

**Modelo heurístico,
soportado por agentes,
para la dinámica de
propagación de una
enfermedad infecciosa**

**Dr. Gerardo A. Laguna-Sánchez
Dr. Juan López-Sauceda
Departamento de Sistemas de
Información y Comunicaciones
Universidad Autónoma Metropolitana
Unidad Lerma**

Extracto

En este artículo se presenta un modelo epidemiológico soportado por agentes, con base en reglas heurísticas y el enfoque de la Ciencia de la Complejidad. El modelo se implementó en el entorno de programación NetLogo y queda a disposición de los interesados para su aprovechamiento. Se comprueba que la dinámica que emerge de las simulaciones corresponde a un perfil de crecimiento exponencial aplanado en el número total de infectados y se aprovechó el modelo propuesto para evaluar el desempeño de dos estrategias para la contención de la propagación de una enfermedad infecciosa: a) evitar encuentros cercanos y b) detección y aislamiento oportuno de los nuevos infectados. Los resultados de las simulaciones demuestran que la mejor estrategia es la de detección y aislamiento oportuno.

Palabras clave

Modelos de epidemias, modelos soportado por agentes, modelos heurísticos, NetLogo.

Abstract

This article presents an epidemic model supported by agents and heuristic rules, using the Science of Complexity approach. The model was implemented in the NetLogo programming environment and is available for use. It is verified that the dynamics that emerge from the simulations correspond to a profile of exponential growth in the total number of infected. The proposed model was used to evaluate the performance of two strategies for the containment of the propagation of an infectious disease: a) avoidance of close contacts and, b) detection and timely isolation of the newly infected people. The results of the simulations show that the best strategy is that of timely detection and isolation.

Key words

Epidemic modelling; Agent-Supported modelling; Heuristic modelling; NetLogo.

1. Introducción

Recientemente hemos presenciado el fenómeno de la pandemia de enfermedad por coronavirus (COVID-19), en la que la interacción entre miles de personas involucradas constituye uno de los principales factores para su propagación. Por lo tanto, se trata de un fenómeno complejo que puede ser estudiado con el enfoque de la ciencia de la complejidad (Mitchell, 2009), ya que se ve involucrada una red de relaciones y encuentros, entre múltiples elementos, que derivan en la dinámica de la evolución de la propagación de la enfermedad por contagios del COVID-19.

Aquí se presenta un modelo computacional, soportado por agentes y un conjunto de reglas heurísticas, para la simulación de la dinámica de propagación de una enfermedad infecciosa, que puede bien ser el COVID-19 o cualquier otra con características similares, y se presenta un análisis comparativo sobre la efectividad de dos estrategias ampliamente adoptadas por los países afectados por la pandemia del COVID-19: 1) evitar los encuentros cercanos y 2) la oportuna detección de los infectados para su correspondiente aislamiento o confinamiento.

La Ciencia de la Complejidad contempla, al menos, tres enfoques para el estudio de los fenómenos complejos, a saber: el análisis teórico, el estudio experimental y la modelación por computadora. Todos estos enfoques se complementan entre sí. La ventaja de la modelación por computadora, soportada por agentes, es que se parte del supuesto de que a partir de reglas

relativamente simples es posible simular el surgimiento de fenómenos emergentes tales como la adaptación y la auto-organización, entre otros (Mitchell, 2009).

También es bien conocido que la Ciencia de la Complejidad se apoya en disciplinas auxiliares como los son la dinámica, la teoría de la información, la evolución y la computación. En esencia se trata de modelar los fenómenos complejos, partiendo de la teoría de los sistemas, mediante una abstracción en la que se los considera como una configuración de partes unidas por una red de relaciones. De esta red de relaciones y los múltiples elementos que enlaza se asume lo siguiente (Mitchell, 2009):

- El número de elementos es muy grande.
- La comunicación ente los elementos es limitada.
- No existe un control central.
- Las reglas de operación son simples.

En este trabajo no se pretende inventar ni descubrir nada que no exista o que no se sepa. De antemano, se reconoce que la disciplina de la epidemiología cuenta con una gran cantidad de modelos formales [ver (Daley & Gani, 1999), (Diekmann & Heesterbeek, 2000) y (Xia & Ma, 2008)], estudios experimentales [ver (Herrera-Valdez et al., 2009)] y modelos computacionales para toda clase de fenómenos epidemiológicos [ver (Yang & Wilensky, 2011)]. El único propósito de este trabajo es compartir una experiencia interesante sobre la modelación por computadora, de un fenómeno que nos afecta a todos, mediante la representación computacional de los elementos que intervienen, de forma simple e intuitiva y con la ayuda de entorno de programación NetLogo que se encuentra al alcance de

todo el mundo.

Este trabajo se compone de las siguientes secciones: en la sección 2 se presentan los elementos, las reglas y los parámetros que componen al modelo propuesto; en la sección 3 se bosqueja el funcionamiento del código NetLogo desarrollado y la metodología para las simulaciones; en la sección 4 se presentan y discuten los resultados del modelo en los escenarios considerados; finalmente, en la sección 5, se presentan las conclusiones.

2. Modelo epidemiológico heurístico desarrollado con NetLogo

El fundamento del modelo propuesto lo constituye la posibilidad de representar una población de agentes con la capacidad para moverse libremente e interactuar, de forma aleatoria, dando como resultado la propagación de una enfermedad infecciosa. El entorno de programación NetLogo cumple satisfactoriamente con los requisitos, además de emplear un lenguaje de programación sencillo e intuitivo (Wilensky, 1999). Dado que el entorno de programación está orientado a la programación soportada por agentes, este entorno de programación incluye, de manera natural, la representación gráfica tanto de los agentes como del espacio en el que interactúan (el “mundo” de los agentes).

2.1. Parámetros del modelo

El modelo considera los siguientes parámetros globales:

- a) Número inicial de individuos sanos. El número de individuos de la población que no han sido infectados.
- b) Número inicial de individuos infectados. El número de individuos de la po-

- blación que son portadores de la enfermedad y se vuelven propagadores de la misma.
- c) El periodo infeccioso de la enfermedad. El periodo en el que un individuo infectado puede infectar a otro.
 - d) Periodo de incubación. El tiempo que toma la manifestación de los primeros síntomas de la enfermedad a partir del contagio.
 - e) Probabilidad de sobrevivencia a la fase crítica de la enfermedad. La probabilidad de sobrevivir a la fase más grave de la enfermedad.

Después de revisar estos parámetros globales, evidentemente se trata de un modelo muy simplificado, pero se puede complicar tanto como se quiera. Por ejemplo, la probabilidad de sobrevivir a la fase crítica de la enfermedad claramente depende de la edad y la historia clínica de cada individuo, aunque aquí se adopta una probabilidad para todos los individuos de la población bajo estudio.

Por otro lado, cada individuo posee parámetros específicos que lo caracterizan, a saber:

- a) El individuo está vivo. Puede ser falso o verdadero.
- b) El individuo está infectado. Puede ser falso o verdadero.
- c) Número de días que faltan para la recuperación. Para propósitos prácticos, la enfermedad dura justamente el tiempo que esta se encuentra en su fase infecciosa.
- d) El individuo está aislado. Puede ser falso o verdadero.

- e) El individuo está inmunizado. Puede ser falso o verdadero.
- f) El individuo tiene un encuentro con otro. Puede ser falso o verdadero.
- g) Identificador del interlocutor. Para saber quién es el otro individuo con el que se está interactuando al momento de un encuentro.

Algunos de estos parámetros se inicializan para todos los individuos con los mismos valores y otros dependiendo de si un individuo está infectado o no. Por ejemplo, al inicio, todos los individuos de la población se encuentran vivos, no se encuentran aislados, ni inmunizados, ni tampoco tienen encuentro alguno, pero algunos están infectados y el resto no. Para los que inicialmente se encuentran infectados, se asume que todos se infectan en el instante cero y, por lo tanto, les falta completar todo el periodo infeccioso de la enfermedad.

De nueva cuenta, con base en estos parámetros individuales, es claro que el modelo está muy simplificado. Por ejemplo, se asume que los encuentros van a ser, como máximo, entre dos personas. No obstante la simplicidad del modelo, como se verá en los resultados, el modelo funciona razonablemente bien.

2.2. Inicialización del modelo y valores asumidos para la ejecución del mismo

Como ya se comentó, se establece una población inicial que resulta de la suma del número de individuos sanos más el número de individuos infectados. Por defecto, el número de muertes debidas a la enfermedad inicia con valor de cero. Para propósitos de demostración de la funcionalidad del

modelo propuesto, en este trabajo se asume una probabilidad de supervivencia a la fase crítica de la enfermedad de 75 %, lo que definitivamente es completamente subjetivo. En relación con esto, los expertos epidemiólogos pueden definir este valor en forma más exacta. La distribución espacial de los individuos se realiza de forma aleatoria, siguiendo una distribución de probabilidad uniforme, en un espacio de dos dimensiones.

Respecto de las estrategias para contener la propagación de la epidemia, en este trabajo se evalúa el desempeño de dos de las más utilizadas:

- A) Evitar encuentros cercanos. En este caso, se define una distancia mínima que se recomienda mantener en los encuentros entre individuos a fin de minimizar el riesgo de un posible contagio. A fin de introducir el factor de libre albedrío en la adopción de esta medida, se incorpora el parámetro de la probabilidad de desobediencia en el cumplimiento de esta recomendación.
- B) Identificación oportuna de los nuevos infectados y aislamiento inmediato. En este caso, se asume que existen filtros sanitarios suficientes para detectar los primeros síntomas de la enfermedad y, de resultar positivo el diagnóstico, remitir al infectado a una zona de confinamiento o aislamiento en forma oportuna. A fin de introducir la evasión voluntaria o el error en estos diagnósticos, se introduce el parámetro de la probabilidad de escape para la detección y aislamiento justo el día que inician los síntomas de la enfermedad (periodo de incubación).

El código NetLogo para el modelo propuesto permite habilitar, en forma incluyente,

cada una de estas estrategias, de tal forma que las simulaciones se pueden ejecutar en las cuatro posibles combinaciones, a saber: con ninguna de las dos estrategias habilitadas, habilitada sólo una de las dos estrategias, o con ambas estrategias habilitadas. De esta forma, se puede comparar la efectividad de cada una de estas combinaciones para mitigar los efectos perniciosos de la propagación de la infección simulada.

2.3. Reglas de interacción y posibles estados para los individuos

Los individuos pueden estar vivos o morir debido a la enfermedad, si no superan la fase crítica de la misma. Si un individuo se encuentra vivo, ya sea que se encuentre sano o enfermo, y este no tiene un encuentro con algún otro, tiene la posibilidad de moverse libremente para buscar encuentros personales, siempre y cuando el individuo no se encuentre aislado. Cuando un individuo se mueve libremente se siguen las siguientes reglas:

- I. El Individuo se mueve aleatoriamente para buscar un interlocutor con quien establecer un encuentro. Mientras no tenga interlocutor asociado, el individuo se encuentra libre para establecer un encuentro.
- II. Una vez que se encuentra cerca de algún posible interlocutor, verifica que el posible interlocutor no se encuentre aislado ni muerto. Si el posible interlocutor está disponible, entonces se establece un encuentro con el mismo y se convierte en el interlocutor en turno.
- III. Una vez establecido un encuentro, a fin de minimizar la probabilidad de una infección, los interlocutores pueden considerar atender o no atender la recomendación de mantener una distancia

mínima.

- IV. Una vez que un par de individuos se han encontrado e interactuado, proceden a terminar el encuentro y prosiguen en la búsqueda de nuevos encuentros moviéndose en forma aleatoria.

Mientras tanto, los individuos enfermos pueden contagiar a los sanos de acuerdo con la función de probabilidad que se encuentra en términos del inverso de 2 elevado a la distancia entre los interlocutores:

$$P(d) = \frac{1}{2^d}$$

donde P es la probabilidad de contagio y d es la distancia entre los interlocutores.

Se ha adoptado esta regla heurística dado que, de esta forma, se asegura que la probabilidad de contagio sea 1.0, cuando la distancia entre los interlocutores es cero y disminuye, en términos de la curva con un perfil correspondiente al inverso de una función exponencial, cuando la distancia aumenta. Por su puesto, esta función para la probabilidad de contagio en un encuentro también es completamente subjetiva pero, de nueva cuenta, un epidemiólogo especialista podría proponer una función para la probabilidad de contagio más exacta, en términos de la distancia entre los interlocutores y de la enfermedad específica.

Existe también un patrón de comportamiento para los individuos enfermos. Con independencia de que se encuentren aislados o libres, estos individuos tienen que someterse a los diferentes retos que implican la evolución de la enfermedad y los efectos de la misma. Para empezar, una vez que se cumple el periodo de incubación, si se encuentra habilitada la estrategia de detección y aislamiento, se

someten al paso por un filtro sanitario en el que se pueden detectar los síntomas de un individuo enfermo y remitirlo a un aislamiento o confinamiento para evitar que se convierta en un portador de la infección. En este punto, existe la posibilidad que un individuo enfermo evada el filtro sanitario o falle la detección de la infección, lo que se expresa con una probabilidad de escape.

Por otra parte, durante el transcurso del periodo infeccioso, el individuo enfermo será sometido a la fase crítica de la enfermedad que, para propósitos prácticos, se asume exactamente a la mitad del periodo infeccioso. En el día más crítico de la enfermedad, el individuo enfermo se somete a una prueba de resistencia donde puede sobrevivir con una probabilidad de 75%. Este valor, como ya se comentó, es sólo para propósitos demostrativos y también puede modificarse dentro del código sin mayor problema. Finalmente, si un individuo enfermo logra concluir el periodo infeccioso, se le considera recuperado y adquiere la condición de inmunidad a la enfermedad.

3. Código resultante y metodología de simulación empleada

3.1. Codificación del modelo con NetLogo

Gracias a las facilidades otorgadas por el lenguaje del entorno de programación NetLogo, el código resultante sólo contiene alrededor de 200 líneas de código. Se tomó como punto de partida el código PD N-Person Iterated model de U. Wilensky (Wilensky, 2002) y se realizaron los ajustes necesarios para funcionar de acuerdo a lo especificado. El código resultante se encuentra disponible en el repositorio GitHub (Laguna-Sánchez, 2020):

<https://github.com/galaguna/heuristicEpiDem-Iterated>

En este código, la unidad de tiempo son los ticks del entorno de simulación de NetLogo, que hacen las veces de los días transcurridos. Así mismo, la distancia euclidiana entre los agentes es la proporcionada por la función `distance()` y, para propósitos de nuestro código, se asumirá que sus unidades son metros lineales dentro del “mundo” de los agentes.

Durante la ejecución del modelo, dentro del entorno de NetLogo, los individuos sanos se despliegan en color verde, los individuos infectados en color rojo, los individuos aislados en color cian, los individuos inmunizados en color amarillo y, finalmente, los individuos muertos en color café.

3.2. Metodología y visualización de los resultados

Como ya se mencionó, el modelo propuesto se puede ejecutar en una de las cuatro posibles combinaciones de las estrategias consideradas, a saber:

- Escenario I, donde no se evitan encuentros cercanos y no se detecta ni se aíslan a los infectados.
- Escenario II, donde se evitan encuentros cercanos pero no se detectan ni se aíslan a los infectados.
- Escenario III, donde no se evitan encuentros cercanos, pero se detectan y se aíslan a los infectados.
- Escenario IV, donde se evitan encuentros cercanos y se detectan y se aíslan a los infectados.

Se pueden identificar estos posibles escenarios, en forma gráfica, en la figura 1.

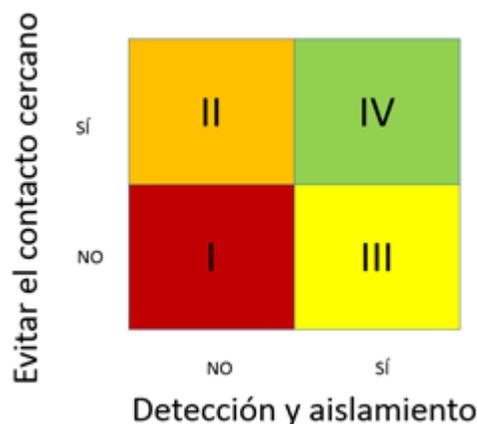


Figura 1. Posibles escenarios para las simulaciones con el modelo propuesto.

Entonces, la metodología para las simulaciones consiste básicamente en poner a prueba el modelo propuesto, con cada uno de los escenarios indicados, a fin de evaluar el desempeño de las estrategias involucradas. Para esto último, se hace especial énfasis en la tendencia del aumento o disminución de los nuevos casos de infectados por la enfermedad.

Aunque el entorno NetLogo permite obtener gráficas de las simulaciones con respecto del tiempo transcurrido durante la modelación, a fin de evaluar el desempeño de las estrategias empleadas de una forma más contundente, se ha optado por complementar las gráficas de tiempo con una gráfica donde se representan los nuevos casos contra el total de casos, tal y como lo hacen Aatish Bhatia y Henry Reich (Bhatia & Reich, 2020). En particular, en esta última gráfica de nuevos casos contra el total de casos, se emplea un promedio móvil de 7 muestras a fin de suavizar los efectos de las variaciones “diarias” y mostrar de forma más clara la tendencia de cada escenario.

4. Resultados de las simulaciones y discusión de los mismos

Las simulaciones se realizaron con los siguientes parámetros:

- I. Número inicial de individuos infectados (initial-positive-num): 10
- II. Número inicial de individuos sanos (initial-negative-num): 100
- III. Recomendación de mínima distancia (minimum-separation): 1.5
- IV. Probabilidad de no atender la recomendación de distancia mínima (disobedience-probability): 0.5
- V. Probabilidad de falla en la detección y aislamiento oportuno (detection-fault-probability): 0.5
- VI. Periodo infeccioso de la enfermedad (infective-period): 20
- VII. Periodo de incubación de la enfermedad (incubation-period): 5
- VIII. Probabilidad de sobrevivir a la fase crítica de la enfermedad (survive-probability): 0.75

En la figura 2 se presenta una dinámica representativa de la evolución de la epidemia para el escenario I, donde no se aplica ninguna estrategia para la contención de la propagación de la infección.

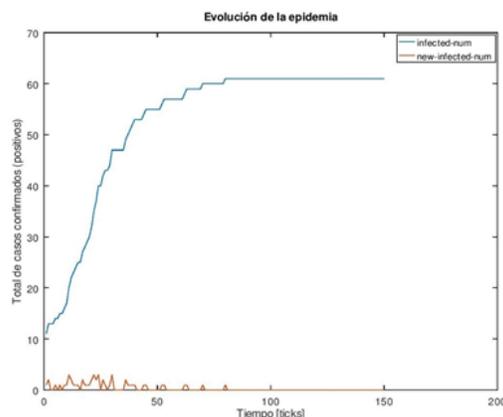


Figura 2. Evolución de la epidemia en el escenario I.¹

En la figura 3 se presenta una dinámica representativa de la evolución de la epidemia para el escenario II, donde se evitan los encuentros cercanos pero no se detectan ni aíslan a los individuos infectados.

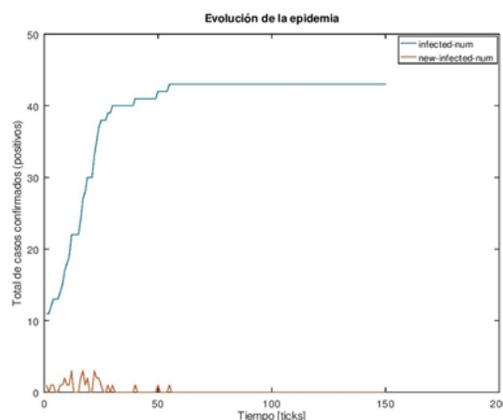


Figura 3. Evolución de la epidemia en el escenario II.

En la figura 4 se presenta una dinámica representativa de la evolución de la epi-

¹En las figuras 2, 3, 4 y 5, los ticks del modelo representan un lapso de tiempo que, para propósitos de este trabajo, pueden tomarse como días. Sin embargo, hay que aclarar que una equivalencia de tiempo más realista dependerá del ajuste del modelo respecto del evento real con el que se quiera emparar.

demia para el escenario III, donde no se evitan los encuentros cercanos pero sí se detectan y aíslan a los individuos infectados.

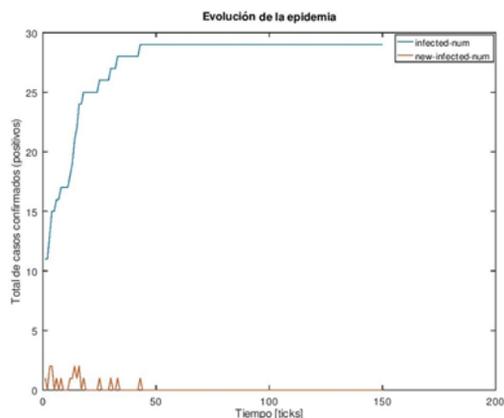


Figura 4. Evolución de la epidemia en el escenario III.

En la figura 5 se presenta una dinámica representativa de la evolución de la epidemia para el escenario IV, donde se evitan los encuentros cercanos y también se detectan y aíslan a los individuos infectados.

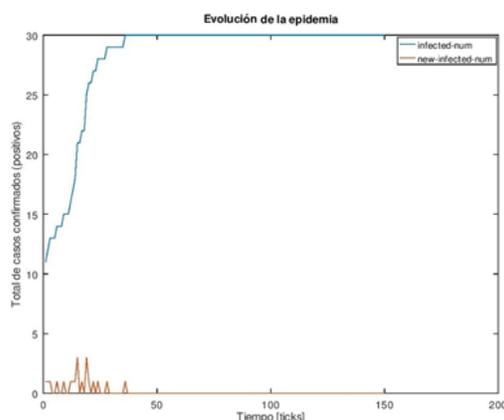


Figura 5. Evolución de la epidemia en el escenario IV.

Se puede observar que, en todos los escenarios, la dinámica para la evolución de los casos totales de infectados por la epidemia corresponde a un perfil exponencial

que repentinamente se aplana cuando el fenómeno concluye, es decir cuando ya no se presentan nuevos casos de infección. Así mismo, se observa que los nuevos casos siguen un patrón que no se encuentra correlacionado con el eje del tiempo, ya que los nuevos casos pueden surgir en cualquier momento.

Obsérvese que cuando el perfil se vuelve plano, ello indica que se ha alcanzado el número máximo de individuos infectados debidos a la propagación de la epidemia. Es conveniente hacer notar que en estas gráficas se puede determinar, en promedio, cuáles son las consecuencias de la epidemia para cada escenario, en relación al número total de individuos infectados. Por ejemplo, en las simulaciones realizadas con una población inicial de 110 individuos (100 sanos y 10 infectados), el promedio de casos totales de individuos infectados para el escenario I fue de 61, para el escenario II fue de 45, para el escenario III fue de 29 y para el escenario IV fue de 30. Esto, de entrada y como era previsible, indica que el peor escenario es el escenario I, donde no se aplica ninguna de las estrategias para contener la epidemia; seguido del escenario II, donde se evita el encuentro cercano pero no se detectan ni aíslan a los individuos infectados. Finalmente, se observa que los escenarios III y IV, para propósitos prácticos, pueden considerarse como equivalentes en lo relativo al número total de individuos infectados que alcanzan.

En este punto es importante hacer notar que, tanto el escenario III como el escenario IV, incluyen la estrategia de detección y aislamiento oportuno de los infectados. El comportamiento tan similar del modelo en ambos escenarios apunta a que la mejor estrategia para contener

la propagación de la epidemia es la que consiste en detectar y aislar los nuevos infectados, y esto prácticamente con independencia de si se adopta o no la estrategia de evitar los encuentros cercanos.

Aunque las gráficas de las figuras 2 a la 5 nos dan una idea general de la dinámica de la epidemia en los distintos escenarios, no muestran con mucha claridad cuál de los cuatro escenarios es el mejor. Esta es la razón por la que se decidió complementarlas con la gráfica de las variaciones respecto a los totales acumulados. La intuición detrás de esta última gráfica es que las variaciones (los nuevos casos de individuos infectados) son, de alguna manera, proporcionales a la cantidad total (el número acumulado de individuos infectados) en turno, de tal forma que esta nueva visualización nos proporciona una noción de la tendencia en la evolución de la epidemia (Reich, 2020). De esta forma, es posible comparar de una mejor forma el desempeño de las simulaciones en cada uno de los escenarios, tal y como se puede apreciar en la figura 6.

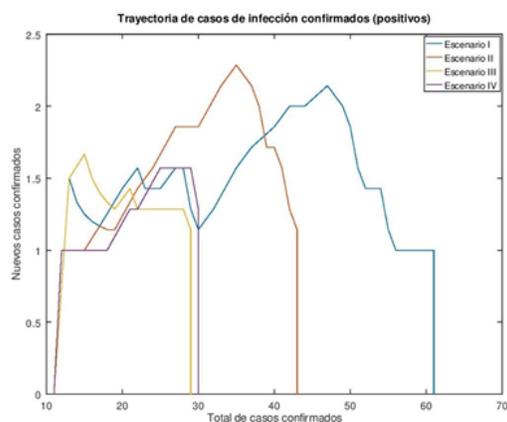


Figura 6. Comparación de las trayectorias de tendencia para los cuatro escenarios.

En la figura 6, es evidente que la combinación de estrategias que corresponden a los escenarios III y IV, son prácticamente equivalentes en tanto el punto de donde cambia la pendiente de la tendencia, respecto del número de nuevos casos de individuos infectados, y, más aún, el punto donde la epidemia encuentra su fin. En esta nueva gráfica, también se puede encontrar, en el eje de las abscisas, el punto donde cada escenario termina con un número total de casos de individuos infectados. En esta última gráfica, no sólo es posible comparar el número total de individuos infectados sino, sobre todo, el máximo nivel de los picos en las apariciones de nuevos casos de individuos infectados. De nueva cuenta, podemos confirmar que el peor escenario es el escenario I, seguido del escenario II, mientras que los escenarios III y IV son prácticamente equivalentes, representando a los escenarios más benévolos.

5. Conclusiones

En este trabajo se ha presentado un modelo heurístico para simular la dinámica de una epidemia ocasionada por una enfermedad infecciosa. Se ha empleado un conjunto de reglas heurísticas relativamente simples y el modelo se ha soportado por agentes que se mueven aleatoriamente en un espacio bidimensional. Para la codificación del modelo heurístico, se empleó el entorno de programación para agentes conocido como NetLogo, que permite programar de una forma sencilla e intuitiva, y se realizaron simulaciones que evidenciaron que el modelo genera perfiles exponenciales, con secciones finales aplanadas, para la representación gráfica de la dinámica de propagación para una enfermedad infecciosa, tal y como ocurre en el mundo real.

Se aprovechó el modelo propuesto para

comparar el desempeño de dos estrategias que se han aplicado, sobre todo recientemente, para contener la propagación infecciosa derivada del fenómeno de pandemia atribuido al COVID-19, a saber: a) evitar los encuentros cercanos y b) detectar y aislar en forma oportuna los nuevos casos de infección. Los resultados de las simulaciones con el modelo propuesto muestran que la estrategia más efectiva, incluso si esta se aplica como medida única, es la detección y el aislamiento oportuno de los nuevos infectados.

Los autores esperan que este trabajo sea de interés para los especialistas de la ciencia epidemiológica, pero también para el público en general, en tanto estamos ante una problemática compleja que nos afecta a todos, de manera global, y que demanda contribuciones que ofrezcan herramientas para la mejor toma de decisiones en el ámbito de las políticas de salud pública.

Bibliografía

- Bhatia, A. and Reich, H. Covid Trends. 2020. <https://aatishb.com/covidtrends/>
- Daley, D. J. and Gani, J. Epidemic Modelling: An Introduction, Cambridge Studies in Mathematical Biology. Cambridge University Press, USA, 1999.
- Diekmann, O. and Heesterbeek, J.A.P. Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases: Model Building, Analysis and Interpretation. John Wiley & Sons, USA, 2000.
- Herrera-Valdez, M. A.; Cruz-Aponte, M. and Castillo-Chavez, C. Multiple outbreaks for the same pandemic: Local transportation and social distancing explain the different waves of AH1N1PDM cases observed in Mexico during 2009. Mathematical Biosciences and Engineering, 8 [1], p.p. 21-48, 2009.
- Laguna-Sánchez, G. A. NetLogo heuristicEpiDem Iterated model, GitHub, 2020. github.com/galaguna/heuristicEpiDem-Iterated
- Mitchell, M. Complexity: A Guided Tour. Oxford University Press, USA, 2009.
- Reich, H. How to tell if we're beating COVID-19. 2020. MinutePhysics. <https://youtu.be/54XLXg4fYsc>
- Wilensky, U. NetLogo. <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/>. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 1999.
- Wilensky, U. NetLogo PD N-Person Iterated model. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 2002. <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/PDN-PersonIterated>.
- Xia, Yingcun and Ma, Stefan. Mathematical Understanding of Infectious Disease Dynamics (Lecture Notes Series, Institute for Mathematical Sciences: Volume 16). National University of Singapore, Singapore, 2008.
- Yang, C. and Wilensky, U. NetLogo epiDEM Basic model. Center for Connected Learning and Computer-Based Modeling, Northwestern University, Evanston, IL, 2011. <http://ccl.northwestern.edu/netlogo/models/epiDEMBasic>.