



Escuela Politécnica Superior
Universidad Autónoma de Madrid

Un estudio de posibles estrategias de vacunación para covid-19 basadas en grafos de redes sociales

TRABAJO DE FIN DE GRADO

Grado en Ingeniería Informática

Autor: Miguel García Moya

Tutor: Simone Santini

Curso 2020-2021

Índice general

1	Introducción	1
2	Modelos previos	3
2.1	Modelos epidemiológicos	3
2.2	Modelos de grafos aleatorios	4
2.3	Modelos de difusión	6
3	Preparación de la simulación	9
3.1	Modelo efectivo	9
3.1.1	Modelo de grafos	9
3.1.2	Modelo epidemiológico	10
3.2	Elección de parámetros	11
3.3	Estrategias a probar	12
4	Resultados	15
5	Conclusiones y trabajo futuro	37

Índice de figuras

2.1	Cadena de Markov: modelo SIR.	6
3.1	Transición de estados.	10
4.1	Resultados 10 %, $A\alpha$	17
4.2	Resultados 10 %, $A\beta$	17
4.3	Resultados 10 %, $B\alpha$	18
4.4	Resultados 10 %, $B\beta$	18
4.5	Resultados aleatorio-popular, $A\alpha$	19
4.6	Resultados aleatorio-popular, $A\beta$	19
4.7	Resultados aleatorio-popular, $B\alpha$	20
4.8	Resultados aleatorio-popular, $B\beta$	20
4.9	Resultados aleatorio-conectado, $A\alpha$	21
4.10	Resultados aleatorio-conectado, $A\beta$	21
4.11	Resultados aleatorio-conectado, $B\alpha$	22
4.12	Resultados aleatorio-conectado, $B\beta$	22
4.13	Resultados aleatorio-clustering, $A\alpha$	23
4.14	Resultados aleatorio-clustering, $B\alpha$	23
4.15	Resultados aleatorio-PageRank, $A\alpha$	24
4.16	Resultados aleatorio-PageRank, $B\alpha$	24
4.17	Resultados popular-aleatorio, $A\alpha$	25
4.18	Resultados popular-conectado, $A\alpha$	25
4.19	Resultados popular-conectado, $B\alpha$	26
4.20	Resultados popular-PageRank, $A\alpha$	26
4.21	Resultados clustering-aleatorio, $B\alpha$	27
4.22	Resultados clustering-popular, $A\alpha$	27
4.23	Resultados clustering-popular, $B\alpha$	28
4.24	Jóvenes clustering-popular, $A\alpha$	28
4.25	Mayores clustering-popular, $A\alpha$	29
4.26	Jóvenes clustering-popular, $B\alpha$	29
4.27	Mayores clustering-popular, $B\alpha$	30
4.28	Jóvenes aleatorio-conectado, $A\alpha$	30
4.29	Mayores aleatorio-conectado, $A\alpha$	31
4.30	Jóvenes aleatorio-conectado, $B\alpha$	31
4.31	Mayores aleatorio-conectado, $B\alpha$	32
4.32	Jóvenes clustering-popular, $A\alpha$	32
4.33	Mayores clustering-popular, $A\alpha$	33

4.34 Jóvenes clustering-popular, $B\alpha$.	33
4.35 Mayores clustering-popular, $B\alpha$.	34
4.36 Jóvenes aleatorio-PageRank, $A\alpha$.	34
4.37 Mayores aleatorio-PageRank, $A\alpha$.	35
4.38 Jóvenes aleatorio-PageRank, $B\alpha$.	35
4.39 Mayores aleatorio-PageRank, $B\alpha$.	36

Índice de ecuaciones

2.1 Ecuaciones modelo SIR	3
2.2 Ecuaciones modelo SIRV	4
2.3 Ecuaciones modelo SIR con reinfección	4
2.4 Probabilidad de enlace preferente	5
2.5 Condición de modelo de Markov	6
2.6 Probabilidad de transición $S \rightarrow I$	7
3.1 Ecuaciones modelo SIR efectivo	12
3.2 Solución $I(t)$	12
3.3 Relación entre ϕ y ρ	12
3.4 Aproximación de $V(t)$	12
3.5 Solución de ϕ y ρ	12
3.6 Relación entre R_0 y β	12

Resumen

Con el objetivo de diseñar una estrategia de vacunación efectiva para una epidemia tal como el covid-19, creamos un modelo de difusión de una enfermedad sobre una red social, partiendo del modelo de grafos de Barabási-Albert y del modelo de enfermedades SIR. El modelo utilizado diferencia entre la población general y la vulnerable, con diferentes parámetros epidemiológicos, uniendo dos grafos generados considerando las diferencias en la interacción de cada grupo. A partir de este modelo, simulamos la expansión de la epidemia sobre la población en función del porcentaje de vacuna disponible y de la estrategia usada para priorizar su administración, considerando opciones como dar prioridad a las personas con más contactos, a las más conectadas a los vulnerables, y medidas más abstractas como el coeficiente de clustering o la puntuación de PageRank. Los resultados nos indican que el aislamiento de la población vulnerable, la vacunación de la población general cercana a la vulnerable y un cambio de tendencia hacia vacunar a la población vulnerable con el tiempo reducen la mortalidad más efectivamente.

Palabras clave— vacunación, covid-19, grafos, redes sociales, modelos

Abstract

Aiming to design an effective vaccination strategy for an epidemic such as the covid-19, we create a diffusion model of a disease over a social network, starting from the Barabási-Albert graph model and the SIR epidemic model. The model that we use differentiates between the general population and the vulnerable, with different epidemiological parameters, by joining two graphs generated taking into account the differences in social interactions of each group. From there, we simulate the expansion of the epidemic over the population depending on the percentage of available vaccine and the strategy used to prioritize its administration, considering options such as giving priority to the most connected people, to the closest to the vulnerable, or more abstract metrics such as the clustering coefficient or the PageRank score. The results show that the proper isolation of the vulnerable population, the vaccination of the general population closest to the vulnerable, and shifting towards heavier vaccination of the vulnerable over time decreases the mortality most effectively.

Keywords— vaccination, covid-19, graphs, social network, models

CAPÍTULO 1

Introducción

La vacunación del SARS-cov2 ha sido un evento importante a lo largo de este año, con un número de proyectos para el desarrollo de vacunas, y con millones de dosis administradas a la población de todo el mundo. No obstante, la existencia de una vacuna y su administración no garantiza inmunidad general: la vacuna tiene que ser administrada a un porcentaje importante de la población, y eso requiere un tiempo de producción y distribución. Además, la distribución de la vacuna es inherentemente desigual entre países, con los países ricos del primer mundo recibiendo la mayor parte de la producción, dejando a otros países con una cantidad insuficiente para vacunar a toda la población.

Ante esta situación, es necesario desarrollar una estrategia de vacunación, con el objetivo de maximizar el impacto de las dosis disponibles sobre la expansión de la pandemia y sobre su letalidad. Con este objetivo, desarrollamos un modelo sobre la expansión de una infección para estudiar estrategias de vacunación con la presencia de un grupo vulnerable en la población, bajo distintas hipótesis sobre la disponibilidad limitada de la vacuna o su distribución.

En este trabajo presentamos un modelo de difusión de una enfermedad en un grafo de relaciones sociales. El modelo permite vacunar a parte de la población usando distintas políticas de vacunación, y verificar el efecto de estas políticas sobre el número de víctimas. Como base para el modelo, utilizamos el modelo SIR [1], modificado para considerar las diferencias en círculos sociales que permiten definir estrategias de vacunación dirigidas. A partir de un modelo general, utilizamos datos epidemiológicos y sociales de España como grupo de prueba.¹

El modelo divide a la población en dos grupos: un grupo de población vulnerable (convencionalmente referido como los mayores) y otro grupo menos vulnerable (los jóvenes). Los parámetros para cada grupo han sido tomados considerando la población de 65+ años para los mayores y de 20-64 años para los jóvenes. Las conexiones entre los jóvenes han sido estimadas utilizando datos de círculos sociales promedios [2], mientras que las conexiones entre los mayores, así como las conexiones entre los dos grupos, son parámetros que variamos en cada prueba.

¹Los datos se han derivado de los informes del Ministerio de Sanidad de España sobre la pandemia, a la página web <https://www.mscbs.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/situacionActual.htm>

Usando este modelo, probamos distintos escenarios variando la fracción de vacuna administrada a los mayores, así como la política que decide a quién se prioriza la vacuna en cada uno de los grupos.

El modelo de red social que se usa en este trabajo fue desarrollado originalmente en [3]. Respecto a ese trabajo, se ha ampliado el número de políticas usadas añadiendo una ordenación por coeficiente de clustering en el grafo y por puntuación de PageRank. Además, se ha extendido la elección de política al grupo de los mayores, con el objetivo de probar distintas combinaciones de estrategias para cada grupo. También se ha ampliado el registro de resultados para guardar los datos de evolución de la pandemia en su totalidad, con el objetivo de analizar profundamente el efecto de cada estrategia.

CAPÍTULO 2

Modelos previos

En este capítulo introduciremos los modelos epidemiológicos y de redes sociales que constituyen la base sobre que desarrollaremos este trabajo. La literatura en este campo es muy vasta, y es claramente imposible hacer un recorrido completo o incluso parcialmente completo. Hablaremos sólo de los modelos fundamentales que tienen una relación directa con nuestro trabajo. En las tres secciones de este capítulo presentaremos el modelo epidemiológico SIR, el grafo aleatorio con que construiremos nuestro modelo de red social, y el modeo de difusión de la enfermedad en este grafo.

2.1. Modelos epidemiológicos

El modelo SIR [1] es un modelo epidemiológico que captura la expansión de una infección a través del contacto entre individuos. El nombre proviene de los tres estados: *susceptible*, *infectado* y *recuperado*, relacionados entre sí por ecuaciones diferenciales. En la versión más simple del modelo, no se considera la desigualdad en la interacción entre individuos, tiempo de incubación de la enfermedad u otros factores similares. No obstante, es un modelo extremadamente útil como base para nuestro trabajo.

El modelo SIR divide a la población total en tres subgrupos según su estado, denotando al número de individuos en cada subgrupo en en tiempo t como $S(t), I(t), R(t)$. El sistema de ecuaciones diferenciales que define el modelo es

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I,\end{aligned}\tag{2.1}$$

donde $\beta > 0$ representa el grado de transmisión de la epidemia y $\gamma > 0$ la velocidad de recuperación (con $D = 1/\gamma$ siendo la duración de la infección).

El término SI/N representa el número medio de contactos entre una persona susceptible y un infectado en una unidad de tiempo, y $\beta SI/N$ es el número medio de

personas que se infectan en consecuencia de estos contactos. El modelo se basa en una dinámica de gas libre para las personas: cada persona tiene la misma probabilidad de cruzarse con cualquier otra persona.

Otra versión del modelo SIR considera la letalidad de la epidemia, incluyendo un estado adicional $V(t)$ que representa las *víctimas*. Esta forma del modelo, que llamamos SIRV, consiste en un sistema de ecuaciones diferenciales muy similar al del modelo SIR, con esta forma

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \rho V \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \\ \frac{dV}{dt} &= \rho I,\end{aligned}\tag{2.2}$$

donde ρ representa la letalidad de la enfermedad. Este modelo también es conocido como SIRD (donde la D significa *deceased*) [4], para diferenciarlo de otros modelos que consideran la vacunación en el modelo.

Otra versión del modelo considera la posibilidad de reinfección mediante un parámetro ϵ que determina la transición $R \rightarrow S$. En esta versión las ecuaciones son

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \epsilon R - \beta SI \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I - \rho V \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \epsilon R \\ \frac{dV}{dt} &= \rho I.\end{aligned}\tag{2.3}$$

La limitación principal de estos modelos es que no consideran la estructura de las relaciones sociales. El modelo de interacción es el de un gas, en el que cualquier persona se puede relacionar indiferentemente con cualquier otra persona. En realidad, en cualquier red social hay personas con muchos contactos y personas mucho más aisladas. En la siguiente sección presentaremos modelos para describir esta situación.

2.2. Modelos de grafos aleatorios

La interacción entre individuos se representa de forma natural mediante grafos. Formalmente, un grafo es un par $G = (V, E)$, con $V = \{1, \dots, N\}$ y $E \subseteq V \times V$, donde V es el conjunto de *nodos* y E el de *aristas*. En nuestro caso, el grafo es no dirigido ($(u, v) \in E \Leftrightarrow (v, u) \in E$ para todo $u, v \in V$) y sin autociclos ($(u, u) \notin E$ para todo $u \in V$).

Existen diversos modelos que utilizan esta representación de relaciones interpersonales como grafos que buscan modelar las interacciones entre personas de la forma más precisa posible.

Claramente, intentar modelar de manera exacta las relaciones dentro de un grupo de personas es imposible, y tampoco sería muy informativo, dada la especificidad de cada grupo. El método más común es utilizar grafos aleatorios que reproducen características estadísticamente relevantes de las relaciones sociales.

El más sencillo de estos modelos es el modelo de Erdős-Rényi [5]. Este modelo es de *random attachment*, o enlace aleatorio: cada par de nodos se une con probabilidad p . Este modelo produce una distribución del grado de los nodos binomial. No obstante, las interacciones reales no son puramente aleatorias, por lo que este modelo no representa especialmente bien la situación real. Sin embargo, sirve como base para desarrollar un modelo más fiel a la realidad.

El modelo que más nos interesa es el de Barabási-Albert [6]. Este modelo es de *preferential attachment*, o enlace preferente: la probabilidad de crear un enlace entre dos nodos depende de la cantidad de enlaces que los nodos tengan previamente, “*rich get richer*”. El grafo se construye iterativamente, con los nodos nuevos creando enlaces con los antiguos en el momento de creación. Este modelo produce una distribución *power law* del grado de los nodos, lo que se asemeja más a la situación que se da en la realidad. En este modelo, la probabilidad de crear un enlace al nodo i en el tiempo t es

$$P[j \leftrightarrow i] = \frac{d(t, i)}{\sum_{k=1}^{j-1} d(t, k)}, \quad (2.4)$$

donde $d(t, i)$ representa el número de vecinos (o grado) del nodo i en el tiempo t . El algoritmo para generar un grafo mediante enlace preferente, con parámetros n número de nodos y q número de enlaces que añadir a un nodo (en el momento de creación), es:

```

1:  $V \leftarrow \{1\}$ 
2:  $E \leftarrow \emptyset$ 
3:  $d \leftarrow [0 | k = 1, \dots, n]$ 
4: for  $k = 2, \dots, n$  do
5:    $m \leftarrow 0$ 
6:    $V \leftarrow V \cup \{k\}$ 
7:   for  $c = 1, \dots, q$  do
8:      $u \leftarrow \text{pref\_random}(d[1], \dots, d[k-1])$ 
9:      $E \leftarrow E \cup \{(k, u), (u, k)\}$ 
10:     $d[u] \leftarrow d[u] + 1$ 
11:     $m \leftarrow m + 1$ 
12:   end for
13:    $d[k] \leftarrow m$ 
14: end for

```

donde *pref_random* escoge un elemento de los recibidos como argumento de forma aleatoria, con las probabilidades dadas en (2.4).

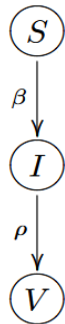


Figura 2.1: Cadena de Markov: modelo SIR.

Cadena de Markov que representa el estado de la enfermedad de un individuo según el modelo SIR.

Existen otros modelos que buscan representar otros comportamientos de las redes sociales reales, como la creación de subcomunidades muy interconectadas pero con pocos contactos externos a la subcomunidad. Algunos de estos modelos buscan recrear las llamadas “redes de mundo pequeño” [7], un patrón que se ha observado en redes muy diversas caracterizado por subcomunidades muy definidas.

2.3. Modelos de difusión

La evolución de una epidemia en una red social es, esencialmente, un proceso de difusión en grafos. Este proceso se ha estudiado usando principalmente dos familias de métodos: la *Bond percolation* [8] y las cadenas de Markov [9]. Nos centraremos en estos últimos.

Un modelo de Markov, también llamado cadena de Markov, es un modelo de probabilidad en el que la probabilidad de un evento depende únicamente del evento inmediatamente anterior [10]. Formalmente, una secuencia de variables aleatorias $X_1, \dots, X_n \dots$ es un proceso de Markov si, para todo n

$$P(X_n | X_{n-1}, \dots, X_0) = P(X_n | X_{n-1}) \quad (2.5)$$

Las probabilidades de transición pueden representarse mediante una matriz cuadrada $n \times n$, donde n es el número de estados posibles. Esta matriz, generalmente denominada P , cumple que es una matriz estocástica: una matriz cuyos elementos son todos positivos y la suma de cada fila es 1. Esta construcción nos permite obtener de forma sencilla las probabilidades de transición a lo largo de múltiples pasos: la matriz P^m nos da las probabilidades de transición en m pasos.

La evolución de una enfermedad en un individuo se puede modelar mediante una cadena de Markov. Por ejemplo, usando los estados definidos en el modelo SIR, podemos hacer este diagrama 2.1.

En el caso de difusión de una enfermedad, la probabilidad de transición $S \rightarrow I$ para un nodo u depende del número de vecinos infectados, $N_I(u)$:

$$P[S \rightarrow I] = 1 - (1 - \beta)^{N_I(u)} \quad (2.6)$$

Esto implica que los nodos no son cadenas de Markov independientes: la probabilidad de transición de un nodo depende del estado de los vecinos. Por otro lado, un grafo con n nodos se puede modelar, en su totalidad, como una cadena de Markov con 3^n estados, donde el estado es determinado por el estado (S, I, R) de cada nodo [9]. Este número muy alto constituye un obstáculo para el estudio teórico de ciertas propiedades de la cadena, pero no constituye un obstáculo para las simulaciones que llevaremos a cabo, cuya complejidad es $O(nT)$, donde T es la duración del tiempo simulado.

Preparación de la simulación

3.1. Modelo efectivo

3.1.1. Modelo de grafos

Los grafos aleatorios como el de Barabási-Albert [6] son un buen modelo de las relaciones interpersonales que existen en una red social, pero consideran una población uniforme—es decir, todos los individuos tienen las mismas características. Este modelo no es adecuado para nuestro problema, para el que necesitamos distinguir por lo menos dos tipos de personas: las más vulnerables (típicamente los mayores) y las menos vulnerables (los más jóvenes). Por tanto, en este trabajo creamos un modelo específico basado en el Barabási-Albert que permite modelar esta distinción. El modelo apareció originalmente en [3].

El modelo que utilizamos en la simulación consiste en dos grafos generados por el modelo de Barabási-Albert, uno para los jóvenes y otro para los mayores, posteriormente interconectados por enlace preferente. El motivo por el que se ha usado enlace preferente para unir los dos grafos busca representar cómo unos pocos jóvenes, tales como trabajadores de residencias, tienen muchos contactos con los mayores, mientras que la mayoría de jóvenes tiene pocos contactos en ese grupo. Se asume que la interacción de cada nodo con sus vecinos es uniforme, es decir, no existen múltiples aristas entre dos nodos. Específicamente, el modelo es generado de esta forma:

1. Se generan dos grafos mediante el modelo de Barabási-Albert. El primero es $G_y = (V_y, E_y)$ generado con parámetros N_y y q_y , resultando en un grafo con exponente (de la distribución *power law*) γ_y y con promedio de vecinos por nodo \bar{d}_y , que representa a los jóvenes. El segundo es $G_e = (V_e, E_e)$ generado con parámetros N_e y q_e , resultando en un grafo con exponente γ_e y con promedio de vecinos por nodo \bar{d}_e , que representa a los mayores. Véase la siguiente sección para la elección de los parámetros.

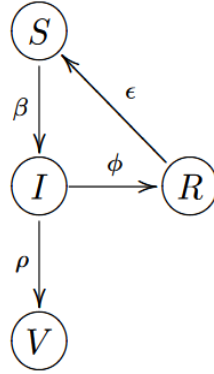


Figura 3.1: Transición de estados.

Diagrama que representa la transición entre estados en el modelo. Extraído de [3].

2. Se unen ambos grafos de esta forma: se generan $N \cdot \bar{d}_{ey}$ aristas entre ambos grafos, dependiendo de un parámetro \bar{d}_{ey} que determina el promedio de enlaces con jóvenes de cada nodo de los mayores. Cada uno de estos enlaces une un nodo de los mayores escogido aleatoriamente con un nodo de los jóvenes escogido mediante enlace preferente, donde la probabilidad se calcula considerando únicamente enlaces que interconectan ambos grafos.

El algoritmo que usamos en el segundo paso es (*unif* escoge un elemento del conjunto dado aleatoriamente con probabilidad uniforme, mientras que *pref_random* escoge un elemento con la probabilidad dada en (2.4) con los d pasados como segundo argumento):

- 1: $V \leftarrow V_y \cup V_e$
- 2: $E \leftarrow E_y \cup E_e$
- 3: $N = |V_e| \cdot \bar{d}_{ey}$
- 4: $d \leftarrow [0|n \in V_y]$
- 5: **for** $k = 1, \dots, N$ **do**
- 6: $u \leftarrow \text{unit}(V_e)$
- 7: $v \leftarrow \text{pref_random}(V_y, d)$
- 8: $E \leftarrow E \cup \{(u, v), (v, u)\}$
- 9: $d[v] \leftarrow d[v] + 1$
- 10: **end for**

3.1.2. Modelo epidemiológico

El modelo epidemiológico que utilizamos contempla cuatro estados: susceptible (S), infectado (I), recuperado (R) y víctima (V). La transición entre estados se lleva a cabo mediante un modelo probabilístico markoviano, representado en el diagrama 3.1.

La transición $S \rightarrow I$ es un poco más compleja de lo representado, ya que considera la probabilidad junto a la interacción del nodo con sus vecinos. El modelo selecciona

un nodo vecino en cada instante de tiempo, y si este nodo vecino está en estado I, entonces el nodo actual pasa a estado I con probabilidad β . Un individuo vacunado no se indica mediante un estado: en su lugar se activa un indicador aparte. Un nodo solo puede vacunarse en estado S, y un nodo vacunado nunca transiciona del estado S.

La administración de la vacuna utiliza un enfoque “*one-shot*”, en el que toda la vacuna disponible es administrado previo al comienzo de la simulación. Este enfoque no es completamente realista, debido a que la vacuna disponible no se administra a la población al mismo tiempo previo a la expansión de la epidemia. Sin embargo, se ha priorizado la simplicidad en esta prueba.

3.2. Elección de parámetros

El modelo depende de dos tipos de parámetros: parámetros sociales que determinan la estructura del grafo, y parámetros epidemiológicos que determinan la expansión de la enfermedad en el grafo. Los primeros son observables directamente, mientras que los segundos se pueden derivar de datos observables. Para este trabajo, los datos utilizados para derivar estos parámetros son basados en los datos de la expansión del covid-19 en España durante el periodo hasta el 25 de marzo, antes de que el confinamiento tuviera un efecto notable sobre la expansión de la epidemia.

El grafo utilizado en este estudio se compone de $N = 5000$ nodos, de los cuales un 80 % son jóvenes ($N_y = 4000$) y un 20 % son mayores ($N_e = 1000$). El subgrafo de los jóvenes es generado con $q = 20$, resultando en $\gamma_y = 1,77$ y $\bar{d}_y = 16,9$. Tras eso se generan varios grafos, con distintos valores de conexión entre los mayores (\bar{d}_e) y de interconexión entre jóvenes y mayores (\bar{d}_{ey}). Los grafos resultantes se dividen en 4 tipos, identificados por dos letras que determinan el parámetro con el que fueron generados. Los grafos de tipo A se caracterizan por pocas conexiones entre mayores, mientras que los grafos de tipo B tienen muchas conexiones entre ellos. Los grafos de tipo α tienen pocas interacciones entre ambos grupos, mientras que los de tipo β tienen mayor interacción entre jóvenes y mayores. Estas diferencias nos permiten analizar los efectos de varias estrategias de vacunación en combinación con otras medidas sanitarias, como el aislamiento de ciertos colectivos o la reducción de contactos con parte de la población.

Los valores epidemiológicos se derivan de los datos observados, utilizando el modelo SIRV como aproximación. Hasta la fecha se han dado muy pocos casos de reinfección, así que asumimos que $\epsilon = 0$.

Asumiendo que tenemos una población de $I(t)$ personas infectadas aisladas, la evolución es descrita mediante las ecuaciones

$$\begin{aligned}\frac{dI}{dt} &= -\phi I - \rho I \\ \frac{dR}{dt} &= \phi I \\ \frac{dV}{dt} &= \rho I\end{aligned}\tag{3.1}$$

La solución para $I(t)$ es dada por

$$I(t) = I_0 \exp(-(\phi + \rho)t) \quad (3.2)$$

donde I_0 es el número inicial de individuos infectados. Tomando el día como la unidad de tiempo y D como la media de días de duración de la enfermedad independientemente de la edad, se obtiene que

$$\phi_y + \rho_y = \phi_e + \rho_e = \frac{1}{D} \quad (3.3)$$

Para determinar los parámetros individuales, utilizamos los datos de letalidad, es decir, el número de muertes dividido por el número de casos. Sean L_y y L_o la letalidad para jóvenes y mayores respectivamente. Para un t grande tenemos que

$$V(t) \approx \frac{\phi}{\phi + \rho} I_0 \quad (3.4)$$

Por tanto podemos expresar así la letalidad, y obtenemos

$$\phi_y = \frac{L_y}{D}, \quad \rho_y = \frac{1 - L_y}{D} \quad (3.5)$$

y equivalentemente para los mayores.

El valor de β es derivado del factor unitario de infección R_0 , dado por

$$R_0 = \frac{\beta}{\phi + \gamma} \quad (3.6)$$

lo que resulta en $\beta = \frac{R_0}{D}$ para cada uno de los grupos.

Los valores utilizados en la simulación se indican en la tabla [3.1](#).

3.3. Estrategias a probar

Las estrategias implementadas son cinco en total:

- Aleatoria: las personas a vacunar son escogidas al azar de entre el grupo. Se utiliza como estrategia de control o como complemento a otra estrategia aplicada en el otro grupo.
- Popular: Se prioriza a las personas con el mayor número de enlaces. Representa vacunar a aquellos con muchos contactos con otros.

Parámetro	Valor
β_y	0,48
β_e	0,48
ϕ_y	0,0044
ϕ_e	0,0111
ρ_y	0,0511
ρ_e	0,0444

Tabla 3.1: Parámetros usados en la simulación.

Parámetros epidemiológicos que se usan en la simulación: y para los jóvenes y e para los mayores

- Conectado: Se priorizando a los nodos con el mayor número de enlaces con el otro grupo. Representa vacunar a aquellos con muchas relaciones con el otro grupo, como por ejemplo los sanitarios de una residencia de ancianos.
- Clustering: se prioriza a las personas con el mayor coeficiente de *clustering*.
- PageRank: se prioriza a las personas cuyo PageRank sea más alto. Representa vacunar a las personas que más probabilidad tienen de tener contactos con otros.

Todas las estrategias implementadas se pueden aplicar a uno de los dos grupos, y pueden combinarse con otra de las estrategias aplicadas al otro grupo como se desee.

Las combinaciones de estrategias que finalmente usaremos serán todas las posibles combinaciones con la estrategia Aleatoria para los mayores, las combinaciones de Popular para los mayores con Aleatoria, Conectado y PageRank para los jóvenes, y las combinaciones de Clustering y PageRank para los mayores con Aleatorio y Popular para los jóvenes. Algunas de estas combinaciones dan resultados muy similares a otras estrategias: en el siguiente apartado solo hablaremos de aquellas estrategias cuyos resultados sean destacables.

El parámetro principal que variamos a lo largo de estas simulaciones es el porcentaje de la vacunación destinada al grupo de los mayores. Otro parámetro que varía entre simulaciones es la cantidad de vacuna disponible, representada como el porcentaje de la población.

CAPÍTULO 4

Resultados

Las gráficas siguientes muestran los resultados más notables obtenidos en la simulación. Cada gráfica muestra la evolución del número de muertes totales con el tiempo dependiendo del porcentaje de la vacuna destinada a la población vulnerable. Los resultados para un grafo distinto, para una combinación de estrategias diferente o un porcentaje de vacunación total distinto se representan en diferentes grafos. También se incluyen gráficas que representan la expansión de la epidemia entre cada uno de los subgrupos de la población para las estrategias con resultados más notables.

Los resultados obtenidos para niveles de vacunación menores a 20% muestran que la estrategia escogida no afecta notablemente al resultado obtenido. La conclusión que sacamos de esta información es que una cantidad importante de la población debe estar vacunada para que la estrategia escogida tenga un efecto perceptible en la expansión de la epidemia. Incluimos gráficas de los resultados para el modo de vacunación aleatorio-popular como referencia [4.1](#), [4.2](#), [4.3](#), [4.4](#).

Adicionalmente, para los grafos de tipo β tampoco se observa una diferencia importante en los resultados en base a la estrategia de vacunación. Los grafos de este tipo poseen mayor interacción entre la población general y la población vulnerable, así que esto nos sugiere que el aislamiento de la población vulnerable es un requisito para el éxito de una estrategia de vacunación. De nuevo, incluimos gráficas de los resultados para estos grafos con las estrategias aleatorio-popular y aleatorio-conectado [4.6](#), [4.8](#), [4.10](#), [4.12](#).

La tendencia general es la esperada en la mayoría de los casos: una mayor vacunación de la población vulnerable provoca una empinada pendiente al inicio de la simulación pero se suaviza pronunciadamente con el tiempo, mientras que una mayor vacunación de la población joven comienza con una curva más baja pero la pendiente alcanza un pico mayor alrededor de la mitad de la simulación.

En la mayoría de los casos, vacunar principalmente a la población vulnerable da los mejores resultados. Esto no nos sorprende: es intuitivo que proteger a la población vulnerable es importante para reducir las muertes. Las dos excepciones principales a esta regla son la combinación clustering-popular [4.22](#), [4.23](#) y las estrategias del modo conectado para los jóvenes, como en [4.9](#) y [4.18](#), en las que destinar la vacuna enteramente a los jóvenes da el mejor resultado.

La primera de estas excepciones nos muestra cómo frenar la expansión de la epidemia es particularmente efectivo, pero no es especialmente aplicable a una estrategia de vacunación por la dificultad de medir el clustering de una red de relaciones entre personas. Las gráficas 4.32 a 4.35 nos muestran este efecto: reducir la expansión de la epidemia entre los jóvenes tiene un efecto particularmente efectivo si la expansión entre los mayores no se ve notablemente afectada. Vemos como en el grafo $A\alpha$ la epidemia llega con fuerza a la población vulnerable en el caso 0%, provocando una subida repentina de muertes en los últimos días en la gráfica 4.22.

La segunda nos da evidencia de cómo la vacunación del personal de primera línea, tal como sanitarios o trabajadores de residencias, puede tener un efecto sobre la letalidad tan efectivo como vacunar a la propia población vulnerable. Para comprobar esta hipótesis, vemos las gráficas 4.28 a 4.31, que nos muestran el efecto de la estrategia en la expansión de la epidemia en cada una de los grupos: observamos que la diferencia entre porcentajes es mínima para esta estrategia, aunque más pronunciada en el grafo $B\alpha$, debido a la mayor relación entre los mayores. En particular, observamos que en el último caso, la curva de infectados entre los jóvenes se suaviza según aumenta la vacunación que reciben, mientras que la curva de infectados entre los mayores es constante 0 para el menor porcentaje: esto explica los resultados para esta estrategia en este grafo.

Un caso interesante de diferencias entre los grafos A y B es el de la estrategia aleatorio-PageRank. En el grafo $A\alpha$, la estrategia PageRank es particularmente efectiva para frenar la expansión de la epidemia entre los jóvenes, como observamos en 4.36, dando una curva con una pendiente inicial más plana que en otros casos en 4.15. Este impulso inicial es suficiente para que el mejor resultado se obtenga con porcentajes menores a 100%. No obstante, en el grafo $B\alpha$ el efecto sobre la expansión sobre los jóvenes es debilitado (4.38), y la expansión sobre los mayores se dispara si toda la vacuna se destina a los jóvenes (4.39). La mayor interacción entre los mayores del grafo $B\alpha$ hace que la vacunación de los jóvenes no frene la expansión de la epidemia, especialmente entre la población vulnerable. Por tanto, la pendiente en 4.16 crece más rápidamente. De nuevo, medir el PageRank de una red “real” es complicado, por lo que aplicar esta estrategia en una situación real es difícil, pero nos muestra los efectos de prevenir la expansión de la epidemia entre la población y la importancia de medidas como el confinamiento domiciliario.

Viendo las estrategias con el menor número de víctimas en el mejor caso, vemos que las excepciones mencionadas previamente, como 4.11 y 4.22, son aquellas en las que se alcanza el mejor resultado. Esto refuerza la idea de priorizar la vacunación del personal de primera línea. No obstante, hay que destacar que estos casos son una excepción, y que los datos empeoran notablemente si la epidemia alcanza a la población vulnerable a pesar de ello, así que seguramente no es aconsejable dejar a toda la población vulnerable sin vacunar.

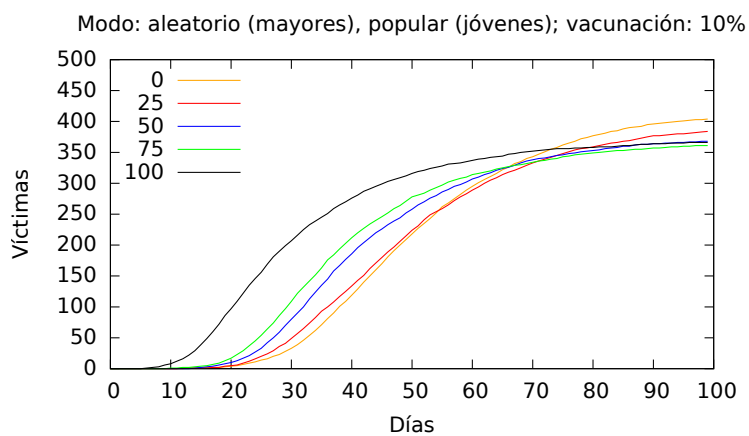


Figura 4.1: Resultados 10%, $A\alpha$.
Resultados para 10%, modo aleatorio-popular, grafo $A\alpha$.

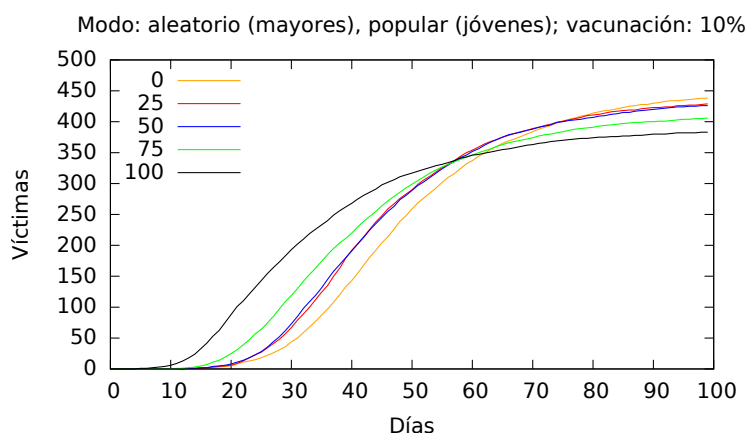


Figura 4.2: Resultados 10%, $A\beta$.
Resultados para 10%, modo aleatorio-popular, grafo $A\beta$.

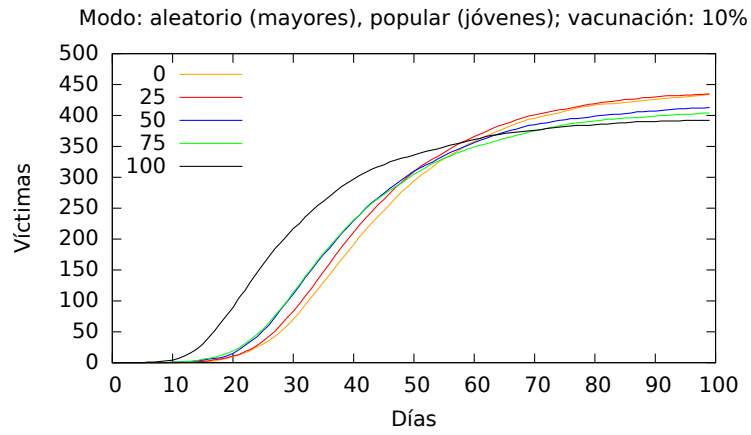


Figura 4.3: Resultados 10 %, $B\alpha$.
Resultados para 10 %, modo aleatorio-popular, grafo $B\alpha$.

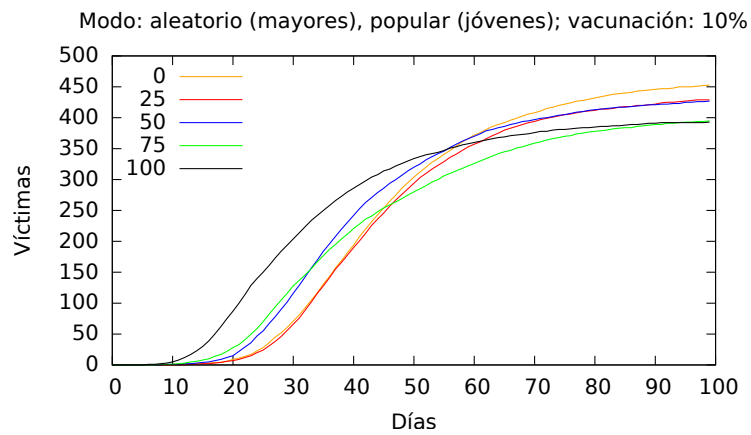


Figura 4.4: Resultados 10 %, $B\beta$.
Resultados para 10 %, modo aleatorio-popular, grafo $B\beta$.

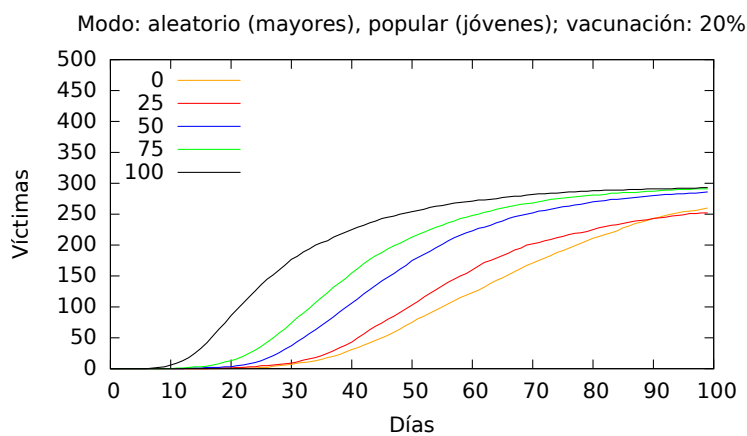


Figura 4.5: Resultados aleatorio-popular, $A\alpha$.
Resultados para 20%, modo aleatorio-popular, grafo $A\alpha$.

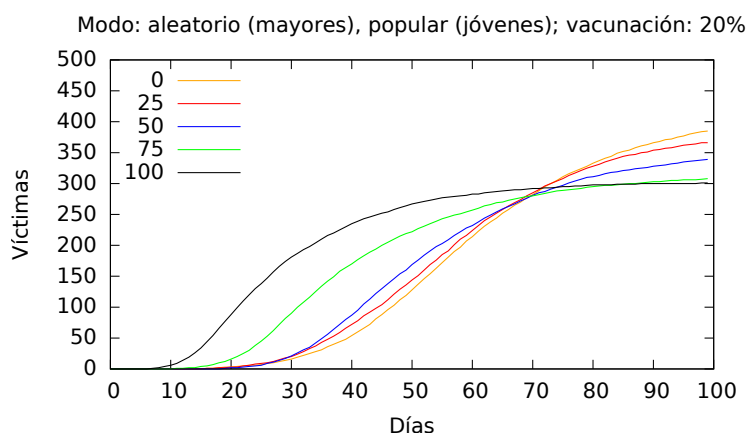


Figura 4.6: Resultados aleatorio-popular, $A\beta$.
Resultados 20%, modo aleatorio-popular, grafo $A\beta$.

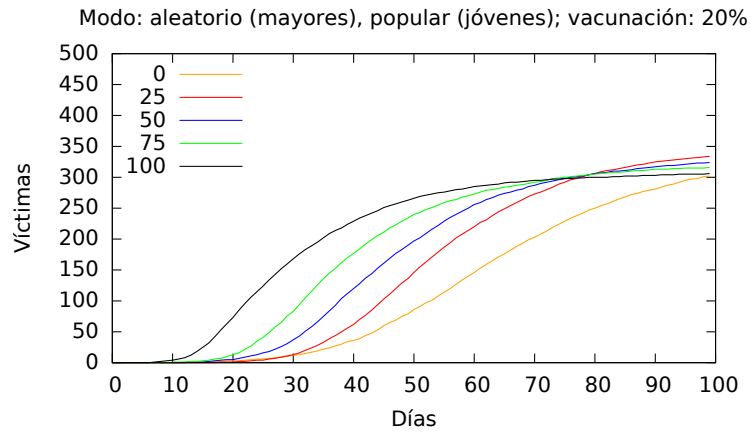


Figura 4.7: Resultados aleatorio-popular, $B\alpha$.
Resultados 20 %, modo aleatorio-popular, grafo $B\alpha$.

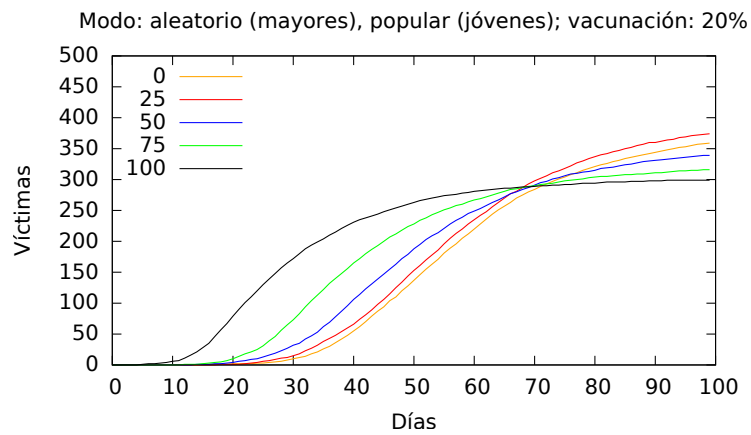


Figura 4.8: Resultados aleatorio-popular, $B\beta$.
Resultados 20 %, modo aleatorio-popular, grafo $B\beta$.

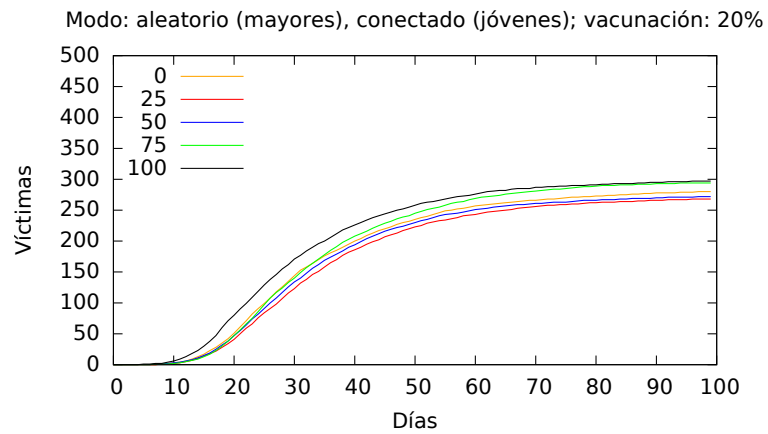


Figura 4.9: Resultados aleatorio-conectado, A_α .
Resultados 20 %, modo aleatorio-conectado, grafo A_α .

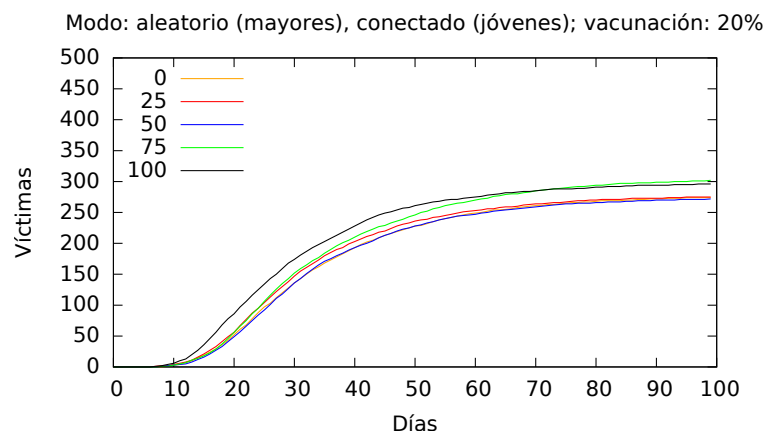


Figura 4.10: Resultados aleatorio-conectado, A_β .
Resultados 20 %, modo aleatorio-conectado, grafo A_β .

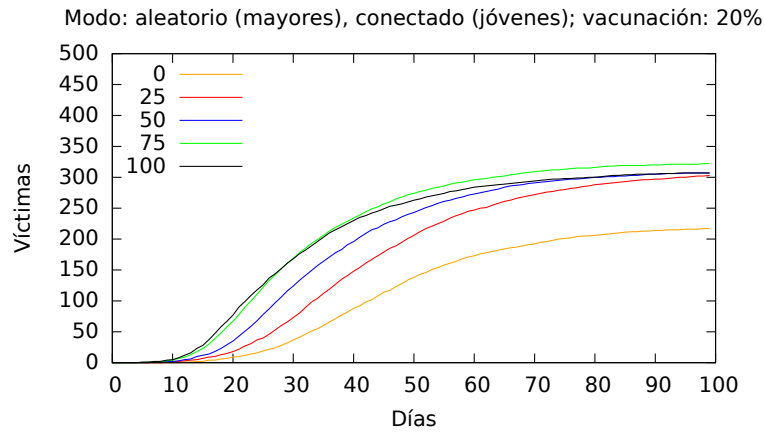


Figura 4.11: Resultados aleatorio-conectado, $B\alpha$.
Resultados 20%, modo aleatorio-conectado, grafo $B\alpha$.

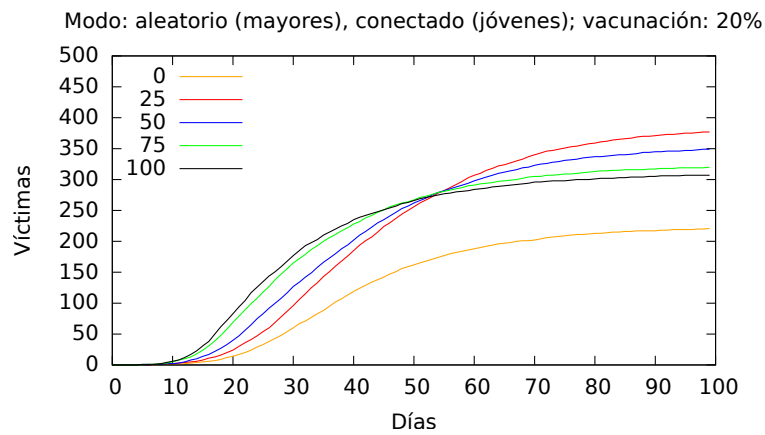


Figura 4.12: Resultados aleatorio-conectado, $B\beta$.
Resultados 20%, modo aleatorio-conectado, grafo $B\beta$.

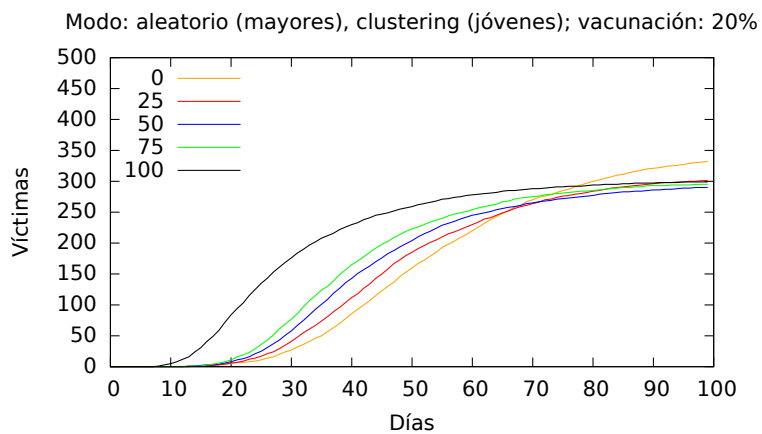


Figura 4.13: Resultados aleatorio-clustering, $A\alpha$.
Resultados 20 %, modo aleatorio-clustering, grafo $A\alpha$.

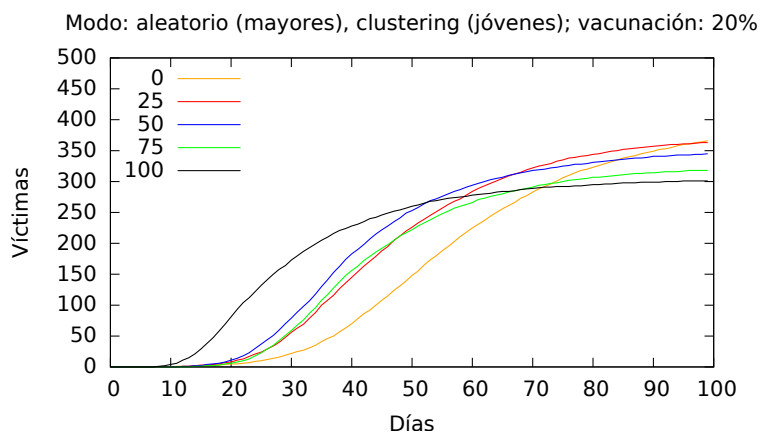


Figura 4.14: Resultados aleatorio-clustering, $B\alpha$.
Resultados 20 %, modo aleatorio-clustering, grafo $B\alpha$.

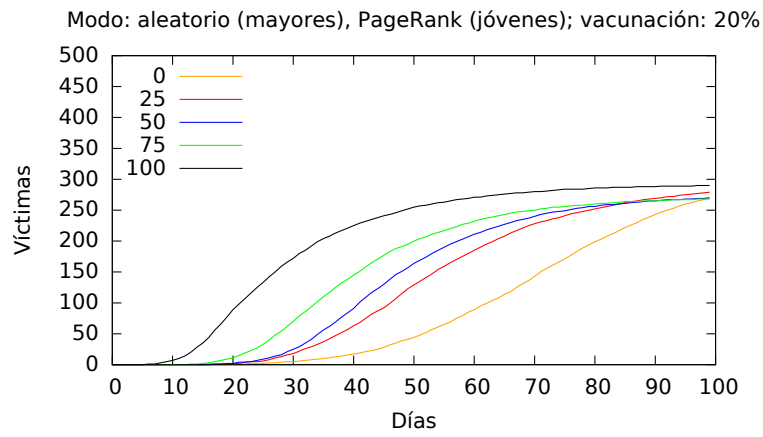


Figura 4.15: Resultados aleatorio-PageRank, $A\alpha$.
Resultados 20%, modo aleatorio-PageRank, grafo $A\alpha$.

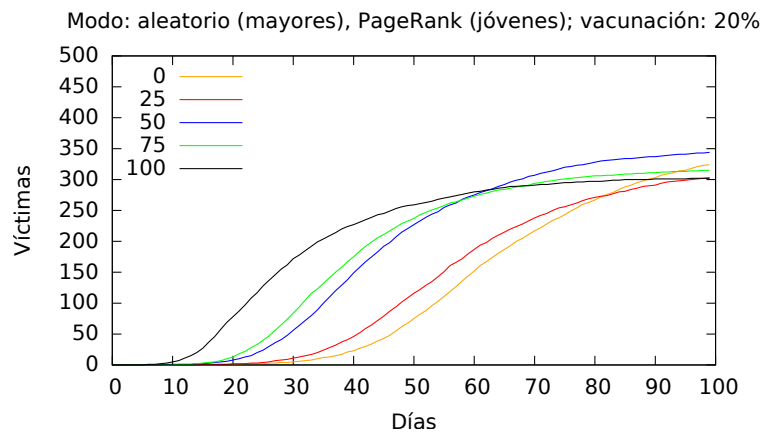


Figura 4.16: Resultados aleatorio-PageRank, $B\alpha$.
Resultados 20%, modo aleatorio-PageRank, grafo $B\alpha$.

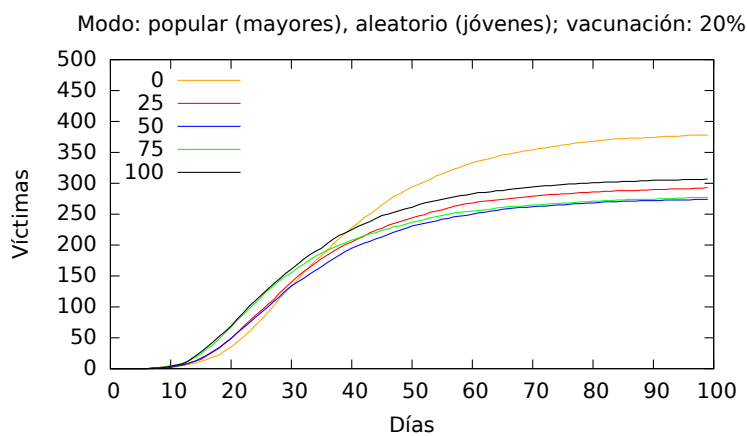


Figura 4.17: Resultados popular-aleatorio, $A\alpha$.
Resultados 20%, modo popular-aleatorio, grafo $A\alpha$.

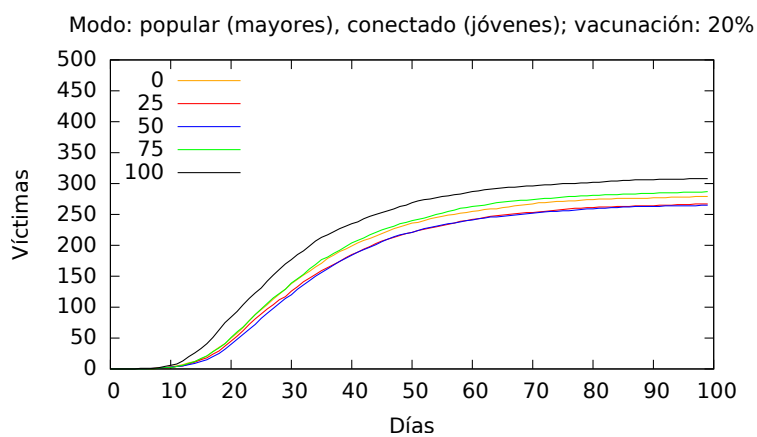


Figura 4.18: Resultados popular-conectado, $A\alpha$.
Resultados 20%, modo popular-conectado, grafo $A\alpha$.

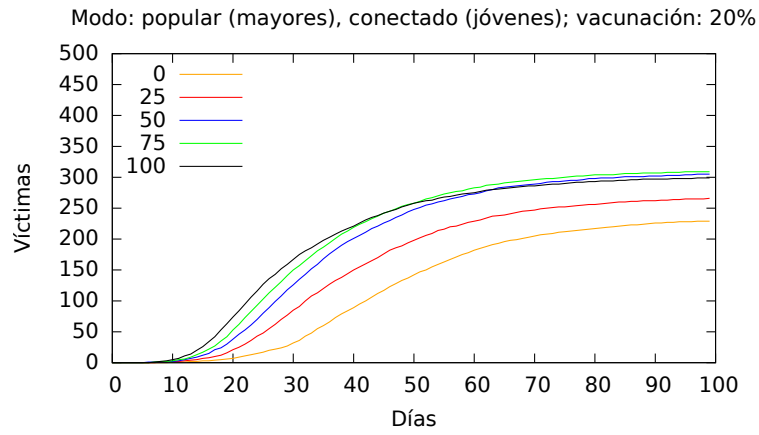


Figura 4.19: Resultados popular-conectado, $B\alpha$.
Resultados 20 %, modo popular-conectado, grafo $B\alpha$.

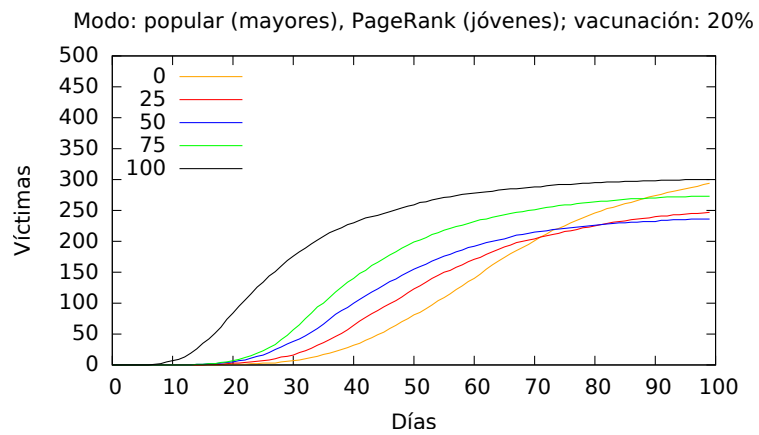


Figura 4.20: Resultados popular-PageRank, $A\alpha$.
Resultados 20 %, modo popular-PageRank, grafo $A\alpha$.

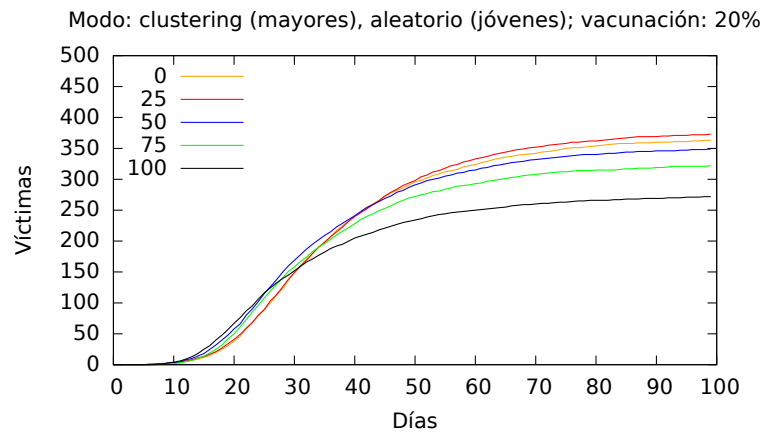


Figura 4.21: Resultados clustering-aleatorio, $B\alpha$.
Resultados 20%, modo clustering-aleatorio, grafo $B\alpha$.

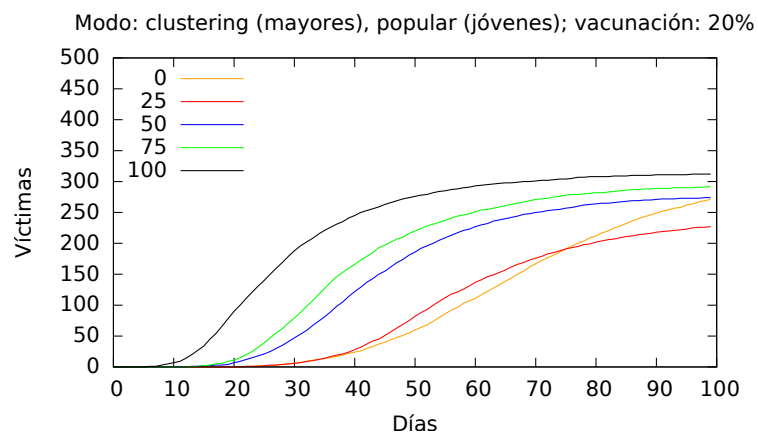


Figura 4.22: Resultados clustering-popular, $A\alpha$.
Resultados 20%, modo clustering-popular, grafo $A\alpha$.

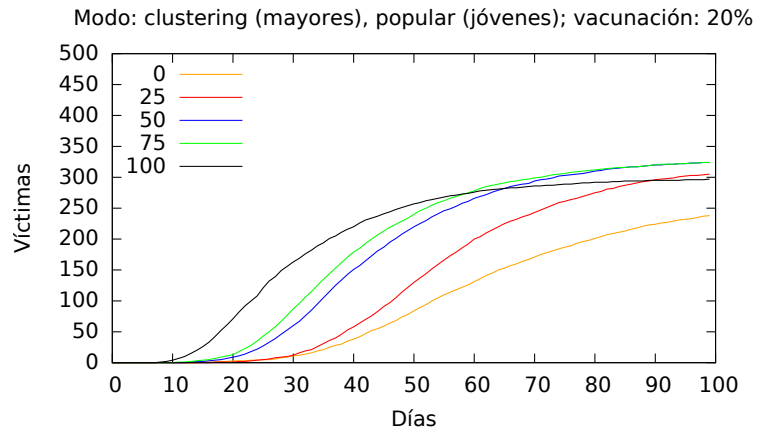


Figura 4.23: Resultados clustering-popular, $B\alpha$.
Resultados 20 %, modo clustering-popular, grafo $B\alpha$.

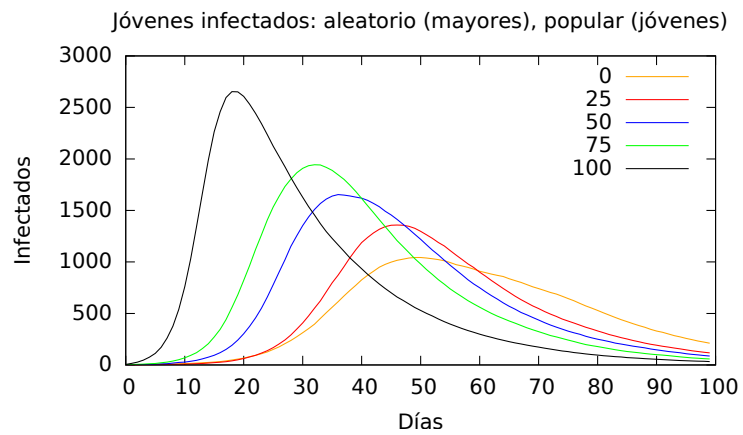


Figura 4.24: Jóvenes clustering-popular, $A\alpha$.
Jóvenes infectados para 20 %, modo aleatorio-popular, grafo $A\alpha$.

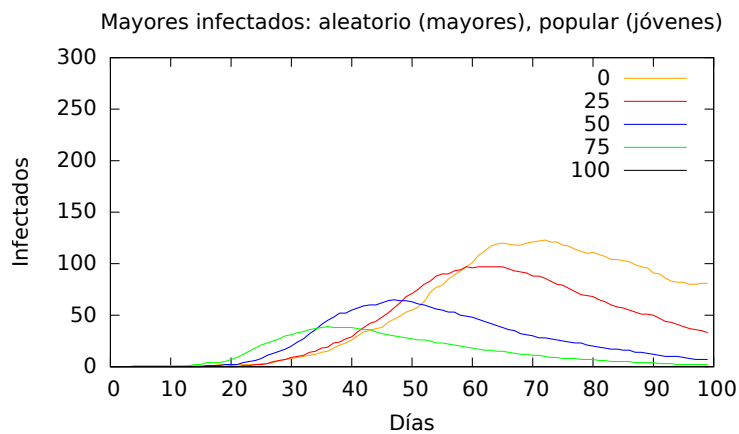


Figura 4.25: Mayores clustering-popular, $A\alpha$.
Mayores infectados para 20%, modo aleatorio-popular, grafo $A\alpha$.

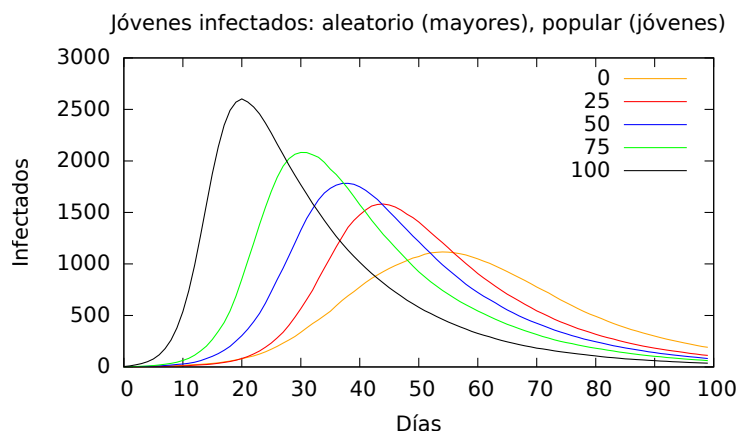


Figura 4.26: Jóvenes clustering-popular, $B\alpha$.
Jóvenes infectados para 20%, modo aleatorio-popular, grafo $B\alpha$.

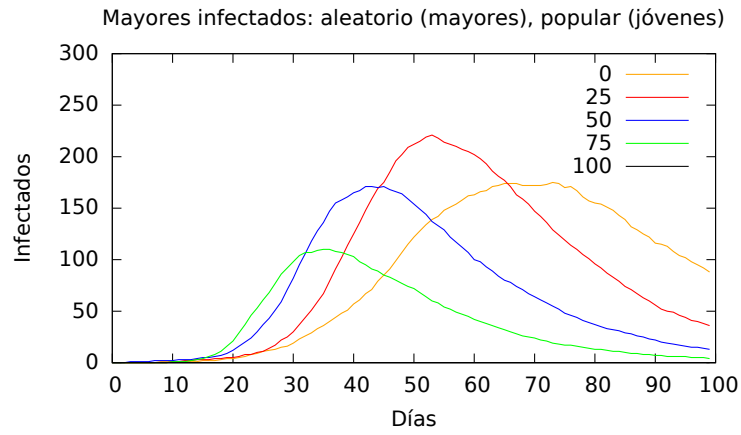


Figura 4.27: Mayores clustering-popular, $B\alpha$.
 Mayores infectados para 20%, modo aleatorio-popular, grafo $B\alpha$.

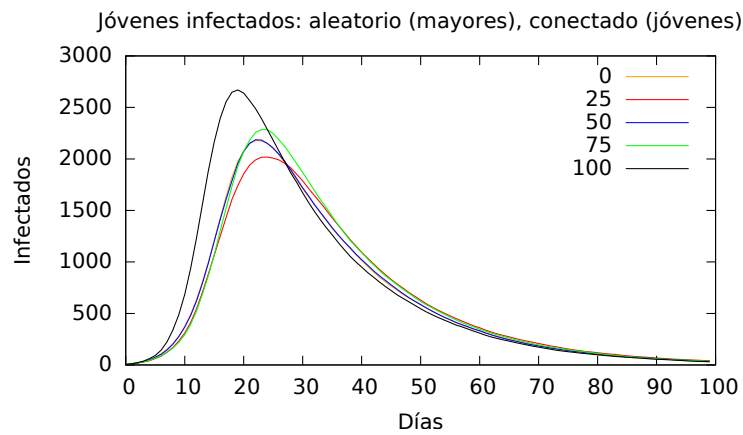


Figura 4.28: Jóvenes aleatorio-conectado, $A\alpha$.
 Jóvenes infectados para 20%, modo aleatorio-conectado, grafo $A\alpha$.

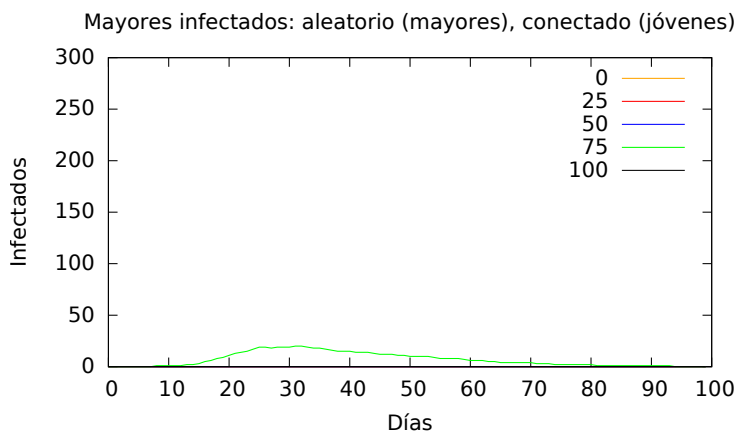


Figura 4.29: Mayores aleatorio-conectado, $A\alpha$.
Mayores infectados para 20%, modo aleatorio-conectado, grafo $A\alpha$.

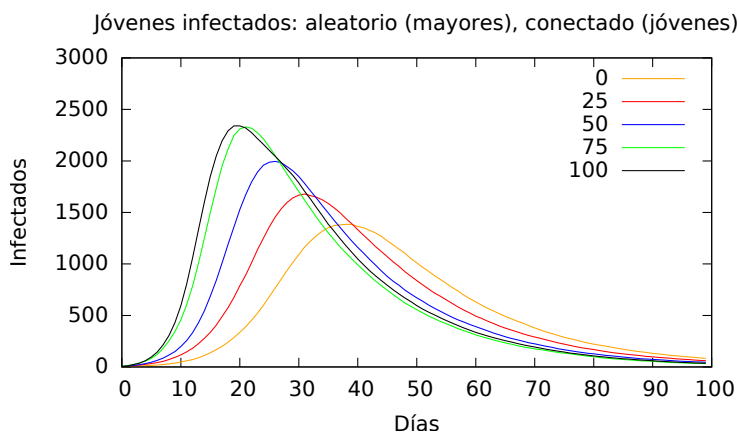


Figura 4.30: Jóvenes aleatorio-conectado, $B\alpha$.
Jóvenes infectados para 20%, modo aleatorio-conectado, grafo $B\alpha$.

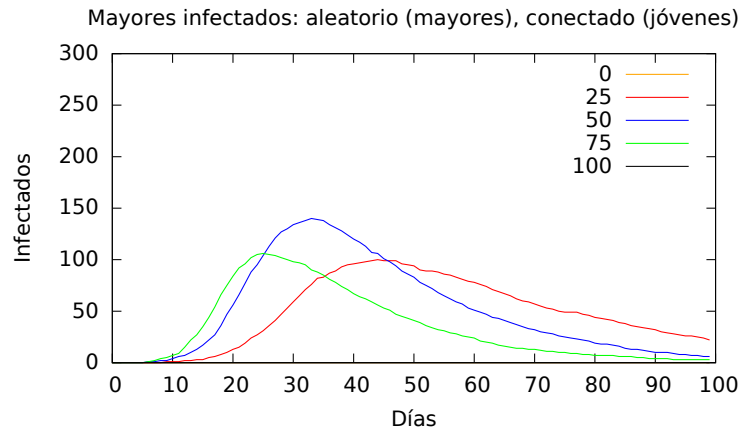


Figura 4.31: Mayores aleatorio-conectado, $B\alpha$.
Mayores infectados para 20%, modo aleatorio-conectado, grafo $B\alpha$.

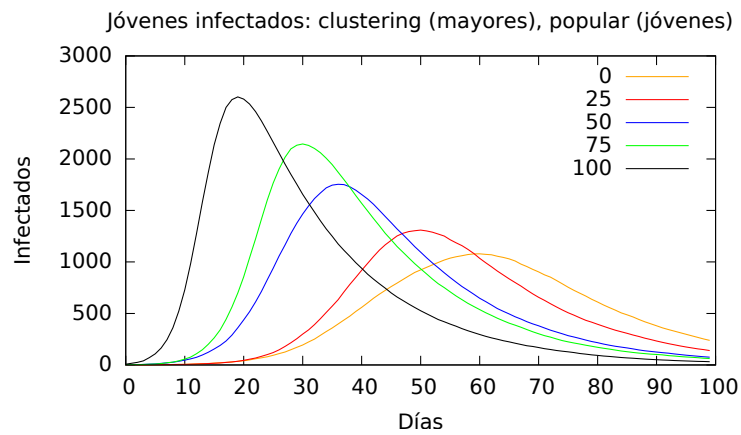


Figura 4.32: Jóvenes clustering-popular, $A\alpha$.
Jóvenes infectados para 20%, modo clustering-popular, grafo $A\alpha$.

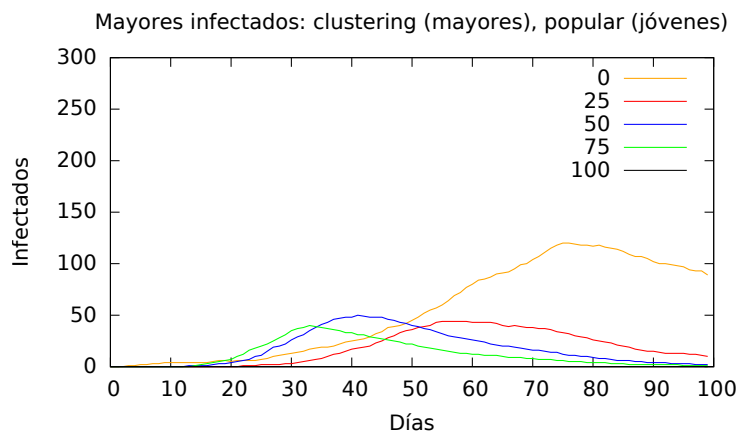


Figura 4.33: Mayores clustering-popular, $A\alpha$.
Mayores infectados para 20%, modo clustering-popular, grafo $A\alpha$.

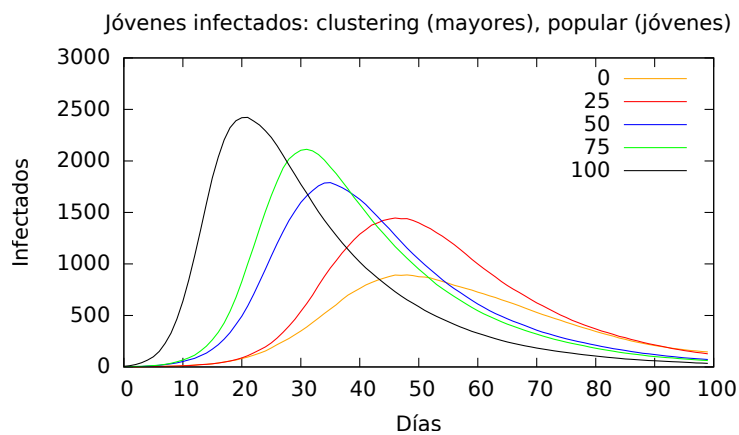


Figura 4.34: Jóvenes clustering-popular, $B\alpha$.
Jóvenes infectados para 20%, modo clustering-popular, grafo $B\alpha$.

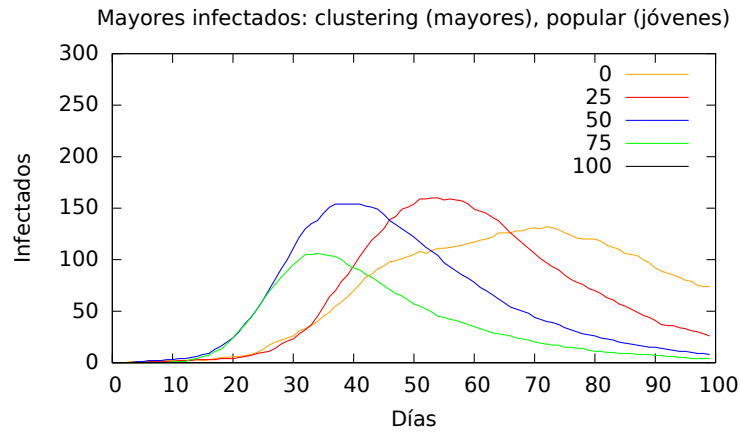


Figura 4.35: Mayores clustering-popular, $B\alpha$.
Mayores infectados para 20%, modo clustering-popular, grafo $B\alpha$.

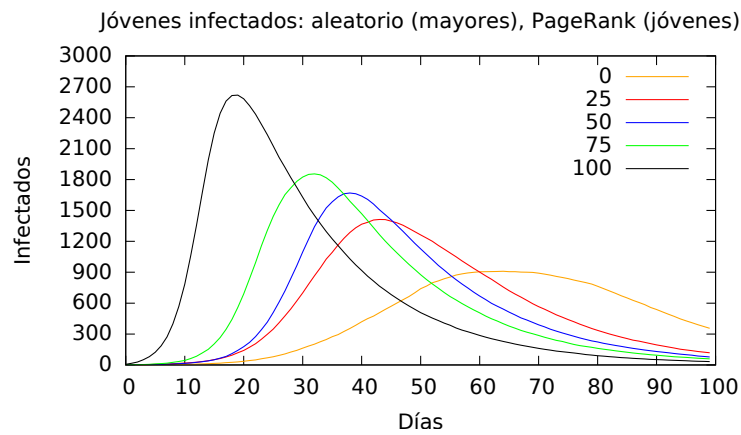


Figura 4.36: Jóvenes aleatorio-PageRank, $A\alpha$.
Jóvenes infectados para 20%, modo aleatorio-PageRank, grafo $A\alpha$.

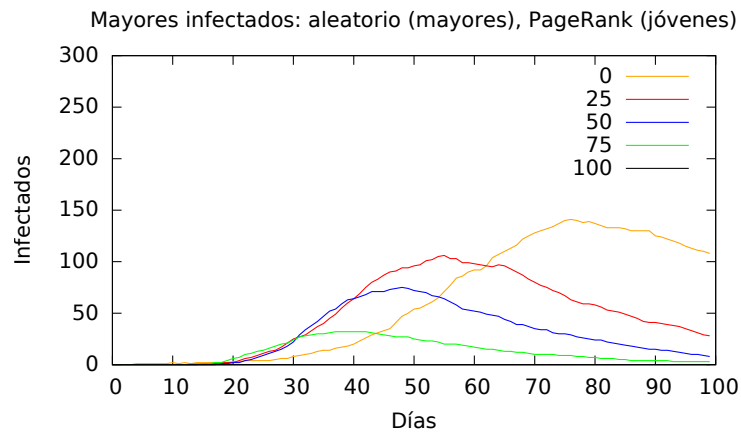


Figura 4.37: Mayores aleatorio-PageRank, $A\alpha$.
Mayores infectados para 20 %, modo aleatorio-PageRank, grafo $A\alpha$.

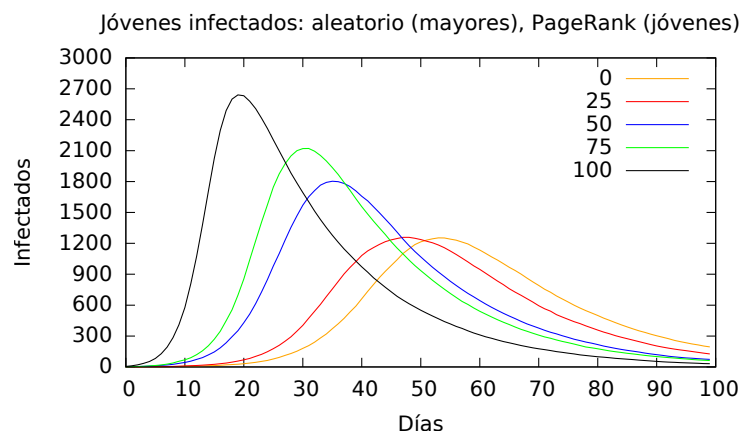


Figura 4.38: Jóvenes aleatorio-PageRank, $B\alpha$.
Jóvenes infectados para 20 %, modo aleatorio-PageRank, grafo $B\alpha$.

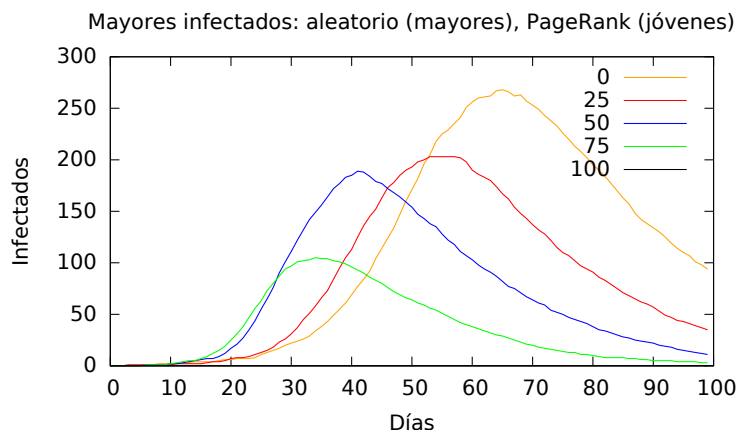


Figura 4.39: Mayores aleatorio-PageRank, $B\alpha$.
Mayores infectados para 20%, modo aleatorio-PageRank, grafo $B\alpha$.

Conclusiones y trabajo futuro

Partiendo del modelo desarrollado en [3], hemos ampliado el número de políticas usadas en la simulación y extendido la elección al grupo de los mayores. Por desgracia, la mayoría de las combinaciones adicionales no nos revelan nueva información, pero las nuevas políticas nos dan al menos un caso con resultados cuyo análisis nos permite hacernos una mejor idea de cómo optimizar una estrategia de vacunación.

Los resultados obtenidos son similares a aquellos presentados en [3]: la estrategia con los mejores números es aquella que prioriza la vacunación a los jóvenes con gran conexión con la población vulnerable, con buenos resultados incluso con una vacunación mínima de estos últimos. No obstante, se observa cómo a largo plazo, vacunación de la población vulnerable es necesaria para prevenir la mortalidad en este grupo cuando la epidemia consiga expandirse hasta ellos. El registro más completo de resultados nos permite corroborar las hipótesis que planteamos acerca de la relación entre la expansión de la epidemia en cada grupo y la mortalidad.

La continuación de este trabajo implicaría expandir el análisis de cada estrategia al modo de vacunación incremental. En este sentido, una posible prueba sería comprobar si un cambio de estrategia con el tiempo diera mejores resultados que una estrategia estática. Otro posible desarrollo sería analizar los resultados para grafos generados mediante otros modelos, que pueden representar distintas formas de relación entre personas.

Bibliografía

- [1] H. Weiss. “The SIR model and the Foundations of Public Health,” *MATerials MATemàtics, Publicació electrònica de divulgació del Departament de Matemàtiques de la Universitat Autònoma de Barcelona*, vol. 2013, pp. 1-3 , Julio 2013.
- [2] I. Tamarit, J. A. Cuesta, R. I. Dunbar, A. Sánchez. “Cognitive resource allocation determines the organization of personal networks”, *Proceedings of the National Academy of Sciences* vol. 115, no. 33, 8316–21. 2018.
- [3] S. Santini. “Optimal covid-19 vaccination strategies with limited vaccine and delivery capabilities; a model based on social networks.” *ACM Transaction on Computing for Healthcare*, 2021.
- [4] N. T. J. Bailey *The mathematical theory of infectious diseases and its applications*. 2nd edition. London: Griffin, 1975.
- [5] P. Erdős; A. Rényi, “On Random Graphs I.”. *Publicationes Mathematicae*, vol. 6, pp. 290–297, 1959.
- [6] A.-L. Barabási, R. Albert, “Emergence of Scaling in Random Networks”, *www.sciencemag.org*, vol. 286, pp. 509-512, Octubre 1999.
- [7] D. J. Watts, S. H. Strogatz, “Collective dynamics of ‘small-world’ networks”. *Nature*. vol. 393, no. 6684, pp. 440–442, Junio 1998.
- [8] M.E.J. Newman, “Threshold effects for Two pathogens Spreading on a Network”, *Physical Review Letters*, vol. 95, no. 108701, 2005.
- [9] P. Van Mieghem, J. Omic, R. Kooij, “Virus spread in networks”, *IEEE/ACM Transactions On Networking* vol. 17, no. 1, pp. 1-14, 2018.
- [10] Edited by S. Brooks, A. Gelman, G. Jones, X.-L. Meng. *Handbook of Markov Chain Monte Carlo*. New York: Chapman & Hall/CRC, 2011.

