



Estimación de proyecciones para determinar el alcance de una endemia o epidemia en una población específica utilizando modelos matemáticos de propagación de enfermedades infecciosas.

Estimation of projections to determine the extent of an endemic or epidemic in a specific population using mathematical models of the spread of infectious diseases.

José Alfredo Hernández Pérez / José Antonio Fuentes Velásquez

<https://orcid.org/0000-0001-9731-6594> / <https://orcid.org/0000-0001-7013-108X>

j_fredssn@hotmail.com / jfuentes@univo.edu.sv

Resumen

La modelación de fenómenos matemáticos en la biología es una herramienta de gran utilidad para poder comprender de manera sencilla los problemas de la realidad; Al momento de analizar la transmisión de enfermedades, los modelos matemáticos basados en fenómenos epidemiológicos sirven para entender la mecánica de la propagación entre los miembros de una determinada población. Los modelos que sirven de base para este estudio de la dinámica de propagación de enfermedades son los modelos deterministas como son *SIR*, *SEIR*, *SIS*, los cuales son la base para obtener modelos más complejos.

Los métodos probabilísticos proporcionan poderosas herramientas para analizar y determinar el comportamiento de fenómenos, y si su comportamiento tiene naturaleza aleatoria, debido a esto es otra alternativa, se

estudian estos fenómenos biológicos utilizando los procesos estocásticos, o modelación estocástica.

Debido a que las soluciones a estos problemas no se pueden obtener de manera analítica, por la naturaleza de estos, deben resolverse utilizando software y hacer las aproximaciones de las estimaciones mediante métodos numéricos, estas simulaciones se sobrepondrán con la simulación de los modelos y compararlos para encontrar tendencias que permitan predecir o estimar los alcances de las endemias o pandemias en estudio y así establecer bases que nos permitan aplicarlos a diferentes enfermedades, bajo los supuestos propios de cada caso.

Palabras claves: Modelos Estocásticos, simulación numérica, modelo de urnas,



Modelos epidemiológicos, dinámica de propagación de enfermedades.

Abstract

The modeling of mathematical phenomena in biology is a very useful tool to be able to understand in a simple way the problems of reality; When analyzing disease transmission, mathematical models based on epidemiological phenomena serve to understand the mechanics of spread among members of a given population. The models that serve as the basis for this study of disease propagation dynamics are deterministic models such as SIR, SEIR, SIS, which are the basis for obtaining more complex models.

Probabilistic methods provide powerful tools to analyze and determine the behavior of phenomena, and if their behavior has a random nature, because of this it is another alternative, these biological phenomena are studied using stochastic processes, or stochastic modeling.

Because the solutions to these problems cannot be obtained analytically, due to their nature, they must be solved using software and approximating the estimates using numerical methods, these simulations will be superimposed with the simulation of the models and compared to find trends that allow predicting or estimating the scope of the endemics or pandemics under study and thus

establish bases that allow us to apply them to different diseases, under the assumptions of each case.

Key words: Stochastic models, numerical simulation, ballot box model, Epidemiological models, disease propagation dynamics.

Introducción

La propagación de enfermedades epidemiológicas es algo inherente a nuestra sociedad en este mundo globalizado, debido a que las personas pueden funcionar como vectores de transmisión de enfermedades y al interactuar los convierte en vectores de transmisión, por lo tanto, se vuelve necesario realizar análisis de los fenómenos epidemiológicos, para conocer su impacto en la población seleccionada y elaborar planes de previsión (campañas de vacunación, concientización, etc.) que permitan conocer el alcance de los infectados dependiendo de la enfermedad y su número reproductivo básico. Para realizar estos análisis se necesitan modelos deterministas. Una ventaja de los modelos deterministas reside en su análisis. Aunque la complejidad del modelo se incrementa, hay mucha herramienta matemática para realizar su análisis (N. Britton, 2003; T. Britton, 2010)



A pesar, de la vasta información acerca de los modelos determinísticos, existen otros tipos de modelos, los cuales son los llamados modelos estocásticos, dichos modelos permiten entender una gran variedad de fenómenos naturales, físicos, químicos, etc. y representar de una manera más exacta los fenómenos que se comportan como una variable aleatoria discreta o continua y que cambian con respecto al tiempo.

Para el caso de los modelos biológicos aplicado a la epidemiología, existen algunas distribuciones de probabilidad que, aunque describan ideas básicas y simples, pueden ser de gran utilidad en el modelado y análisis de algunos fenómenos complejos, debido a que podemos lograr una conexión con las aplicaciones que existen en el entorno. Permitiendo una comprensión del entorno en la cual trataremos de modelar y conocer sus propiedades; siempre y cuando tomemos en cuenta las limitaciones que cada modelo tienen recordando que solo es una descripción aproximada de dichos fenómenos.

En este trabajo se pretende mostrar y describir la conceptualización anterior, dicho así, los modelos de urnas y tomar uno de ellos para poder estimar el alcance de epidemias y pandemias basándonos en el número

reproductivos básico y el total de los habitantes de determinada población. Acoplando esto con algoritmos numéricos resultan muy útiles en el desarrollo de soluciones y simulaciones aplicadas en el área de la epidemiología, lo cual permite proponer modelos resolutivos a ideas tales como tipos de métodos aplicables, método de aproximación óptimo para describir el comportamiento, ventajas del método en uso, entre otros. De esa manera es posible generar una gama de soluciones y acciones que establezca mecanismos para manejar las repercusiones de las enfermedades en estudio, según la región en la que se decida hacer la estimación.

Planteamiento del problema

Se desea modelar un sistema biológico para poder determinar el alcance de una endemia o epidemia en una población específica utilizando modelos matemáticos de propagación de enfermedades infecciosas y simulándolos mediante algoritmos numéricos.

Enunciado del problema

¿Permite la Matemática Biológica predecir el comportamiento de algunos sistemas complejos basados en los sistemas epidemiológicos?



Justificación

El empleo de modelos matemáticos como herramienta para el análisis y simulación de fenómenos biológicos y epidemiológicos, estos modelos son de gran ayuda para poder entender el comportamiento de algunas enfermedades infecciosas, y son de gran ayuda, debido a que al conocer cómo es su comportamiento se puede tener un comportamiento estimado de su dinámica, además de elaborar medidas específicas de análisis, planeación y control (campañas de fumigación que sean efectivas para la erradicación de zancudos que producen enfermedades como dengue, Chikunguña, entre otros), mostrando el total aproximado de individuos afectados en determinada población, sujeto las condiciones basadas en los modelos SIR, SEIR.

Por ejemplo, la meta de todo sistema de salud es tomar acciones de respuesta durante una pandemia de gripe consiste, dicha acción consiste en reducir o detener la propagación del virus mediante estrategias de mitigación que disminuyan el número básico reproductivo mediante el cambio de la tasa de transmisión algunas medidas que se pueden tomar son (cerrando las escuelas, cerrando establecimientos) o reduciendo de la infecciosidad (por ejemplo, mediante el uso de medicinas antivirales) y por ultimo

disminuyan el número de reproducción efectiva reduciendo el número de individuos susceptibles con campañas de vacunación.

Objetivos

General

Analizar el modelo de compartimientos estocástico de urnas para sistemas biológicos y obtener estimaciones que describan el alcance de una endemia o pandemia en una población determinada implementando un método numérico.

Específicos

- Analizar un modelo estocástico que permita obtener una aproximación de manera precisa el alcance de enfermedades que se comportan bajo las reglas de los modelos SIR, SEIR.
- Implementar un método numérico que determine la mejor aproximación con respecto al alcance de enfermedades que se comportan bajo las reglas de los modelos SIR, SEIR.
- Aportar un modelo predictivo para el desarrollo de planes de mitigación frente a las enfermedades endémicas de una determinada región de El Salvador.



Resultados

En esta sección se realizan una serie de experimentos numéricos para validar la expresión obtenida para estimar las proyecciones y determinar el alcance de una enfermedad dependiendo de su potencial epidémico.

La generación de simulaciones del modelo debido a la naturaleza de la ecuación está basada en aproximaciones sucesivas de punto fijo.

Algoritmo 1: ITERGEN($A, M, b, x_0, \text{maxIter}, \epsilon_{abs}, \epsilon_{rel}$)

```

1 resNorm0 = ||b - Ax0||
2 for k = 1 to maxIter do
3   rk = b - Axk
4   resNormk = ||rk||
5   if resNormk < εrel × resNorm0 + εabs then
6     return xk
7 else
8   xk+1 = xk + M-1rk
    
```

Figura 1: Algoritmo de punto fijo

Los experimentos muestran que para diferentes valores de R_0 y para una población $N = 10^k$, se detallan en la siguiente tabla:

Tabla 1: Aproximaciones de infectados para una población $N = 10^k$, para

$$k = 4, 5, 6.$$

N (Población)	Cantidad aproximada de infecciones en una población a partir del Número reproductivo R_0			
	COV ID-19	Influenza	Varicela	Sarampión
	$R_0=1.3$	$R_0=2.8$	$R_0=10$	$R_0=18$
$N = 10^4$	4,230	9,250	10,000	10,000
$N = 10^5$	42,297	92,497	99,995	100,000
$N = 10^6$	422,970	924,970	999,955	1,000,000

Los experimentos se realizan con grado de aproximación uniforme por lo que tomaremos un orden del error único para mostrar los resultados, además de utilizar el lenguaje de programación Julia (Ökten, 2019), para poder realizar las simulaciones.

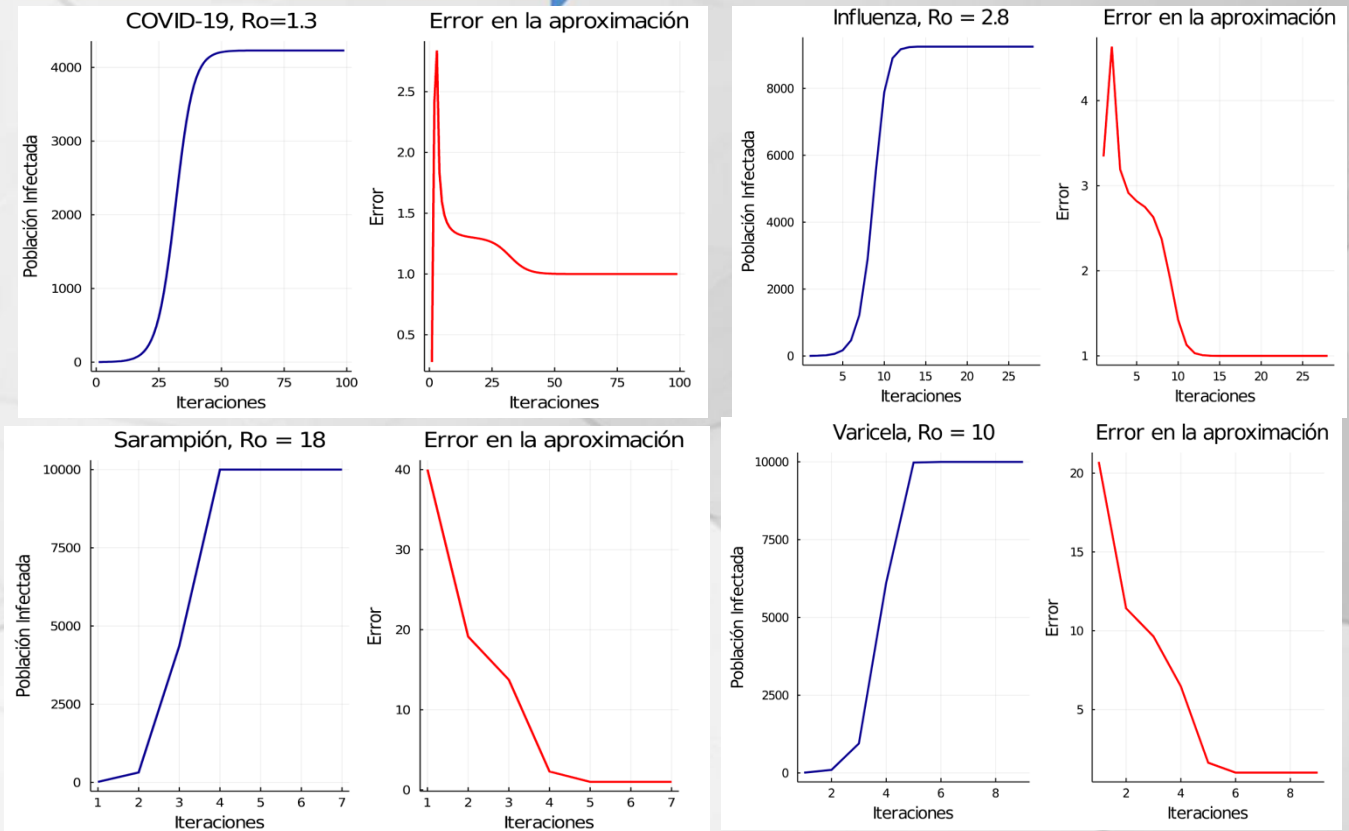


Figura.2: Aproximaciones de infectados para una población $[N=10]^4$, para $R_0 = 1.3, 2.8, 10, 18$.

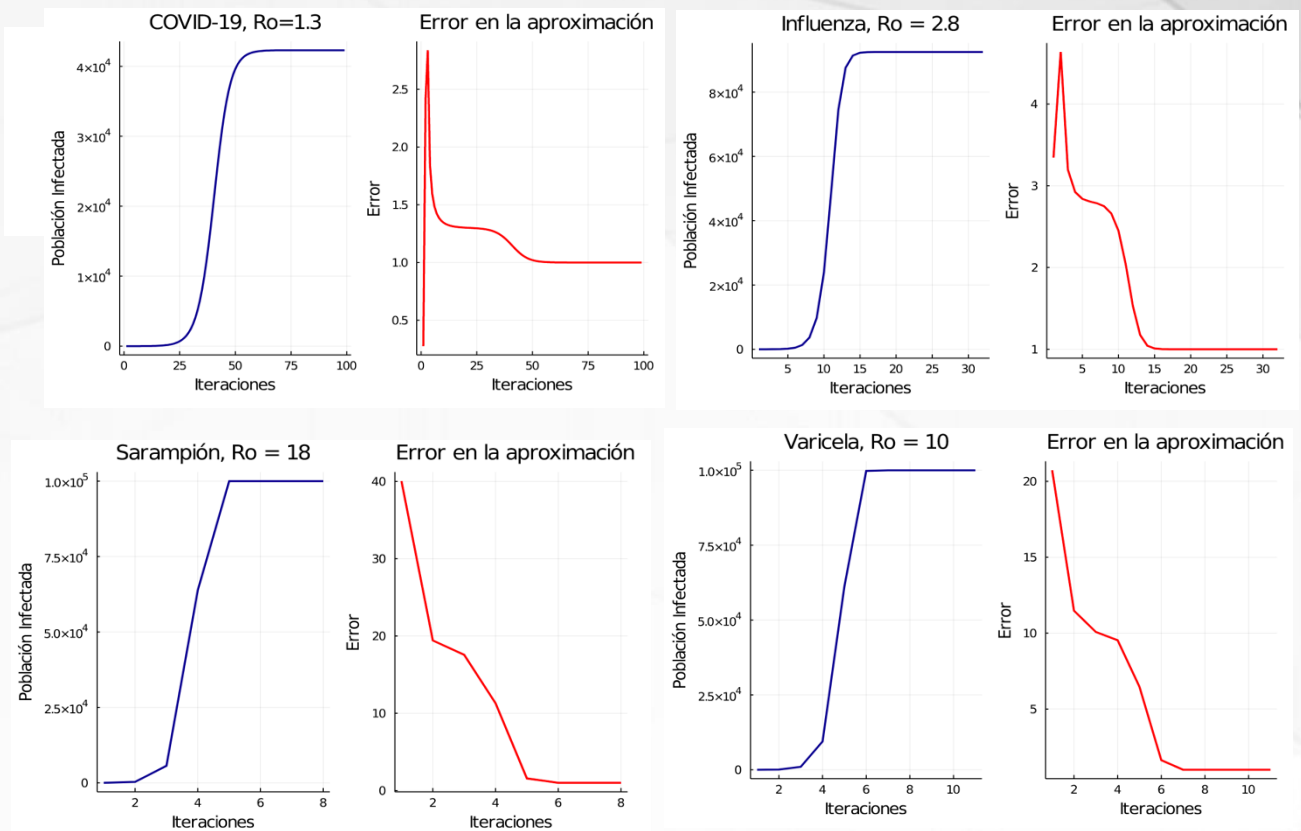




Figura 3: Aproximaciones de infectados para una población $N = 10^5$, para $R_0 = 1.3, 2.8, 10, 18$.

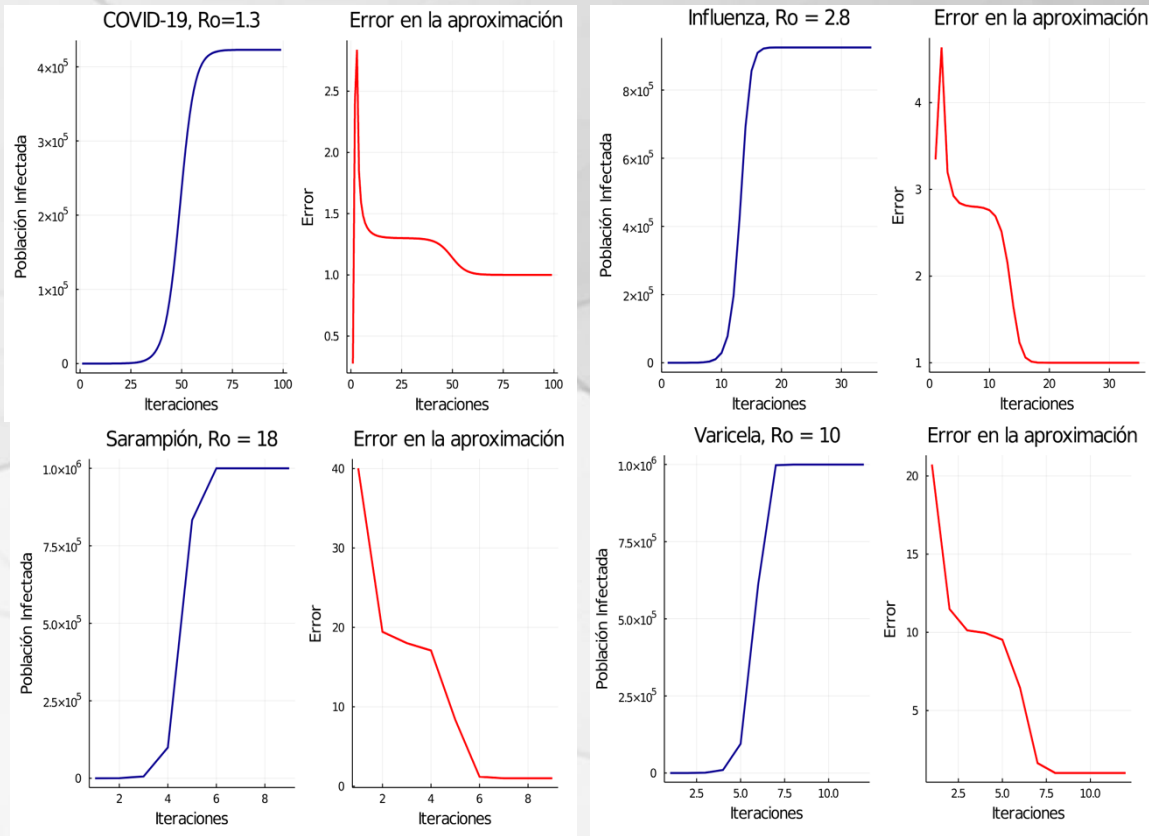


Figura 4: Aproximaciones de infectados para una población $N = 10^6$, para $R_0 = 1.3, 2.8, 10, 18$.

Discusión

Los experimentos numéricos presentados en este artículo muestran que la técnica el método de punto fijo es estable para el análisis de este modelo de urna, mostrando así la solución que converge a valor de solución en este caso es el punto fijo de la ecuación.

Los experimentos muestran que las aproximaciones para diferentes valores del número reproductivo mejoran, si el R_0 crece,

aumenta el orden de convergencia del método y las predicciones de los infectados se alcanzan en menos iteraciones, esto es debido a que la convergencia del método depende como se define la ecuación.

Note que cambiando el tipo de método de aproximación se pueden mejorar las aproximaciones para resolver el problema y la aproximación cuando tenemos la predicción.



Con diferentes números reproductivos básicos se muestra la gráfica con la que el modelo predice los posibles escenarios que podemos esperar ante un determinado brote de una enfermedad. Nótese que con un $R_0 > 1$ los resultados muestran que la enfermedad puede generar contagios a gran escala, si $R_0 < 1$, predice una disminución de la pandemia es decir que muere después de un largo periodo de tiempo, y $R_0 = 1$ está controlado.

Este análisis es el mismo que predice un sistema SIR que es el que convencionalmente se utiliza con la actualización que ahora podemos dar una predicción a corto plazo del número esperado de contagios que podríamos tener en una población específica.

Conclusiones

Los modelos de propagación de epidemias SIR dependen del número reproductivo básico el cual cambia dependiendo las condiciones del medio y población afectada, ya que, los modelos epidemiológicos estudian diferentes escenarios, dependiendo de los parámetros que rigen el sistema de ecuaciones que modelan los fenómenos y si se comporta de manera aleatoria, pero al retomar un enfoque estocástico, se obtiene una mejor aproximación debido a la naturaleza.

El método numérico de punto fijo resuelve el problema de manera eficiente ya que calcula las aproximaciones de los individuos infectados en una población determinada en las cuales la dinámica de propagación es eficaz, y de esta manera al hacer este cálculo poder aportar información útil al sistema de salud para poder actuar de manera pronta para poder reducir el factor de contagio al minimizar el número reproductivo básico.

El modelo nos permite visualizar una estimación de una epidemia en una población específica, para poder tomar acciones de prevención y obtener panoramas de mejoras.

EL número de reproducción representa que tan rápido se propaga la enfermedad, este depende del siguiente rango $R_0 > 1$, la enfermedad puede propagarse y tomando en cuenta que cuanto más grande sea el R_0 , más difícil será controlarla. Lo ideal es buscar que nuestro $R_0 < 1$ ya que desaparecerá después de un tiempo. Además de que el número reproductivo básico se ve afectado por muchos factores, entre ellos la duración del periodo infeccioso de un organismo, número de personas susceptibles dentro de la población y con los que los pacientes afectados entran en contacto



Recomendaciones

Ante brotes de una posible epidemia, las entidades de salud deben de contar con la información necesaria de estos modelos para tener predicciones más certeras del impacto que puede causar en una población específica.

Los modelos de urnas se basan en distribuciones probabilísticas es por ello por lo que se recomienda prestarles la atención necesaria a estos modelos ya que a pesar de su simpleza sus aplicaciones son muy importantes.

Referencias

- Brauer, F., & Castillo-chávez, C. (2014). *Modelos Para La Propagación De Enfermedades Infecciosas*.
- Britton, N. (2003). *Essential Mathematical Biology*. Springer-Verlag, London, 1st Editio.
- Britton, T. (2010). Stochastic epidemic models: A survey. *Mathematical Biosciences*, 68(1-2), 109–143.
- Driessche P. Wu J. (Eds.). (2008). *Mathematical Epidemiology (Lecture Notes in Mathematics / Mathematical Biosciences Subseries)*. Springer.
- Kermack WO, M. A. (1927). A contri-bution to the mathematical theory of epi-demics. *Proc Royal Soc Math Phys Eng Sci.*, 115(772):700–21.
- Núñez Olivares, F. S. (2014). *Estudio de modelos matemáticos para comportamiento social en procesos epidemiológicos*. Universidad de Chile.
- Ökten, G. (2019). *First Semester in Numerical Analysis*

with Julia. *First Semester in Numerical Analysis*
with Julia. <https://doi.org/10.33009/jul>