



Boletín GripeNet: temporada 1, 4^o entrega: Redes Complejas y Modelos Epidemiológicos.

El descubrimiento de las leyes que gobiernan la estructura y la dinámica de los sistemas complejos es uno de los grandes desafíos de la ciencia moderna. Durante los últimos años, las investigaciones científicas desarrolladas en este campo han corroborado la existencia de un patrón común de auto-organización que aparece de manera continua. En muchos de estos sistemas (hablamos de sistemas biológicos, sociales o informáticos), las interacciones entre los diferentes elementos que los forman (especies en redes tróficas, genes y proteínas en sistemas biológicos, u ordenadores en redes de comunicación) dan lugar a redes que comparten un gran número de características comunes y que se denominan **Redes Complejas**. El estudio de las mismas ha experimentado un auge significativo que se ha visto reflejado en importantes contribuciones y avances en numerosos campos científicos. La teoría de redes es particularmente útil para explorar diferentes aspectos de la complejidad, basándonos para ello en el principio holístico que considera que el todo es más que la suma de sus partes. La idea fundamental es intentar descubrir la estructura de las interacciones entre los elementos del sistema y como ésta influye en el comportamiento global de los mismos.

Una de las características más significativas de estas redes es la ubicuidad, es decir, están presentes en todo nuestro entorno, desde las redes sociales que surgen como resultado de la interacción entre individuos hasta las redes tecnológicas, biológicas, y neuronales. Todas estas redes, tan diferentes en naturaleza y en tamaño, comparten entre sí importantes propiedades estructurales que nos permiten formular modelos matemáticos aplicables a contextos tan dispares como la propagación de virus informáticos o de una epidemia como la gripe porcina A(H1N1)/2009. La idea fundamental en el estudio de los sistemas complejos es que sólo si tenemos en cuenta los dos pilares básicos de la complejidad que son *la estructura* y *la dinámica* de los constituyentes del sistema, seremos capaces de analizar desde una perspectiva más renovada innumerables fenómenos. Además, debido a las conexiones dinámicas y adaptativas que existen, las redes son, en sí, entidades cuya topología evoluciona y se adapta a lo largo del tiempo, ya sea influenciada por factores externos, por la acción de los elementos internos del sistema o siguiendo, simplemente, determinadas reglas evolutivas predeterminadas.

Como decimos, muchos de los fenómenos que tienen lugar en la naturaleza pueden ser modelados como una red. En una red biológica de regulación, por ejemplo, los nodos representan las proteínas que intervienen en los diversos procesos biológicos de la célula y los enlaces las reacciones bioquímicas que se establecen entre éstas. Estos tipos de redes biológicas comparten muchas características estructurales (*libertad de escala*) y dinámicas (*módulos funcionales*) con otras aparentemente muy diferentes como Internet o los patrones de interacción en sistemas sociales. De esta forma, sistemas tan disímiles como las redes peer-to-peer o los patrones de contagio de enfermedades pueden ser estudiados con una herramienta teórica y computacional única.

De entre todas las disciplinas en las cuales las redes complejas han demostrado ser una herramienta útil, probablemente sea la epidemiología una de las ciencias que antes, y de manera más nítida, se ha beneficiado de la teoría de redes. Hasta el final de la década de los noventa, la epidemiología clásica no había considerado la posibilidad de que la estructura de las redes de interacciones humanas fuera relevante a la hora de describir el comportamiento de una epidemia. Hasta entonces, los modelos consideraban que los individuos tenían el mismo número de contactos con sus vecinos. Cuando se estudiaba la dinámica de propagación de una enfermedad infecciosa (es decir, cómo se propagaba el patógeno de persona a persona tras un contacto), la anterior hipótesis conducía a la conclusión de que toda enfermedad presenta una infectividad umbral que define la condición para la aparición de una epidemia en la población.



*Red de propagación geográfica de una enfermedad infecciosa con origen en el sudeste asiático.
© Universidad de Indiana.*

Si la infectividad del patógeno en cuestión era mayor que el umbral, la introducción de una pequeña cantidad de individuos enfermos en una población generaría una epidemia. Si se daba el caso contrario, los enfermos introducidos desde el exterior morirían -o sanarían- antes de poder propagar la enfermedad. Por tanto, toda población, a priori, era inmune a la introducción de patógenos “débiles” -de baja infectividad- y sólo los patógenos capaces de transmitirse con facilidad se consideraban potencialmente peligrosos.

Este panorama, conocido y aceptado desde hace casi un siglo, sufrió una auténtica revolución gracias a la teoría de redes. Cuando en los primeros años de la pasada década se empezó a estudiar la estructura de las primeras redes de interacciones sociales, se observó con sorpresa cómo éstas estaban en las antípodas de lo que consideraban los modelos. Las redes de contacto eran muy heterogéneas, es decir, mientras que la mayoría de los individuos tenía muy pocas conexiones, existía un número pequeño de ellos con una cantidad de contactos desproporcionadamente alta. Cuando esta observación se incorporó a los modelos epidemiológicos, se produjo un cambio conceptual radical: si las redes de interacción eran lo suficientemente grandes, la infectividad umbral se hacía cada vez menor hasta prácticamente anularse. Esto implica que cualquiera sea la infectividad del patógeno, la probabilidad de que genere una epidemia es no nula. En consecuencia, patógenos “débiles” -de baja infectividad- que antes se creían incapaces de generar epidemias o asentarse en la población, volvían a merecer interés, tanto de la comunidad científica como de las autoridades sanitarias.

Desde hace ya varios años, y a la luz de estos nuevos resultados, la comunidad científica trabaja para mejorar cada vez más los modelos epidemiológicos y contribuir así al diseño eficiente de medidas de control y de nuevas alternativas de inmunización y/o protección contra enfermedades infecciosas como la gripe. Por ello, la colaboración ciudadana es extremadamente importante para obtener datos reales que son necesarios que validar los resultados de estos modelos.