



Benemérita Universidad Autónoma de Puebla
Facultad de Ciencias Físico-Matemáticas

Licenciatura en Matemáticas Aplicadas

Título de la Tesis

Propuesta de un modelo epidemiológico en redes multiplex
usando teoría de juegos y sistemas multi-agentes

PARA OBTENER EL TÍTULO DE
LICENCIADO EN MATEMÁTICAS APLICADAS

PRESENTA

Arturo Juárez Vargas

Director de la Tesis:

Dr. Andrés Anzo Hernández

Puebla, Pue., Octubre 2022

Este trabajo de tesis va dedicado a mi madre, a mi hermano, a mi familia y a mis amigos.

Agradecimientos

Quiero agradecer a la máxima casa de estudios, la Benemérita Universidad Autónoma de Puebla, y a la Facultad de Ciencias Físico Matemáticas, por la experiencia, el crecimiento y los aprendizajes obtenidos.

Agradezco en gran manera a mi director de tesis, Dr. Andrés Anzo Hernández, por su orientación, sus conocimientos técnicos y su enorme paciencia, sin los cuales no habría podido llevar a cabo este trabajo.

De igual forma, agradezco a los miembros del jurado, Dra. Beatriz Bonilla Capilla, Dr. Jorge Velázquez Castro y Dr. José Jacobo Oliveros Oliveros, por su tiempo y sus aportaciones en la revisión de este trabajo.

Le agradezco inmensamente a mi madre por todo su apoyo durante esta etapa de mi vida y a mi hermano por toda la sabiduría que me transmite y por todo el tiempo que hemos compartido. Es imposible plasmar la gratitud que tengo en este espacio, pero les expreso mi más grande cariño y admiración.

También quiero extender mi agradecimiento a mis amigos, por todas sus palabras, consejos y experiencias vividas.

No me resulta posible nombrar una lista completa de todos aquellos que me acompañaron en este proceso, sin embargo, les doy mi más sincero agradecimiento.

Índice general

Resumen	IX
Índice de figuras	x
Índice de tablas	XIV
1. Introducción	1
1.1. Objetivos	3
1.1.1. Objetivo general	3
1.1.2. Objetivos particulares	3
1.2. Contribución	4
1.3. Organización de la tesis	4
2. Modelos epidemiológicos compartimentales y basados en agentes.	7
2.1. ¿Qué es la Epidemiología?	7
2.2. Modelos epidemiológicos compartimentales.	10
2.2.1. Modelo SIR o Modelo Kermack McKendrick.	11
2.2.2. Número reproductivo básico \mathcal{R}_0 .	15
2.2.3. Modelo SIS.	17
2.2.4. Modelo SEIRS.	19
2.2.5. Modelo SEIRSV.	22
2.2.6. Modelos Epidemiológicos Basados en Agentes	24
2.2.7. ¿Qué es un agente?	26
2.3. Modelo epidemiológico basado en agentes.	26
2.4. Resultados de la Simulación	28
3. Riesgo	33
3.1. ¿Qué es el Riesgo?	33
3.2. Estimación de Riesgo.	34

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.	38
4. Introducción a la Teoría de Juegos.	47
4.1. ¿Qué es un juego?	48
4.2. Razonamiento en un juego	49
4.3. Algunos juegos importantes.	49
4.3.1. Dilema del Prisionero.	50
4.3.2. Juego de la gallina.	51
4.3.3. Cazar un ciervo.	52
4.3.4. Juego del Ultimatum.	52
4.3.5. Piedra papel o tijeras	53
4.4. Equilibrio de Nash.	53
4.4.1. Mejor Respuesta.	55
4.5. Teoría de Juegos Evolutiva.	58
4.6. Juegos de Oportunidad.	62
5. Modelo epidemiológico en una red multiplexada.	69
5.1. Introducción a los modelos de formación de opinión con teoría de juegos.	69
5.2. Modelo epidemiológico en una red multiplexada.	70
5.2.1. Modelo M para la formación de opinión basado en teoría de juegos.	71
5.3. Juego de decisión sobre la vacunación.	74
5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.	76
6. Conclusión	95
A. Algunas definiciones de teoría de grafos.	99
Bibliografía	100

Resumen

En el presente trabajo de tesis proponemos un modelo para la propagación de epidemia en una población estructurada en forma de red multiplexada, en la que cada nodo representa un agente y los enlaces representan sus interacciones. En cada capa de la red multiplexada ocurren tres procesos. En la primera capa se simula la propagación de una enfermedad contagiosa de acuerdo con el modelo Susceptible-Expuesto-Infectado-Recuperado-Vacunado (SEIRS-V). En la segunda capa ocurre un proceso de formación de opinión entre los agentes con respecto a vacunarse o no; para ello implementamos una combinación de dos modelos: el modelo M propuesta en [1] y un modelo de formación de opinión, basado en teoría de juegos y propuesta en [2], en la cual se da una recompensa por una opinión preferida. En la última capa de la red multiplexada, se propone una medida para cuantificar la cantidad de riesgo que tiene un agente en la epidemia y se realiza un juego de oportunidad para simular el proceso de decisión individual de cada agente con respecto a vacunarse. Por medio de este modelo es posible estudiar los efectos sobre la dinámica de la epidemia, tanto de las decisiones individuales de los agentes como de parámetros tales como la efectividad de la vacuna, el riesgo, la recompensa por tener una opinión preferida y el costo de vacunarse.

Índice de figuras

2.1.	Diagrama de bloques para el modelo SIR.	12
2.2.	Solución numérica del modelo SIR (Eqs. (2.1)) con condicioens iniciales: $S(0) = 9,999$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$ y parámetros $\beta = 0.6$ y $\alpha = 0.1$	14
2.3.	Diagrama de bloques para el modelo SIR.	18
2.4.	Solución numérica del modelo SIS (Eqs. (2.5)) con condiciones iniciales: $S(0) = 9,999$, $I(0) = 1$ y parámetros $\beta = 0.275$ y $\alpha = 0.064$	19
2.5.	Diagrama de bloques para los modelos SEIR y SEIRS.	20
2.6.	Solución numérica del modelo SEIRS (Eqs. (2.6)) con condiciones iniciales: $S(0) = 9,999$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$, $R(0) = 0$ y los parámetros $\beta = 0.6$, $\alpha = 0.1$, $\omega = 0.4$ y $\gamma = 0.2$	21
2.7.	Diagrama de bloques para los modelos SEIRSV.	23
2.8.	Solución numérica del modelo SEIRV (Eqs. (2.7)) con condiciones iniciales $S(0) = 9,999$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$, $R(0) = 0$, $V(0) = 0$ y parámetros $\beta = 0.6$, $\alpha = 0.1$, $\omega = 0.4$, $\gamma = 0.2$, $\epsilon = 0.01$, $\sigma = 0.05$	25
2.9.	Curva de contagios promedio de 20 simulaciones para un grafo Erdős-Renyi	29
2.10.	Curva de contagios de 3 simulaciones elegidas aleatoriamente del ensamble de 20 simulaciones para un grafo Erdős-Renyi	30
2.11.	Curva de contagios promedio de 20 simulaciones para un grafo Barabási-Albert	31
2.12.	Curva de contagios de 3 simulaciones elegidas aleatoriamente del ensamble de 20 simulaciones para un grafo Barabási-Albert	32
3.1.	Ejemplo del estado de los agentes en una red en una iteración dada t	39
3.2.	Exposición, peligro y riesgo para una población con estructura Erdős-Renyi	40

3.3. Curva de contagios de la simulación correspondiente a los valores de la figura 3.2	41
3.4. H_i y $\frac{s_i}{k_i}$ para una población de $N = 50$ agentes conectados con una estructura Erdős-Rényi	42
3.5. Exposición, peligro y riesgo para una población de $N = 50$ agentes conectados con una estructura de Barabási-Albert.	44
3.6. Curva de contagios de la simulación correspondiente a los valores de la figura 3.5.	45
3.7. H_i y $\frac{s_i}{k_i}$ para una población de $N = 50$ agentes conectados con estructura Barabási-Albert.	46
4.1. Relación lineal entre la función de utilidad von Neumann–Morgenstern y el valor esperado de la utilidad.	65
4.2. Función de utilidad von Neumann–Morgenstern proporcional a una raíz del valor esperado de la utilidad.	66
4.3. Función de utilidad von Neumann–Morgenstern proporcional a una potencia del valor esperado de la utilidad.	67
5.1. Ejemplo de redes multiplex (obtenido de [3]).	71
5.2. Simulaciones numéricas con un grafo Erdős-Rényi (con probabilidad de conexión $p = 0.6$) y $x = 0$	78
5.3. Simulaciones numéricas con un grafo Barabási-Albert (con $m = 10$ nuevos vecinos por nodo añadido) y $x = 0$	79
5.4. Comparación de curvas de contagios promedio de simulaciones numéricas con y sin vacunas para grafos Barabási-Albert y Erdős-Rényi.	80
5.5. Simulaciones numéricas con un grafo Erdős-Rényi (con probabilidad de conexión $p = 0.6$) y $x = 0.01$	81
5.6. Simulaciones numéricas con un grafo Barabási-Albert (con $m = 10$ nuevos vecinos por nodo añadido) y $x = 0.01$	82
5.7. Simulaciones numéricas con un grafo Erdős-Rényi (con probabilidad de conexión $p = 0.6$) y $x = 0.07$	83
5.8. Simulaciones numéricas con un grafo Barabási-Albert (con $m = 10$ nuevos vecinos por nodo añadido) y $x = 0.07$	84
5.9. Comparación de las curvas de infectados promedio (sobre el ensamble de simulaciones) de epidemias sin vacunación (rojo) y con la implementación de vacunas con efectividad baja (azul), con $\sigma = 25\%$ y donde la estructura de la red es a) Erdős-Rényi y b) Barabási-Albert.	85

5.10. Comparación de las curvas de infectados promedio (sobre el ensamble de simulaciones) de epidemias sin vacunación (rojo) y con la implementación de vacunas con efectividad baja (azul), con $\sigma = 25\%$ y donde la estructura de la red es a) Erdős-Rényi y b) Barabási-Albert. .	87
5.11. Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-bajo ($q = 0.2$) y una estructura de red Erdős-Rényi. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).	90
5.12. Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-bajo ($q = 0.2$) y una estructura de red Barabási-Albert. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).	91
5.13. Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-bajo ($q = 0.2$) y una estructura de red Erdős-Rényi. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).	92
5.14. Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-alto ($q = 0.35$) y una estructura de red Barabási-Albert. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).	93
A.1. Ejemplos de grafos aleatorios a) Erdős-Rényi y b) Barabási-Albert. .	100

Índice de tablas

2.1. Parámetros usados en el modelo SIR para distintas enfermedades, y valores correspondientes para el número reproductivo básico calculado como $\mathcal{R}_0 = \beta/\alpha$	15
2.2. Tabla de parámetros de las simulaciones	29
3.1. Valores de peligro, exposición y riesgo para cada uno de los agentes en la figura (3.1) cuando $\beta = 0.4$	39
4.1. Ejemplo de una matriz de utilidad para un juego entre dos jugadores cuyas estrategias son los conjuntos $S_1 = \{A, B\}$ y $S_2 = \{C, D\}$	49
4.2. Matriz de utilidades para el juego del dilema del prisionero.	50
4.3. Matriz de utilidades para el juego de la gallina.	51
4.4. Matriz de utilidades del juego de cazar un ciervo.	52
4.5. Matriz de utilidades del juego del ultimatum.	53
4.6. Matriz de utilidades del juego piedra, papel o tijera.	53
4.7. Matriz de juego de ejemplo para encontrar equilibrio de Nash por medio de la mejor respuesta.	57
4.8. Matriz de juego de ejemplo con mejores respuestas del jugador 1 marcadas.	57
4.9. Matriz de juego de ejemplo con mejores respuestas de ambos jugadores marcadas.	58
4.10. Matriz de juego de competencia por comida entre escarabajos grandes y pequeños.	60
4.11. Matriz de utilidades de un juego con dos jugadores y dos estrategias.	61
5.1. Matriz de utilidad del juego cooperativo.	72
5.2. Matriz de utilidad del juego cooperativo con preferencia en la estrategia pro-vacuna.	73

5.3. Matriz de utilidad del juego de azar para la toma de decisión para vacunarse.	75
5.4. Parámetros, condiciones iniciales y sus correspondientes valores para las simulaciones del experimento numérico 1.	77
5.5. Parámetros, condiciones iniciales y sus correspondientes valores para las simulaciones del experimento numérico 2.	86
5.6. Tabla de efectividades de algunas vacunas desarrolladas para la pandemia del COVID-19.	88
5.7. Parámetros, condiciones iniciales y sus correspondientes valores para las simulaciones del experimento numérico 3.	89

Capítulo 1

Introducción

Las epidemias han formado parte de la historia de la humanidad y, en ocasiones, han marcado por completo la forma en la que vive una sociedad. El registro más antiguo que se tiene sobre una epidemia data del año 430 a.C. en Grecia, donde ocurrió un brote de tifoidea que impactó a la población de Atenas, sin embargo en algunos escritos de Egipto se mencionan fiebres pestilentes [4]. Una de las epidemias más conocidas y documentadas de tiempos antiguos es la *peste negra*, que devastó las ciudades europeas entre los años 1348 y 1350, alcanzando un número de fatalidades estimado de 50 a 100 millones de personas, mientras que el imperio azteca sufrió por la aparición de la viruela en siglo XVI traída por los españoles en épocas de la conquista [4]. Por otra parte, en tiempos recientes también se han presentado epidemias, como el SARS en 2003, la influenza H1N1 y el virus SARS-COV2 (covid-19), este último ha tenido un efecto abismal en el estilo de vida y en la economía de la población en general [5]. Por esta razón, es de gran importancia comprender los factores de la propagación de una enfermedad y generar estrategias de control para prevenir o minimizar una epidemia en una población.

Entre los siglos III y XV, en occidente se tenía la creencia de que las enfermedades eran provocadas por castigos divinos [6]. Las ideas mágico-religiosas que prevalecían en estas épocas provocaron que no existieran medidas de control óptimas para frenar la propagación de enfermedades. Fue hasta el siglo XVI cuando se comenzaron a escribir obras médicas sobre la naturaleza de varias enfermedades. Por ejemplo, el libro de Girolamo Fracastoro titulado *De contagione et contagiosis morbis et eorum curatione* fue el primero en contener la descripción de enfermedades contagiosas como la peste, lepra, tisis, sarna, rabia, viruela y ántrax, así como algunas formas de contagio que existen y estableció el concepto de *enfermedad contagiosa* [6]. A medida que la medicina fue avanzando, se generalizaron medidas y prácticas sanitarias como

el aislamiento y cuarentenas.

Posteriormente, en el siglo XVII se comenzaron a realizar aplicaciones matemáticas relacionadas con enfermedades, como algunas agencias de seguros en Inglaterra y Gales que implementaron el uso de tablas de "leyes de enfermedad", las cuales contenían información como la probabilidad de enfermar a determinada edad, probabilidad de permanecer enfermo durante un número específico de días y a la probabilidad de fallecer por determinadas causas de enfermedad [6]. En el siglo XVIII y XIX se escribieron trabajos matemáticos que abrieron el paso a la modelación matemática en epidemias. Algunos de estos trabajos fueron realizados por autores como Daniel Bernoulli que habla sobre la inmunización de la viruela, Edward Jenner que introdujo el método de vacunación ante una epidemia, Oliver Wendell Holmes e Ignaz Semmelweis sobre la transmisión de la fiebre puerperal, los de P.L. Panum sobre el sarampión y los de William Budd sobre la transmisión de la fiebre tifoidea [6]. Más adelante, a inicios del siglo XX el modelo SIR de Kermack y McKendrick marcó un hito en el desarrollo de modelos matemáticos por compartimentos aplicados a la epidemiología [4]. Fue hasta mediados del siglo XX cuando despegó el desarrollo de redes complejas gracias a las aportaciones de A. Barabasi, M Newman y Pastor-Satorras, razón por la que se comenzaron a modelar varias enfermedades infecciosas por medio de la representación a través de redes complejas [5].

Los modelos matemáticos son descripciones de sistemas a través de herramientas y lenguaje matemático, pueden ser aplicados a sistemas en diversos contextos y su propósito es explicar un sistema, estudiar los efectos de sus componentes y predecir su comportamiento [4]. En particular, en este trabajo, se revisarán aquellos modelos matemáticos de origen epidemiológico. Algunos modelos, como el *SIR* de Kermack y McKendrick, basados en una estructura de compartimentos analizan una población de forma homogénea y bien mezclada, lo cual es de gran utilidad para enfermedades altamente transmisibles, sin embargo, al asumir que la población está bien mezclada, se pierde información sobre la forma en la que se transmite una enfermedad, sobre todo con enfermedades infecciosas que se contagian por medio de contacto directo [5, 4]. Con el estudio reciente de las redes complejas y sus aplicaciones, ha sido posible analizar el comportamiento de una epidemia con un enfoque heterogéneo en la población, lo cual permite explorar los efectos de los comportamientos individuales sobre la propagación de los contagios. Una forma de realizar este estudio es a través de los modelos epidemiológicos basados en agentes, en donde los agentes (individuos) son representados por los nodos y las personas con las que interactúan por los enlaces de una red compleja [7].

Otro tema de interés en el estudio de las epidemias es la exploración de medidas de prevención de difusión de una enfermedad, como por ejemplo la inmunidad de

rebaño, inmunización de conocidos, inmunización dirigida, periodos de cuarentena o implementación de vacunas en la población [5]. Por medio de estas medidas de control, una población puede reducir en gran magnitud la cantidad de contagios que se generan, lo cual es esencial para no saturar los servicios de salud y evitar pérdidas económicas de gran escala.

Por otra parte, uno de los factores relevantes que determinan la dinámica de propagación de una enfermedad en una red de individuos es su comportamiento y las decisiones que estos toman frente a la epidemia, tales como usar o no mascarillas, permanecer en casa, decidir vacunarse, entre otras. Estas decisiones pueden llevar a acciones específicas de los individuos que les permita cambiar, a nivel local, la estructura de la red. Es decir, cada individuo tiene un conjunto de estrategias y una función de costo, las cuales dependen también de las acciones de los individuos vecinos. En este contexto, en este trabajo planteamos como hipótesis principal que dichas decisiones y estrategias de los individuos en una red social pueden ser modelados usando sistemas multi-agentes y la teoría de juegos. En particular, modelamos esta dinámica en sistema de redes multiplex, es decir, una red de redes que comparten una estructura similar. Utilizamos tres redes que conforman la red multiplex, en la primera ocurre el proceso de contagios de la epidemia, en la segunda pasa la dinámica de formación de opinión respecto a la vacunación basado en un juego de estrategia, mientras que en la tercera se da el cálculo del riesgo y un juego de oportunidad que determina la decisión de vacunarse de un agente.

La motivación de este trabajo de tesis se deriva del contexto de la pandemia del virus SARS-COV-2 y los efectos que esta ha tenido sobre la población en general. Se resalta la relevancia de estudiar factores como las opiniones sobre las vacunas y las decisiones que toman los individuos sobre la aplicación de la vacuna, ya que las vacunas son un rasgo importante de epidemias recientes y, en ocasiones, han mostrado ser una opción esencial para mitigar el número de contagios.

1.1. Objetivos

1.1.1. Objetivo general

Usando la teoría de juegos y de sistemas multi-agentes en una red social multiplexada, proponer un modelo matemático del comportamiento que describa la dinámica de opiniones respecto a las vacunas y la toma de decisiones de individuos sobre la vacunación, y cómo estos afectan la propagación de una enfermedad infecciosa.

1.1.2. Objetivos particulares

Objetivo 1. Desarrollar una metodología para modelar y simular la propagación de una enfermedad en una red social multi-agentes, que conforma la primera capa

de una red multiplexada.

Objetivo 2. Proponer una medida que logre cuantificar la cantidad de riesgo que tiene un agente en una población en una epidemia, la cual se basa en conceptos de peligro, exposición y vulnerabilidad de un agente. De igual forma, realizar simulaciones numéricas para analizar el comportamiento del riesgo durante una epidemia.

Objetivo 3. Considerar un modelo de opinión binaria, basado en la escala M y un juego de estrategias con preferencias, que simule la dinámica de formación de cambio de opinión con respecto a la vacunación en una segunda capa de la red multiplexada.

Objetivo 4. En la última capa de la red multiplexada, implementar un modelo de juego de oportunidad para la toma de decisiones sobre la vacunación, el cual depende de factores como la efectividad de la vacuna, el riesgo de cada agente y el costo de vacunarse. Posteriormente, combinar el modelo de opinión binaria y la toma de decisiones para realizar un conjunto de simulaciones en las que se modele el efecto de las decisiones individuales sobre la dinámica de la epidemia.

Objetivo 5. Realizar un análisis teórico y numérico del modelo propuesto para determinar los efectos de parámetros de la epidemia tales como la estructura de la red, el costo de vacunación, la efectividad de la vacuna y la recompensa por tener una opinión a favor de las vacunas.

1.2. Contribución

En este trabajo, la contribución que se presenta es el modelo epidemiológico en una red multiplexada, que considera la teoría de juegos para modelar la opinión que existe en la población sobre las vacunas y la toma de decisión sobre vacunarse. De igual forma, se incluyen los códigos en lenguaje *python* los cuales se pueden encontrar en el siguiente enlace <https://github.com/arturojv1001/Propuesta-de-un-modelo-epidemiol-gico-en-redes-multiplex-usando-teoria-de-juegos-y-sistemas-multiage>.

1.3. Organización de la tesis

En esta tesis se considera, en cada capítulo, un contexto en el cual ocurre una epidemia en población modelada en una red compleja, donde los nodos y enlaces representan los agentes y las interacciones entre agentes, respectivamente. Este trabajo se divide en seis capítulos y su organización se presenta a continuación.

El capítulo 1 contiene la introducción al trabajo y su organización. En el capítulo 2 se da una breve introducción a algunos modelos epidemiológicos, se simula una epidemia sobre la primera capa de una red multiplexada y se realizan simulaciones numéricas para grafos aleatorios Erdős-Renyi y Barabási-Albert. En el capítulo 3, se propone una medida para cuantificar la cantidad de riesgo que tiene un agente en una población en una epidemia, la cual se define basada en conceptos de peligro y

exposición. De igual manera, se llevan a cabo simulaciones numéricas del cálculo de peligro, exposición y riesgo para los grafos Erdős-Renyi y Barabási-Albert. El capítulo 4 presenta una introducción a la teoría de juegos, conceptos de esta misma área que se usan en la creación del modelo de cambio de opinión y una breve descripción de los juegos de oportunidad. La dinámica de formación de cambio de opinión y toma de decisión sobre la aplicación de la vacuna ocurre en la segunda y tercera capa de la red multiplexada, respectivamente y se explica en el capítulo 5. Posteriormente, se describe el modelo propuesto que integra las tres capas de la red multiplexada y se realiza un ensamble de simulaciones numéricas para mostrar los resultados del modelo al variar distintos parámetros. Por último, en el capítulo 6 se discuten los resultados del modelo, se presentan las conclusiones de la tesis y se proporciona una perspectiva para trabajo a futuro.

Capítulo 2

Modelos epidemiológicos compartimentales y basados en agentes.

Una epidemia es resultado de la rápida propagación de una enfermedad infecciosa, que puede ser ocasionada por algún virus o bacteria y puede tener varios mecanismos de transmisión, en una población dada. A consecuencia de una epidemia, una población puede llegar a tener importantes efectos en temas económicos, sociales y de salud. En caso de que no se logre contener la enfermedad, puede empezar a propagarse en otras regiones, hasta convertirse en una pandemia como la ocurrida en 2020 con el virus SARS-COV-2 [8].

Hay diversos métodos para modelar matemáticamente la dinámica de una epidemia, cada una diseñada para capturar distintos aspectos de la epidemia, tales como efecto de vacunarse o no, usar mascarilla, el efecto de la demografía, etc. En el modelo matemático y análisis teórico y numérico, es posible proponer estrategias de control para mitigar los efectos de la epidemia.

En este capítulo se abordarán brevemente algunos modelos epidemiológicos deterministas como los de compartimentos, así como una breve introducción a los modelos compartimentales y modelos basados en agentes y redes complejas.

2.1. ¿Qué es la Epidemiología?

La epidemiología es la rama de la medicina que describe y explica los patrones de propagación de enfermedades infecciosas en una población, y usa este conocimiento para prevenir y controlar las enfermedades [8]. La epistemología proviene del griego *epi* que significa sobre, *demos* que significa pueblo y *logos* que significa estudio. Al filósofo griego Hipócrates se le considera el padre de la epidemiología por haber

2.1. ¿Qué es la Epidemiología?

establecido una conexión entre el concepto de enfermedad y ambiente, sin embargo, el primero en usar el término “epidemiología” fue el médico español De Villalba en 1802 en su trabajo *Epidemiologia Espanola* [9], en donde utiliza el concepto para describir el estudio de las epidemias [4]

A lo largo de la historia de la humanidad, han surgido diversas enfermedades infecciosas que han puesto en riesgo la supervivencia de muchas poblaciones. Una de las más devastadoras en los últimos siglos fue la epidemia de la peste bubónica, que ocurrió en el siglo 14 (1346-1353) en Europa [5, 10]. Esta enfermedad era particularmente fatal por la falta de conocimiento que se tenía sobre ella, alrededor del ochenta por ciento de los enfermos fallecían y 50 millones en todo Europa sucumbieron a la peste. La bacteria (*Yersinia pestis*) responsable de la peste estaba en la sangre de las ratas y eran las pulgas (*Xenopsylla Cheopis*) las que la transmitían a los humanos, sin embargo, también se podía transmitir por medio de contacto directo con otra persona que tuviera la enfermedad. Esta forma de transmisión, junto con la falta de medidas de higiene de la época, causaron que la peste se esparciera desde Asia al Este de Europa hasta llegar a países como Francia, España y Portugal. Las ratas también llegaron a los puertos por medio de los barcos, por lo que los contagios llegaron a lugares como Inglaterra.

Más allá del aspecto de salud, una población sufre muchas otras consecuencias sociales, culturales y económicas durante una epidemia y es por eso que el conocimiento de la prevención y propagación de enfermedades es tan importante en la sociedad [8].

Algunos de los objetivos de la epidemiología son: [8]

- Conocer las causas de una enfermedad.
- Entender la dinámica de propagación de una enfermedad infecciosa y diseñar estrategias para la prevención de nuevos contagios en la población.
- Diseñar planeamientos, estrategias y tratamientos de salud para la población.

Existen varios tipos de transmisión de una enfermedad infecciosa, algunos son: las enfermedades aerotransportadas que se contagian al inhalar aire contaminado; las de transmisión a base de agua y comida que ocurren al ingerir alimentos o bebidas contaminadas; las de contagio a través de vectores como los mosquitos, los cuales transmiten enfermedades como el Dengue; las de contacto de persona a persona y las de transmisión vertical que se contagian de madre a hijo por medio de la placenta [4].

Particularmente en esta tesis se trabajará con enfermedades transmitidas de persona a persona que, según las clasificaciones en [4] de transmisión de enfermedades, son aquellas que requieren de contacto directo o indirecto para poder contagiarse. El contacto directo ocurre al tocar a otra persona o tener contacto sexual. Por ejemplo, la peste es una enfermedad transmitida de persona a persona a través de contacto directo, ya que una persona se puede contagiar al tocar a un infectado. Por otra parte, cuando las enfermedades se transmiten por el intercambio de un objeto contaminado, sangre infectada o algún otro fluido, se consideran de contacto indirecto. El VIH (Virus de Inmunodeficiencia Humana) es un virus que destruye un tipo de glóbulos blancos y debilita el sistema inmune, dando paso a posibles infecciones que pongan en riesgo a quien las padece [11]. Se puede transmitir a través de contacto sexual, por lo que es una enfermedad de transmisión de contacto directo. Sin embargo, también se puede transmitir vía materno-infantil durante el embarazo (transmisión vertical), parto o lactancia o por vía sanguínea (contacto indirecto) al compartir el uso de jeringas, agujas, navajas de afeitar que hayan tenido sangre, instrumentos para tatuajes usados, etc [11].

Otras enfermedades de contacto directo son gonorrea y sífilis, que son infecciones de transmisión sexual. La gonorrea es causada por la bacteria *Neisseria gonorrhoeae* y provoca descarga uretral [12]. La sífilis es causada por la bacteria *espiroqueta Treponema pallidum* y se ocasiona úlceras o chancros en el sitio de la infección. Al igual que el VIH, la sífilis es una enfermedad de contacto directo que también puede ser transmitida de forma vertical en la placenta o por contacto indirecto vía sanguínea [12].

Como último ejemplo, la influenza es un virus que se presenta como una gripe con síntomas como tos, fiebre, dolor de cabeza y malestar corporal. Se transmite de forma indirecta por medio de la expulsión de saliva, pero también de puede transmitir de forma directa si es que se llega a tener contacto con la saliva de una persona infectada [13].

A continuación se presentarán los modelos por compartimentos, inicialmente propuestos por Kermack y McKendrick con el modelo SIR en 1927 [4], que consideran una población en la que todos están uniformemente mezclados y tienen contactos entre ellos de forma homogéneos [7] y también los modelos de agentes, que nos permiten describir el comportamiento de un agente (individuo) dentro de una población. Esta última metodología utiliza reglas simples basadas en el comportamiento de los individuos para que se pueda observar el efecto de las interacciones entre los agentes, estos modelos se suelen representar en forma de redes gracias a dos físicos pioneros en modelos matemáticos con agentes, Pastor-Satorras y Vespignani [14].

2.2. Modelos epidemiológicos compartimentales.

Un modelo matemático es algo que imita las características relevantes de un fenómeno o situación por medio del uso de lenguaje matemático [15]. Las matemáticas aplicadas a la epidemiología en forma de un modelo matemático buscan describir, analizar y aproximar el comportamiento de una enfermedad. Todos los modelos matemáticos tienen limitantes y es imposible poder explicar algún fenómeno en su totalidad, sin embargo, es útil tener aproximaciones que ayuden a planificar acciones efectivas en caso de una epidemia [7].

Las principales hipótesis para un modelo por compartimentos son que la población está mezclada de forma homogénea, como un gas ideal, lo que significa que existe la posibilidad de que cualquier individuo infectado contagie a cualquier susceptible. Cada compartimento representa un estado epidémico y se tienen suposiciones iniciales sobre la tasa de transferencia de un compartimento a otro que se dan como parámetros del modelo [16]. Para poder explicar y construir estos modelos por compartimentos, existen varios conceptos relacionados a las enfermedades contagiosas para lo cual presentamos algunas definiciones a continuación [4]:

- **Individuos en estado expuesto:** Cuando un individuo vulnerable o susceptible a la enfermedad tiene algún contacto que podría resultar en un contagio, ese individuo se vuelve expuesto. Un individuo expuesto puede o no desarrollar la enfermedad y usualmente no son infecciosos cuando están en ese estado. En la mayoría de los modelos matemáticos se asume que todos los individuos expuestos desarrollarán la enfermedad. Puede ocurrir, por ejemplo, que un individuo susceptible esté expuesto a una persona infectada del virus SARS-COV-2 pero que no exista suficiente carga viral en la interacción como para que ocurra un contagio [17].
- **Individuos en estado susceptible:** Aquellas personas que se encuentran en un estado en el que no poseen la suficiente resistencia para prevenir el contraer un patógeno en particular al estar expuestos [18]. Como ejemplo, todos aquellos que no estén vacunados contra la enfermedad del sarampión, que es una enfermedad infecciosa transmitida por gotas de saliva que ocasiona síntomas como otitis y laringitis, son susceptibles a contraerla en caso de estar expuestos a alguien que esté infectado [19].
- **Individuos en estado infectado e infeccioso:** Si un individuo expuesto contrae la enfermedad, este se vuelve un individuo infectado. Un individuo infectado que puede transmitir la enfermedad es llamado infeccioso. Sin embargo, un infectado puede no ser infeccioso durante todo el periodo en el que tenga

la enfermedad. Un ejemplo en el que un individuo puede estar infectado pero no ser infeccioso se presenta en individuos infectados con SARS-COV-2 diez días después de presentar síntomas aproximadamente. El periodo infeccioso, en el que pueden transmitir la enfermedad, usualmente ocurre dentro de los primeros diez días después de presentar síntomas, pero el individuo puede estar infectado por hasta tres o más semanas [20].

- **Individuos en estado latente:** Son individuos que están infectados pero aun no son infecciosos. El periodo latente se define como el tiempo que un individuo tarda en ser capaz de transmitir la enfermedad después de ser infectado.
- **Periodo de incubación:** Es el periodo entre la exposición a una patología infecciosa y la primera aparición de síntomas de una enfermedad. En enfermedades infecciosas, el periodo de incubación es el tiempo requerido para que la patología infecciosa se multiplique lo suficiente para poder ser detectada por medio de síntomas o en un laboratorio. El periodo de incubación no necesariamente coincide con el periodo latente. Poniendo nuevamente el virus SARS-COV-2 como ejemplo, es posible transmitir la enfermedad de uno a tres días antes de presentar síntomas, por lo que es un caso en el que el periodo de incubación no siempre coincide con el periodo latente [20].

Una vez que se han dado algunas definiciones útiles para los modelos por compartimentos, mostraremos algunos de los modelos matemáticos más conocidos basados en ecuaciones diferenciales ordinarias como el modelo SIR, SIS, SEIR y SEIRS. Este último también será explicado con un enfoque de redes complejas, ya que es la base del modelo propuesto en este trabajo.

2.2.1. Modelo SIR o Modelo Kermack McKendrick.

El modelo SIR, también conocido como modelo Kermack-McKendrick, fue propuesto en 1927 por W.O. Kermack y A.G. McKendrick, quienes dieron las bases teóricas para lo que más adelante se llamaría modelos epidemiológicos por compartimentos. Con la realización de este modelo, buscaban tener una nueva visión sobre varios factores que controlan el esparcimiento de una enfermedad [21]. Desde entonces, muchas variantes del modelo SIR han surgido, así como la creación de otros modelos por compartimentos [4]. El modelo SIR ha sido utilizado para estudiar diversas enfermedades infecciosas como el virus de la influenza A(H1N1) en 2009 [22], el VIH [23], la epidemia de peste en Bombay en 1905 y en el pueblo de Eyam en 1665 [21, 24], el virus del SARS en Asia y la pandemia del virus SARS-COV-2 que comenzó en 2020 [23].

Para el modelo, consideramos una población bien mezclada de N individuos, los cua-

2.2. Modelos epidemiológicos compartimentales.

les podemos dividir en tres posibles estados: $S(t) \in \mathbb{R}$ son la cantidad de susceptibles al tiempo t , $I(t)$ la cantidad de infectados y $R(t)$ de recuperados. [4]. Al inicio, todos son susceptibles, el periodo de incubación es despreciable y no hay re-infecciones. En el modelo se asume que la población total se mantiene constante para todo tiempo, *i.e.*

$$N = S(t) + I(t) + R(t) = cte.$$

Es decir, en el modelo no se consideran nacimientos ni muertes y la población es cerrada, es decir, no recibe migraciones.

El modelo epidemiológico consiste en ecuaciones ordinarias de primer orden, las cuales describen la tasa de cambio de cada una de las variables anteriores. Cuando un susceptible entra en contacto con un individuo infectado, ese individuo susceptible se vuelve un infectado con cierta probabilidad y cambia de la clasificación de los susceptibles a la de los infectados. La población de susceptibles decrece, mientras que la clase de infectados aumenta en la misma proporción.

El principio de acción de masa se basa en la idea mecanicista de que las poblaciones actúan como gases perfectos, completamente mezclados y cada individuo puede encontrarse con cualquier otro individuo de la población. Por medio de este principio, se puede expresar el número de posibles encuentros entre $I(t)$ infectados y $S(t)$ susceptibles de forma proporcional como un producto $S * I$. En esta dinámica, los compartimentos que interactúan se pueden considerar como reactivos de una reacción química, donde la tasa de interacción entre los compartimentos determina el flujo de la reacción y el producto es el compartimento al que se transfieren los individuos al ocurrir la interacción.

Ahora, sea c la tasa de contacto que tiene un individuo con la población y sea p la

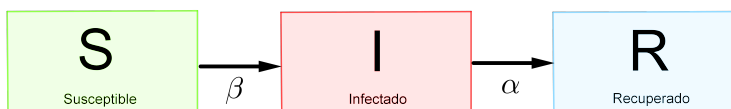


Figura 2.1: Diagrama de bloques para el modelo SIR.

probabilidad que ocurra un contagio al haber contacto entre un individuo infectado y uno susceptible, entonces pcS es la cantidad de susceptibles que son contagiados

por un individuo infectado en un periodo de tiempo. De esta forma, tenemos que la cantidad de individuos infectados en un periodo de tiempo es igual a $\beta SI/N$ donde $\beta = pc$ y se divide entre N para escalar respecto al tamaño de la población. Finalmente, obtenemos que la dinámica de cambio para la población de susceptibles esta descrita por la siguiente ecuación:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}. \quad (2.1)$$

Por otra parte, para el compartimento de los infectados sabemos que ingresan a ella los individuos susceptibles que son infectados en un periodo de tiempo y también debemos considerar aquellos individuos que se recuperan de la enfermedad, con una tasa de recuperación α , y un periodo de infección promedio de duración $1/\alpha$. Entonces la ecuación que describe el cambio en la población de infectados es:

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha I. \quad (2.2)$$

Por último, los individuos que se recuperan de la enfermedad entran al compartimento de los recuperados, por lo que el cambio en la población de recuperados esta descrito por la siguiente ecuación:

$$\frac{dR}{dt} = \alpha I. \quad (2.3)$$

Así, el modelo descrito por las tres ODE's (2.1), (2.2) y (2.3) es:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha I, \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I. \end{array} \right. \quad (2.4)$$

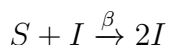
Con condiciones iniciales $S(0) = N$, $I(0) = I_0$ y $R(0) = 0$, donde I_0 es el número de infectados al comienzo de la epidemia, el cual se considera normalmente con el valor de uno.

En la figura (2.1) se muestra el diagrama de bloques para el modelo SIR, en el que las flechas indican a qué compartimentos se pueden cambiar los individuos con su respectiva tasa de cambio entre clases.

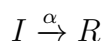
De igual forma, el modelo SIR puede también explicarse desde el contexto de una reacción química como sigue [25]:

2.2. Modelos epidemiológicos compartimentales.

- Al ocurrir la interacción entre individuos susceptibles e infectados, algunos de los susceptibles entran al compartimento de infectados. Esto es una analogía de una reacción química irreversible auto-catalítica entre el reactivo S y el catalizador I.



- Cuando los infectados entran al compartimento de los recuperados se puede representar por una reacción en la cual el catalizador I se degrada irreversiblemente a una forma desactivada R.



Para observar el comportamiento de las soluciones del modelo SIR descrito en las Eqs. (??), realizamos una simulación numérica con el lenguaje de programación *python* y las ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden del sistema se resuelven por medio de *odeint* [26]. La epidemia ocurre durante ochenta periodos de tiempo en una población de 10,000 individuos, las condiciones iniciales son $S(0) = 9,999$, $I(0) = 1$,

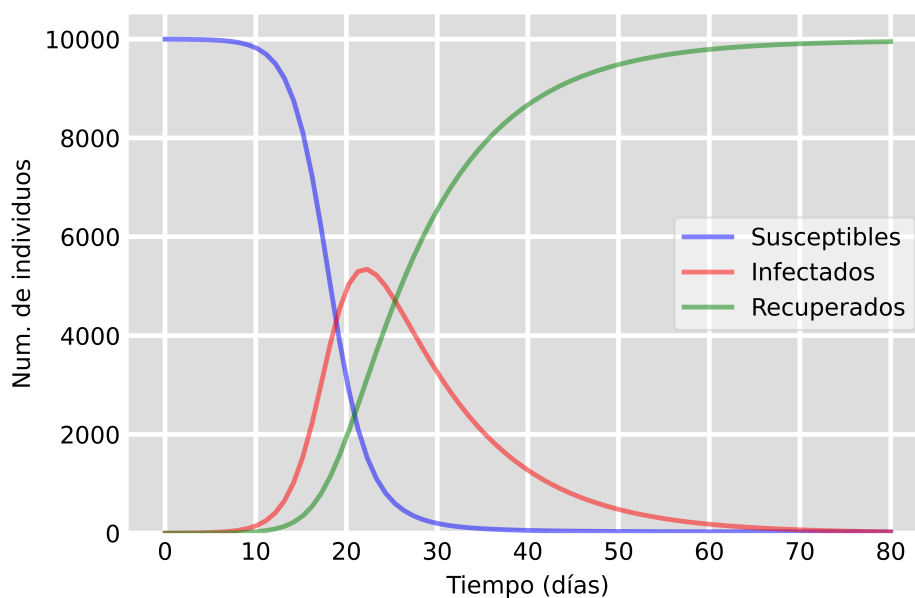


Figura 2.2: Solución numérica del modelo SIR (Eqs. (2.1)) con condiciones iniciales: $S(0) = 9,999$, $I(0) = 1$, $R(0) = 0$ y parámetros $\beta = 0.6$ y $\alpha = 0.1$.

$R(0) = 0$ y los parámetros $\beta = 0.6$ y $\alpha = 0.1$. El resultado de la simulación puede observarse en la figura (2.2). Como es posible ver en la figura (2.2), la cantidad de infectados aumenta casi a seis mil individuos en los primeros veinticinco periodos de tiempo. Posteriormente, los infectados disminuyen gradualmente hasta que desaparece la epidemia alrededor del tiempo setenta. Los susceptibles descienden rápidamente y llegan al cero aproximadamente en treinta y cinco días; a partir de ese periodo la cantidad se mantiene estable ya que no hay re-infección en el modelo. Por otra parte, los recuperados aumentan progresivamente hasta el día setenta, aproximadamente, en el cual la totalidad de la población se encuentra en este compartimento. Esto significa que todos los individuos se han infectado y recuperado, por lo que adquieren una inmunidad permanente a la enfermedad y concluye la epidemia.

A continuación, en la tabla (2.1) mostramos algunos de los valores para los parámetros β y γ usados en un contexto real para distintas enfermedades infecciosas [27].

Parámetros del modelo SIR en epidemias			
Enfermedad	β	α	\mathcal{R}_0
Influenza (1918)	0.6	0.25	2.4
Polio (1952)	0.416	0.083	5
Sarampión (1960)	0.15	0.125	1.2
Gripe de Hong Kong (1968)	0.24	0.2	1.2
SARS (2003)	0.083	0.166	0.5
Coronavirus (2019)	0.366	0.166	2.2

Tabla 2.1: Parámetros usados en el modelo SIR para distintas enfermedades, y valores correspondientes para el número reproductivo básico calculado como $\mathcal{R}_0 = \beta/\alpha$.

2.2.2. Número reproductivo básico \mathcal{R}_0 .

El número reproductivo básico, conocido como \mathcal{R}_0 , es un indicador del número promedio de infecciones secundarias que un infectado genera, durante el tiempo que está enfermo, en una población totalmente susceptible [28]. Este valor es de gran importancia porque determina el curso de una enfermedad en una población, puesto que se sabe que [29]:

- Si $\mathcal{R}_0 < 1$, no hay epidemia, es decir, el modelo epidemiológico es estable;
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$, hay un brote, es decir, el modelo epidemiológico es inestable.

Una metodología para obtener una expresión matemática para calcular \mathcal{R}_0 a partir de un modelo por compartimentos es por medio de la *matriz de la siguiente genera-*

2.2. Modelos epidemiológicos compartimentales.

ción [29], la cual describimos a continuación.

Dado el conjunto de ecuaciones diferenciales que describe el modelo epidemiológico, como por ejemplo el modelo SIR en (2.4), el primer paso consiste en dividir los compartimentos en dos clases: clase de infectados $x(t)$ (como infectados, expuestos, etc.) y las clases libres de infección y (como susceptibles, recuperados, etc). Por ejemplo, para el modelo SEIRS (Eq. (2.6)), la clase de infectados es $x = (E, I) \in \mathbb{R}^2$, mientras que las clases libres de la enfermedad es $y = (S, R) \in \mathbb{R}^2$.

El segundo paso consiste en identificar en las ecuaciones para las clases de infectados dos partes: la primera que llamaremos $H_i(x, y)$, donde i es una índice que usaremos para el etiquetar al compartimento (por ejemplo $i = E, I$), la cual incorpora a los términos demográficos como nacimientos y muertes de los compartimentos infecciosos. Y la segunda parte, que llamaremos $T_i(x, y)$ denota la tasa de aparición de nuevos infectados por contacto.

A manera de ejemplo, para un modelo SEIRS descrito en la Eq. (2.6), obtenemos

$$\begin{aligned} \frac{dE}{dt} &= \underbrace{\beta \frac{SI}{N}}_{T_1(x,y)} - \underbrace{\gamma E}_{H_1(x,y)}, \\ \frac{dI}{dt} &= \underbrace{\gamma E - \alpha I}_{H_2(x,y)}. \end{aligned}$$

Es importante mencionar que la selección de los términos $H_i(x, y)$ y $T_i(x, y)$ debe de realizarse siguiendo los siguientes criterios:

- $H_k(0, y) = T_k(0, y) = 0$, para todo $y > 0$,
- $H_k(0, y) \leq 0$, cuando $x_k = 0$,
- $T_k(x, y) \geq 0$, para todo x e y no negativos,
- $\sum_{k=1}^2 H_k(x, y) \geq 0$ para todo x e y no negativos.

Cómo tercer paso se deben de estimar las siguientes matrices:

$$\mathcal{H}|_D = \left[\frac{\partial H_j}{\partial x_k} \right]_D,$$

y

$$\mathcal{T}|_D = \left[\frac{\partial T_j}{\partial x_k} \right]_D ;$$

donde D es el punto libre de enfermedad. Por ejemplo, para el modelo SEIRS (Eq. (2.6)), el punto libre de la enfermedad es $D = (N, 0, 0, 0)$ y

$$\mathcal{H}|_D = \begin{pmatrix} \frac{\partial H_1}{\partial E} & \frac{\partial H_1}{\partial I} \\ \frac{\partial H_2}{\partial E} & \frac{\partial H_2}{\partial I} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\gamma & 0 \\ \gamma & -\alpha \end{pmatrix} ;$$

y

$$\mathcal{T}|_D = \begin{pmatrix} \frac{\partial T_1}{\partial E} & \frac{\partial T_1}{\partial I} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & \beta \end{pmatrix}$$

Finalmente, la matriz de la siguiente generación se obtiene al realizar el siguiente producto matricial $K = \mathcal{T}\mathcal{H}^{-1}$. Para el ejemplo del modelo SEIRS obtenemos:

$$K = \begin{pmatrix} 0 & \beta \end{pmatrix} \times \begin{pmatrix} \frac{1}{-\gamma} & 0 \\ \gamma & \frac{1}{\alpha} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & \frac{\beta}{\alpha} \end{pmatrix} .$$

Una vez obtenida la matriz de la siguiente generación, la expresión matemática para el número reproductivo básico se obtiene calculando el radio espectral $\rho(K)$ de la matriz K . Para el ejemplo del modelo SEIRS obtenemos entonces que $\mathcal{R}_0 = \beta/\alpha$.

2.2.3. Modelo SIS.

El modelo SIS (Susceptibles-Infectados-Susceptibles), a diferencia del ya descrito modelo SIR, elimina el último compartimento de recuperados, de tal forma que los individuos infectados regresan al estado susceptible una vez que ha pasado el tiempo de la enfermedad. Una enfermedad que comúnmente presenta este comportamiento en la población es la influenza [4].

Sean α y β las tasas de recuperación y de transmisión de la enfermedad respectivamente. Con el compartimento de los susceptibles sabemos que en cada periodo de tiempo la incidencia en la población es βSI , mientras que αI es la cantidad de individuos que se recuperan de la enfermedad y salen del compartimento (I) para entrar al (S). El diagrama de bloques para el modelo SIS se muestra en la figura 2.3

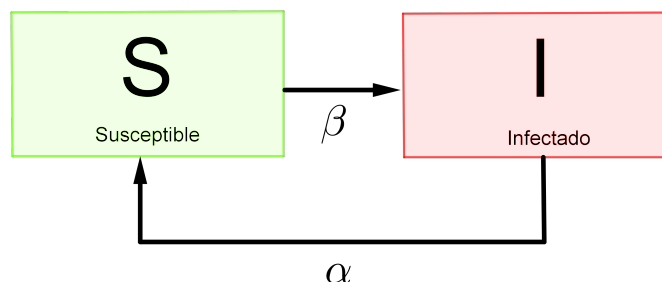


Figura 2.3: Diagrama de bloques para el modelo SIS.

y las ecuaciones que describen al modelo se muestran en las Eqs. 2.5.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \alpha I. \end{cases} \quad (2.5)$$

Para ilustrar el comportamiento dinámico de las soluciones del modelo SIS, en la figura (2.4) mostramos el resultado de una simulación numérica con el lenguaje de programación *python*, con una población de 10,000 individuos durante 80 periodos de tiempo usando las condiciones iniciales $S(0) = 9,999$, $I(0) = 1$. Utilizamos los valores de $\beta = 0.275$ y $\alpha = 0.064$ para simular el comportamiento de la enfermedad de la sífilis [30]. Se puede observar, en la figura 2.4, que la curva de infectados crece de manera paulatina desde el periodo de tiempo veinte hasta alcanzar un umbral máximo, de entre siete y ocho mil infectados, alrededor del tiempo setenta. Por otra parte, la curva de los susceptibles se comporta de forma opuesta, ya que comienza a descender a partir del periodo veinte y se estabiliza aproximadamente en el periodo setenta.

Finalmente, calculamos el número de reproducción básica del modelo SIS por medio de la matriz de nueva generación y obtenemos $\mathcal{R}_0 = \beta/\alpha$. Al igual que en el modelo SIR, el \mathcal{R}_0 está dado por el producto de la tasa de infección β y el promedio de duración de la infección $1/\alpha$.

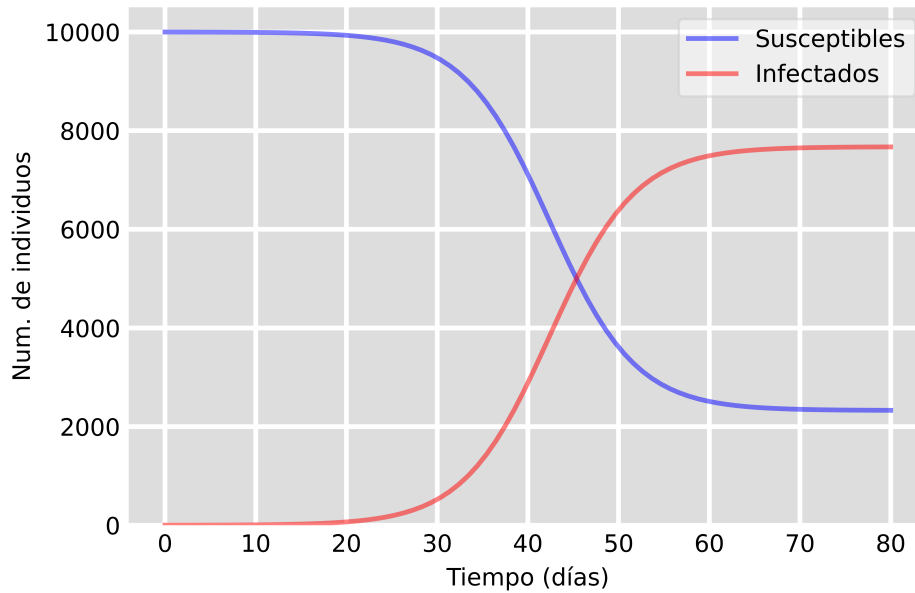


Figura 2.4: Solución numérica del modelo SIS (Eqs. (2.5)) con condiciones iniciales: $S(0) = 9,999$, $I(0) = 1$ y parámetros $\beta = 0.275$ y $\alpha = 0.064$.

2.2.4. Modelo SEIRS.

Otro modelo epidemiológico de interés es el SEIRS, el cual está compuesto por los compartimentos Susceptible, Expuesto, Infectado, Recuperado. La S al final de las siglas indica que los recuperados pasan a ser nuevamente susceptibles. En este modelo se incorpora un nuevo compartimento, el de los individuos expuestos, en los cuales se considera aquellos individuos que no son infecciosos pero que están infectados [4]. Generalmente, en los modelos SEIRS se considera una dinámica en la que los susceptibles pasan del compartimento (S) al (E) y en el cual permanecen por un periodo latente antes de pasar al compartimento (I). Después de terminar el periodo infeccioso pasan al estado (R) y finalmente pasan al estado (S). Durante este periodo latente, los individuos no presentan sintomatología de la enfermedad y no la pueden contagiar. Esto se debe a que la enfermedad requiere de cierto tiempo para que un individuo sea capaz de transmitirla; a este intervalo de tiempo se le conoce como periodo de incubación [4]. Algunas enfermedades que presentan este periodo de incubación o latencia son la malaria, los rotovirus (gripe común), el virus del ébola y el SARS-COV2 [31, 32]. Entonces, βSI es la cantidad individuos susceptibles que se in-

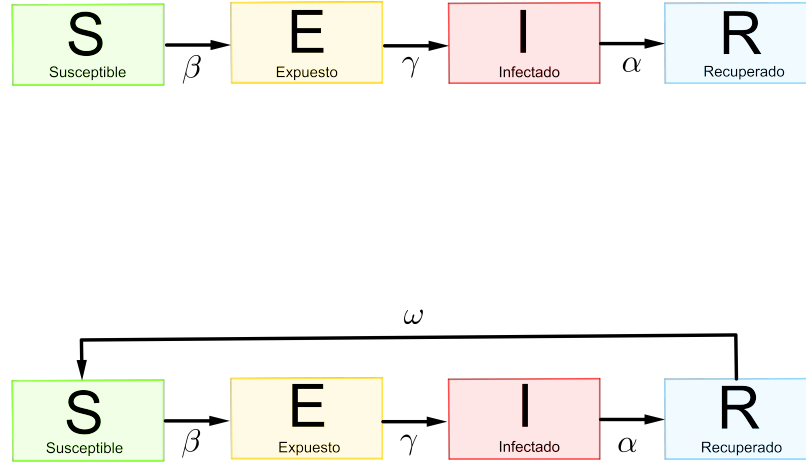


Figura 2.5: Diagrama de bloques para los modelos SEIR y SEIRS.

fectan, salen del compartimento (S) y entran al compartimento (E), mientras que γE es la cantidad de individuos expuestos que han pasado por el periodo de incubación y entran al compartimento (I). En donde β es la tasa de transmisión y γ es la tasa con la que los expuestos se vuelven infecciosos. Los recuperados pierden la inmunidad a la enfermedad a una tasa ω , por lo que ωR representa a los individuos que entran al compartimento (S). Para la ecuación del compartimento (I), consideremos a α como la tasa de recuperación y, finalmente, al compartimento de los recuperados ingresan αI individuos y ωR individuos dejan de ser inmunes y pasan al compartimento S. Así, las ecuaciones que describen al modelo SEIRS están dadas en las Eqs. (2.6).

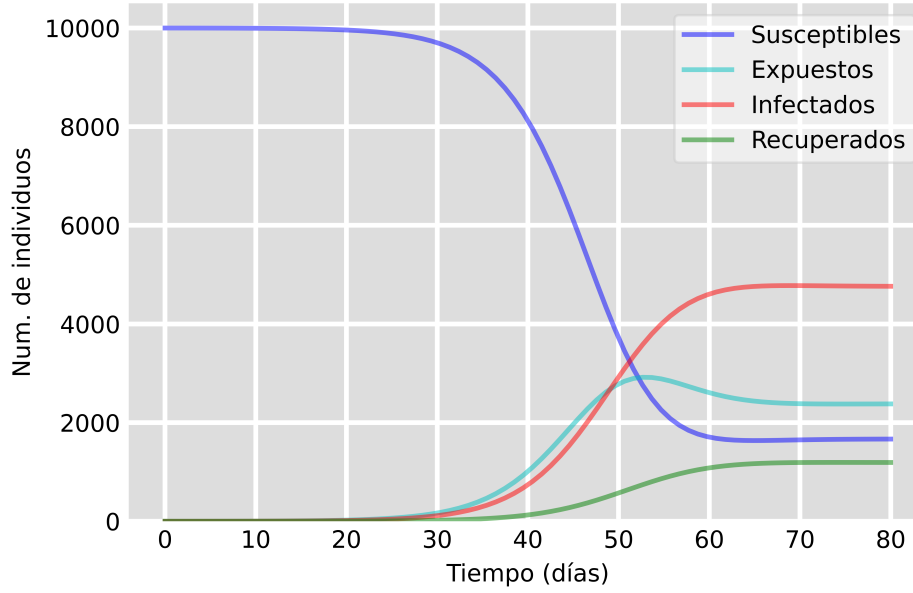


Figura 2.6: Solución numérica del modelo SEIRS (Eqs. (2.6)) con condiciones iniciales: $S(0) = 9,999$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$, $R(0) = 0$ y los parámetros $\beta = 0.6$, $\alpha = 0.1$, $\omega = 0.4$ y $\gamma = 0.2$.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} + \omega R, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma E, \\ \frac{dI}{dt} = \gamma E - \alpha I, \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I - \omega R. \end{array} \right. \quad (2.6)$$

Es importante mencionar que en los modelos epidemiológicos descritos previamente, no hemos considerado procesos demográficos tales como nacimientos o muertes, así como procesos de movilidad de tal forma que hagan que el tamaño de la población no permanezca constante.

En la figura (2.5) mostramos los diagramas por bloques para los modelos SEIR y

SEIRS. Al obtener el \mathcal{R}_0 del modelo SEIRS por medio de la matriz de nueva generación, también obtenemos como resultado β/α . Estas similitudes se deben principalmente a que los modelos no consideran nacimientos y muertes en la población [31, 32]. Por otra parte, en la figura 2.6 mostramos las soluciones numéricas del modelo SEIRS (Eqs. (2.6)) con condiciones iniciales $S(0) = 9,999$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$, $R(0) = 0$ y los parámetros $\beta = 0.6$, $\alpha = 0.1$, $\omega = 0.4$ y $\gamma = 0.2$ durante 80 periodos de tiempo. Se puede observar que la curva de infectados tiene cierta similitud a la de la figura 2.4, ya que crece y llega a un umbral, de alrededor de cinco mil infectados, entre el tiempo sesenta y setenta. Los susceptibles, por su parte, comienzan a decrecer hasta estabilizarse en el tiempo sesenta con aproximadamente mil ochocientos individuos, mientras que los recuperados comienzan a aumentar después del tiempo treinta y, en el tiempo setenta, alcanzan su punto máximo en los mil quinientos individuos. La curva de los expuestos comienza a crecer casi a la par que la de los infectados, sin embargo, llega a su punto máximo al alcanzar los tres mil individuos y comienza a descender hasta permanecer en dos mil quinientos en el tiempo setenta.

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N} + \omega R - \epsilon S, \\ \frac{dE}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma E + \sigma \beta \frac{SV}{N}, \\ \frac{dI}{dt} = \gamma E - \alpha I, \\ \frac{dR}{dt} = \alpha I - \omega R, \\ \frac{dV}{dt} = \epsilon S - \sigma \beta \frac{VI}{N}, \end{array} \right. \quad (2.7)$$

2.2.5. Modelo SEIRSV.

El modelo epidemiológico SEIRSV es una variación del modelo SEIRS, en el cual se considera un compartimento adicional de individuos vacunados [33]. La implementación de vacunas en modelos matemáticos ayuda a tener un mejor entendimiento de su importancia en la transmisión y el control de enfermedades. Para este modelo, consideramos un tipo de vacuna que reduce la posibilidad de infección pero no la elimina por completo, es decir, un individuo vacunado puede ser contagiado si llega a tener contacto con un infectado. La probabilidad de que ocurra el contagio depende directamente de la tasa de infección β y la efectividad de la vacuna $(1 - \sigma)$ (en donde

σ representa la ineffectividad de la vacuna) [33]. La vacunación está disponible únicamente para los susceptibles y se vacunan con una tasa ϵ . De esta forma, añadiendo el compartimento (V) al modelo SEIRS descrito en la Eq. (2.6), obtenemos el modelo epidemiológico con vacunación dado en las Eqs. (2.7) y cuyo diagrama de bloques esta descrito en la figura (2.7). Vale la pena destacar las similitudes del diagrama de

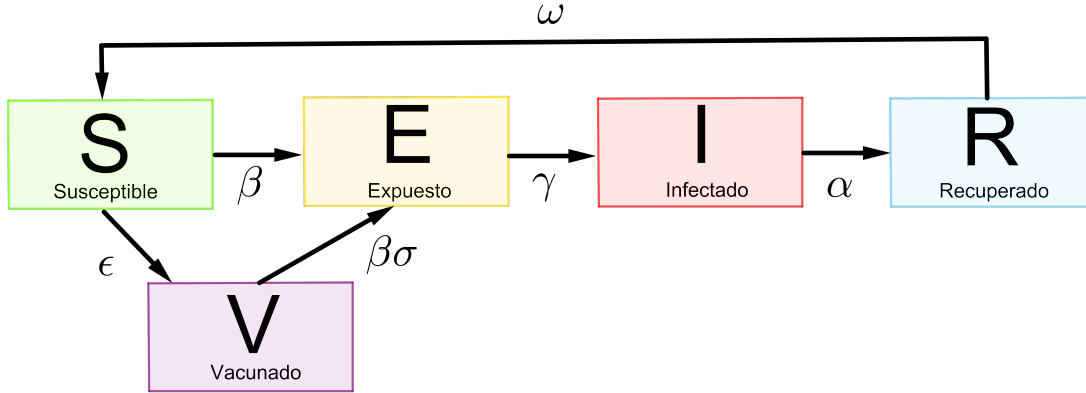


Figura 2.7: Diagrama de bloques para los modelos SEIRSV.

bloques para el modelo SEIRSV (figura (2.7)) con el modelo SEIR (figura (2.5)), y señalar la principal diferencia que podemos notar en el nuevo bloque (V), en el cual una tasa ϵ de los susceptibles cambia su estado a este nuevo bloque. Así mismo, con una tasa $\beta\sigma$, una proporción de vacunados cambia su estado a E.

Por otro lado, siguiendo la metodología de la matriz de la siguiente generación, obtenemos el número reproductivo básico para el modelo SEIRV esta dado por $\mathcal{R}_0 = \frac{\beta(S^0 + \sigma V^0)}{\alpha}$, donde $S^0 = N$ y V^0 representan los valores de S y V en el punto de equilibrio libre de infección.

Notemos que esta expresión para \mathcal{R}_0 se puede reescribir como:

$$R_0 = \frac{\beta N}{\alpha} + \frac{\beta \sigma V_0}{\alpha} = R_0^* + \frac{\beta \sigma V_0}{\alpha}$$

donde R_0^* es el número reproductivo básico para el modelo SEIR. En la figura (2.8), mostramos las soluciones numéricas del modelo (2.7) realizada con el lenguaje de programación *python* y las ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden del sistema se resuelven por medio de *odeint* [26]. Las condiciones iniciales usadas para

estas simulaciones son $S(0) = 9,999$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$, $R(0) = 0$, $V(0) = 0$ y parámetros $\beta = 0.6$, $\alpha = 0.1$, $\omega = 0.4$, $\gamma = 0.2$, $\epsilon = 0.15$, $\sigma = 0.25$ en una población de 10,000 individuos. Para esta simulación, se necesitaron más periodos de tiempo para lograr visualizar el punto en el que se estabilizan las curvas de los estados, por lo que realizó la simulación con 400 periodos de tiempo. Se puede notar que la curva de los susceptibles desciende considerablemente en los primeros setenta y cinco periodos de tiempo, llega a su punto más bajo con aproximadamente 1800 individuos y se mantiene en esa cantidad. En contraste, los infectados comienzan a crecer rápidamente alcanzando 2500 contagios alrededor del tiempo cuarenta, pero a partir de este punto siguen creciendo a un menor ritmo y llegan a su punto más alto con 4000 infectados en el periodo 400. Por otro lado, los recuperados aumentan de forma pausada y solo llegan a estabilizarse con 1000 individuos en el periodo 300. La curva de los expuestos crece muy parecida a la de los infectados en los primeros 60 periodos de tiempo, sin embargo, su crecimiento se alenta y alcanza su punto más alto en los 2000 individuos. Por último, los vacunados crecen en los primeros 50 periodos de tiempo hasta alcanzar 4000 individuos, luego desciende y se mantiene en los 2000 individuos a partir del periodo 300. El decremento de los individuos vacunados representa aquellas personas que reciben la vacuna y, posteriormente, son contagiados por una persona en estado infectado.

2.2.6. Modelos Epidemiológicos Basados en Agentes

Otro enfoque en los modelos matemáticos que buscan describir la dinámica de propagación de epidemias en poblaciones son los modelos basados en agentes [7]. Una forma de estudiar estos modelos es a través de redes complejas, la cual tiene como fundamento teórico la teoría de grafos. Es decir, una red compleja es esencialmente un grafo, compuesto de un conjunto de nodos (o vértices) y un conjunto de pares de pares de nodos llamados enlaces (o aristas). En una red compleja, cada nodo o enlace puede tener un proceso que evoluciona con el tiempo, como es el caso de las redes dinámicas o evolutivas, o bien, pueden suceder una serie de eventos que cambie tanto la estructura de la red como el estado de los nodos, como es el caso de la propagación de enfermedades.

En este contexto, las redes complejas se han convertido en una alternativa interesante para modelar la propagación de enfermedades en una población. En los modelos epidemiológicos compartimentales, como los descritos en secciones previas, la población suele considerarse como “bien mezclada” y se analiza el esparcimiento de la enfermedad de forma global y sin tomar en cuenta la heterogeneidad de las interacciones [7]. Esto quiere decir que la estructura de la red es tal que algunos

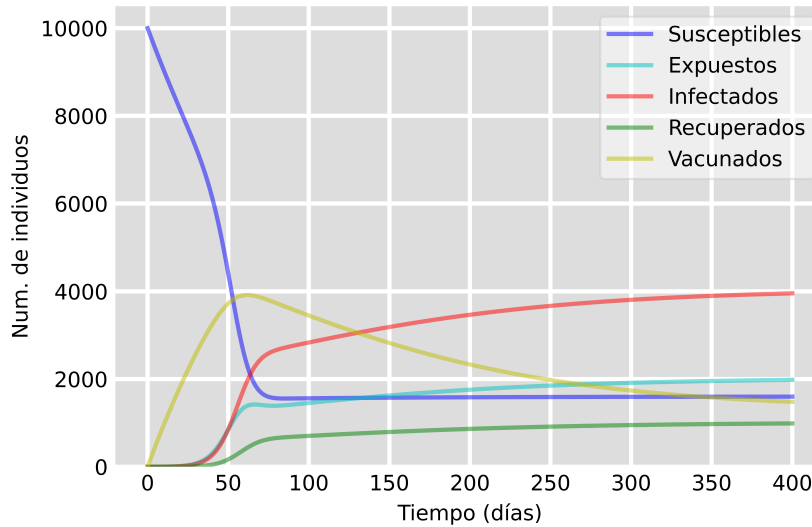


Figura 2.8: Solución numérica del modelo SEIRV (Eqs. (2.7)) con condiciones iniciales $S(0) = 9,999$, $E(0) = 1$, $I(0) = 0$, $R(0) = 0$, $V(0) = 0$ y parámetros $\beta = 0.6$, $\alpha = 0.1$, $\omega = 0.4$, $\gamma = 0.2$, $\epsilon = 0.01$, $\sigma = 0.05$.

los nodos de la red tendrán un número alto de conexiones en comparación con otros individuos en la red. Esta característica estructural de la red está completamente ausente en las hipótesis hechas para los modelos compartimentales y tiene un papel muy importante en los procesos epidemiológicos. Tomemos como ejemplo la reciente pandemia generada por el virus SARS-COV2, en la que de acuerdo con la encuesta de la Generalitat sobre el desarrollo de la pandemia, realizada en la ciudad de Valencia, España, muestra que la mayoría de los jóvenes no respeta las restricciones sobre el distanciamiento social, produciendo entonces más contagios entre estos al tener un mayor número de contactos que los individuos adultos [34].

Una metodología para modelar los procesos epidemiológicos en la que la heterogeneidad de la red sea considerada, es usar un sistema multi-agente en redes. Es decir, una red compleja en donde los nodos representan una entidad capaz de tomar una decisión o realizar una acción en términos de la información de su vecindad y de un conjunto de reglas preestablecidas. En el contexto de los modelos epidemiológicos, cada agente en estado susceptible, puede ser infectado con probabilidad $k\beta$, donde k es el grado de nodo (o número de conexiones) de dicho agente. Más aún, dicho agente

puede tomar otro tipo de decisiones como por ejemplo cortar conexiones con los agentes infectados o bien, cambiar la intensidad de sus interacciones (cambio en el peso del enlace). Todos estos factores pueden ser considerados en el modelo multiagentes dependiendo del contexto del problema a estudiar.

2.2.7. ¿Qué es un agente?

A diferencia de los sistemas de muchas partículas, como por ejemplo los modelos por compartimentos, los sistemas de agentes tienen diversidad, son heterogéneos y presentan dinámicas en sus atributos y comportamientos [35]. Algunos modelos consideran que un agente es cualquier componente independiente de un sistema; el comportamiento independiente se puede considerar desde una decisión binaria hasta una muy compleja como en la inteligencia artificial. [35]. Algunos autores, como J. L. Casti, consideran que un agente debe contener *reglas de nivel básico* y *reglas para cambiar las reglas*, en donde las reglas de nivel básico son aquellas que el agente da como respuesta al entorno en el que vive, mientras que las reglas para cambiar las reglas proporcionan adaptación [36].

De forma general, se puede considerar que un agente tiene ciertas propiedades. Un agente es *autónomo* y *auto-dirigido*, es decir, puede funcionar de forma independiente en su entorno y en sus interacciones con otros agentes, es decir, su comportamiento es un proceso que enlaza la percepción de su entorno con sus acciones y decisiones [35]. Otra propiedad que poseen es la de ser *modulares* o *auto-contenidos*. Esto quiere decir que un agente es identificable dentro de la población, se puede percibir el estado o estados a los que pertenece o no pertenece, y tiene un conjunto de características o atributos [35]. Por último, los agentes tienen la propiedad de ser entes *sociales* que *interactúan con otros agentes*; los agentes tienen comportamientos o reglas sociales que determinan un modelo, las más comunes son contención por espacio y evitación de colisiones, reconocimiento de agentes, comunicación e intercambio de información y opiniones [35].

Las reglas conductuales de los agentes varían según el modelo y, para el propósito de este trabajo, se considerarán agentes con las propiedades generales mencionadas anteriormente. A estas suposiciones sobre los agentes, también se le añadirán algunos atributos en la descripción del modelo de la siguiente sección.

2.3. Modelo epidemiológico basado en agentes.

Consideremos una red compleja en la que los nodos son agentes de una población y los enlaces representan las interacciones que ocurren entre los individuos. Cada agente puede tener uno de los siguientes estados epidémicos: Susceptibles (S), Infectado (I), Expuesto (E) y Recuperado (R). Los recuperados adquieren inmunidad temporal y al perderla vuelven a ser susceptibles a la enfermedad, por esta razón consideramos

un modelo SEIRS.

En un modelo multiagentes cada nodo actualiza su estado en pasos discretos de tiempo, y es posible considerar alguno de los siguientes métodos para actualizar el estado: de forma *síncrona* y *asíncrono*. En el primero, en cada iteración o paso del tiempo, todos los agentes actualizan su estado de acuerdo a la regla pre-establecida; mientras que en el segundo método se selecciona un grupo pequeño de agentes y se actualiza su estado. En este trabajo seleccionamos la form síncrona para actualizar el estado de los agentes usando los siguientes parámetros:

- **Probabilidad de infección** β : probabilidad de que un agente en el estado (S) sea infectado por un agente vecino en estado (I).
- **Periodo infeccioso** $1/\alpha$ Periodo mínimo de tiempo, medido en pasos de iteración, en la que los agentes del estado (I) permanecen en dicho estado hasta cambiar al estado (R).
- **Periodo inmune**: periodo de tiempo, medido en pasos de iteración, que transcurre antes de que un agente en estado (R) pueda cambiar su estado a (S).
- **Periodo de incubacion** Periodo de tiempo, medido en pasos de iteración, que transcurre antes de que un agente en estado (E) cambie su estado a (I), *i.e.* se convierta en un agente infectado.
- **Agentes infectados** N_{inf} : Número inicial de agentes infectados.
- **Intensidad de las interacciones** W_{min} y W_{max} . Peso mínimo y máximo que puede tener el enlace entre los agentes i y j .

en donde el peso de un enlace representa la fuerza de la interacción entre dos nodos, es decir, entre mayor sea la interacción entre dos agentes mayor será el peso del enlace que los une. En las simulaciones se usará el valor mínimo de 1 y valor máximo de 10, para tener una escala representativa de las interacciones.

Tomando en cuenta lo anterior, el algoritmo del modelo se describe en los siguientes pasos:

- **Paso 0:** Generamos un grafo con alguno de los modelos de construcción de grafos aleatorios y asignamos un peso a los enlaces con una distribución uniforme entre los valores (W_{min}, W_{max}) . Se selecciona un número inicial de nodos en estado infectado $N_{inf} \geq 1$ de forma aleatoria y asignamos al resto el estado S.

- **Paso 1:** Un nodo infectado, con etiqueta $i \in \{1, \dots, N\}$, selecciona a un nodo vecino en estado susceptible con probabilidad dada por:

$$P_j = \frac{w_{ij}}{\sum_{N_i^S} w_{ij}}$$

donde los nodos i y j son vecinos infectado y susceptible respectivamente, N_i^S es el conjunto de vecinos susceptibles del nodo i y w_{ij} es el peso del enlace (i, j) .

- **Paso 2:** Con probabilidad β , el nodo infectado contagia la enfermedad al nodo seleccionado j , cambiando su estado a expuesto.
- **Paso 3:** Los agentes cuyo estado es expuesto, infeccioso y recuperado que están dentro de los rangos de tiempo de periodo de incubación, periodo infeccioso y periodo inmune, cambian su estado a infectado, recuperado y susceptible respectivamente.
- **Paso 4:** Después de actualizar el estado de todos los agentes de forma síncrona, repetimos el paso 1 un número arbitrario de iteraciones.

2.4. Resultados de la Simulación

Se usarán dos distintos tipos de grafos aleatorios, los cuales son: Erdős-Renyi y Barabási-Albert [5]. Para el grafo Erdos-Renyi, se tomó un valor de probabilidad de conexión de 0.6, mientras que para Barabasi-Albert se usó el valor de $m = 10$ para el número de vecinos de cada nuevo nodo. Para cada estructura de red generada, se utilizó un valor de $\beta = 0.4$. Se realizaron 20 simulaciones por cada modelo de construcción de grafo, poblaciones de 50 agentes con 100 pasos de tiempo. Consideramos también los siguientes parámetros, mostrados en la tabla 2.2, cuyos valores están basados en la enfermedad del covid-19:

En las siguientes secciones mostraremos los resultados obtenidos en el proceso de la epidemia en los grafos. En particular, de las 20 simulaciones hechas por cada grafo, se ilustrará la curva de infectados de cada una más la respectiva curva promedio (en color rojo) sobre el ensamble de simulaciones. Las líneas en color gris, son cada una de las simulaciones graficadas en la misma figura. Adicionalmente, se elegirán aleatoriamente 3 simulaciones individuales de las 20 realizadas y se mostrará su comportamiento.

Simulaciones para un grafo Erdős-Renyi

Parámetro	Símbolo	Significado	Valor	Referencia
Probabilidad de infección	β	Probabilidad con la que un agente infectado contagia a un vecino susceptible	0.4	[27]
Tamaño de la población	N	Número de individuos en la población	50	-
Periodo de incubación	$1/\gamma$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Expuesto</i>	5	[37]
Periodo infeccioso	$1/\alpha$	tiempo que pasa un agente en estado <i>Infectado</i>	6	[27]
Periodo inmune	$1/\omega$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Recuperado</i>	30	[38]
Peso mínimo de enlace	W_{min}	Peso mínimo de la interacción entre dos agentes	1	-
Peso máximo de enlace	W_{max}	Peso máximo de la interacción entre dos agentes	10	-
Número de iteraciones	t	total de pasos de tiempo de la simulación	100	-
infectados iniciales	$N_i n_f$	Número de agentes que comienzan con estado infectado	1	-

Tabla 2.2: Tabla de parámetros de las simulaciones

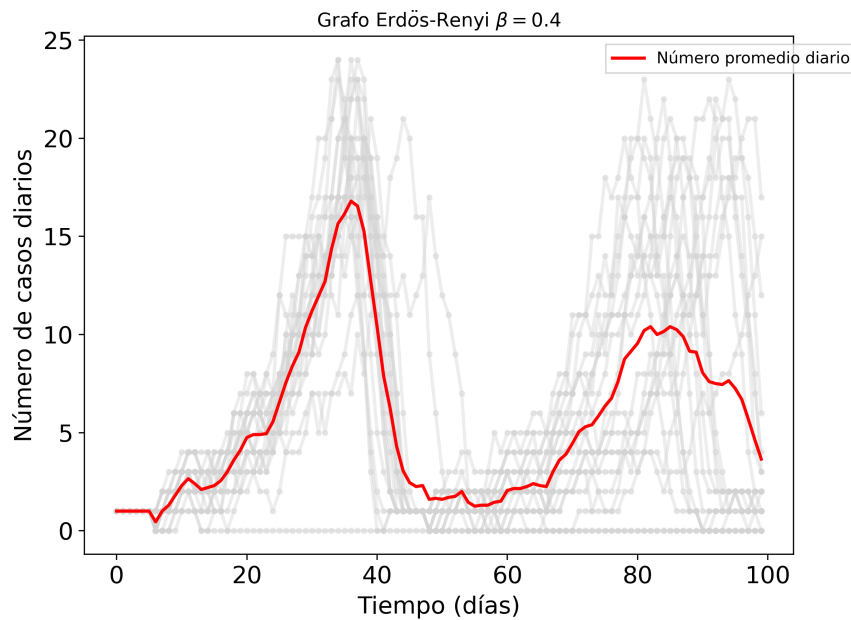


Figura 2.9: Curva de contagios promedio de 20 simulaciones para un grafo Erdős-Rényi

En la figura 2.9 es posible observar que la curva promedio crece en los primeros 40 periodos de tiempo hasta llegar a 17 infectados, posteriormente en los próximos 10 periodos de tiempo comienza a descender rápidamente a 3 individuos infectados. Después, entre el periodo 50 y 60, se mantiene el número de infectados en 3 y empieza a incrementar a partir del tiempo 65 formando una nueva curva de contagios con su punto más alto en el periodo 85 con 10 infectados. En los últimos 15 periodos de

2.4. Resultados de la Simulación

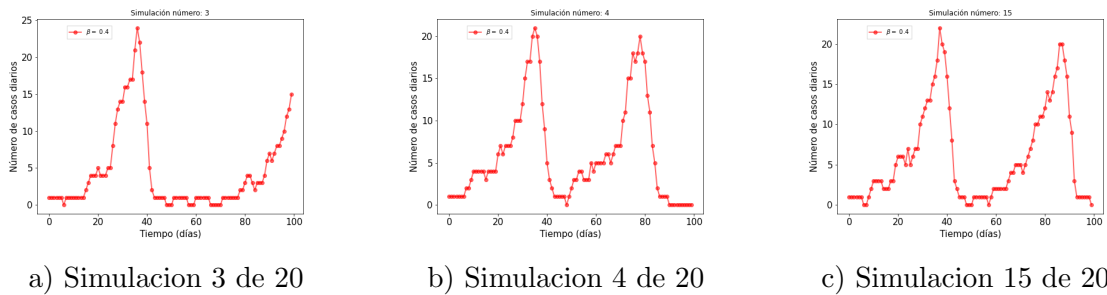


Figura 2.10: Curva de contagios de 3 simulaciones elegidas aleatoriamente del ensemble de 20 simulaciones para un grafo Erdős-Rényi

tiempo, la segunda curva de contagios promedio decrece en el número de infectados con menos de 5 al final de la simulación. Observando la figura 2.9 se puede deducir que, en general, las simulaciones presentan 2 picos de contagio en los primeros 100 periodos de tiempo. Para ilustrar esto, se incluyen en las figuras 2.10a), 2.10b) y 2.10c), en las que se muestran 3 simulaciones elegidas aleatoriamente de las 20 totales.

En la figura 2.10a), ocurre un solo pico de contagios, el cual se da en los primeros 40 periodos de tiempo de la simulación y alcanza un punto máximo de 24 infectados. A partir del tiempo 75, comienza a aparecer una nueva curva de contagios que llega a 15 infectados pero no alcanza su punto máximo antes de llegar al tiempo 100.

Por otra parte, en los primeros 50 periodos de tiempo, en la figura 2.10b) se observa un comportamiento parecido al de la figura 2.10a), con la diferencia de que la 2.10b) solo alcanza 21 infectados en su pico más alto. Sin embargo, después del tiempo 50, la curva de contagios aumenta progresivamente de 1 infectado a 7 en el tiempo 70, luego crece rápidamente hasta alcanzar su punto más alto con 20 infectados en el periodo 78. Luego la curva de infectados decae velozmente y, al llegar al periodo 90, se tienen 0 infectados que se mantienen hasta concluir la simulación.

Por último, la simulación correspondiente a la figura ?? muestra también 2 olas de contagio. La primera ola ocurre en los primeros 50 periodos de tiempo con un pico máximo de 23 infectados que se da en el tiempo 36, mientras que la segunda ola ocurre en el resto de la simulación alcanzando un punto máximo de 20 infectados en el tiempo 90 y llegando a 0 infectados al final de la simulación.

Simulaciones para un grafo Barabási-Albert

Los resultados para el grafo Barabási-Albert en la figura 2.11 muestran una curva promedio con 2 picos de contagio. El primer pico de contagio ocurre alrededor del tiempo 37 con 13 infectados, mientras que el segundo pico se da en el tiempo 90

alcanzando 9 infectados. Los puntos máximos de las olas de contagio en las figuras 2.11 y 2.9 ocurren en periodos de tiempo muy similares, pero la curva promedio correspondiente al grafo Barabási-Albert tiene picos de contagios menos altos y con caídas menos prominentes en el número de infecciones entre ambos picos de contagio. Siguiendo la misma metodología que para el grafo Erdős-Renyi, vamos a elegir 3

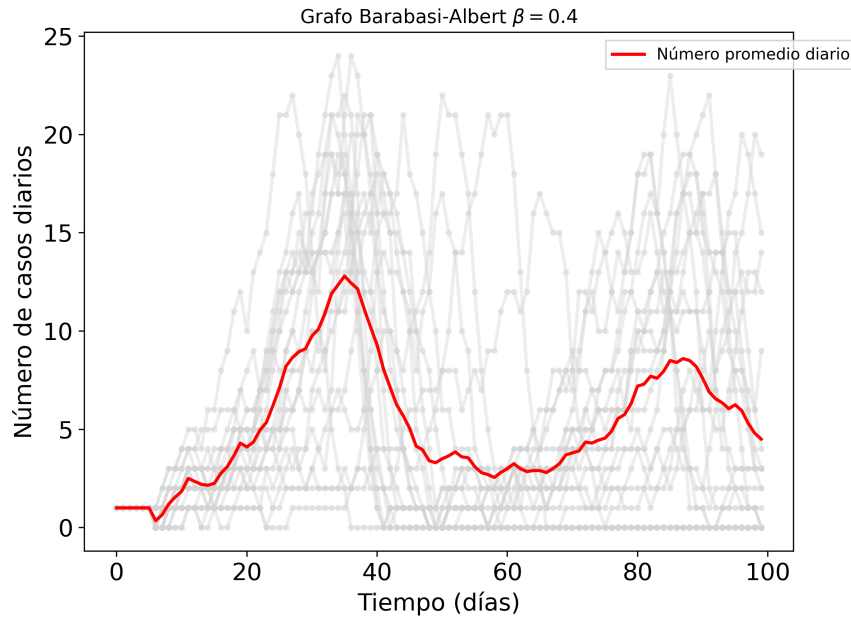


Figura 2.11: Curva de contagios promedio de 20 simulaciones para un grafo Barabási-Albert

simulaciones individuales del conjunto de las 20 realizadas de forma aleatoria para analizar su comportamiento.

En la figura 2.12a) se puede notar que hay una sola ola de contagio que alcanza su punto máximo con 23 infectados al tiempo 40. Posteriormente, la curva promedio cae rápidamente y, alrededor del tiempo 42, la epidemia se desvanece por el resto de la simulación. En cambio, en la figura 2.12b) se tienen 2 picos de contagio, el primero es parecido al de la figura 2.12a), ya que llegan al mismo punto máximo aproximadamente y ocurre en un periodo de tiempo similar. El segundo pico de contagio comienza a crecer alrededor del tiempo 65 y alcanza su punto más alto en el tiempo 90 con 18 infectados. Finalmente, en la figura 2.12c) se puede observar que ocurren

2.4. Resultados de la Simulación

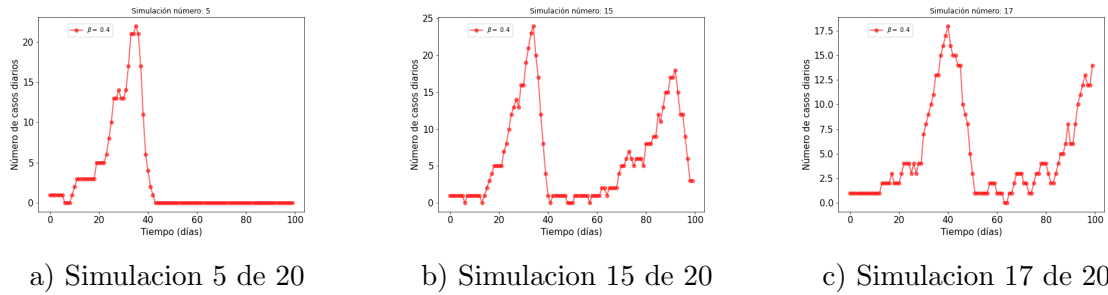


Figura 2.12: Curva de contagios de 3 simulaciones elegidas aleatoriamente del ensemble de 20 simulaciones para un grafo Barabási-Albert

2 olas de contagio, sin embargo, la segunda ola no alcanza su pico máximo antes de terminar la simulación. La primera ola de infecciones se presenta en los primeros 50 periodos de tiempo, llega a su punto máximo alrededor del tiempo 40 y desciende a 1 infectado al tiempo 50. La segunda curva comienza a crecer a partir del periodo 60 de manera escalonada y llega a 14 infectados al término de la simulación.

En general, en la dinámica de los contagios de las simulaciones para ambos grafos se puede notar que hay 2 olas de contagio. Los resultados muestran que cuando la población tiene una estructura de grafo Barabási-Albert los contagios crecen menos que con un grafo Erdős-Renyi y, en promedio, los picos máximos de contagio de las simulaciones ocurren casi en los mismos periodos de tiempo.

Una vez revisados los resultados de las simulaciones, en el siguiente capítulo se hablará del concepto de riesgo y de cómo es que se realizó la implementación del mismo al modelo epidemiológico explicado anteriormente en esta sección.

Capítulo 3

Riesgo

3.1. ¿Qué es el Riesgo?

El concepto de riesgo ha sido concebido de diversas formas por varios autores como D. Varnes, P. Blaikie y S.D. Aneas[39, 40, 41]. Se ha incorporado a distintas disciplinas tanto científicas como sociales tales como la política, economía, geología y medicina. Hay que tomar en cuenta que la idea del riesgo depende del contexto en el que se piensa e incluso, dentro del mismo marco de estudio, puede ser cualitativo o cuantitativo [40]. En términos generales, David J. Varnes (1984) define el riesgo como:

$$Riesgo = Vulnerabilidad * Exposicion * Peligro.$$

Los conceptos de David J. Varnes que conforman la ecuación anterior tienen un enfoque en la geología y deslizamiento de terreno, pero también son aplicables a otros campos como las finanzas o la ecología [41, 42, 40].

La palabra vulnerabilidad proviene del latín “*vulnerae*” que significa ‘que puede ser herido o lesionado’. P. Blaikie, por otro lado, la define como [39]: “características de una persona o grupo, desde el punto de vista de su capacidad para anticipar, sobrevivir, resistir y recuperarse del impacto de una amenaza natural. Implica una combinación de factores que determinan el grado hasta el cual la vida y la subsistencia de alguien queda en riesgo por un evento distinto e identificable de la naturaleza o de la sociedad”.

Una persona es vulnerable cuando puede presentar pérdidas o daños por algún fenómeno natural. En caso de una epidemia, por ejemplo, pensaríamos en una enfermedad como el fenómeno natural y la persona vulnerable sería aquella que es capaz de ser contagiada [41]. La vulnerabilidad se relaciona con el efecto o consecuencias que ocurren, pero no con el proceso natural en sí mismo como menciona J. Lewis

en [43]. Regresando al contexto de una epidemia, si un individuo tiene mayores posibilidades de presentar complicaciones (o incluso la muerte) debido a la infección de un patógeno, dicho individuo es más vulnerable que alguna otra persona que no presenta reacciones graves a la misma enfermedad.

Peligro, por otro lado, es el evento que causa las pérdidas de gravedad donde se produce. Según S.D. Aneas en [44] -“Peligro implica la existencia del hombre que valora que es un daño y qué no”. Esto supone que es un concepto más abstracto y hace alusión a la descripción de la percepción de un fenómeno potencialmente dañino [39]. Por ejemplo, en una población con una epidemia presente, el peligro puede ser percibido por distintos individuos en diferentes magnitudes. Esto se pudo observar durante la pandemia de covid-19, en donde particularmente adultos jóvenes no seguían las recomendaciones de distanciamiento social ya que no consideraban que la enfermedad representara un peligro para su salud [45].

La exposición, en contraste, se define como qué tan propenso se está a un fenómeno que sea potencialmente dañino de forma física, económica, social o ambiental [46]. Podemos pensar, como ejemplo, en una persona que camina en una montaña mientras ocurre una tormenta eléctrica. Si camina en zonas elevadas con pocos árboles, tendrá una exposición mayor a la caída de un rayo, que en este caso representa un fenómeno potencialmente dañino. En cambio, estará menos expuesto si elige esperar debajo de una cueva a que la tormenta desaparezca para seguir caminando. En términos epidemiológicos, la exposición se refiere al evento en el que una persona susceptible a una enfermedad ha estado en contacto con una persona en estado infeccioso [47]. La frecuencia y la intensidad con la que un individuo se expone a la transmisión de una enfermedad determina qué tan sujeto está de ser contagiado [48]. Conocer a fondo el concepto de riesgo y poder cuantificarlo adecuadamente al contexto en el que se utiliza es de gran ayuda para diversas aplicaciones de la epidemiología como la predicción de contagios en una población y la implementación de medidas de prevención para reducir la transmisión de una enfermedad [47]. En las siguientes secciones de este capítulo, se explicará la forma en la que se estima el riesgo, después se presentará la manera en la que se añade el concepto y la estimación de riesgo al modelo epidemiológico y, por último, se mostrarán los resultados de simulaciones numéricas de la estimación de riesgo en una epidemia.

3.2. Estimación de Riesgo.

A continuación explicaremos la propuesta de cómo estimaremos numéricamente el riesgo de cada agente para el modelo epidemiológico, así como la idea de la percepción de riesgo y su importancia en trabajos como *“Risk perception in epidemic modeling”* y *“Human disease-behavior interactions on complexnetworks models: in-*

corporating evolutionary game into epidemiology” [49, 5].

La percepción del riesgo se refiere al juicio subjetivo de las personas sobre la probabilidad de eventos negativos o dañinos como lesiones, enfermedades y la muerte [50]. Este concepto es de importancia ya que determina las situaciones o eventos en los cuales un individuo toma precauciones para evitar algún daño. La percepción del riesgo, en un contexto epidemiológico, es la forma en la que un individuo reconoce la posibilidad que tiene de contraer la enfermedad y los efectos de esta. Sin embargo, la percepción puede no estar relacionada con el riesgo real que se tiene. Para efectuar la estimación numérica de riesgo del modelo de este trabajo, nos basamos en el modelo de percepción del riesgo de F. Bagnoli en [49], en donde se propone lo siguiente:

Sea s el número de vecinos infectados de un nodo susceptible al que llamaremos *nodo* i ; y sea k el número de vecinos totales del *nodo* i . F. Bagnoli introduce el parámetro J y lo define como el nivel de precaución tomado por los individuos ante la enfermedad; y el parámetro $\alpha \leq 1$, el cual representa la percepción de qué tan expuesto se está; así como el parámetro H , el cual representa la influencia global sobre la población, por ejemplo, noticias mediáticas, alarmas del gobierno, etc. Entonces, la percepción del riesgo del *nodo* i se calcula con la siguiente fórmula propuesta por F. Bagnoli en [49]:

$$I(s, k) = \exp\{-[H + J \left(\frac{s}{k}\right)^\alpha]\}. \quad (3.1)$$

Después, la probabilidad de que un individuo susceptible sea contagiado por un vecino en estado infectado, llamada τ , es reemplazada por $\tau I(s, k)$ en la ecuación 3.2, la cual describe la dinámica de contagios de la fracción c de individuos en estado infectado, dada por:

$$c' = \sum_{s=1}^k \binom{k}{s} c^s (1-c)^{k-s} [1 - (1-\tau)^s], \quad (3.2)$$

donde $c = c(t)$ y $c' = c(t+1)$. Al realizar simulaciones numéricas para estudiar el efecto que tiene la percepción del riesgo sobre el curso de la epidemia, los resultados de F. Bagnoli muestran que, al incrementar $I(s, k)$ de forma lineal por medio del parámetro J , se puede controlar la epidemia para estructuras de red con conectividad homogénea por medio del incremento de la precaución en la población, siempre que se puede aumentar la percepción del riesgo hasta el punto en el que se extingan los contagios [49].

En contraste, para redes no homogéneas como las redes de escala libre, incrementar el valor de J no es suficiente, por lo que es necesario incrementar la percepción del riesgo de forma no lineal, por medio del parámetro α [49]. Esto quiere decir que cuando se tienen redes no homogéneas, el aumento de la precaución en la población

3.2. Estimación de Riesgo.

por sí solo no alcanza a mitigar el esparcimiento de la enfermedad, por lo que es necesario aumentar la percepción de la exposición a los contagios para poder frenar la epidemia.

Una vez que se ha revisado el concepto y el cálculo de la percepción del riesgo propuesta por F. Bagnoli, vamos a dar algunas definiciones y a explicar el desarrollo del modelo de estimación de riesgo de este trabajo.

Definición 3.1: Sea $G(V, E)$ un grafo (ver apéndice A). La vecindad de infectados o de susceptibles del nodo $i \in V$ se define como el conjunto de nodos $j \in V$ conectados con i , es decir $(i, j) \in E$, y cuyo estado epidemiológico es infectado (I) o susceptible (S), y se denota como N_I^i y N_S^i , respectivamente.

A manera de ejemplo, si consideramos el grafo mostrado en la figura (3.1), la vecindad de infectados del nodo con etiqueta 1 es $N_I^1 = \{2, 3\}$ y la de susceptible es $N_S^1 = \{4, 5\}$.

Definición 3.2: Sea $j \in N_S^i$ un nodo vecino al nodo i en estado susceptible. Diremos que el conjunto de vecinos de j en estado I, es decir N_I^j , forman el segundo conjunto de vecinos infectados más cercanos al nodo i mediante j . Y la *segunda vecindad infectada* del nodo i se define como $N_{I_2}^i = \bigcup_{j \in N_S^i} N_I^j$.

Por ejemplo, para el grafo mostrado en la figura (3.1), la segunda vecindad de infectados del nodo 1 es el conjunto de nodos $N_{I_2}^1 = \{11, 12\}$.

Definición 3.3: Definimos la percepción del riesgo del nodo i como:

$$H_i = \sum_{j \in N_S^i} \frac{|N_I^j|}{k_j}$$

con k_j el grado de nodo de j y $|\cdot|$ la cardinalidad del conjunto.

Definición 3.4: El *peligro* del nodo i se define como :

$$Peligro(i) = 1 - \exp\{-H_i\} . \tag{3.3}$$

Definición 3.5: La *exposición* del nodo i se define como :

$$Exposicion(i) = 1 - \exp\left\{-J_i \left(\frac{|N_I^i|}{k_i}\right)^\alpha\right\}, \quad (3.4)$$

con $J_i > 0$ el nivel de precaución tomado por el nodo i ante la enfermedad y k_i el grado de nodo de i .

En este trabajo de tesis, la *vulnerabilidad* del nodo i , la consideramos como un parámetro en el intervalo $[0, 1]$, el cual representa el grado de fragilidad del agente en cuestión ante la enfermedad generada por la epidemia. Por ejemplo, este parámetro puede considerar a personas de la tercera edad, con obesidad o con alguna comorbilidad como diabetes o hipertensión arterial, lo cual hace que el individuo se mayormente afectado por la epidemia. Para los propósitos de estudio de esta sección, consideramos la vulnerabilidad como una constante de valor igual a 1, esto implica que toda la población es igual de vulnerable a la enfermedad [51]. De esta forma, la estimación del riesgo depende principalmente de los valores de *peligro* y *exposición*, sin embargo, también se podría analizar el efecto que tiene la vulnerabilidad sobre el proceso de la epidemia.

Definición 3.6: Definimos el riesgo del nodo i como:

$$Riesgo(i) = \beta * (1 - (1 - Peligro(i))(1 - Exposicion(i)) * Vulnerabilidad(i)),$$

donde β es la probabilidad de infección.

Sustituyendo $Vulnerabilidad(i) = 1$ en la ecuación anterior, podemos reescribir la ecuación para estimar el riesgo de forma explícita como:

$$\begin{aligned} Riesgo(i) &= \beta * \left(1 - \exp\left\{-\left[\sum_{j \in N_S^i} \frac{|N_I^j|}{k_j} + J \left(\frac{|N_I^i|}{k_i}\right)^\alpha\right]\right\}\right) \\ &= \beta * \left(1 - \exp\left\{-\left[H_i + J \left(\frac{|N_I^i|}{k_i}\right)^\alpha\right]\right\}\right). \end{aligned} \quad (3.5)$$

La fórmula de riesgo se basa principalmente en los conceptos de riesgo de D. Varnes y en el modelo de percepción de riesgo de F. Bagnoli. Observando la ecuación (3.1), podemos destacar que la similitud de esta con la ecuación (3.5) se encuentra en el término exponencial, en el cual únicamente se reemplaza a H por H_i .

En contraste con el modelo de percepción de riesgo de F. Bagnoli en el que se estudia el efecto de diferentes valores de J y α , en este trabajo fijamos $J = 1$, $\alpha = 1$

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.

y se varía el valor de H_i dependiendo del tamaño de la *segunda vecindad infectada* del *nodo* i durante la epidemia.

La motivación de la formulación de la ecuación (3.5) es tener una expresión que presente el valor del riesgo en función del peligro y la exposición, particularmente buscando que al aumentar el peligro o la exposición incrementa el riesgo de un agente. Examinando la ecuación (3.3) se puede deducir que la expresión con la que se calcula el peligro se comporta como una función monótona creciente con variable independiente H_i , esto quiere decir que entre mayor sea el valor de H_i mayor será el valor del peligro para un nodo. En cambio, asumiendo que $J = 1$ y $\alpha = 1$ en la ecuación (3.4), la expresión de la exposición se comporta como una función monótona creciente con variable independiente $|N_I^i|/k_i$. Ahora veamos la ecuación 3.5, en donde cualquiera de los dos términos H_i y $|N_I^i|/k_i$ causan que el riesgo se eleve al aumentar de valor. De esta forma obtenemos una expresión para calcular el riesgo con las condiciones deseadas mencionadas anteriormente, en donde el propósito del producto de β es escalar el valor de riesgo acorde a la probabilidad de infección del modelo epidemiológico.

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.

En esta sección consideremos un modelo SEIRS en una población de agentes conectados en una red compleja y en donde la dinámica de contagias es la misma que usamos los capítulos dos y tres del presente trabajo de tesis. La principal variante en esta sección es que en cada iteración, se calcula el valor del peligro y exposición por medio de las ecuaciones (3.3) y (3.4), respectivamente, y se calcula el riesgo para cada agente de acuerdo con la ecuación (3.5), tomando, por simplicidad, a la vulnerabilidad de todos los agentes como uno y a los parámetros $J = 1$ y $\alpha = 1$. En la figura 3.1, se muestra un ejemplo de un grafo en la iteración t de una simulación, en la cual los nodos de color blanco y rojo representan a los agentes en estado susceptible e infectado, respectivamente. En la tabla 3.1, se observan los valores de peligro, exposición y riesgo para cada uno de los agentes del grafo en la figura 3.1 cuando $\beta = 0.4$.

En este caso, la tabla 3.1 muestra que los nodos 2 y 3 son los que tienen mayor riesgo en el tiempo t . Es interesante notar que existe un mayor efecto numérico del valor del peligro sobre el cálculo del riesgo. Particularmente, el nodo 3 tiene un valor de peligro alto (porque todos sus vecinos son susceptibles y cada uno tiene un alto porcentaje de vecinos infectados) pero no tiene ningún vecino directo en estado infectado, por lo que tiene una exposición nula. Esto ocurre ya que, en la ecuación 3.5, cuando se toman valores de $J = 1$ y $\alpha = 1$, el término $J \left(\frac{|N_I^i|}{k_i} \right)^\alpha$ está acotado por el intervalo $[0, 1]$, mientras que el término H_i suele ser mayor y no está acotado

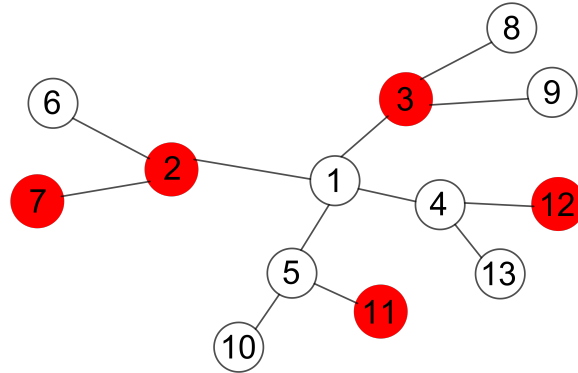


Figura 3.1: Ejemplo del estado de los agentes en una red en una iteración dada t .

Nodo	Peligro	Exposición	Riesgo
1	0.486	0.393	0.275
2	0.776	0.283	0.336
3	0.917	0	0.367
4	0.393	0.283	0.226
5	0.393	0.283	0.226
6	0	0.632	0.252
7	0	0.632	0.252
8	0	0.632	0.252
9	0	0.632	0.252
10	0.283	0	0.1138
11	0.283	0	0.1138
12	0.283	0	0.1138
13	0.283	0	0.1138

Tabla 3.1: Valores de peligro, exposición y riesgo para cada uno de los agentes en la figura (3.1) cuando $\beta = 0.4$.

superiormente por 1. Sin embargo, se puede notar en la figura 3.1 que estos nodos se encuentran en estado infectado, razón por la cual resulta redundante analizar los valores de peligro, exposición y riesgo en un contexto real. De esta forma, solo se realiza el calculo de estos valores para agentes infectados como referencia numérica. Al interpretar estos datos en un experimento numérico aplicado a un contexto real, es de mayor importancia revisar los valores para aquellos nodos en estado susceptible,

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.

aunque la información obtenida de los infectados también puede ayudar a tener una perspectiva general sobre el riesgo a nivel poblacional.

Para mostrar los resultados numéricos obtenidos al calcular el peligro, exposición y riesgo de la población de agentes, se presentarán varias series de tiempo que muestran cómo evolucionan estos valores durante la epidemia. Se usarán las mismas estructuras de grafos que para los resultados mostrados en el capítulo 2 (sección 4), es decir, grafos aleatorios Erdős-Rényi y Barabási-Albert con probabilidad de conexión de $p = 0.6$ y un valor de $m = 10$ para el número de conexiones por cada nodo añadido (ver apéndice A), respectivamente. Los parámetros iniciales son los mismos que se muestran en la tabla 2.2. En la figura 3.2 se pueden observar tres series de tiempo que

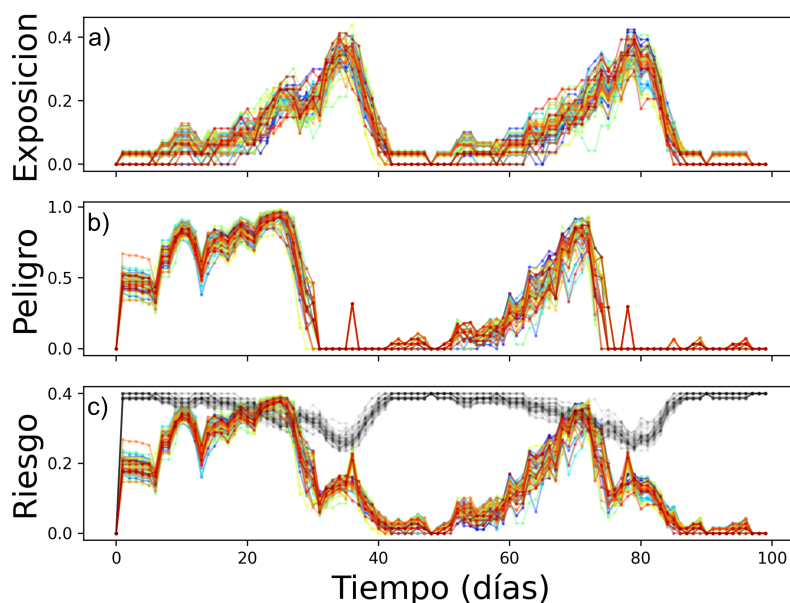


Figura 3.2: Exposición, peligro y riesgo para una población con estructura Erdős-Rényi

describen el comportamiento de la exposición, el peligro y el riesgo de una simulación para el caso en que los agentes se conectan mediante un grafo del tipo Erdős-Rényi. En específico, en la figura 3.2.a se muestra cómo la exposición de los nodos crece hasta llegar a su punto máximo en un valor de alrededor de 0.4 antes de la iteración 40, luego desciende rápidamente y algunas iteraciones después, la exposición de los nodos es mínima, sin embargo, nuevamente comienza a incrementar el valor de la exposición para alcanzar otro máximo en 0.4 en el periodo de tiempo 80. Por último,

vuelve a caer el valor de la exposición después de su punto más alto y, en el tiempo 85, los valores de exposición de los nodos se minimizan. Por otro lado, la figura 3.3 muestra la curva de contagios de la simulación correspondiente a las series de tiempo de la figura 3.2. Se puede notar que la dinámica de los valores de exposición se asemeja a la de los contagios, sobretodo en los periodos de tiempo de los puntos más altos y más bajos de ambas curvas. Esto se puede explicar por la forma en la que se construye el cálculo de la exposición con la ecuación 3.4, en donde al incrementar los contagios es más probable que crezca el número de vecinos infectados de un nodo, tal y como se observa en la figura 3.4.a, lo que ocasiona un aumento en la exposición. En

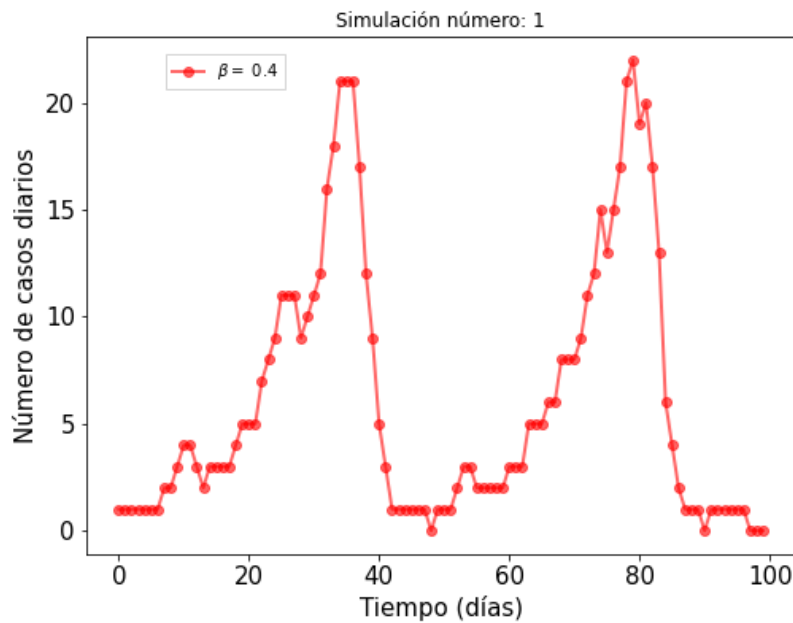


Figura 3.3: Curva de contagios de la simulación correspondiente a los valores de la figura 3.2

la figura 3.2.b se puede apreciar que el peligro comienza a crecer desde el inicio de la simulación, alcanza aproximadamente un valor de 0.8 en la iteración 10, disminuye a 0.5 antes del tiempo 15 y luego vuelve a crecer paulatinamente hasta llegar a un máximo de 0.95 alrededor del tiempo 25. Después se presenta una caída en los valores y llega a 0 en la iteración 30, se mantiene de esa forma hasta el tiempo 40, donde comienza a crecer mínimamente el peligro para algunos nodos. Al llegar el tiempo 60,

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.

el peligro vuelve a crecer considerablemente tomando valores de aproximadamente 0.2 y continúa incrementando hasta un máximo de 0.9 en el tiempo 70. Nuevamente el peligro decae y llega a 0 para los nodos entre el tiempo 75 y 80. El resto de la simulación, la mayoría de los nodos permanece con peligro nulo y, solo para algunos agentes, llega a haber pequeños incrementos no significativos. Los puntos más altos en los valores de peligro ocurren alrededor de 10 periodos de tiempo antes que los de la exposición, esto también implica que las curvas del peligro comienzan a crecer antes que las de la exposición. Lo anterior se debe a que, como se puede observar en la figura 3.4.b, el valor de H_i crece hasta su máximo en los primeros 30 periodos de tiempo y afecta directamente el cálculo del peligro como se puede apreciar en la ecuación 3.3. Observando la imagen 3.2 podemos ver dos conjuntos de líneas de

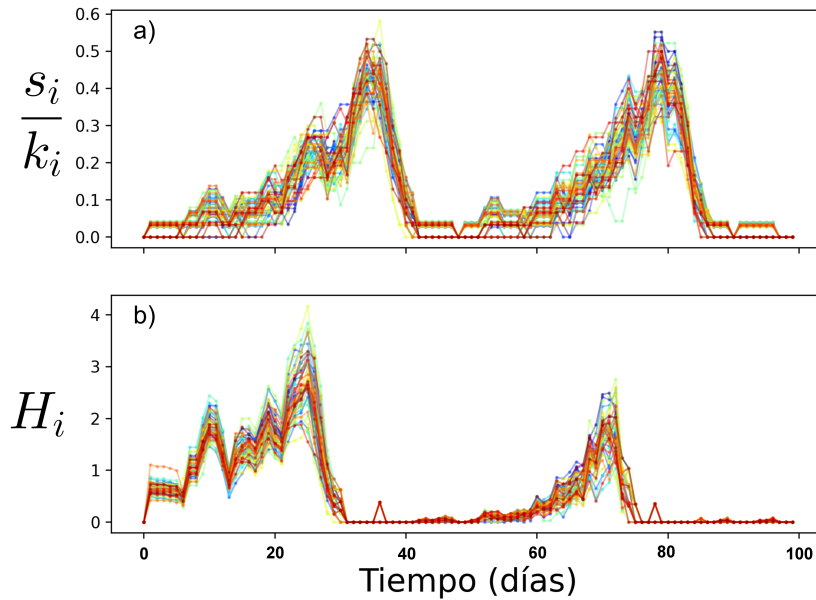


Figura 3.4: H_i y $\frac{s_i}{k_i}$ para una población de $N = 50$ agentes conectados con una estructura Erdős-Renyi

diferentes colores, aquellas en azul corresponden a los valores de la percepción del riesgo calculados por medio de la ecuación 3.1 de F. Bagnoli, mientras que las líneas en tonalidades rojizas son el riesgo calculado con la ecuación 3.5. Los valores de la percepción del riesgo se disparan a un punto máximo de 0.4 al inicio de la simulación y van decreciendo progresivamente hasta llegar a un punto mínimo de 0.25 en el tiempo 35, luego comienza a crecer hasta regresar a su punto máximo en el tiempo

45 y poco a poco vuelve a caer el valor a 0.25 en el tiempo 80. Sucesivamente crece una última vez a su punto máximo de 0.4 en el tiempo 90 y se mantiene de esa forma por el resto de la simulación. En contraste, el riesgo calculado con la ecuación 3.5 presenta una dinámica similar a la del peligro durante los primeros 30 periodos de tiempo y también entre el tiempo 50 y 75. Sin embargo, del tiempo 30 al 40 el valor del riesgo no cae por completo a 0 y comienza una pequeña curva que llega a un máximo de 0.15 en el tiempo 35 y comienza a descender por los próximos 10 periodos de tiempo. Esto mismo se repite del tiempo 75 al 90, en donde nuevamente y a diferencia del peligro, el valor del riesgo comienza a descender pero no llega a 0 y crece brevemente hasta el tiempo 80. Finalmente comienza a decrecer el riesgo y se vuelve casi nulo al final de la simulación.

Analizando los resultados para el grafo Barabási-Albert, en la figura 3.5 se presentan valores de exposición, peligro y riesgo más heterogéneos que cuando se tiene un grafo Erdős-Renyi. Es decir, en comparación con la figura 3.2, se puede notar que el rango de valores para un grafo Barabási-Albert tienden a estar en un intervalo más amplio. En la figura 3.5.a el valor de la exposición de los nodos comienza a subir en los primeros 30 periodos de tiempo hasta llegar a un punto máximo en un rango de valores que va desde 0.1 hasta 0.4 alrededor del tiempo 40. Después, el valor de la exposición baja a un rango de valores de 0 a 0.15 y continúa de esta forma hasta el tiempo 70, luego comienza a crecer hasta un intervalo máximo de 0.1 a 0.5 en el tiempo 95. Al igual que para un grafo Erdős-Renyi, los puntos más altos en los valores de la exposición ocurren a la par de los picos de contagio de la epidemia como se puede observar en las figuras 3.5.a y 3.6. Así, los puntos máximos de la figura 3.7.a se presentan en los mismos periodos de tiempo que los valores de exposición, lo cual se puede explicar por la forma de la ecuación 3.4.

Por otra parte, en la figura 3.5.b la forma de la curva del peligro es parecida a la 3.2.b del grafo Erdős-Renyi, pero nuevamente se presentan valores dentro de un intervalo en el que algunos nodos tienen mayor peligro a lo largo de toda la simulación. En los primeros 40 periodos de tiempo, el peligro tiene 3 curvas diferentes, la primera ocurre del tiempo 0 al 7 con punto máximo de 0.5 al tiempo 5, la segunda va del tiempo 7 al 20 con un máximo de 0.9 en el tiempo 10 y la tercera se da del tiempo 20 al 40 con un máximo de 0.95 en el tiempo 30. Posteriormente, el peligro disminuye y, del tiempo 40 al 60, es casi nulo para la mayoría de los nodos. Del tiempo 60 al 70 comienza a incrementar el peligro para algunos nodos y continúa creciendo de forma más pronunciada hasta alcanzar su punto máximo de 0.9 en el periodo 85. Al final de la simulación el peligro vuelve a disminuir para la mayoría de los nodos. Similar a los resultados del grafo Erdős-Renyi, los puntos máximos de la figura 3.5.b ocurren a la par que los de la figura 3.7.b y, en general, tienen formas parecidas gracias a la

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.

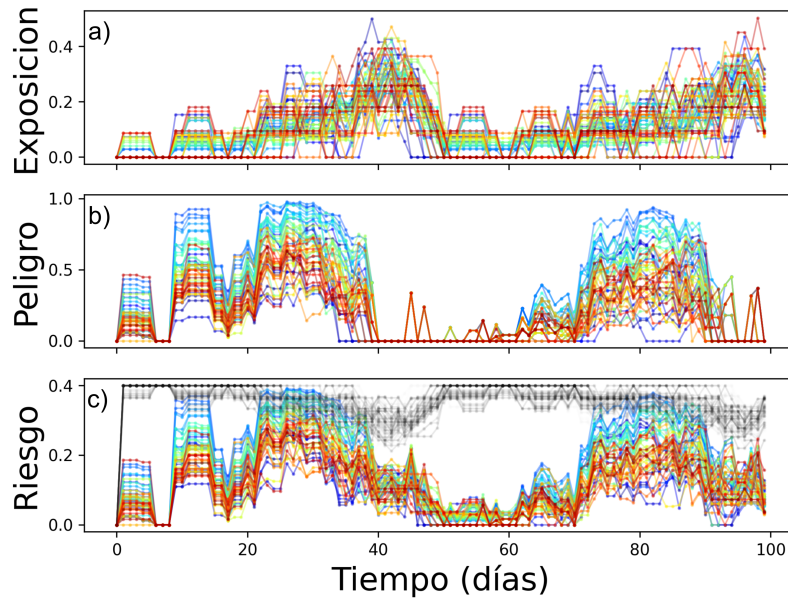


Figura 3.5: Exposición, peligro y riesgo para una población de $N = 50$ agentes conectados con una estructura de Barabási-Albert.

manera en la que se construye la ecuación 3.3 con la cual se calcula el peligro.

Los resultados del riesgo de la figura 3.5.c se presentan en el mismo formato que en la 3.2.c, es decir, se muestran las gráficas de los valores del riesgo de la ecuación 3.5 y, en color azul, aquellos de la percepción del riesgo de la ecuación 3.1. Los valores de la percepción del riesgo se comportan similares a los de la figura 3.2.c. En los primeros 20 periodos de tiempo se mantiene estable en un valor de 0.4 para la mayoría de los nodos, luego comienza a descender hasta un punto mínimo de 0.25 en el tiempo 40. Después comienza a subir la percepción del riesgo y regresa a un valor de 0.4 en el tiempo 50 y continúa de esta forma hasta por aproximadamente 10 periodos de tiempo. Del tiempo 60 al 95, el valor disminuye paulatinamente a 0.25 en el tiempo 95 y, por último, crece a un valor de 0.35 al concluir la simulación. En contraste, el riesgo de la ecuación 3.5 empieza la simulación con valores entre 0 y 0.2 en los primeros 10 periodos de tiempo, luego crece a un rango de 0.15 a 0.35 y, al tiempo 20, baja a valores de 0.05 a 0.25. Después continúa creciendo hasta alcanzar un máximo de 0.4 en el tiempo 30 y disminuye su valor alrededor de 0.1 en el tiempo 40. Comparando las formas de las curvas de 3.5.b y 3.5.c, se puede ver que el riesgo se comporta de forma parecida al peligro en los primeros 35 periodos de

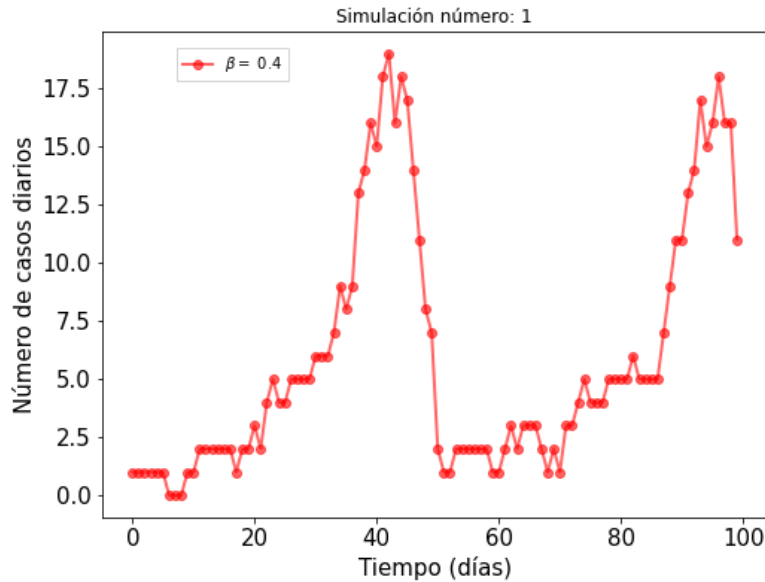


Figura 3.6: Curva de contagios de la simulación correspondiente a los valores de la figura 3.5.

tiempo. Del tiempo 35 al 60, el riesgo decrece de forma más pausada que el peligro y no llega a valores tan cercanos a 0. Esto se debe a la forma en la que el riesgo, calculado mediante la ecuación 3.5, se expresa en función del peligro y exposición. Por ejemplo, del periodo 40 al 50 los valores del peligro son casi nulos, sin embargo, los de la exposición son significativos y afectan directamente el cálculo del riesgo. Ambas gráficas también presentan una similitud entre el tiempo 60 y 90, en donde crece una curva hasta un punto máximo en el periodo 85. En los últimos 10 periodos de tiempo el riesgo no se ve tan afectado por el peligro, pero sí muestra un breve aumento provocado por el crecimiento de la exposición en este tiempo.

En general, los resultados muestran que los puntos más altos de los valores de la exposición ocurren al mismo tiempo que se alcanzan los picos de contagio de la epidemia. Por otra parte, el peligro llega a sus puntos máximos alrededor de 10 a 15 periodos de tiempo antes de que la exposición alcance su punto más alto debido a la forma en la que se comporta el valor de H_i y la ecuación 3.3. El riesgo se ve más afectado por el peligro, sin embargo, al caer el valor del peligro se puede observar que la exposición tiene un efecto sobre el riesgo después de que este alcanza su punto

3.3. Modelo SEIRS con Riesgo.

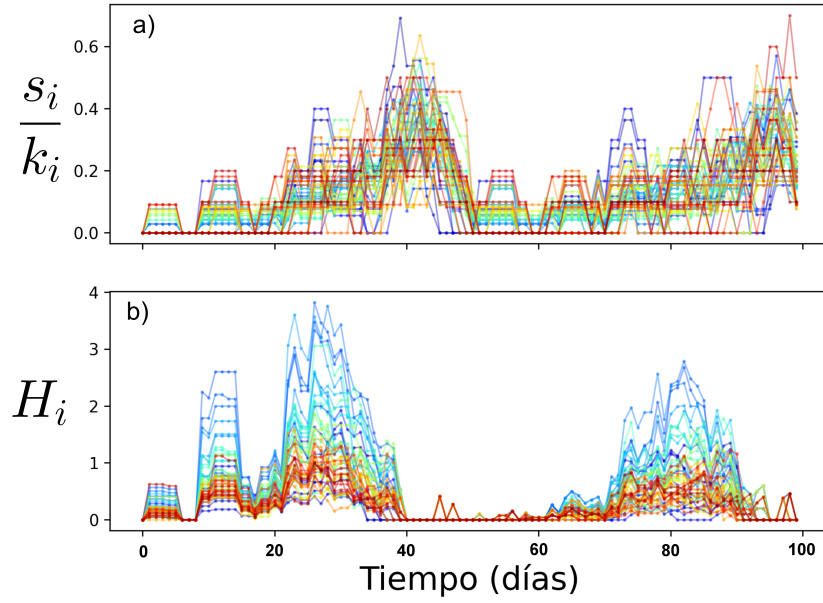


Figura 3.7: H_i y $\frac{s_i}{k_i}$ para una población de $N = 50$ agentes conectados con estructura Barabási-Albert.

máximo.

Capítulo 4

Introducción a la Teoría de Juegos.

La teoría de juegos es una rama de las matemáticas la cual se enfocada al estudio de las elecciones y las estrategias óptimas de un individuo cuyos beneficios dependen tanto de las propias decisiones como de las que elijan aquellos con quienes interactúa. En general, la teoría de juegos investiga la interacción entre agentes y sus decisiones [52]. Las aplicaciones de esta teoría pueden variar desde su uso en biología, ciencias sociales, relaciones internacionales, política y, principalmente, en economía [53].

La teoría de juegos es usada para conocer los comportamientos y estrategias que tiene un grupo de individuos al competir por algún recurso [52]. Esto se puede aplicar también a sistemas biológicos y/o sociales, tal es el caso del reino animal, ya que en algunas especies se han estudiado los beneficios de la cooperación mutua en una población [52]. Por otra parte, en el contexto de la economía, la teoría de juegos es usada para mejorar las estrategias de las compañías en el mercado [52].

La teoría de juegos tiene sus orígenes en el año 1928, cuando John von Neumann observó que algunos juegos eran también útiles en la resolución de problemas económicos [52]. En su libro *Theory Games and Economic Behavior*, publicado en 1944, ya aplicaba nociones de teoría de juegos en la economía. Vale la pena destacar que esta publicación es considerada como el inicio de la teoría de juegos moderna [52, 54]. Sin embargo, von Neumann estaba más interesado en la aplicación de la teoría de juegos en escenarios políticos y de conflictos bélicos, incluso llegó a proponer un modelo del periodo histórico llamado la *guerra fría* por medio de un juego en el que los participantes eran Estados Unidos de América y la Unión de Repúblicas Socialistas Soviéticas (URSS, hoy llamada Federación de Rusia) [52].

Para poder describir los elementos básicos que conforman un juego, primero debemos dar algunas definiciones básicas.

4.1. ¿Qué es un juego?

Los elementos básicos que componen un juego son [52]:

1. Un número (finito) de jugadores $M = \{a_1, a_2, \dots, a_n\}$.
2. Un conjunto de estrategias $S_i = \{S_1, \dots, S_q\}$ asignado a cada jugador $i \in M$. La combinación de todos los conjuntos de estrategias $S = \prod_{i \in M} S_i$ es llamado el *espacio de estrategias*.
3. Una función de utilidad $u_i : S \rightarrow \mathbb{R}$, la cual representa el pago que el jugador i recibirá si selecciona una estrategia dada en S . Las utilidades dependen también de las elecciones de los demás jugadores, por lo que se suele representar las recompensas de todos los jugadores como una *matriz de utilidades*.

En resumen, un juego se compone de un número finito de *jugadores*; cada jugador tiene opciones sobre cómo reaccionar y nos referiremos a estas opciones como las *estrategias* del jugador y, para cada estrategia elegida, cada jugador obtiene una recompensa llamada *utilidad*, que también depende de las elecciones de los demás jugadores.

Por ahora nos concentraremos en juegos en donde solo participan dos jugadores y en donde cada uno de ellos tiene dos posibles estrategias a elegir. Vale la pena destacar que el caso de un mayor número de jugadores es posible, sin embargo, es un área de investigación actual cuya descripción está fuera del alcance de este trabajo de tesis. A manera de ejemplo, consideremos un juego hipotético donde el jugador uno puede seleccionar una estrategia del conjunto $S_1 = \{A, B\}$, mientras el jugador dos puede elegir una estrategia del conjunto $S_2 = \{C, D\}$. Dependiendo del juego, puede ocurrir que $A = C$ ó $B = D$. Las entradas de la matriz de utilidades son las ganancias que reciben los jugadores al seleccionar alguna estrategia en particular. Supongamos que el jugador uno elige la estrategia A y el jugador dos la estrategia C , entonces la entrada $(2, 1)$ indica que el jugador uno recibe una utilidad de cuatro por ejemplo, y el jugador dos recibe una utilidad de tres. De esta forma se pueden asignar el resto de las entradas de la matriz de la utilidades tal y como podemos ver en la figura 4.1.

En la siguiente sección expondremos sobre cómo los jugadores pueden modificar sus estrategias basados en sus utilidades.

		Jugador 2	
		C	D
Jugador 1	A	(4, 3)	(0, 1)
	B	(2, 2)	(1, 0)

Tabla 4.1: Ejemplo de una matriz de utilidad para un juego entre dos jugadores cuyas estrategias son los conjuntos $S_1 = \{A, B\}$ y $S_2 = \{C, D\}$.

4.2. Razonamiento en un juego

La teoría de juegos aborda el estudio de cómo los agentes toman decisiones *racionales* en un juego o situación, donde por *racional* nos referimos a que la elección de una estrategia en particular se basa en la estimación del valor y del coste. Es este sentido, algunas de las principales hipótesis hechas en la teoría de juegos son [53]:

- Los jugadores se preocupan únicamente por su recompensa y/o utilidad.
- Cada jugador conoce la estructura del juego. Es decir, los jugadores conocen sus posibles estrategias y las utilidades que estas generan. Igualmente, cada jugador conoce las posibles estrategias y utilidades del (o de los) otro(s) jugador.
- Cada jugador elige la estrategia que maximiza su utilidad, dada sus estimaciones sobre la estrategia que seleccionará su oponente.

Este modelo de comportamiento individual es llamado de “*racionalidad*”. La teoría de juegos como teoría de racionalidad busca ofrecer las mejores decisiones dadas las preferencias de los jugadores [53].

Usualmente, en un juego cada jugador busca maximizar su utilidad y, por medio de la racionalidad, elige la estrategia correcta para maximizar su utilidad. Cabe recalcar que estas hipótesis no son únicas al hablar sobre teoría de juegos. Existen, en la literatura sobre el tema, algunas otras hipótesis a considerar como por ejemplo juegos en los que un jugador no conoce la estructura completa del juego, las estrategias o las utilidades de sus oponentes; o bien, juegos en los que los jugadores van adquiriendo experiencia al jugar y por tanto van mejorando sus elecciones de estrategias a través del tiempo e incluso juegos en los que los jugadores no tiran simultáneamente, entre otros [52, 53].

4.3. Algunos juegos importantes.

A continuación se hablará sobre algunos de los juegos más estudiados en la teoría de juegos y, posteriormente, en la siguiente sección se explicará el concepto de equi-

libro de Nash y su aplicación en uno de estos juegos.

4.3.1. Dilema del Prisionero.

Uno de los juegos más importantes que es usado ejemplificar la teoría de juegos es el *dilema del prisionero*, el cual es el siguiente [52]:

Dos individuos fueron capturados por la policía y están siendo interrogados en cuartos separados. La policía sospecha que ambos fueron responsables por un robo, pero no hay suficiente evidencia para condenarlos por dicho robo. Sin embargo, ambos se resistieron al arresto, por lo cual los pueden condenar a un año ya que es un crimen menos severo. A cada individuo le proponen lo siguiente -“Si confiesas y tu compañero no lo hace, entonces te liberamos y tu compañero será condenado por el crimen. Tu confesión será suficiente para que lo condenen por el robo y vaya a prisión durante 10 años. Sin embargo, si ambos confiesan el crimen del robo, la sentencia será menor por admitir la culpa y ambos irán solo 4 años a prisión. Si ninguno confiesa, no se puede condenar a ninguno por el crimen del robo por lo que solo se les dará la sentencia por resistir el arresto y ambos pasarán 1 año en prisión. Le estamos ofreciendo el mismo trato a tu compañero. ¿Quieres confesar el crimen del robo?” Para entrar en el contexto de un juego podemos considerar que los sospechosos son los jugadores y cada uno debe elegir entre dos estrategias que son Confesar (C) y No Confesar (NC). La matriz de utilidades se ve de la siguiente manera:

		Sospechoso 2	
		NC	C
Sospechoso 1	NC	(3, 3)	(0, 5)
	C	(5, 0)	(1, 1)

Tabla 4.2: Matriz de utilidades para el juego del dilema del prisionero.

En donde $R = 3$ es la recompensa por cooperación (cooperar en este caso significa no confesar, *i.e.* NC), $T = 5$ es la “tentación” de un sospechoso de confesar cuando el otro sospechoso no confiesa y recibe el peor resultado con $S = 0$, mientras que el “castigo” por no cooperar es $P = 1$ [52]. Estos valores pueden cambiar, sin embargo, para tener una estructura de dilema del prisionero se debe cumplir que:

$$\begin{aligned} T > R > P > S \quad \text{y,} \\ R > (S + T)/2. \end{aligned} \tag{4.1}$$

Ahora podemos analizar el razonamiento que tendría, por ejemplo, el sospechoso 1. Si el sospechoso 2 confesara, entonces el sospechoso 1 recibiría una utilidad de 1 al confesar y una utilidad de 0 al no confesar. En este caso, el sospechoso 1 debería confesar para maximizar su utilidad. Por otro lado, si el sospechoso 2 no confesara, entonces el sospechoso 1 recibiría una utilidad de 5 al confesar y una utilidad de 3 al no confesar. En este caso, el sospechoso 1 debería confesar para maximizar su utilidad.

De esta forma podemos observar que confesar es una **estrategia estrictamente dominante**, ya que es la mejor forma de jugar sin importar lo que elija el otro jugador. Por esta razón, se esperaría que la utilidad de cada jugador sea de 1.

Ocurre un fenómeno en el cual existe una mejor opción para ambos jugadores en la que ambos deciden no confesar, sin embargo, no es posible llegar a este caso por medio del comportamiento de la *racionalidad* [52]. Incluso al haber una mejor opción para ambos jugadores, terminan eligiendo una opción con una utilidad menor.

Es importante mencionar que si hubiera otro factor dentro del juego, como por ejemplo amenazas entre los sospechosos, estos podrían ser considerados al cambiar las ganancias dentro de la matriz de utilidades, lo cual alteraría la estructura del juego y por tanto las decisiones de los jugadores [53].

4.3.2. Juego de la gallina.

Alterando las ganancias en las condiciones de las ecuaciones (4.1), se pueden obtener juegos parecidos con diferentes contextos. Uno de estos es el **juego de la gallina**, en el que dos carros aceleran frente a frente y el primero que se desvíe para evitar chocar es la gallina. Este juego satisface las siguientes condiciones [52]:

$$T > R > S > P,$$

ya que en este caso el peor resultado ocurre cuando ninguno de los dos jugadores coopera y terminan en una colisión. La matriz de utilidades para el juego de la gallina tiene la siguiente forma:

		Jugador 2	
		Desviarse	No Desviarse
Jugador 1	Desviarse	(2, 2)	(3, 1)
	No Desviarse	(1, 3)	(0, 0)

Tabla 4.3: Matriz de utilidades para el juego de la gallina.

4.3.3. Cazar un ciervo.

Otra de las variantes del dilema del prisionero es el juego de *cazar un ciervo*. En este juego, dos cazadores tienen que decidir entre cazar un ciervo o un conejo. El ciervo es difícil de cazar y requiere de la cooperación de ambos cazadores, mientras que el conejo puede ser cazado de forma individual [52]. Sin embargo, si el cazador 1 decide cazar un conejo y el cazador 2 decide cazar el ciervo, el cazador 2 terminará con las manos vacías. Se presenta un dilema en el que la cooperación da una mayor recompensa pero requiere de la disposición de ambos. En este caso, las condiciones que se deben de cumplir para las ganancias son:

$$R > T > P > S; \tag{4.2}$$

y la matriz de utilidades se expresa como [52]:

		Jugador 2	
		Ciervo	Conejo
Jugador 1	Ciervo	(3, 3)	(2, 0)
	Conejo	(0, 2)	(1, 1)

Tabla 4.4: Matriz de utilidades del juego de cazar un ciervo.

4.3.4. Juego del Ultimatum.

El juego del *ultimatum* también ha sido estudiado ampliamente en la teoría de juegos y ocurre de la siguiente forma [52]: dos amigos son interceptados por una persona que les ofrece jugar un juego. Le da \$100 al primer amigo y, entre los dos amigos, deben repartir el dinero. El primer amigo debe dar una propuesta de cómo se debe repartir la cantidad, si el segundo amigo acepta el dinero se divide, pero si el segundo amigo no acepta, entonces ninguno recibe parte del dinero. Lo más razonable sería que el segundo amigo acepte sin importar la cantidad, ya que es mejor que la opción de no recibir dinero. Esto mismo implicaría que el primer amigo debería tratar de quedarse con la mayor cantidad posible de dinero, sin embargo, se han realizado estudios con grandes cantidades de personas y la mayoría propone quedarse con 40 o 50 % del dinero, mientras que la mitad de los jugadores rechaza ofertas menores al 30 % del dinero [52]. Una matriz de utilidades para este juego se ve como en la tabla (4.5):

		Jugador 2	
		aceptar	rechazar
Jugador 1	x	$(100 - x, x)$	$(0, 0)$

Tabla 4.5: Matriz de utilidades del juego del ultimatum.

donde $x \in [0, 100]$ es la cantidad que ofrece el jugador 1 al jugador 2.

4.3.5. Piedra papel o tijeras

El último juego mencionado en esta sección es uno que es muy popular en casi cualquier contexto. El juego de piedra papel o tijeras consiste en que dos jugadores, quienes simultáneamente cambian la forma de su mano para representar alguna de las figuras de una roca, un pedazo de papel o unas tijeras. El objetivo es elegir aquella figura que derrote a la figura del oponente por medio de las siguientes reglas: el papel envuelve a la roca, la roca rompe las tijeras y las tijeras cortan el papel; si ambos jugadores eligen las misma figura, se tiene un empate.

Este juego es una representación de un sistema no-transitivo que involucra una comunidad de tres especies que compiten y satisfacen una relación entre ellas [52]. Se ha propuesto este juego como un modelo de interacción de algunos sistemas biológicos tales como las comunidades de lagartijas que compiten por la supervivencia [55].

La matriz de este juego se muestra en la tabla 4.3.5.

		Jugador 2		
		Piedra	Papel	Tijera
Jugador 1	Piedra	$(0, 0)$	$(0, 1)$	$(1, 0)$
	Papel	$(1, 0)$	$(0, 0)$	$(0, 1)$
	Tijera	$(0, 1)$	$(1, 0)$	$(0, 0)$

Tabla 4.6: Matriz de utilidades del juego piedra, papel o tijera.

4.4. Equilibrio de Nash.

En la teoría de juegos, usualmente se asume que cada jugador elige la mejor estrategia disponible. En un juego, la mejor estrategia de un jugador depende, en

4.4. Equilibrio de Nash.

general, de las acciones de otros jugadores, por lo que un jugador debe tener en mente las posibles estrategias de los demás jugadores [56]. Un jugador tiene ciertas creencias sobre el comportamiento de los otros jugadores y, para los juegos mostrados en este trabajo, asumimos que estas creencias son siempre correctas, es decir, un jugador sabe exactamente las utilidades que recibirán los demás jugadores al seleccionar una estrategia en particular.

Definición 4.1 ([56]): Un equilibrio de Nash es un conjunto de estrategias o perfil de acciones a^* con la propiedad de que ningún jugador i puede tener una mejor recompensa al elegir una acción diferente a a_i^* , dado que cada jugador j se queda con la acción a_j^* .

Si en un juego todos los jugadores eligen la estrategia que compone el equilibrio de Nash, no existe ninguna presión o motivación para que algún jugador llegue a cambiar su estrategia. Sin embargo, esta definición se puede ampliar de la siguiente manera. Sea a un perfil de acciones, en el cual la estrategia de cada jugador i es a_i . Sea a'_i cualquier estrategia del jugador i (puede ser igual o diferente a a_i). Entonces (a'_i, a_{-i}) denota el perfil de acciones en el cual cada jugador j elige la estrategia a_j , a excepción del jugador i que elige la estrategia a'_i [56]. Es decir, (a'_i, a_{-i}) es el perfil de acciones en el cual todos los jugadores se adhieren al perfil de acción a excepto por el jugador i quien se “desvía” al escoger la acción a'_i . Claro que si $a'_i = a_i$, entonces $(a'_i, a_{-i}) = (a_i, a_{-i}) = a$. Por ejemplo, si hay 3 jugadores, entonces a'_3 es el perfil de acciones en el cual los jugadores 1 y 2 eligen las estrategias a_1 y a_2 , respectivamente, mientras que el jugador 3 se desvía al escoger la acción a'_3 . Explicando la notación anterior, la definición del equilibrio de Nash se escribe como:

Definición 4.2 ([56]): El perfil de acciones a^* en un juego de estrategia de preferencias ordinales es un equilibrio de Nash si, para cada jugador i y cada acción a_i del jugador i , a^* es por lo menos igual de buena que el perfil de acciones (a_i, a_{-i}^*) acorde a las preferencias del jugador i . De forma equivalente, para cada jugador i :

$$u_i(a^*) \geq u_i(a_i, a_{-i}^*); \quad (4.3)$$

para cada acción a_i del jugador i , donde u_i es la función de utilidad que representa las preferencias del jugador i .

Esta definición no implica que en un juego de estrategias hay necesariamente un equilibrio de Nash o que existe uno solo. Algunos juegos tienen un único equilibrio de Nash, algunos no tienen ninguno y otros tienen varios equilibrios de Nash. La importancia del equilibrio de Nash radica en que, generalmente, brinda información sobre cuáles acciones tomarán los jugadores en un juego de estrategia. Se utiliza para el estudio del comportamiento de muchos juegos, algunos conocidos como el

Dilema del Prisionero, el juego de cazar un ciervo, el juego de la paloma y el halcón, entre otros. Sin embargo, para poder experimentar en la realidad con la teoría de los equilibrios de Nash es necesario asegurar que las preferencias de las personas que participan en un juego son las mismas que las de los jugadores que representan [56]. Usualmente, en un contexto real, las utilidades de un juego son representadas por medio de dinero. Pero si la población en la que se realiza el experimento del juego no tiene como preferencia el dinero, entonces no se estaría evaluando únicamente la teoría del equilibrio de Nash, sino que también se evaluaría si la población responde a los estímulos de dinero, lo cual no es un hipótesis propia de la teoría de juegos. Por esta razón, para poder evaluar la teoría del equilibrio de Nash de forma experimental es necesario asegurar que se inducen las preferencias que se desean estudiar en los jugadores [56].

4.4.1. Mejor Respuesta.

Una forma alternativa de encontrar un equilibrio de Nash en un juego con pocas estrategias es por medio de la *mejor respuesta*. Se examina cada perfil de acción para ver si satisfacen las condiciones del equilibrio. En cambio, para juegos más complicados o con más estrategias, es más conveniente utilizar *funciones de mejor respuesta* para encontrar un punto de equilibrio [56]. Para cualesquiera estrategias dadas de los jugadores diferentes del jugador i , las estrategias del jugador i producen distintas utilidades. En particular, nos interesa encontrar aquella estrategia que le otorga mayor utilidad al jugador i .

Se denota por $B_i(a_{-i})$ al conjunto de mejores estrategias del jugador i cuando las estrategias de los demás jugadores es a_{-i} [56]. Se define la función B_i como [56]:

$$B_i(a_{-i}) = \{a_i \in A_i : u_i(a_i, a_{-i}) \geq u_i(a'_i, a_{-i}) \forall a'_i \in A_i\}; \quad (4.4)$$

cualquier estrategia en $B_i(a_{-i})$ es por lo menos igual de buena para el jugador i que cualquier otra estrategia del jugador i cuando las estrategias de los otros jugadores están dadas por a_{-i} [56]. Llamamos a B_i la función de la mejor respuesta del jugador i . Cada elemento del conjunto $B_i(a_{-i})$ es una mejor respuesta del jugador i a a_{-i} , si cada uno de los demás jugadores se queda con su estrategia respectiva de a_{-i} . Entonces el jugador i tendrá que elegir una estrategia de $B_i(a_{-i})$ para maximizar su utilidad [56].

Un equilibrio de Nash, como se revisó anteriormente, es un perfil de acciones con la propiedad de que ningún jugador puede mejorar su utilidad al cambiar su estrategia, dadas las estrategias de los demás jugadores. De esta forma, podemos describir un equilibrio de Nash como un perfil de acciones para el cual la estrategia de cada jugador es una *mejor respuesta* a las estrategias de los demás jugadores [56]. En general tenemos que el perfil de acciones a^* es un equilibrio de Nash en un juego de

4.4. Equilibrio de Nash.

estrategia con preferencias ordinales, si y solo si, la estrategia de cada jugador es una mejor respuesta a las estrategias de los demás jugadores, es decir [56]:

$$a_i^* \text{ está en } B_i(a_{-i}^*) \text{ para cada jugador } i. \quad (4.5)$$

Si cada jugador i tiene una única mejor respuesta a cada lista a_{-i} de las estrategias de los demás jugadores, entonces podemos escribir las condiciones de la ecuación 4.5 como varias ecuaciones [56]. Para cada jugador i y cada lista a_{-i} de las estrategias de los demás jugadores, se denota el único elemento de $B_i(a_{-i}^*)$ como $b_i(a_{-i}^*)$, es decir, $B_i(a_{-i}^*) = \{b_i(a_{-i}^*)\}$, de tal forma que la ecuación 4.5 es equivalente a [56]:

$$a_i^* = b_i(a_{-i}^*) \text{ para cada jugador } i, \quad (4.6)$$

lo cual es una colección de n ecuaciones, donde n es el número de jugadores del juego. Por ejemplo, para un juego de dos jugadores las ecuaciones son:

$$a_1^* = b_1(a_2^*),$$

$$a_2^* = b_2(a_1^*).$$

En un juego de dos jugadores en el cual cada jugador tiene una única mejor respuesta a cada estrategia del otro jugador, (a_1^*, a_2^*) es un equilibrio de Nash si y solo si la estrategia a_1^* del jugador 1 es su mejor respuesta ante la estrategia a_2^* del jugador 2, y la estrategia a_2^* del jugador 2 es la mejor respuesta a la estrategia a_1^* del jugador 1 [56].

Se puede seguir un método para encontrar un equilibrio de Nash por medio de las funciones de mejor respuesta. Primero se debe encontrar la función de mejor respuesta de cada jugador y después es necesario encontrar los perfiles de acciones que satisfagan la ecuación (4.5). Pongamos un ejemplo para ilustrar este método. Tomemos el juego con las utilidades que se muestran en la tabla (4.4.1) y encontremos las mejores respuestas del jugador 1 a las estrategias del jugador 2. Cada que encontremos una mejor respuesta, marcaremos un * al lado de la utilidad que recibe el jugador 1.

Si el jugador 2 elige la estrategia A, la mejor respuesta del jugador 1 es la estrategia D, ya que es con la que obtiene mayor utilidad. En cambio, si el jugador 2 escoge la estrategia B, hay 2 mejores respuestas para el jugador 1 que son la D y F. Por último, si la estrategia C es elegida por el jugador 2, entonces D es la mejor respuesta para el jugador 1. De esta manera, marcamos con un * las utilidades del jugador 1

		Jugador 2		
		A	B	C
Jugador 1	D	(2, 0)	(1, 1)	(2, 1)
	E	(1, 0)	(0, 0)	(1, 2)
	F	(0, 1)	(1, 0)	(1, 1)

Tabla 4.7: Matriz de juego de ejemplo para encontrar equilibrio de Nash por medio de la mejor respuesta.

		Jugador 2		
		A	B	C
Jugador 1	D	(2*, 0)	(1*, 1)	(2*, 1)
	E	(1, 0)	(0, 0)	(1, 2)
	F	(0, 1)	(1*, 0)	(1, 1)

Tabla 4.8: Matriz de juego de ejemplo con mejores respuestas del jugador 1 marcadas.

en las casillas (D,A), (D,B), (F,B) y (D,C), que nos indican las mejores respuestas del jugador 1 a las estrategias del jugador 2. La matriz de juego se muestra en la tabla (4.4.1).

Repitiendo este mismo proceso para encontrar las mejores respuestas del jugador 2 a las estrategias del jugador 1, encontramos que las mejores respuestas son B y C si el jugador 1 elige D, C si el jugador 1 elige E y A y C si el jugador 1 elige F. Nuevamente marcamos con un * las mejores respuestas del jugador 2 a las estrategias del jugador 1 y obtenemos la matriz de la tabla (4.4.1).

Aquellas entradas de la matriz en las que las utilidades de ambos jugadores estén marcadas son los equilibrios de Nash del juego, ya que el * en la utilidad del jugador 1 significa que la estrategia del jugador 1 es la mejor respuesta a la estrategia del jugador 2 y, por otra parte, el * en la utilidad del jugador 2 indica que la estrategia del jugador 2 es la mejor respuesta a la estrategia del jugador 1. Por tanto, para el juego de la tabla 4.4.1 tenemos dos equilibrios de Nash que son (1, 1) y (2, 1).

A manera de ejemplo consideremos nuevamente el juego del dilema del prisionero cuya matriz de utilidades esta dada en (4.3.1). Primero consideramos las opciones

		Jugador 2		
		A	B	C
Jugador 1	D	(2*,0)	(1*,1*)	(2*,1*)
	E	(1,0)	(0,0)	(1,2*)
	F	(0,1*)	(1*,0)	(1,1*)

Tabla 4.9: Matriz de juego de ejemplo con mejores respuestas de ambos jugadores marcadas.

para el jugador 1 dada las estrategias del jugador 2, es decir, buscamos la mejor respuesta a una estrategia del jugador 2 [52]. Tal como se mencionó en la sección del dilema del prisionero, si el sospechoso 2 no confesara, entonces el sospechoso 1 recibiría una utilidad de 5 al confesar y una utilidad de 3 al no confesar, entonces marcamos su mejor respuesta que sería confesar. Por otra parte, si el jugador 2 decide confesar, la mejor respuesta del jugador 1 es confesar; hacemos este mismo procedimiento para encontrar las mejores respuestas del jugador 2 y podemos concluir también que la mejor estrategia para este jugador es confesar. Por lo tanto, el equilibrio de Nash ocurre cuando ambos jugadores deciden confesar. Por esta razón es que ambos jugadores nunca van a elegir racionalmente la opción de no confesar, incluso aunque esta combinación les resulte en una mayor utilidad.

4.5. Teoría de Juegos Evolutiva.

La teoría de juegos ha sido una disciplina muy útil desde sus inicios, sin embargo, hay algunas situaciones que no han podido ser explicadas en su totalidad a través de esta [52]. En este contexto, la teoría de juegos tradicional funge como una teoría de forma “estática” en el sentido en que las decisiones sobre que estrategias usar se realizan en una sola ocasión, por lo que sus alcances en aplicaciones “reales” es muy complicado. Es por ello que la teoría de juegos evolutiva se presenta como una alternativa que busca proveer una dinámica al cambio de estrategias tomadas por una cierta población. Esta rama de la teoría de juegos fue primeramente mencionada por John Maynard Smith en su libro *Evolution and the Theory of Games* [57] escrito en 1982. A partir de esa publicación, la teoría de juegos evolutiva ha sido estudiada ampliamente, sobre todo con enfoques biológicos orientados a la evolución de la cooperación de una población [53].

En la teoría de juegos evolutiva se analizan situaciones en las que los jugadores pueden presentar diversos comportamientos y hay un interés por aquellos comportamientos que prevalecen en una población a largo plazo y comportamientos que

tienden a desaparecer con el paso del tiempo [58]. Un concepto muy importante en la teoría de juegos evolutiva, en el cual se basa la biología evolutiva, es aquel llamado *fitness*, que tiene como idea que los genes de un organismo determinan sus características observables. Un organismo con mayor *fitness* tiende a procrear más, lo que ocasiona que sus genes de mayor *fitness* tengan más presencia en la población. De esta forma, los genes con mayor *fitness* tendrán mayores tasas de reproducción y más posibilidades de prevalecer en una población [58].

Diversos comportamientos involucran la interacción entre organismos de una población y, un punto clave de la teoría de juegos evolutiva es que, el éxito de cualquiera de estos organismos depende en cómo se relaciona su comportamiento con el de otros organismos de la población. Por tal motivo, el *fitness* de un organismo no puede ser medido en aislamiento y necesita de la interacción de la población para poder ser evaluado. Esto abre paso a una analogía esencial para esta rama de la teoría de juegos: las características de un organismo determinadas genéticamente y comportamientos son como su estrategia en un juego, su *fitness* es como su recompensa y esta recompensa se determina por medio de sus estrategias (características) y los organismos con los que interactúa [58].

Pongamos un ejemplo para explicar el proceso de la interacción entre organismos y, como resultado, el *fitness* de ellos. Supongamos que existe una población de escarabajos y que su *fitness* se determina principalmente por su habilidad para encontrar comida y su capacidad para extraer los nutrientes de la comida de forma efectiva. Ahora, supongamos que una mutación particular es introducida a la población, lo que causa que los escarabajos con la mutación aumenten considerablemente el tamaño de su cuerpo. De esta forma, se tienen dos tipos de escarabajos, los de tamaño pequeño y grande. Los de tamaño grande tienen el efecto negativo de no poder extraer los nutrientes de forma tan eficaz como los escarabajos de tamaño pequeño [58]. Sin embargo, al competir por comida, los escarabajos grandes tienen la ventaja por su tamaño y son más efectivos para obtener una mayor cantidad de comida. Asumimos que la interacción entre escarabajos se da por medio de la competición por comida. Cuando esto ocurre se pueden presentar dos escenarios: (i) Si dos escarabajos del mismo tamaño compiten, ambos obtienen la misma cantidad de comida y, (ii) Si un escarabajo grande compite contra uno pequeño, el grande se queda con la mayoría de la comida.

En cualquiera de los casos, los escarabajos grandes obtienen menos beneficio de *fitness* de la comida, ya que una parte importante de los nutrientes se destina a mantener en funcionamiento su metabolismo [58]. A partir de la descripción de la interacción entre dos escarabajos, podemos analizarlo en forma de un juego de dos jugadores con dos estrategias, en el cual las estrategias son tener un cuerpo grande o pequeño

4.5. Teoría de Juegos Evolutiva.

(claramente los escarabajos no pueden elegir de forma consciente su estrategia, sino que viene predeterminada por sus genes). La matriz de utilidades de dicho juego es la que se muestra en la tabla (4.5).

		Escarabajo 2	
		pequeño	grande
Escarabajo 1	pequeño	(5, 5)	(1, 8)
	grande	(8, 1)	(3, 3)

Tabla 4.10: Matriz de juego de competencia por comida entre escarabajos grandes y pequeños.

Las utilidades de la matriz de juego de la tabla (4.5) representa numéricamente la interacción entre dos escarabajos; cuando dos escarabajos pequeños se juntan se dividen la comida en partes iguales, los escarabajos grandes, al interactuar con escarabajos pequeños sacan más ventaja de sus características físicas y obtienen más comida, pero cuando dos escarabajos se dividen la comida equitativamente, no pueden aprovechar al máximo los nutrientes y el fitness obtenido se ve reducido [58].

Un punto importante en este tipo de juegos evolutivos es que no hay un razonamiento detrás de las estrategias, sino que es una característica heredada. Sin embargo, recordando que el equilibrio de Nash se fundamenta principalmente en la idea de decidir cambiar (o mantener) una estrategia para obtener la mayor utilidad posible, es necesario introducir un nuevo concepto que se adecue al contexto evolutivo con una escala de tiempo a largo plazo. La noción análoga al equilibrio de Nash en la teoría de juegos evolutiva son las *estrategias estables evolutivas*, que son estrategias predeterminadas genéticamente que tienden a persistir una vez que prevalecen en una población. Se dice que una estrategia es evolutivamente estable si, cuando toda la población usa esta estrategia, cualquier grupo de invasores (mutaciones dentro de la población o migración que se une a la población) con una estrategia diferente morirá después de varias generaciones [58].

Para describir este concepto de forma numéricamente, supongamos que toda la población está usando la estrategia S y un grupo de invasores, que usan la estrategia T (diferente de S), llega a la población, entonces los invasores deben tener un fitness estrictamente menor que aquellos que usan la estrategia S . Esto significa que, como el fitness está directamente ligado a la reproducción de los organismos, los invasores

se reducirán en cantidad a lo largo del tiempo y desaparecerán sus genes de la población [58]. Formalmente tenemos las siguientes definiciones:

Definición 4.3 ([58]): Se define el fitness de un organismo en una población como la recompensa esperada que recibe de una interacción con un miembro aleatorio de la población.

Definición 4.4 ([58]): Decimos que una estrategia T invade a una estrategia S a un nivel x , para un número positivo pequeño x , si una fracción x de la población usa T y una fracción $1 - x$ usa S v.

Definición 4.5 ([58]): Una estrategia es evolutivamente estable si hay un número pequeño y tal que cuando cualquier otra estrategia T invade S a cualquier nivel $x < y$, el fitness de un organismo usando la estrategia S es estrictamente mayor que el fitness de un organismo que usa T .

La relación conceptual que existe entre las estrategias estables evolutivas y los equilibrios de Nash también se puede analizar numéricamente [58]. Primero, consideremos un juego simétrico de dos jugadores con dos estrategias, del cual podemos observar su matriz de utilidades en la tabla (4.5).

		Jugador 2	
		S	T
Jugador 1	S	(a, a)	(b, c)
	T	(c, b)	(d, d)

Tabla 4.11: Matriz de utilidades de un juego con dos jugadores y dos estrategias.

Ahora escribamos las condiciones de estabilidad evolutiva para la estrategia S en términos de las utilidades a, b, c y d . Supongamos que, para un número pequeño x , una fracción x de la población usa la estrategia T , mientras que una fracción $1 - x$ usa S . Con probabilidad $1 - x$, un organismo que usa S interactúa con un organismo que también usa S y obtiene una utilidad de a en cada interacción, por otra parte con probabilidad x interactúa con un organismo que usa T y obtiene utilidades de b . De esta forma la recompensa esperada es

$$a(1 - x) + bx. \tag{4.7}$$

4.6. Juegos de Oportunidad.

Repitiendo este mismo razonamiento, un organismo que usa T obtendrá una utilidad esperada de:

$$c(1 - x) + dx. \quad (4.8)$$

Por tanto, la estrategia S es evolutivamente estable si, para valores suficientemente pequeños de $x > 0$, se cumple que [58]:

$$a(1 - x) + bx > c(1 - x) + dx. \quad (4.9)$$

Cuando x tiende a 0, el lado izquierdo de la ecuación (4.9) se convierte en a y el lado derecho en c , de esta forma, si $a > c$ se cumple la ecuación (4.9) para un x lo suficientemente pequeño. En caso de que $a = c$, debe ocurrir que $b > d$ para que se cumpla la ecuación 4.9. Por tanto, se tiene la siguiente condición para que S sea una estrategia evolutivamente estable: En un juego de dos jugadores con dos estrategias (con la matriz de utilidades de la tabla (4.5)), S es una estrategia evolutivamente estable si $a > c$ o si $a = c$ y $b > d$ [58].

Por último, analicemos la similitud entre el equilibrio de Nash y una estrategia evolutivamente estable para un juego con la estructura de la tabla (4.5). Para que (S, S) sea un equilibrio de Nash, las mejores respuestas deben ser S para ambos jugadores, por lo que debe ocurrir que $a \geq c$. Comparando esta desigualdad con la condición para que la estrategia S sea evolutivamente estable, se puede llegar a la siguiente conclusión: Si S es una estrategia evolutivamente estable, entonces (S, S) es un equilibrio de Nash [58].

A continuación, se expondrá sobre otra rama de la teoría de juegos la cual involucra juegos en los que participa un solo jugador.

4.6. Juegos de Oportunidad.

Dentro de la teoría de juegos existen tres tipos de clasificaciones principales: los juegos de habilidad, los juegos de oportunidad y los de estrategia [59]. Estos últimos abarcan los juegos que se han mencionado previamente en este capítulo, es decir, aquellos juegos con dos o más jugadores que controlan, en cierta medida, a través de estrategias la utilidad que reciben [59]. Por otro lado, los juegos de habilidad son juegos de un solo jugador en los que el participante tiene control total sobre la utilidad que reciben, por ejemplo, sentarse a resolver un examen. Tienen como característica la falta de interdependencia presente en el juego [59].

En los juegos de oportunidad, también llamados juegos de un solo jugador, el jugador no controla el desenlace del juego por completo y las selecciones estratégicas no implican resultados específicos. Conceptualmente, se dice que un juego de oportunidad se da entre un jugador contra la naturaleza misma, es decir, el resultado del juego

depende en parte del jugador y en parte de la naturaleza, que se considera como un segundo jugador [59]. Además, los juegos de oportunidad se dividen en otras dos clasificaciones: aquellos que involucran riesgo y los que involucran incertidumbre. En los juegos de oportunidad con riesgo, el jugador conoce la probabilidad de cada una de las respuestas de la naturaleza y, por tanto, conoce la probabilidad de éxito de cada una de sus estrategias [59]. Mientras que en los juegos de oportunidad con incertidumbre no se conoce la probabilidad de los posibles resultados de la naturaleza y tampoco se conoce la probabilidad de éxito de las estrategias del jugador [59].

Los juegos de oportunidad que involucran riesgo se pueden analizar por medio del concepto de utilidad esperada. En esta clase de juegos, se asume que las decisiones son tomadas basándose en los resultados que son valiosos para un jugador más allá de su valor objetivo, sin embargo, en algunos juegos los jugadores se preocupan únicamente por las recompensas que reciben del juego. El *valor de la utilidad esperada* de una estrategia c , llamado $U(c)$, para una función de distribución continua se define como [59]:

$$U(c) = \sum_{i=1}^n p_i u_i, \quad (4.10)$$

donde u_i es llamada la *función de utilidad von Neumann–Morgenstern* y representa las preferencias del jugador entre sus valores esperados $E(x_i)$. En términos de probabilidad, cada decisión que involucra riesgo es una lotería en la cual la recompensa es la suma de los valores de utilidades esperadas. A continuación se presenta un ejemplo en el cual se ilustra lo mencionado anteriormente.

La organización de entrenamiento del instituto de Londres ofrece una variedad de clases de educación en otoño y primavera para adultos que deseen regresar a trabajar. En promedio, solo se abre uno de cada seis cursos; los otros no se llevan a cabo por falta de estudiantes. El instituto está considerando ofrecer un nuevo diplomado en tecnologías de la información (nivel 6), que le otorga a la organización, en caso de realizarse, \$300 per cápita en subsidios de capitación del gobierno. Actualmente, la organización ofrece tanto Licenciatura (nivel 4) como Posgrado (nivel 5) en sus cursos certificados, los cuales aportan \$108 y \$180 per capita, respectivamente, al instituto. ¿Qué curso debería ofrecer el instituto? El nuevo diplomado o el par de cursos de certificación que ya tienen. Adicionalmente, nos podemos preguntar que ocurre si la organización es: (i) neutral al riesgo; (ii) adverso al riesgo o bien (iii) toma riesgos.

La relación entre el valor de la utilidad esperada y el valor esperado de la recompensa puede medirse mejor por la manera en la que se tolera el riesgo. Para esto, hay 3 posibilidades según el ejemplo.

1.- La institución es neutral al riesgo: En cuyo caso la relación es:

$$u(x_i) \propto E(x_i).$$

El valor de la utilidad esperada del diplomado (D), denotado por $U(D)$, es igual a:

$$U(D) = \frac{1}{6}(300) = 50;$$

mientras que para ambos cursos (C), tenemos:

$$U(C) = \frac{1}{6}(108) + \frac{1}{6}(180) = 48;$$

por lo tanto, la opción de ofrecer el diploma es la preferida.

2.- La institución es adversa al riesgo: en este caso la relación es:

$$u(x_i) \propto \sqrt{E(x_i)}.$$

El valor de la utilidad esperada del diplomado (D) es:

$$U(D) = \frac{1}{6}(\sqrt{300}) = 2.887;$$

por otro lado, para ambos cursos (C), tenemos:

$$U(C) = \frac{1}{6}(\sqrt{108}) + \frac{1}{6}(\sqrt{180}) = 3.968;$$

de donde se puede notar que la opción de ofrecer ambos cursos es la preferida.

3.- La institución toma riesgos: la relación es:

$$u(x_i) \propto E(x_i)^2.$$

El valor de la utilidad esperada del diplomado (D) es igual a:

$$U(D) = \frac{1}{6}(300)^2 = 15,000;$$

mientras que para ambos cursos (C), tenemos:

$$U(C) = \frac{1}{6}(108)^2 + \frac{1}{6}(180)^2 = 7,344;$$

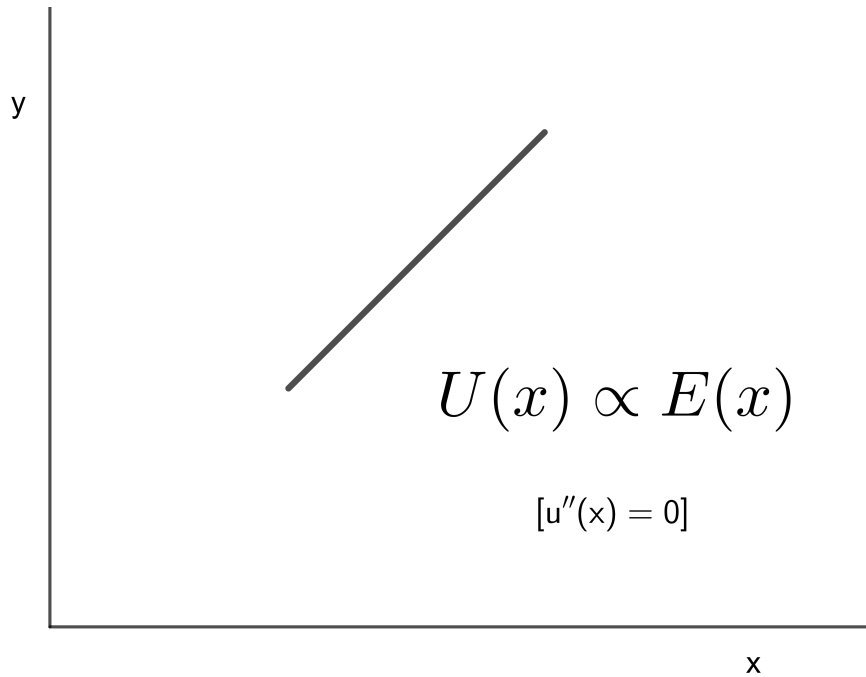


Figura 4.1: Relación lineal entre la función de utilidad von Neumann–Morgenstern y el valor esperado de la utilidad.

así, la opción de ofrecer el diplomado es la mejor para este caso.

En este ejemplo se ilustra el punto de que la relación entre el valor esperado simple de la recompensa y el valor de la utilidad esperada no son necesariamente lineales, lo cual se asemeja a la realidad [59]. Por ejemplo, duplicar una cantidad de dinero puede no duplicar su valor de utilidad.

Los resultados del ejemplo anterior también se pueden interpretar de forma gráfica. Si la función de utilidad von Neumann–Morgenstern (que representa las preferencias de los jugadores entre valores esperados) y el valor esperado tienen una relación lineal, se dice que el jugador es neutral al riesgo [59]. En tal caso, el jugador esencialmente clasifica los valores del juego en el mismo orden que los valores esperados, lo cual por definición significa ser neutral al riesgo [59]. Los valores del ejemplo anterior eran \$300 para el diplomado y, al promediar \$180 y \$108, \$144 de ambos cursos. Notemos que para una función lineal, como la que se muestra en la figura 4.1, $u''(x) = 0$ [59]. Si la función de utilidad von Neumann–Morgenstern es proporcional a la raíz de un valor esperado, se dice que el jugador es adverso al riesgo [59]. Generalmente, las

4.6. Juegos de Oportunidad.

funciones de riesgo adverso son de la forma:

$$u(x_i) \propto \sqrt[n]{E(x_i)}.$$

En este caso, se puede observar en la figura 4.2 que, se tiene una función cóncava en la cual la derivada es negativa, por lo que $u''(x) < 0$ [59]. Cuando la función de

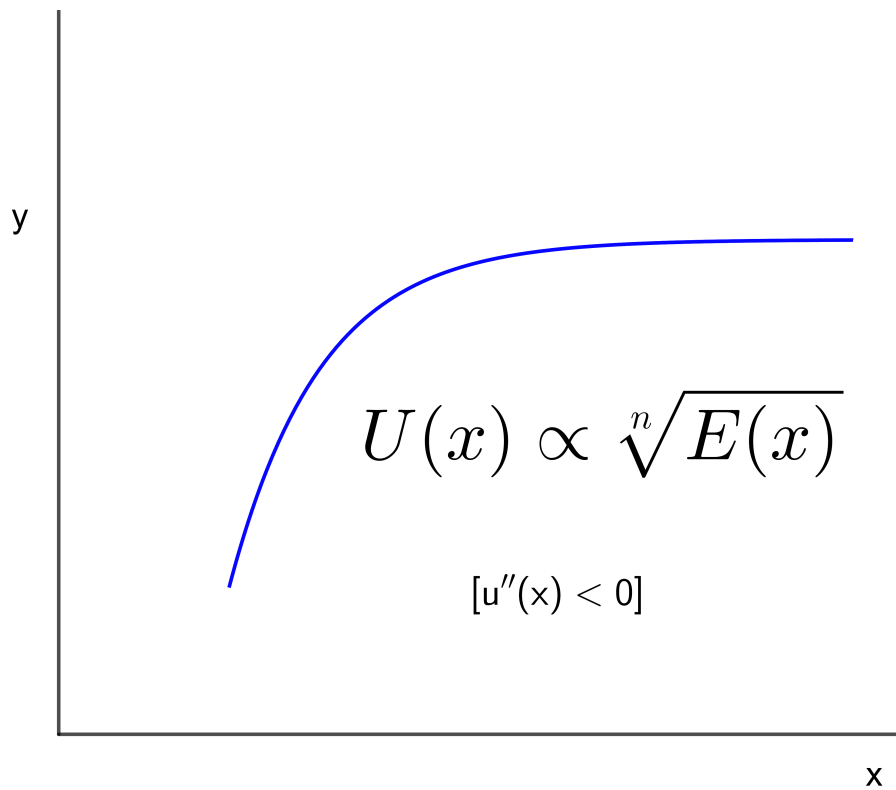


Figura 4.2: Función de utilidad von Neumann–Morgenstern proporcional a una raíz del valor esperado de la utilidad.

utilidad von Neumann–Morgenstern es proporcional a cualquier potencia del valor esperado, se dice que el jugador toma riesgos [59]. Generalmente, las funciones de toma de riesgo son de la forma:

$$u(x_i) \propto E(x_i)^n;$$

que, tal como se muestra en la figura 4.3, es una función convexa creciente, por lo que $u''(x) > 0$ [59]. La relación entre el valor y la utilidad solo tiene sentido cuan-

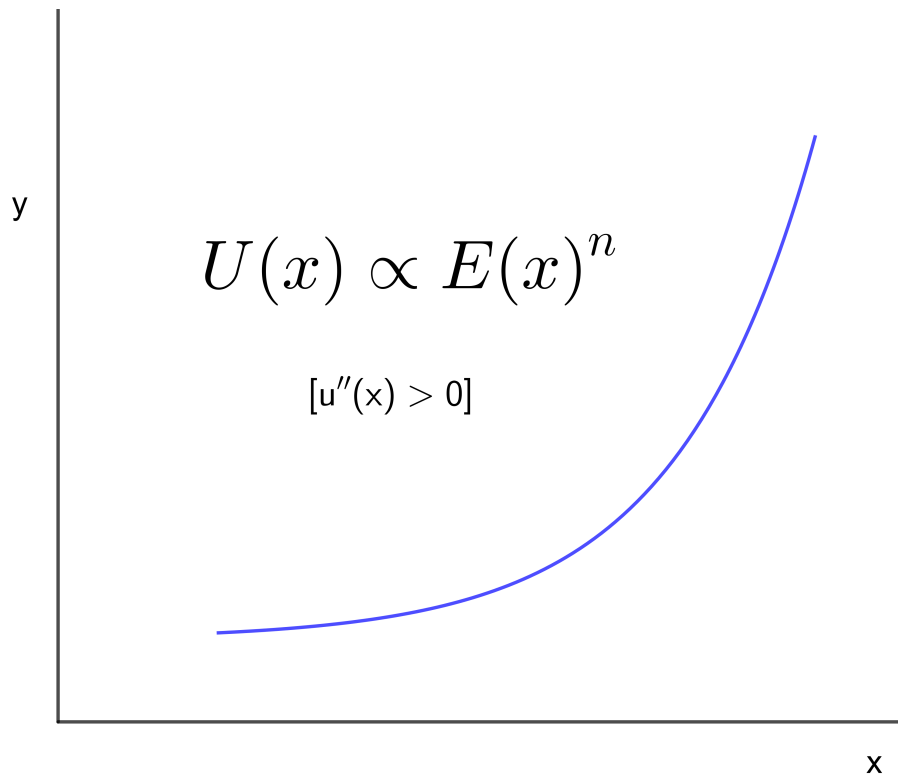


Figura 4.3: Función de utilidad von Neumann–Morgenstern proporcional a una potencia del valor esperado de la utilidad.

do la recompensa es numérica, lo cual usualmente significa que es una recompensa monetaria. Aunque teóricamente se puede asignar un valor de utilidad a cualquier juego, no se puede asumir que necesariamente existe una relación de algún tipo, ya sea lineal, exponencial, logarítmica o cualquier otra.

Por otra parte, si se llegara a tener un juego de oportunidad con riesgo que no tenga resultados o recompensas numéricas, se necesita una escala de intervalos, en la cual las unidades de medida estén arbitrariamente asignadas pero proporcionalmente espaciadas para poder analizarlo [59]. Los valores de utilidad reflejan las preferencias relativas de un jugador y la teoría de von Neumann–Morgenstern sugiere que los jugadores siempre tratarán de maximizar el valor de su utilidad, más que el valor esperado de este mismo, aunque en ocasiones ambos coinciden en el mismo valor [59].

Capítulo 5

Modelo epidemiológico en una red multiplexada.

El propósito de este capítulo es presentar un modelo epidemiológico basado en agentes que incluya la formación de opinión y la toma de decisión con respecto a la vacunación, lo cual se basa en la teoría de juegos y la estimación del riesgo. También se analizará el efecto que tienen los cambios de opinión en la toma de decisión y en la dinámica de la epidemia. Por último, se realizará un estudio para dos tipos de estructura de red. En específico, se analizará el caso de un red homogénea con el modelo de Erdős-Rényi, y una red heterogénea con el modelo de Barabási-Albert.

5.1. Introducción a los modelos de formación de opinión con teoría de juegos.

El estudio de la dinámica de opiniones busca comprender la formación y evolución de las opiniones a través de las interacciones entre los individuos de una sociedad [2]. La formulación, en general, de los modelos de opinión consiste en definir primero un valor x_i de la opinión de un agente i ; dar una distribución inicial de opiniones y definir un conjunto de reglas de interacción entre los agentes. Con estos elementos se espera poder encontrar las condiciones para que los agentes logren un consenso o polarización, o bien, que los agentes formen comunidades alrededor de una opinión. Una de las hipótesis principales en los modelos de opinión es que los individuos tienden a cooperar al interactuar y compartir sus opiniones, lo cual puede reforzar una opinión de un individuo cuando este tiene vecinos que piensan igual que él o bien, cambiar de opinión cuando exista una presión social de individuos con opinión contraria.

Los modelos de formación de opinión pueden clasificarse en dos tipos: modelos con-

tinuos en donde el valor de la opinión x_i es un número real; y modelos discretos en donde dicho valor es un número entero, donde $i = 1, \dots, N$ es un índice que etiqueta a cada agente. Los modelos discretos que son comúnmente estudiados son los de opiniones binarias, en los cuales las opiniones implican estar o no estar de acuerdo con alguna idea. En particular, en este trabajo de tesis nos centraremos en un modelo binario en donde la opinión de los agentes esta en el contexto de estar a favor de las vacunas (pro-vacunas) o en contra de las vacunas (anti-vacunas). Asumimos, al igual que en los trabajos de [2, 60], que los agentes reorganizan sus opiniones a través de discusiones mutuas, las cuales son modeladas usando juegos evolutivos. Es decir, la regla de cambio para las opiniones se define a través de las matrices de ganancia.

A continuación se mostrará a detalle la construcción del juego que determina las utilidades que recibe un agente con base en su opinión y la de sus vecinos, a su vez, este juego determinará la dinámica de opiniones de la población.

5.2. Modelo epidemiológico en una red multiplexada.

Asumimos que en la red de agentes ocurren tres procesos consecutivos: la propagación de la enfermedad infecciosa, la formación de una opinión con respecto a la vacunación y la toma de decisión final sobre vacunarse o no. Para describir estos tres procesos usaremos el formalismo de *red de redes* (*NoN* por sus siglas en inglés), la cual se define como un sistema compuesto de distintas redes que interactúan entre sí de forma externa [61, 62]. Los sistemas *NoN* han sido implementados en años recientes ya que permiten modelar situaciones compuestas de varios subsistemas y por su aplicabilidad en sistemas complejos en diversas disciplinas tales como la robustez de una red de redes ecológicas, la transportación entre dos redes interconectadas, así como modelos de esparcimiento de información, juegos evolutivos, sincronización y epidemias [61, 63]. Particularmente, en este trabajo nos enfocaremos en un tipo de *NoN*, llamado redes *multiplex*, en el que los nodos de las redes representan a los mismos individuos [1]. Es decir, sean $G_1 = (V, E_1)$ y $G_2 = (V, E_2)$ dos redes que conforman al sistema *multiplex*, donde $V = \{1, \dots, N\}$ es el conjunto de nodos, $E_1 = \{e_{11}, \dots, e_{1p}\}$ y $E_2 = \{e_{21}, \dots, e_{2q}\}$ son, respectivamente, el conjunto de enlaces del grafo uno y dos. En otras palabras, el agente que representa al *nodo* i en la red G_1 es el mismo que el *nodo* i en la red G_2 , pero la vecindad de dicho nodo o el proceso que ocurre dentro de la red puede ser distinto en cada capa como se puede apreciar en la figura (5.1).

El sistema *multiplex* de este trabajo está conformado por tres redes $G_1 = (V, E_1)$, $G_2 = (V, E_2)$ y $G_3 = (V, E_3)$, que comparten los mismos enlaces. Esto significa que, como es un sistema *multiplex* se cumple que $E_1 = E_2 = E_3$. En la primera red,

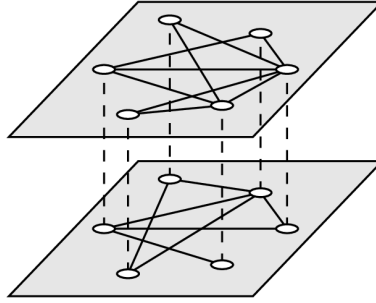


Figura 5.1: Ejemplo de redes multiplex (obtenido de [3]).

G_1 , ocurre el proceso de la epidemia SEIRS tal como describimos en el capítulo 2; mientras que en la red G_2 se lleva a cabo la dinámica de la formación de opinión con respecto a la vacunación y en la red G_3 ocurre el cálculo del riesgo del capítulo 3 y el proceso individual de la toma de decisión sobre vacunarse o no [64], el cual modelamos mediante un juego de oportunidad. Una vez que se ha definido el sistema *multiplex* con el que se trabajará, en esta sección se describirá el proceso de la formación de opinión que ocurre en la red G_2 .

5.2.1. Modelo M para la formación de opinión basado en teoría de juegos.

Para poder cuantificar las opiniones dentro de la población usaremos una variación del modelo M propuesto por C.E. La Rocca *et.al.*, en el cual hay $2M$ diferentes estados (discretos) que describen el espectro de posibles orientaciones de opiniones sobre algún tema [65]. Este espectro de opiniones va desde “totalmente en contra” en el estado $x_i = -M$ hasta “totalmente a favor” en el estado $x_i = M$ para el nodo (agente) i , con algunas opiniones moderadas entre los extremos [1].

El modelo M busca explicar el fenómeno de la polarización en una población de individuos que interactúan con dos mecanismos sociales de formación de opiniones: el compromiso y la persuasión [1]. El primero se presenta cuando dos individuos que están interactuando ejercen presión sobre las opiniones que tienen para cambiar sus actitudes, mientras que la persuasión se da cuando dos personas declaran su opinión y discuten sobre la argumentación de esta; en este sentido, si ambos tienen la misma opinión pueden reforzarla al persuadirse con nuevos argumentos o fundamentaciones y tomar una perspectiva más extrema de su idea [1].

En este trabajo consideramos que la escala de opiniones que pueden tener los agentes es la misma que en [64], en donde los estados $x = \pm 1$ y $x = \pm 2$ representan opiniones moderadas y extremistas, respectivamente, en las cuales los valores negativos denotan una opinión anti-vacunas y los positivos una opinión pro-vacunas.

5.2. Modelo epidemiológico en una red multiplexada.

Sin embargo, la principal diferencia entre el modelo propuesto en este trabajo y el modelo M planteado en [1, 65] esta en el proceso dinámico para cambiar la opinión. En el modelo M se propone un proceso aleatorio para que los agentes cambien de opinión, mientras que en este trabajo asumimos que los agentes usan la teoría de juegos, tal y como lo propone F. Ding *et.al.* en [2].

En este sentido asumimos que los jugadores son los agentes en la red G_2 y el proceso de interaccionar y compartir opiniones en cada periodo de tiempo se modela como un juego, en donde la estrategia de los jugadores consiste en la opinión que declaran, es decir, la evolución de estrategias es equivalente a la evolución de opiniones [1]. Como previamente se mencionó, en el marco de la dinámica de opiniones, las personas tienden a cooperar entre ellas, por lo que en el juego la cooperación implica mayor ganancia (también existen modelos con individuos llamados *contrarios*, quienes obtienen una mayor recompensa al tomar una opinión opuesta a la del otro jugador, pero no se tomarán en cuenta en este modelo). Esto quiere decir que dos nodos que interactúan reciben una mejor recompensa si comparten la misma opinión; en cambio, si se intercambian ideas con alguien que tenga diferente opinión, no se recibe ninguna recompensa. De esta manera, se tiene un juego que recompensa a aquellos agentes que cooperan al compartir la misma opinión con otros jugadores. Si C es la recompensa (utilidad) por cooperar (tener la misma opinión), entonces, la matriz de utilidades del juego tiene la forma dada en la tabla (5.2.1) [2]:

		Jugador j	
		pro-vacuna	anti-vacuna
Jugador i	pro-vacuna	C	0
	anti-vacuna	0	C

Tabla 5.1: Matriz de utilidad del juego cooperativo.

Sin embargo, en las dinámicas sociales es común que se presenten preferencias por alguna de las opiniones [1]. En este caso, a la matriz de juego que recompensa a la cooperación se le añade una cantidad x de tal forma que los agentes obtengan una mayor utilidad en caso de elegir una opinión preferida. Supongamos que la opción socialmente preferida en la población es tener una opinión a favor de las vacunas y, sea $C + x$ la recompensa por elegir una opinión preferida, entonces obtenemos un juego en el que se tiene una mayor recompensa o utilidad si se opina a favor de las

vacunas y, más aún si se interactúa con individuos que comparten la misma opinión. Si $x = 0$, obtenemos el juego anteriormente explicado.

La matriz de utilidades queda como se muestra en la tabla 5.2:

		Jugador j	
		pro-vacuna	anti-vacuna
Jugador i	pro-vacuna	$C + x$	x
	anti-vacuna	0	C

Tabla 5.2: Matriz de utilidad del juego cooperativo con preferencia en la estrategia pro-vacuna.

Otros aspectos a tomar en cuenta sobre el juego para cambio de opinión se explican a continuación. La información sobre el estado de la opinión de la población es pública, es decir, todos los individuos de la población conocen la opinión de sus vecinos y sus utilidades [1]. En cada iteración, los agentes juegan con cada uno de sus vecinos, de tal forma que por cada interacción con sus vecinos los agentes obtienen cierta utilidad, las cuales se suman para obtener la utilidad total. Al inicio todos comienzan con una utilidad igual a 0. Una vez que se tienen las utilidades de cada agente para el periodo de tiempo actual, se utilizan dos reglas evolutivas para cambiar de opinión. Estas reglas son la *regla de la mayoría* y una variación (propuesta por nosotros para este trabajo) de la *regla de replicación*, las cuales se comentarán a continuación [1].

Cambio de opinión por regla del replicador

La regla del replicador consiste en que un agente i escoge uno de sus vecinos de forma aleatoria y copia su estrategia con una probabilidad proporcional a la diferencia de utilidades que tengan ambos, siempre y cuando el vecino elegido tenga una utilidad mayor que la del agente i [1].

La variación de la *regla del replicador* propuesta en este trabajo radica en una elección de un vecino de forma determinista, es decir, un agente i escoge al vecino con mayor utilidad, solo si la utilidad de este es mayor que la propia. Una vez que el vecino es elegido, el agente replica la opinión de su vecino tomando el mismo valor sobre la escala M en el que esté ubicado. Esta variación de la regla evolutiva del replicador nos ahorra un parámetro y un proceso probabilístico y nos permite darle mayor importancia a los efectos que tienen otros parámetros sobre el modelo.

Cambio de opinión por regla de la mayoría En la *regla de la mayoría* un agente toma en consideración las opiniones de todos sus vecinos en el instante de tiempo actual y elige la opinión que le dejaría mayor recompensa en el siguiente

5.3. Juego de decisión sobre la vacunación.

periodo de tiempo [1], es decir, compara su utilidad actual con la utilidad que obtendría en caso de cambiar su opinión y elige aquella que sea mayor. Aquellos agentes cooperadores que reciben mayor ganancia al compartir la misma opinión, tienden a elegir la opinión que predomina en la población y es por eso que es llamada *regla de la mayoría*.

En ambos tipos de reglas evolutivas analizadas, los agentes tienden a elegir de forma racional la opinión dominante y este efecto se incrementa aún más cuando los agentes reciben una recompensa por la cooperación y existe una opinión preferida [1].

Analizando los equilibrios de Nash de los juegos, tenemos que para el juego sin preferencia por alguna opinión ($x = 0$), hay dos equilibrios de Nash que se dan cuando ambos jugadores son pro-vacunas o ambos son anti-vacunas [2]. Si ambas opiniones tienen el mismo número de seguidores al iniciar una simulación, lo que ocurre es que alguna de las dos opiniones predomina por completo en la población con una probabilidad de 0.5 [2]. Si alguna de las opiniones tiene mayor número de seguidores iniciales, esa opinión prevalecerá siempre sobre toda la población [2]. En cambio, para el juego en el que se tiene una preferencia por una opinión ($x \neq 0$), cuando los agentes poseen la misma preferencia de opinión, la opinión pro-vacunas es el único equilibrio de Nash, es decir, un consenso sobre la opinión pro-vacunas es el mejor estado de equilibrio [2]. Si al inicio ambas opiniones tienen el mismo número de seguidores, la opinión pro-vacunas tendrá mayor probabilidad de prevalecer totalmente sobre la población, sin embargo esta probabilidad puede decrecer si la opinión no preferida tiene mayor número de seguidores iniciales y también puede verse afectada por la estructura de la red o las reglas evolutivas con las que se lleva a cabo el cambio de opinión [2].

Una vez que se ha descrito el juego con el que se lleva a cabo la dinámica de opinión, en la siguiente sección se hablará sobre el proceso con el que se realiza la toma la decisión final sobre la aplicación de la vacuna.

5.3. Juego de decisión sobre la vacunación.

En la tercera red G_3 del sistema *multiplex* se realiza la toma de decisión de los agentes para vacunarse o no. Este proceso se ejecuta de forma individual pero llevando un tipo de juego llamado de oportunidad, el cual involucra al riesgo. Es decir, es un juego en el que participa un solo jugador y los resultados dependen tanto de la decisión individual del jugador, como de los efectos de la naturaleza, la cual tiene aquí el papel del segundo jugador. [59]. Los juegos de oportunidad contienen una medida del riesgo y el jugador conoce las probabilidades de los posibles escenarios que pueden ocurrir por medio de la naturaleza y, por tanto, conoce la efectividad de sus decisiones [59]. Para el caso particular del modelo propuesto en este trabajo de

tesis, el jugador conoce las probabilidades, consecuencias y riesgos de vacunarse o no.

Asumimos que los agentes de la red que podrán participar en el juego son aquellos que estén ubicados en el estado $M = +2$ de la escala del *modelo M*, ya que son aquellos que están más a favor de la opinión de las vacunas. La decisión se lleva a cabo tomando en cuenta tres aspectos: 1) el costo de vacunarse; 2) el riesgo percibido y por último 3) la efectividad de la vacuna. En este sentido, la matriz del juego se expresa como en la tabla 5.3 [5, 66]:

	no-vacunarse	vacunarse
Jugador i	$-R_p$	$-q - R_p(1 - \sigma)$

Tabla 5.3: Matriz de utilidad del juego de azar para la toma de decisión para vacunarse.

Donde el parámetro σ representa la efectividad de la vacuna, q el costo de vacunarse y R_p es el riesgo percibido del jugador. El costo de vacunarse q , en un contexto real, está determinado por situaciones como qué tan accesible es la vacuna, la necesidad de usar un medio de transporte para llegar al centro de vacunación, el tiempo de espera para la aplicación de la vacuna, efectos secundarios, así como consecuencias sociales que ocurren por no vacunarse como la segregación en espacios públicos, dificultades para viajar, no poder participar en eventos masivos o escuelas, entre otros. En una población heterogénea, este costo puede variar mucho por la diferencias sociales, culturales y económicas que existen. El estudio de la estimación de este costo de vacunación para los agentes podría ser en sí mismo otro trabajo. Es por eso que, simplificando el modelo, el costo de vacunación es el mismo para toda la población y se fija inicialmente como un parámetro del modelo. El riesgo percibido es aquel que se calcula como se muestra en el capítulo de *Riesgo* en la ecuación 3.5, mientras que la efectividad de la vacuna también se fija como un parámetro del modelo.

Los agentes tomarán la decisión de vacunarse o no eligiendo la opción que les sea menos costosa en cada periodo de tiempo [5]. Es decir, un agente se vacunará en el tiempo t si:

$$-q - R_p(t)(1 - \sigma) < -R_p(t) \tag{5.1}$$

que es equivalente a la siguiente desigualdad

$$q < \sigma R_p(t) \tag{5.2}$$

donde R_p es el riesgo calculado con la ecuación 3.5. Esto quiere decir que para que un agente tome la decisión de vacunarse, el costo de hacerlo debe ser menor que el producto del riesgo y la efectividad de la vacuna. Si el riesgo no es suficientemente alto, el agente puede considerar que no es necesario vacunarse en ese periodo de tiempo. Otro caso que se puede suscitar es que la efectividad de la vacuna no proporcione la seguridad o protección deseada contra la enfermedad y que el agente decida no vacunarse. Cuando un agente decide vacunarse con una vacuna que no tiene una efectividad del 100 %, solo se está protegiendo parcialmente de contagiarse, es decir, reduce la probabilidad de ser infectado pero no desaparece por completo. En caso de que un agente vacunado contraiga la enfermedad, su opinión sobre la escala M cambiará de (+2) a (-2), esto se realiza para promover la dinámica de opiniones aunque en un contexto real no sería algo esperado [1].

De esta forma, queda definida la dinámica de cambio de opinión y cómo, posteriormente, se toma la decisión de la aplicación de la vacuna. Para estudiar los efectos que tiene este proceso en la epidemia, se han realizado varias simulaciones numéricas y los correspondientes resultados se muestran en la sección que sigue.

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.

Para realizar las simulaciones numéricas escribimos e implementamos algoritmos computacionales con el lenguaje de programación *python* y las paqueterías *networkx*, *numpy* [67, 68]. Por cada experimento numérico realizamos un ensamble de simulaciones de veinte distintas ejecuciones con cincuenta periodos de tiempo (o iteraciones) por cada simulación y con una población de $N = 50$. La secuencia que ocurre en cada simulación es como sigue: primero ocurren, en el grafo G_1 , los procesos de la epidemia como contagios y recuperaciones; sucesivamente, en el grafo G_2 los agentes participan en el juego de formación de opinión y, por último; se calcula el riesgo por medio de la ecuación 3.5 para cada uno de los agentes de la red y después los agentes (aquellos que son elegibles para la vacunación) realizan el juego para determinar su decisión sobre la aplicación de la vacuna en el grafo G_3 .

Experimentos numéricos 1: Variando recompensa por opinión preferida.

Los primeros resultados de interés del modelo surgen al explorar la variación del parámetro de recompensa por opinión preferida, que previamente habíamos llamado x en la tabla 5.2 . Los demás parámetros serán dados con una cantidad fija para poder visualizar los efectos al variar únicamente el valor de x . Las condiciones iniciales del modelo así como los parámetros del mismo son mostrados en la tabla 5.4.

Comenzando con un valor de $x = 0$, es decir, sin recompensa por alguna opinión como se muestra en la matriz de juego dada en la tabla 5.2.1, obtenemos los resul-

Parámetro	Símbolo	Significado	Valor	Referencia
Probabilidad de infección	β	Probabilidad de que un agente se contagie.	0.4	[27]
Tamaño de la población	N	Número de individuos en la población	50	-
Periodo de incubación	$1/\gamma$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Expuesto</i>	5	[37]
Periodo infeccioso	$1/\alpha$	tiempo que pasa un agente en estado <i>Infectado</i>	6	[27]
Periodo inmune	$1/\omega$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Recuperado</i>	30	[38]
Peso mínimo de enlace	W_{min}	Peso mínimo de la interacción entre dos agentes	1	-
Peso máximo de enlace	W_{max}	Peso máximo de la interacción entre dos agentes	10	-
Número de iteraciones	t	total de pasos de tiempo de la simulación	100	-
Infectados iniciales	N_{inf}	Número de agentes que comienzan con estado infectado	1	-
Recompensa por cooperar	C	utilidad recibida en el juego por compartir opinión	1	-
Costo por vacunarse	q	utilidad restada a un agente al vacunarse	0.2	-
Efectividad de la vacuna	σ	la probabilidad de contagio al vacunarse es $\beta * (1 - \sigma)$	0.85	[69]
Población inicial antivacunas	-	porcentaje de agentes que comienzan siendo anti-vacunas	50 %	-
Regla de cambio de opinión	-	regla evolutiva para el cambio de opinión	mayoría	[1]
Grafo Erdős-Rényi	-	tipo de grafo de la población	$p = 0.6$	-
Grafo Barabási-Albert	-	tipo de grafo de la población	$m = 10$	-

Tabla 5.4: Parámetros, condiciones iniciales y sus correspondientes valores para las simulaciones del experimento numérico 1.

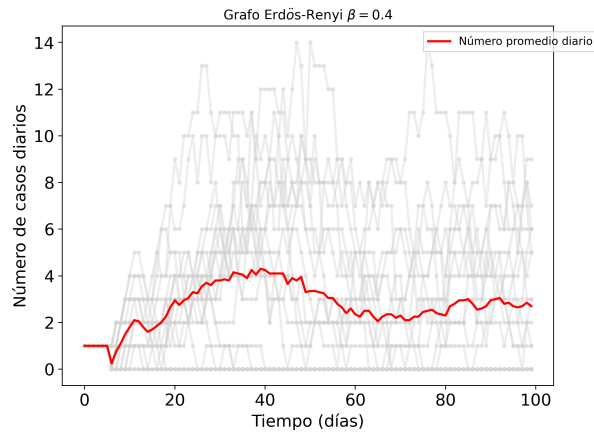
tados que mostramos en la figura (5.2).

La curva de infectados en la figura (5.2)-(a) nos muestra que en promedio la curva llega a 4 individuos infectados en su pico máximo alrededor del tiempo 40, lo cual muestra una disminución a comparación de la curva de epidemias sin vacunas. Por otra parte, en la gráfica de la dinámica de opiniones de los agentes (5.2)-(b), se observa como no predomina ninguna de las opiniones extremistas. Al no haber una opinión preferida y comenzar con la mitad de la población anti-vacunas, la probabilidad de que cualquiera de las dos opiniones predomine es de 0.5, tal como se comenta y muestra F. Ding *et. al.* en la referencia [2].

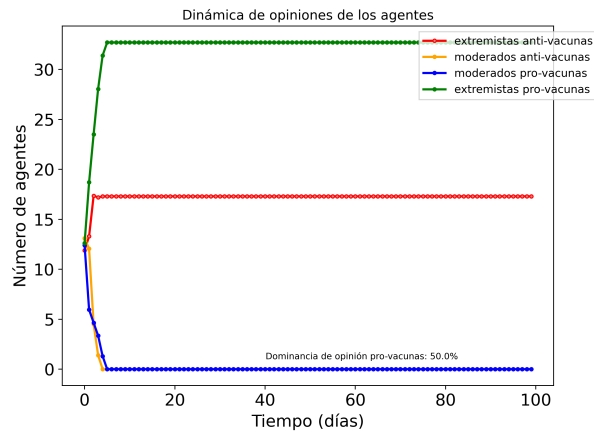
En cambio, para una población de agentes con una estructura de red del tipo Barabási-Albert, se obtienen los resultados mostrados en la figura (5.3). Para este caso, el pico máximo de contagios de la epidemia (5.3)-(a) ocurre en el tiempo 37 y se alcanza un número de 7 infectados. A diferencia de la figura (5.2), la curva de infectados comienza a crecer nuevamente alrededor del tiempo 60 creando una segunda ola de contagios que llega a un pico de 6 infectados en el tiempo 80. Para ambos grafos, la curva de contagios promedio al implementar vacunas (en azul) en la población es considerablemente menor, llegando a menos de la mitad del número de contagios en el punto más alto que la epidemia sin vacunas (en rojo) como se muestra en la figura 5.4.

Agregando ahora una pequeña preferencia de $x = 0.01$ sobre la opinión pro-vacuna a la matriz de juego de dinámica de opinión (tabla 5.2), la dinámica de opiniones incrementa la dominancia de la opinión pro-vacuna como se muestra en la figura

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.



a) Curva promedio de infectados

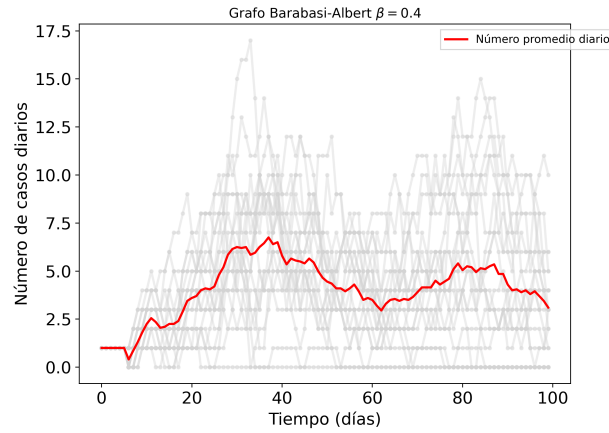


b) Dinámica de Opiniones

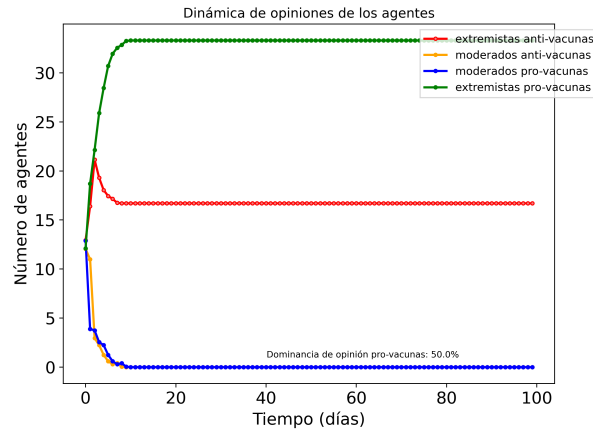
Figura 5.2: Simulaciones numéricas con un grafo Erdős-Rényi (con probabilidad de conexión $p = 0.6$) y $x = 0$.

5.5-(b) para el caso de una red con estructura Erdős-Rényi. La dominancia aumenta a un 80% (ver figura 5.5-(b)) y se puede notar que la curva de infectados disminuye llegando a un pico máximo de 3 infectados en el periodo 10 (ver figura 5.5-(a)). Esto se debe a que la preferencia por la opinión pro-vacuna causa que más individuos alcancen el rango de opinión $M = +2$ y, a su vez, más agentes toman la decisión de vacunarse.

Por otro lado, en la figura 5.6 se muestran los resultados de la simulación para el



a) Curva promedio de infectados



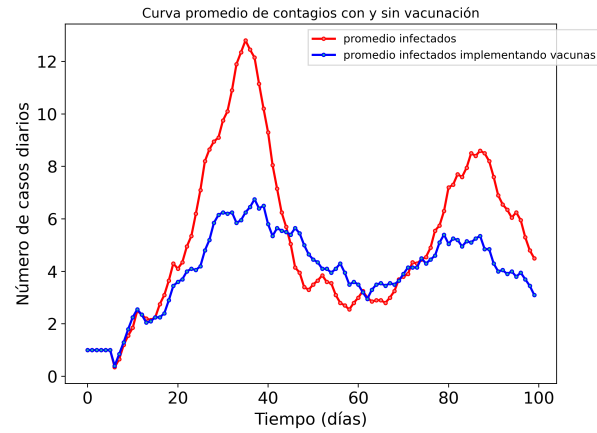
b) Dinámica de Opiniones

Figura 5.3: Simulaciones numéricas con un grafo Barabási-Albert (con $m = 10$ nuevos vecinos por nodo añadido) y $x = 0$.

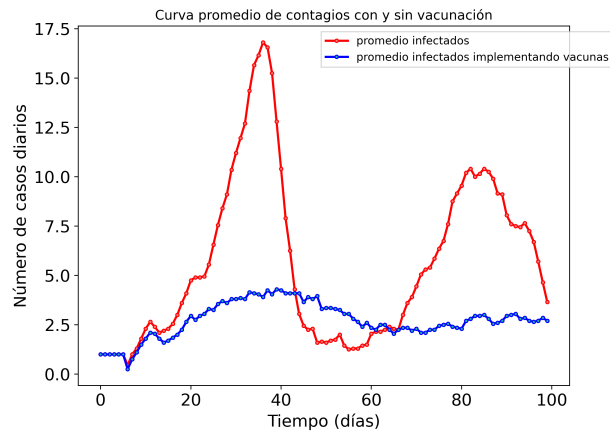
caso en el que la estructura de la red para la población de agentes es de la forma de Barabási-Albert. Podemos observar aquí que la curva de infectados (figura 5.6-(a)) también disminuye, llegando solo a 6 infectados en el punto más alto, y la dinámica de opinión (figura 5.6-(b)) aumenta la preferencia de los pro-vacunas a un 70%. Otro efecto observado es que la curva de infectados parece alargarse y alcanza su máximo pico hasta el periodo de tiempo 40.

Realizando diversas simulaciones al variar el valor del parámetro x , se determinó

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.



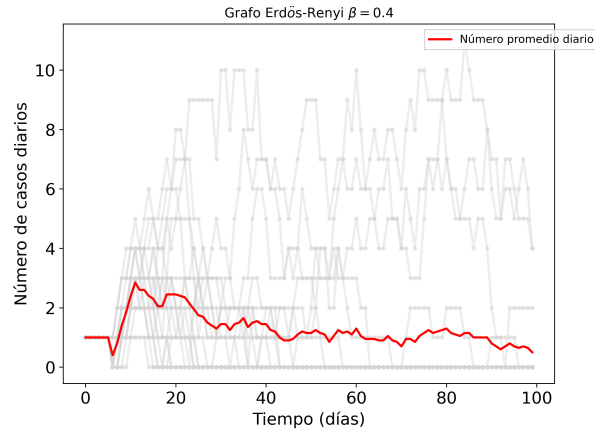
a) Barabasi-Albert



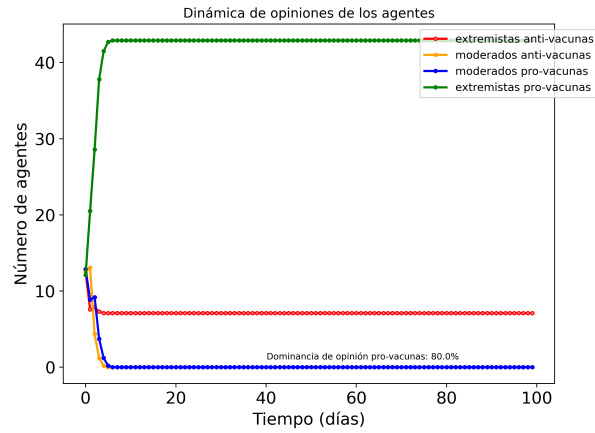
b) Erdős-Renyi

Figura 5.4: Comparación de curvas de contagios promedio de simulaciones numéricas con y sin vacunas para grafos Barabási-Albert y Erdős-Renyi.

que la transición de fase del porcentaje de dominancia de la opinión pro-vacunas ocurre en $x = 0.07$. Esto significa que cuando a x se le asigna un valor mayor o igual a 0.07, la opinión pro-vacunas predomina por completo en las simulaciones. En la figura 5.7, se puede observar que, al tener una población totalmente pro-vacunas, más individuos son capaces de tomar la decisión de vacunarse y esto resulta en más agentes vacunados. El efecto que esto genera en la curva de infecciones es visiblemente efectivo en la reducción de la epidemia, ya que el pico máximo ni siquiera alcanza



a) Curva promedio de infectados



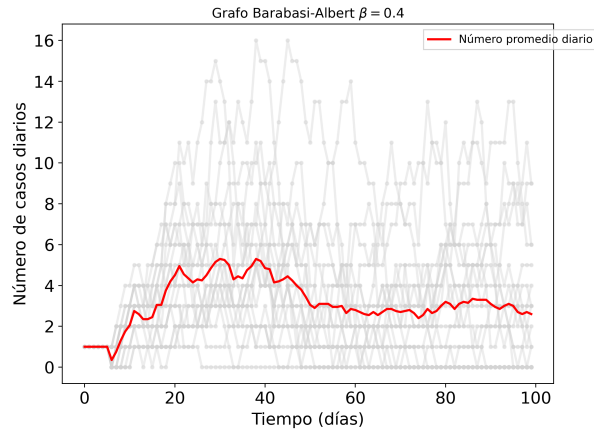
b) Dinámica de Opiniones

Figura 5.5: Simulaciones numéricas con un grafo Erdős-Rényi (con probabilidad de conexión $p = 0.6$) y $x = 0.01$.

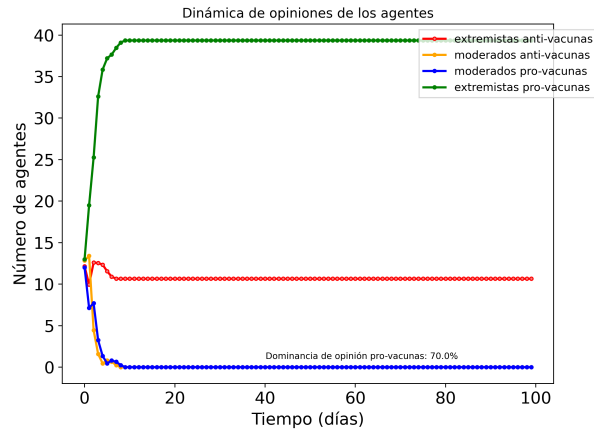
los 3 individuos contagiados y después del tiempo 60 los contagios son casi nulos.

En cambio, para una población de agentes conectados en una red con estructura de Barabási-Albert, la curva de infectados (ver figura (figura 5.8-(a))) no disminuye tan drásticamente, incluso si la dominancia de la opinión pro-vacuna es total (figura 5.8-(b)), el número de individuos infectados se mantienen entre 1 y 4 desde el tiempo 10 hasta terminar la simulación.

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.



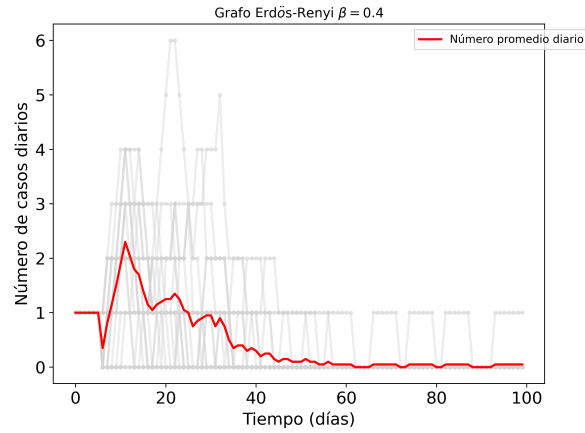
a) Curva promedio de infectados



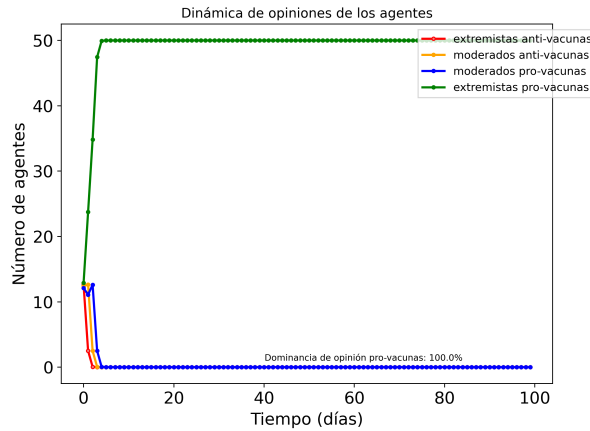
b) Dinámica de Opiniones

Figura 5.6: Simulaciones numéricas con un grafo Barabási-Albert (con $m = 10$ nuevos vecinos por nodo añadido) y $x = 0.01$.

Experimentos numéricos 2: Variando la efectividad de la vacuna El propósito principal de una campaña de vacunación consiste en minimizar los contagios de una enfermedad. La efectividad de una vacuna es esencial para el control de epidemias ya que permite la prevención de nuevas infecciones y reduce la carga sobre el sistema sanitario [70]. Es por eso que se requiere de muchos recursos y tiempo para la creación de una vacuna eficaz. En este contexto, nos podemos hacer la siguiente pregunta: ¿Qué pasaría si los tomadores de decisión en el sector salud disponen apli-



a) Curva promedio de infectados



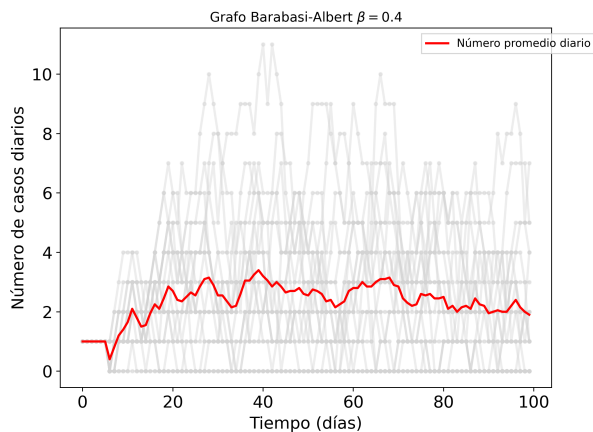
b) Dinámica de Opiniones

Figura 5.7: Simulaciones numéricas con un grafo Erdős-Rényi (con probabilidad de conexión $p = 0.6$) y $x = 0.07$.

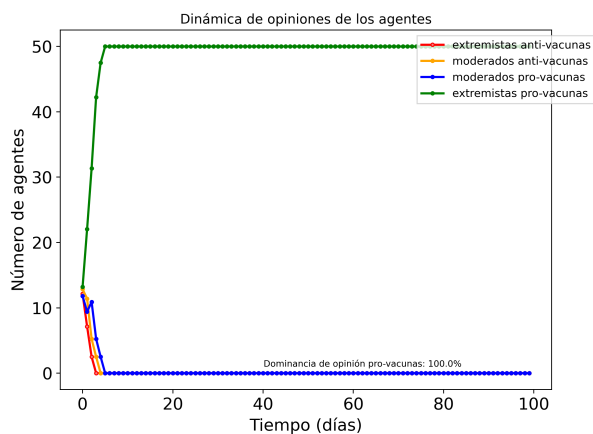
car a la población una vacuna cuya efectividad no es lo “suficientemente buena”? Para intentar indagar sobre lo que pasaría en este caso, realizaremos simulaciones del modelo en las cuales consideramos una efectividad de la vacuna del $\sigma = 25\%$. Los parámetros utilizados para estos experimentos numéricos se muestran en la tabla 5.5.

La efectividad en el modelo propuesto en este trabajo juega un rol importante en la toma de decisión de vacunarse y también influye en la probabilidad que tiene un

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.



a) Curva promedio de infectados

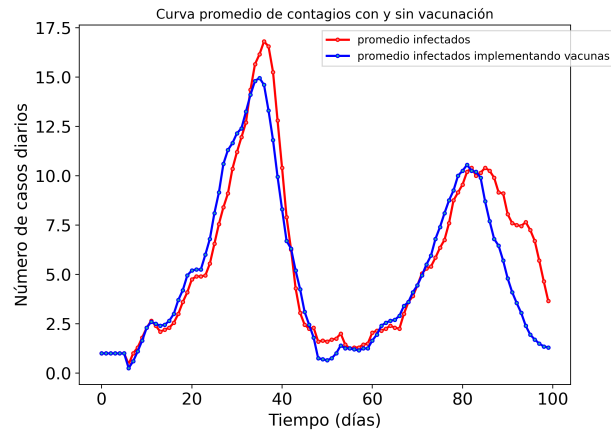


b) Dinámica de Opiniones

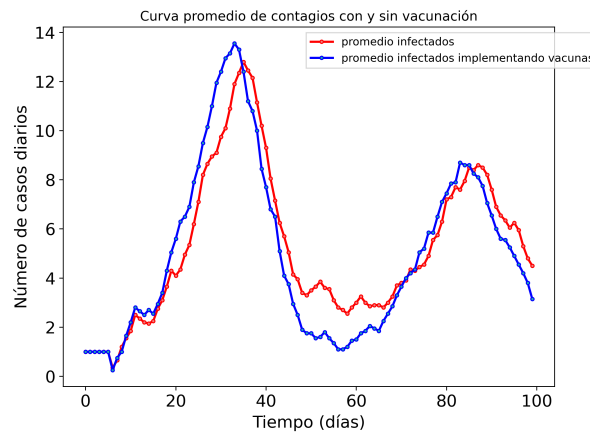
Figura 5.8: Simulaciones numéricas con un grafo Barabási-Albert (con $m = 10$ nuevos vecinos por nodo añadido) y $x = 0.07$.

agente de infectarse después de ser vacunado, como se puede ver en la tabla (5.3). Al asignar un valor pequeño a la efectividad, encontramos dos casos principales como resultado de las simulaciones.

El primer caso que se da es aquel en el que la efectividad baja (de $\sigma = 25\%$) impacta en la cantidad de agentes que deciden vacunarse. En la figura (5.9) se pueden observar las curvas de contagios promedio (sobre el ensamble de simulaciones) sin vacunación (rojo) y con la implementación de vacunas con efectividad baja (azul).



a)



b)

Figura 5.9: Comparación de las curvas de infectados promedio (sobre el ensamble de simulaciones) de epidemias sin vacunación (rojo) y con la implementación de vacunas con efectividad baja (azul), con $\sigma = 25\%$ y donde la estructura de la red es a) Erdős-Rényi y b) Barbási-Albert.

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.

Parámetro	Símbolo	Significado	Valor	Referencia
Probabilidad de infección	β	Probabilidad de que un agente se contagie.	0.4	[27]
Tamaño de la población	N	Número de individuos en la población	50	-
Periodo de incubación	$1/\gamma$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Expuesto</i>	5	[37]
Periodo infeccioso	$1/\alpha$	tiempo que pasa un agente en estado <i>Infectado</i>	6	[27]
Periodo inmune	$1/\omega$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Recuperado</i>	30	[38]
Peso mínimo de enlace	W_{min}	Peso mínimo de la interacción entre dos agentes	1	-
Peso máximo de enlace	W_{max}	Peso máximo de la interacción entre dos agentes	10	-
Número de iteraciones	t	total de pasos de tiempo de la simulación	100	-
Infectados iniciales	N_i, n_f	Número de agentes que comienzan con estado infectado	1	-
Recompensa por cooperar	C	utilidad recibida en el juego por compartir opinión	1	-
Costo por vacunarse	q	utilidad restada a un agente al vacunarse	0.2	-
Recompensa opinión pro-vacuna	x	utilidad recibida por tener una opinión pro-vacuna	0.07	-
Población inicial antivacunas	-	porcentaje de agentes que comienzan siendo anti-vacunas	50%	-
Regla de cambio de opinión	-	regla evolutiva para el cambio de opinión	mayoría	[1]
Grafo Erdős-Rényi	-	tipo de grafo de la población	$p = 0.6$	-
Grafo Barabási-Albert	-	tipo de grafo de la población	$m = 10$	-

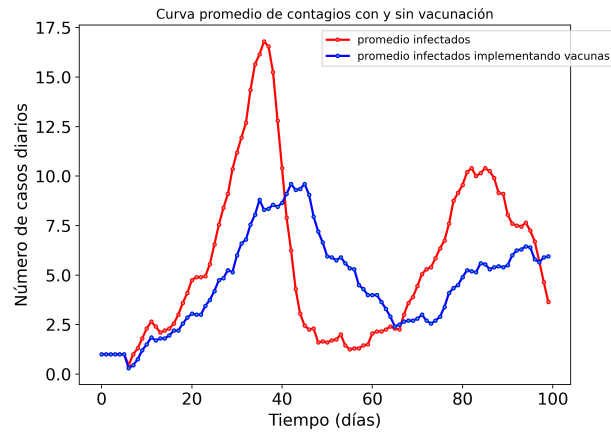
Tabla 5.5: Parámetros, condiciones iniciales y sus correspondientes valores para las simulaciones del experimento numérico 2.

Para ambos tipos de estructura de red consideradas en este trabajo (Erdős-Rényi y Barabási-Albert), la curva azul es muy similar a la curva roja. Esto ocurre porque la efectividad de la vacuna no es lo suficientemente grande para que se cumpla la desigualdad de la ecuación (5.2). Es decir, los agentes deciden no vacunarse porque el costo excede la protección que les proporciona la vacuna contra la enfermedad. De esta forma, podemos deducir que “no es un resultado favorable” para el control de la epidemia.

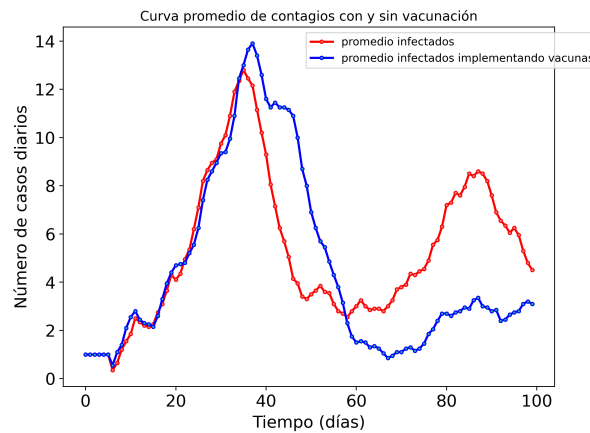
Por otro lado, el segundo caso se presenta cuando algunos agentes toman la decisión de vacunarse incluso con una efectividad baja de la vacuna. Sin embargo, acorde a la ecuación (5.2), esto solo ocurre cuando el costo de vacunarse es muy bajo. Para las simulaciones numéricas presentadas en la figura (5.10), consideramos el caso en el que el costo de vacunarse es de $q = 0.05$ y la efectividad de $\sigma = 25\%$. De esta forma aumentamos la probabilidad de que los agentes decidan vacunarse.

Podemos observar en la figura (5.10), que la curva promedio (sobre el ensamble de simulaciones) de contagios con vacunación (azul) alcanza casi el mismo pico máximo que la epidemia sin vacunas (rojo) para el grafo Erdős-Rényi, mientras que para Barabási-Albert incluso se llega a un pico de contagio más alto que la epidemia sin vacunas. Por esta razón, incluso si existe un mayor porcentaje de agentes que deciden vacunarse, si no hay una efectividad lo suficiente buena, las vacunas no representan una estrategia eficaz para reducir contagios.

Vale la pena destacar que actualmente existen varios tipos de vacunas que han salido al mercado y que se están aplicando para el caso de la reciente pandemia COVID-19. La efectividad de estas vacunas es muy variada tal y como podemos apreciar



a)



b)

Figura 5.10: Comparación de las curvas de infectados promedio (sobre el ensamble de simulaciones) de epidemias sin vacunación (rojo) y con la implementación de vacunas con efectividad baja (azul), con $\sigma = 25\%$ y donde la estructura de la red es a) Erdős-Rényi y b) Barbási-Albert.

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.

Intervalo de Protección \ Vacuna	Pfizer intervalo largo	Pfizer intervalo corto	Astrazeneca
Protección a corto plazo	85 %	89 %	58 %
Protección a largo plazo	51 %	53 %	72 %

Tabla 5.6: Tabla de efectividades de algunas vacunas desarrolladas para la pandemia del COVID-19.

en la tabla (5.6). Aparte del tipo de vacuna, la efectividad también se ve afectada por factores como la cantidad de dosis que se aplican, el tiempo que ha transcurrido desde la aplicación de la última dosis, el tiempo transcurrido entre cada dosis, la cepa del virus contra el que se está vacunando, entre otros [69]. También se ve afectada la efectividad por factores de los agentes, algunos de los principales son la edad, comorbilidades, sexo, microbiota y nutrición [71]. Para simplificar el modelo de este trabajo, todos estos elementos no fueron considerados y solo asumimos que la aplicación de la vacuna se realiza en una única dosis, su efecto es inmediato y la efectividad es la misma para todos los agentes. El valor que asignamos a la efectividad de la vacuna para realizar las siguientes simulaciones está basado en la efectividad de la vacuna BNT162b2 (Pfizer-BioNTech). Específicamente, se toma la efectividad de esta vacuna después de la aplicación de dos dosis, las cuales se emplean con 6 o más semanas de diferencia (intervalo largo) y entre 2 y 10 semanas después de la segunda dosis (protección a corto plazo) [69]. Es decir, tenemos una efectividad del 85 % como se muestra en la tabla 5.6 [69].

Experimentos numéricos 3: Variando el costo de vacunarse.

Otro parámetro que se analiza es el efecto que ocasiona la variación del costo de vacunarse q . Consideramos dos costos, el medio-bajo y el medio-alto. Si tomamos un costo demasiado bajo, es equivalente a que no existiera un costo por vacunarse y todos aquellos agentes decidirían aplicarse la vacuna, lo cual sería ideal pero no ocurre en un contexto real. En contraste, si tomamos un costo alto, muy pocos agentes (o incluso ninguno) tomarían la decisión vacunarse.

Para realizar las simulaciones en las que se varía el costo de vacunarse, primero fijamos los demás parámetros tal como se muestra en la tabla (5.7). Numéricamente tomamos un valor de $q = 0.2$ y $q = 0.3$ para los costos medio-bajo y medio-alto, respectivamente. Como se muestra en la figura 5.11, al tener una preferencia definitiva por la opinión pro-vacuna ($x = 0.07$) y un costo medio-bajo por vacunarse, en promedio, alrededor del 70 % de la población toma la decisión de aplicarse la

Parámetro	Símbolo	Significado	Valor	Referencia
Probabilidad de infección	β	Probabilidad de que un agente se contagie	0.4	[27]
Tamaño de la población	N	Número de individuos en la población	50	-
Periodo de incubación	$1/\gamma$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Expuesto</i>	5	[37]
Periodo infeccioso	$1/\alpha$	tiempo que pasa un agente en estado <i>Infectado</i>	6	[27]
Periodo inmune	$1/\omega$	Tiempo que pasa un agente en estado <i>Recuperado</i>	30	[38]
Peso mínimo de enlace	W_{min}	Peso mínimo de la interacción entre dos agentes	1	-
Peso máximo de enlace	W_{max}	Peso máximo de la interacción entre dos agentes	10	-
Número de iteraciones	t	total de pasos de tiempo de la simulación	100	-
Infectados iniciales	N_{inf}	Número de agentes que comienzan con estado infectado	1	-
Recompensa por cooperar	C	utilidad recibida en el juego por compartir opinión	1	-
Efectividad de la vacuna	σ	la probabilidad de contagio al vacunarse es $\beta * (1 - \sigma)$	0.85	[69]
Recompensa opinión pro-vacuna	x	utilidad recibida por tener una opinión pro-vacuna	0.07	-
Población inicial antivacunas	-	porcentaje de agentes que comienzan siendo anti-vacunas	50 %	-
Regla de cambio de opinión	-	regla evolutiva para el cambio de opinión	mayoría	[1]
Grafo Erdős-Rényi	-	tipo de grafo de la población	$p = 0.6$	-
Grafo Barabási-Albert	-	tipo de grafo de la población	$m = 10$	-

Tabla 5.7: Parámetros, condiciones iniciales y sus correspondientes valores para las simulaciones del experimento numérico 3.

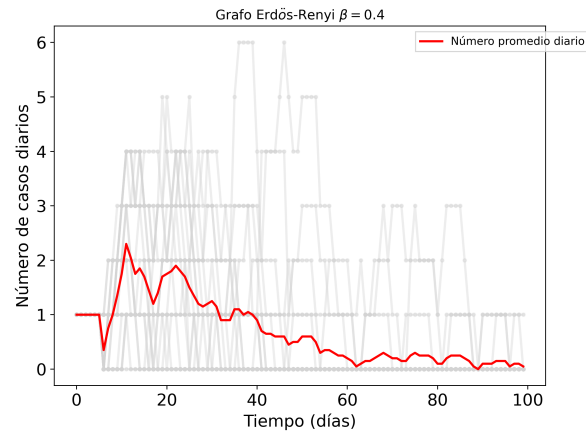
vacuna. Esto provoca que la curva de la epidemia no crezca lo suficiente dentro de la población como para poder llegar a un pico de contagios significativo, ya que en promedio solo se llega a infectar el 5 % de la población en el punto más alto de la curva de contagios.

Observemos por otro lado que, como se muestra en la figura 5.12, para una población de agentes conectados en red con estructura de Barabási-Albert, al tener un costo medio-bajo, la curva de infectados 5.12-(a) no es tan baja como para la estructura Erdős-Rényi, ya que su máximo pico de contagios alcanza los 5 individuos infectados. Sin embargo, en el punto más alto de los contagios solo el 10 % de la población está infectada. Este resultado es favorable en el sentido en el que la curva no crece abruptamente, lo que ayuda a no tener una propagación del virus de forma tan impetuosa. Este crecimiento lento de la curva de infectados se ve afectado por el 40 % (ver la figura 5.12(b)) de la población que decide vacunarse en estas simulaciones.

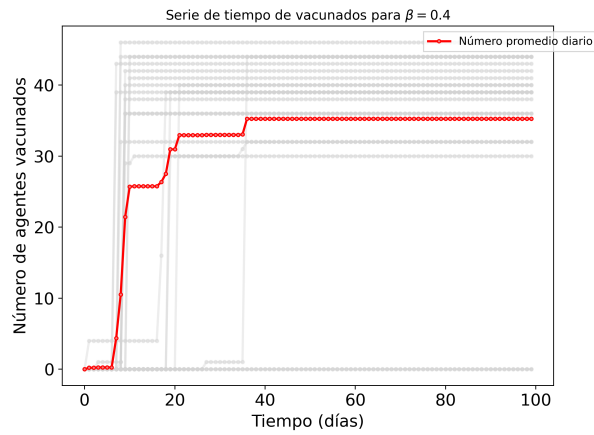
En cambio, cuando asignamos un valor medio-alto al costo de vacunarse ($q = 0.3$), el efecto de la vacunación sobre la curva de infectados de la epidemia no es tan efectivo. Primero veamos el caso para la estructura de red Erdős-Rényi. Como se puede observar en la figura (5.13)-(a), la curva de infectados es más alta que si se tuviera un costo de vacunarse medio-bajo ya que se llega a un pico de aproximadamente 7 infectados en el periodo de tiempo 40. De la figura (5.13)-(b) observamos que solo el 40 % de la población decide vacunarse. Aun así, se sigue presentando un pico de contagios casi dos veces menor que en la epidemia sin vacunación.

Para el caso en el que la población de agentes esta conectada a través de una red con estructura de Barabási-Albert, la curva de infectados es significativamente más

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.



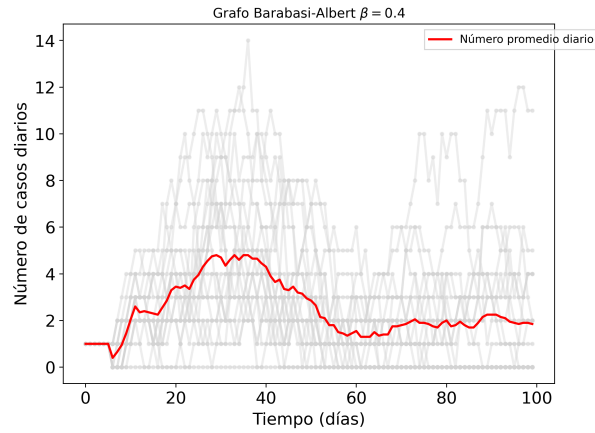
a)



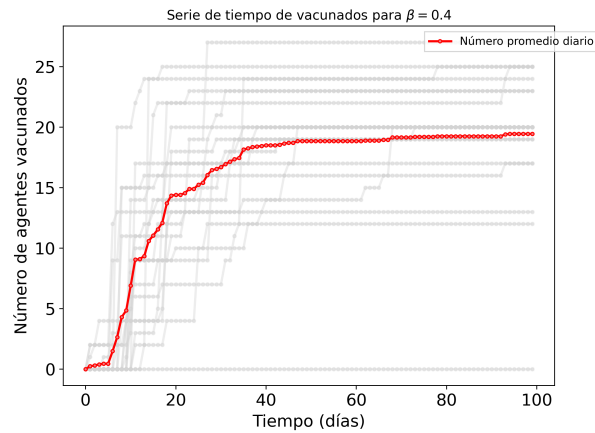
b)

Figura 5.11: Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-bajo ($q = 0.2$) y una estructura de red Erdős-Rényi. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).

alta que cuando se tiene un costo medio-bajo de vacunación, tal y como se puede apreciar en la figura 5.14-(a). Lo anterior lo deducimos ya que el pico más alto alcanza los 11 infectados alrededor de la iteración 42 de la simulación. Analizando la imagen figura 5.14-(b), podemos ver que el número de vacunados es mucho menor



a)



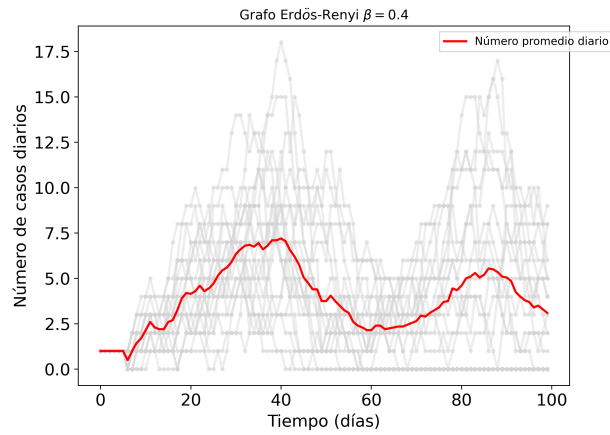
b)

Figura 5.12: Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-bajo ($q = 0.2$) y una estructura de red Barabási-Albert. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).

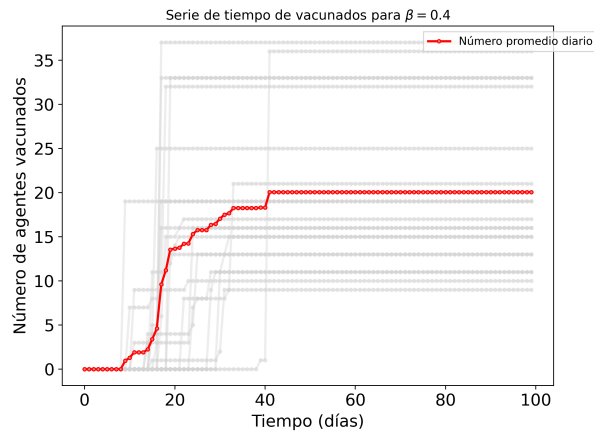
que en otras simulaciones y solo se llegan a vacunar, en promedio, aproximadamente 6 individuos.

Analizando las simulaciones realizadas previamente, podemos deducir algunas conclusiones sobre los parámetros que fueron explorados. La efectividad de la vacuna

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.



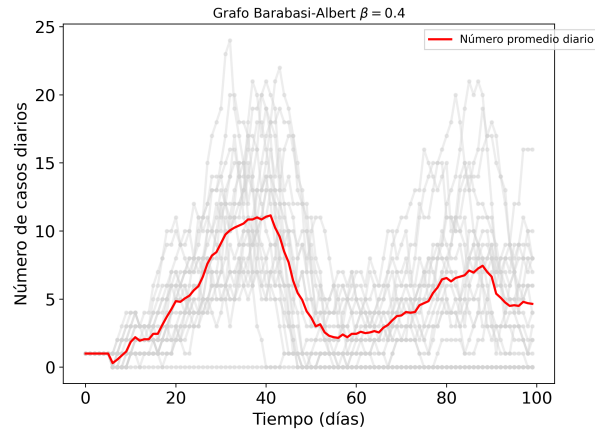
a)



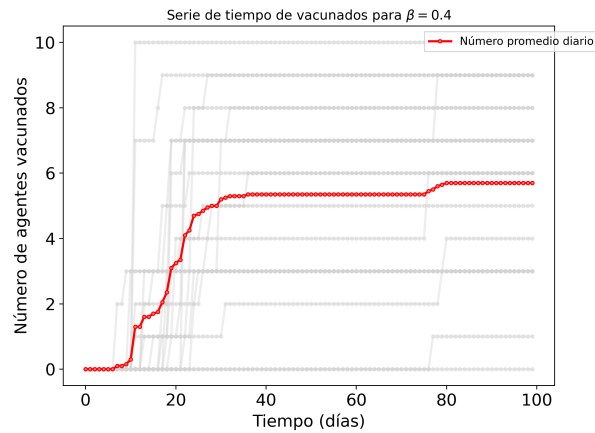
b)

Figura 5.13: Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-bajo ($q = 0.2$) y una estructura de red Erdős-Rényi. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).

debe ser, necesariamente, lo suficientemente alta para que la población decida vacunarse y que la vacuna los proteja de la infección para reducir contagios de forma eficiente. En caso de no tener una buena efectividad, la reducción de contagios no es significativa, no se compensa la cantidad de recursos utilizados en su elaboración e



a)



b)

Figura 5.14: Simulaciones numéricas del modelo con los parámetros mostrados en la tabla 5.7, considerando un costo de vacunación medio-alto ($q = 0.35$) y una estructura de red Barabási-Albert. a) número de infectados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo), b) número de vacunados en el ensamble de simulaciones y la curva promedio (rojo).

incluso puede generar rebrotes de infecciones.

Por otra parte, al variar la recompensa por la preferencia de la opinión pro-vacuna (x), podemos observar un control sobre la cantidad de agentes que deciden vacunarse como es de esperarse. En las simulaciones se encontró que, para un valor de

5.4. Resultados de las simulaciones numéricas.

$x = 0$ ambas opiniones tienen la misma probabilidad de prevalecer, mientras que para $x \geq 0.07$ la dinámica se ve totalmente dominada por la opinión pro-vacunas. Al haber más agentes inclinados hacia la vacunación, claramente aumenta la cantidad de individuos vacunados y la rapidez con la que lo hacen, lo cual decreta drásticamente la propagación de la enfermedad en la población.

Por último, el costo de vacunarse juega un papel clave en la toma de decisión de la vacunación. Aún si se tiene una efectividad de la vacuna alta y una opinión pro-vacuna totalmente dominante, si el costo de vacunarse es muy alto, los agentes difícilmente tomarán la decisión de aplicarse la vacuna. Es de suma importancia, sobretodo para las autoridades de una población, que se tenga un control adecuado sobre el costo de vacunarse. Factores como la accesibilidad, tiempo de espera, efectos secundarios, presión social, restricciones de asistencia, entre otros, pueden marcar la diferencia entre un individuo que decide o no vacunarse y, a nivel poblacional, pueden determinar el éxito o el fracaso de una campaña de vacunación.

Capítulo 6

Conclusión

En este trabajo de tesis proponemos un modelo para la propagación de una epidemia, la formación de opinión y la toma de decisión de un sistema multi-agentes conectados mediante una red multiplexada. Dichos agentes cambian de opinión respecto a la vacunación por medio de un juego de estrategia, el cual cuenta con una recompensa por una opinión preferencial. Proponemos una medida de riesgo basado en la *percepción de riesgo* de F. Bagnoli [49], la cual se cuantifica en función de los conceptos de *peligro*, *exposición* y *vulnerabilidad*, los cuales dependen de la cantidad de vecinos infectados y vecinos infectados de vecinos susceptibles de un agente. Después, los agentes toman una decisión individual que se puede modelar por medio de un juego de oportunidad en el cual las utilidades se basan en la magnitud del riesgo, el costo de vacunarse y la efectividad de la vacuna [50].

Observando el análisis numérico llegamos a las siguientes conclusiones. En una epidemia sin vacunas, la propagación de la enfermedad suele ser mayor para grafos con estructura Erdős-Rényi que para Barabási-Albert. Al revisar los resultados de los valores del riesgo, se puede notar que funciona como una medida predictora de los picos de contagio de la epidemia, es decir, el riesgo alcanza sus mayores valores poco tiempo antes de que el número de contagios llegue a su punto máximo. Por su parte, la efectividad de la vacuna debe ser, necesariamente, lo suficientemente alta para que la población decida vacunarse y que la vacuna los proteja de la infección para reducir contagios de forma eficiente. En caso de no tener una buena efectividad, la reducción de contagios no es significativa, no se compensa la cantidad de recursos utilizados en su elaboración e incluso puede generar rebrotes de infecciones.

Por otro lado, al variar la recompensa por la preferencia de la opinión pro-vacuna, podemos observar un control sobre la cantidad de agentes que deciden vacunarse. En las simulaciones se encontró que, si no hay una preferencia por alguna de las opiniones, ambas tienen la misma probabilidad de prevalecer, mientras que para si se da un valor positivo a la preferencia la dinámica se ve totalmente dominada por la opinión pro-vacunas. Al haber más agentes inclinados hacia la vacunación, claramente aumenta la cantidad de individuos vacunados y la rapidez con la que lo hacen, lo cual decreta drásticamente la propagación de la enfermedad en la población.

El costo de vacunarse juega un papel clave en la toma de decisión de la vacunación. Aún si se tiene una efectividad de la vacuna alta y una opinión pro-vacuna totalmente dominante, si el costo de vacunarse es muy alto, los agentes difícilmente tomarán la decisión de aplicarse la vacuna. Es de suma importancia, sobre todo para las autoridades de una población, que se tenga un control adecuado sobre el costo de vacunarse. Factores como la accesibilidad, tiempo de espera, efectos secundarios, presión social, restricciones de asistencia, entre otros, pueden marcar la diferencia entre un individuo que decide o no vacunarse y, a nivel poblacional, pueden determinar el éxito o el fracaso de una campaña de vacunación. La recompensa por tener una opinión pro-vacunas, en un contexto real, se puede manejar por medio de campañas mediáticas que reafirmen la importancia de aplicarse la vacuna en una epidemia e incentiven esta decisión. En contraste, la efectividad de la vacuna no siempre puede controlarse directamente, por lo que una sería una mejor estrategia basar una campaña de vacunación en disminuir el costo de la vacuna y aumentar la recompensa por opinar a favor de las vacunas.

Este trabajo de tesis logra recopilar los resultados anteriormente discutidos gracias a la estructura de las redes multiplexadas, que permite realizar diversos procesos en distintas capas de redes. Por otra parte, el sistema multi-agentes logra enfocar el estudio de la epidemia sobre la población de una forma más heterogénea y da la posibilidad de analizar los efectos de decisiones individuales sobre la propagación de una enfermedad.

Para seguir explorando el problema de las epidemias en redes multi-agentes, algunos trabajos a futuro que se pueden ramificar de esta tesis son: el efecto de la

implementación de una cuarentena a ciertos agentes de la población, inmunización dirigida, disminuir los pesos de enlaces o eliminar los enlaces al tener un vecino infectado y estudiar la co-evolución de la red, es decir, la retroalimentación entre la evolución de la estructura de la red y la dinámica de la epidemia y de las opiniones de los agentes. Así mismo, consideramos también interesante analizar el efecto de la vulnerabilidad de los agentes, la cual puede simular el hecho de que en una población, hay personas que pueden ser mayormente afectadas por la epidemia, como aquellas que padecen alguna comorbilidad, personas de la tercera edad, con obesidad etc. De igual forma, se podría también buscar validar los modelos de formación de opinión con datos capturados de alguna red social como por ejemplo twitter.

Apéndice A

Algunas definiciones de teoría de grafos.

En esta sección enlistamos algunas definiciones de teoría de grafos que usamos en distintos capítulos del presente trabajo de tesis.

Definición 1. *Un grafo no dirigido $G = (V, E)$ consiste de dos conjuntos: un conjunto de nodos $V = \{v_1, v_2, \dots, v_N\}$, donde la cardinalidad del conjunto V es N , también llamada el tamaño del grafo; y un conjunto compuesto por pares ordenados $E = \{(v_i, v_j) \in V \times V : v_i, v_j \in V\}$ llamado el conjunto de enlaces, donde para cada par ordenado $(v_i, v_j) \in E$ existe $(v_j, v_i) \in E$. Se dice que el grafo es dirigido cuando $(v_i, v_j) \neq (v_j, v_i)$.*

Definición 2. *Definimos el grado del nodo i (el cual denotamos con k_i) como el número de enlaces que conectan a este nodo.*

Definición 3. *Un grafo regular es aquel en el que todos sus nodos tienen el mismo grado de nodo, mientras que un grafo es llamado aleatorio si su construcción es realizada por medio de un proceso estocástico.*

Definición 4. *Dado un entero positivo N y una probabilidad $0 \leq p \leq 1$, definimos el grafo Erdős-Rényi $G(N, p)$ como el grafo no direccionado con N vértices y cuyos enlaces se construyen como sigue [72]:*

Paso cero: Se definen los N vértices y un valor p para la probabilidad de conexión.

Paso uno: Por cada par de vértices i y j se realiza un proceso estocástico con probabilidad p para decidir si dicho par se conecta o no.

Paso dos: Si se conectan, entonces se incluye el enlace (i, j) en el conjunto E , en caso contrario se continua con el paso uno.

Vale la pena destacar que el proceso de construcción de un grafo Erdős-Rényi termina cuando se han revisado todos los posibles pares de elementos del conjunto de N vértices, y al finalizar el proceso obtendremos un grafo con $pN(N - 1)/2$ enlaces.

Definición 5. Dado el entero positivo N y un número natural $m > 1$, definimos el grafo Barabási-Albert $G(N, m)$, también llamado modelo BA o de escala-libre, como el grafo no direccionado con N vértices y cuyos enlaces se construyen como sigue [73]:

Paso cero: Se definen un número inicial de vértices $N_0 < N$ y un valor m para el número de conexiones de cada nuevo nodo.

Paso uno: Por cada iteración, un nuevo nodo j es añadido a la red.

Paso dos: El nuevo nodo se conecta con m nodos presentes en la red y la probabilidad de conexión entre el nuevo nodo j y un nodo i está dada por:

$$P_{ji} = \frac{k_i}{\sum_j k_j}$$

Después de conectarse con los m nodos presentes en la red, se continua con el paso uno hasta llegar al número $N - N_0$ de nuevos nodos [73].

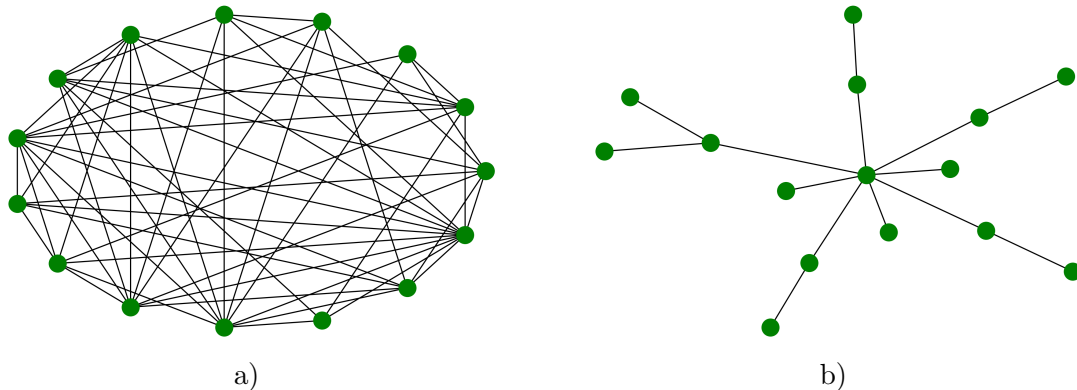


Figura A.1: Ejemplos de grafos aleatorios a) Erdős-Rényi y b) Barabási-Albert.

Bibliografía

- [1] L. Alvarez-Zuzek, C. La Rocca, J. R. Iglesias, and L. A. Braunstein, “Epidemic spreading in multiplex networks influenced by opinion exchanges on vaccination,” *PLOS ONE*, vol. 12, p. e0186492, nov 2017.
- [2] F. Ding, Y. Liu, B. Shen, and X.-M. Si, “An evolutionary game theory model of binary opinion formation,” *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, vol. 389, pp. 1745–1752, apr 2010.
- [3] S. Gómez, A. Díaz-Guilera, J. Gómez-Gardeñes, C. J. P. Vicente, Y. Moreno, and A. Arenas, “Diffusion dynamics on multiplex networks,” *Physical review letters*, vol. 110 2, p. 028701, 2013.
- [4] M. Martcheva, *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer US, 2015.
- [5] Z. Wang, *Human Disease-behavior Interactions on Complex Networks Models: Incorporating Evolutionary Game into Epidemiology*. PhD thesis, Hong Kong Baptist University, 2014.
- [6] S. López-Moreno, F. Garrido-Latorre, and M. Hernández-Avila, “Desarrollo histórico de la epidemiología: su formación como disciplina científica,” *salud pública de méxico*, vol. 42, pp. 133–43, 2000.
- [7] X. Fu, M. Small, and G. Chen, *Propagation Dynamics on Complex Networks: Models, Methods and Stability Analysis*. John Wiley and Sons Ltd, 2014.
- [8] L. Lopez, *Modelado de epidemias utilizando sistemas auto-organizados*. 2017.
- [9] J. Villalba, *Epidemiología española*. Imprenta de Don Mateo Repullés, 1802.
- [10] G. Kervarec, “La peste negra.” Tesis de grado senior por Universitat Jaume I, 2016.

- [11] M. J. G. Puerto, R. F. Canals, and J. T. Pallares, *Documento informativo sobre la infección del VIH*. GeSIDA y SEISIDA, 2017.
- [12] OMS, *Guías para el tratamiento de las infecciones de transmisión sexual*. Organización Mundial de la Salud, 2005.
- [13] P. A. Villarreal Lizárraga, *Pandemias y derecho: una perspectiva de gobernanza global*. Biblioteca Jurídica Virtual del Instituto de Investigaciones Jurídicas de la UNAM, 2019.
- [14] K. Kahn, “An introduction to agent-based modeling: Modeling natural, social, and engineered complex systems with,” *Physics Today*, vol. 68, pp. 55–55, aug 2015.
- [15] E. A. Bender, *An Introduction to Mathematical Modeling*. John Wiley and Sons, 2012.
- [16] F. Brauer, “Compartmental models in epidemiology,” in *Mathematical Epidemiology*, pp. 19–79, Springer Berlin Heidelberg, 2008.
- [17] L. Contreras-Bulnes, D. Rodríguez-Marín, R. Iribarren-Moreno, J. Bucio-Duarte, C. de J Álvarez-Díaz, E. Vélez-Benítez, G. Ramos-Gallardo, and J. Cuenca-Pardo, “La importancia de reducir la carga viral para disminuir el riesgo de contagio por COVID-19,” *Cirugía Plástica*, vol. 30, no. 2, pp. 78–93, 2020.
- [18] J. M. Last, “A dictionary of epidemiology,” *American Journal of Epidemiology*, vol. 154, pp. 389–389, aug 2001.
- [19] L. Delpiano, L. A. Palma, and J. Toro, “Sarampión: la enfermedad, epidemiología, historia y los programas de vacunación en Chile,” *Rev Chilena Infectol*, vol. 32, no. 4, pp. 417–429, 2015.
- [20] OMS, “Transmisión del sars-cov-2: repercusiones sobre las precauciones en materia de prevención de infecciones,” technical documents, 2020.
- [21] W. O. Kermack and A. G. McKendrick, “A contribution to the mathematical theory of epidemics,” *Royal Society of London*, vol. 115, pp. 700–721, aug 1927.
- [22] K. Kock, E. G. Tavares, J. L. Traebert, and R. Maurici, “Calculation of reproducibility rates (r_0) by simplification of SIR model applied to influenza a epidemic (h1n1) in Brazil occurred in 2009,” *Revista de Epidemiologia e Controle de Infecção*, vol. 7, may 2017.

- [23] W. jing Zhu and S. feng Shen, “An improved SIR model describing the epidemic dynamics of the COVID-19 in china,” *Results in Physics*, vol. 25, p. 104289, jun 2021.
- [24] G. F. Raggett, “A stochastic model of the eyam plague,” *Journal of Applied Statistics*, vol. 9, pp. 212–225, jan 1982.
- [25] C. Simon, “The SIR dynamic model of infectious disease transmission and its analogy with chemical kinetics,” *PeerJ Physical Chemistry*, jun 2020.
- [26] C. Hill, *Learning Scientific Programming with Python*. Cambridge University Press, 2 ed., 2020.
- [27] J. E. Straub, *Mathematical Methods for Molecular Science*. No. 1, Boston University, 2021.
- [28] “Parameter estimation and uncertainty quantification for an epidemic model,” *Mathematical Biosciences and Engineering*, vol. 9, no. 3, pp. 553–576, 2012.
- [29] P. Van den Driessche and J. Watmough, “Reproduction numbers and sub-threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission,” *Mathematical biosciences*, vol. 180, no. 1-2, pp. 29–48, 2002.
- [30] J. Feldman and S. Mishra, “What could re-infection tell us about r_0 ? a modeling case-study of syphilis transmission,” *Infectious Disease Modelling*, vol. 4, pp. 257–264, 2019.
- [31] K. M. Bjornstad Ottar N, Shea Katriona, “The seirs model for infectious disease dynamics,” *Nature Methods*, vol. 17, no. 3, pp. 557–558, 2020.
- [32] IDM, “Seir and seirs models.” [lhttps://docs.idmod.org/projects/emod-hiv/en/latest/model-seir.html](https://docs.idmod.org/projects/emod-hiv/en/latest/model-seir.html), 2021. Accessed: 2022-18-05.
- [33] R. Ghostine, M. Gharamti, S. Hassrouny, and I. Hoteit, “An extended seir model with vaccination for forecasting the covid-19 pandemic in saudi arabia using an ensemble kalman filter,” *Mathematics*, vol. 9, no. 6, 2021.
- [34] Vanguardia, “Solo el 53 % de jóvenes respeta el distanciamiento social, según una encuesta,” *La Vanguardia*, 2020.
- [35] C. M. Macal and M. J. North, “Agent-based modeling and simulation,” in *Proceedings of the 2009 winter simulation conference (WSC)*, pp. 86–98, IEEE, 2009.

- [36] “Would-be worlds: How simulation is changing the frontiers of science,” *Computers & Mathematics with Applications*, vol. 32, p. 126, nov 1996.
- [37] N. e. a. Chen, “Epidemiological and clinical characteristics of 99 cases of 2019 novel coronavirus pneumonia in wuhan, china: a descriptive study,” *The Lancet*, vol. 395, pp. 507 – 513, January 2020.
- [38] N. Chicago, “How long are you protected from covid after infection?,” *NBC Chicago*.
- [39] R. Vilches, O. Martínez, and C. Reyes, “Riesgos naturales: evolución y modelos conceptuales,” *Revista Universitaria de Geografía*, 2011.
- [40] S. C. López, “El concepto de riesgo,” *Recursos Naturales y Sociedad*, jun 2018.
- [41] J. C. G. López-Davalillo, *Análisis de vulnerabilidad por movimiento de ladera: Desarrollo de la metodología para evaluación y cartografía de la vulnerabilidad*. Memoria Final Es, 2005.
- [42] D. J. Varnes, *Landslide hazard zonation: a review of principles and practice*. No. 3, 1984.
- [43] J. Lewis, “The fluidity of risk,” *Disaster Prevention and Management: An International Journal*, vol. 28, pp. 636–648, may 2019.
- [44] S. D. A. de Castro, “Riesgos y peligros: una visión desde la geografía,” *Revista Electrónica de Geografía y Ciencias Sociales*, vol. 4, March 2000.
- [45] H. Hoffower, “Young adults can’t stop partying during the pandemic because they’re wired that way,” *Insider*.
- [46] C. Bonadonna, C. Frischknecht, and S. e. a. Menoni, “Integrating hazard, exposure, vulnerability and resilience for risk and emergency management in a volcanic context: the advise model,” *Journal of Applied Volcanology*, vol. 10, November 2021.
- [47] J. J. G. García, “Medición del riesgo en epidemiología primera parte,” *Revista Mexicana de pediatría*, vol. 65, pp. 76–83, march-april 1998.
- [48] R. Bonita, R. Beaglehole, T. Kjellstrom, and WHO, “Basic epidemiology,” 2006.

- [49] F. Bagnoli, P. Liò, and L. Sguanci, “Risk perception in epidemic modeling,” *Phys. Rev. E*, vol. 76, p. 061904, Dec 2007.
- [50] H.-J. Paek and T. Hove, “Risk perceptions and risk characteristics,” 2017.
- [51] J. Chacón Montero, “Riesgos de origen geológico y geomorfológico: deslizamientos de tierras, identificación, análisis y prevención de sus consecuencias,” *Áreas. Revista Internacional de Ciencias Sociales*, p. 33–64, dic. 2003.
- [52] H. Hotz, “A short introduction to game theory,” 2006. Accessed: 05-07-22.
- [53] B. A. Bhuiyan, “An overview of game theory and some applications,” *Philosophy and Progress*, pp. 111–128, aug 2018.
- [54] J. von Neumann and O. Morgenstern, *Theory of games and economic behavior*. Princeton University Press, 1947.
- [55] R. Bose, “Information transfer between generations linked to biodiversity in rock-paper-scissors games,” *International Journal of Biodiversity*, vol. 2015, pp. 1–9, 2015.
- [56] M. J. Osborne, *Introduction to game theory*. Oxford University Press, 2004.
- [57] J. M. Smith, *Evolution and the Theory of Games*. Cambridge University Press, 1982.
- [58] D. Easley and J. Kleinberg, *Networks, Crowds, and Markets Reasoning about a Highly Connected World*. Cambridge University Press, 2010.
- [59] A. Kelly, *Decision Making Using Game Theory: An Introduction for Managers*. Cambridge University Press, 2003.
- [60] L. Cao and X. Li, “Mixed evolutionary strategies imply coexisting opinions on networks,” *Phys. Rev. E*, vol. 77, p. 016108, Jan 2008.
- [61] J. Gao, D. Li, and S. Havlin, “From a single network to a network of networks,” *National Science Review*, vol. 1, pp. 346–356, 07 2014.
- [62] S. Boccaletti, G. Bianconi, R. Criado, C. I. D. Genio, J. Gómez-Gardeñes, M. Romance, I. Sendiña-Nadal, Z. Wang, and M. Zanin, “The structure and dynamics of multilayer networks,” *Physics Reports*, vol. 544, pp. 1 – 122, 2014.

- [63] D. Y. Kenett, M. Perc, and S. Boccaletti, “Networks of networks – an introduction,” *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 80, pp. 1–6, 2015. Networks of Networks.
- [64] L. Alvarez-Zuzek, C. La Rocca, F. Vazquez, and L. A. Braunstein, “Interacting social processes on interconnected networks,” *PLOS ONE*, vol. 11, pp. 1–3, 2016. Networks of Networks.
- [65] C. L. Rocca, L. A. Braunstein, and F. Vazquez, “The influence of persuasion in opinion formation and polarization,” *EPL (Europhysics Letters)*, vol. 106, p. 40004, may 2014.
- [66] M. Stoddard, D. V. Egeren, and K. J. et al, “Individually optimal choices can be collectively disastrous in covid-19 disease control,” *Research Square*, vol. 29, 2021.
- [67] A. A. Hagberg, D. A. Schult, and P. J. Swart, “Exploring network structure, dynamics, and function using networkx,” in *Proceedings of the 7th Python in Science Conference* (G. Varoquaux, T. Vaught, and J. Millman, eds.), (Pasadena, CA USA), pp. 11 – 15, 2008.
- [68] C. R. Harris, K. J. Millman, S. J. van der Walt, R. Gommers, P. Virtanen, D. Cournapeau, E. Wieser, J. Taylor, S. Berg, N. J. Smith, R. Kern, M. Picus, S. Hoyer, M. H. van Kerkwijk, M. Brett, A. Haldane, J. F. del Río, M. Wiebe, P. Peterson, P. Gérard-Marchant, K. Sheppard, T. Reddy, W. Weckesser, H. Abbasi, C. Gohlke, and T. E. Oliphant, “Array programming with NumPy,” *Nature*, vol. 585, pp. 357–362, Sept. 2020.
- [69] V. Hall, S. Foulkes, F. Insalata, P. Kirwan, A. Saei, A. Atti, E. Wellington, J. Khawam, K. Munro, M. Cole, C. Tranquillini, A. Taylor-Kerr, N. Hettiarachchi, D. Calbraith, N. Sajedi, I. Milligan, Y. Themistocleous, D. Corrigan, L. Crome, L. Price, S. Stewart, E. de Lacy, C. Norman, E. Linley, A. D. Otter, A. Semper, J. Hewson, S. D’Arcangelo, M. Chand, C. S. Brown, T. Brooks, J. Islam, A. Charlett, and S. Hopkins, “Protection against sars-cov-2 after covid-19 vaccination and previous infection,” *New England Journal of Medicine*, vol. 386, no. 13, pp. 1207–1220, 2022.
- [70] P. Chico-Sánchez, P. Gras-Valentí, N. Algado-Sellés, E. Merino-Lucas, J. C. Rodríguez-Díaz, E. Ronda-Pérez, and J. Sánchez-Payá, “Efectividad de la vacuna bnt162b2 para prevenir la covid-19 en personal sanitario,” *Gaceta Sanitaria*, 2021.

- [71] S. Falahi and A. Kenarkoohi, “Host factors and vaccine efficacy: Implications for covid-19 vaccines,” *Journal of Medical Virology*, vol. 94, no. 4, pp. 1330–1335, 2022.
- [72] J. Kun, “The erdős-rényi random graph,” Aug 2013.
- [73] A. Barabási and M. Pósfai, *Network Science*. Cambridge University Press, 2015.