

MODELO DE REDES MULTI-ESCALA: COVID-19 EN COSTA RICA

FABIO SANCHEZ¹, JUAN G. CALVO¹, LUIS A. BARBOZA¹, YURY GARCÍA²,
PAOLA VÁSQUEZ³

1. Introducción. Al inicio de una pandemia, los modelos clásicos de Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (tipo SIR) permiten analizar de forma exploratoria escenarios determinísticos de lo que podría esperarse bajo supuestos poco flexibles y sin medidas de control. Esto incluye una posible estimación de la tasa de transmisión o “velocidad inicial de propagación” del virus en un estado inicial donde no es posible asumir cambios en distanciamiento social ni regulaciones gubernamentales.

En una pandemia, la propagación del virus, las redes de contacto social, las políticas públicas y el comportamiento individual y colectivo, cambian constantemente en el tiempo. Una comprensión a nivel de sistema debe representar estos componentes y su co-evolución, por lo que se requiere un modelo que permita un análisis más detallado y flexible ante la diversidad de factores que afectan la dinámica de transmisión. Uno de los mayores retos en este tipo de modelos es incorporar variaciones en el comportamiento humano, modificado tanto por propia voluntad como por restricciones sanitarias impuestas y medidas de control ante la pandemia.

Producto de extensos análisis y comparaciones con diferentes enfoques y estudios, se implementó un *modelo de redes* (multi-capas, temporal y estocástico), el cual ha ido adecuándose y adaptándose conforme la enfermedad evoluciona. En este manuscrito se detallarán algunos aspectos importantes del modelo, el cual incorpora aspectos epidemiológicos en la transmisión de la enfermedad. No se pretende dar una exposición completa de este tipo de modelos, pues han sido estudiados y es un área activa de investigación; ver, e.g., [6, 9, 10, 13, 14, 11, 8].

2. Generalidades sobre la red. La clase de modelos de redes permiten considerar la propagación de una epidemia en una red social (dirigida o no). Matemáticamente, su representación es a través de un grafo $G(V, E)$, donde V es un conjunto de vértices y $E \subseteq V \times V$ es un conjunto de aristas o enlaces entre vértices. En el modelo, cada uno de los nodos representa a un individuo de la población. Dados dos nodos $n_i, n_j \in V$, la arista $e_{ij} = (n_i, n_j) \in E$ representa conectividad entre dichos nodos. Dicho grafo queda determinado mediante una matriz de adyacencia A , cuyas entradas a_{ij} determinan la conectividad entre nodos (usualmente 1 si hay contacto o 0 en caso contrario). En este tipo de representación, es posible incluir “dirección” en los contactos y pesos en las aristas para diferenciar entre diversos tipos de relaciones entre la población. El grado de cada nodo corresponde al número de vecinos o contactos de cada nodo. Si bien, hay quienes utilizan *modelos basados en agentes* para este tipo de representaciones, el modelo de red es más eficiente ya que evita tener que conocer la ubicación de cada agente y solo requiere contabilizar el número de contactos entre personas de la red.

Con el fin de diferenciar entre tipos de contactos, se considera una representación con multi-capas de una red temporal; para un acercamiento general se recomienda

¹CIMPA-ESCUELA DE MATEMÁTICA, ²CIMPA, ³ESCUELA DE SALUD PÚBLICA

leer [12]. Matemáticamente, la red $M = (V_M, E_M, V, L)$ tiene un conjunto V de nodos de instancias (V_M está conformado por tuplas de nodos en cada capa). Una capa L es combinación de capas elementales mediante el producto $L_1 \times L_2 \times \dots \times L_d$, donde d es el número de capas, y el conjunto de aristas satisface $E_M \subseteq V_M \times V_M$. La arista $((n_i, \alpha), (n_j, \beta)) \in E_M$ indica que hay una conexión entre el nodo n_i de la capa α , y el nodo n_j de la capa β ; ver Figura 3.1.

En el modelo actual se incluyen 3 capas:

1. *Vivienda*, donde dos nodos se conectan si viven en el mismo lugar. En este caso, la conectividad en cada vivienda es total (i.e., existen aristas entre todos los nodos).
2. *Conocidos*, que incluye a todo tipo de contacto (social, laboral, etc) donde las personas se conocen.
3. *Contactos esporádicos*, relacionado con posibles contactos con desconocidos (en un supermercado, por ejemplo).

Dada la flexibilidad de la red, a cada nodo se le puede asignar propiedades específicas. En particular, se asigna el cantón en donde vive, lo que permite estudiar la dinámica no solo a nivel país, sino a nivel cantonal. Además, se incluye para cada nodo tres parámetros con el grado de cada nodo para cada una de las capas, y un parámetro relacionado con el tamaño de su burbuja de conocidos (la cual no debe confundirse con la *burbuja social* que es parte de las medidas recomendadas por el Ministerio de Salud).

3. Transmisión de la enfermedad. En el estudio de la epidemia se consideran las capas mencionadas en la Sección 2. Cada una tiene interacciones y probabilidades de contagio diferentes. Cuando una persona se enferma (asintomática), se incluye a todos sus vecinos en la red, según la clase correspondiente. Mediante una probabilidad de infección, se determina si cada uno de sus contactos se infectará o no; ver Figuras [3.1, 3.2, 3.3, 3.4] para una descripción gráfica del proceso de propagación de la enfermedad en la red.

Dada la probabilidad de contagio (β) entre una persona contagiada y una susceptible, en ausencia de medidas sanitarias y de aislamiento social, un nodo susceptible i , que interactúa con sus vecinos, tiene probabilidad de infección $p_i = 1 - (1 - \beta)^{n_i}$, donde n_i es el número de contactos contagiados de n_i .

Con el fin de tomar en cuenta el distanciamiento social, medidas sanitarias impuestas, uso de mascarillas, medidas de higiene y efectos variables en el comportamiento humano, se modifica dicha probabilidad $p_i = 1 - (1 - \beta)^{\sum_j c_i^{(j)} n_i^{(j)}}$, donde j varía en cada capa y $c_i^j \in [0, 1]$ es un parámetro variable que indica la efectividad de contacto en cada capa. Se asume, por ejemplo, que dicho parámetro es 1 en el caso de contactos entre familias. Cada uno de estos parámetros evoluciona en el tiempo de forma inversa a un indicador de tendencia (que depende directamente del número de casos activos, ver Sección 6). De esta manera, se emula el efecto de “despreocuparse” si en los últimos días hay una disminución de casos activos o, por el contrario, aislarse en caso de un aumento desmedido de casos activos. Las condiciones iniciales se establecen a partir de los clústeres identificados por las entidades de salud hasta la fecha de actualización de dicha base.

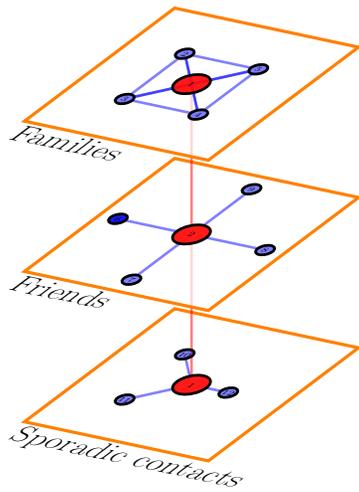


Figura 3.1: Un nodo infectado y su red

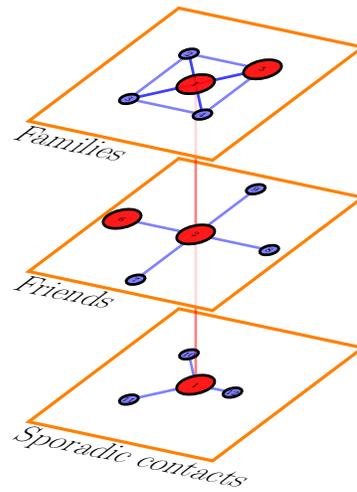


Figura 3.2: Dos nuevos nodos infectados

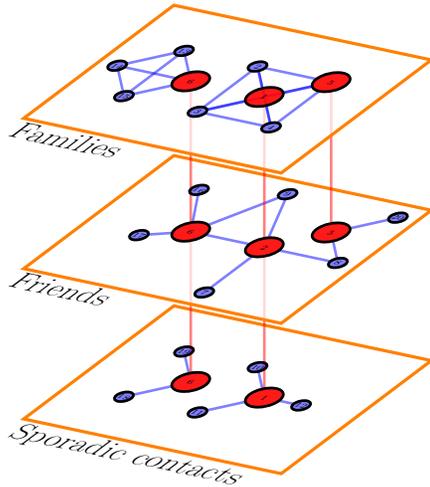


Figura 3.3: Red con nuevos nodos

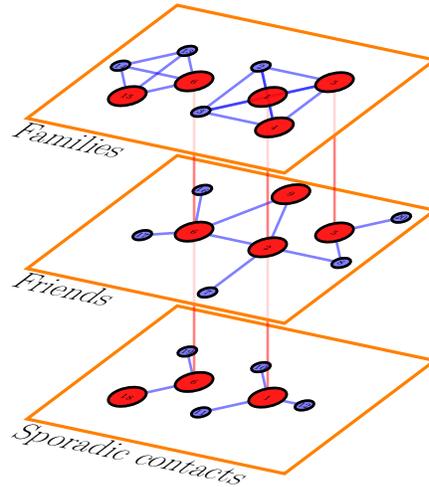


Figura 3.4: Cuatro nuevos nodos infectados

4. Supuestos relevantes. A continuación se enumeran algunos supuestos de relevancia relacionados con la creación de las capas de la red:

- La red incluye toda la población de Costa Rica.
- Para la capa correspondiente al grafo de conectividad familiar, el número de viviendas por cantón y la cantidad de personas promedio por hogar se toman de la “Encuesta Nacional de Hogares” [5], hecha por el INEC¹ en 2018.
- Cada núcleo familiar tiene un número de habitantes determinado por una distribución Poisson con media igual al promedio de habitantes por vivienda por cantón según la “Encuesta Nacional de Hogares” [5].

¹Instituto Nacional de Estadística y Censo

- Se asume conectividad total en cada vivienda (tasa de contacto igual a 1).
- Los contactos sociales y esporádicos se seleccionan de diferentes cantones, según una matriz de conectividad. Actualmente dicha matriz se construye tomando en cuenta el cantón en el cual trabajan las personas según el X Censo Nacional de Población y VI de Vivienda, 2011 [4].
- Para cada nodo, la cantidad máxima de contactos sociales y de contactos esporádicos se calcula mediante una distribución uniforme (entre límites mínimos y máximos en cada caso).
- Los contactos esporádicos son variables en el tiempo.
- La burbuja de conocidos varía en el tiempo, acorde con la liberación de medidas sanitarias y/o auto-aislamiento (por condiciones extremas en número de casos activos).
- A pesar de que la base de nexos epidemiológicos es insumo para las condiciones iniciales del modelo, estos se pueden reemplazar por los datos de casos activos por cantón publicados diariamente por el Ministerio de Salud [1].
- Se modifica el número de contactos efectivos en función del tiempo (lo que permite medir el impacto de las decisiones tomadas por el Ministerio de Salud).

5. Descripción epidemiológica. Los modelos clásicos tipo SIR tienen grandes limitaciones para estudiar la propagación del nuevo virus (SARS-CoV-2). No obstante, su dinámica puede ser incorporada en un modelo de redes (emulando un modelo de agentes). La idea principal consiste en dividir la población en diferentes estados inmunológicos. En el modelo, cada nodo tiene uno de los siguientes posibles estados: susceptibles ((S) personas que aún no han sido infectadas), infectados ((I) personas portadoras del virus, pero que aún no manifiestan síntomas porque se encuentran en periodo de incubación), diagnosticados (D), no reportados (U, personas que están infectadas con o sin síntomas y no son capturadas por el sistema de salud), personas hospitalizadas en salón (H), personas hospitalizadas en cuidados intensivos (UCI) y recuperados ((R) ya no son infecciosas). La transición entre los diferentes estados se presenta en la Figura 5.1. Las tasas de transición y parámetros se describen en el Cuadro 5.1. Con respecto a estos supuestos:

1. La tasa de transmisión β fue estimada mediante métodos Bayesianos al inicio de la pandemia utilizando los modelos clásicos *tipo* SIR; ver [15] para una descripción del método bayesiano y [7] para el modelo implementado.
2. Se supone que un 75 % de los casos logran ser diagnosticados por el sistema de salud y el otro 25 % no se captura, bien sea porque son asintomáticos o sus síntomas son muy leves.
3. El 7.8 % de las personas diagnosticadas requieren hospitalización y de estas un 32 % cuidados intensivos [2].
4. Una persona tarda en promedio 5 días para ser hospitalizada una vez que presenta síntomas [2].
5. Una persona permanece en promedio 4 días en salón antes de requerir cuidados intensivos [2].
6. Se asume que un 10 % de personas que han sido diagnosticadas no acatan las recomendaciones de aislamiento.
7. Una persona dura en promedio 11 días hospitalizado en salón y 12 en cuidados intensivos [2].
8. Teniendo en cuenta la realidad del país, se asume que el 98 % de las personas

hospitalizadas (en salón) y el 92% de las que están en cuidados intensivos, se recuperan.

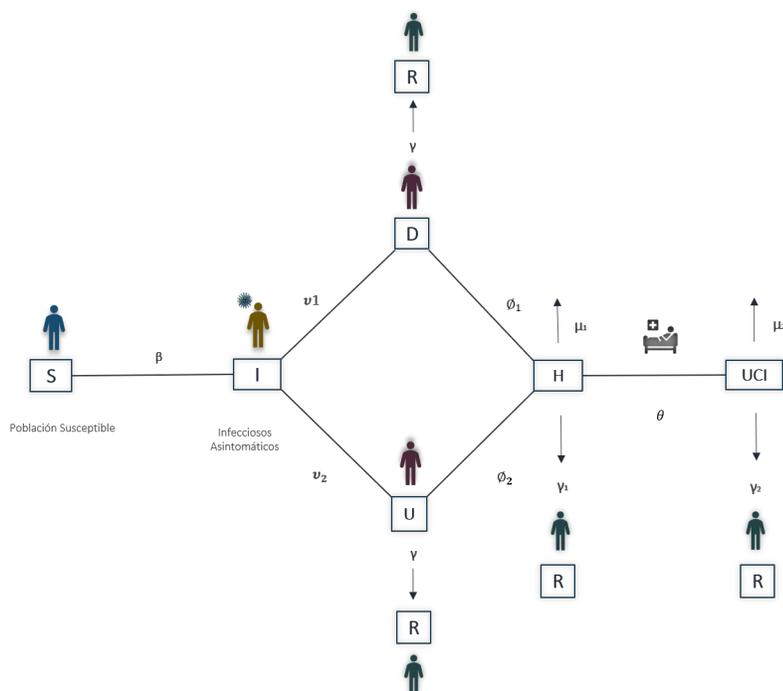


Figura 5.1: Dinámica Epidemiológica.

Parámetro	Interpretación	Valor (días)	Ref.
N	Tamaño de la población de Costa Rica	5111238	[3]
η	Porcentaje de personas infecciosas reportadas	75 %	
v	Tiempo promedio de incubación del virus	7	[7]
$1/\gamma$	Tiempo promedio en el que una persona puede ser infecciosa después de presentar síntomas	17	
$v_1 = \eta v$	Ritmo al cual una persona en el periodo de incubación se vuelve sintomática		[7]
$v_2 = (1 - \eta)v$	Ritmo al cual una persona en periodo de incubación entra al estado de los no reportados		[7]
ρ	Personas diagnosticadas positivo que no siguen recomendaciones de aislamiento	10 %	
ϕ_1	Tasa a la que un diagnosticado requiere hospitalización	0.75/5	[2]
ϕ_2	Tasa a la que una persona no diagnosticada requiere hospitalización	0.01/5	
θ	Tasa a la que una persona hospitalizada requiere UCI	0.32/4	[2]
$1/\gamma_h$	Promedio de días que una persona permanece hospitalizada (en salón)	1/11	[2]
$1/\gamma_u$	Promedio de días que una persona permanece en UCI	1/12	[2]
μ_h	Tasa de mortalidad en hospitalización	0.02/11	[2]
μ_u	Tasa de mortalidad en UCI	0.08/12	[2]
β	Tasa de transmisión (se estimó con los modelos iniciales)	2.1	

Cuadro 5.1: Valores de los parámetros para el modelo de redes. Es importante resaltar que estos parámetros se actualizan constantemente, teniendo en cuenta las estadísticas que se reportan a nivel internacional, así como lo reportado y analizado por la Caja Costaricense del Seguro Social.

Los supuestos y parámetros del modelo son revisados y actualizados constantemente, según la información que se reporta a nivel internacional y la evolución de la pandemia en el país.

6. Indicador de Tendencia. Sea I_t el cambio porcentual diario, estandarizado, de los activos por cada 100000 habitantes, definido por:

$$I_t = \frac{A_t - A_{t-7}}{7} \times \frac{10^5}{N} \quad (6.1)$$

donde A_t corresponde a los casos activos al día t , $t = 7, 8, 9, \dots$ y $n = 7$.

El indicador de tendencia considerado se define el promedio móvil:

$$J_t = \frac{1}{n} \sum_{i=0}^{n-1} I_{t-i} \quad (6.2)$$

Referencias

- [1] Situación Nacional COVID-19. Ministerio de salud. <http://geovision.uned.ac.cr/oges/>, 2020.
- [2] Center for Disease Control and Prevention. Interim clinical guidance for management of patients with confirmed coronavirus disease (covid-19). <https://www.cdc.gov/coronavirus/2019-ncov/hcp/clinical-guidance-management-patients.html> # Sepsis, 2020.
- [3] Inec. Instituto Nacional de Estadística y Censos.
- [4] INEC. X Censo Nacional de Población y VI de Vivienda 2011.
- [5] INEC. Encuesta Nacional de Hogares Julio 2018, 2018.
- [6] Mikko Kivelä and Mason A. Porter. Isomorphisms in multilayer networks. *IEEE Trans. Network Sci. Eng.*, 5(3):198–211, 2018.
- [7] Zhihua Liu, Pierre Magal, Ousmane Seydi, and Glenn Webb. Predicting the cumulative number of cases for the covid-19 epidemic in china from early data. *arXiv preprint arXiv:2002.12298*, 2020.
- [8] Madhav Marathe and Anil Kumar S Vullikanti. Computational epidemiology. *Communications of the ACM*, 56(7):88–96, 2013.
- [9] Naoki Masuda, Mason A. Porter, and Renaud Lambiotte. Random walks and diffusion on networks. *Phys. Rep.*, 716/717:1–58, 2017.
- [10] A. Roxana Pamfil, Sam D. Howison, Renaud Lambiotte, and Mason A. Porter. Relating modularity maximization and stochastic block models in multilayer networks. *SIAM J. Math. Data Sci.*, 1(4):667–698, 2019.
- [11] Mason A. Porter. What is... a multilayer network? *Notices Amer. Math. Soc.*, 65(11):1419–1423, 2018.
- [12] Mason A. Porter. Nonlinearity + networks: A 2020 vision, 2019.
- [13] Mason A. Porter and Ginestra Bianconi. Network analysis and modelling: special issue of *European journal of applied mathematics* [editorial]. *European J. Appl. Math.*, 27(6):807–811, 2016.
- [14] Mason A. Porter and James P. Gleeson. *Dynamical systems on networks*, volume 4 of *Frontiers in Applied Dynamical Systems: Reviews and Tutorials*. Springer, Cham, 2016. A tutorial.
- [15] Scott A Sisson, Yanan Fan, and Mark Beaumont. *Handbook of approximate Bayesian computation*. Chapman and Hall/CRC, 2018.