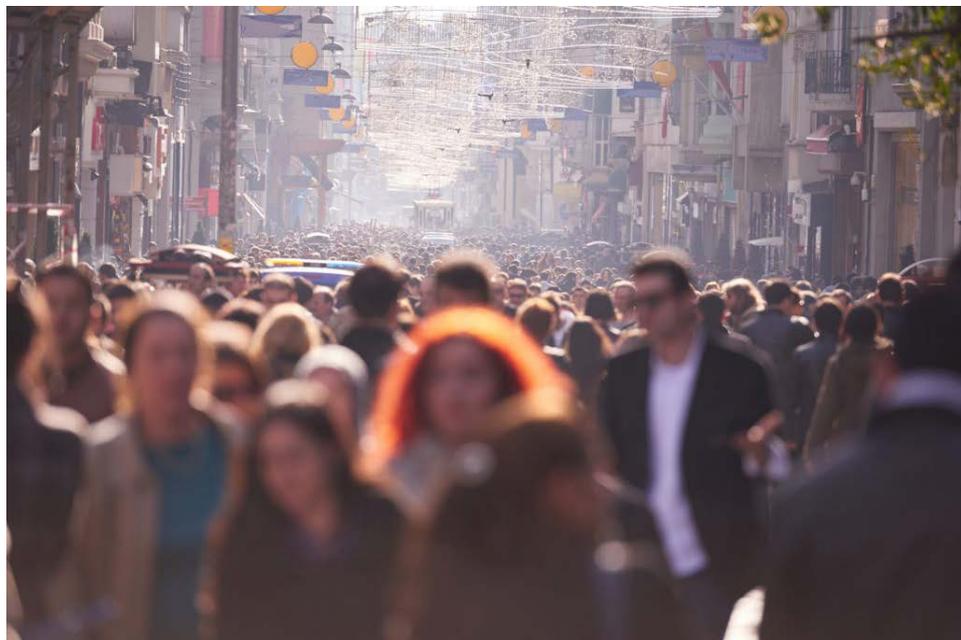


02/05/2019

Un nuevo modelo permite entender cómo se expanden las epidemias

Investigadores de la URV desarrollan un modelo probabilístico para identificar los enlaces de una red que determinan la propagación de una enfermedad



La red de contactos de un individuo o las conexiones que unen barrios, ciudades o países influyen en la propagación o la contención de una enfermedad.

¿Por qué, en plena campaña de la gripe, las infecciones entre personas que comparten un espacio común (trabajo, casa, escuela, etc.) son tan frecuentes? ¿Qué hace que el virus ataque una persona y, al cabo de días o semanas, ya se convierta en una epidemia? La red de contactos de un individuo o las conexiones que unen barrios, ciudades o países tienen una clara influencia en la propagación o la contención de una enfermedad. Pero, ¿cómo se puede saber cuál es el punto crítico a partir del cual esta enfermedad se convierte en epidemia? Esta incógnita hace años que se estudia en el campo de las redes complejas, y hasta ahora se había tenido en cuenta la red de contactos de los individuos desde un punto de vista global, también centrada en el mismo individuo -que actúa como nodo de una red-. En

Archivado en: [Ciencia y tecnología](#), [Comunicación de la ciencia](#), [Departamento de Ingeniería Informática y Matemáticas](#), [Escuela Técnica Superior de Ingeniería](#), [Grupos de investigación](#), [Investigación](#), [Salud](#)

 Versión para imprimir

Sin comentarios



este sentido, investigadores del Departamento de Ingeniería Informática y Matemáticas de la Universitat Rovira i Virgili han dado un paso adelante en una investigación que pone de manifiesto que los enlaces que conectan los nodos -es decir, las relaciones que tienen los individuos entre sí- son determinantes para que una infección se propague y se convierta epidémica o extinga.

Los investigadores Àlex Arenas, Joan T. Matamalas y Sergio Gómez, del grupo de investigación Alephys Lab, han desarrollado un modelo matemático que permite evaluar la propagación de epidemias basándose en estos enlaces -la red de contactos de las personas- en vez de hacerlo en los nodos -los individuos-. “Lo que nos interesa encontrar es el R_0 , que es el punto donde la infección se vuelve endémica. Y la aproximación que hemos hecho con esta investigación es mucho más precisa de lo que existía hasta ahora”, explica Àlex Arenas, que ha encabezado la investigación que permite describir los caminos que sigue una enfermedad que se transmita.



De izquierda a derecha, los investigadores Sergio Gómez, Joan T. Matamalas y Àlex Arenas.

Para detener una epidemia, se pueden utilizar diferentes estrategias de contención, que implican el uso de medidas profilácticas, vacunas, medicamentos o, la opción más drástica, el aislamiento del nodo. En el caso de los aeropuertos, por ejemplo, la estructura de la red es muy clara: cada ciudad es un nodo y los enlaces entre ciudades son los que pueden transmitir las infecciones. Aislar los nodos para que no se difunda la enfermedad entre su red de enlaces tiene un impacto muy alto, tanto económico como social. “Ahora, en vez de aislar completamente el nodo de una red, el modelo que hemos desarrollado nos permite saber cuál es el enlace que tiene el papel clave en la

difusión de los caminos de la enfermedad”, explica Matamalas. De este modo, si se conoce cuáles son las conexiones más importantes para que se propague una epidemia, se puede optar por cortarlas, y eso te permite mantener la conectividad de la red. “No es lo mismo cerrar un aeropuerto que cerrar una línea aérea concreta”, ilustra.

Siguiendo con el ejemplo del aeropuerto, este modelo permitiría identificar qué conexiones aéreas son las más importantes a la hora de transmitir una enfermedad, evaluar la incidencia que tendría después de desactivar determinadas rutas y desarrollar estrategias de contención. Esto permite adoptar soluciones menos drásticas a la hora de prever o contener la propagación de una enfermedad, ya que no hay que actuar o aislar toda la red o todo un nodo, sino simplemente cortar enlaces, “desactivando aquellos que el modelo que hemos hecho prevé que serán los que desencadenarán una cascada de infecciones “, concluye Arenas.

Referencia bibliográfica: Matamalas, J.T., Arenas, A. Gómez, S. Effective approach to epidemic containment using link equations in complex networks. Science Advances. DOI: [10.1126/sciadv.aau4212](https://doi.org/10.1126/sciadv.aau4212)

🗨️ Deja un comentario

Tu dirección de correo electrónico no será publicada.

Nombre *

Correo electrónico *

Web

Suscríbete a los boletines de la URV



Sala de prensa



La URV en los medios



Agenda



UNIVERSITAT
ROVIRA i VIRGILI

- Twitter
- Facebook
- YouTube
- LinkedIn

**Gabinet de
Comunicació i
Relacions
Externes**

Edifici del
Rectorat
C. de
l'Escorxador, s/n
43003 –
Tarragona

[Google Maps](#)

[977 29 79 75](#)

- [Mapa del web](#)
- [Privacitat](#)
- [Nota legal](#)
- [Política de cookies](#)

[Avídenos a
mejorar](#)