



UNIVERSIDAD NACIONAL
AUTÓNOMA
DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

REDES, MOVILIDAD HUMANA Y
SEGUIMIENTOS DE CONTACTO
DURANTE LA PANDEMIA DE
COVID-19

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

Actuario

PRESENTA:

Daniel Luevano Flores

TUTOR

Dr. José Luis Mateos Trigos



Ciudad de México

2021



Universidad Nacional
Autónoma de México



UNAM – Dirección General de Bibliotecas
Tesis Digitales
Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS ©
PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis esta protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

Dedicado a mi familia. Les amo.

Índice general

Índice de figuras	VII
Agradecimientos	IX
Introducción	1
1. Ciencia de Redes	5
1.1. Antecedentes Históricos	5
1.2. Conceptos Fundamentales de las Redes	8
1.2.1. Algunos Tipos de Redes	8
1.2.2. Grado, Grado Promedio y Distribución de Grado	9
1.2.3. Matriz de Adyacencia	11
1.2.4. Distancias y Recorridos	14
1.2.5. Coeficiente de Agrupamiento	15
1.2.6. Centralidad	16
1.3. Redes Aleatorias	17
1.4. Redes de Mundo Pequeño	19
1.5. Leyes de Potencia y Redes Libres de Escala	21
1.6. Redes Multicapa	23
1.6.1. Estructura de las Redes Multicapa	24
2. Movilidad Humana	27
2.1. Vuelos de Lévy y Movilidad Humana	28
2.2. Emergencia de Redes de Contacto Originadas por la Movilidad Humana	30
3. Modelos Epidemiológicos y Redes	33
3.1. Modelos Epidemiológicos	33
3.1.1. Modelo Susceptibles-Infectados (SI)	34
3.1.2. Modelo Susceptibles-Infectados-Susceptibles (SIS)	36
3.1.3. Modelo Susceptibles-Infectados-Recuperados (SIR)	38

3.1.4. Otros Modelos: El modelo SEIR en la Zona Metropolitana de la Ciudad de México.	38
3.2. Modelos Epidemiológicos en Redes	40
3.3. Redes de Contacto y Redes Temporales	43
4. Redes y Seguimientos de Contacto Durante la Pandemia de COVID-19	45
4.1. Antecedentes	45
4.2. Identificación de Propagadores de COVID-19 Utilizando Redes Multiplex.	46
4.2.1. Red Multiplex de Infecciones	50
4.2.2. Red Multiplex de PIB y Salud	51
4.2.3. Resultados	53
4.3. Red Multiplex en la Zona Metropolitana de Boston, EE.UU.	54
4.3.1. Primer capa: Red de Contactos del Entorno Social y Lugar de Trabajo	56
4.3.2. Segunda capa: Red de Contactos de la Vivienda	57
4.3.3. Tercera capa: Red de Contactos de la Escuela	57
4.3.4. Cálculos y Resultados	58
4.4. Seguimientos de Contacto	62
4.5. Impactos Socio-económicos	63
Discusión	65
Conclusiones	67
Bibliografía	69

Índice de figuras

1.1. Los Puentes de Königsberg	6
1.2. Ejemplo de una red dirigida y no-dirigida	8
1.3. Ejemplo de Red con Pesos	9
1.4. Red dirigida	13
1.5. Red no-dirigida	13
1.6. Ejemplos de redes con sus respectivas matrices de adyacencia .	13
1.7. Ejemplo de tres redes con su respectivo coeficiente de agrupamiento.	15
1.8. Red pequeña con coeficientes de agrupamiento	16
1.9. Distribución <i>Binomial</i> vs. <i>Poisson</i>	18
1.10. Transición entre red regular y aleatoria	19
1.11. Topología de la <i>World Wide Web</i>	22
1.12. Ejemplo de una red de mundo pequeño y una red libre de escala.	22
1.13. Ejemplo de Red Multicapa.	24
1.14. Procesos dinámicos en una red multicapa	25
2.1. Simulaciones Monte Carlo para N=20 caminantes aleatorios .	31
3.1. Modelo SEIR en la ZMVM	40
4.1. Ejemplo de Red Multiplex.	47
4.2. Grafo de la Red Multiplex de Infecciones.	48
4.3. Grafo de la Red Multiplex de PIB y Salud.	49
4.4. Grafo de la Red multicapa de la Zona Metropolitana de Boston	55
4.5. Grafo del modelo compartimental utilizado para la Zona Metropolitana de Boston	56
4.6. Resultados del Escenario LIFT	59
4.7. Resultados del Escenario LET	60

Agradecimientos

Escribí esta tesis durante la pandemia de COVID-19. Lo hice encerrado en mi hogar junto con mi familia esperando a que las condiciones mejoraran para regresar a una vida "normal". Nadie sabía que el mundo cambiaría como lo hizo. Sin embargo, a pesar del contexto difícil, estoy muy agradecido por haber sido capaz de concluir este capítulo de mi vida.

Gracias Dios por permitirme vivir y tener a mi familia.

Gracias a mi familia por apoyarme en mis proyectos y decisiones. Gracias a papá y mamá porque sin su amor y esfuerzo yo no estaría aquí ni sería quien soy. Gracias a mis carnalitos Gris, Alex y Gali por ser mis buenos compañeros de alegrías y travesuras. Gracias a Eve por alegrarme cada vez que regresaba de la facultad.

Esta etapa de mi vida no hubiera sido la misma sin mis dos compañeras de vida. Gracias a Fer por convertirme en mi familia y siempre estar para mí. Gracias a Ana por ser mi amiga incondicional y siempre creer en mí. Ustedes fueron pieza clave para forjarme en lo que soy ahora.

Muchísimas gracias Dr. Mateos por guiarme y apoyarme en este proceso. Gracias por su seguimiento continuo y por estar conmigo hasta el final.

Todo proceso llega a su fin. No ha sido fácil terminar este trabajo pero hoy, gracias al apoyo de muchas personas, esta etapa por fin terminó.

Introducción

Las redes se encuentran a nuestro alrededor todo el tiempo. De hecho, nosotros mismos como individuos, somos unidades en diferentes redes sociales: nos desplazamos en una ciudad a través de redes de transporte público y estamos continuamente conectados a internet, la red más extensa del mundo. Ya sean redes tangibles o intangibles, estas son cada vez más relevantes y útiles para la vida diaria de las personas y estudiarlas nos permiten modelar nuestro comportamiento.

Un comportamiento del ser humano fundamental para este trabajo es el desplazamiento físico de las personas. Se sabe que el movimiento es algo intrínseco a los seres vivos y que el ser humano experimenta del movimiento incluso antes de nacer. De hecho, hace uso de él como primer lengua antes que una lengua verbal [1]. Entender el porqué del desplazamiento humano es todo un tema social que no se tocará en el presente trabajo, sin embargo es relevante mencionarlo pues lo que se pretende estudiar son las redes generadas por la movilidad humana y la relevancia e impacto que tiene dicha movilidad durante una pandemia.

La pandemia causada por la enfermedad COVID-19 marcó de manera importante el año 2020. El mundo quedó paralizado ante un nuevo virus altamente contagioso. Todos los países sufrieron crisis sanitarias y vieron sus sistemas de salud colapsados. La situación promovió el cierre de empresas y la pérdida de miles de empleos aunque también trajo derrama económica importante en medios digitales y promovió una aceleración en el uso de tecnologías para casi todas las personas, sin importar el grupo de edad.

El objetivo de este trabajo es analizar la importancia de las redes y la movilidad humana en la propagación de la pandemia de COVID-19. Se trata de un trabajo descriptivo de la literatura. Varios de los artículos que se describen en este trabajo analizan bases de datos, desarrollan modelos analíticos, estadísticos y computacionales. Es un tema muy vasto y se describirán trabajos muy selectos que permiten conectar las redes de contacto, la movilidad humana y la pandemia. El trabajo se ha estructurado de la siguiente manera: En el Capítulo 1 se introducen y revisan los conceptos básicos de la ciencia de redes. Posteriormente, se introducen los diferentes tipos de redes y se aborda el caso de las redes multicapa, un caso muy relevante para este trabajo y que se revisará en la tercera parte de la tesis en el contexto de los modelos epidemiológicos usados para la pandemia del COVID-19.

En el Capítulo 2 se aborda el estudio moderno de la movilidad humana en ciudades usando ciencia de datos. En particular se enfoca en el surgimiento de redes de contacto debido a la movilidad humana. Es decir, las redes generadas por las personas que al moverse, entran en contacto con otras personas. Dichas redes son importantes para entender la propagación de enfermedades contagiosas como el COVID-19 y otras epidemias. Se estudia el problema a partir de datos obtenidos de redes sociales geolocalizadas y se describen los modelos matemáticos y computacionales que describen el movimiento de las personas como agentes que llevan a cabo caminatas aleatorias.

En el Capítulo 3 se estudia en primer lugar los modelos epidemiológicos de tipo compartimental en ausencia de redes, para luego extender estos modelos para el contexto de redes sociales humanas.

Después, el Capítulo 4 se enfoca en la pandemia de COVID-19, para lo cual se analizarán dos artículos muy recientes que aplican las redes de multicapa para estudiar la dinámica de dicha pandemia. El primer artículo estudia en detalle el seguimiento de redes de contacto para redes en diferentes capas, como son la red social en escuelas, centros de trabajo o el entorno familiar.

En el segundo se analiza la identificación de los países propagadores del virus SARS-CoV-2 desde el punto de vista de las redes de multicapa.

Finalmente, se presentan las conclusiones generales del análisis realizado, así como posibles propuestas para extender y enriquecer el trabajo.

Capítulo 1

Ciencia de Redes

El presente capítulo tratará conceptos básicos y fundamentales para este trabajo. Es necesario familiarizarse con la teoría de gráficas o teoría de grafos para comprender mejor cómo las redes afectan todo un sistema. Primeramente habrá una breve recapitulación de antecedentes históricos y posteriormente se presentará una introducción a los conceptos básicos y las características fundamentales que se utilizarán para entender mejor las redes y las redes de encuentro generadas por la movilidad humana.

1.1. Antecedentes Históricos

Son pocas las áreas de estudio que pueden trazar un recorrido al pasado para conocer su concepción, la teoría de graficas lo puede hacer y se remonta al año de 1753 en Königsberg, ciudad mercante y capital de Prusia del Este, actualmente Kaliningrado, Rusia.

El río Pregel rodeaba la ciudad dividiéndola en cuatro terrenos creando una isla principal. Existían siete puentes que conectaban estos cuatro pedazos de tierra y cinco de esos siete puentes conectaban a la isla principal. Los dos puentes restantes conectaban a dos de las tres ramas del río. Este arreglo de puentes, ríos e islas creó un rompecabezas un tanto peculiar donde las personas se preguntaban si era posible cruzar los siete puentes pasando

una sola vez por cada puente. El acertijo quedó sin resolver hasta el año de 1753 cuando el matemático suizo, Leonard Euler, presentó la demostración de que dicho recorrido no existía, es decir, el problema no tenía solución.

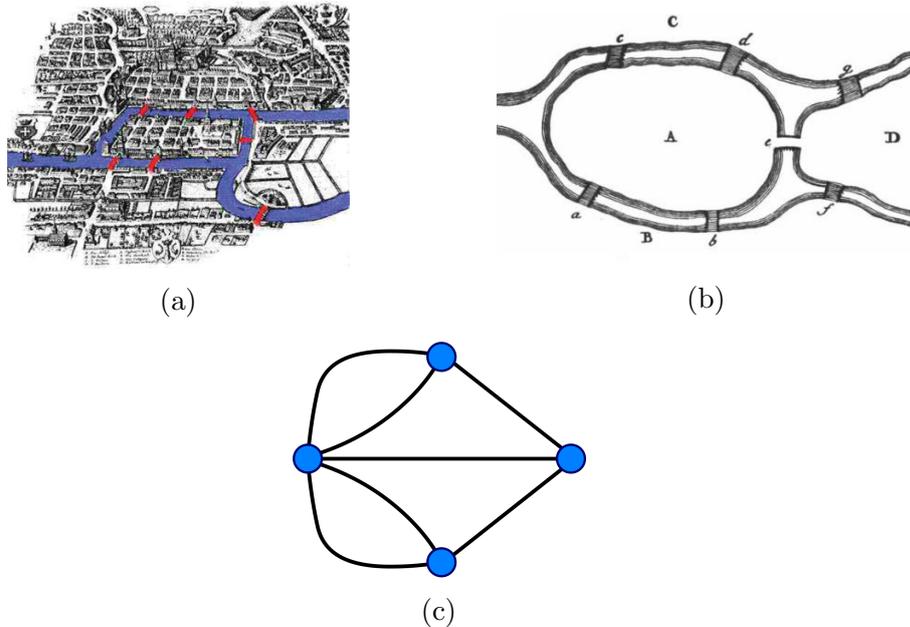


Figura 1.1: Los Puentes de Königsberg.¹

(a): Mapa de la ciudad de Königsberg con los siete puentes marcados en rojo; (b): Mapa dibujado por Leonard Euler [2]; (c): Grafo que representa el problema de los puentes.

Euler representó a cada una de las áreas de tierra con las letras A, B, C y D. Después conectó con líneas cada una de éstas áreas y construyó un grafo cuyos nodos fueron los terrenos separados por el río y los enlaces fueron los puentes. Además de la demostración publicada en *Solutio problematis ad geometriam situs pertinentis* en 1741, también descubrió que si hay más de dos nodos conectados con un número impar de enlaces, no existirá un recorrido que pase por todos los enlaces.

La demostración de Euler fue la primera demostración que resolvió un pro-

¹https://es.wikipedia.org/wiki/Problema_de_los_puentes_de_Königsberg

blema usando un grafo y se convirtió en una contribución importante para diferentes áreas. Por ejemplo, ayudó a la construcción de las leyes de Kirchhoff publicadas en 1845 y vitales para el estudio de circuitos eléctricos. Esta misma idea fue fundamental para el modelo Erdos-Renyi, publicado en 1950, usado para la creación de diferentes gráficas y modelación de sistemas reales [3].

También en los 60's Stanley Milgram realizó el famoso experimento de “El Mundo Pequeño” donde buscó que una carta llegara a su destinatario a través de redes de contactos. El objetivo del experimento fue encontrar el número necesario de personas para hacer llegar el sobre a la persona deseada. Se entregó una carta con destinatario a una persona y si esa persona no conocía al destinatario entonces tendría que mandar la carta a alguien que posiblemente lo conociera. Ese proceso se repetiría hasta que la carta finalmente llegara al destinatario. Dicho experimento fue el primero de su tipo y dio base a la teoría de los “seis grados de separación” [4].

En 1999, Réka Albert y Albert-László Barabási crearon un modelo que crea redes donde la información se transmite más rápido que en la red de mundo pequeño y la información se concentra mucho más que en otros, éste modelo es útil para modelar las relaciones entre personas como una red de amistades o red de trabajo, este modelo es conocido como red de libre escala [5].

Hoy en día las redes juegan un papel importante incluso en las empresas más revolucionarias del siglo XXI tales como Google o Facebook. La ciencia de redes toma un rol importante en la ciencia, la tecnología, los negocios y en la naturaleza, mucho más de lo que pueda parecer evidente en primera instancia.

1.2. Conceptos Fundamentales de las Redes

Una red es una colección de nodos o vértices donde las relaciones entre ellos se conocen como enlaces o arcos ². Se denota con N , al número de nodos de una red, es decir, N denota el tamaño de la red. Se denota con L al número de enlaces en la red, es decir, el número de interacciones totales que existen entre los nodos. No es común identificar cada uno de dichos enlaces de manera individual pues pueden ser identificados mediante los nodos que estos conectan. Por ejemplo, $(2, 4)$ representa el enlace que conecta a los nodos 2 y 4.

1.2.1. Algunos Tipos de Redes

Los enlaces pueden tener direcciones definidas dentro de la red. Una red se llama *dirigida* cuando todos sus enlaces tienen direcciones definidas. Por otro lado, se llama a una red *no-dirigida* cuando ninguno de sus enlaces tiene dirección. Véase Figura 1.2.

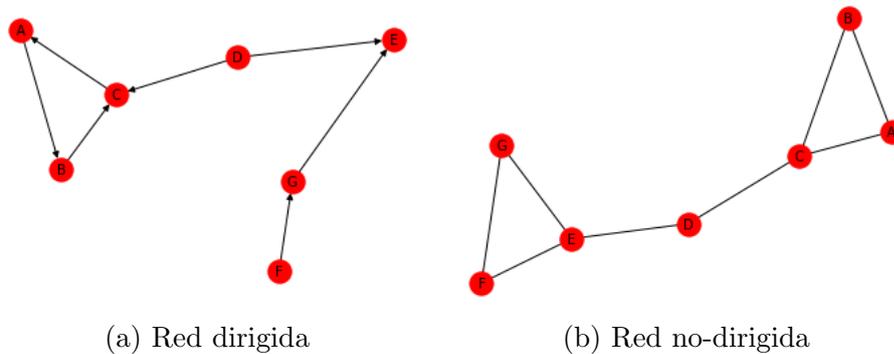


Figura 1.2: Ejemplo de una red dirigida y no-dirigida

La red de llamadas telefónicas puede ser ejemplo de una red dirigida pues cada una de las llamadas tiene una dirección definida, por otro lado, la red eléctrica de una ciudad es un claro ejemplo de una red no-dirigida. Desde un

²En este trabajo se dará preferencia a los términos nodo y enlace.

punto de vista epidemiológico, la dirección es muy relevante pues explica el camino o ruta que sigue una enfermedad en una red.

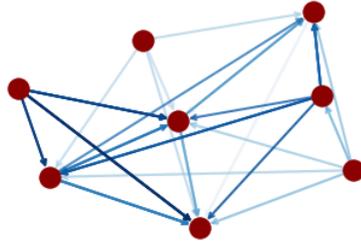


Figura 1.3: Ejemplo de Red con Pesos

Se considera una *red con peso* a aquellas donde cada enlace tiene un peso específico, es decir, donde cada enlace (i, j) tiene un peso específico w_{ij} . Por ejemplo en el caso de la red de llamadas telefónicas donde los números telefónicos son los nodos y las llamadas son los enlaces, los minutos de las llamadas entre dos teléfonos representarían los pesos de cada enlace. De esta manera cada enlace tiene un peso diferente puesto que cada una tiene una duración diferente. La Figura 1.3 representa una red dirigida con pesos donde el color más fuerte en los enlaces representa un mayor peso.

1.2.2. Grado, Grado Promedio y Distribución de Grado

Otro concepto fundamental en las redes es el *Grado* que se define como el número total de enlaces de cada nodo y se denota como k_i al grado del i –ésimo nodo en una red. Por ejemplo, dada una red no-dirigida, mostrada en la Figura 1.2b, tenemos $k_A = 2$, $k_C = 3$. En una red no-dirigida el número total de enlaces, L , se puede expresar como la suma del grado de los nodos:

$$\frac{1}{2} \sum_{i=1}^N k_i$$

El *Grado Promedio* para una red no-dirigida está definido de la siguiente manera:

$$\langle k \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i = \frac{2L}{N}$$

Dentro de las redes dirigidas existe la distinción entre el grado entrante k_i^{en} y el saliente k_i^{sal} . El primero representa el número de enlaces que apuntan o que se dirigen a un nodo, mientras que el grado saliente representa el número de enlaces que apuntan de dicho nodo a otros. Entonces, el grado total del nodo k_i esta dado por:

$$k_i = k_i^{en} + k_i^{sal}$$

Tomando como ejemplo la red dirigida de la Figura 1.2a, tendríamos que

$$k_C^{en} = 2 \quad , \quad k_C^{sal} = 1 \quad , \quad k_C = 3$$

Por lo tanto, el número total de enlaces en una red dirigida es:

$$L = \sum_{i=1}^N k_i^{en} = \sum_{i=1}^N k_i^{sal}$$

Y nos queda que el grado promedio de una red dirigida es:

$$\langle k^{en} \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i^{en} = \langle k^{sal} \rangle = \sum_{i=1}^N k_i^{sal} = \frac{L}{N}$$

Otro concepto fundamental es la distribución de grado p_k . Se define como la probabilidad de que al seleccionar aleatoriamente un nodo de la red, este tenga grado k . La distribución de grado es muy importante pues permite observar tendencias generales de la red.

La distribución de grado ha tomado un rol importante en la teoría de redes gracias a las redes de libre escala o *scale-free networks*. Una razón importante es que p_k termina siendo necesaria para la mayoría de los cálculos. Por

ejemplo, el grado promedio de una red puede ser escrita como:

$$\langle k \rangle = \sum_{k=0}^{\infty} kp_k$$

Si la distribución de grado se asemeja a una distribución *Poisson*, la red se clasifica como *homogénea*, es decir, una red cuyos nodos tienen grado $\langle k \rangle$, en promedio. Por otra parte, la red se clasifica como *heterogénea* cuando la distribución de grado sigue una ley de potencia, esto es cuando se tienen pocos nodos con grado alto. En algunos casos la distribución de grado puede revelar la existencia de *hubs*, que son los nodos de mayor grado y dominantes en una red.

1.2.3. Matriz de Adyacencia

Una red se puede representar de manera gráfica, sin embargo se vuelve poco práctico cuando se quiere estudiar una red de tamaño más elevado. Una opción para éstos casos es la *Matriz de Adyacencia*. En ella se pueden observar cada uno de los enlaces de toda la red puesto que los renglones y las columnas representan a los nodos de una red, por lo tanto esta matriz siempre será cuadrada.

$$A_{ij} = \begin{pmatrix} A_{11} & A_{12} & A_{13} & A_{14} \\ A_{21} & A_{22} & A_{23} & A_{24} \\ A_{31} & A_{32} & A_{33} & A_{34} \\ A_{41} & A_{42} & A_{43} & A_{44} \end{pmatrix} \quad (1.1)$$

Las entradas de la matriz de adyacencia siguen la siguiente regla:

$A_{ij} = 1$, si existe un enlace que apunta del nodo k al nodo i .

$A_{ij} = 0$, si no existe enlace alguno que conecte al nodo i con el j .

La matriz de adyacencia de una red no-dirigida tiene dos entradas por cada enlace, i.e. el enlace (1,2) se puede representar como $A_{12} = 1$ y $A_{21} = 1$, por

lo tanto, la matriz de una red no-dirigida es simétrica: $A_{ij} = A_{ji}$

El grado k_i del nodo i se puede obtener directamente de la matriz de adyacencia. Para redes no-dirigidas, el grado se obtiene de la suma de los renglones o de las columnas, esto por ser simétrica.

$$k_i = \sum_{j=1}^N A_{ji} = \sum_{i=1}^N A_{ji} \quad (1.2)$$

En cambio, para las redes dirigidas, la suma de las entradas de un renglón da como resultado el grado de salida mientras que las sumas de una columna da el grado de entrada.

$$k_i^{en} = \sum_{j=1}^N A_{ij} \quad k_i^{sal} = \sum_{j=1}^N A_{ji} \quad (1.3)$$

Dado que en las redes no-dirigidas el número de enlaces salientes es igual a los entrantes, tenemos que

$$2L = \sum_{i=1}^N k_i^{en} = \sum_{i=1}^N k_i^{sal} = \sum_{ij} A_{ij} \quad (1.4)$$

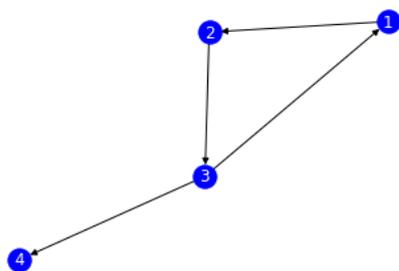


Figura 1.4: Red dirigida

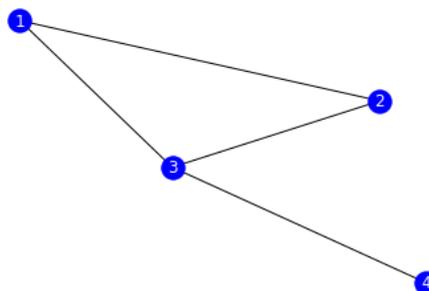


Figura 1.5: Red no-dirigida

$$A_{ij} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

$$A_{ij} = \begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$$

Figura 1.6: Ejemplos de redes con sus respectivas matrices de adyacencia

Haciendo el ejercicio de calcular los grados de entrada del nodo 3 de las redes mostradas en la Figura 1.6, tendríamos lo siguiente:

Para la red no-dirigida 1.5:

$$k_3 = \sum_{j=1}^4 A_{3j} = \sum_{i=1}^4 A_{i3} = 3$$

$$A_{ij} = A_{ji} \quad A_{ii} = 0$$

Mientras que para la red dirigida 1.4:

$$k_3^{en} = \sum_{j=1}^4 A_{3j} = 1, \quad k_3^{sal} = \sum_{i=1}^4 A_{i3} = 2$$

$$A_{ij} \neq A_{ji} \quad A_{ii} = 0$$

1.2.4. Distancias y Recorridos

Dado que es muy ambiguo hablar de distancia en la teoría de redes, el concepto mayormente utilizado es la longitud de un recorrido. Un *recorrido* es una ruta que corre por los enlaces de una red y su longitud se determina mediante el número de enlaces que la ruta recorre. Es decir, un recorrido entre los nodos i_0 y el nodo i_n es una lista ordenada de n enlaces

$$P = \{(i_0, i_1), (i_1, i_2), (i_2, i_3), \dots, (i_{n-1}, i_n)\} \quad (1.5)$$

La longitud de este recorrido es de n .

El recorrido más corto entre dos nodos i y j es el recorrido con menos número de enlaces. Este recorrido comunmente se llama como distancia entre dos nodos y se denota por d_{ij} . Dado que una red no-dirigida es simétrica, la distancia entre un nodo i y otro nodo j es la misma que del nodo j al nodo i , $d_{ij} = d_{ji}$. No así en las redes dirigidas donde la existencia del recorrido entre un nodo i y otro j no garantiza la existencia del recorrido del nodo j a i .

Dos conceptos importantes que utilizaremos después son:

- El recorrido más largo en un grafo, d_{max} que muestra la distancia entre los dos nodos más lejanos. ³;
- y la distancia promedio del recorrido ⁴ el cual representa el promedio de los recorridos más cortos entre los pares de nodos. Este promedio está dado por la ecuación:

$$d = \frac{N}{N(N-1)} \sum_{i,j=1,N;i \neq j} d_{i,j} \quad (1.6)$$

³También se conoce en la literatura como diámetro o *diameter*

⁴Comunmente conocido en la literatura como *Average Path Length*

1.2.5. Coeficiente de Agrupamiento

El coeficiente de agrupamiento se define como el grado al cual los vecinos de un nodo cualquiera, se conectan entre ellos. Para un nodo i con grado k_i , el *coeficiente de agrupamiento local* se define como:

$$C_i = \frac{2L_i}{k_i(k_i - 1)}$$

Donde L_i representa el número de enlaces entre los k_i vecinos del nodo i . C_i tomará valores entre 0 y 1. Entonces,

- $C_i = 0$, si no existe conexión alguna entre los vecinos del nodo i ,
- $C_i = 1$, si todos los vecinos del nodo i están conectados con todos, es decir, existen enlaces de todos con todos.

En resumen, C_i mide la densidad de enlaces locales dentro de la red. Entre más interconectados estén los nodos vecinos al nodo i , mayor es su coeficiente de agrupamiento. En la Figura 1.7 se observan tres diferentes configuraciones para un nodo con grado $k_i = 4$.

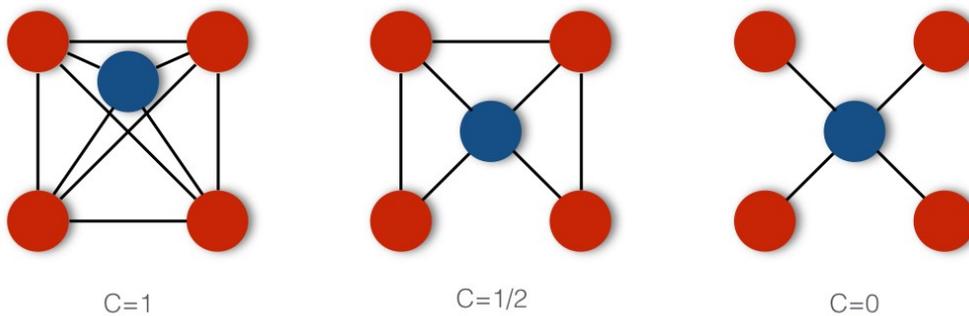


Figura 1.7: Ejemplo de tres redes con su respectivo coeficiente de agrupamiento.

El grado de agrupamiento de toda una red se define como el *coeficiente de agrupamiento promedio* $\langle C_\delta \rangle$, que representa el promedio de C_i sobre todos los nodos $i = 1, \dots, N$. Este también representa la probabilidad de que dos

vecinos de un nodo seleccionado aleatoriamente tengan un enlace entre ellos. Su ecuación esta dada por:

$$\langle C \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N C_i \quad (1.7)$$

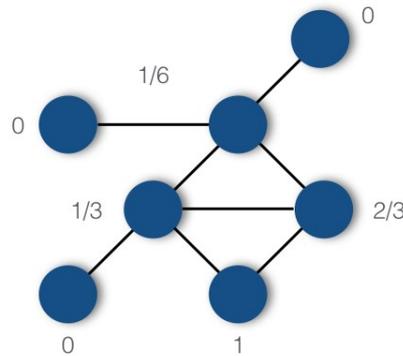


Figura 1.8: Red pequeña con coeficientes de agrupamiento

En una red pequeña, el coeficiente de agrupamiento local mide la densidad de nodos en la vecindad de un nodo. En la Figura 1.8 se muestra una red pequeña con el coeficiente de agrupamiento local de cada nodo. Siguiendo la ecuación 1.7, su coeficiente de agrupamiento promedio es:

$$\langle C \rangle = \frac{13}{42} \approx 0,310 \quad (1.8)$$

1.2.6. Centralidad

La *centralidad* es una medida que permite obtener información de diferentes aspectos de cada nodo. En las redes complejas, la centralidad puede mostrar cuál es el nodo de mayor importancia la red. Por ejemplo, en las redes sociales, las celebridades y los políticos tienen muchos seguidores y pueden propagar información más rápido que otros individuos en la sociedad.

Existen diferentes medidas para obtener la centralidad, una de la más sen-

cillas es la *centralidad de grado* que refiere al grado correspondiente de cada nodo. Aunque es muy simple, esta medida permite distinguir a los hubs y a los nodos poco conectados. En el contexto de redes epidemiológicas, la centralidad permite identificar *super-propagadores*. Esto se estudiará más a fondo en el capítulo cuatro de este trabajo.

1.3. Redes Aleatorias

La ciencia de redes busca construir modelos que reproduzcan redes del mundo real para poder estudiar e identificar sus características.

En principio, pareciera que muchas de las redes observadas en la vida real son aleatorias cuando la realidad es que ninguna lo es. Aún así, conocer las redes aleatorias y sus características nos permite estudiar mejor las redes reales.

Basicamente, una red aleatoria se define como una red con N nodos donde cada par de nodos esta conectado con probabilidad p . Existen dos modelos de redes aleatorias:

- El modelo $G(N, L)$ donde N nodos están conectados con L enlaces aleatorios, introducido por Paul Erdős y Alfred Rényi [6]
- El modelo $G(N, p)$ donde cada par de N nodos están conectados con probabilidad p , introducido por Edgar Gilbert. [7]

Las redes aleatorias siguen una distribución Binomial pero se pueden aproximar muy bien a una distribución Poisson cuando el grado promedio $\langle k \rangle \ll N$. Esto es posible pues estas distribuciones tienen propiedades muy similares.

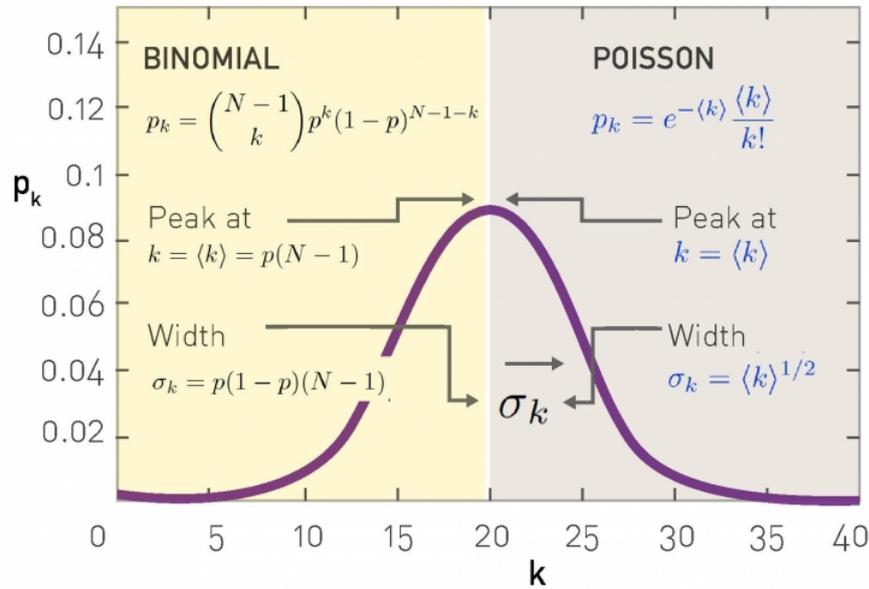


Figura 1.9: Distribución *Binomial* vs. *Poisson*.

Figura tomada de [8].

- Ambas distribuciones tienen un pico al rededor de $\langle k \rangle$. Si el valor de p crece entonces la red se vuelve más densa incrementando $\langle k \rangle$ y moviendo el pico a la derecha.
- Su dispersión es controlada por p o por $\langle k \rangle$. Entre más densa la red, más amplia es la distribución y más grandes son las diferencias entre los grados.

Como ya se mencionó, el comportamiento de las redes del mundo real es muy diferente a las redes aleatorias. Sin embargo, fue gracias al estudio de las redes aleatorias que se pudo explorar y refinar el tema de las redes de mundo pequeño pues estas últimas se basan en el hecho de que el número de nodos a distancia d de otro nodo incrementa exponencialmente con d . En otras palabras, describen el hecho de que incluso en redes muy grandes, en su mayoría se puede encontrar una ruta relativamente corta entre dos nodos

cualquiera. A continuación se describirán estas redes.

1.4. Redes de Mundo Pequeño

Watts y Strogatz estudiaron un modelo muy simple que consistía en un anillo de N nodos conectados a sus primeros K vecinos, con $N \gg K$. Sustituyeron los enlaces originales por otros aleatorios con probabilidad $0 \leq p \leq 1$ y al variar p se dieron cuenta que podían monitorear la transición entre orden y aleatoriedad.

De esta manera, descubrieron que, al definir p entre 0 y 1, podían transformar una red dispersa (i.e. un enrejado regular con $N \gg K$) a una red de mundo pequeño con relativamente pocos saltos entre dos nodos cualquiera.

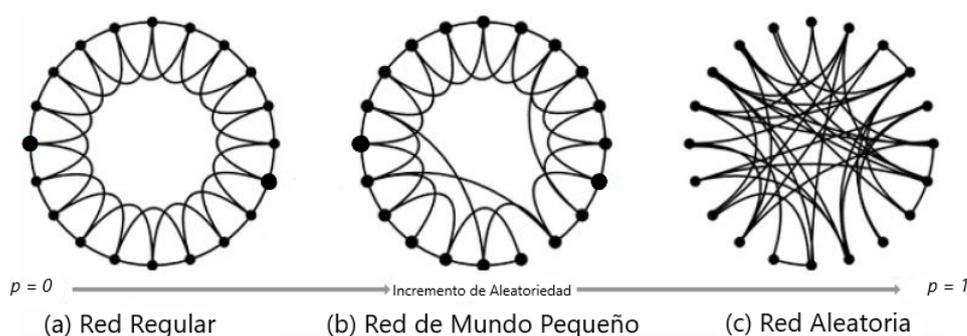


Figura 1.10: Transición entre red regular y aleatoria

Figura adaptada de [9]. La Figura 1.10 muestra en (a) una red regular; en (b) una red de mundo pequeño y en (c) una red aleatoria.

Según Watts y Strogatz: “*los modelos de sistemas dinámicos con la propiedad de mundo pequeño permiten una mejorada señal de propagación, potencia computacional y sincronizabilidad*” [9]. Esto tiene implicaciones importantes para muchos sistemas reales. Por ejemplo, en una red de telecomunicaciones, la conectividad de mundo pequeño podría mejorar el tráfico de información en el sistema; mientras que en una red de transportación, una topología de mundo pequeño podría mejorar el flujo de personas o bienes en la red. [10]

Se describirá brevemente la formulación matemática de las redes de mundo pequeño según el artículo de [8].

Sea una red aleatoria con grado promedio $\langle k \rangle$. Un nodo en esta red tiene en promedio $\langle k \rangle$ nodos a distancia uno ($d = 1$) y $\langle k \rangle^d$ nodos a distancia d . Entonces, el número esperado de nodos hasta la distancia d es

$$N(d) \approx 1 + \langle k \rangle + \langle k \rangle^2 + \dots + \langle k \rangle^d = \frac{\langle k \rangle^{d+1} - 1}{\langle k \rangle - 1} \quad (1.9)$$

donde $N(d)$ no debe exceder el número total de nodos, N , en la red. Por lo tanto se puede identificar la distancia máxima, d_{max} , o el diámetro de la red con

$$N(d_{max}) \approx N \quad (1.10)$$

Asumiendo que $\langle k \rangle \gg 1$, se puede despreciar el (-1) del nominador y denominador de la ecuación 1.9, obteniendo

$$\langle k \rangle_{max}^d \approx N \quad (1.11)$$

Por lo tanto, el diámetro de una red aleatoria sigue la ecuación 1.12 que también representa la formulación matemática del fenómeno de mundo pequeño.

$$d_{max} \approx \frac{\ln N}{\ln \langle k \rangle} \quad (1.12)$$

La ecuación 1.12 ofrece una muy buena aproximación a la distancia promedio entre dos nodos aleatorios, $\langle d \rangle$, pues d_{max} se encuentra en recorridos muy específicos mientras que $\langle d \rangle$ es un promedio de todos los pares de nodos. Por ello, típicamente la propiedad del mundo pequeño se define por la ecuación:

$$\langle d \rangle \approx \frac{\ln N}{\ln \langle k \rangle} \quad (1.13)$$

Dado que en general $\ln N \ll N$, la dependencia de $\langle d \rangle$ con $\ln N$ implica que las distancias en una red aleatoria son mucho más pequeñas que la red por ser logarítmicas. Por ello, "pequeño" quiere decir que la distancia promedio

del recorrido depende logarítmicamente del tamaño del sistema, es decir, $\langle d \rangle$ es proporcional a $\ln N$ en lugar de N o de N a cierta potencia.

Este tipo de redes son sorprendentes pues su comportamiento esta por fuera de lo intuitivo según nuestras experiencias y perspectiva. La propiedad del mundo pequeño va más allá de las redes sociales: tanto la red neuronal de la lombriz *Caenorhabditis elegans* como la red eléctrica de la costa este de Estados Unidos han demostrado ser redes de mundo pequeño. En particular, las enfermedades se propagan más fácilmente en redes de mundo pequeño que en redes regulares [9].

1.5. Leyes de Potencia y Redes Libres de Escala

El rol del internet y de la WWW ⁵ tuvo una gran influencia en el estudio de la teoría de redes y facilitó el descubrimiento de teoremas y características fundamentales [8]. En particular, fue fundamento para las redes libres de escala.

Siendo la red más extensa alguna vez creada por el hombre con $N \approx 10^{12}$ nodos, el tamaño de la WWW es incluso mayor que la red cerebral humana de $N \approx 10^{11}$ neuronas aproximadamente. La WWW se mapeó ⁶ por primera vez en 1998 con el objetivo de comparar las propiedades de esta con el modelo de una red aleatoria pues se creía que la WWW podría ser aproximada mediante una red aleatoria. La Figura 1.11 muestra el mapa trazado por Hawoong Jeong. El primer cuadro muestra todos los nodos de la red. Los nodos en rojo tienen menos de 50 enlaces y los morados tienen más de 500 enlaces. Gráficamente es notable que la red no es aleatoria, como se intuía en un principio. Por el contrario, la presencia de *hubs* es muy evidente.

⁵Acrónimo del inglés *World Wide Web*

⁶El mapeo generado por Hawoong Jong en la Universidad de Notre Dame consistió en trazar el dominio nd.edu que consistía en 300,000 documentos y 1.5 millones de enlaces entre ellos.

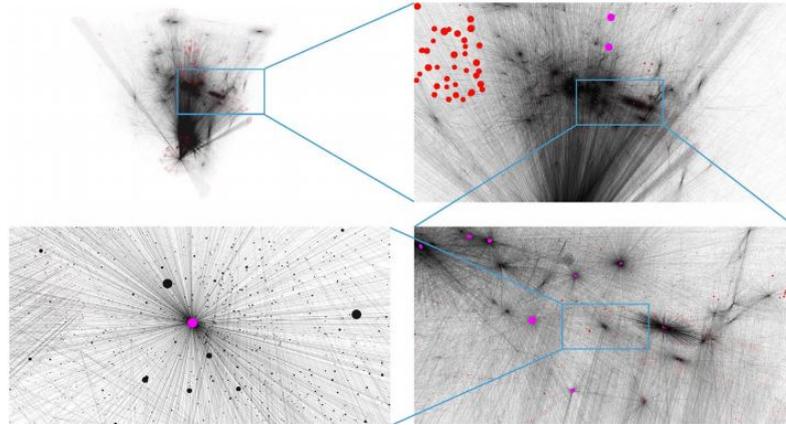


Figura 1.11: Topología de la *World Wide Web*
Figura tomada de [8].

En dicho mapeo se descubrió que el grado de distribución de la red *WWW* está bien aproximado por la ecuación

$$p_k \sim k^{-\gamma} \quad (1.14)$$

La ecuación 1.14 es la llamada *ley de potencia* y su exponente γ es su exponente de grado.

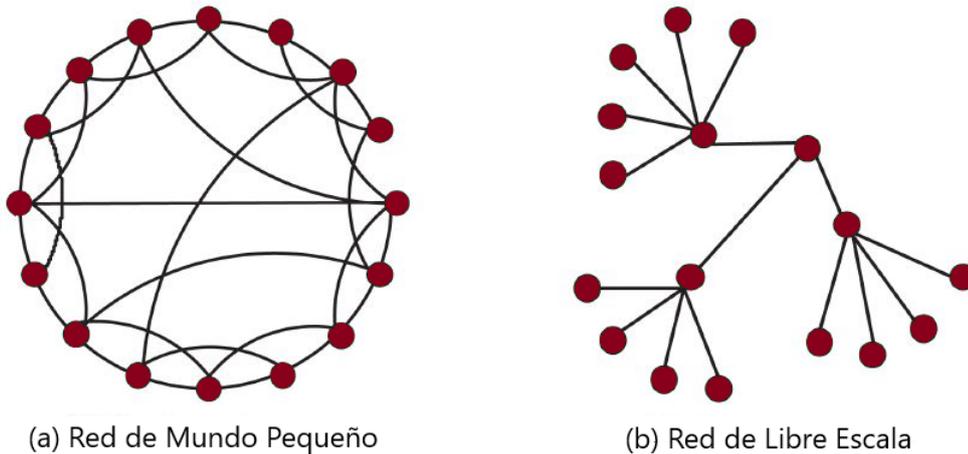


Figura 1.12: Ejemplo de una red de mundo pequeño y una red libre de escala.

Se sabe que las redes aleatorias poseen un valor promedio de enlaces que

se describe por una distribución de tipo Poisson. En contraste, la distribución en las redes libres de escala no posee una escala característica. En estas coexisten muchos nodos con pocos enlaces y un número pequeño de nodos con alta conectividad (*hubs*) [11]. Basicamente, una red de libre escala es una red cuya distribución sigue una ley de potencia [8].

Muchas redes del mundo real son redes de libre escala. Esto sucede porque las redes crecen ⁷ y se expanden mediante la adición de nuevos nodos donde los nuevos nodos tienen una preferencia a enlazarse con los nodos más conectados (*hubs*). A esta propiedad se le llama *ataadura preferencial*. Fue gracias a estas últimas dos propiedades que Albert-László Barabási y Réka Albert fueron inspirados para crear el Modelo Barabási-Albert [5].

1.6. Redes Multicapa

Las redes proveen una representación fidedigna de los patrones de interacción en sistemas complejos [12]. Hoy en día los estudios enfocados en redes toman en cuenta múltiples conexiones de las unidades en la red, estas pueden ser múltiples interacciones, sub-sistemas, canales de comunicación, puntos en el espacio o puntos en el tiempo. Dicha estructura multidimensional en el estudio de redes ha sido acuñada como *redes multicapa*. ⁸

En esta última sección del primer capítulo, se introducirá de manera resumida las redes multicapa. Se utilizó como base el artículo "*The physics of spreading processes in multilayer networks*" [13].

⁷El modelo de red aleatoria asume que existe un número fijo de nodos cuando en las redes reales el número de nodos cambia.

⁸*Multilayer Networks* en inglés

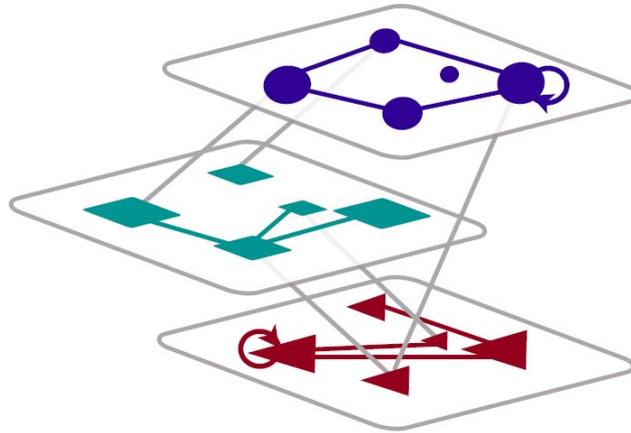


Figura 1.13: Ejemplo de Red Multicapa.

Figura tomada de [13].

Hoy en día se reconoce que el estudio de las redes multicapa es fundamental para mejorar el entendimiento de los procesos dinámicos en los sistemas de redes. Las redes multicapa pueden ser usadas para modelar cualquier sistema complejo. Por ejemplo, las relaciones entre los seres humanos incluyen diferentes tipos de interacciones tales como familia, pareja sentimental, compañeros de trabajo o de escuela que constituyen diferentes capas en un sistema social.

1.6.1. Estructura de las Redes Multicapa

Las redes multicapa tienen tres tipos de enlaces:

- Enlace intra-capa: conecta a los nodos dentro de una misma capa
- Enlace inter-capa entre nodos replica: conecta al mismo nodo replicado en otra capa
- Enlace inter-capa: conecta a nodos diferentes de distintas capas. Véase la Figura 1.13.

El hecho de hacer distinción entre los diferentes tipos de enlaces contiene implicaciones matemáticas y físicas importantes.

Los enlaces intra-capa e inter-capa tienen diferencias fundamentales y representan funcionalidades físicas distintas. Por ejemplo, en un sistema de transporte metropolitano, los enlaces intra-capa describen las conexiones de un mismo tipo de transporte (por ejemplo las estaciones de un metro), mientras que los enlaces inter-capa puede conectar dos diferentes transportes. (por ejemplo la conexión entre una estación de metro asociada a una parada de autobús).

En algunos casos, dichos enlaces pueden ser medidos utilizando medidas físicas diferentes. Por ejemplo, un enlace intra-capa en una red social podría ser la relación de amistad entre dos amigos en Facebook, mientras que un enlace inter-capa en la misma red podría representar la probabilidad de transición de un individuo a cambiarse a otra red social, por ejemplo de Facebook a Instagram.

Las propiedades estructurales de las redes multicapa dependen en gran manera de cómo las capas están unidas entre ellas. Los enlaces inter-capa proveen dicha unión y permiten conocer las características del sistema y de los procesos dinámicos modelados.

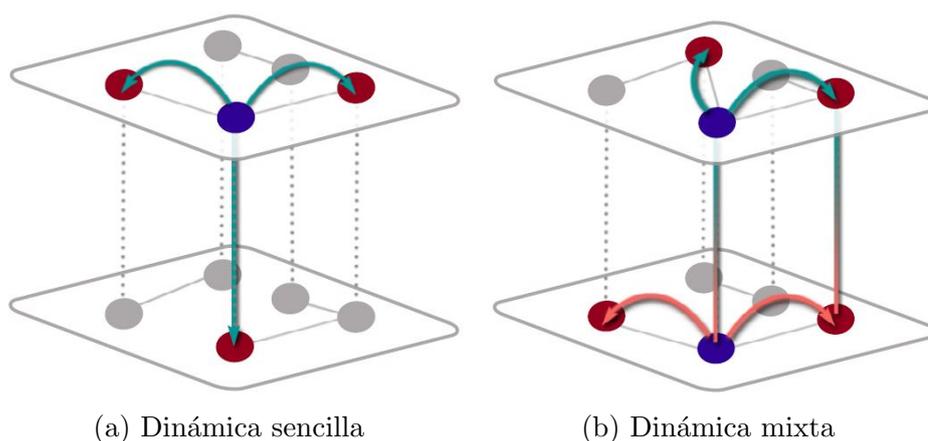


Figura 1.14: Procesos dinámicos en una red multicapa

Figura recuperada de [13].

En la Figura 1.14 se observa en (a) una dinámica sencilla que corre el

mismo proceso en ambas capas mientras que en (b) se observa una dinámica mixta con procesos diferentes en las capas y en los nodos.

Tal vez uno de los ejemplos más representativos de una dinámica sencilla son las caminatas aleatorias utilizadas para modelar dinámicas de Markov en redes de una capa. En una caminata aleatoria, un caminante salta entre nodos mediante los enlaces entre ellos. En una red multicapa, las conexiones disponibles incluyen enlaces inter-capa, es decir, un caminante puede cambiar de capa enriqueciendo la dinámica de su caminata aleatoria. Gracias a este tipo de dinámica es que nace el importante enfoque físico de la *navegabilidad* [14]. En términos de navegabilidad, las redes multicapa son más resilientes a fallas aleatorias que sus capas por individual, dicha resiliencia nace de la estructura multicapa y los procesos dinámicos en estas redes [13].

Capítulo 2

Movilidad Humana

Entender la movilidad humana en zonas urbanas es muy importante y al mismo tiempo propone diversos retos pues millones de personas viven e interactúan en grandes ciudades [15]. El creciente uso de tecnologías en la vida cotidiana de las personas, tales como teléfonos móviles,¹ sistemas de GPS e incluso redes sociales basadas en la geolocalización, han permitido un estudio más detallado y específico de la movilidad humana [16] aplicada a variados campos multidisciplinarios como las redes sociales, tránsito en ciudades o el proceso de contagios y redes de contacto en una epidemia [17], [18].

Algunos estudios han utilizado este tipo de movilidad para trazar las trayectorias de las personas y lograr identificar patrones y rutinas en las locaciones visitadas con el fin de encontrar tendencias y estadísticas de la estructura de las redes espaciales que surgen a partir de la interacción generada en las regiones urbanas [19].

Existen diferentes tipos de redes asociadas con las interacciones humanas donde muchas de ellas están asociadas con los traslados y las dinámicas colectivas. Por ejemplo, diversas actividades cotidianas implican coincidencias de individuos en un mismo lugar y hora con otras personas como el trabajo, restaurantes, fiestas o traslados en transporte público [20]. La interacción entre redes sociales y movilidad ha sido estudiada en el contexto de las re-

¹Según la empresa Bankmycell, el 44.87% de la población mundial total usa un teléfono móvil, esto es 3.5 mil millones de personas aproximadamente.

des de contacto [21], redes de encuentros cara a cara [22] y propagación de enfermedades.[23]. Todos estos estudios son fundamento para este trabajo.

2.1. Vuelos de Lévy y Movilidad Humana

Dentro de la literatura de la movilidad, se supone que el ser humano se mueve siguiendo caminatas aleatorias. En particular, existen estudios que muestran que dichas trayectorias son vuelos de Lévy². Dicho movimiento ha sido observado en diversos seres vivos como los monos araña (*ateles geoffroyi*) [24] y esta trayectoria ha demostrado ser la mejor estrategia posible utilizada en búsquedas aleatorias [25].

Los vuelos de Lévy describen una clase de caminatas aleatorias donde la distancia de saltos es variable y su distribución sigue una ley de potencia. En un vuelo de Lévy, la probabilidad p_d que un caminante haga un salto de distancia d está dado por

$$p_d \sim d^{-\gamma} \quad (2.1)$$

con $1 < \gamma \leq 3$.

La evidencia de los movimientos de Lévy observados en el comportamiento humano es reciente. Existen mediciones indirectas al comportamiento humano que han arrojado estas tendencias como el estudio de [26] donde se estudian las trayectorias que siguen los billetes. En dicho estudio, Brockman et al. concluye que los movimientos a gran escala de las personas en países industrializados siguen dicho movimiento. Los vuelos de Lévy también se observan en la trayectoria que sigue la tribu Dobe Ju/'Hoansi, en Namibia, durante su actividad de forrajeo [27]; o en las trayectorias que siguen ciertos buques pesqueros en el Perú durante su pesca [28]. Incluso se ha observado que los vuelos de Lévy no solamente describen patrones de movimientos en

²El término “Caminata de Lévy”, *Levy-walk* en inglés, fue introducido por Schlesinger para explicar el comportamiento atípico de difusión de una partícula cuyo movimiento no se describía por un movimiento browniano

espacios físicos sino también en espacios virtuales como las subastas en línea [29].

Un experimento que valida el comportamiento de Lévy de manera directa en la movilidad humana es el estudio que realizaron Rhee y sus colaboradores [16]. El experimento consistió en registrar la señal GPS ³ de los teléfonos móviles de 101 personas cada 10 segundos con una precisión de 3 metros, en cinco diferentes lugares: dos campus de una universidad (NCSU y KAIST), un área metropolitana (Ciudad de Nueva York), un parque de diversiones (Disney World) y una feria estatal. El total de registros se aproximó a $\sim 2 \times 10^5$ y los resultados indicaron que las distribuciones de ambos, el vuelo y el tiempo de espera, reflejan colas pesadas compatibles con una ley de potencia. La corroboración con el vuelo de Lévy sucedió con un modelo de vuelo de Lévy truncado ⁴ que reprodujo con mucha exactitud las curvas del experimento.

Los estudios de movilidad, como el ya citado experimento de Rhee, empezaron a florecer gracias al rastro digital impreso por los dispositivos móviles y otras bases de datos que capturan diferentes aspectos de la movilidad humana. Aunque estas bases de datos difieren mucho en su alcance y propósito, existen coincidencias en sus resultados. Por ejemplo, si se toma el rastro que sigue la trayectoria de un billete [26] y la información de un teléfono móvil [30], se observa que las distribuciones del tiempo de salto Δ_R y el tiempo de espera Δ_t , que caracterizan las trayectorias humanas, también tienen colas pesadas. Es decir, se tiene que

$$P(\Delta_r) \sim |\Delta_r|^{-1-\alpha} \quad (2.2)$$

y

$$P(\Delta_t) \sim |\Delta_t|^{-1-\beta} \quad (2.3)$$

³Del inglés *Global Positioning System*, el GPS es un sistema satelital de navegación que permite identificar locación, velocidad y tiempo de sincronización.

⁴Caminata aleatoria que usa distribuciones Pareto truncadas para el vuelo y distribuciones de tiempo de espera para emular la movilidad dentro de un área restringida.

con $0 < \alpha < 2$ y $0 < \beta < 1$. Donde Δ_r denota la distancia que cubre una persona entre dos lugares consecutivos, y Δ_t es el tiempo que pasa una persona en una misma locación. Dichos estudios, entre otros, sugieren que las trayectorias humanas se ajustan muy bien a los vuelos de Lévy o caminatas aleatorias continuas ⁵ [31].

2.2. Emergencia de Redes de Contacto Originadas por la Movilidad Humana

En esta sección se pretende describir las redes de contactos generadas por la movilidad humana tomando como base el modelo propuesto por Riascos y Mateos en [31]. Se estudiaron las redes de encuentro generadas por la movilidad de las personas en las ciudades de Nueva York, EE.UU. y Tokio, Japón, utilizando datos reales de la red social *Foursquare* ⁶ para analizar los patrones en las actividades de los usuarios.

En dicho artículo se proponen múltiples caminantes aleatorios que simulen una estrategia de navegación similar a los vuelos de Lévy y que permite visitar lugares de manera aleatoria en una región definida. Cada caminante se mueve de manera independiente y visita lugares con probabilidad de transición, o probabilidad de salto de un sitio a a otro b , dada por:

$$w_{a \rightarrow b}^{(\alpha)}(R) = \frac{\Omega_{ab}^{(\alpha)}(R)}{\sum_{m=1}^{\mathcal{N}} \Omega_{am}^{(\alpha)}(R)} \quad (2.4)$$

donde \mathcal{N} identifica locaciones aleatorias en un plano y

$$\Omega_{ab}^{(\alpha)}(R) = \begin{cases} 1 & \text{para } 0 \leq l_{ab} \leq R, \\ (R/l_{ab})^\alpha & \text{para } R < l_{ab}, \end{cases} \quad (2.5)$$

⁵También llamadas *Continuous Time Random Walks*

⁶Foursquare es una red social donde los usuarios registran (hacen check-in) su visita a diferentes locaciones y pueden evaluar y emitir referencias de los lugares visitados.

y α y R son reales positivos.

El radio R determina la vecindad donde cada caminante aleatorio se puede mover del punto inicial a cualquiera de las locaciones en esa región con la misma probabilidad. Este salto es independiente de la distancia entre dichas locaciones. Entonces, si se tienen S sitios dentro de la vecindad R , la probabilidad de ir a cualquiera de éstos sitios es sencillamente $1/S$.

En el modelo propuesto, cada caminante puede recordar a tiempo t las coincidencias que tiene con otros caminantes aleatorios en los previos $M - 1$ pasos. De esta manera el valor M cuantifica la memoria de cada caminante de haber tenido encuentros previos. Por lo tanto las dinámicas emergentes se describen por una red temporal no-dirigida con una matriz de adyacencia $A(t)$ a tiempo t , con entradas $A_{ij} = 1$ si existen por lo menos c encuentros entre los caminantes i y j en el intervalo temporal $(t - M, t]$. De lo contrario, $A_{ij} = 0$.

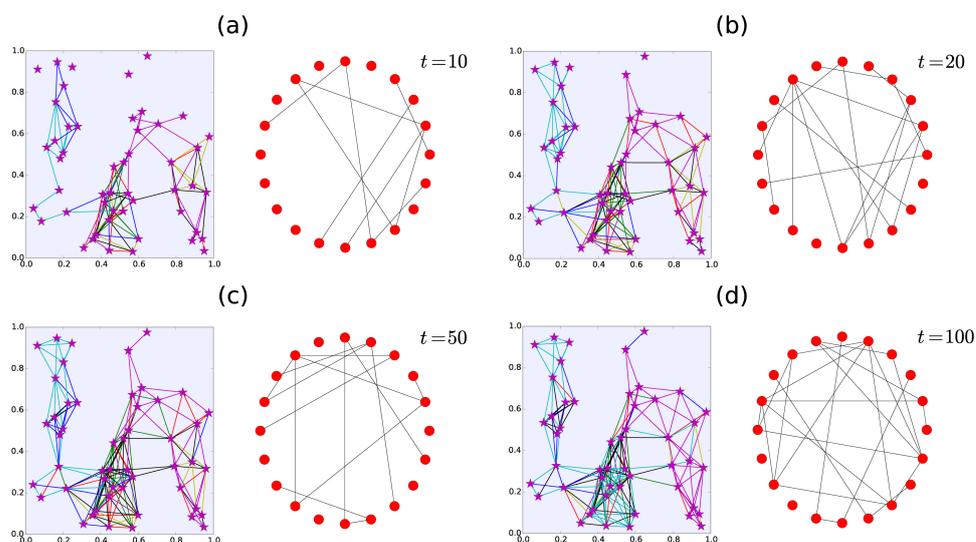


Figura 2.1: Simulaciones Monte Carlo para $N=20$ caminantes aleatorios

Figura tomada de [31]. En las gráficas del lado izquierdo se trazan las trayectorias de los caminantes en el plano y del lado derecho se muestran las redes de encuentro a diferentes tiempos: (a) $t=10$, (b) $t=20$, (c) $t=50$, (d) $t=100$.

La Figura 2.1 muestra simulaciones Monte Carlo de $N=20$ caminantes

aleatorios visitando $\mathcal{N} = 50$ locaciones en el plano. Se escogió $M = 20$ y $c = 2$ como mínimo de encuentros. Cada caminante aleatorio sigue la estrategia dada por la ecuación 2.4 con parámetros $\alpha \rightarrow \infty$ y $R = 0,25$. En las figuras se muestran que enlaces desaparecen entre un tiempo y otro pues hay que recordar que estas son redes temporales donde existe memoria y mínimo de encuentros.

Es importante notar el rol esencial que toma la dinámica de navegabilidad de los caminantes aleatorios. Como se mencionó previamente, este es un concepto que toma mucha relevancia y se presenta de manera más resiliente a fallas aleatorias en las redes multicapa. Dicha resiliencia emerge justo por los enlaces entre capas y su estructura que permiten otro tipo de procesos dinámicos [14]. Por ello, las restricciones en la movilidad humana son fundamentales en las estrategias de contención durante epidemias pues es necesario romper las redes de contagios. De hecho, las predicciones del comportamiento de las epidemias han sido exitosas en los últimos años y esto se debe no al conocimiento total de los patógenos sino al conocimiento de la estructura de las redes de movilidad [8].

Capítulo 3

Modelos Epidemiológicos y Redes

Anteriormente se definió un *hub* en una red como un nodo altamente conectado. Cuando se habla de redes de contagios, estos *hubs* se definen como *super-spreaders* o superpropagadores. Estos son individuos que propagan un patógeno o enfermedad a muchos individuos. En el presente capítulo se introducirán las redes en el contexto de enfermedades y epidemias así como los principales modelos compartimentales epidemiológicos.

3.1. Modelos Epidemiológicos

La epidemiología ha desarrollado un marco bastante robusto en cuanto al análisis de modelos de contagio. Estos modelos, también llamados modelos compartimentales, clasifican a las personas a partir de su afectación por el patógeno ¹ en cuestión. La clasificación más simple asume que un individuo puede estar en uno de los siguientes tres estados:

- Susceptible (S): Individuo sano que no ha tenido aún contacto con la enfermedad.

¹Un patógeno puede ser una enfermedad causada por un microorganismo como un virus, una bacteria, un hongo o un prión.

- Infectado (I): Individuo infectado por la enfermedad y que puede contagiar a otros individuos.
- Recuperado (R)²: Individuo que estuvo infectado pero que ha pasado por un proceso de recuperación y por lo tanto no puede contagiar a otros individuos.

Dependiendo del modelo, existen otros estados como el *Inmune*: individuos que no pueden ser infectados; o el estado *Latente o Expuesto*: individuos expuestos a la enfermedad pero que aún no son contagiosos. Los individuos se pueden mover entre dichos estados o compartimentos.

Los principales modelos compartimentales son los modelos SI, SIS y SIR. A continuación se describirán brevemente cada uno de ellos así como su uso en redes. [8].

3.1.1. Modelo Susceptibles-Infectados (SI)

Considérese una enfermedad que se puede esparcir en una población de N individuos. Se denota:

- $S(t)$ el número de individuos susceptibles a tiempo t ;
- $I(t)$ el número de individuos que ya han sido infectados a tiempo t .

Entonces, a tiempo $t = 0$ sucede que $S(0) = N$ (todos son susceptibles) y $I(0) = 0$ (nadie está infectado).

Supóngase que un individuo tiene $\langle k \rangle$ contactos y que la probabilidad de que la enfermedad se transmita de un individuo infectado a otro individuo susceptible, en una unidad de tiempo, está dado por β .

Asumiendo la hipótesis de mezcla homogénea ³ (*“homogeneous mixing”*), la probabilidad de que una persona infectada se encuentre con otra susceptible

²También se puede encontrar en la literatura como *Removido*

³Suposición de que todos los individuos están mezclados entre ellos de manera homogénea lo cual permite que interactuen entre ellos de manera aleatoria.

está dada por $\frac{S(t)}{N}$. Por lo tanto, una persona infectada tiene contacto con $\langle k \rangle \frac{S(t)}{N}$ individuos susceptibles en una unidad de tiempo.

Dado que los $I(t)$ individuos infectados transmiten el patógeno, cada uno a tasa β , el número promedio de nuevos infectados $dI(t)$ durante un periodo de tiempo dt es:

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta \langle k \rangle \frac{S(t)I(t)}{N} \quad (3.1)$$

Por lo tanto $I(t)$ cambia a una tasa

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad i(t) = \frac{I(t)}{N} \quad (3.2)$$

Nótese que estas variables $s(t)$ y $i(t)$ capturan la fracción de personas susceptibles, (s), e infectadas, (i), a tiempo t .

La probabilidad de que un individuo susceptible no esté infectado en el intervalo dt es $(1 - \beta dt)$. Si el individuo susceptible i tiene grado k_i , entonces cada uno de sus k_i enlaces podría infectarlo. Por lo tanto, la probabilidad de evitar ser infectado es $(1 - \beta dt)^{k_i}$.

De aquí se resuelve que la probabilidad total de que el nodo i esté infectado en el tiempo dt es $1 - (1 - \beta dt)^{k_i}$. De este razonamiento, y retirando el término (t) por simplicidad, se escribe la ecuación 3.1 de la siguiente manera:

$$\frac{di}{dt} = \beta \langle k \rangle s i = \beta \langle k \rangle i (1 - i) \quad (3.3)$$

donde el producto $\beta \langle k \rangle$ representa la tasa de transmisión.

Resolviendo la ecuación 3.3, entonces

$$\frac{di}{i} + \frac{di}{(1 - i)} = \beta \langle k \rangle dt \quad (3.4)$$

Integrando en ambos lados, se obtiene

$$\ln i - \ln(1 - i) + C = \beta \langle k \rangle t \quad (3.5)$$

Con la condición inicial de $i_0 = i(t = 0)$, se tiene $C = \frac{i_0}{(1-i_0)}$, obteniendo que la fracción de individuos infectados incrementa en el tiempo en

$$i = \frac{i_0 e^{\beta \langle k \rangle t}}{1 - i_0 + i_0 e^{\beta \langle k \rangle t}} \quad (3.6)$$

La ecuación 3.6 predice que:

- El *tiempo característico*⁴ requerido para alcanzar $\frac{1}{e}$, aproximadamente 36 % de todos los individuos susceptibles está dado por:

$$\tau = \frac{1}{\beta \langle k \rangle} \quad (3.7)$$

Por lo tanto τ es la inversa de la velocidad con la cual el patógeno se propaga en la población. Entonces según la ecuación 3.7, si ocurre un incremento en la densidad de los enlaces $\langle k \rangle$ o β entonces se incrementa la velocidad del patógeno y se reduce el tiempo característico.

- El número de infectados crece de manera exponencial al inicio para después desacelerar su crecimiento pues cada vez hay menor cantidad de individuos susceptibles.

Según este modelo, la epidemia termina cuando todos los individuos han sido infectados, es decir, cuando $i(t \rightarrow \infty) = 1$ y $s(t \rightarrow \infty) = 0$.

3.1.2. Modelo Susceptibles-Infectados-Susceptibles (SIS)

Este modelo sigue al modelo SI añadiendo que los individuos se recuperan a una tasa μ , convirtiéndose en individuos susceptibles nuevamente. La ecuación que describe a este modelo es una extensión de la ecuación 3.3 del modelo SI:

$$\frac{di}{dt} = \beta \langle k \rangle i(1 - i) - \mu i \quad (3.8)$$

donde μ es la tasa de recuperación y el término μi denota la tasa a la cual la población se recupera de la enfermedad pues i es la fracción de individuos

⁴El tiempo característico o tiempo de generación denota el intervalo de tiempo que toma a un individuo infectado contagiar a otros.

infectados.

Entonces, la solución a la ecuación 3.8 provee la fracción de individuos infectados en función del tiempo,

$$i = \left(1 - \frac{\mu}{\beta\langle k \rangle}\right) \frac{C e^{(\beta\langle k \rangle t - \mu)t}}{1 + C e^{(\beta\langle k \rangle t - \mu)t}} \quad (3.9)$$

El modelo *SIS* tiene dos posibles resultados. El primero se llama *estado endémico* ($\mu < \beta\langle k \rangle$) donde el número de individuos recién infectados es igual al número de individuos recuperados. Por lo tanto, la fracción infectada en la población no cambia con el tiempo. El segundo estado es el *libre de enfermedad* ($\mu > \beta\langle k \rangle$) que sucede cuando la tasa de recuperación es tan alta que el exponente en la ecuación 3.9 es negativo. Es decir, con el tiempo, i decrece de manera exponencial dejando a la población sin infección.

En otras palabras, el modelo SIS predice que algunos patógenos persistirán en la población mientras que otros tendrán una vida corta. Para entender la diferencia entre estos dos escenarios, se escribe el tiempo característico de un patógeno como

$$\tau = \frac{1}{\mu(R_0 - 1)} \quad (3.10)$$

donde

$$R_0 = \frac{\beta\langle k \rangle}{\mu} \quad (3.11)$$

es el número de reproducción básico.⁵ Este representa el número promedio de individuos susceptibles infectados por un individuo infectado. Es decir, si $R_0 > 1$, entonces τ es positivo y la epidemia se encuentra en estado endémico. Entre más grande R_0 , más rápido es el proceso de propagación. Por el contrario si $R_0 < 1$, entonces τ es negativo y la epidemia eventualmente muere.

⁵Conocido en la literatura como *basic reproductive number*

3.1.3. Modelo Susceptibles-Infectados-Recuperados (SIR)

Para muchos patógenos, la población infectada desarrolla inmunidad después de la recuperación, de esta manera el individuo recuperado deja de ser susceptible y se deja de contar dentro de la población pues el patógeno ya no puede infectarlo nuevamente y el individuo no puede transmitir el patógeno a otros individuos. Por ello, este modelo considera el compartimento de individuos *Recuperados*, (R). Al igual que con las variables $S(t)$ y $I(t)$, considérese la nueva variable $r(t) = \frac{R(t)}{N}$ que denota la fracción de personas recuperadas (r) a tiempo t .

Para este modelo se tiene que las ecuaciones diferenciales que describen el tiempo de evolución de los individuos susceptibles s , infectados i y recuperados r son:

$$\frac{ds}{dt} = -\beta\langle k \rangle i(1 - r - i) \quad (3.12)$$

$$\frac{di}{dt} = -\mu i + \beta\langle k \rangle i(1 - r - i) \quad (3.13)$$

$$\frac{dr}{dt} = -\mu r \quad (3.14)$$

3.1.4. Otros Modelos: El modelo SEIR en la Zona Metropolitana de la Ciudad de México.

El proceso de transmisión ocurre comunmente gracias a una inoculación⁶ inicial con un número muy bajo de unidades de patógenos. Durante este tiempo la carga de patógenos es lo suficientemente baja como para que se pueda transmitir a otro individuo. Por lo tanto se crea el compartimento *Expuesto*, E , donde el individuo está infectado pero no es infeccioso.

Es así como nace el modelo Susceptibles-Expuestos- Infectados-Recuperados (SEIR).

Este modelo es generalmente usado para modelar enfermedades como la in-

⁶En medicina, la introducción de una sustancia (inóculo) en el cuerpo; introducción de bacterias o virus en un organismo.

fluenza y otro tipo de enfermedades respiratorias. De hecho este modelo ya se ha utilizado para estudiar la evolución de SARS anteriormente ⁷ [32].

El modelo SEIR, con ajustes adicionales, se utilizó como base por el Gobierno de la Ciudad de México para estimar, dados una serie de supuestos, qué capacidad hospitalaria de intubación se requiere para atender de manera adecuada a la población de toda la Zona Metropolitana del Valle de México. [33]. Esto se tradujo a la siguiente lista de ecuaciones diferenciales:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= - \left(\frac{R_0}{D_{infect}} \right) IS \\
 \frac{dE}{dt} &= \left(\frac{R_0}{D_{infect}} \right) IS - \left(\frac{1}{D_{infect}} \right) E \\
 \frac{dI}{dt} &= \left(\frac{1}{D_{infect}} \right) E - \left(\frac{1}{D_{infect}} \right) I \\
 \frac{dL}{dt} &= (1 - p_{grave}) \left(\frac{1}{D_{infect}} \right) I - \left(\frac{1}{D_{RL}} \right) L \\
 \frac{dG}{dt} &= p_{grave} \left(\frac{1}{D_{infect}} \right) I - \left(\frac{1}{D_{hosp}} \right) G \\
 \frac{dH}{dt} &= \left(\frac{1}{D_{hosp}} \right) G - (1 - p_{ICU}) \left(\frac{1}{D_{Rh}} \right) H - p_{ICU} \left(\frac{1}{D_{ICU}} \right) H \\
 \frac{dICU}{dt} &= p_{ICU} \left(\frac{1}{D_{ICU}} \right) H - (1 - P_M) \left(\frac{1}{D_{RICU}} \right) ICU - P_M \left(\frac{1}{D_M} \right) ICU \\
 \frac{dR}{dt} &= \left(\frac{1}{D_{RL}} \right) L + (1 - p_{ICU}) \left(\frac{1}{D_{RH}} \right) H + (1 - p_M) \left(\frac{1}{D_{RICU}} \right) ICU \\
 \frac{dM}{dt} &= p_M \left(\frac{1}{D_M} \right) ICU \\
 S + E + I + L + G + H + ICU + R + M &= 1
 \end{aligned}
 \tag{3.15}$$

Donde:

- S = Susceptibles
- E = Expuestos
- I = Infectados
- L = Contagiados Sintomáti-

⁷ Acrónimo del inglés Severe Acute Respiratory Syndrome

- cos Leves
- G = Contagiados Sintomáticos Graves
 - H = Hospitalizados
 - ICU = Unidad de Terapia Intensiva
 - R = Recuperados
 - M = Muertos

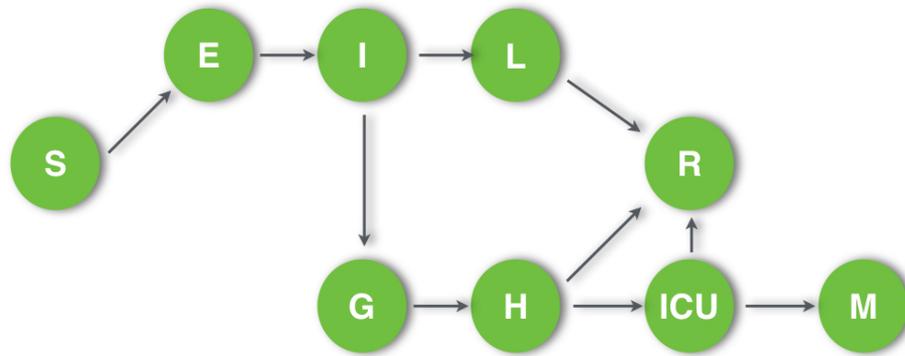


Figura 3.1: Modelo SEIR en la ZMVM

El modelo SEIR descrito anteriormente se puede representar por la red dirigida que muestra la Figura 3.1.

3.2. Modelos Epidemiológicos en Redes

La facilidad con la cual las personas pueden viajar en el siglo XXI ha permitido que los patógenos puedan trasladarse de un continente a otro muy rápidamente. Mientras que en los tiempos medievales un virus podía tardar

años en migrar de un continente a otro, hoy en día bastan días para que un patógeno se propague por todo el mundo [34].

Los modelos compartimentales descritos anteriormente asumen que un individuo puede tener contacto con otro individuo de manera aleatoria, es decir, asume la hipótesis de mezcla homogénea y también asume que todos los individuos tienen $\langle k \rangle$ número de contactos. Ambas suposiciones son incorrectas pues en la realidad un individuo tiene su propia red social de encuentros en la cual puede transmitir un patógeno, es decir, los patógenos se mueven en una red de contactos compleja. Además, estas redes son usualmente redes libres de escala por lo que $\langle k \rangle$ no es suficiente para describir su topología [35]. Por lo anterior, conocer la topología de la red tiene un impacto importante en la predicción de las dinámicas de propagación [36].

Si un patógeno se propaga por una red, los nodos o individuos con más enlaces son los que posiblemente tengan más contactos con otros individuos infectados. Por ello, en las redes epidemiológicas se utiliza la *aproximación de grados por bloque*. Esta permite hacer distinción entre los nodos a partir de su grado y asume que los nodos con el mismo grado son equivalentes estadísticamente, es decir, que se comportan de manera muy similar.

Se denota con

$$i_k = \frac{I_k}{N_k} \quad (3.16)$$

a la fracción de nodos infectados con grado k de entre los N_k nodos de toda la red con grado k . Por lo tanto, la fracción total de nodos infectados es la suma de todos los nodos infectados con grado k , es decir

$$i = \sum_k p_k i_k \quad (3.17)$$

Dado que existen nodos con diferente grado, el modelo SI para cada k grado se escribe como:

$$\frac{d_{ik}}{dt} = \beta(1 - i_k)k\Theta_k \quad (3.18)$$

Esta ecuación tiene la misma estructura que la ecuación 3.3 del modelo SI descrito anteriormente. Sin embargo, en este caso la función de densidad Θ representa la fracción de nodos vecinos infectados de un nodo susceptible k y el grado promedio $\langle k \rangle$ es reemplazado por el grado k de cada nodo.

Dado que la red carece de correlaciones de grado⁸, entonces la función Θ_k es independiente de k . De la misma manera sucede para el caso del modelo SIS pero se añade el término de recuperación μi_k .

Su ecuación se deriva directamente de la ecuación 3.18.

$$\frac{d_{i_k}}{dt} = \beta(1 - i_k)k\Theta_k - \mu i_k \quad (3.19)$$

Para este caso, el tiempo característico de la epidemia está dado por la siguiente ecuación:

$$\tau^{SIS} = \frac{\langle k \rangle}{\beta \langle k^2 \rangle - \mu \langle k \rangle} \quad (3.20)$$

Cuando μ es grande, el tiempo característico es negativo, por lo tanto i_k decrece exponencialmente. Esta condición no solo depende de la tasa de recuperación y de $\langle k \rangle$ sino también de la heterogeneidad de la red, dada por $\langle k^2 \rangle$.

Para predecir si un patógeno persiste en una población, se define la *tasa de propagación*

$$\lambda = \frac{\beta}{\mu} \quad (3.21)$$

que solo depende de las características biológicas del virus. Mientras más grande sea λ , más rápidamente se propagará la enfermedad. Sin embargo, el número de individuos infectados no crece gradualmente con λ . Más bien, el patógeno se propaga solamente si su tasa de propagación excede un límite epidemiológico (*epidemic threshold*), λ_c .

Todos estos conceptos son muy relevantes para entender el comportamiento de las epidemias. Por ejemplo en una red libre de escala, $\langle k^2 \rangle$ diverge en el límite cuando $N \rightarrow \infty$ y para redes grandes se espera que λ_c se desvanez-

⁸Las correlaciones de grado son las tendencias en los apareamientos de los nodos

ca. Eso implica que incluso los virus que son difíciles de propagarse pueden persistir dentro de una población [8]. Esto es una directa consecuencia de los *hubs* y remarca su relevancia en las redes pues si un patógeno, por mas débil que sea, logra infectar a un *hub*, dicho *hub* lo puede propagar a un gran número de nodos.

3.3. Redes de Contacto y Redes Temporales

En el Capítulo 2 se habló sobre las redes de contacto que emergen de la movilidad humana, ahora veremos esas redes en un contexto de epidemia. Las redes epidemiológicas predicen que la velocidad a la cual un patógeno se esparce depende del grado de distribución de la red de contacto. En efecto se sabe que $\langle k^2 \rangle$ afecta al tiempo característico τ y al límite epidemiológico λ_C [8].

Algunos casos reales de redes epidemiológicas de contacto son:

- La red asociada al virus del VIH es una red de encuentros donde el virus se transmite por contacto sexual. Un estudio en Suecia [37] mostró que esta red se ajusta muy bien a una ley de potencia [38]. Esta fue la primer evidencia empírica de la relevancia de las redes libres de escala asociadas al contagio de enfermedades [39]. La naturaleza de esta red libre de escala indica que la mayoría de los individuos tienen pocas parejas sexuales. Sin embargo, existen individuos que funcionan como *hubs* con cientos de parejas durante el transcurso de su vida. Por ello, la red sexual tiene un alto $\langle k^2 \rangle$, que permite un bajo tiempo característico τ y λ_C
- Otro caso real son las enfermedades que se transmiten en el aire como influenza, SARS o H1N1. Esta red de encuentros se estructura mediante conjuntos de individuos que tienen proximidad física.
- Un ejemplo muy útil para las redes epidemiológicas es la red de generada por los vuelos comerciales que permite predecir el esparcimiento de

patógenos. [40]. Esta es una red libre de escala pues mientras que existen pocos pasajeros entre un par de aeropuertos, en otros casos existen cantidades extraordinarias de pasajeros. [41].

Las interacciones que tienen los individuos dentro de una sociedad no son estáticas ni continuas, es decir, varían en tiempo y lugar. Por ejemplo, el contacto entre dos individuos en un supermercado puede ser muy único y corto mientras que en una fiesta el contacto puede durar más tiempo y se puede repetir en un periodo corto de tiempo. Dado que ignorar el tiempo y frecuencia de la interacción puede llevar a conclusiones erróneas como sobrestimar la velocidad y la extensión de una pandemia, en la literatura se asume que los patógenos se transmiten en *redes temporales* [42].

Capítulo 4

Redes y Seguimientos de Contacto Durante la Pandemia de COVID-19

4.1. Antecedentes

El primer reporte de una nueva enfermedad, originada por el Virus SARS-Cov-2 y después nombrada COVID-19¹, apareció el 31 de diciembre de 2019 en Wuhan, China [43]. Rápidamente comenzó a propagarse y solamente un mes después de su identificación se declaró pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS) en enero 2020. Para el día 15 de julio del 2020 ya había registro de su presencia en 188 países con más de 13.3 millones personas infectadas y más de 579,500 personas fallecidas [44]. Para el 26 de diciembre de 2020, mundialmente el total de casos confirmados era de 78,604,532, incluyendo 1,744,235 muertes. ²

Dada la ausencia de una vacuna y antivirales que pudieran combatir la nueva enfermedad, se implementaron medidas extremas como cuarentena de ciudades enteras, cierre total de fronteras internacionales y toques de queda para

¹Del acrónimo en inglés *Coronavirus Disease 2019*

²<https://covid19.who.int>

frenar la propagación del virus antes de que provocara el colapso en los sistemas de salud pública de los países más afectados. Las agresivas medidas tomadas por los gobiernos fueron efectivas en un principio pues, en la mayoría de los países, el número de muertes y hospitalizaciones causadas por el virus SARS-CoV-2 se lograron mantener en niveles manejables [45]. Sin embargo, con el paso de los meses y ante la relajación de las medidas de prevención y el retorno a las actividades cotidianas sin estrategias correctas, se abrió el camino al resurgimiento de olas de contagios incluso más agresivas que las primeras registradas en el primer semestre del año 2020.

Las medidas de distanciamiento social, de higiene y las restricciones a la movilidad fueron vitales para contener la propagación del virus SARS-CoV-2. Guardar dichas medidas fueron necesarias incluso después de que los individuos hubiesen pasado por un proceso de infección y recuperación pues se reportó que el cuerpo humano no genera inmunidad después de la recuperación por la enfermedad COVID-19.

El presente capítulo se enfoca en dos estudios en particular: el primero busca identificar a los países más propagadores y el segundo hace un estudio de propagación en la Zona Metropolitana de Boston. Ambos estudios usan las redes multiplex y ambos son importantes para entender cómo las redes otorgan información útil para la toma de decisiones respecto a las restricciones de movilidad, campañas de inmunización, estrategias de reapertura de establecimientos y seguimientos de contactos, por decir unos ejemplos.

4.2. Identificación de Propagadores de COVID-19 Utilizando Redes Multiplex.

Las redes multiplex son un caso particular de las redes multicapa. La principal característica de este tipo de redes es que todos los nodos de cada capa se replican en todas las otras capas y existe un enlace directo entre cada nodo replica.

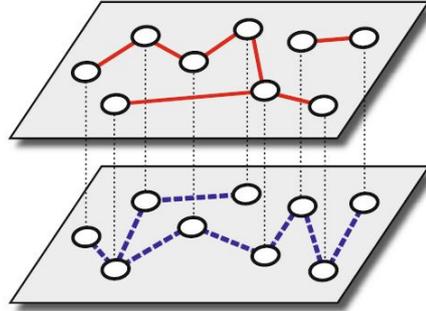


Figura 4.1: Ejemplo de Red Multiplex.

Figura 4.1 tomada de [46].

Las redes multiplex son una clase de redes que se introdujeron para entender mejor las redes complejas del mundo real [46]. Un ejemplo claro de las redes multiplex son los individuos en una sociedad donde existen variadas relaciones sociales como amistades, relaciones de trabajo, familia, aficionados de un equipo de fútbol o compañeros de la universidad. En el mundo real, las redes multiplex están altamente correlacionadas [47], a esta propiedad se le llama la correlación multiplex, la cual se ha definido a partir del grado de correlación de las capas y los enlaces que las unen.

Este tipo de redes fueron utilizadas para proponer la identificación de países altamente propagadores del virus SARS-CoV-2 durante la pandemia de COVID-19 [48]. Se explicará brevemente la metodología usada y los resultados obtenidos.

En el ya citado trabajo se elaboraron dos redes multiplex cuyas primeras cuatro capas son iguales y la quinta capa es diferente.

- Capa 1 (L1): Índice de Desarrollo Humano (HDI) y sus componentes
- Capa 2 (L2): Tendencias del Índice de Desarrollo Humano de 1990 a 2018
- Capa 3 (L3): Índice de Desarrollo Humano ajustado a la Desigualdad (IHDI)

- Capa 4 (L4): Redes de tráfico aéreo (entradas y salidas) de cada país

- Capa 5 (L5): Dos casos:
 1. Red con el número de infecciones
 2. Red de salud y PIB ³ de cada país

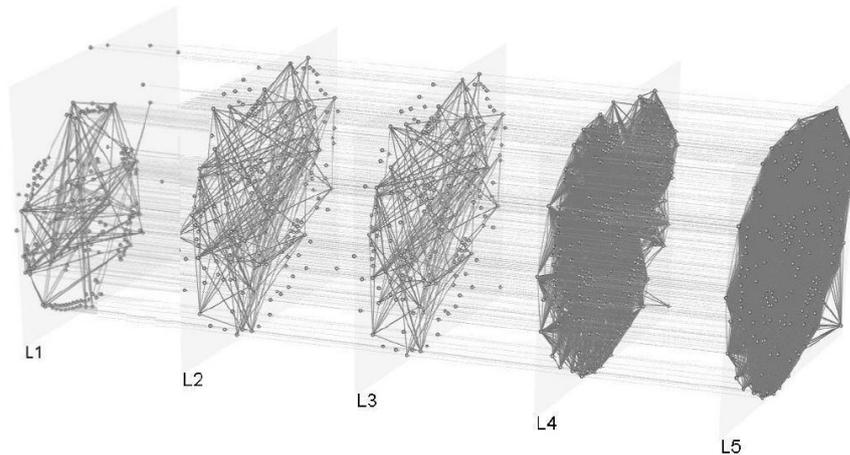


Figura 4.2: Grafo de la Red Multiplex de Infecciones.

Figura adaptada al español de [48].

La Figura 4.2 muestra la red donde la quinta capa (L5) es el número de infecciones. En ambas redes cada nodo representa un país y los enlaces entre los nodos dentro de una capa (enlace intra-capa) representan una relación de similitud entre dichos países en la mayoría de las características ya mencionadas. Los enlaces entre cada capa están dados por la relación de identidad de un país. Es decir, por el mismo país replicado en cada capa (enlace inter-capa entre nodos replica).

³Producto Interno Bruto

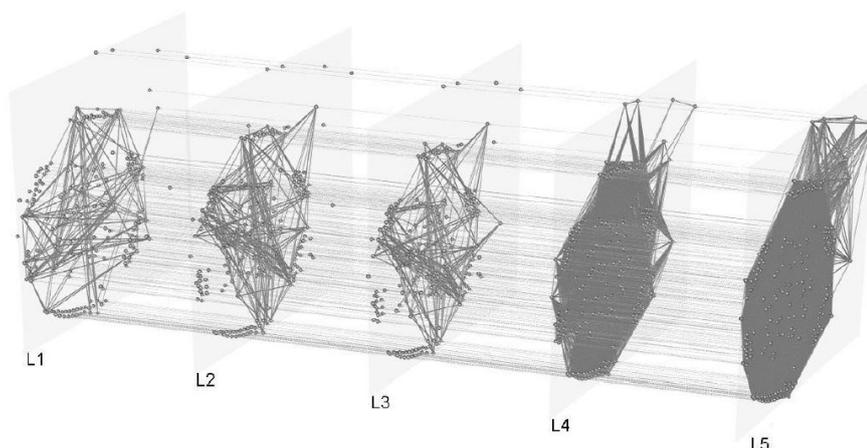


Figura 4.3: Grafo de la Red Multiplex de PIB y Salud.

Figura adaptada al español de [48].

La segunda red multiplex cuya quinta capa (L5) toma en cuenta el PIB se muestra en la Figura 4.3.

Se definió como MCGM⁴ al componente gigante⁵ interconectado que incluye los 195 países. Una vez modeladas las redes y definido el componente gigante, se utilizó el enfoque VSP (Vertex Separator Problem)⁶ para encontrar un mínimo de C nodos que produjeran una partición de la red multiplex a por lo menos dos componentes A y B de manera que $|A|$ y $|B|$ fueran maximizados y $|C|$ minimizado. Después se desarrolló un análisis sobre la influencia de cada país sobre la propagación del virus COVID-19 usando la información de la relación de las principales características socio-culturales, económicas, número de vuelos, así como el número de infectados y muertos a causa de la COVID-19.

⁴Mutually Connected Giant Component

⁵En ciencia de redes, un componente gigante se presenta cuando se puede trazar una trayectoria o recorrido que pase por todos los nodos, y cuando todos los nodos de la red tienen en promedio más de una enlace, es decir, $\langle k \rangle = 1$

⁶El VSP para un grafo consiste en encontrar un subconjunto de nodos o vértices, llamado Vertex Separator, dado que al momento de retirarlos, el grafo se divide en dos componentes de aproximadamente el mismo tamaño.

4.2.1. Red Multiplex de Infecciones

Conjuntos de la Red de Infecciones	
Conjunto Separador	Noruega, Irlanda, Hong Kong, Australia, Suecia, Singapur, Países Bajos, Dinamarca, Reino Unido, Liechtenstein, Austria, Luxemburgo, India, Israel, Francia, Lituania, Andorra, Qatar, Chile, Croacia, Argentina, Kazajistán, Rumania, Kuwait, Bahamas, Malasia, Serbia, Trinidad y Tobago, Irán, Mauricio, Panamá, Georgia, Sri Lanka, Cuba, San Cristóbal y Nieves, Antigua y Barbuda, México, Armenia, Argelia, Nicaragua, Macedonia del Norte, Perú, Túnez, Mongolia, Líbano, Jamaica, Venezuela, Suriname, Belize, Maldivas, Tonga, Turkmenistán, Uzbekistán, Libia, Samoa, Sudáfrica, Gabón, Egipto, Islas Marshall, Vietnam, Iraq, Marruecos, Kirguistán, Mozambique, Tajikistán, Cabo Verde.
Componente 1	Brasil, Bangladesh, Colombia, Tailandia, Filipinas, Guyana, Indonesia, Uruguay, Dominica, Palaus, Brunei Darassalam, Kribati, Botswana, Bahrein, Fiji, República de África Central, Emiratos Árabes Unidos, Honduras, Azerbaiyán, República Dominicana, Palestina, Moldova, San Vicente y las Granadinas, Granada, Santa Lucía, Paraguay, Ecuador, Ucrania, El Salvador, Estados Unidos, Chipre, Bosnia y Herzegovina, España, Oman, Italia, Corea, China
Componente 2	Congo, Ghana, Bielorusia, Ruanda, Níger, Togo, Barbados, Senegal, Sudán, Mali, Nepal, Etiopía, Costa Rica, Bélgica, Alemania, Hungría, Nueva Zelanda, Rusia, Estonia, Suiza, Montenegro, Eslovaquia, Finlandia, Eslovenia, Malta, Letonia, Yemen, Macedonia del Norte, Argelia, Suecia, Albania, Chequia, Canadá.

Cuadro 4.1: Tabla de particiones de la red de infecciones

El Cuadro 4.1 contiene una muestra de los países según su conjunto después de haber particionado el componente gigante MCGC. Para esta red se

obtuvieron 108 países en el componente separador, 42 en el primer componente y 43 en el segundo componente. Se observa que dentro del Componente 1 hay países con alto desarrollo humano como Estados Unidos, Italia o Brasil pero con altos porcentajes de contagio y muertes. Por otro lado, en el Componente 2 hay países como Congo, Montenegro o Rwanda con bajos porcentajes de contagios y bajo índice de desarrollo humano así como bajo número de vuelos.

Dentro del conjunto separador hay países con diferentes características respecto al porcentaje de población infectada, promedio de consumo, índice de desarrollo humano, promedio del índice de percepción de corrupción y población promedio. Por ejemplo, dentro de las características socioeconómicas y demográficas, Noruega, Irlanda, Hong Kong y Suecia tienen cifras altas en el Índice de Desarrollo Humano (HDI), esperanza de vida, años esperados de escolaridad, porcentaje de personas infectadas y muertes por día; mientras que Iran, Panama y Sri Lanka tienen cifras promedio; y Vietnam, Marruecos e Iraq tienen cifras bajas.

Basandose en la información del número de infectados y muertes, se puede ver que países como Estados Unidos, Italia o China, que son los que reportan las cifras más altas, no están en el conjunto de países más propagadores. Por otro lado, países que sí están en ese conjunto son Noruega, Irlanda o Dinamarca con alto porcentaje de propagación; México, Venezuela o Egipto con porcentaje promedio de propagación y Nicaragua, Mozambique o India con porcentaje bajo de propagación.

4.2.2. Red Multiplex de PIB y Salud

Para la segunda red multiplex donde la quinta capa se define por los datos del PIB y salud de cada país, se obtuvo el conjunto separador con 111 países y tres componentes diferentes con 36, 26 y 11 países en cada uno.

Red de PIB y salud	
Conjunto Separador	Noruega, Suiza, Irlanda, Alemania, Hong Kong, Islandia, Suecia, Finlandia, Nueva Zelanda, Estados Unidos, Bélgica, Liechtenstein, Austria, Luxemburgo, Israel, Corea del Sur, España, Malta, Italia, Chipre, Grecia, Polonia, Lituania, Emiratos Arabes Unidos, Arabia Saudita, Eslovaquia, Baréin, Croacia, Oman, Rusia, Bielorusia, Kazajistán, Bulgaria, Kuwait, Bahamas, Serbia, Trinidad y Tobago, Mauricio, Albania, Costa Rica, Sri Lanka, Antigua y Barbuda, Bosnia y Herzegovina, México, Colombia, Armenia, Argelia, China, Ecuador, Azerbaiyán, Ucrania, Túnez, Mongolia, Líbano, Jamaica, Venezuela, Dominica, Jordania, Filipinas, Turkmenistán, Uzbekistán, Libia, Samoa, Palestina, Guyana, Tajikistán, Cabo Verde, Namibia, Honduras, Bután, Bangladesh, Cambodia, Kenya, Nepal, Pakistán, Nigeria, Benín, Lesoto, Costa de Marfil, Togo, Haití, Afganistán, Yibuti, Gambia, Guinea, Liberia, Mozambique, Sierra Leona, Eritrea, Mali, Burundi, República de África Central, Níger, Mónaco, Nauru, San Marino, Somalia, Tuvalu
Componente 1	Moldovia, Nicaragua, El Salvador, Palau, Brunéi Darussalam, Fiji, Malasia, Cuba, Nigeria, Papua Nuevo Guinea, Tonga, Reino Unido, Uruguay, Qatar, Corea del Norte, Siria, Congo, Marruecos, Dinamarca, Canadá, Montenegro, Iran, Hungría, Japón, India, Rumania, Chequia, Eslovenia, Francia, Países Bajos, Yemen, Estonia, Sudáfrica, Letonia.
Componente 2	Ghana, Nepal, Uganda, Etiopía, Guatemala, Tanzania, Georgia, Malawi, Camerún, Sudán del Sur, Sudán, Angola, Ruanda, Senegal, Birmania, Bolivia, Mauritania, Chad, Panamá, Madagascar, Maldivas, Barbados.
Componente 3	Perú, Gabón, Indonesia, Kirguistán, Egipto, Tailandia, Brasil, Belice, Iraq, Zimbabwe, Paraguay, Vietnam.

Cuadro 4.2: Tabla de particiones de la red de PIB y salud

El Cuadro 4.2 contiene una muestra de los resultados de cada componente y del conjunto separador.

En esta segunda red, al igual que en la primera, también se observaron países con diferentes niveles de desarrollo humano, tasas de contagio y muertes compartiendo un mismo componente. Por ejemplo en el componente separador se encuentran países como Noruega, o Alemania con altos índices de desarrollo humano y en el mismo conjunto también está México con valores socioeconómicos promedio y otros países como Somalia o Haití con bajos índices socioeconómicos.

4.2.3. Resultados

El estudio realizado por Montes-Orozco y colaboradores, en la referencia [49] establece que los países pertenecientes al conjunto separador de ambas redes multiplex, tanto en la primera de infecciones como en la segunda de PIB y salud, tienen tasas altas de contagios pues son países que aparte de tener alto tráfico aéreo, sus economías están basadas en el comercio exterior. Es necesario que los países pertenecientes a la unión de los conjuntos separadores de ambas redes deben reforzar sus medidas sanitarias para mitigar las olas de contagios futuras. Adicionalmente, los países que pertenecen a la intersección de los conjuntos separadores de ambas redes deben regular su movilidad aérea para contener la propagación de COVID-19.

El estudio de Obregón-Quintana y colaboradores se publicó el 7 de julio de 2020, por lo menos 3 meses antes de que se registraran las segundas olas de contagio en el continente Europeo, incluso más agresivas que las primeras.

4.3. Red Multiplex en la Zona Metropolitana de Boston, EE.UU.

Otro estudio muy relevante y muy actual a la pandemia de COVID-19 es el elaborado en la Zona Metropolitana de Boston, Estados Unidos [49].

Utilizando datos de movilidad y socio-demográficos de alrededor de 85,000 agentes⁷ durante un periodo de seis meses, Moreno y Moro presentaron un modelo que explora tres estrategias posibles respecto al levantamiento de las medidas de distanciamiento social en conjunto con la elaboración de pruebas, aislamiento de individuos infectados y el seguimiento y cuarentena de los casos expuestos. Este modelo sigue una red de tres capas con pesos:

1. La primera capa representa los entornos sociales y lugar de trabajo, (*Workplace and community layer*).
2. La segunda capa representa la vivienda, (*Household layer*).
3. La tercera capa representa las escuelas, (*School layer*).

El número de contactos diarios por individuo por capa es de 10.86 para la primera capa, 4.11 para la segunda capa y 11.41 para la tercera capa. Estas cifras se obtuvieron del análisis de contactos de otros nueve países [50].

⁷Aproximadamente 64,000 adultos y 21,000 niños

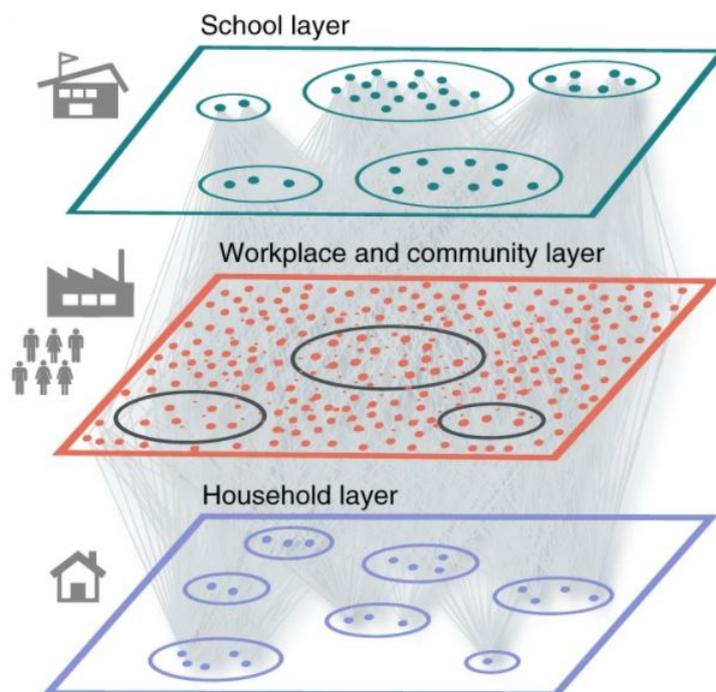


Figura 4.4: Grafo de la Red multicapa de la Zona Metropolitana de Boston
Figura tomada de [49].

La Figura 4.4 muestra las tres capas de la red multiplex donde los nodos están conectados por más de cinco millones de enlaces con pesos.

La primera capa (entornos sociales) se organizó en categorías ya establecidas por la aplicación digital Foursquare⁸, es decir, se obtuvieron los puntos de interés según la aplicación. Las conexiones entre dos agentes o individuos en la primera capa se estima de los datos mediante la probabilidad de que ambos estén presentes en un mismo lugar por cierto tiempo. Para el caso de la segunda capa (vivienda), se utilizaron datos del último censo de 2018 y se asoció cada individuo a un bloque socio-demográfico específico según su perfil. Por último, la tercera capa (escuela) incluye a todos los individuos que exclusivamente asisten a esa escuela.

⁸Aplicación móvil que registra la geolocalización y los lugares visitados por un individuo

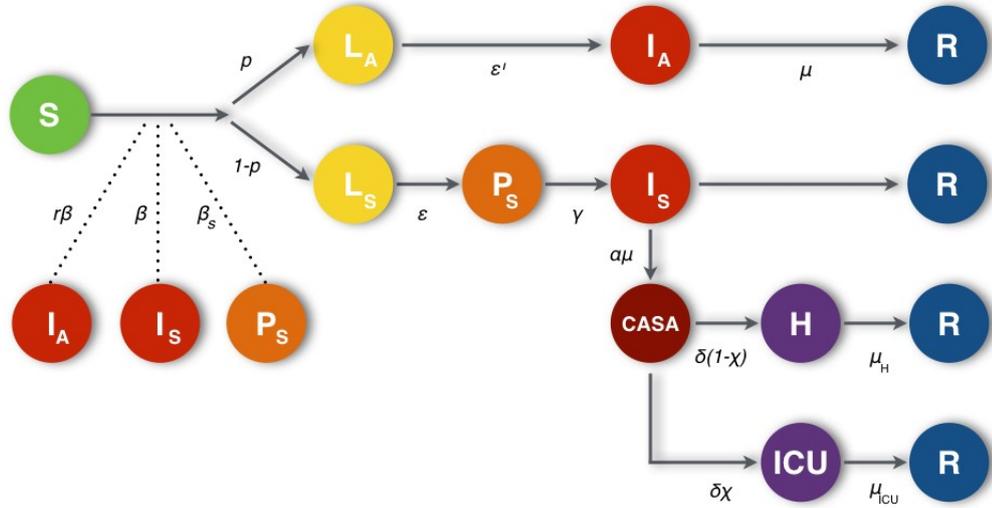


Figura 4.5: Grafo del modelo compartimental utilizado para la Zona Metropolitana de Boston

Figura adaptada al español de los resultados reportados en [49].

El modelo compartimental utilizado en este estudio es muy similar al modelo SEIR para la Zona del Valle de México descrito en el capítulo anterior. Existen pocos ajustes: el compartimento *Expuesto* (E) se nombra *Latente* (L), se añade un nuevo compartimento *Pre-sintomático* (P) y los subíndices A y S representan *Asintomático* y *Sintomático*, respectivamente. Véase la Figura 4.5.

A continuación se describirá cada capa como una red de contactos.

4.3.1. Primer capa: Red de Contactos del Entorno Social y Lugar de Trabajo

La red de entorno social, incluyendo el lugar de trabajo, se aproximó usando seis meses de datos observados en usuarios anónimos que compartieron la información de sus locaciones. La información permitió entender cómo la infección se propaga en cada capa al estimar que dos individuos estén en un mismo lugar al mismo tiempo. En el estudio se utilizaron 83,000 mil lugares de la red social Foursquare y se definió el peso $\omega_{C_{ij}}$ como el peso de un enlace

entre los individuos i y j que comparten un entorno social, entre ellos el área de trabajo, de la siguiente manera:

$$\omega_{C_{ij}} = \sum_p^n \frac{T_{ip} T_{jp}}{T_i T_j}, \quad \forall i, j \quad (4.1)$$

donde T_{ip} es el tiempo total que el individuo i se observó en el lugar p ; y T_i es el tiempo total que el individuo i se observó en cualquier lugar de su entorno social, incluyendo el lugar de trabajo.

4.3.2. Segunda capa: Red de Contactos de la Vivienda

La localización de los hogares se aproximaron según el bloque socio-demográfico de cada individuo. Después se asignó el tipo de casa-habitación de cada individuo y se mezclaron a los individuos de cada bloque según las estadísticas de tipo y tamaño de vivienda⁹. Entonces, el peso $\omega_{H_{ij}}$ del enlace entre los individuos i y j en la misma vivienda está dado por:

$$\omega_{H_{ij}} = \frac{1}{n_h - 1} \quad (4.2)$$

donde n_h es el número de miembros en la vivienda. Esto se asumió para todos los individuos en la población.

4.3.3. Tercera capa: Red de Contactos de la Escuela

Para calcular los pesos de las enlaces en la capa de la escuela, se mezclaron a todos los niños que viven dentro de la zona de captación escolar de una escuela. La probabilidad de interacción en una escuela es proporcional a la cantidad de niños que asisten a ella. Por lo tanto, el peso $\omega_{S_{ij}}$ de un enlace entre un niño i y otro j que asisten a la misma escuela está dado por:

$$\omega_{S_{ij}} = \frac{1}{n_s - 1} \quad (4.3)$$

⁹US Census Bureau. 2018 American Community Survey 5-Year Data (2019); <https://www.census.gov/programs-surveys/acs>

donde n_s es el número de miembros de la escuela.

4.3.4. Cálculos y Resultados

El objetivo del estudio desarrollado en la referencia [49] fue analizar las estrategias de aplicación y levantamiento de restricciones en la movilidad humana así como el distanciamiento social para evitar el colapso del sistema de salud. Se tomó en cuenta como inicio de la orden quédate-en-casa, “*stay-at-home*”, el 17 de marzo de 2020 donde se cerraron escuelas, establecimientos no-esenciales y comenzaron las restricciones de movilidad. Se exploraron dos escenarios del levantamiento de las restricciones de movilidad y sociales:

- Escenario LIFT¹⁰: Este escenario supone que el protocolo quédate-en-casa se levanta después de ocho semanas y se abren los lugares de trabajo y entorno social exceptuando las locaciones de reuniones masivas. Posteriormente se levantan todas las restricciones después de cuatro semanas.
- LET¹¹: Al igual que en el escenario LIFT, se levanta la orden quédate-en-casa después de ocho semanas. Eventualmente, una vez que empieza la apertura parcial de establecimientos, se asume que se puede diagnosticar el 50 % de los casos positivos sintomáticos de COVID-19 y que, en promedio, dos días después de los primeros síntomas, los individuos identificados positivos se aíslan en casa junto con sus contactos de vivienda durante dos semanas. También se asume que una fracción de los contactos que no forman parte de la vivienda (se estudiaron los casos del 20 % y 40 %) de los individuos infectados se pueden identificar, dar seguimiento y someter a cuarentena junto con sus contactos de vivienda.

En total se presentan tres escenarios posibles: el primero donde no hay intervención alguna, el segundo escenario LIFT y el tercero LET.

¹⁰Del inglés lift que significa levantar o levantamiento.

¹¹Del acrónimo en inglés *Lift and Enhanced Tracing.*, que significa levantamiento y seguimiento continuo

El número promedio de interacciones en la primera capa cambió de 10.86 bajo el escenario sin intervención alguna, a 4.10 bajo el cierre parcial, a 0.89 contactos bajo el protocolo quédate-en-casa.

En todas las siguientes imágenes la línea sólida representa el promedio de 10,000 simulaciones y el área sombreada representa el intervalo de confianza del 95%. También se estimó una capacidad de camas en terapia intensiva de 0.21 camas disponibles por cada 1,000 individuos.

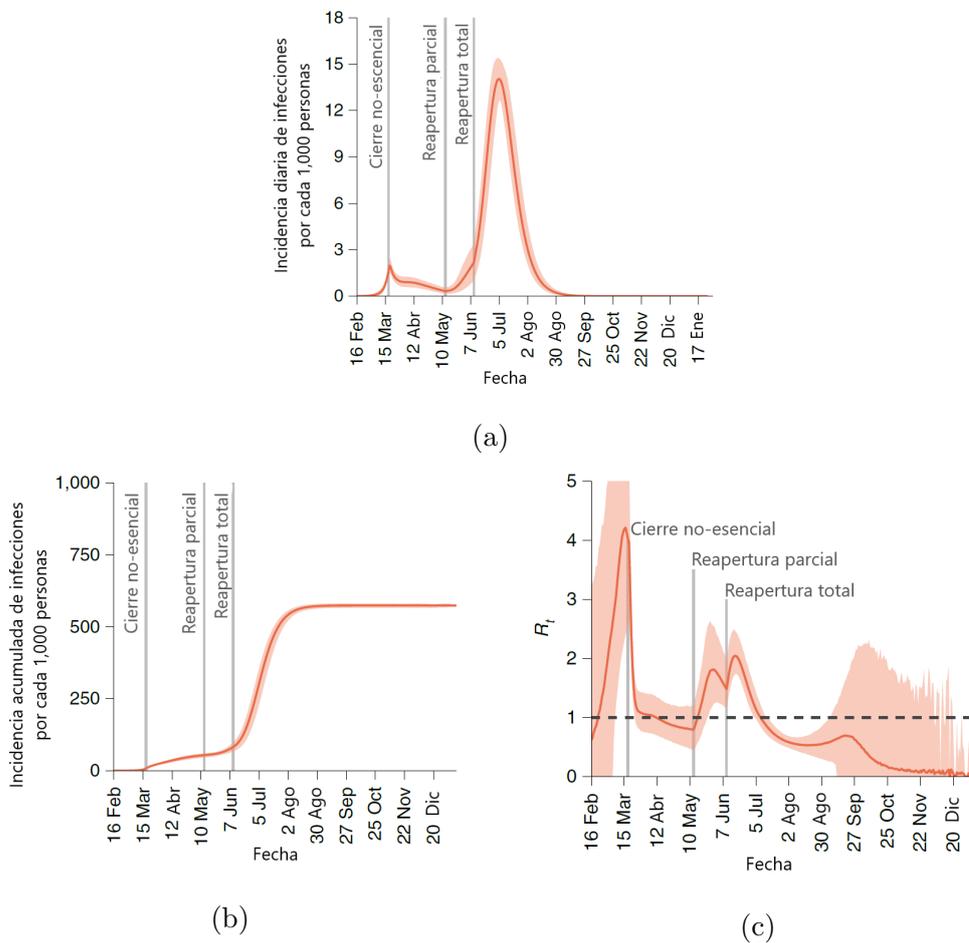


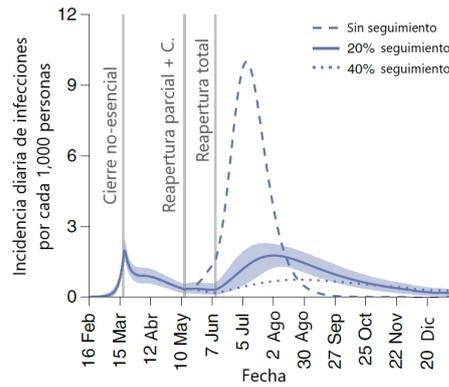
Figura 4.6: Resultados del Escenario LIFT

Figuras adaptadas de [49].

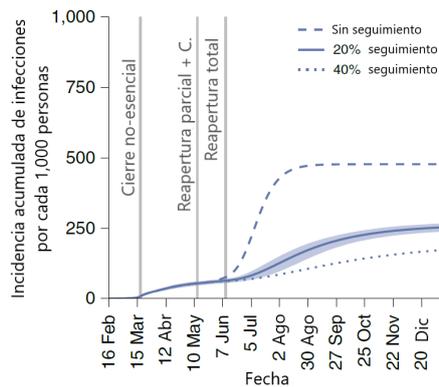
La Figura 4.6a muestra la incidencia diaria de infecciones y claramente se

observa un pico justo después de la reapertura total. La Figura 4.6b muestra la incidencia acumulada de infecciones y la Figura 4.6c muestra cómo incluso después de que el número básico de reproducción descendió en un 75 % en el cierre total, asciende a valores de hasta 2.05 después de la reapertura total.

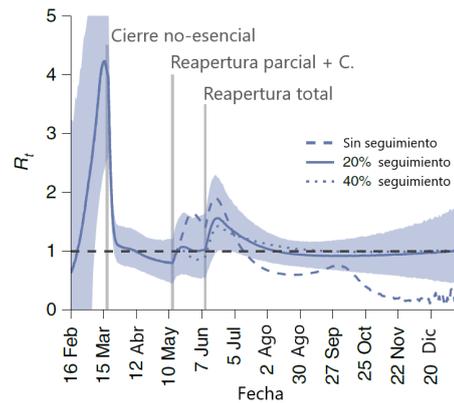
Es claro que el escenario LIFT funciona en principio para la reducción de propagación del virus, sin embargo eventualmente se presenta una segunda ola de infecciones en la población y no parece prevenir una tercera o cuarta ola.



(a)



(b)



(c)

Figura 4.7: Resultados del Escenario LET

Figuras adaptadas de [49].

Las figuras (a): Incidencia diaria de infecciones, (b): Incidencia acumulada de infecciones y (c): Número de Reproducción a tiempo t de la Figura 4.7 contienen tres casos: el primero es la línea rayada que sigue el caso donde no hay seguimiento de contactos, el segundo es la línea continua que sigue el caso donde existe un 20 % de seguimiento de contactos de los individuos infectados y el tercero es la línea punteada que sigue el caso donde existe un 40 % de seguimiento de contactos de los individuos infectados.

En el caso del escenario LET, el levantamiento de las medidas de distanciamiento social es acompañado por estrategias de seguimiento de contactos y cuarentena de los individuos expuestos así como la aplicación de pruebas de detección a todos los individuos sintomáticos. Adicionalmente, la cuarentena no se aplica solamente a los individuos infectados sino por lo menos a todas las personas dentro de su entorno del hogar.

Vale la pena recalcar que someter a cuarentena a los individuos infectados no es suficiente para reducir la tasa de propagación del virus. Se observa un importante aplanamiento de la curva cuando existe un seguimiento del 40 % de los contactos de los individuos infectados incluyendo a todos los contactos de la capa de vivienda.

También vale la pena notar que dicho estudio no toma en cuenta otras políticas de distanciamiento como el trabajo desde casa¹² o de higiene como el uso de cubrebocas y desinfectante.

También es muy importante notar que la Figura 4.7c muestra que en el escenario LET, suponiendo una detección del 50 % de infectados con un 40 % de seguimiento de contactos, se logra una demanda de 0.15 camas de terapia intensiva por cada 1,000 habitantes, una tasa que implica cobertura total para los infectados con afectaciones graves.

El estudio de Moreno y Moro se presentó por lo menos tres meses antes

¹²Es importante notar que el trabajo desde casa o *Home Office* es muy complicado para la economía informal

de que las segundas olas surgieran en los meses de septiembre y octubre y las predicciones de sus escenarios propuestos trazan muy de cerca lo sucedido en poblaciones donde surgieron segundas olas de contagios. Este estudio es un ejemplo muy claro de cuán importantes y absolutamente relevantes son las políticas sanitarias que se llevan a cabo en una sociedad.

4.4. Seguimientos de Contacto

Como ya se ejemplificó anteriormente, el seguimiento de contactos o seguimientos de contacto consiste en estrategias de intervención donde se pide a los casos confirmados de infección que otorguen información de los individuos con quien tuvieron contacto en un periodo dado antes de haber obtenido el resultado positivo en la prueba de detección. Estos contactos son entonces identificados e informados sobre el riesgo.

Lo ideal sería que dichos contactos no solo sean informados sino que puedan ser sometidos a cuarentena y a pruebas de detección. En caso de que alguno de estos contactos saliera positivo, se repetiría el proceso para los contactos de dicho individuo.

Existen estudios que demuestran cómo el uso de aplicaciones móviles pueden incrementar la efectividad de las estrategias de seguimiento de contactos, sin embargo dicha efectividad depende en la proporción de la población que utilice la aplicación sea grande y que la aplicación sea utilizada consistentemente por un largo periodo de tiempo [51]. Aún así, las estrategias de seguimiento basadas en aplicaciones móviles, incluso con un 20% de cobertura, son más efectivas que las estrategias convencionales [52]. Este último estudio citado, concluye que los factores claves para una estrategia de seguimiento de contactos son: reducir el tiempo entre la primer identificación de síntomas y la evaluación de la prueba; y aislamiento total del individuo con síntomas.

Es claro que cada economía es diferente y que cada gobierno, con sus desafíos y dificultades, opta por tomar las medidas que más le convengan. Estas

medidas y decisiones varían y solo el tiempo dirá cuáles fueron las mejores. Durante la pandemia de COVID-19 dos ejemplos de países que no siguieron las medidas recomendadas fueron Suecia y México. El primero nunca impuso el confinamiento total que se vio en otros países mientras que el segundo en ningún momento cerró sus fronteras ni terrestres ni aéreas.

4.5. Impactos Socio-económicos

Según la Comisión Económica para América Latina y el Caribe, la economía mundial tendrá su mayor caída desde la segunda guerra mundial y el PIB per cápita disminuirá de forma sincronizada en 90 % de los países [53]. Las agresivas medidas de aislamiento, así como el cierre de establecimientos, ha provocado un profundo impacto en las diferentes economías. En este contexto, es muy importante encontrar las “estrategias de salida” que reactiven las actividades sociales y económicas pero que al mismo tiempo cuiden mantener controlada la propagación del virus y eviten el colapso de los sistemas de salud.

La pandemia de COVID-19 impactó directamente la producción; interrumpió la cadena de suministro de los mercados y trajo repercusiones financieras en las empresas y los mercados financieros ¹³. Por ello, en este trabajo se han citado diversos artículos y estudios con propuestas muy interesantes para que los gobiernos tomen las medidas y los planes de acción necesarios para mitigar el impacto económico en la medida de lo posible. Sin embargo, ¿qué pasa cuando un país no puede seguir dichas propuestas por falta de recursos? ¿Qué hace un país que tiene a más del 40 % de su población viviendo en pobreza?¹⁴ ¿Cómo implementar una estrategia Quédate-en-casa cuando 6 de cada 10 trabajadores se encuentran en el sector informal? ¹⁵ Tal es el caso de México y de otros países que simplemente no pueden costear crisis de

¹³<https://www2.deloitte.com/ec/es/pages/strategy/articles/el-impacto-economico-de-covid-19-nuevo-coronavirus-.html>

¹⁴<https://www.coneval.org.mx/Medicion/Paginas/PobrezaInicio.aspx>

¹⁵<https://www.eleconomista.com.mx/empresas/6-de-cada-10-trabajadores-son-informales-y-generan-el-22.7-del-PIB-de-Mexico-20181217-0053.html>

esta magnitud donde se vuelve muy difícil evitar el colapso de los sistemas de salud.

El tipo de crisis como la provocada por la pandemia de COVID-19 hace más clara la ya evidente desigualdad en el mundo. De hecho, existe una categoría que reúne lo social y lo biológico en este tipo de eventos: *la sindemia*.

Una sindemia se define como dos o más epidemias que interactúan en conjunto y afectan la salud de una población en sus contextos sociales y económicos [54]. Por ejemplo la diabetes y su comorbilidad con el VIH en Kenia; o con la tuberculosis en India; o con la depresión en Sudáfrica.

Está muy claro que las políticas fiscales y monetarias de los gobiernos deben contribuir a mitigar los efectos de la pandemia. Se deben crear políticas sociales fuertes para atenuar los impactos sobre el empleo, la pobreza y la desigualdad; y los esfuerzos internacionales deben ser apoyados por la cooperación internacional, mucho más en los casos de las economías emergentes [53].

Discusión

Es importante mencionar que los estudios citados para el último capítulo fueron publicados antes de septiembre del año 2020, es decir, antes de que comenzaran las segundas olas de contagio y evidentemente, antes de que se identificara la nueva cepa del virus SARS-CoV-2 en el Reino Unido al final del mismo año. Aún así, dichos artículos resultan muy útiles para evaluar las posibles estrategias para el control de contagios y la prevención del colapso de los sistemas de salud.

Aunque ya se ha encontrado una vacuna para combatir el virus SARS-CoV-2, los retos y dificultades aún no terminan. La pandemia trajo consigo diversos problemas socioeconómicos como la pérdida de empleos y resaltó los ya existentes como la desigualdad y la pobreza. También surgieron temas polémicos como el sacrificio de millones de visones en Dinamarca o el incremento de violencia intrafamiliar como consecuencia de confinamientos.

Otro tema que también puede desarrollarse mucho más dentro de días festivos donde muchas personas se reúnen para celebrar. ¿Cómo afectan estos comportamientos específicos a los modelos?

El presente trabajo solamente trató el tema de redes de contacto enfocado a la epidemia actual. Hay mucho más trabajo por hacer para poder entender y predecir este tipo de eventos catastróficos. Seguro que tanto los gobiernos como la sociedad en general podemos aprender de los errores cometidos y crear estrategias para eventos similares futuros a partir de toda la información generada. Es relevante notar que todos los estudios están basados en las bases de datos oficiales. Hay que analizar qué tanto se puede confiar en los

datos publicados por las autoridades sanitarias de cada país y qué factores influyen en el sesgo de los datos.

Al momento de concluir el presente trabajo, la pandemia sigue muy activa y no hay una fecha ni una estrategia definitiva para erradicar el virus SARS-CoV-2. Cada sociedad se comporta diferente y sería muy relevante que cada país pudiera tener un análisis profundo del comportamiento de sus comunidades puesto que un modelo puede cambiar dependiendo del tamaño de las ciudades y de las interacciones y las redes de contactos que se generen. También es muy relevante analizar qué sucede si se utilizan promedios en lugar de datos precisos.

Conclusiones

El presente trabajo introdujo los conceptos básicos de la ciencia de redes y de la movilidad humana. Posteriormente abordó los modelos epidemiológicos de tipo compartimental para finalmente estudiar dos artículos científicos muy recientes relacionados a la pandemia de COVID-19.

El objetivo de este trabajo se cumple sin duda, puesto que las redes son una herramienta útil para estudiar sistemas complejos y estructuras sociales de diversos tipos, en particular, la propagación de la pandemia de COVID-19. Este trabajo concluye que es esencial estudiar las redes asociadas a la sociedad moderna tales como las redes de contacto generadas por la movilidad humana, las redes sociales y de influencia o las redes aéreas y de transporte. El estudio de dichas redes permitirá elaborar estrategias para prevenir las crisis presentadas por eventos catastróficos como la pandemia de COVID-19.

Ahora bien, este trabajo se puede enriquecer de diferentes maneras. Si bien el objetivo es meramente descriptivo, da pie a análisis cuantitativos que tomen como ejemplo los modelos citados, en particular, los modelos de redes multicapa descritos en el Capítulo 4. Por supuesto, realizar los mismos análisis con datos actualizados, aportaría información muy útil no solo para estudiar la propagación del virus sino también para analizar las mejores estrategias de inmunización de la población (vacunación), o proponer estrategias de seguimiento de contactos, por mencionar un par de ejemplos.

Es interesante encontrar el comportamiento de los vuelos de Lévy en la movilidad humana en ambientes virtuales. Los individuos estamos cada día más conectados a salas virtuales, redes sociales, y juegos donde cada individuo

decide cuándo y hacia dónde se mueve. Estas redes de contactos virtuales se podrían modelar, lo cuál lleva a la pregunta si dichas redes virtuales también son redes libres de escala.

Asímismo, considerando la naturaleza interdisciplinaria de las redes, este trabajo se podría extender hacia otras disciplinas que estudian el comportamiento de las sociedades. Por ejemplo el impacto de una crisis entre países con diferentes índices económicos y sociales. ¿Cómo afecta la restricción del movimiento al ser humano? ¿Por qué la estrategia quédate en casa no es factible para ciertos grupos de personas? ¿Qué significa que los índices de violencia familiar hayan aumentado durante el confinamiento?

Como ya se ha mencionado en este trabajo anteriormente, las redes se presentan en muchos aspectos de la sociedad moderna y el estudio de ellas apenas empieza a ser explotado. Seguro que en el futuro encontraremos más modelos de redes aplicados a fenómenos sociales, científicos y empresariales.

Bibliografía

- [1] Sharon Chaiklin and Hilda Wengrower. *The art and science of dance/movement therapy: Life is dance*. Routledge, 2015.
- [2] Leonhard Euler. Solutio problematis ad geometriam situs pertinentis. *Commentarii academiae scientiarum Petropolitanae*, pages 128–140, 1741.
- [3] Paul Hoffman. *The man who loved only numbers: The story of Paul Erdős and the search for mathematical truth*. Hachette Books, 1998.
- [4] Stanley Milgram. The small world problem. *Psychology today*, 2(1):60–67, 1967.
- [5] Albert-László Barabási and Réka Albert. Emergence of scaling in random networks. *science*, 286(5439):509–512, 1999.
- [6] Paul Erdős and Alfréd Rényi. On the evolution of random graphs. *Publ. Math. Inst. Hung. Acad. Sci*, 5(1):17–60, 1960.
- [7] Edgar N Gilbert. Random graphs. *The Annals of Mathematical Statistics*, 30(4):1141–1144, 1959.
- [8] Albert-László Barabási et al. *Network science*. Cambridge university press, 2016.
- [9] Duncan J Watts and Steven H Strogatz. Collective dynamics of ‘small-world’ networks. *nature*, 393(6684):440–442, 1998.

-
- [10] Charalampos Sergiou, Marios Lestas, Pavlos Antoniou, Christos Liaskos, and Andreas Pitsillides. Complex systems: A communication networks perspective towards 6G. *IEEE Access*, 8:89007–89030, 2020.
- [11] B Obregón-Quintana, R Hernández-Pérez, and L Guzmán-Vargas. Algunas propiedades de transporte en redes de mundo-pequeno y libres de escala. *Revista Mexicana de Física*, 58(1):69–75, 2012.
- [12] Stefano Boccaletti, Vito Latora, Yamir Moreno, Martin Chavez, and D-U Hwang. Complex networks: Structure and dynamics. *Physics reports*, 424(4-5):175–308, 2006.
- [13] Manlio De Domenico, Clara Granell, Mason A Porter, and Alex Arenas. The physics of spreading processes in multilayer networks. *Nature Physics*, 12(10):901–906, 2016.
- [14] Manlio De Domenico, Albert Solé-Ribalta, Sergio Gómez, and Alex Arenas. Navigability of interconnected networks under random failures. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 111(23):8351–8356, 2014.
- [15] Michael Batty. *The new science of cities*. MIT press, 2013.
- [16] Injong Rhee, Minsu Shin, Seongik Hong, Kyunghan Lee, Seong Joon Kim, and Song Chong. On the levy-walk nature of human mobility. *IEEE/ACM transactions on networking*, 19(3):630–643, 2011.
- [17] Marta C Gonzalez, Cesar A Hidalgo, and Albert-Laszlo Barabasi. Understanding individual human mobility patterns. *nature*, 453(7196):779–782, 2008.
- [18] Leon Danon, Thomas A House, Jonathan M Read, and Matt J Keeling. Social encounter networks: collective properties and disease transmission. *Journal of The Royal Society Interface*, 9(76):2826–2833, 2012.
- [19] Anastasios Noulas, Salvatore Scellato, Renaud Lambiotte, Massimiliano Pontil, and Cecilia Mascolo. A tale of many cities: universal patterns in human urban mobility. *PloS one*, 7(5):e37027, 2012.

-
- [20] Matteo Zignani, Sabrina Gaito, and Gianpaolo Rossi. Extracting human mobility and social behavior from location-aware traces. *Wireless Communications and Mobile Computing*, 13(3):313–327, 2013.
- [21] Mathieu Génois, Christian L Vestergaard, Ciro Cattuto, and Alain Barrat. Compensating for population sampling in simulations of epidemic spread on temporal contact networks. *Nature communications*, 6(1):1–13, 2015.
- [22] Alain Barrat, Ciro Cattuto, Vittoria Colizza, Francesco Gesualdo, Lorenzo Isella, Elisabetta Pandolfi, J-F Pinton, Lucilla Ravà, Caterina Rizzo, Mariateresa Romano, et al. Empirical temporal networks of face-to-face human interactions. *The European Physical Journal Special Topics*, 222(6):1295–1309, 2013.
- [23] Vitaly Belik, Theo Geisel, and Dirk Brockmann. Natural human mobility patterns and spatial spread of infectious diseases. *Physical Review X*, 1(1):011001, 2011.
- [24] Gabriel Ramos-Fernández, José L Mateos, Octavio Miramontes, Germinal Cocho, Hernán Larralde, and Barbara Ayala-Orozco. Lévy walk patterns in the foraging movements of spider monkeys (*ateles geoffroyi*). *Behavioral ecology and Sociobiology*, 55(3):223–230, 2004.
- [25] Michael A Lomholt, Koren Tal, Ralf Metzler, and Klafter Joseph. Lévy strategies in intermittent search processes are advantageous. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 105(32):11055–11059, 2008.
- [26] Dirk Brockmann, Lars Hufnagel, and Theo Geisel. The scaling laws of human travel. *Nature*, 439(7075):462–465, 2006.
- [27] Clifford T Brown, Larry S Liebovitch, and Rachel Glendon. Lévy flights in dobe ju/'hoansi foraging patterns. *Human Ecology*, 35(1):129–138, 2007.
- [28] Sophie Bertrand, Julian M Burgos, François Gerlotto, and Jaime Atiquipa. Lévy trajectories of peruvian purse-seiners as an indicator of

- the spatial distribution of anchovy (*engraulis ringens*). *ICES Journal of Marine Science*, 62(3):477–482, 2005.
- [29] Filippo Radicchi, Andrea Baronchelli, and Luís AN Amaral. Rationality, irrationality and escalating behavior in lowest unique bid auctions. *PloS one*, 7(1):e29910, 2012.
- [30] Chaoming Song, Tal Koren, Pu Wang, and Albert-László Barabási. Modelling the scaling properties of human mobility. *Nature Physics*, 6(10):818–823, 2010.
- [31] AP Riascos and José L Mateos. Emergence of encounter networks due to human mobility. *PloS one*, 12(10):e0184532, 2017.
- [32] Michael Small and Chi K Tse. Small world and scale free model of transmission of sars. *International Journal of Bifurcation and Chaos*, 15(05):1745–1755, 2005.
- [33] Dirección General de Gobierno Electrónico de la Agencia Digital de Innovación Pública del Gobierno de la Ciudad de México. <https://modelo.covid19.cdmx.gob.mx/modelo-epidemico>, 2020.
- [34] Shigui Ruan, Wendi Wang, and Simon A Levin. The effect of global travel on the spread of sars. *Mathematical Biosciences & Engineering*, 3(1):205, 2006.
- [35] Romualdo Pastor-Satorras and Alessandro Vespignani. Epidemic spreading in scale-free networks. *Physical review letters*, 86(14):3200, 2001.
- [36] Romualdo Pastor-Satorras, Claudio Castellano, Piet Van Mieghem, and Alessandro Vespignani. Epidemic processes in complex networks. *Reviews of modern physics*, 87(3):925, 2015.
- [37] Bo Lewin, Kerstin Fugl-Meyer, Gisela Helmius, Ann Lalos, and Sven-Axel Månsson. *Sex i Sverige; Om sexuallivet i Sverige 1996*. Folkhälsoinstitutet, 1998.

-
- [38] Fredrik Liljeros, Christofer R Edling, Luis A Nunes Amaral, H Eugene Stanley, and Yvonne Åberg. The web of human sexual contacts. *Nature*, 411(6840):907–908, 2001.
- [39] Anne Schneeberger, Catherine H Mercer, Simon AJ Gregson, Neil M Ferguson, Constance A Nyamukapa, Roy M Anderson, Anne M Johnson, and Geoff P Garnett. Scale-free networks and sexually transmitted diseases: a description of observed patterns of sexual contacts in britain and zimbabwe. *Sexually transmitted diseases*, 31(6):380–387, 2004.
- [40] Vittoria Colizza, Alain Barrat, Marc Barthélemy, and Alessandro Vespignani. The role of the airline transportation network in the prediction and predictability of global epidemics. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(7):2015–2020, 2006.
- [41] Roger Guimera, Stefano Mossa, Adrian Turttschi, and LA Nunes Amaral. The worldwide air transportation network: Anomalous centrality, community structure, and cities’ global roles. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(22):7794–7799, 2005.
- [42] Naoki Masuda and Petter Holme. Predicting and controlling infectious disease epidemics using temporal networks. *F1000prime reports*, 5, 2013.
- [43] Organización Mundial de la Salud. Novel coronavirus-(2020), <https://www.who.int/csr/don/12-january-2020-novel-coronavirus-china/en/>, 2020.
- [44] Ensheng Dong, Hongru Du, and Lauren Gardner. An interactive web-based dashboard to track covid-19 in real time. *The Lancet infectious diseases*, 20(5):533–534, 2020.
- [45] Moritz UG Kraemer, Chia-Hung Yang, Bernardo Gutierrez, Chieh-Hsi Wu, Brennan Klein, David M Pigott, Louis Du Plessis, Nuno R Faria, Ruoran Li, William P Hanage, et al. The effect of human mobility and control measures on the covid-19 epidemic in china. *Science*, 368(6490):493–497, 2020.

-
- [46] Kyu-Min Lee, Byungjoon Min, and Kwang-Il Goh. Towards real-world complexity: an introduction to multiplex networks. *The European Physical Journal B*, 88(2):48, 2015.
- [47] Jung Yeol Kim and K-I Goh. Coevolution and correlated multiplexity in multiplex networks. *Physical review letters*, 111(5):058702, 2013.
- [48] Edwin Montes-Orozco, Roman-Anselmo Mora-Gutiérrez, Sergio-Gerardo De-Los-Cobos-Silva, Eric-Alfredo Rincón-García, Gilberto-Sinuhe Torres-Cockrell, Jorge Juárez-Gómez, Bibiana Obregón-Quintana, Pedro Lara-Velázquez, and Miguel-ángel Gutierrez-Andrade. Identification of covid-19 spreaders using multiplex networks approach. *IEEE Access*, 8:122874–122883, 2020.
- [49] Alberto Aleta, David Martín-Corral, Ana Pastore y Piontti, Marco Ajelli, Maria Litvinova, Matteo Chinazzi, Natalie E Dean, M Elizabeth Halloran, Ira M Longini Jr, and Alex Pentland-Alessandro Vespignani Esteban Moro Yamir Moreno Merler, Stefano Merler. Modelling the impact of testing, contact tracing and household quarantine on second waves of covid-19. *Nature Human Behaviour*, 4(9):964–971, 2020.
- [50] Alberto Aleta, David Martín-Corral, Ana Pastore y Piontti, Marco Ajelli, Maria Litvinova, Matteo Chinazzi, Natalie E Dean, M Elizabeth Halloran, Ira M Longini Jr, and Alex Pentland-Alessandro Vespignani Esteban Moro Yamir Moreno Merler, Stefano Merler. Supplementary material: Modeling the impact of social distancing, testing, contact tracing and household quarantine on second-wave scenarios of the covid-19 epidemic. 2020.
- [51] Luca Ferretti, Chris Wymant, Michelle Kendall, Lele Zhao, Anel Nurtay, Lucie Abeler-Dörner, Michael Parker, David Bonsall, and Christophe Fraser. Quantifying sars-cov-2 transmission suggests epidemic control with digital contact tracing. *Science*, 368(6491), 2020.
- [52] Mirjam E Kretzschmar, Ganna Rozhnova, Martin CJ Bootsma, Michiel van Boven, Janneke HHM van de Wijert, and Marc JM Bonten. Impact

of delays on effectiveness of contact tracing strategies for covid-19: a modelling study. *The Lancet Public Health*, 5(8):e452–e459, 2020.

- [53] Comisión Económica para América Latina y el Caribe (CEPAL). Enfrentar los efectos cada vez mayores del covid-19 para una reactivación con igualdad: nuevas proyecciones, <https://www.cepal.org>, 2020.
- [54] Stephanie Shiau, Kristen D Krause, Pamela Valera, Shobha Swaminathan, and Perry N Halkitis. The burden of covid-19 in people living with hiv: a syndemic perspective. *AIDS and Behavior*, pages 1–6, 2020.