y obtenemos $d_{ii} = 1$, significando esto que todos los individuos se quedan en su nodo de origen. En el otro extremo, si $p = 1$, significa que todos los individuos se reparten de manera equitativa entre sus vecinos.

Por otro lado, para establecer la población en equilibrio (debido a que las poblaciones con más grado acabarán teniendo más habitantes), se establece una población inicial siguiendo la expresión obtenida de [4]:

$$N_i = \frac{k_i}{\langle k \rangle} N_{base}. \quad (22)$$

2.4.3. Reacciones epidemiológicas

Respecto a la parte computacional, se realizan simulaciones estocásticas de Monte Carlo. Con esto se consigue replicar el comportamiento dictado por las probabilidades de infección, recuperación y movilidad.

La probabilidad de infección requiere especial atención en este modelo con población heterogénea. Al tener dos grupos poblacionales tendremos dos probabilidades de infección, debido a que las dos clases tienen diferente número de contactos. Estas magnitudes vienen dadas por la expresión 23:

$$\begin{aligned} P_1(S \rightarrow I) &= 1 - (1 - \beta \Delta t)^{C_{11}I_1} (1 - \beta \Delta t)^{C_{12}I_2}, \\ P_2(S \rightarrow I) &= 1 - (1 - \beta \Delta t)^{C_{21}I_1} (1 - \beta \Delta t)^{C_{22}I_2}. \end{aligned} \quad (23)$$

Obteniendo los nuevos casos generados de clase i en un paso temporal t . Computacionalmente, el número de infectados en cada paso temporal se puede calcular siguiendo una distribución binomial dada por la expresión 24.

$$\text{nuevos casos}_{i,t} = \text{Bin}(S_{i,t}, P_{i,t}(S \rightarrow I)) \quad (24)$$

2.4.4. Umbral de invasión global R_*

En la sección 2.1 se define el número reproductivo básico R_0 . R_0 indica el umbral de que la epidemia trascienda en una subpoblación, pero se necesita un parámetro para la invasión global de la metapoblación. Se define así R_* como el número de subpoblaciones secundarias infectadas a partir de una subpoblación infectada. Análogamente a R_0 , si $R_* > 1$ la epidemia percola en la metapoblación, mientras que si $R_* < 1$, la epidemia no afecta a una fracción significativa de esta.

Fijándose en [4], se puede obtener una expresión para R_* expuesta en 25.

$$R_* = (R_0 - 1) \frac{\langle k^{2+2\theta} \rangle - \langle k^{1+2\theta} \rangle p \bar{N} \alpha}{\langle k^{1+\theta} \rangle^2 \mu}, \quad (25)$$

dónde $\langle k \rangle$ y $\langle k^2 \rangle$ son, respectivamente, el primer y el segundo momento de la distribución de grado $P(k)$. R_0 es el número reproductivo básico, que como se explica en la sección 2.1 toma el valor de $R_0 = \beta / \mu$. \bar{N} corresponde a N_{base} expresada en 22, p es el parámetro de movilidad y μ la tasa de recuperados. El parámetro α sigue la expresión 26 para el modelo SIR.

$$\alpha = \frac{2(R_0 - 1)}{R_0^2}. \quad (26)$$

El parámetro θ , en el caso de la difusión homogénea, toma un valor de $\theta = 0$, obteniendo la expresión:

$$R_* = (R_0 - 1) \frac{\langle k^2 \rangle - \langle k \rangle p \bar{N} \alpha}{\langle k \rangle^2 \mu}. \quad (27)$$

3. Modelo

3.1. Estructura espacial utilizada y parámetros

Para modelizar la metapoblación se ha usado una red libre de escala con 100 nodos. La distribución de probabilidad del grado de cada subpoblación en una red libre de escala es $P(k) = k^{-\gamma}$. De esta manera se establece un grado mínimo, en este caso $k_{min} = 3$ y un grado máximo $k_{max} = 20$, siguiendo la distribución de grado, la mayoría de los nodos tendrán grado 3 mientras que unos pocos tendrán grados cercanos a 20. γ toma valores entre 2 y 3, dependiendo de la heterogeneidad deseada de la red, en este caso se impone un valor de $\gamma = 2.5$.

3.2. Modelo de difusión y parámetros

Respecto al modelo de difusión, se utiliza el modelo de difusión homogéneo explicado en la sección 2.4.2. El parámetro de movilidad p varía su valor para poder contemplar varios escenarios con un tráfico alto/bajo de agentes.

3.3. Modelo de contagio y parámetros

El número reproductivo básico toma un valor para todas las simulaciones de $R_0 = 1.25$. Esto significa que nos encontramos por encima del umbral de la epidemia en cada subpoblación. Además, se fija la probabilidad de recuperación $\mu = 0.10$.

Los parámetros de control son los restantes expuestos en la matriz de contactos C , es decir:

- α , fracción de agentes de clase 1.
- η , relación entre la actividad social de los agentes de clase 2 respecto de la actividad social de los agentes de clase 1.
- ϵ , regula la mezcla de clases, es decir, si son más comunes las interacciones intraclases o interclases.

Con el fin de contemplar diferentes escenarios se realiza un barrido respecto a los parámetros η y ϵ para algunos valores representativos de α . De esta manera se puede obtener un entendimiento de los posibles escenarios a los que nos podemos enfrentar.

Con respecto a la transmisividad del patógeno β , habiendo fijado el valor de los parámetros restantes se puede obtener de la matriz de siguiente-generación introducida en la sección 2.3.

3.4. Modelo de medidas de control

El objetivo final de este trabajo es simular cómo avanza la epidemia si solo pueden cumplir las medidas de restricción de contactos una de las dos clases. Veamos entonces cómo afecta una reducción de contactos a la matriz de contactos C .

El objetivo es pasar de una matriz C a una matriz C' con una disminución de contactos. Vamos a restringir los contactos de la clase 2 una fracción f en una distribución equitativa entre sus contactos con la clase 1 y su propia clase. Sea f la fracción de contactos reducidos impuesta en un agente de clase 2, donde $f \in [0,1]$, obtenemos la matriz 28.

$$C' = \begin{pmatrix} C_{11} & fC_{12} \\ fC_{21} & fC_{22} \end{pmatrix}. \quad (28)$$

Luego, después de todo, la matriz de contactos transformada es simplemente aplicar una fracción f de reducción de contactos a la clase implicada. Esta sencillez se debe en parte a las asunciones para la proposición de la transformación. Se puede ver como en [7], se propone la misma transformación explorando la reducción de contactos.

Además de las medidas de reducción de contactos se establecerán unos cierres a las ciudades con brotes, es decir, no pueden ni entrar ni salir agentes de clase 2 de la ciudad a la cual se le ha aplicado la medida.

La pregunta es, ¿cuándo activamos las medidas? Para evitar una mayor complejidad activamos las dos medidas cuando el número de infectados en un instante de tiempo supera los 200 infectados por cada 10000 personas, es decir:

$$\begin{cases} p_i = 0, f = f & \text{si } I(t) > 0.02N, \\ p_i = p_i, f = 1 & \text{si } I(t) < 0.02N. \end{cases} \quad (29)$$

Cabe destacar que esta activación es local, es decir, se aplica de manera individual a cada nodo que supera dicho umbral. Además, las medidas se activan de manera permanente hasta el final de la epidemia. Las medidas impuestas se denominan medidas NPI (*Non-pharmaceutical interventions*), como la reducción de contactos o el cierre de poblaciones.

3.5. Limitaciones de la reducción de contactos

Se ha obtenido la expresión 28 para la matriz de contacto bajo una medida de reducción de contactos. La pregunta es, ¿cómo afecta esto al número reproductivo R_0 ?

Bien, esto tiene respuesta analítica, si suponemos una reducción total de contactos ($f = 0$), a partir de la *next-generation matrix* se obtiene:

$$R = \frac{\beta}{\mu} \begin{pmatrix} 1 - \frac{\epsilon}{\alpha} & 0 \\ 0 & 0 \end{pmatrix}. \quad (30)$$

Como R_{eff} es el mayor autovalor de R , sigue la expresión 31:

$$R_{eff} = \frac{\beta}{\mu} \left(1 - \frac{\epsilon}{\alpha_1} \right). \quad (31)$$

Se puede ver que la máxima eficiencia de la medida de reducción de contactos es cuando $\epsilon = \alpha_1$, dado que $R_{eff} = 0$. Esto solo se puede producir para los casos en los que $\alpha_1 < \eta\alpha_2$, recordemos que $\epsilon = \min(\alpha_1, \eta\alpha_2)$.

Conociendo esto, se puede hacer un barrido en η y ϵ para calcular los posibles valores que toma R_{eff} tras una medida NPI de reducción de contactos. Un ejemplo se puede ver en la figura 2.

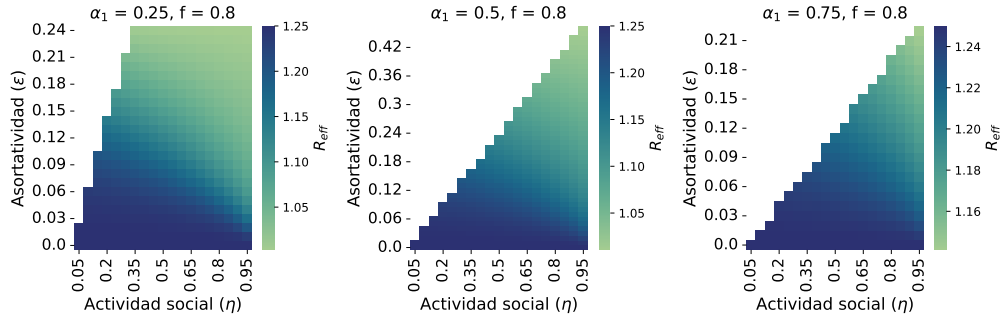


Figura 2: R_{eff} alcanzado tras una reducción de contactos de $f = 0.8$ para ciertas combinaciones de parámetros de control.

Se ve un claro problema, con una reducción de contactos de $f = 0.8$, el número reproductivo R_{eff} no es inferior a 1, lo que significa que el peligro de brote sigue latente. Se puede ver cómo además la medida es más efectiva cuando la mayor parte de la población la cumple, como es lógico. Este comportamiento sigue la expresión 31, cuando la mayor parte de la población es de clase 2, el máximo valor posible de ϵ es α_1 .

Si aumentamos la fracción de contactos restringidos, si que podemos encontrar escenarios en los que $R_{eff} < 1$ tras la implementación de la medida. Un ejemplo se puede ver en la figura 3.

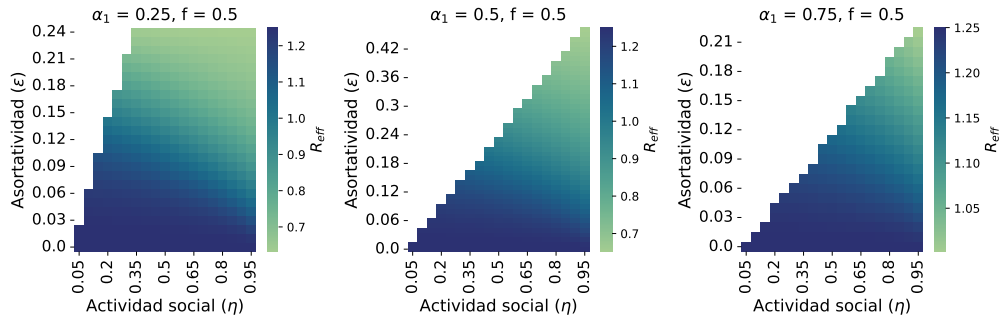


Figura 3: R_{eff} alcanzado tras una reducción de contactos de $f = 0.5$ para ciertas combinaciones de parámetros de control.

Se puede apreciar también que los resultados obtenidos para $\alpha_1 = 0.25$ y $\alpha = 0.5$ son similares, por lo que se pueden intuir las dos tipos situaciones tras la reducción de contactos, una con gran parte de la población capaz de cumplirlas ($\alpha_1 = 0.25, 0.50$) y otra con la mayoría incapaz de cumplirlas ($\alpha_1 = 0.75$). Destacar que en los casos $\alpha_1 = 0.25$ y $\alpha = 0.5$, R_{eff} sí logra ser inferior a la unidad, por lo que se puede frenar la epidemia en cada subpoblación.

4. Resultados y discusión

4.1. Umbral de movilidad para invasión global

Un parámetro común a todos los modelos de metapoblaciones es la movilidad p . Dependiendo de su valor, podría llevarnos a un $R_* > 1$ y dar lugar a una invasión global. En el caso extremo de $p = 0$, la metapoblación desaparece a efectos prácticos y tenemos una propagación de la epidemia en una sola subpoblación. Evidentemente en este caso no se puede dar una invasión global, dado que ningún individuo sale de su subpoblación de origen. Si $p = 1$ tenemos el caso opuesto, todo el mundo viaja todo el tiempo, suponiendo que $R_0 = 1.25$ para todas las subpoblaciones, en este escenario tendríamos una invasión global.

La pregunta entonces es, ¿cuál es el mínimo valor de p necesario para que la epidemia de lugar a una invasión global? Bien, para esto se realiza un barrido en torno a movilidades pequeñas (del orden de $p \approx 10^{-4}$) y se analiza la prevalencia total $r(\infty)$ del sistema. Realizando un barrido en torno a regímenes de muy baja movilidad para diferentes parámetros de α , η y ϵ , se puede observar la transición de fase en la figura 4.

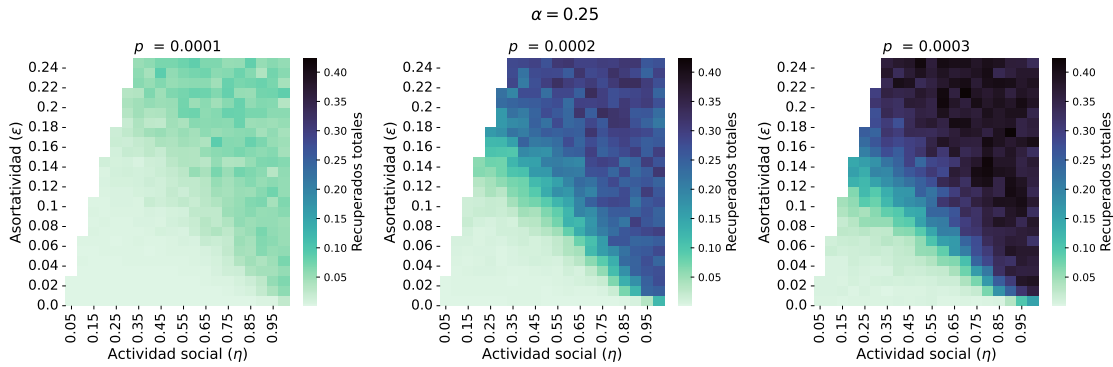


Figura 4: Transición de fase de invasión global debido a la movilidad p para $alpha = 0.25$.

Se puede ver cómo, a partir de un valor de movilidad de $p = 2 \cdot 10^{-4}$, la epidemia empieza a tener un impacto global en la población, alcanzándola para $p = 3 \cdot 10^{-4}$. Son cifras realmente bajas, solo con que viajen en promedio 3 individuos por cada 10000, se alcanza una invasión global. Aún así, en la figura 4 se puede seguir viendo la influencia del comportamiento de la clase 2 en la prevalencia total, siendo esta muy baja para los escenarios en los que la clase 2 es muy poco sociable. En cambio, fijándonos en la figura 5, se puede ver cómo los diferentes comportamientos de la clase 2 no tienen apenas influencia en la prevalencia total. Aún así, la transición de invasión global respecto al parámetro de movilidad continúa siendo la misma.

Este umbral de movilidad observado se puede comprobar de manera analítica haciendo uso de la expresión 25, sustituyendo los valores usados, el valor de movilidad crítico es $p_c = 2.61 \cdot 10^{-4}$. Para ver un análisis más detallado del parámetro de movilidad acudir al apéndice B.

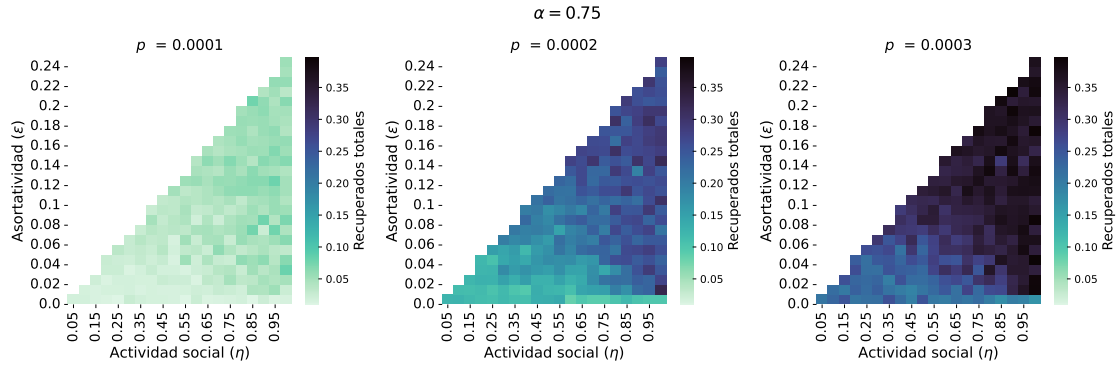


Figura 5: Transición de fase de invasión global debido a la movilidad p para $\alpha = 0.75$

4.2. Comportamiento bajo invasión global

Una vez se han establecido los valores del umbral de movilidad para que haya una invasión global, se trabaja ahora con un valor de movilidad $p > p_c$, siendo $p_c \approx 2 \cdot 10^{-4}$. Ahora los escenarios de interés se analizan realizando un barrido sobre los parámetros ϵ y η para tres valores representativos de α .

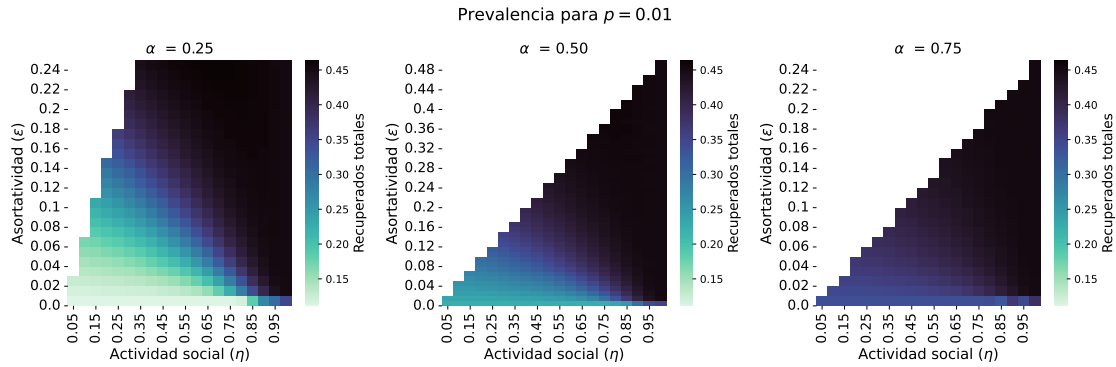


Figura 6: Prevalencia al final de la epidemia en un escenario con movilidad superior a la crítica y sin la aplicación de medidas de control.

La figura 6 muestra cómo para $\alpha = 0.75$ la prevalencia es bastante homogénea, pero cuanto menor es α , más notoria es la diferencia entre los comportamientos de la clase 2 poco sociales y muy sociales. Esto se debe a que los parámetros ϵ y η parametrizan el comportamiento de la clase 2 respecto de la 1. Concretamente, η define q_2/q_1 es decir, cuánto de social es la clase 2 respecto de la clase 1. Luego para los casos donde la mayoría de la población es de clase 2, $\alpha = 0.25$, cuando estos son poco sociales (bajos valores de η) la prevalencia es mucho menor, debido a que el número de contactos de la clase 2 es muy bajo.

¿Cómo interpretamos esto? Se puede mirar desde dos puntos de vista, desde un punto de vista de una sociedad homogénea, η corresponde a la reducción de contactos aplicada sobre la clase 2 y α representa la cantidad de personas de clase 2, siendo la clase 2 la única clase que cumple las medidas. El otro punto de vista es el que de verdad se estudia con este modelo, ϵ , η y α definen a

una sociedad de dos clases, sin aplicar ningún tipo de medidas. Esto da lugar a escenarios donde si la clase 2 es muy poco social de partida y además son mayoría con respecto a la clase 1, la difusión de la epidemia se frena por la propia naturaleza de la clase 2, sin tener que aplicar ningún tipo de intervención.

4.3. Nuevo umbral de invasión global debido a las medidas de control

Con la aplicación de las medidas de control, el umbral de invasión global es desplazado debido a que la propagación de la epidemia es menor. Es evidente que al aplicar cierres locales, el valor de p necesario para lograr una invasión global es mayor. Se puede visualizar la prevalencia para diferentes valores de movilidad aplicando cierres locales sobre la clase 2 en la figura 7.

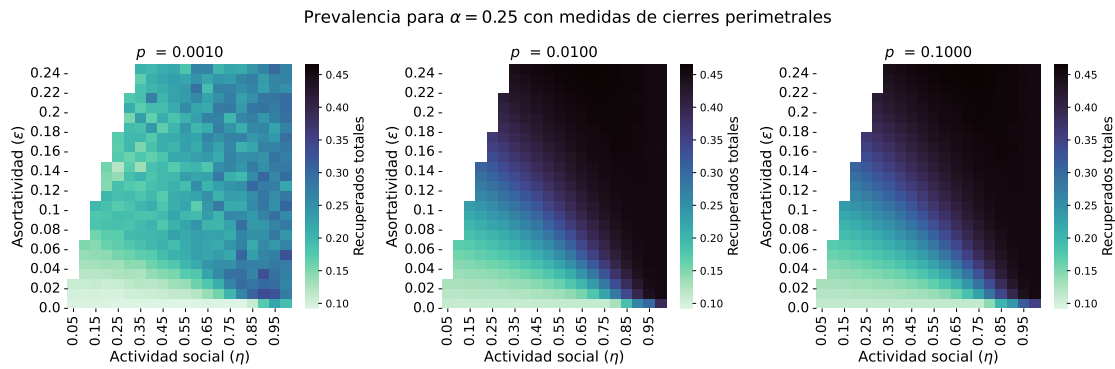


Figura 7: Transición de fase de invasión global debido a la movilidad p bajo la aplicación de cierres locales

De esta manera, el umbral aumenta en un orden de magnitud, aunque cabe mencionar que el escenario de $p = 0.001$ no es similar al primer caso de la figura 4, dado que ahora la prevalencia total se encuentra entre 0.2 y 0.3, y en la figura 4 el valor es cercano a 0.1. Siendo este análisis no tan exhaustivo como el anterior, se puede ver que el umbral de invasión global se desplaza con la aplicación de cierres globales como debería ocurrir.

Desafortunadamente, para los casos de $p = 0.01$ y $p = 0.10$ los cierres locales no son efectivos, es decir, se sigue observando el mismo comportamiento que en el caso donde no se aplican los cierres perimetrales. Con esto se comprueba que únicamente aplicando cierres locales y con los parámetros de movilidad estándares no es suficiente para frenar una epidemia. Contraintuitivamente a lo que uno puede pensar, aunque cerrar la subpoblación para un clase entera sea una medida muy estricta a primera vista, cuando la subpoblación supera el umbral necesario para su activación ya es demasiado tarde. Surge entonces la pregunta, ¿qué pasa si el umbral de activación de las medidas es menor? Se pueden proponer dos casos, uno proactivo y reactivo [8], pero su estudio queda fuera del alcance de este trabajo, por lo que trabajaremos con el umbral explicado en la expresión 29.

4.4. Análisis de las medidas de control en la prevalencia

Se añaden ahora las medidas de reducción de contactos además de los cierres locales sobre la clase 2 con el fin de disminuir el impacto total de la epidemia. Se realiza el análisis para dos valores de reducción de contactos $f = 0.5$ y $f = 0.8$, para $f < 0.5$ se consideran medidas demasiado ideales para poder aplicar sobre una clase.

Análogamente al proceso realizado en secciones anteriores, la prevalencia bajo efecto de las medidas de intervención no farmacéuticas (cierres locales y reducción de contactos) se analiza para diferentes escenarios de los parámetros de control.

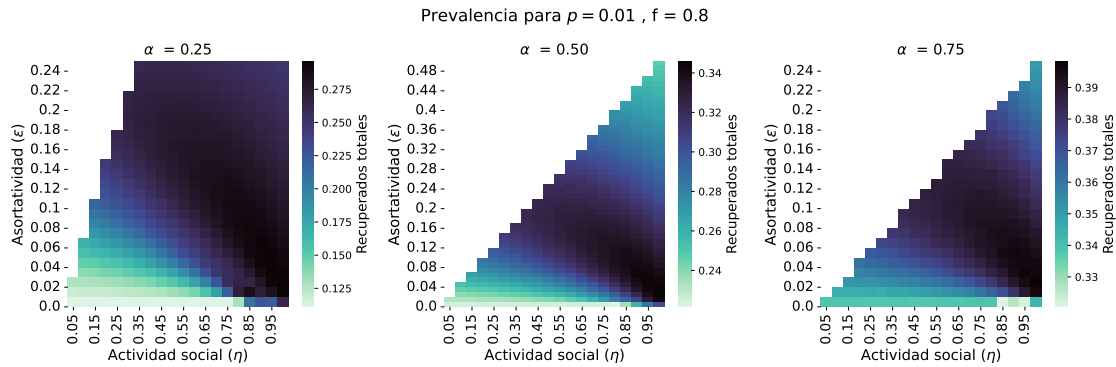


Figura 8: Prevalencia total bajo cierres locales y reducción de contactos de $f = 0.8$ sobre la clase 2.

Destacar que en la figura 8 no se han usado los mismos máximos y mínimos para todas las figuras, lo que nos impide ver una comparación a primera vista entre los casos para diferentes α . Se ha realizado así con el objetivo de observar el comportamiento "no monótono" que aparece en los diferentes escenarios. La situación más clara es $\alpha = 0.50$, ocurriendo de la misma manera en $\alpha = 0.25$ y en $\alpha = 0.75$. ¿Cómo se entiende este comportamiento? En la sección 3.5 se explica cómo R_0 solo es reducido para los valores altos de η y ϵ , de ahí el comportamiento observado. Para valores bajos de η y ϵ , la propia naturaleza de la clase 2 actúa como medida de control de la propagación, luego se alcanzan valores mayores de prevalencia cuando las propiedades de la clase 2 ya no son suficientes para disminuir el impacto de la epidemia, y por último la prevalencia se reduce debido a los efectos de la reducción de contactos (se puede ver cómo corresponde a la zona de R_{eff} más bajo en la figura 2).

Si comprobamos el mismo efecto para un valor de $f = 0.5$ (Figura 9), se observa que el impacto de la epidemia es mucho menor en los casos en los que la población de clase 2 es muy activa, además, para el caso de $\alpha = 0.25$ vuelve a observarse esa no monotonía, con una región de máximos mencionada previamente en la Figura 8, estando presente pero de manera menos notoria para $\alpha = 0.50$. Se ha realizado el mismo análisis para diferentes valores de movilidad ($p = 0.1, 0.01$ y 0.001) pero los resultados no varían de forma significativa (Ver apéndice sección A).

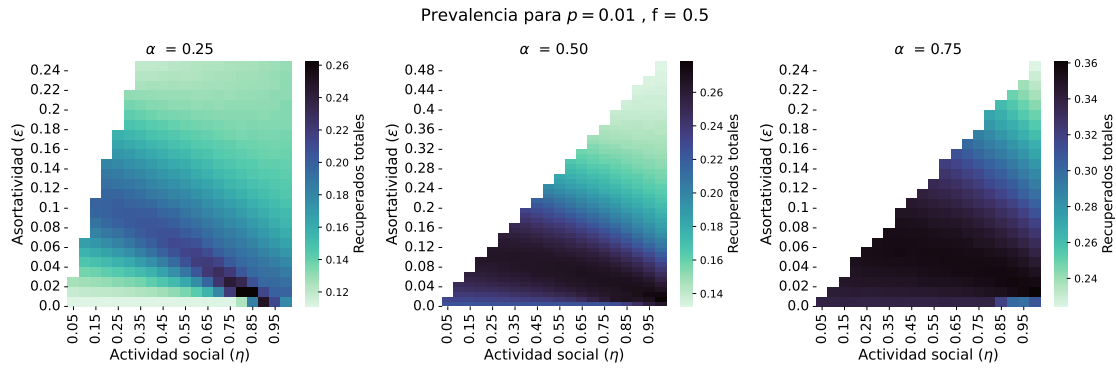


Figura 9: Prevalencia en los diferentes escenarios de sociedad aplicando medidas de control $f = 0.5$ en los agentes de clase 2.

No se puede realizar una comparación para los diferentes valores de α en las figuras 9 y 8 debido a que cada mapa de calor tiene su propia escala con la finalidad de observar el comportamiento de cada escenario. Si el objetivo es comparar el impacto de los diferentes casos, en la figura 10 se fijan los máximos y mínimos globales. Se observa que cuando la mayoría de la población es de clase 2 ($\alpha = 0.25$) el impacto de la epidemia es mucho menor que en el caso opuesto ($\alpha = 0.75$), este comportamiento es similar al efecto del parametro de actividad social explicado en la sección 4.2, a diferencia de que ahora esto no ocurre por la propia naturaleza de la clase 2, si no que ocurre por las medidas de control impuestas. El análisis principal de esta sección es la gran importancia del parámetro α , dado que señala el porcentaje de población incapaz de cumplir las medidas. Se pueden contemplar entonces dos escenarios, cuando la mayoría de la población puede cumplir las medidas ($\alpha < 0.5$) y cuando la mayoría de la población no pueden cumplirlas ($\alpha > 0.5$), resultando en un impacto mucho menor de la epidemia el caso $\alpha < 0.5$.

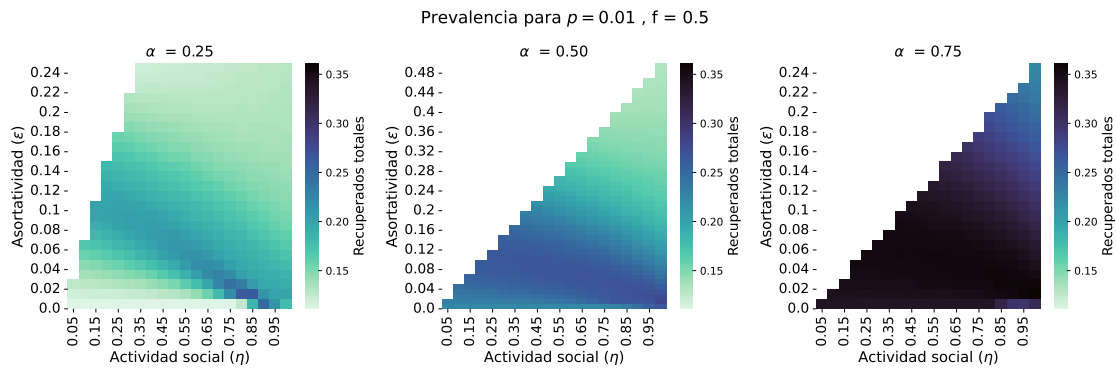


Figura 10: Comparación del impacto en la prevalencia de las medidas de control $f = 0.5$ para diferentes valores significativos de α .

4.5. Análisis del efecto de las medidas de control

En la sección anterior se ha analizado la dinámica bajo el efecto de las medidas de intervención no farmacéutica, explicando el comportamiento observado en los mapas de calor. Además, en la figura 10 se observa la influencia del parámetro α . Además de analizar la dinámica y su impacto en la prevalencia para diferentes escenarios, es necesario conocer el efecto de estas en comparación al escenario sin medidas.

Para medir esa efectividad, se dividen los observables medidos con las medidas de control para los valores $f = 0,8$ y $f = 0.5$ entre los observables medidos para la dinámica sin medidas. De esta forma, si el cociente es cercano a uno, las medidas de control no han conseguido reducir el impacto de la prevalencia y si el cociente es cercano a cero, significa que las medidas han conseguido frenar significativamente el impacto de la epidemia y por tanto son muy eficaces. Este proceso se realiza para los mismos escenarios expuestos anteriormente.

En la figura 11 se comprueba que el efecto de las medidas es mayor cuanto mayor es la reducción de contactos, siguiendo el comportamiento esperado. Además se puede observar que el efecto de las medidas es mayor cuanto más social sea la clase 2, como se había anticipado en la sección 3.5. En los escenarios donde la clase 2 es muy poco social, las medidas no tienen efecto dado que estos agentes no tienen relevancia en la difusión de la epidemia. Podemos extraer entonces la conclusión de que el comportamiento de la sociedad en algunos escenarios es incluso más importante que las medidas, viendo cómo, si se aplican las medidas a una clase 2 poco sociable, estas no tienen apenas efecto. Cabe destacar que en la figura 11, el barrido en los valores de asortatividad ϵ comienza en 0.01 a diferencia de las gráficas anteriores, esto sucede porque para el valor $\epsilon = 0$, la simulación oscila mucho entre brotes fallidos y exitosos, volviéndose un escenario complejo con el objetivo de realizar un cociente entre observables.

En la figura 12 se puede apreciar mejor la poca efectividad de las intervenciones en los casos en los que la clase 2 es poco social, aunque hay que remarcar que esto no significa que sea un mal escenario, dado que en la figura 6 se ve cómo el impacto de prevalencia de estos escenarios es el menor posible.

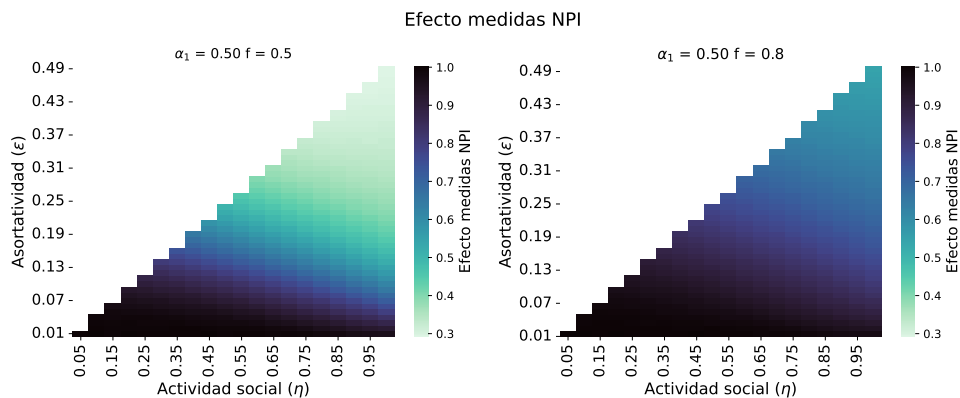


Figura 11: Efecto de las intervenciones para $f = 0.5$ y $f = 0.8$ para un valor de $\alpha = 0.50$.

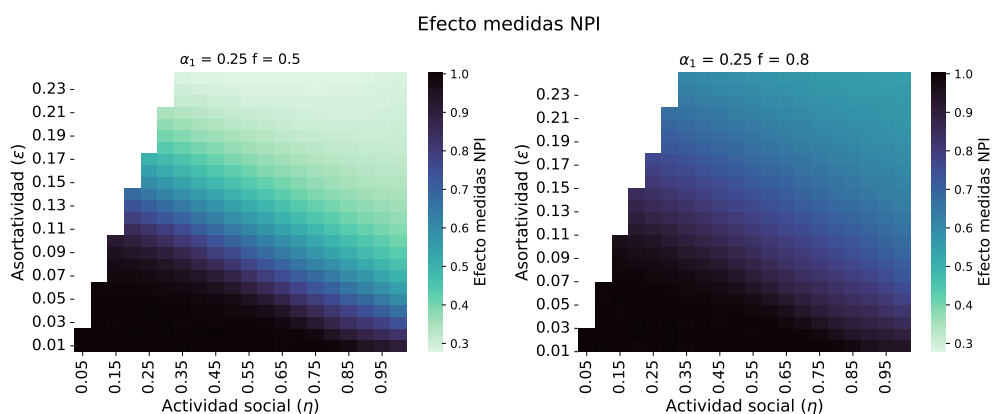


Figura 12: Efecto de las intervenciones para $f = 0.5$ y $f = 0.8$ para un valor de $\alpha = 0.25$.

Una vez analizados los casos, se llega a la conclusión de hay que analizar previamente el tipo de sociedad al que nos enfrentamos antes decidir lo estrictas que van a ser las medidas a imponer. Por ejemplo, en el caso de la figura 12, si nos encontramos con una clase 2 poco sociable, no tiene sentido aplicar las medidas de ningún tipo, dado que no son efectivas, pero si se aplicaran, con unas medidas de $f = 0.8$ se consigue el mismo efecto que con unas de $f = 0.5$, por lo que es mejor optar por las menos estrictas.

Para obtener una herramienta de análisis que ayude a elegir cuánto más de efectiva es una medida que otra, se realiza el mismo procedimiento que en las figuras 12 y 11 pero ahora dividiendo la eficacia de la medida para $f = 0.5$ entre la eficacia de la medida de $f = 0.8$. Si este valor es cercano a uno significa que no hay diferencia entre la eficacia de las medidas mientras que cuanto más se aleje de uno, más eficaz es la reducción de contactos de $f = 0.5$ respecto a la de $f = 0.8$. En la figura 13 se puede observar cómo en la zona donde la clase 2 es poco social el efecto de las medidas es el mismo, pero esta información no añade ninguna ventaja dado que en esta zona el efecto de las dos medidas es nulo. Aun así, esta herramienta se puede usar para establecer una estrategia a la hora de implantar las intervenciones no farmacéuticas. Una reducción de contactos implica una disminución de actividad social lo que se puede traducir en una disminución de actividad económica. De esta manera, teniendo en cuenta el aspecto económico, hay que encontrar un equilibrio entre la eficacia de la reducción de contactos y la disminución de actividad social.

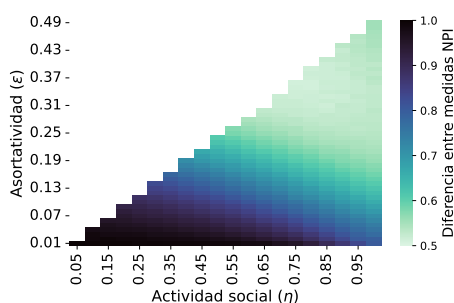


Figura 13: Comparación del efecto de las medidas de intervención con $f = 0.5$ y $f = 0.8$

4.6. Aplicación sobre datos reales

En las pasadas secciones se han analizado todos los escenarios posibles dependiendo de los parámetros de control η y ϵ para valores significativos de α . Estos parámetros se pueden concretar para una sociedad con el objetivo de analizar el efecto de las medidas sobre un escenario determinado. En [9] se muestran los valores de α, η , y ϵ para diferentes países obtenidos mediante un estudio. En este caso, la división de clases se realiza en función del grupo de edad, siendo la clase 1 niños y la clase 2 adultos. Una vez obtenidos los valores, se puede observar para cada caso el efecto de las medidas de reducción de contactos cierres perimetrales sobre los adultos.

País o Región	α	η	ϵ
Alemania	0.18	0.75	0.098
Finlandia	0.21	0.79	0.091
Gran Bretaña	0.22	0.75	0.115
Italia	0.17	0.62	0.083
Luxemburgo	0.22	0.93	0.107
Países Bajos	0.22	0.83	0.094
Polonia	0.21	0.97	0.100
Europa	0.20	0.79	0.097
México	0.32	0.32	0.063

Cuadro 1: Valores de α , η , y ϵ para distintos países y regiones obtenidos en [9].

En este caso α representa la fracción de niños en la población, η por tanto representa cómo de social es la clase adulta respecto a los niños, y ϵ representa la fracción de mezcla entre grupos. En la tabla 1 se pueden reconocer comportamientos interesantes: en la parte norte de Europa, los valores de los parámetros de control son más o menos similares, el parámetro que realmente distingue la cultura de la sociedad, η , es cercano para los países Alemania, Finlandia, Gran Bretaña y Países Bajos. Este comportamiento cambia en un país mediterráneo como es Italia, donde los niños son bastante más sociales que los adultos y además la mezcla entre clases es menor. Por otro lado encontramos países como Polonia y Luxemburgo, donde la actividad social de adultos y niños es similar. En última instancia encontramos al único país de otro continente, México, donde los tres parámetros son muy diferentes al resto. La fracción de niños es aproximadamente un tercio de la población, además, la actividad social de los niños es aproximadamente tres veces más que la de los adultos y las clases se mezclan menos.

Comparando estos escenarios con los analizados en las secciones anteriores, nos encontramos cerca del caso de $\alpha = 0.25$, esto es una buena noticia dado que tres cuartas partes de la población pueden cumplir las medidas de control, además como se ha visto en secciones anteriores, es el escenario para el que se obtienen mejores resultados. A primera vista, dada la importancia de los parámetros α y η , México va a ser el país en el que menos efecto van a hacer las medidas de control propuestas. Esto se debe a que la clase que cumple las medidas tiene mucha menos actividad social que en los demás países y, además, la fracción de personas que pueden cumplir las medidas es menor.

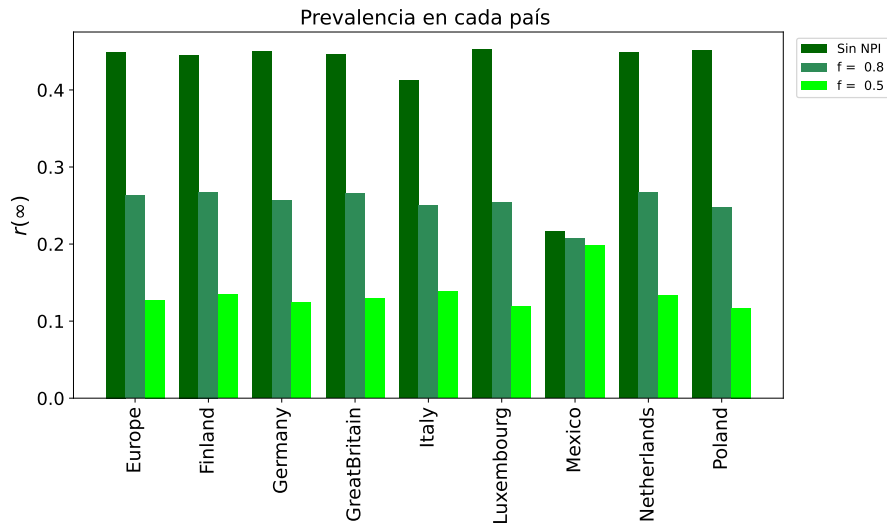


Figura 14: Prevalencia para cada país o región para los tres casos estudiados, sin medidas de control, con medidas de control para un valor de reducción de contactos de $f = 0.8$ y para una reducción de contactos de $f = 0.5$.

En la figura 14 se puede observar la prevalencia para cada país en los diferentes casos de medidas de intervención. Se pueden comprobar los comportamientos mencionados anteriormente, los países nórdicos con comportamientos similares (Alemania, Gran Bretaña, Finlandia y Países Bajos) obtienen resultados similares, una prevalencia alta para el caso sin medidas y una reducción del impacto considerable para los casos de $f = 0.8$ y $f = 0.5$, obteniendo para este último caso una prevalencia muy baja. A este grupo de países se añaden Luxemburgo y Polonia, cuyos resultados no difieren mucho de los países anteriores. Con esto se puede concluir que la influencia del parámetro η no varía mucho a partir de $\eta = 0.75$ (valor más bajo de η de estos países).

En el caso de Italia, la prevalencia sin medidas de control es menor, pero tras aplicar estas, la prevalencia se encuentra a la par que estos países, en este caso se equilibra que haya mayor fracción de gente que pueda cumplir las medidas con que esta clase sea menos social que en otros casos. Sin embargo, México tiene un comportamiento diferente al resto, la prevalencia inicial sin medidas es mucho menor que las demás, pero el efecto de las medidas es muy bajo, es más, pese a que su prevalencia inicial es menor de la mitad de las prevalencias de los otros países, su prevalencia con las medidas de control $f = 0.5$ es mucho mayor que las de los demás países. Esto da una comprensión sobre los distintos tipos de escenarios: puede haber una sociedad donde el impacto de la epidemia sin medidas sea menor, pero que al aplicar las medidas esta apenas disminuya. Concluyendo que en el caso de México, teniendo en cuenta que la reducción de contactos implica una pérdida de actividad económica, no es beneficioso aplicar las medidas de control propuestas, mientras que en el resto de países suponen un gran avance para lidiar con la epidemia.

4.7. Análisis para los diferentes tipos de escenarios

Durante las secciones anteriores se ha expuesto el impacto de la prevalencia total para una población con medidas de intervención no farmacéutica y el efecto de ellas. Todo ello ha sido analizado para todos los posibles escenarios de comportamiento de la clase 2. Si bien los mapas de calor expuestos nos dan una muy buena idea del comportamiento y la dependencia del sistema con los parámetros de control, podemos obtener una herramienta que sintetice los escenarios representativos de los parámetros expuestos en secciones anteriores.

Es por ello que se ha realizado una división de los diferentes escenarios en función de α , para los valores expuestos en casos anteriores; en función de la magnitud de la intervención y en función de la actividad de la clase 2, baja, media y alta. La diferenciación de la clase 2 en sus diferentes escenarios de actividad se ha realizado usando un algoritmo de *Computación Bayesiana Aproximada* explicado en la sección C.

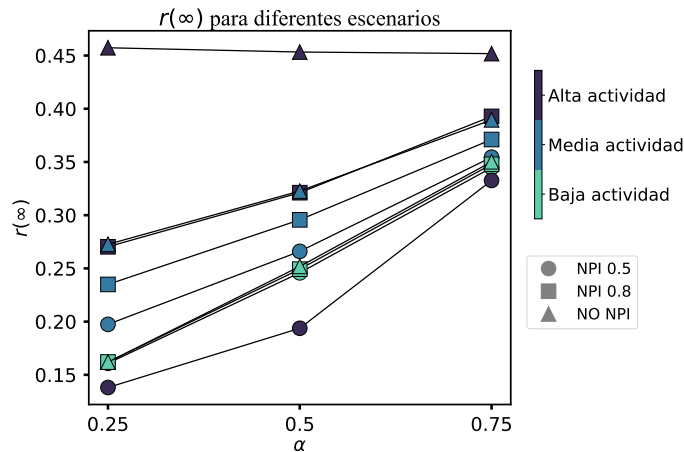


Figura 15: Prevalencia al final de la epidemia para diferentes escenarios de la sociedad, el tipo de punto refleja la magnitud de las medidas NPI, el color refleja la actividad de la clase 2 y el eje x representa la fracción de agentes de clase 1.

La figura 15 refleja los diferentes tipos de escenarios vistos en la dinámica explicada secciones anteriores. Si analizamos el efecto de las medidas, se puede observar que cuando la clase 2 es poco activa, el efecto de estas es nulo, no afectan al transcurso de la epidemia porque se efectúan sobre la clase 2. Para una actividad media de la clase 2, las medidas surten efecto, pero no de la misma manera que cuando tenemos una clase 2 con una alta actividad social.

Si nos fijamos en la importancia del porcentaje de población de clase 1, cuanto mayor es la fracción de población que cumple las medidas, menor es la prevalencia de la sociedad. Una característica a destacar es que para valores de alta actividad de la clase 2, al aplicar la medidas $f = 0.5$, obtenemos una prevalencia menor que cuando la actividad es baja, esto se debe a que se aplican medidas de reducción de contactos a una clase muy social, por lo que la reducción del impacto de la epidemia es mayor.

4.7 Análisis para los diferentes tipos de escenarios

Se puede ver también cómo las diferentes actividades sociales tienen mayor efecto en la prevalencia cuanto mayor sea la fracción de personas con esta actividad, viendo como el abanico de valores de la prevalencia en $\alpha = 0.25$ es mayor al de $\alpha = 0.75$. Esto ocurre dado que debido a su actividad, la clase 2 actúa por su propia naturaleza como una medida de reducción de contactos

Destacar que el escenario que parece no seguir la misma tendencia de los demás es el escenario sin medidas de control y una alta actividad de clase 2. Esto sucede debido a que cuando se habla de la actividad de clase 2, se habla mayoritariamente del parámetro η (con una contribución del parámetro ϵ), y una alta actividad social de clase 2 se refiere a un valor de η cercano a 1, si se recuerda la definición de η , indica la relación entre los contactos de clase 1 con clase 2, por lo que un valor de η cercano a 1 nos devuelve al caso de población homogénea.

Los datos usados para alta/media/baja actividad de la clase 2 se muestran en la siguiente tabla 2:

Actividad	α	η	ϵ
Baja	0.25	0.15	0.05
Baja	0.50	0.20	0.03
Baja	0.75	0.35	0.01
Media	0.25	0.25	0.11
Media	0.50	0.35	0.09
Media	0.75	0.60	0.03
Alta	0.25	0.90	0.16
Alta	0.50	0.95	0.16
Alta	0.75	0.95	0.07

Cuadro 2: Valores de η y ϵ para los diferentes tipos de actividad obtenidos en C.

El valor más determinante a la hora de clasificar la actividad es η , dado que siempre que aumenta la actividad, este aumenta también. Se puede ver que ϵ no sigue un comportamiento definido, debido a que influye menos en el desarrollo de la epidemia como se puede ver en los diversos mapas de calor.

5. Conclusión

En este trabajo, se ha analizado la prevalencia en una metapoblación con una sociedad heterogénea compuesta por dos tipos de agentes. Se ha observado el impacto de la epidemia en función de los parámetros de control que recordamos, son α (fracción de agentes clase 1), ϵ (cuantifica la mezcla entre clase 1 y clase 2) y η (cuánto de social es la clase 2 en comparación con la clase 1).

Una vez comprendidos los diferentes escenarios, se ha analizado la introducción de medidas de contención de la epidemia de carácter no farmacéutico en forma de aislamientos de las subpoblaciones y reducción de contactos con la peculiaridad de que solo pueden cumplir estas medidas una de las dos clases de la población.

Los resultados obtenidos reflejan que sin la introducción de las medidas de contención, si la fracción mayoritaria es poco social, el impacto de la epidemia se reduce considerablemente. Una vez implementadas estas medidas, se ha demostrado cómo tienen mayor efectividad cuanto más estricta sea la medida, pero a su vez cuanto más social sea la clase sobre la que aplicamos las medidas (ver figura 15). Destacar que las medidas de reducción de contactos no mitigan el impacto si se aplican sobre una clase muy poco activa. Otro factor importante a tener en cuenta al aplicar las medidas es la fracción de la población que puede cumplirlas, siendo más efectivas cuanto mayor sea esta fracción.

Un modelo de metapoblaciones heterogéneas aporta nuevas perspectivas a la hora de analizar la propagación de una epidemia donde hay una componente espacial y no todo el mundo puede cumplir con las medidas de control propuesta. Sin embargo, somos conscientes de los puntos débiles del modelo y valdría tener en cuenta las siguientes mejoras o extensiones en futuros trabajos relacionados:

- Heterogeneidad inter-subpoblacional. Es decir, introducir diferencias en la composición de las poblaciones en cada nodo de la metapoblación.
- Modelos de movilidad más realistas. Se ha usado una movilidad markoviana homogénea, pero se pueden implementar modelos más sofisticados con bases reales.
- Metapoblaciones basadas en sistemas reales.
- Establecer una división de clases concretas, en este trabajo se han explorado todas las posibilidades, pero si se fijan los parámetros de control se obtiene una división que puede estar basada en edad, clase económica, etc.
- Optimización del código, con el objetivo de obtener de manera más eficaz los resultados.

Referencias

- [1] A. Barrat, M. Barthelemy, R. Pastor-Satorras, and A. Vespignani, “The architecture of complex weighted networks,” *Proceedings of the national academy of sciences*, vol. 101, no. 11, pp. 3747–3752, 2004.
- [2] V. Colizza, A. Barrat, M. Barthélemy, and A. Vespignani, “The role of the airline transportation network in the prediction and predictability of global epidemics,” *Proceedings of the National Academy of Sciences*, vol. 103, no. 7, pp. 2015–2020, 2006.
- [3] Y. Moreno, R. Pastor-Satorras, and A. Vespignani, “Epidemic outbreaks in complex heterogeneous networks,” *The European Physical Journal B-Condensed Matter and Complex Systems*, vol. 26, pp. 521–529, 2002.
- [4] V. Colizza and A. Vespignani, “Epidemic modeling in metapopulation systems with heterogeneous coupling pattern: Theory and simulations,” *Journal of theoretical biology*, vol. 251, no. 3, pp. 450–467, 2008.
- [5] A. Apolloni, C. Poletto, J. J. Ramasco, P. Jensen, and V. Colizza, “Metapopulation epidemic models with heterogeneous mixing and travel behaviour,” *Theoretical Biology and Medical Modelling*, vol. 11, pp. 1–26, 2014.
- [6] O. Diekmann, J. Heesterbeek, and M. G. Roberts, “The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models,” *Journal of the royal society interface*, vol. 7, no. 47, pp. 873–885, 2010.
- [7] L. H. Duczmal, A. C. L. Almeida, D. B. Duczmal, C. R. L. Alves, F. C. O. Magalhães, M. S. d. Lima, I. R. Silva, and R. H. C. Takahashi, “Vertical social distancing policy is ineffective to contain the covid-19 pandemic,” *Cadernos de Saúde Pública*, vol. 36, p. e00084420, 2020.
- [8] A. de Miguel Arribas, A. Aleta, and Y. Moreno, “Assessing the effectiveness of perimeter lockdowns as a response to epidemics at the urban scale,” *Scientific Reports*, vol. 13, no. 1, p. 4474, 2023.
- [9] A. Apolloni, C. Poletto, and V. Colizza, “Age-specific contacts and travel patterns in the spatial spread of 2009 h1n1 influenza pandemic,” *BMC infectious diseases*, vol. 13, no. 1, pp. 1–18, 2013.
- [10] M. Sunnåker, A. G. Busetto, E. Numminen, J. Corander, M. Foll, and C. Dessimoz, “Approximate bayesian computation,” *PLoS computational biology*, vol. 9, no. 1, p. e1002803, 2013.

A. Efecto de la movilidad bajo medidas de control

En la sección 4.4 se estudia la prevalencia en la población para diferentes escenarios de los parámetros de control. Ambos escenarios de reducción de contactos $f = 0.5$ y $f = 0.8$ se analizan para un valor de movilidad de $p = 0.01$. Se puede comprobar en las figuras 16 , 17 que la variación del parámetro p una vez superado el umbral de invasión global no afecta a la prevalencia del sistema significativamente.

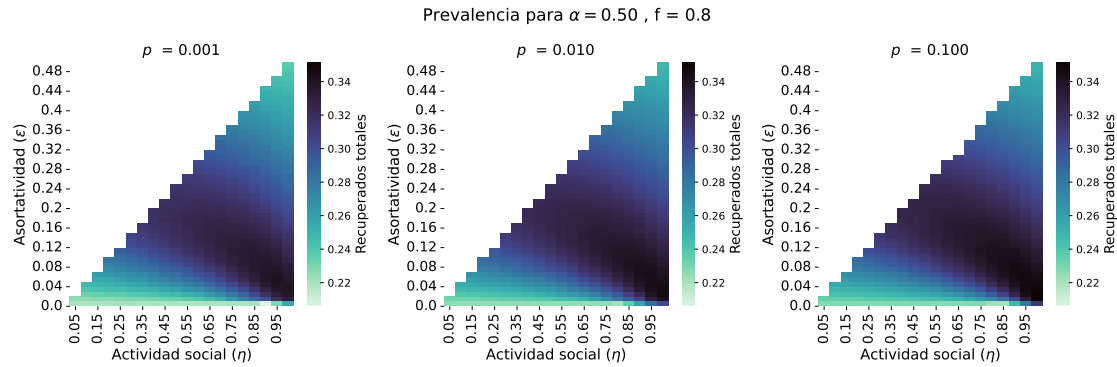


Figura 16: Prevalencia total del sistema bajo el efecto de medidas de control de magnitud $f = 0.8$ y cierres locales para diferentes valores de movilidad p .

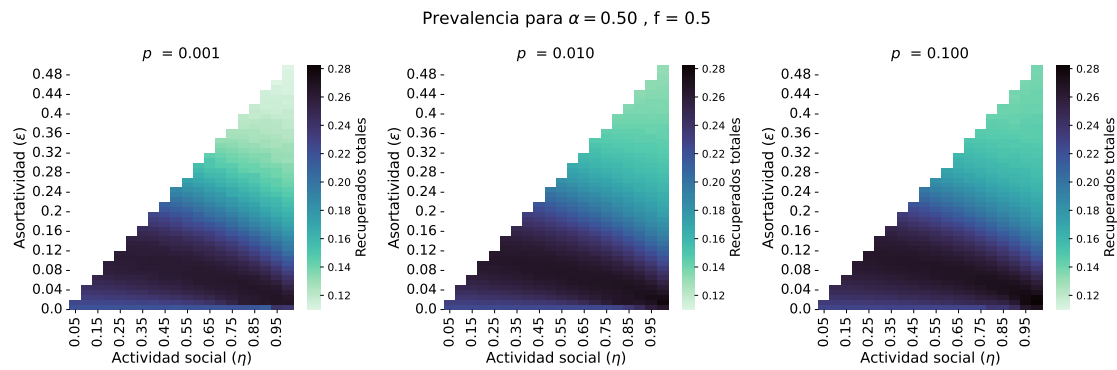


Figura 17: Prevalencia total del sistema bajo el efecto de medidas de control con $f = 0.5$ y cierres locales para diferentes valores de movilidad p .

B. Umbral de movilidad

En la sección 4.1 se han mostrado mapas de calor de la prevalencia para todos los escenarios de los parámetros η , ϵ . Si bien la prevalencia es un observable que está relacionado con la invasión global, para estudiarla en detalle necesitamos recurrir al número de poblaciones con brotes. Se considera que una población ha sufrido un brote si supera el umbral necesario para aplicar las intervenciones. En la figura 18 se puede ver cómo la transición tiene lugar entre $p = 1 \cdot 10^{-4}$ y $3 \cdot 10^{-4}$, en la sección 4.1 se analiza intervalo donde la pendiente es mayor.

Como se ha mencionado, el valor analítico de la transición es $p = 2,61 \cdot 10^{-4}$, obtenido mediante la expresión 25, pero como nuestra red está sujeta a efectos de tamaño finito, el umbral de movilidad aparece antes, en concreto sobre $p = 1 \cdot 10^{-4}$. Destacar que este análisis se ha realizado con los parámetros de control característicos de Europa obtenidos en 1.

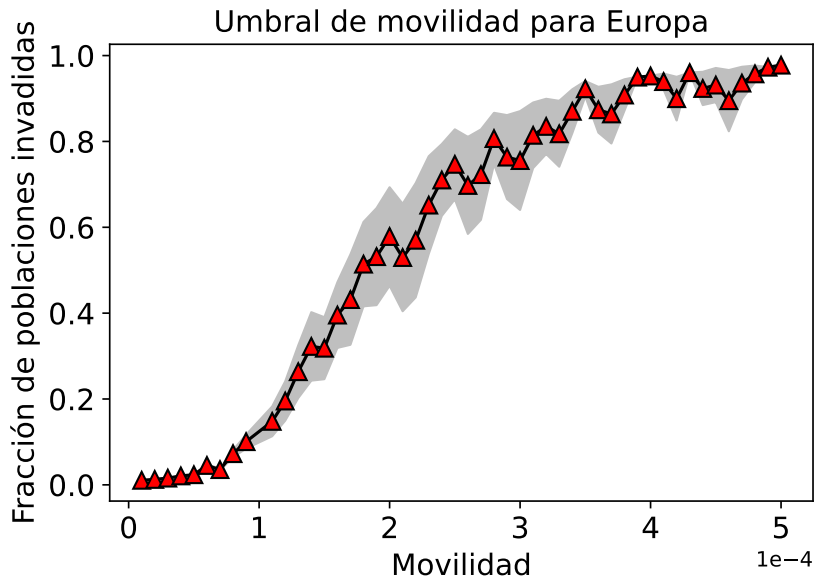


Figura 18: Fracción de poblaciones que han superado el umbral de activación de las medidas de control en función del parámetro de movilidad p .

C. Algoritmo ABC

Para obtener los diferentes escenarios de actividad social de clase 2, se ha utilizado el método ABC (*Approximate Bayesian computation*) [10]. Este método se aplica fijando el observable final de la simulación, y realizando un histograma de las combinaciones de parámetros del modelo que han logrado llegar a ese resultado. De esta manera se obtiene una distribución de probabilidad de los parámetros del modelo en función del observable final.

Aplicandolo al modelo utilizado en este trabajo, para cada α se realizan tres divisiones entre el valor mínimo y máximo de la prevalencia, y se aplica el método para el observable de la prevalencia respecto al valor medio de estos intervalos con un error del 10%. De esta manera se obtiene una distribución de los parámetros que describen el comportamiento de la clase 2, η y ϵ .

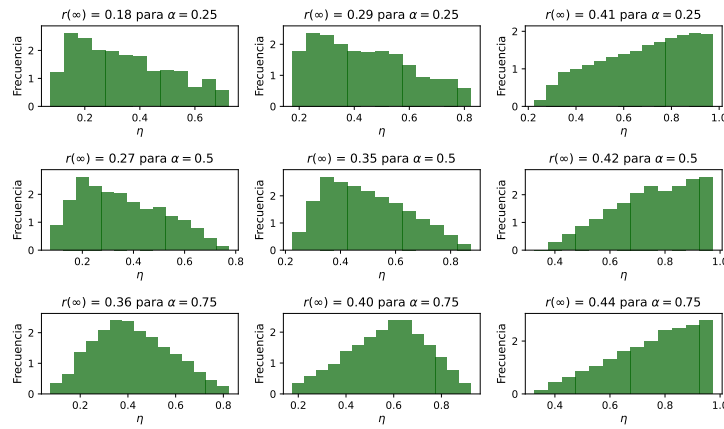


Figura 19: Distribución de probabilidad del parámetro η en función de la prevalencia obtenida.

En las figuras 19 y 20 se puede ver que para algunos escenarios el histograma converge a un valor, mientras que para otros la distribución de probabilidad no es tan clara. Como esta tarea se realiza con el objetivo de distinguir entre tres tipos de sociedades para cada valor de α , se ha decidido escoger la moda de cada distribución de ϵ y η . En este método también hay que mostrar la distribución de parámetros comprobada para obtener el observable, en este caso, como ϵ está acotado por η y α , obtenemos la distribución de probabilidad vista en los heatmaps, es decir, con esa forma característica de pirámide. Es por ello que para la columna de la derecha de ambas figuras se obtiene esa distribución.

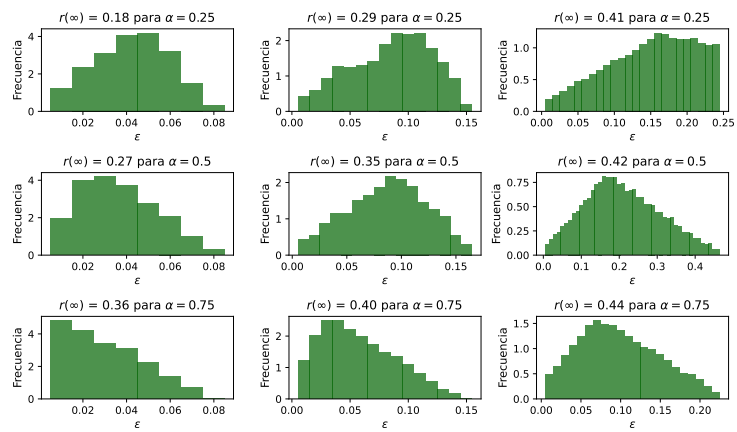


Figura 20: Distribución de probabilidad del parámetro ϵ en función de la prevalencia obtenida.