

105a Reunión de la
Asociación Física Argentina
Primera Webinar



Septiembre de 2020

Estudios de epidemias mediante simulaciones de Monte Carlo cinético: aplicaciones a Covid-19.

Diego Perez-Morelo,¹ Paulo M. Centres,² Robert M. Guzman Arellano,³ • María Cecilia Giménez⁴

¹ *University of Maryland, College Park, MD 20742, US.*

² *Departamento de Física, Facultad de Ciencias Físico Matemáticas y Naturales, Universidad Nacional de San Luis, e Instituto de Física Aplicada, INFAP (UNSL-CONICET)*

³ *Universidad Nacional Mayor de San Marcos*

⁴ *Facultad de Matemática, Astronomía, Física y Computación, Universidad Nacional de Córdoba, Instituto de Física Enrique Gaviola CONICET-UNC*

Desde diciembre de 2019, la enfermedad respiratoria aguda Covid-19 debido al nuevo coronavirus SARS-CoV-2, surgido en la ciudad de Wuhan, se extendió rápidamente por toda China. Durante el 2020, dicha enfermedad se propagó por todo el mundo, convirtiéndose en pandemia y causando grandes pérdidas de vidas e impacto socioeconómico.

Existen varios modelos que explican la evolución de una epidemia, generalmente basada en la propuesta inicial de Kermack y McKendrick [1], con mejoras y variaciones a través de los años. Entre los modelos más utilizados, se encuentran los de tipo SIR (susceptible - infectado - recuperado), SEIR (susceptible - expuesto - infectado - recuperado) o SIRD (susceptible - infectado - recuperado - fallecido). Dichos modelos consisten en estudiar la evolución de las diferentes poblaciones de individuos, divididas en las categorías mencionadas, de acuerdo a ciertas reglas de contagio y recuperación o fallecimiento. En la mayoría de los casos, el planteo de los modelos consiste en un sistema de ecuaciones diferenciales, que pueden ser resueltas por métodos numéricos (como Runge Kutta). Alternativamente, se puede plantear la evolución de las poblaciones de acuerdo a modelos de simulación estocásticos, como Monte Carlo cinético (KMC).

El método de Monte Carlo cinético es un método de simulación computacional de tipo Monte Carlo cuyo objetivo es simular la evolución temporal de procesos que ocurren en la naturaleza. Típicamente estos procesos ocurren con velocidades conocidas, que deben ser proporcionadas en el modelo propuesto. El método fue propuesto originalmente por D. Gillespie [2] para simular reacciones químicas que tienen lugar en un medio homogéneo. Asimismo, dentro de los algoritmos que tienen en cuenta la evolución temporal del sistema podemos encontrar el propuesto por Liborio I. Costa [3], el cual comparte similitudes con el de Gillespie, pero que permite calcular las probabilidades de transición con más precisión en el caso de problemas en el continuo.

En el presente trabajo, se aborda el problema de la evolución de epidemias por medio de diferentes métodos de simulación. En primer lugar se consideran poblaciones homogéneas y se estudia la dependencia del número de infectados con los diferentes parámetros (Número Reproductivo Básico R_0 , duración de la infección, tamaño de la población, etc.). En segundo lugar, se plantean modelos de agentes móviles, tanto en el continuo como en una red cuadrada, en dos dimensiones. Estos modelos tienen la ventaja de poder introducir otras variables, como el distanciamiento social, variando la densidad y la velocidad con la que se mueven los agentes. Finalmente, se estudió la evolución de la epidemia de Covid-19 en algunos países, mediante el ajuste de los diferentes parámetros en datos reales, lo que nos permitirá elaborar mejores modelos predictivos de contagios.

[1] W.O. Kermack and A.G. McKendrick, *A contribution to the mathematical theory of epidemics*, Proc. Roy. Soc. London A **115**, 700-721 (1927).

[2] D.T. Gillespie, *A general method for numerically simulating the stochastic time evolution of coupled chemical reactions*, J. Comput. Phys., **22** 403 (1976).

[3] L.I. Costa, *Meaningful timescales from Monte Carlo simulations of particle systems with hard-core interactions*, Journal of Computational Physics **326**, 773 (2016).