

Universidad del Valle de Guatemala
Facultad de Ciencias y Humanidades



Modelo físico sobre la diseminación de la Chikungunya en
municipios de Escuintla

Trabajo de graduación presentado por
Francisco Isaac Quiroa Samayoa
para optar al grado académico de Licenciado en Física

Guatemala
2015

Modelo físico sobre la diseminación de la Chikungunya en
municipios de Escuintla

Universidad del Valle de Guatemala
Facultad de Ciencias y Humanidades

Modelo físico sobre la diseminación de la Chikungunya en
municipios de Escuintla

Trabajo de graduación presentado por
Francisco Isaac Quiroa Samayoa
para optar al grado académico de Licenciado en Física

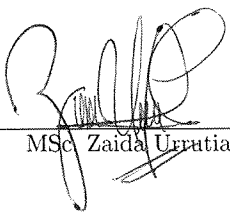
Guatemala
2015

Vo. Bo. :

(f) 
Phd. Juan Adolfo Ponciano

Tribunal Examinador:

(f) 
Phd. Juan Adolfo Ponciano

(f) 
MSc. Zaida Urrutia

(f) 
MSc. Marid Martínez

Fecha de aprobación: Guatemala 21 de mayo de 2015

AGRADECIMIENTOS

Inicio dando gratitud Al Gran Arquitecto del Universo por haberme guiado en este recorrido de culminación de pregrado, a pesar de todas las dificultades presentes. A mis padres, hermana y familia por el apoyo incondicional brindado durante todos los logros alcanzados.

Agradezco el apoyo, conocimiento y entrega de mi catedrático, asesor y amigo, Juan Ponciano. Por todos los conocimientos brindados en los cursos de mecánica cuántica y mecánica estadística. La guía que brindó para poder trabajar el análisis de enfermedades y decidirme para realizar este trabajo. Sus comentarios y sugerencias que siempre fueron constructivos y lograron el avance de este trabajo de graduación.

Al Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social por brindarme el apoyo necesario para utilizar datos de la enfermedad que se analiza, y el conocimiento de epidemiología brindado por Mario Martínez para entender el comportamiento de las enfermedades. A mis compañeros de trabajo y quienes acompañaron mi proceso de formación Marcelo Girón y Fernando Ponce. Asimismo, a Sebastián Croissiert por brindarme el tiempo necesario para la culminación de este, y recordarme que con paciencia y humildad se puede llegar muy lejos. Y a la persona que siempre esta conmigo desde hace tres años, cambiandome la vida e impulsandome para llegar más lejos Marian Lopez.

ÍNDICE

AGRADECIMIENTOS	v
ÍNDICE DE FIGURAS	viii
ÍNDICE DE CUADROS	viii
RESUMEN	ix
I. INTRODUCCIÓN	1
II. JUSTIFICACIÓN	3
A. Importancia en física	3
B. Importancia en salud pública	3
III. OBJETIVOS	5
A. Objetivo general	5
B. Objetivos específicos	5
IV. METODOLOGÍA	6
V. DIFUSIÓN	7
A. Historia de la difusión	7
B. Breve descripción de la teoría de difusión en física	7
C. Caminata aleatoria	8
1. Ecuación de Difusión.	12
2. Aplicaciones de Difusión en física	14
D. Modelos epidémicos	15
1. Clasificación de modelos.	15
2. Modelo SIR sin demografía	16
3. Modelo SIR para enfermedades transmitidas por vectores	17
E. Propagación geográfica	19
1. Modelo SIR con difusión	19
VI. MODELO PARA ENFERMEDADES TRANSMITIDAS POR VECTORES	22
A. Modelo SIR para vectores	22
B. Modelo para la diseminación de la enfermedad	23
1. Estados estacionarios	25
2. Soluciones de frente de onda	29
C. Modelo propuesto para la propagación de enfermedades propagadas por vectores	30
1. Modelo para dos poblaciones	31
2. Simulación del modelo discreto mediante python	32
VII. RESULTADOS	34
A. Propagación espacial de la Chikungunya	34
B. Mapas de riesgo de la propagación espacial de la Chikungunya	35

VIII. ANÁLISIS DE RESULTADOS	36
IX. CONCLUSIONES	39
X. RECOMENDACIONES	40
XI. BIBLIOGRAFÍA	41
XII. ANEXOS	43
A. Programas correspondientes a las simulaciones realizadas	43
B. Procedimiento de las ecuaciones adimensionales	44
C. Procedimiento de los estados estacionarios	45
D. Procedimiento de las ecuaciones de onda	47
XIII. GLOSARIO	49

ÍNDICE DE FIGURAS

1	Programa de la caminata aleatoria.	10
2	Caminata aleatoria de una dimensión.	11
3	Programa de caminata aleatoria en dos dimensiones.	12
4	Caminata aleatoria en dos dimensiones.	12
5	Modelo SIR (tiempo vs personas)	17
6	Diagrama del Modelo determinista SIR para vectores	18
7	Propagación espacial mediante el modelo SIR.	19
8	Simulación de modelo SIR para la Chikungunya en Guatemala.	22
9	Programa de simulación de propagación de la Chikungunya en python 2.7.	32
10	Propagación espacial de la Chikungunya en el departamento de Escuintla, semana 40 a semana 43.	35
11	Casos reportados en cuatro municipios de Escuintla.	36
12	Normalización de casos de Chikungunya en Escuintla.	37
13	Simulación del modelo discreto para cuatro poblaciones, tomando un coeficiente de migración constante entre las cuatro poblaciones.	37
14	Casos en eje y, semanas en eje x. Propagación de la Chikungunya mediante modelo discreto.	38
15	Código de programa de python. Se presentan las constantes y restricciones del modelo SIR.	43

ÍNDICE DE CUADROS

1	Variables consideradas en el modelo de propagación espacial continua presentado por Norberto Maidana.	23
2	Casos de Chikungunya entre septiembre y diciembre en municipios de Escuintla.	34

RESUMEN

Los métodos de física matemática tienen importancia creciente en investigación interdisciplinaria. En particular, las ecuaciones dinámicas de la física estadística han demostrado ser muy útiles en el estudio cuantitativo de modelos de comportamiento que pueden aplicarse en áreas diversas; entre ellas la ecología, la biología y las ciencias de la salud (Bellouquid, 2006). Este trabajo se enfoca en el estudio de la dinámica de la epidemia de la Chikungunya en el departamento de Escuintla utilizando ecuaciones de difusión, las cuales se originaron desde el enfoque de sistemas estudiados en física (ecuación de calor, aplicaciones de mecánica estadística, movimiento browniano, etc).

La Chikungunya es una enfermedad transmitida por hembras *Aedes Aegypti* y *Albo Pictus*, para este virus solo existe un serotipo. Los mosquitos transmiten la enfermedad al humano por una picadura (Hari & Durvasula, 2013). La Chikungunya ingresó al país en el año 2014. Observando los nuevos casos de Chikungunya, se puede ver claramente que el programa no ha tenido variaciones, ya que la enfermedad aún persiste en el país. Estas fallas se deben a la deficiencia en la vigilancia de vectores, debido a que en áreas urbanas el ambiente es adecuado para que el vector viva y se propague en el país. Es ahí cuando estos modelos se pueden utilizar como herramientas cualitativas, ya que estos agregan mayor información sobre la enfermedad. Por ejemplo, se puede determinar la rapidez de la enfermedad y determinar cuáles son los puntos concentrados con el vector. El abordaje usual en estudios matemáticos de epidemias está dirigido a dilucidar los factores que determinan la transmisión local y regional de una infección, además de identificar patrones de movilidad de individuos infecciosos. Este trabajo se enfoca en la caracterización espacio-temporal de un brote epidémico de Chikungunya. El interés principal del estudio es determinar escalas espaciales y temporales del fenómeno. El estudio incluye la descripción de cambios de comportamiento y dispersión del fenómeno en base a métodos matemáticos, estadísticos y ecuaciones utilizadas en física para la descripción de procesos de difusión.

Se trabajarán dos modelos que describan estas enfermedades, un modelo se estudiará analíticamente y otro modelo se resolverá numéricamente. Se inicia el estudio mediante la formulación de las ecuaciones de difusión en física y modelos epidémicos. Ninguno de los modelos tomará en cuenta acciones preventivas como aplicación de larvicidas, fumigaciones, intervenciones (no existe vacuna para esta enfermedad). Al concluir el análisis se presentó los resultados correspondientes y el tiempo en que propago la enfermedad, donde se presenta la propagación en los cuatro municipios de Escuintla.

I. INTRODUCCIÓN

Los sistemas físicos sometidos a influencias aleatorias del entorno han sido ampliamente estudiados en matemática, física, biología y muchas más áreas. Estos procesos son utilizados para analizar cómo se comportan partículas, moléculas, animales, virus, bacterias, etc. Estudios en esta área se remontan al trabajo del británico R. Brown, quien experimentó con la dispersión del polen de distintas plantas en medio acuoso, surge así el concepto de movimiento browniano y sistemas brownianos. El movimiento browniano es el proceso más simple y fundamental de difusión, conocido como proceso de Wiener. Muchos de estos procesos son continuos en el espacio y el tiempo, incluidas todas las variables importantes en el estado del sistema, entonces la evolución del sistema dependerá del estado actual (este es un sistema Markoviano). Einstein en 1905 explicó cómo el experimento realizado por Brown se explica con una caminata aleatoria debido a la aleatoriedad de la dispersión del polen en las moléculas de agua (Mansuy, 2008). Aplicando estos modelos y basándose en la teoría de movimiento browniano se presentará un modelo epidémico. Estos modelos epidémicos describen la interacción entre personas, es decir cómo interactúa un humano susceptible y un humano infectado. Luego, se puede realizar con mayor complejidad estos modelos, que pueden realizarse para animales, poblaciones, vectores, etc. Los modelos propuestos tratan únicamente la propagación de la enfermedad, en estos no se toma en cuenta la erradicación del vector, fumigaciones, larvicidas, etc. Se trabajarán dos modelos (analíticamente y resolución numérica).

El modelo teórico que se presentará está compuesto de susceptibles, infectantes (SI) donde se compara la diferencia entre una enfermedad endémica con una enfermedad emergente, utilizando la difusión y advección como componentes principales. Mientras el segundo tomará en cuenta a los recuperados. Se realizaron dos sistemas para analizar la enfermedad. Para realizar estos dos sistemas se debe de tener información sobre ambas enfermedades, por lo cual se solicitó información de los casos reportados de Chikungunya al Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social. Utilizando estos datos se realizaron series de tiempo para identificar patrones sobre el comportamiento y realizando un mapeo geoGráfico sobre la distribución de casos en Escuintla. Se compara la cantidad de casos en cuatro de los municipios con mayor cantidad de Chikungunya. Al utilizar un lenguaje de programación como python se procede a explicar los sistemas utilizados. Uno de estos sistemas toma en cuenta la movilidad del vector, tomando en cuenta un coeficiente de difusión y advección. Los coeficientes explican la rapidez con que se desplaza el vector y cómo se mueve en la localidad en que se encuentran; por cada población donde se han registrado estas enfermedades hay existencia del vector en esa localidad. El segundo sistema toma en cuenta la movilidad del ser humano. Es decir, que el humano se moviliza de una población a otra población, explicando por qué la enfermedad aparece en departamentos o municipios distantes entres sí.

En el primer sistema se utilizarán cinco ecuaciones diferenciales para determinar los estados estacionarios y poder explicar el significado físico de cada punto. Luego, se procederá con una transformación del modelo SI para explicar

cómo las “travelling waves solutions” muestran la forma de una onda propagándose en el espacio-tiempo. Mientras en el segundo sistema se analiza un modelo discreto que toma en cuenta la movilidad del ser humano, utilizando éste un coeficiente de migración para poder mover a las personas entre poblaciones. Al tener estos dos sistemas se procede a ver geográficamente la propagación de la Chikungunya mediante la utilización de mapas. Además, se realizó un Gráfico donde se presentan los brotes en cuatro municipios del departamento de Escuintla. Estos brotes se normalizaron y con esto se determinó el tiempo en que apareció la enfermedad en los cuatro municipios analizados. Al obtener esto se conoce el movimiento de la enfermedad, del vector, del ser humano, y la propagación presentada en los sistemas mencionados.

Esto se valorará en cuatro municipios de Escuintla, ya que estos cascos urbanos dan lugar a que exista el vector y pueda transmitirse la enfermedad. Con esto en cuenta y mediante la utilización de mapeos de riesgo, se verá la propagación geográfica de la enfermedad en los municipios de Escuintla. Al observar los resultados se espera probar que la mayor parte de infectantes por Chikungunya fueron personas que se movilizaron o residían en la CA-2, la cual es una carretera que pasa sobre Guatemala desde El Salvador a México.

II. JUSTIFICACIÓN

A. Importancia en física

La difusión es un proceso por el cual se transporta materia de un sistema a otro como resultado aleatorio de movimientos moleculares. Los modelos de difusión se han aplicado a distintas ramas de las ciencias naturales e incluso han alcanzado estudios en las ciencias sociales (Itô, 1974). Ejemplos de estas aplicaciones en espacio continuo se observan en movimiento molecular, fluctuaciones del mercado de valores, sistemas de comunicación, procesos neurofisiológicos, etc. Así también aplicados a procesos discretos se trabajan modelos de crecimiento poblacional, modelos de cola para sistemas largos y modelación de enfermedades por medio de compartimentos.

Existen varias publicaciones en donde los fenómenos naturales se modelan como sistemas de reacción-difusión. Estos modelos describen la distribución de una o más sustancias en el espacio bajo la influencia de reacciones químicas y difusión, tales son los casos de los modelos presa-depredador, la teoría cinética de los gases, las aplicaciones en plasmas y los fenómenos de propagación de enfermedades, este último es el tema del presente estudio. Se ha elegido estudiar la enfermedad del Chikungunya por ser de interés en materia de salud pública para el país, pero también porque la modelación de las interacciones entre el vector, el huésped, el agente causal y las relaciones entre estos y los parámetros del entorno, representa un reto científico en el que confluyen aplicaciones de conocimientos en física, biología, matemática e informática. El problema se presenta como un ejercicio integrador relevante para la formación profesional en estudios de Ciencias Naturales. Esquemáticamente, el trabajo siguiente comprende cuatro etapas, las cuales son:

1. Construcción de un modelo sobre la dinámica de propagación de la epidemia de la Chikungunya en términos de un proceso de difusión.
2. Estudio de las características físicas del proceso descrito por las ecuaciones.
3. Evaluación y estudio técnico de propiedades matemáticas de las ecuaciones que rigen la dimensión del proceso.
4. Resolución numérica de las ecuaciones físicas.

B. Importancia en salud pública

La Chikungunya es una infección transmitida por mosquitos que se presenta en regiones tropicales y subtropicales. Esta se propaga por el mosquito hembra *aedes aegypti* y *aedes albopictus*. Una vez una persona se infecta, esta se recupera y se vuelve inmune a esta enfermedad. Debe tomarse en cuenta que la propagación de esta enfermedad es transmitida por el vector *aedes*. Debido a la movilidad del ser humano, esto influye la manera en que la enfermedad se propaga entre municipios, ya que el ser humano puede ser portador del virus sin tener síntomas. Esta es la manera en que el vector local adquiere el virus al tener contacto con este y luego lo transmite a otras personas aumentando a la fuerza epidémica. Esto se ejemplifica con casos que aparecen en localidades y que en cuestión de tiempo (días, semanas o meses) las poblaciones aledañas inician con

la enfermedad. En este estudio se aplicará un sistema reacción-difusión para comparar cómo se propagó esta enfermedad durante el 2014 en los municipios de Escuintla, y cómo las carreteras y la temperatura afectan o no afectan la propagación de la enfermedad tomando en cuenta también la movilidad de las personas. Los datos a utilizar fueron adquiridos de una herramienta llamada EPIVIGILA, que incluyen el lugar donde se reportaron y la fecha por semana. Además, se poseen ciertos datos más específicos con la residencia donde se localizaron los casos por día, pero son una minoría de datos. Se podrá observar qué factores contribuyen a la mayor incidencia de casos de la Chikungunya.

Debe tomarse en cuenta que Guatemala posee un protocolo de vigilancia epidemiológica. El objetivo general de su vigilancia es conocer el comportamiento de la Chikungunya en la población para identificar oportunamente cambios en su magnitud y tendencia para establecer medidas de prevención y control efectivas y oportunas para el país (MSPAS, 2014). En esta vigilancia se toma en cuenta la vigilancia entomológica, que puede revisarse en el Manual operativo de Vigilancia y Control Entomológico de *Aedes Aegypti*. Cuando se vigila la Chikungunya se trabajan por separado la vigilancia y la vigilancia entomológica, por lo cual, se posee un estado endémico en el país. Una manera de poder iniciar análisis sería relacionar la vigilancia de la Chikungunya y la vigilancia entomológica utilizando herramientas complementarias para la vigilancia, como el análisis de enfermedades mediante modelos matemáticos, ya que estos modelos sirven para poder determinar coeficientes que describen la rapidez, el tiempo en que una enfermedad puede propagarse, indicar cuántas personas se infectarán al haber una persona infectada, etc.

III. OBJETIVOS

A. Objetivo general

- Estudio de las características físicas de un brote epidémico de la Chikungunya, modelando el fenómeno de diseminación geográfica mediante modelo propuesto resuelto numéricamente y modelo estudiado analíticamente

B. Objetivos específicos

- Estudio de procesos markovianos y la ecuación de difusión utilizando el proceso de Markov como una versión discreta de la ecuación de difusión.
- Elaboración de algoritmos para caminatas aleatorias e implicaciones físicas.
- Aplicación y resolución de ecuaciones de difusión en física para observar la propagación espacial de la Chikungunya en el país.
- Identificación de patrones difusivos.

Utilizando los datos reales se localizará la mayor concentración de incidencia de casos y se analizará la propagación de enfermedades infecciosas mediante un modelo físico de Susceptibles- Infectados (SI).

IV. METODOLOGÍA

Dirigida a comprender las razones subyacentes a la distribución espacial y temporal de casos de Chikungunya.

1. Recopilación de datos del MSPAS.
2. Implementación de una plataforma con información de incidencia de Chikungunya en Escuintla.
3. Gráficas de series temporales para ubicar brotes y lograr la identificación de patrones temporales.
4. Elección de la localidad del estudio.
5. Mapear la distribución espacial de casos de Chikungunya mediante el uso de paquetes GIS.
6. Análisis de posibles dinámicas que intervienen en la diseminación local y regional de un brote.
7. Propuesta de modelos teóricos en base a la fenomenología. Implementación teórica y numérica.
8. Implementación numérica del modelo (códigos de programación: Python).
9. Uso de la literatura para fijar el dominio de parámetros del modelo en base a argumentos clínicos, biológicos, físicos.
10. Estudio del modelo propuesto frente a datos observados/ elaboración de proyecciones.
11. Comparación del comportamiento espacial de la enfermedad entre los municipios de Escuintla.

V. DIFUSIÓN

A. Historia de la difusión

El “origen de las especies” yace en las páginas de la revista *Biometrika*. Ahí, en su remarkable publicación de 1951 “Dispersión teórica aleatoria en poblaciones”, J.G. Sellan realizó un número de observaciones que afectó el estudio espacial de la ecología, que es una de las ramas donde se aplican los sistemas reacción-difusión. Primero, inició con la conexión entre caminatas aleatorias, como descripción del movimiento a una escala de miembros individuales de algunas especies biológicas teóricas, y la ecuación de difusión, como descripción de dispersión de un organismo y demostración de la plausibilidad de conexión en el caso de animales pequeños. Segundo, combinó la descripción difusiva de dispersión con dinámica poblacional, se introducen la ecuaciones reacción-difusión en ecología teórica (Cantrell, 2003).

Las áreas de aplicación, además de la ecología, son biología poblacional y ciencias de la salud (epidemiología). La población genética es también un área clásica de aplicación. En sistemas no uniformes hay aún más elección, pero las ecuaciones reacción-difusión siempre se incluyen, con aplicaciones a nivel molecular y poblacional (Britton, 2003).

Para describir estos sistemas se utilizan ecuaciones diferenciales parciales. La premisa en estos modelos es que la evolución de densidades poblacionales es capturada por la ecuación de difusión. Debe saberse que en sistemas reacción-difusión pueden existir inestabilidades con respecto a las perturbaciones no homogéneas espaciales (Blasius, 2007).

B. Breve descripción de la teoría de difusión en física

En la ciencia moderna, Thoma Graham realizó los primeros estudios experimentales sistemáticos en difusión. Estudió la difusión en gases y describió su fenómeno entre 1831-1833:

<<...gases of different nature, when brought into contact, do not arrange themselves according to their density, the heaviest undermost, and the lighter uppermost, but they spontaneously diffuse, mutually and equally, through each other, and so remain in the intimate state of mixture for any length of time.>>
(Crank, 1975)

Las medidas de Graham contribuyeron a Maxwell para determinar el coeficiente de difusión para el CO_2 en aire, además en 1855 Adolf Fick propuso su ley de difusión. Graham realizó una analogía entre la difusión y conducción de calor o electricidad para crear un formalismo similar a la ley de conducción de Fourier (Crank, 1975).

Las principales contribuciones de la difusión fueron:

1. Teoría de la difusión continua, originada por Adolf Fick, quien experimentó sus elegantes experimentos en difusión de gases y de sal en agua gracias a Thomas Graham (Mehrer, 2009).
2. Movimiento browniano, observado por primera vez por Robert Brown, que fue interpretado años después por Albert Einstein y casi al mismo tiempo por Marian von Smoluchowski. Su teoría relacionaba la distancia media cuadrada de átomos con el coeficiente de difusión, lo cuál provee la piedra angular estadística para unir los puentes entre mecánica y termodinámica (Mehrer, 2009).
3. Difusión del estado sólido por Roberts-Austen en 1896. Utilizando un radio isótopo natural, Georg von Hevesy y sus ayudantes desarrollaron los primeros estudios en autodifusión en líquidos y sólidos (Mehrer, 2009).

Entonces se entiende que la difusión es una forma de transporte de la materia y con esta se pueden explicar procesos. Principalmente procesos en termodinámica y mecánica estadística. Para poder comprender la difusión se debe iniciar en el estudio de caminatas aleatorias. Las caminatas aleatorias ofrecen un marco teórico útil para entender la difusión a un nivel microscópico. Se han utilizado para describir el movimiento browniano de una partícula sujeta a colisiones con las moléculas de un fluido que las rodea, así como para entender la cinética de reacciones químicas, propiedades estadísticas de avalanchas en medios granulares o conformaciones de polímeros. En otras áreas de la física, las caminatas aleatorias aparecen de manera ubicua en la descripción de problemas donde el ruido y la incertidumbre juegan un papel fundamental, por ejemplo: cómo los animales usan el espacio y los recursos de un ecosistema, cómo los precios evolucionan en mercados bursátiles, etc. Iniciamos en la subsección siguiente desarrollando qué es una caminata aleatoria (Miramontes, 2013).

C. Caminata aleatoria

Las caminatas aleatorias describen movimientos en cualquier dirección, usando aleatoriedad como su nombre lo indica. Se inicia tomando una partícula, la cual se puede mover únicamente un paso hacia atrás o hacia adelante en determinado tiempo. Si el movimiento es imparcial se tiene que es igualmente probable que la partícula se mueva un paso a la derecha o izquierda. Después de un tiempo $N\Delta t$ (N es la cantidad de pasos que se mueve) la partícula puede estar en cualquier posición desde $-N\Delta x$ (pueden ser pasos a la izquierda o hacia atrás) hasta $N\Delta x$ (pueden ser pasos a la derecha o hacia adelante) si tomamos como punto de inicio el origen. La distribución espacial de cómo se distribuirán los pasos tomados hacia cualquier posición no será uniforme debido a la aleatoriedad en que se toman los pasos. Por lo tanto, se quiere obtener la probabilidad ($p(m, n)$) de que una partícula alcance un punto (m) en determinada cantidad de espacios a la derecha después de una cantidad de pasos (n) en el tiempo. Para que el punto haya alcanzado la posición deseada ($m\Delta x$), este se movilizó una cantidad de pasos a la derecha (a) y otra cantidad de pasos a la izquierda (b). Entonces que para alcanzar el punto m la partícula se ha movilizado a, b

pasos, así (Murray, 2003)

$$m = a - b, \quad a + b = n \implies a = \frac{n+m}{2} \quad b = n - a \quad (\text{Murray, 2003})$$

Para desarrollar el número de posibles trayectorias para que la partícula alcance $x = m\Delta x$ se utiliza:

$$\frac{n!}{a!b!} = \frac{n!}{a!(n-a)!} C_a^n \quad (\text{Murray, 2003})$$

El uso de factoriales y C_a^n , que es el coeficiente binomial, se debe a que se quiere saber todas las posibles trayectorias que la partícula puede tomar, el coeficiente binomial esta definido por:

$$(x + y)^n = \sum_{a=0}^n C_a^n x^{n-a} y^a \quad (\text{Murray, 2003})$$

Además, debe recordarse que el número total de posibles pasos (n) es 2^n . De esta forma la probabilidad $p(m, n)$ es:

$$p(m, n) = \frac{1}{2^n} \frac{n!}{(n-a)!}, \quad a = \frac{n+m}{2} \quad (\text{Murray, 2003})$$

con $n + m$ par.

Notese que $\sum_{m=-n}^n p(m, n) = 1$. Y si la cantidad de pasos es muy larga tal que $n \pm m$ sean números muy largos, se observará un comportamiento asintótico.

Ahora si se toma la fórmula de Stirling's ($n! \sim (2\pi n)^{1/2} n^n e^{-n}$, $n \gg 1$) y al sustituir esto en $p(m, n)$ se realiza un poco de álgebra para llegar a obtener la distribución de probabilidad gaussiana:

$$p(m, n) \sim \left(\frac{2}{\pi n}\right)^{1/2} e^{-m^2/(2n)}, \quad m \gg 1, \quad n \gg 1 \quad (\text{Murray, 2003})$$

m y n no deben de ser muy largos para poder tener una aproximación precisa.

Al utilizar la caminata aleatoria como base se puede observar la aplicación de estos valuando valores de m y n (Derivación de la ecuación de difusión de la caminata aleatoria). Si observamos la probabilidad para fines prácticos tomamos $n > 6$ ya que permitir aproximaciones más precisas. Ahora si se utiliza

$$m\Delta x = x, \quad n\Delta t = t$$

donde x y t son los espacios continuos y la variable de tiempo. Al tender $m \rightarrow \infty$, $n \rightarrow \infty$, $\Delta x \rightarrow 0$, $\Delta t \rightarrow 0$ con x y t finitos, no sería apropiado tener a $p(m, n)$ como variable de interés, debido a que su probabilidad tiende a cero (el número de puntos tiende a infinito y el cambio en x a cero). Por lo tanto, hay mayor probabilidad si se utiliza $u = p/(2\Delta x)$, donde $2u\Delta x$ es la probabilidad de encontrar a la partícula en el intervalo $(x, x + \Delta x)$ en un tiempo t . Entonces de la probabilidad $p(m, n)$ se sustituye $m = x/\Delta x$, $n = t/\Delta t$,

$$\frac{p(x/\Delta x, n)}{2\Delta x} \sim \left(\frac{\Delta t}{2\pi t(\Delta x)^2} \right)^{1/2} e^{\left\{ -\frac{x^2}{2\pi t(\Delta x)^2} - \frac{\Delta t}{(\Delta x)^2} \right\}} \text{ (Murray, 2003)}$$

Se supone

$$\lim_{\substack{\Delta x \rightarrow 0 \\ \Delta t \rightarrow 0}} \frac{(\Delta x)^2}{2\Delta t} = D \neq 0 \quad \text{(Murray, 2003)}$$

$$u(x, t) = \lim_{\substack{\Delta x \rightarrow 0 \\ \Delta t \rightarrow 0}} \frac{p(x/\Delta x, n)}{2\Delta x} = \left(\frac{1}{4\pi Dt} \right)^{1/2} e^{-x^2/(4Dt)} \text{ (Murray, 2003)}$$

Donde D es el coeficiente de difusión o difusividad de partículas. Notar que las dimensiones de este coeficiente son $(longitud)^2/(tiempo)$, y esto es una medida de cuán eficiente se dispersan las partículas de una densidad de alta concentración a una de baja concentración.

Entonces, para visualizar la caminata aleatoria en una dimensión, donde se obtuvo la distribución de gauss, se presenta un programa en python donde se muestra la caminata aleatoria en una dimensión y la distribución de frecuencias que muestra la curva de gauss:

Figura 1: Programa de la caminata aleatoria.

```
import random
import pylab
import collections
import scipy

N=100
W=1000

def Aleatorio():
    i = random.randint(0,1)
    if i == 0:
        return 1
    else:
        return -1

def Caminata1(N):
    i = 0
    x = 0
    Y = [0]
    for i in range(0,N-1):
        x += Aleatorio()
        i += 1
        Y.append(x)
    #print Y
    return Y
```

```

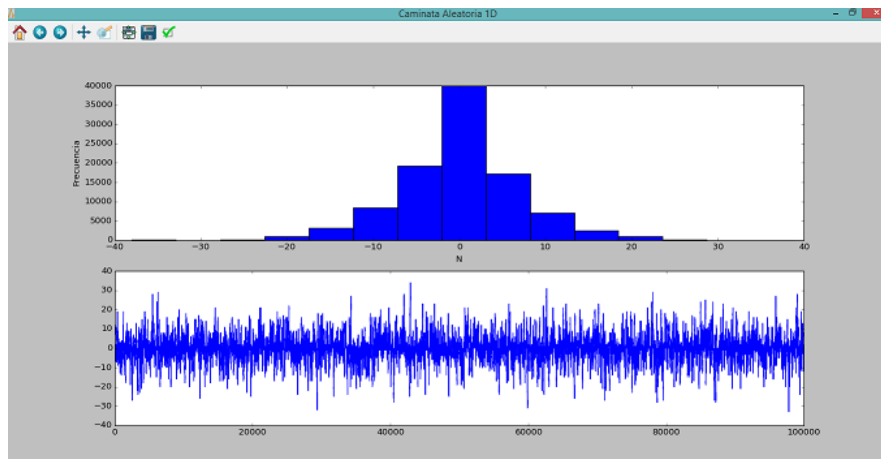
def Camino(W):
    F = []
    G = []
    for i in range(0,W):
        L = (Caminata1(N))
        G = G + L
        F.append(L)
    #print F
    a = map(sum,zip(*F))
    print a
    return G

#Caminata1(10)
#Camino(W)
#pylab.plot(Caminata1(N))
fig = pylab.gcf()
fig.canvas.set_window_title('Caminata Aleatoria 1D')
pylab.subplot(211)
pylab.hist(Camino(W),bins = 15,align='mid')
pylab.xlabel('N')
pylab.ylabel('Frecuencia')
pylab.subplot(212)
pylab.plot(Camino(W))
pylab.show()

```

La Figura 1 muestra la cantidad de caminatas que se desean (N) y la cantidad de pasos que tomará (W). La función Aleatorio genera los número aleatorios, mientras Caminata1 da el comportamiento de cómo avanzará la caminata. La función camino me da la repetición de todas las caminatas en un rango de 0 a 10,000.

Figura 2: Caminata aleatoria de una dimensión.



En la parte superior está la frecuencia de cada valor que toma cada caminata aleatoria, generando la distribución normal de gauss. La parte inferior muestra todas las caminatas aleatorias que se realizaron para poder obtener la distribución superior.

En dos dimensiones la caminata aleatoria no solo toma en cuenta los lados derecha e izquierda, sino toma en cuenta arriba y abajo. Muestra de esto es el programa siguiente realizado en python:

Figura 3: Programa de caminata aleatoria en dos dimensiones.

```

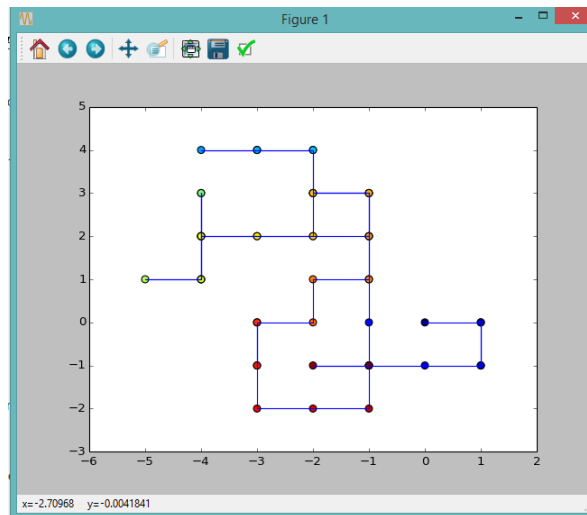
import pylab
import random
def randomwalkb(length):
    x,y = 0,0
    walkx,walky = [x],[y]
    for i in range(length):
        new = random.randint(1,4)
        if new == 1:
            x += 1
        elif new == 2:
            y += 1
        elif new == 3:
            x -= 1
        else:
            y -= 1
        walkx.append(x)
        walky.append(y)
    return [walkx,walky]

walk = randomwalkb(50)
print walk
pylab.plot(walk[0],walk[1],label= 'Random walk')
pylab.scatter(walk[0],walk[1],s=50,c=range(51))

```

Se muestran las dos dimensiones como walkx, walky. Luego en el for se muestra la decisión de ir arriba, abajo, izquierda, derecha. Luego se corre la caminata y se grafica utilizando pylab.

Figura 4: Caminata aleatoria en dos dimensiones.



1. Ecuación de Difusión. Una de las fuentes más importantes de movimiento a nivel molecular es la difusión, la cual resulta del movimiento perpetuo en moléculas individuales. La difusión básicamente transporta mecanismos en sistemas biológicos, pero su efectividad decrece con distancia rápida. La ley de Fick dice que el flujo debido al movimiento aleatorio es aproximadamente proporcional al gradiente local en la concentración de la partícula:

$$\mathbf{J} = -D\nabla c \text{ (Edelstein-Keshet, 2005)}$$

La constante D de proporcionalidad es el coeficiente de difusión, donde la migración neta debido a la difusión es la “concentración baja del gradiente”. Esto tiene sentido, ya que la difusión siempre se da de la mayor cantidad de concentración a la menor (Edelstein-Keshet, 2005).

En una dimensión, el flujo difusivo está dado por $J = -D(\partial c/\partial x)$ tal que tendríamos

$$\frac{\partial c(x,t)}{\partial t} = \frac{\partial}{\partial x} [D \frac{\partial}{\partial x} c(x,t)] \text{ (Edelstein-Keshet, 2005)}$$

Donde si D no depende de c ó x , entonces:

$$\frac{\partial c}{\partial t} = D \frac{\partial^2 c}{\partial x^2} \text{ (Edelstein-Keshet, 2005)}$$

que en dimensiones arbitrarias puede escribirse como:

$$\frac{\partial c}{\partial t} = \nabla \cdot (D\nabla c) \text{ (Edelstein-Keshet, 2005)}$$

y si $D = cte.$

$$\frac{\partial c}{\partial t} = D\Delta c = D\nabla^2 c. \text{ (Edelstein-Keshet, 2005).}$$

Regresando a la subsección 6.1.3 y 6.1.4, la difusión en una dimensión viene dada por:

$$J \propto \frac{\partial c}{\partial x} \rightarrow J = -D \frac{\partial c}{\partial x}, \text{ (Murray, 2003)}$$

Donde $c(x, t)$ es la concentración de especies y D su difusividad. El signo menos significa que la difusión transporta materia de la concentración más alta a la más baja. Ahora, escribiendo una ecuación de conservación general que establezca que la tasa de cambio de material en una región es igual al flujo que cruza la región en las fronteras más todo aquello que es creado sin la frontera, si la región es $x_0 < x < x_1$ y ningún material es creado (Murray, 2003)

$$\frac{\partial}{\partial t} \int_{x_0}^{x_1} c(x, t) dx = J(x_0, t) - J(x_1, t) \text{ (Murray, 2003)}$$

Tomando $x_1 = x_0 + \Delta x$, y tomando el límite cuando $\Delta x \rightarrow 0$ y utilizando J se obtiene la ecuación clásica de difusión en una dimensión:

$$\frac{\partial c}{\partial t} = -\frac{\partial J}{\partial x} = \frac{\partial (D \frac{\partial c}{\partial x})}{\partial x} \text{ (Murray, 2003)}$$

$$\frac{\partial c}{\partial t} = D \frac{\partial^2 c}{\partial x^2} \text{ (Murray, 2003)}$$

Si se libera una cantidad Q de partículas por unidad de área en $x = 0$ en $t = 0$, que es:

$$c(x, 0) = Q\delta(x) \text{ (Murray, 2003)}$$

donde $\delta(x)$ es la función delta de Dirac, entonces la solución a $c(x, t)$ es:

$$c(x, t) = \frac{Q}{2(\pi Dt)^{1/2}} e^{-x^2/(4Dt)}, \quad t > 0 \text{ (Murray, 2003)}$$

Tomando $Q = 1$ se obtiene el mismo resultado que con la caminata aleatoria. Esta es una manera de relacionar la difusión con la caminata aleatoria usando evidencia circunstancial. La mejor manera para derivar la caminata aleatoria es utilizar las ecuaciones de Fokker-Planck utilizando una función densidad de probabilidad con un proceso de Markov (Murray, 2003).

2. Aplicaciones de Difusión en física. La aparición de la difusión aparece en la ecuación de calor, la cual es una ecuación diferencial en derivadas parciales. Esta ecuación describe la distribución del calor en una región a lo largo del tiempo. Esta ecuación es de primer orden en el tiempo. En un modelo físico el estudio de calor es considerado como un fluido dentro de la materia., libre de movimiento de una posición a otra. Donde el calor posee dos postulados, de absorción y conducción. La mayor aplicación de esta ecuación está en la teoría de conducción de calor.

Física de plasmas es una de las áreas donde se aplica, ya que en la descripción de un plasma se incluyen los efectos de difusión, que como regla son procesos no lineales. También se muestra en la ecuación de Difusión de Drift que es utilizada en semiconductores, donde resolviendo la ecuación de Boltzmann, utilizando relajación aproximada de tiempo, se determinan las ecuaciones que gobiernan el transporte en semiconductores. Las ecuaciones de difusión de Drift no pueden aplicarse siempre para describir el transporte en semiconductores. Esta ecuación puede usarse en modelación de aparatos semiconductores, en canales largos con transistores de campo efecto, transistores bipolares largos de base ancha y diodos. En mecánica estadística se utiliza para ver movimiento browniano y considerar difusión en partículas brownianas. También se utiliza difusión en el uso de luz cuasielástica de dispersión para espectroscopía y técnicas relacionadas.

La difusión en física se puede observar en estado sólido, en sólidos cristalinos y defectos atómicos. La física del estado sólido nació con Max von Laue, quien detectó la difracción de rayos x en cristales. Sus experimentos demostraron que la materia sólida usualmente ocurre en tres dimensiones periódicas de arreglos de átomos. Aun así, el cristal ideal de Max es un cristal muerto. No hay que olvidar que, como se ha mencionado anteriormente, la ecuación de Fick gobierna los procesos de difusión, ya que representa una descripción continua y puramente fenomenal. Una analogía de las ecuaciones de difusión se muestra al combinar la ley de Fourier sobre conducción de calor con la ecuación de conservación de energía. Suponiendo constante la conductividad térmica κ , entonces:

$$\frac{\partial T}{\partial t} = \frac{\kappa}{\rho C_V} \Delta T, \text{ (Mehrer, 2007)}$$

donde $T(x, y, z, t)$ es la temperatura de campo, ρ es la densidad de masa, y C_V el calor específico a volumen constante. Esta ecuación dependiente del tiempo para conducción de calor es matemáticamente idéntica con la de difusión lineal. Asimismo, la ecuación de Schrödinger para partículas libres puede escribirse como:

$$\frac{\partial \psi}{\partial t} = \frac{i}{\hbar} \left(-\frac{\hbar^2}{2m} \right) \Delta \psi \text{ (Mehrer, 2007)}$$

aquí $\psi(x, y, z, t)$ denota la función de onda, \hbar la constante de Planck dividida por 2π , i la unidad imaginaria. Por lo cual, un concepto como separación de variables puede ser usada para resolverse ecuaciones de difusión y ecuaciones de Schrödinger. Es importante notar que C es una función de variables reales, mientras ψ es una función compuesta por variables reales e imaginarias (Mehrer, 2007).

D. Modelos epidémicos

1. Clasificación de modelos. La clasificación de modelos se divide en estocásticos y deterministas. Modelos estocásticos suelen usarse cuando se modela en pequeñas poblaciones o cuando se desea estimar el número de casos infectantes en un brote. Otras categorías de modelos son:

- **Compartamentales:** los individuos en esta población se subdividen en categorías o subgrupos y modelos rastrean el proceso de infección colectivamente (Vynnycky, 2010).
- **Microsimulación (basado en individuos):** el modelo rastrea la infección por cada individuo en la población. Muchos de estos modelos son estocásticos (Vynnycky, 2010).
- **Dinámica de transmisión:** este modelo incorpora contacto (y luego transmisión) entre individuos. El riesgo o fuerza de infección depende del número de individuos infectantes en la población y cambiará en el tiempo mientras los individuos infectantes cambien (Vynnycky, 2010).
- **Estáticos:** este modelo explícitamente no describe contacto entre individuos. La fuerza o riesgo de infección toma valores predeterminados. Estos modelos son típicamente utilizados cuando el riesgo de infección es conocido. No son utilizados cuando se realizan intervenciones, ya que no se busca reducir la prevalencia viendo estos patrones (Vynnycky, 2010).
- **Redes:** es un modelo en que la red de contactos entre individuos es modelada explícitamente; es decir, un individuo A forma un contacto con un individuo B que tiene un contacto C, etc. El riesgo de infección para un individuo en un modelo de redes depende de la persona con quien sea conectada. Son ampliamente utilizados para describir la transmisión de enfermedades sexuales (Vynnycky, 2010).

2. Modelo SIR sin demografía. Para desarrollar este modelo recurrimos al estudio profundo de Kermack y McKendrick (1927), quien lo categorizó como Susceptibles (si no se ha expuesto a la enfermedad), infectantes (si posee la enfermedad y es capaz de transmitirla), y Recuperados (si satisfactoriamente se han curado). Conociendo esto, surge la pregunta de cómo los individuos se mueven de un compartimiento a otro. En el caso más sencillo ignoramos demografía poblacional, es decir que no nacen personas ni tampoco mueren, es una población constante en el tiempo que residen en una población constante. Debe tomarse en cuenta que las personas poseen inmunidad, es decir que las personas recuperadas no pueden volver a ser infectivas. Teniendo una transferencia $S \rightarrow I \rightarrow R$ (J. Keeling, 2008).

El modelo SIR sin demografía es:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

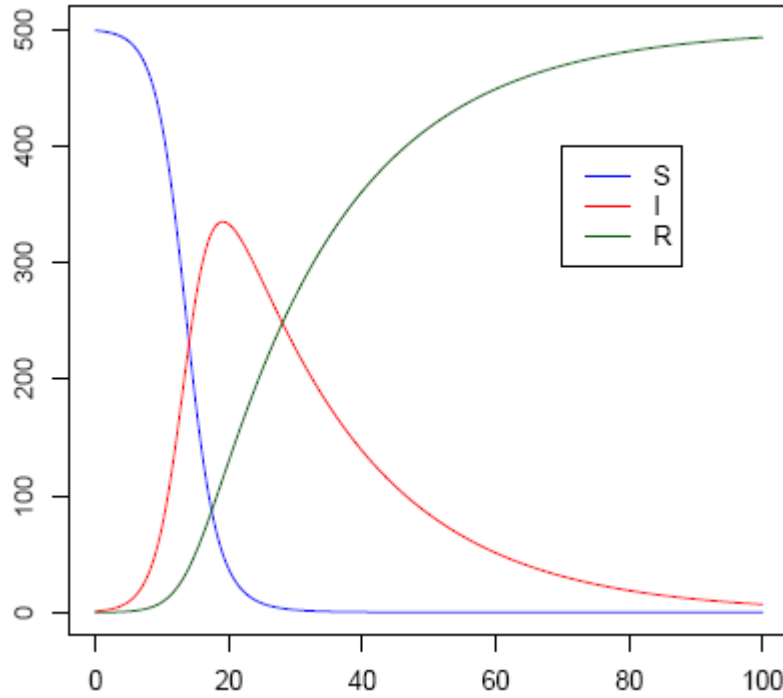
$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

Donde β es el término de transmisión de la enfermedad y γ es la tasa de recuperación, donde estamos más interesados en $1/\gamma$ que es el período promedio de infección. Esta tasa de recuperación puede ser estimada para todas las enfermedades con ayuda de la información epidemiológica (J. Keeling, 2008).

Este modelo se clasifica como compartamental, debido a que se tiene un flujo uniforme. Por ejemplo, si se desea analizar el flujo de agua a través de un tanque se debe saber qué cantidad de flujo entra y sale de cada tanque. Sucede lo mismo en este modelo compartamental, ya que las personas susceptibles (S) salen de este compartimento y entran al compartimento de los infectantes (I) a una tasa β . Debe notarse que este fenómeno relaciona a los susceptibles con los infectantes, es decir que es la probabilidad de que un susceptible se infecte al tener contacto con un infectado. De esta forma, β relaciona a los susceptibles e infectantes, mientras que los infectantes se recuperan a una tasa γ , la cual muestra que al recuperarse con esta tasa salen del compartimento de infectantes y forman parte del compartimento de recuperados. Debe notarse que como la población es constante no nacen ni mueren personas, sólo se infectan y se recuperan. Debe estar claro que este modelo depende de la enfermedad con la que se este tratando, ya que todas las enfermedades poseen distintos comportamientos y su propagación también.

Figura 5: Modelo SIR (tiempo vs personas)



Resultado del modelo SIR sin demografía, debe notarse que en estos modelos se asume inmunidad a la enfermedad, y por lo tanto todos los infectantes se recuperan en t infinito (J. Keeling, 2008).

3. Modelo SIR para enfermedades transmitidas por vectores. Las enfermedades transmitidas por vectores, conocido en inglés como “vector-borne diseases”, son aquellas donde el transmisor de la enfermedad es un vector. Para el ejemplo siguiente se usará un modelos SIR, para observar el comportamiento de una enfermedad transmitida por el mosquito que transmite la enfermedad, el modelo está compuesto por cuatro compartimentos en los cuales se disemina la enfermedad. Siendo este un modelo determinista, se tiene:

Este viene dado por las siguientes ecuaciones, siendo un modelo determinista, se tiene entonces:

$$\frac{dS_H}{dt} = v_H - rT_{HM}I_M S_H - \mu_H S_H \text{ Humanos Susceptibles}$$

$$\frac{dI_H}{dt} = rT_{HM}I_M S_H - \mu_H I_H - \gamma_H I_H \text{ Humanos infectantes}$$

$$\frac{dS_M}{dt} = v_M - rT_{MH}I_H S_M - \mu_M S_M \text{ Mosquitos Susceptibles}$$

$$\frac{dI_M}{dt} = rT_{MH}I_H S_M - \mu_M I_M \text{ Mosquitos infectantes}$$

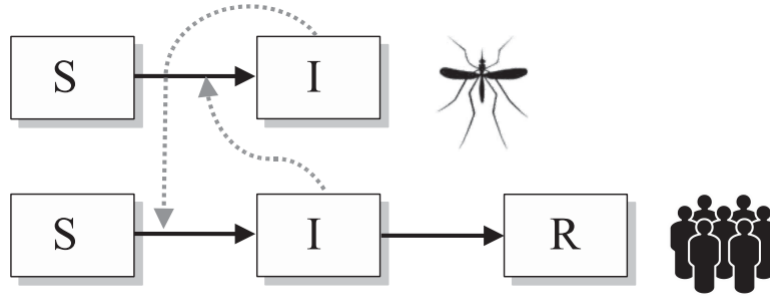
donde:

v_i = natalidad de las especies i , se refiere a la cantidad de personas que nacen.

r = tasa a la cual los humanos son picados.

γ_i = tasa de recuperación de las especies i .
 μ_i = tasa de muerte per capita para las especies i .
 T_{ij} = probabilidad de transmisión (J. Keeling, 2008).

Figura 6: Diagrama del Modelo determinista SIR para vectores



Fuente: (J. Keeling, 2008).

En el modelo SIR presentado anteriormente se planteó una población constante, es decir, no se mencionaron nacimientos ni defunciones, por lo tanto se inicia con la explicación de v_i . Esta se refiere a la cantidad de personas y mosquitos que nacen en determinada población, la cual aparece en la ecuación de humanos susceptibles y mosquitos susceptibles. Debe recordarse que el vector tiene fase acuática, la cual se omite para simplicidad del modelo. Luego, la tasa r es la probabilidad de que un humano sea picado por un mosquito, esta dependerá del entorno en que el ser humano vive, ya que si es una población urbanizada y se da el medio ambiente para el vector, entonces la probabilidad será mayor. Si se observan las ecuaciones, esta probabilidad aparece en todas las ecuaciones planteadas, pero debe observarse que serán constantes, esta cambiaría únicamente si hubiera migración entre dos o más poblaciones. La γ_i posee el mismo significado explicado en el modelo SIR, esta describe la tasa de recuperación, es decir, cuánto tiempo transcurre desde que la persona estuvo infectada para ser inmune al virus. μ_i es la tasa de mortalidad tanto del humano como del vector, esta se representa mediante la esperanza de vida del ser humano, mientras que para el mosquito se utiliza la vida promedio de un mosquito hembra en estado adulto. Por último, T_{ij} es la tasa de transmisión de la enfermedad, la cual se incluye en el parámetro $rT_{HM}I_M S_H$, donde la analogía con el modelo SIR presentado anteriormente es que $\beta = rT_{ij}$, ya que esto determinará la fuerza de infección de la epidemia entre la interacción del humano y del mosquito.

Este modelo se utiliza para observar los casos esperados de un brote de una enfermedad transmitida por vectores y puede utilizarse para Malaria, Chagas, Dengue, etcétera. Para poder ver su precisión se compara con la curva que se dio en determinado brote. Por último, se tiene este modelo enlazado con las ecuaciones reacción difusión.

La modalidad de este modelo SIR es que toma en cuenta al vector. Este es el modelo simple de vectores, que es la unión de un modelo SIR con demografía y se le añade el compartimento de vectores.

E. Propagación geográfica

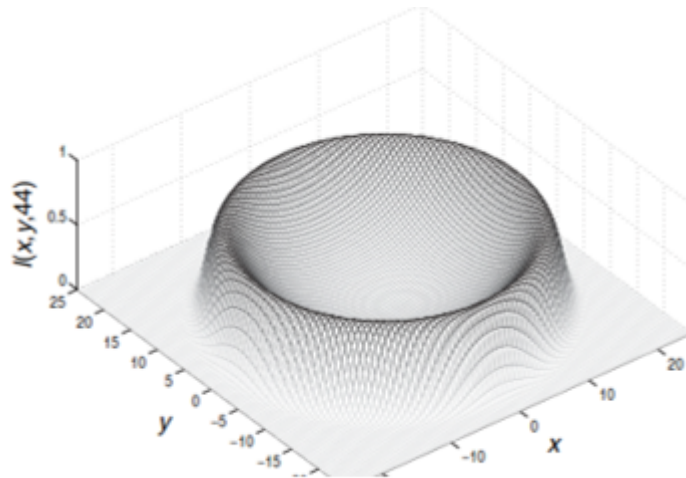
1. Modelo SIR con difusión. El modelo SIR con difusión se basa en la propagación de la enfermedad mediante la movilidad del ser humano. Para entender esta movilidad se inicia trabajando un modelo continuo, es decir que las variables utilizadas pueden tomar cualquier valor y además no pueden ser medidas con exactitud. Utilizando una población, la cual tendrá infectantes $I(\mathbf{x}, t)$ y susceptibles $S(\mathbf{x}, t)$ que interactúan. Se utiliza difusión simple y se supone que el coeficiente de difusión D es el mismo para susceptibles e infectantes, dando como resultado:

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -rIS + D\nabla^2 S \text{ (Murray, 2003)}$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = rIS - \gamma I + D\nabla^2 I \text{ (Murray, 2003)}$$

siendo $\gamma, r, y D$ son constantes positivas (Murray, 2003).

Figura 7: Propagación espacial mediante el modelo SIR.



La Figura 7 presenta la propagación de la enfermedad utilizando un modelo SIR con propagación espacial (Murray, 2003).

Estas dos ecuaciones muestran cómo se propaga una enfermedad. Si elimináramos de las dos ecuaciones el término rIS , el cual, si recordamos los modelos explicados anteriormente, representa la interacción entre susceptibles e infectantes, se tiene una analogía de la ecuación de calor. Describiendo estas dos ecuaciones se comprende que rIS describe la interacción entre susceptibles e infectantes, que en el modelo compartamental esto sucede a una tasa r . Además

$D\nabla^2$, que es aplicado a los susceptibles e infectantes, describe cómo se mueven los susceptible e infectantes en las población, ya que ∇^2 es un operador aplicado a una variable. Partiendo de un punto inicial estos se movilizan de donde se encuentran inicialmente; este operador describe la dirección hacia donde se movilizan. Conociendo ya la interacción, movilización de los susceptibles e infectantes, finalizamos explicando que D es una constante que indica la rapidez con que los susceptibles e infectantes se movilizan en la dirección dada por ∇^2 . Se iniciará trabajando este modelo en una dimensión y realizando un cambio de parámetros:

$$\frac{\partial S}{\partial t} = -IS + \frac{\partial^2 S}{\partial x^2} \text{ (Murray, 2003)}$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = IS - \lambda I + \frac{\partial^2 I}{\partial x^2} \text{ (Murray, 2003)}$$

En estas ecuaciones los parámetros $\gamma, r, y D$ se han reducido a un solo grupo sin dimensiones λ . Esto se traslada a un grupo adimensional para poder efectuar el álgebra de una manera más sencilla, ya que si se trabaja con distintas dimensiones es más complicado al momento de resolverlo numéricamente. Al conocer estas ecuaciones se debe plantear una transformación para investigar la propagación espacial de la onda epidémica de infección en una población uniforme de susceptibles, determinando las condiciones de existencia para la onda y que cuando exista, se pueda determinar su velocidad de propagación (Murray, 2003).

Para conocer estas soluciones, se debe efectuar una transformación de variables utilizando soluciones de ondas viajeras, esto se realiza transformando las variables del tiempo y espacio a una sola, por lo tanto:

$$I(x, t) = I(z), S(x, t) = S(z), z = x - ct \text{ (Murray, 2003)}$$

Aquí c es la velocidad de la onda. Se prosigue sustituyendo estas variabes en las ecuaciones del problema unidimensional, obteniendo así:

$$I'' + cI' + I(S - \lambda) = 0, S'' + cS' - IS = 0 \text{ (Murray, 2003)}$$

Siendo las derivadas de susceptibles e infectantes respecto a la variable z , teniendo estas ecuaciones se resuelven y se obtiene la solución exponencial siguiente:

$$I(z) \propto \exp[(-c \pm \{c^2 - 4(1 - \lambda)\}^{1/2})z/s] \text{ (Murray, 2003)}$$

$$S(z) \sim 1 - O(\exp[\{-c \pm [c^2 - 4(1 - \lambda)]^{1/2}\}z/2]) \text{ (Murray, 2003)}$$

Como $I(z) \rightarrow 0$ con $I(z) > 0$ no puede haber oscilación en $I = 0$; sino $I(z) < 0$ para algún z . De modo que la onda viajera existe, y ademas la velocidad de onda y λ deben satisfacer

$$c \geq 2(1 - \lambda)^{1/2}, \lambda < 1. \text{ (Murray, 2003)}$$

Ya que esta condición es necesaria para que se observe la onda de propagación de la epidemia que se quiera analizar. En las secciones posteriores se realizará este análisis para un modelo continuo, donde los vectores se movilizan, es decir que los mosquitos al volar se propagan espacialmente por medio de varias generaciones de mosquitos. Eso se debe a que la vida del vector es corta. (Murray, 2003).

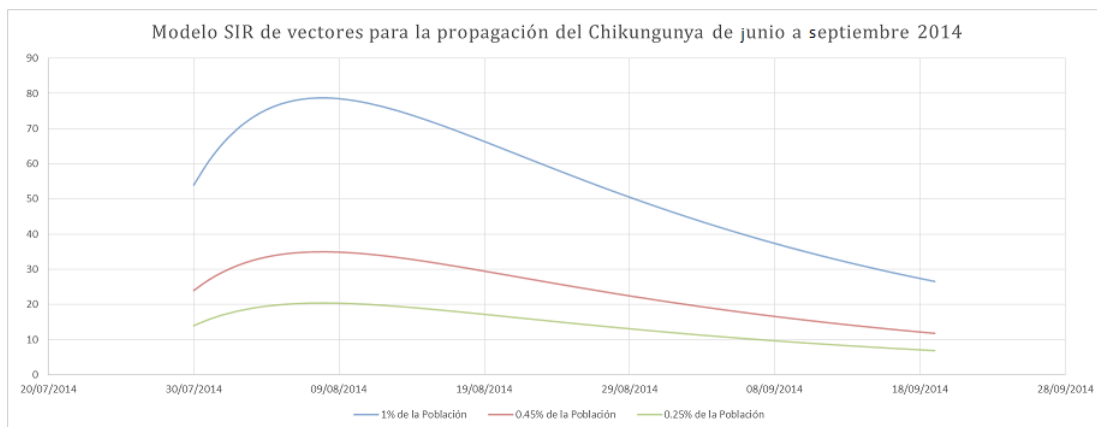
VI. MODELO PARA ENFERMEDADES TRANSMITIDAS POR VECTORES

A. Modelo SIR para vectores

Es indispensable no sólo comprender el criterio teórico de las ecuaciones del modelo SIR para las enfermedades transmitidas por vectores, es por esto que se presenta el modelo SIR para enfermedades transmitidas por vectores en el siguiente código de programación, se observará las librerías importadas y cómo se resuelve numéricamente. Esto se resuelve con métodos numéricos debido a que no posee solución analítica.

En anexos se muestra el programa SIR para vectores, donde tanto el ser humano como el vector existen en una población o localidad dada. Al realizar esta simulación se puede observar el Gráfico 4, donde se muestra la curva de personas infectantes en determinado tiempo.

Figura 8: Simulación de modelo SIR para la Chikungunya en Guatemala.



La Figura 8 muestra resultados de la simulación utilizando datos estimados para ver cómo se propaga la enfermedad (casos de Chikungunya en eje y) en el municipio de Escuintla entre junio-septiembre de 2014 (semanas en eje x). Se observan tres escenarios posibles, una donde se observa el 1 % de la población de Escuintla contra la enfermedad, mientras que en las otras dos es el 0.45 % y el 0.25 %, respectivamente.

B. Modelo para la diseminación de la enfermedad

Los modelos presentados han dado una breve introducción de los tipos de modelos epidémicos que se pueden trabajar. A continuación se presenta analíticamente el modelo utilizado en el artículo “Describing the geographic spread of dengue disease by travelling waves”. Este modelo gobierna la evolución espacial y temporal de una enfermedad transmitida por vectores y explica cómo se propaga por medio de ondas viajeras. El modelo es:

$$\frac{\partial \bar{M}_S}{\partial t} = \bar{D} \frac{\partial^2 \bar{M}_S}{\partial x^2} - \bar{v} \frac{\partial \bar{M}_S}{\partial x} + \bar{\gamma} \bar{A} \left(1 - \frac{\bar{M}}{k_1}\right) - \bar{\mu}_1 \bar{M}_S - \bar{\beta}_1 \bar{M}_S \bar{I} \quad (1)$$

$$\frac{\partial \bar{M}_I}{\partial t} = \bar{D} \frac{\partial^2 \bar{M}_I}{\partial x^2} - \bar{v} \frac{\partial \bar{M}_I}{\partial x} - \bar{\mu}_1 \bar{M}_I + \bar{\beta}_1 \bar{M}_S \bar{I} \quad (2)$$

$$\frac{\partial \bar{A}}{\partial t} = r \left(1 - \frac{\bar{A}}{k_2}\right) \bar{M} - \bar{\mu}_2 \bar{A} - \bar{\gamma} \bar{A} \quad (3)$$

$$\frac{\partial \bar{S}}{\partial t} = \bar{\mu}_H \bar{N} - \bar{\mu}_H \bar{S} - \bar{\beta}_2 \bar{S} \bar{M}_I \quad (4)$$

$$\frac{\partial \bar{I}}{\partial t} = \bar{\beta}_2 \bar{H} \bar{M}_I - \sigma \bar{I} - \bar{\mu}_H \bar{I} \quad (5)$$

$$\frac{\partial \bar{R}}{\partial t} = \sigma \bar{I} - \bar{\mu}_H \bar{R} \quad (6)$$

Para poder comprender qué sucede en este sistema de ecuaciones definimos las variables utilizadas.

Cuadro 1: Variables consideradas en el modelo de propagación espacial continua presentado por Norberto Maidana.

Variable	Definición
\bar{M}_S	Mosquitos susceptibles
\bar{M}_I	Mosquitos infectantes
\bar{A}	Etapas acuáticas del vector
\bar{S}	Humanos susceptibles
\bar{I}	Humanos infectantes
\bar{R}	Humanos recuperados
\bar{D}	Coefficiente de difusión
$k_i, i = 1, 2$	Capacidad de carga
\bar{v}	Coefficiente de advección
$\bar{\gamma}$	Periodo de tiempo en fase acuática
$\bar{\mu}_i, i = 1, 2, H$	Vida esperada en fase adulto, acuática y del humano
$\bar{\beta}_i, i = 1, 2$	Coefficiente de transmisión del vector al humano y viceversa
$\bar{\sigma}$	Período infeccioso
\bar{r}	Tasa de ovoposición
\bar{M}	Es la suma de mosquitos susceptibles e infectantes
\bar{N}	Población total de humanos

Para describir estas ecuaciones se dividen las ecuaciones en dos, es decir, las ecuaciones (1) - (3) describen al vector y las ecuaciones (4)-(6) describen al

humano. Iniciando con las ecuaciones del vector, la ecuación (1) describe cómo se mueven los mosquitos susceptibles en el tiempo. Se inicia con $\bar{D} \frac{\partial^2 \bar{M}_S}{\partial x^2}$, el cual describe la velocidad con que el vector se propagó en el espacio. Luego $\bar{v} \frac{\partial \bar{M}_S}{\partial x}$ describe cómo se desplaza el vector en el medio, esto surge del movimiento de bulk, utilizado para explicar cómo un contaminante se movilizaba en el agua, en este caso el contaminante es la vida del vector en el aire. Para ver el nacimiento de los mosquitos se utiliza $\bar{\gamma} \bar{A} (1 - \frac{\bar{M}}{k_1})$, ya que aquí se observa cuántas pupas existen y la cantidad que nacen tanto de los mosquitos susceptibles como de los infectantes. Luego el factor $\bar{\mu}_1 \bar{M}_S$ es la cantidad de mosquitos que mueren. Y finalmente encontramos la variable que está presente en todo modelo SIR, $\bar{\beta}_1 \bar{M}_S \bar{I}$ que es la interacción entre los mosquitos susceptibles y los humanos infectantes, y la constante es la tasa con la cual un mosquito adquiere el virus al picar al humano.

Para la ecuación (2), se da una analogía similar pero en esta se modelan los mosquitos infectantes y la única diferencia con (1) es que no existen los nacimientos de mosquitos, esto se debe a que en la ecuación (1) se tomó en cuenta los nacimientos de mosquitos susceptibles e infectantes.

En la ecuación (3) $r(1 - \frac{\bar{A}}{k_2}) \bar{M}$, r es la tasa de ovoposición, la cual indica la cantidad de huevos puestos de los mosquitos susceptibles y mosquitos infectantes, mientras que los otros dos parámetros indican la cantidad de huevos que eclosionan y los que mueren.

De esta manera se explica cómo interactúan los mosquitos con los humanos infectantes, y cómo el vector se reproduce, utilizando la tasa de ovoposición. Debe aclararse que el tiempo en que el vector entra a fase adulta es el tiempo de huevo, larva y pupa, lo cual es la variable \bar{A} . Proseguimos al análisis explicando las ecuaciones (4) - (6) donde se describe al humano en una población. La ecuación (4), siendo $\bar{\mu}_H \bar{N}$ es la cantidad de personas nacidas tanto si el humano es susceptible, infectado o recuperado. La mortalidad del humano $\bar{\mu}_H \bar{S}$, donde la constante es una tasa del total de susceptibles que mueren. Y por último la interacción $\bar{\beta}_2 \bar{S} \bar{M}_I$, que es la cantidad de personas que son susceptibles e interactúan con el mosquito infectado, entonces una proporción de los susceptibles se convierte en infectantes. En las ecuaciones (5) y (6) se realiza la misma analogía con la excepción de que los nacimientos de cada compartimento, están realizados en la ecuación (4).

Una manera para poder analizar este modelo es introducir parámetros no dimensionales al sistema de ecuaciones. La fase adulta y acuática del vector son parametrizados por la capacidad de carga. Mientras la población humana es parametrizada por la población total. El tiempo se parametriza respecto a la tasa de ovoposición, la variable espacial es dada por el cociente entre difusión de mosquitos y la tasa de ovoposición. Este cambio a parámetros adimensionales se presenta a continuación.

$$\frac{\partial \bar{M}_S}{\partial t} = \bar{D} \frac{\partial^2 \bar{M}_S}{\partial x^2} - \bar{v} \frac{\partial \bar{M}_S}{\partial x} + \bar{\gamma} \bar{A} (1 - \frac{\bar{M}}{k_1}) - \bar{\mu}_1 \bar{M}_S - \bar{\beta}_1 \bar{M}_S \bar{I}$$

Los parámetros a sustituir se dan mediante:

$$\begin{aligned}\frac{\partial}{\partial t} &\rightarrow r \frac{\partial}{\partial t} & \frac{\partial}{\partial x} &\rightarrow \sqrt{\frac{\bar{r}}{D}} \frac{\partial}{\partial x} & \bar{v} &= rv \sqrt{\frac{\bar{r}}{D}} & \bar{M}_S &= M_S k_1 \\ \bar{\gamma} &= \bar{r} \gamma & \bar{\mu}_1 &= \bar{r} \mu_1 & \bar{\beta}_1 &= \frac{\bar{r} \beta_1}{N} & \bar{I} &= \bar{N} I\end{aligned}$$

Sustituyendo se tiene que:

$$\begin{aligned}\bar{r} k_1 \frac{\partial M_S}{\partial t} &= \frac{\bar{D} \bar{r} k_1}{D} \frac{\partial^2 M_S}{\partial x^2} - \bar{r} k_1 v \sqrt{\frac{\bar{r} \bar{D}}{D \bar{r}}} \frac{\partial M_S}{\partial x} + \bar{r} k_2 \gamma A (1 - M) - \bar{r} k_1 \mu_1 M_S - \frac{\bar{r} k_1 \beta_1 M_S \bar{N} I}{N} \\ \bar{r} k_1 \frac{\partial M_S}{\partial t} &= \bar{r} k_1 \frac{\partial^2 M_S}{\partial x^2} - \bar{r} k_1 v \frac{\partial M_S}{\partial x} + \bar{r} k_2 \gamma A (1 - M) - \bar{r} k_1 \mu_1 M_S - \bar{r} k_1 \beta_1 M_S I \\ \frac{\partial M_S}{\partial t} &= \frac{\partial^2 M_S}{\partial x^2} - v \frac{\partial M_S}{\partial x} + \frac{k_2}{k_1} \gamma A (1 - M) - \mu_1 M_S - \beta_1 M_S I\end{aligned}$$

Por lo tanto la ecuación (1) se convierte en:

$$\frac{\partial M_S}{\partial t} = \frac{\partial^2 M_S}{\partial x^2} - v \frac{\partial M_S}{\partial x} + \frac{\gamma}{k} A (1 - M) - \mu_1 M_S - \beta_1 M_S I$$

De igual manera se procede con las ecuaciones (2) a (6), lo cual se muestra en anexos.

Entonces se tiene que las ecuaciones adimensionales serán:

$$\frac{\partial M_S}{\partial t} = \frac{\partial^2 M_S}{\partial x^2} - v \frac{\partial M_S}{\partial x} + \frac{\gamma}{k} A (1 - M) - \mu_1 M_S - \beta_1 M_S I \quad (7)$$

$$\frac{\partial M_I}{\partial t} = \frac{\partial^2 M_I}{\partial x^2} - v \frac{\partial M_I}{\partial x} - \mu_1 M_I + \beta_1 M_S I \quad (8)$$

$$\frac{\partial A}{\partial t} = k(1 - A)M - \mu_2 A - \gamma A \quad (9)$$

$$\frac{\partial S}{\partial t} = \mu_H - \mu_H S - \beta_2 S M_I \quad (10)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta_2 S M_I - \sigma I - \mu_H I \quad (11)$$

Donde el compartimiento de los recuperados está desacoplado debido a la normalización de la población humana.

Este procedimiento permitió una parametrización para realizar un análisis más simple al momento de querer operar las ecuaciones analíticamente, ya que estas ecuaciones tienen el comportamiento explicado de las ecuaciones (1) - (6).

1. Estados estacionarios. Este análisis se realiza para poder comprender cómo inicia una enfermedad transmitida por vectores. Se realiza observando los escenarios posibles para que se dé esta enfermedad. Primero la población es libre del vector, por lo tanto no existirá transmisor. Luego se da el escenario donde el humano vive con el vector pero la enfermedad no se desarrolla debido a que el vector no tiene el virus, y finalmente cuando el vector adquiere el virus este transmite la enfermedad al ser humano. Si esto se da y no se toma un control

necesario, inicia la propagación de la enfermedad. Se indica entonces que Guatemala, al ser un país donde existe vector transmisor de enfermedades, y que por lo tanto la población de mosquitos es homogénea en el país las ecuaciones (7) - (11) se convierten en:

$$\frac{\partial M_S}{\partial t} = \frac{\gamma}{k}A(1 - M) - \mu_1 M_S - \beta_1 M_S I \quad (12)$$

$$\frac{\partial M_I}{\partial t} = -\mu_1 M_I + \beta_1 M_S I \quad (13)$$

$$\frac{\partial A}{\partial t} = k(1 - A)M - \mu_2 A - \gamma A \quad (14)$$

$$\frac{\partial S}{\partial t} = \mu_H - \mu_H S - \beta_2 S M_I \quad (15)$$

$$\frac{\partial I}{\partial t} = \beta_2 S M_I - \sigma I - \mu_H I \quad (16)$$

Recordando lo explicado de las ecuaciones (1) - (6), lo que sucede es que la advección y difusión del vector son cero, esto se debe a que el vector ya no se propaga en el espacio ya que existe en todas las poblaciones urbanas de Guatemala. Por lo tanto, estas ecuaciones (12) - (16) muestran que al estar el vector establecido, éste interactúa con el ser humano mostrando cómo los mosquitos transmiten la enfermedad al humano mediante picaduras. De esta forma se obtendrán los estados estacionarios y probar los escenarios mencionados mediante las ecuaciones anteriores. Los estados estacionarios son utilizados en mecánica cuántica para describir que una densidad de probabilidad no varía con el tiempo y en sistemas físicos estos pueden tener variaciones periódicas que se repiten de manera idéntica en distintos períodos. Para realizar este procedimiento se debe igualar a cero cada ecuación y resolverlas simultáneamente. Esto se puede realizar con software de programación como python, Matlab y Mathematica, determinando los estados estacionarios estos están dados por:

$$E_1 = M_S \rightarrow 0, M_I \rightarrow 0, A \rightarrow 0, S \rightarrow 1, I \rightarrow 0 \quad (17)$$

$$E_2 = \left\{ \begin{array}{l} M_S \rightarrow \frac{\gamma - \gamma\mu_1 - \mu_1\mu_2}{\gamma + k\mu_1} \\ M_I \rightarrow 0 \\ A \rightarrow \frac{k(\gamma - \gamma\mu_1 - \mu_1\mu_2)}{\gamma(k + \gamma + \mu_2)} \\ S \rightarrow 1 \\ I \rightarrow 0 \end{array} \right\} \quad (18)$$

Estos dos estados estacionarios mantienen el sistema constante en el tiempo. Es decir, que el estado estacionario (17) describe que la población de susceptibles es constante. Esto indica que no existe vector transmisor. Mientras el segundo estado estacionario además de tener humanos susceptibles tiene vector, pero debe notarse que los mosquitos y humanos infectantes son cero. Esto se debe a que

los humanos no están infectantes y además los mosquitos que están establecidos no poseen el virus para transmitirlo a los humanos. Por lo cual, sólo existe un crecimiento de mosquitos y de humanos. Finalmente se procede analizar el tercer estado en el cual se introduce el virus a la población. Mientras que el tercer estado es:

$$E_3 = \left\{ \begin{array}{l} Ms^* \rightarrow -\frac{\mu_1(\beta_2\gamma(\mu_1-1)+\beta_2\mu_1\mu_2-(\gamma+k\mu_1)\mu_H)(\mu_H+\sigma)}{\beta_2(\gamma+k\mu_1)(\beta_1\mu_H+\mu_1(\mu_H+\sigma))} \\ Mi^* \rightarrow -\frac{\mu_H(\beta_1\beta_2(\gamma(\mu_1-1)+\mu_1\mu_2)+\mu_1(\gamma+k\mu_1)(\mu_H+\sigma))}{\beta_2(\gamma+k\mu_1)(\beta_1\mu_H+\mu_1(\mu_H+\sigma))} \\ A^* \rightarrow \frac{k(\gamma-\gamma\mu_1-\mu_1\mu_2)}{\gamma(k+\gamma+\mu_2)} \\ S^* \rightarrow -\frac{(\gamma+k\mu_1)(\beta_1\mu_H+\mu_1(\mu_H+\sigma))}{\beta_1\beta_2(\gamma(\mu_1-1)+\mu_1\mu_2)-\beta_1(\gamma+k\mu_1)\mu_H} \\ I^* \rightarrow \frac{\mu_H(\beta_1\beta_2(\gamma(\mu_1-1)+\mu_1\mu_2)+\mu_1(\gamma+k\mu_1)(\mu_H+\sigma))}{\beta_1(\beta_2\gamma(\mu_1-1)+\beta_2\mu_1\mu_2-(\gamma+k\mu_1)\mu_H)(\mu_H+\sigma)} \end{array} \right\} \quad (19)$$

Estos estados estacionarios dan el momento cuando la enfermedad se estabiliza, es decir que hay humanos infectantes y mosquitos infectantes. Por lo tanto, se podrá observar una onda epidémica. Pero antes de explicar esta parte se reordena y simplifican estos puntos. Se inicia mediante la operación de M_S y A del segundo estado estacionario y luego se procederá a la simplificación de I para el tercer estado estacionario.

$$M_S = \frac{\gamma-\gamma\mu_1-\mu_1\mu_2}{\gamma+k\mu_1}$$

Entonces:

$$\frac{\gamma-\gamma\mu_1-\mu_1\mu_2}{\gamma+k\mu_1}$$

$$\frac{\gamma(1-\mu_1-\mu_1\mu_2/\gamma)}{\gamma+k\mu_1}$$

$$\frac{\gamma(1-\frac{\gamma\mu_1-\mu_1\mu_2}{\gamma})}{\gamma+k\mu_1}$$

Aquí se denotará la proporción necesaria para que los mosquitos existan, es decir que si este número es mayor a uno, entonces habrán mosquitos. Si el número es menor a 1 quiere decir que habrán mosquitos pero no lograrán existir, ya que estos no lograrán sobrevivir.

$$Q_0 = \frac{\gamma}{\mu_1(\gamma-\mu_2)}$$

$$\gamma(1 - \frac{\mu_1(\gamma-\mu_2)}{\gamma}) = \gamma(1 - Q_0^{-1})$$

$$\frac{\gamma(1 - \frac{\mu_1(\gamma-\mu_2)}{\gamma})}{\gamma+k\mu_1} = \frac{\gamma(1-Q_0^{-1})}{\gamma+k\mu_1}$$

Entonces :

$$M_S = m^* = \frac{\gamma(1-Q_0^{-1})}{\gamma+k\mu_1}$$

Ahora para determinar la cantidad estable de huevos, larvas y pupas se tiene:

$$A = \frac{k(\gamma-\gamma\mu_1-\mu_1\mu_2)}{\gamma(k+\gamma+\mu_2)}$$

$$\frac{k(\gamma - \gamma\mu_1 - \mu_1\mu_2)}{\gamma(k + \gamma + \mu_2)}$$

$$\frac{k\gamma(1 - Q_0^{-1})}{\gamma(k + \gamma + \mu_2)}$$

$$\frac{k(1 - Q_0^{-1})}{k + \gamma + \mu_2}$$

Determinando así el número estable para que nazca el vector:

$$A = a* = \frac{k(1 - Q_0^{-1})}{k + \gamma + \mu_2}$$

Conociendo esto se puede operar I de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} I_* &= \frac{\mu_H(\beta_1\beta_2(\gamma(\mu_1 - 1) + \mu_1\mu_2) + \mu_1(\gamma + k\mu_1)(\mu_H + \sigma))}{\beta_1(\beta_2\gamma(\mu_1 - 1) + \beta_2\mu_1\mu_2 - (\gamma + k\mu_1)\mu_H)(\mu_H + \sigma)} \\ &= \frac{\mu_H(\beta_1\beta_2(\gamma(\mu_1 - 1) + \mu_1\mu_2) + \mu_1(\gamma + k\mu_1)(\mu_H + \sigma))}{\beta_1(\beta_2\gamma(\mu_1 - 1) + \beta_2\mu_1\mu_2 - (\gamma + k\mu_1)\mu_H)(\mu_H + \sigma)} \\ &= \frac{\mu_H(\beta_1\beta_2(\gamma\mu_1 - \gamma + \mu_1\mu_2) + \mu_1(\gamma + k\mu_1)(\mu_H + \sigma))}{\beta_1(\beta_2(\gamma\mu_1 - \gamma + \mu_1\mu_2) - (\gamma + k\mu_1)\mu_H)(\mu_H + \sigma)} \\ &= \frac{-\mu_H\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1}) + \mu_H\mu_1(\gamma + k\mu_1)(\mu_H + \sigma)}{(-\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1}) - \beta_1\mu_H(\gamma + k\mu_1))(\mu_H + \sigma)} \\ &= \frac{(\mu_H + \sigma) \left(-\frac{\mu_H\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1})}{(\mu_H + \sigma)} + \mu_H\mu_1(\gamma + k\mu_1) \right)}{(\mu_H + \sigma)(-\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1}) - \beta_1\mu_H(\gamma + k\mu_1))} \\ &= \frac{-(\gamma + k\mu_1)\mu_1 \left(\frac{\mu_H\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1})}{\mu_1(\gamma + k\mu_1)(\mu_H + \sigma)} - \mu_H \right)}{-(\gamma + k\mu_1) \left(\frac{\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1})}{(\gamma + k\mu_1)} + \beta_1\mu_H \right)} \\ &= \frac{\mu_1\mu_H \left(\frac{\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1})}{(\gamma + k\mu_1)\mu_1(\mu_H + \sigma)} - 1 \right)}{\left(\frac{\beta_1\beta_2\gamma(1 - Q_0^{-1})}{(\gamma + k\mu_1)} + \beta_1\mu_H \right)} \\ &= \frac{\mu_1\mu_H \left(\frac{\beta_1\beta_2 m^*}{\mu_1(\mu_H + \sigma)} - 1 \right)}{(\beta_1\beta_2 m^* + \beta_1\mu_H)} \\ &= \frac{\mu_1\mu_H \left(\frac{\beta_1\beta_2 m^*}{\mu_1(\mu_H + \sigma)} - 1 \right)}{(\beta_1\beta_2 m^* + \beta_1\mu_H)} \end{aligned}$$

Debe notarse que en el numerador aparecen términos que relacionan la infección, el contacto y el tiempo, los cuales son adimensionales y estas corresponden al número básico de reproducción. De manera que:

$$R_0 = \frac{\beta_1\beta_2 m^*}{\mu_1(\mu_H + \sigma)}$$

Y este factor se puede observar en el procedimiento de I , por lo tanto al introducirlo se obtiene:

$$I_* = \frac{\mu_1\mu_H(R_0 - 1)}{(\beta_1\beta_2 m^* + \beta_1\mu_H)}$$

De esta manera se simplifican las variables del tercer estado estacionario, las cuales se presentan en la ecuación (19). Si desea conocer el procedimiento para cada variable puede consultarse en anexos, donde está el procedimiento. La simplificación de (19) es:

$$M_{S^*} = m^* - M_{i^*}$$

$$M_{I^*} = \frac{(1-S^*)\mu_H}{\beta_2 S^*}$$

$$A^* = a^*$$

$$S^* = 1 - \frac{(\mu_H + \sigma)I^*}{\mu_H}$$

$$I^* = \frac{\mu_1 \mu_H (R_0 - 1)}{(\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H)}$$

Obteniendo esta simplificación, se tiene el estado donde el virus es introducido y por lo tanto los humanos y mosquitos se infectan, debido a la interacción que existe entre humanos y mosquitos. Entonces a partir de esto surge el número básico de reproducción, lo cual dependerá de la cantidad de mosquitos infectantes que existan y que estos contagien al ser humano. Esto es cierto siempre que $R_0 > 1$ y $Q_0 > 1$. Debe notarse que Q_0 indica el punto de equilibrio (ver sección VI, subsección A.) en el cual habrán vectores que propaguen la enfermedad siempre que este sea mayor a 1. Al haber realizado ese análisis se comprende qué sucede en el modelo y cuándo este es estable. Por lo cual al partir de un estado estacionario a otro, se ve el progreso de cómo una población puede llegar a poseer una enfermedad transmitida por vectores.

2. Soluciones de frente de onda. Hasta el momento se ha estudiado qué significa cada variable del modelo y cómo se comporta la difusión de los mosquitos, obtenido los estados estacionarios y la importancia de conocerlos. Entonces se procede a realizar una nueva parametrización, es decir plantear una variable que esté compuesta del tiempo y del espacio, esto se hace tomando la teoría de ondas viajeras designando la variable $z = x + ct$. Se tiene:

$$(\tilde{m}_s(x, t), \tilde{m}_i(x, t), \tilde{a}(x, t), \tilde{s}(x, t), \tilde{i}(x, t)) = (m_s(z), m_i(z), a(z), s(z), i(z))$$

Procediendo con las transformaciones:

$$\frac{\partial \tilde{m}_s}{\partial x} = \frac{dm_s}{dz} \quad ; \quad \frac{\partial \tilde{m}_s}{\partial t} = c \frac{dm_s}{dz}$$

Entonces tomando las ecuaciones (7)-(11):

$$c \frac{dm_s}{dz} = \frac{d^2 m_s}{dz^2} - \mu_1 m_s - \beta_1 m_s i - v \frac{dm_s}{dz} + \frac{\gamma}{k} A(1 - m)$$

$$c \frac{dm_i}{dz} = \frac{d^2 m_i}{dz^2} - \mu_1 m_i - v \frac{dm_i}{dz} + \beta_1 m_s i$$

Y asignando:

$$u = \frac{dm_s}{dz} \quad ; \quad v = \frac{dm_i}{dz} \quad , \text{ por lo tanto:}$$

$$cu = \frac{du}{dz} - \mu_1 m_s - \beta_1 m_s i - vu + \frac{\gamma}{k} A(1 - m)$$

$$\frac{du}{dz} = cu + vu + \mu_1 m_s + \beta_1 m_s i - \frac{\gamma}{k} A(1 - m)$$

$$\frac{du}{dz} = (c + v)u - \frac{\gamma}{k} A(1 - m) + \mu_1 m_s + \beta_1 m_s i$$

Al obtener este resultado se procede con las demás ecuaciones y, por lo tanto las ecuaciones correspondientes al cambio de variables son:

$$\frac{dm_s}{dz} = u \quad (20)$$

$$\frac{du}{dz} = (c + v)u - \frac{\gamma}{k} A(1 - m) + \mu_1 m_s + \beta_1 m_s i \quad (21)$$

$$\frac{dm_i}{dz} = v \quad (22)$$

$$\frac{dv}{dz} = (c + v)v + \mu_1 m_i - \beta_1 m_s i \quad (23)$$

$$\frac{da}{dz} = (1/c)(k(1 - a)m - \mu_2 a - \gamma a) \quad (24)$$

$$\frac{ds}{dz} = (1/c)(\mu_H n - \mu_H s - \beta_2 h m_i) \quad (25)$$

$$\frac{di}{dz} = (1/c)(\beta_2 h m_i - \sigma i - \mu_H i) \quad (26)$$

Siendo estas ecuaciones las que describen el movimiento del vector y cómo la enfermedad se propaga en localidades cercanas, logrando entender la invasión de la enfermedad y su propagación.

Se ha explicado entonces las ecuaciones de propagación tomando en cuenta la difusión del vector. Siendo este el primer modelo presentado se procede al análisis del segundo modelo, en el cual se utilizan sumatorias para explicar el proceso de difusión del humano, es decir que el humano se moviliza de una población a otra. Esto se aplicará para poder explicar la invasión del vector y propagación de las enfermedades, ya que estas ondas muestran cómo se propaga la enfermedad en el espacio-tiempo. De esta manera, se pueden ver los brotes que suceden en el tiempo. Inicialmente se toma la advección como cero, de modo que el vector se mantiene en un lugar y no se propaga el vector sino únicamente se infecta el humano susceptible. En la subsección siguiente se propone un modelo para la propagación de la enfermedad por medio de ecuaciones discretas equivalente, el cual se resuelve numericamente en la sección VII.

C. Modelo propuesto para la propagación de enfermedades propagadas por vectores

El siguiente modelo se propone para analizar la propagación de la Chikungunya en los municipios de Escuintla. Cuando una persona susceptible se infecta, esta puede moverse a otra ciudad, departamento o municipio como en este

caso y propagar la enfermedad. Se puede observar cómo en los municipios con mayor incidencia es donde hay un coeficiente de migración mayor. Se procede entonces:

$$\frac{dH_i}{dt} = -\beta_i S_i M i_i - \mu_i S_i + \eta_i (S_i + I_i + R_i) + \sum_j m_{ij} S_j - \sum_j m_{ji} S_i \quad (27)$$

$$\frac{dI_i}{dt} = \beta_i S_i M i_i - \mu_i I_i - \gamma_i I_i + \sum_j m_{ij} I_j - \sum_j m_{ji} I_i \quad (28)$$

$$\frac{dR_i}{dt} = \gamma_i I_i - \mu_i R_i \quad (29)$$

$$\frac{dM_{s_i}}{dt} = -\beta_i I_i M s_i - \kappa_i M s_i + \alpha_i (M_{S_i} + M_{I_i}) \quad (30)$$

$$\frac{dM_{i_i}}{dt} = \beta_i I_i M s_i - \kappa_i M i_i \quad (31)$$

En este sistema de ecuaciones diferenciales se modela cómo afecta la movilidad de las personas al momento de que una enfermedad ingresa a una población. Debe quedar claro que cada población posee a sus propios mosquitos, lo cual se debe a que los vectores no pueden desplazarse demasiado en el espacio tiempo. Cuando una persona infectada ingresa a otro municipio del departamento de Escuintla, por ejemplo Masagua, lo que sucede es que si un vector contrae el virus de esta persona infectada, entonces el vector propaga la enfermedad a varias personas en este municipio. Luego, cuando las personas viajan o se movilizan y existe un vector en las localidades a donde se movilizaron, los vectores pueden obtener mediante picadura el virus y seguir propagándolo.

En este modelo $\sum_j m_{ij} S_j - \sum_j m_{ji} S_i$ indica la movilidad mencionada, donde la sumatoria depende de las comunidades o municipios que se desean trabajar. Cada comunidad tendrá un coeficiente de migración con la cual una persona se movilizará de un lugar a otro, y mientras personas salen de esta comunidad otras personas ingresan, este factor puede observarse en las ecuaciones (27) y (28), ya que los susceptibles se movilizan al compartimento de susceptibles, y los infectantes se movilizan al compartimento de infectantes. Entonces, como se tienen cuatro poblaciones, el sistema de ecuaciones a trabajar esta conformado por veinte compartimentos.

1. Modelo para dos poblaciones. Se presenta el modelo aplicado para la migración entre dos poblaciones, este constará de diez ecuaciones diferenciales, siendo este:

$$\begin{aligned} \frac{dH_1}{dt} &= -\beta_1 S_1 M i_1 - \mu_1 S_1 + \eta(S_1 + I_1 + R_1) + m_{12} S_2 - m_{21} S_1 \\ \frac{dI_1}{dt} &= \beta_1 S_1 M i_1 - \mu_1 I_1 - \gamma_1 I_1 + m_{12} I_2 - m_{21} I_1 \\ \frac{dR_1}{dt} &= \gamma_1 I_1 - \mu_1 R_1 \\ \frac{dM_{s_1}}{dt} &= -\beta_1 I_1 M s_1 - \kappa_1 M s_1 + \alpha_1 (M_{S_1} + M_{I_1}) \\ \frac{dM_{i_1}}{dt} &= \beta_1 I_1 M s_1 - \kappa_1 M i_1 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned} \frac{dH_2}{dt} &= -\beta_2 S_2 M i_2 - \mu_2 S_2 + \eta(S_2 + I_2 + R_2) + m_{12} S_2 - m_{21} S_1 \\ \frac{dI_2}{dt} &= \beta_2 S_2 M i_2 - \mu_2 I_2 - \gamma_2 I_2 + m_{12} I_2 - m_{21} I_1 \\ \frac{dR_2}{dt} &= \gamma_2 I_2 - \mu_2 R_2 \\ \frac{dM_{s_2}}{dt} &= -\beta_2 I_2 M s_2 - \kappa_2 M s_2 + \alpha_2 (M_{S_2} + M_{I_2}) \\ \frac{dM_{i_2}}{dt} &= \beta_2 I_2 M s_2 - \kappa_2 M i_2 \end{aligned}$$

Mediante estas ecuaciones se representa cómo se propaga la enfermedad en dos poblaciones. Al utilizar las ecuaciones (27)-(31) se utilizará $i = 4$, esto es para representar la transmisión de la enfermedad en cuatro poblaciones.

2. Simulación del modelo discreto mediante python. El modelo de movilidad presentado anteriormente se inició tomando una sola población, es decir un programa similar al presentado en la sección 7.1 del modelo SIR para vectores. Luego se introdujeron dos poblaciones y se trabajó migración constante. Habiendo finalizado esto se procedió acoplar tres y cuatro poblaciones respectivamente. Al realizar este programa, se puede modelar y conocer cómo se comportarán las enfermedades en la cantidad de poblaciones que se deseen. Obviamente, por la complejidad de la simulación, este demorará una cantidad mayor de tiempo al ser más poblaciones. Entonces, en la sección 9, se analizará el resultado del siguiente programa con los datos presentados en la sección 8 de resultados.

Figura 9: Programa de simulación de propagación de la Chikungunya en python2.7.

```
import scipy.integrate as spi
import numpy as np
import pylab as plt
n=4;
beta= 0.0025*np.ones(n);
gamma= 0.014*np.ones(n);
nu=0.0011*np.ones(n);
mu=0.0011*np.ones(n);
mum=0.02*np.ones(n);
X0=10000*np.ones(n);
Y0=0.0*np.ones(n); Y0[0]= 1.0;
S0 = 1000.0*np.ones(n); S0[1] = 900; S0[2]=800; S0[3] = 500;
I0 = 0.0*np.ones(n);
R0 = 0.0*np.ones(n);
m = 0.002*np.ones((n,n)); m=m-np.diag(np.diag(m));
INPUT=np.hstack((S0,I0,R0,X0,Y0))

def ecuaciones(INP,t):
    Y=np.zeros((5*n))
    V = INP
    for i in range(n):
        Y[i]=beta[i]*V[i]*V[4*n+i]-mu[i]*V[i]+nu[i]*(V[i]+V[n+i]+V[2*n+i]);
        Y[n+i]=beta[i]*V[i]*V[4*n+i]-mu[i]*V[n+i]-gamma[i]*V[n+i];
        Y[2*n+i]=gamma[i]*V[n+i]-mu[i]*V[2*n+i];
        Y[3*n+i]= beta[i]*V[n+i]*V[3*n+i]-mum[i]*V[3*n+i];
        Y[4*n+i]=beta[i]*V[n+i]*V[3*n+i]-mum[i]*V[4*n+i];
    for j in range(n):
        Y[i]+m[i][j]*V[j]-m[j][i]*V[i];
        Y[n+i]+m[i][j]*V[n+j]-m[j][i]*V[n+i];
        Y[2*n+i]+m[i][j]*V[2*n+j]-m[j][i]*V[2*n+i]
    return Y

t_inicio = 0.0;t_final = 100.0;t_cambio = 0.0005
t_rango = np.arange(t_inicio,t_final,t_cambio)
Resultado = spi.odeint(ecuaciones,INPUT,t_rango)

print Resultado
```

```

plt.title('Modelo SIR')
plt.subplot(311)

plt.subplot(221)
plt.plot(t_rango,Resultado[:,0], '-b',linewidth=1, label='Sh1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,4], '-g',linewidth=1, label='Ih1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,6], '-r',linewidth=1, label='R1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,12], '--b',linewidth=1, label='Ms1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,16], '--g',linewidth=1, label='Mi1')
plt.legend(loc=0,shadow=True)
plt.ylabel('Poblacion 1')

plt.subplot(222)
plt.plot(t_rango,Resultado[:,1], '-b',linewidth=1, label='Sh2')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,5], '-g',linewidth=1, label='Ih2')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,9], '-r',linewidth=1, label='R2')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,13], '--b',linewidth=1, label='Ms1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,17], '--g',linewidth=1, label='Mi1')
plt.legend(loc=0,shadow=True)
plt.ylabel('Poblacion 2')

plt.subplot(223)
plt.plot(t_rango,Resultado[:,2], '-b',linewidth=1, label='Sh3')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,6], '-g',linewidth=1, label='Ih3')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,10], '-r',linewidth=1, label='R3')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,14], '--b',linewidth=1, label='Ms1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,18], '--g',linewidth=1, label='Mi1')
plt.legend(loc=0,shadow=True)
plt.ylabel('Poblacion 3')

plt.subplot(224)
plt.plot(t_rango,Resultado[:,3], '-b',linewidth=1, label='Sh4')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,7], '-g',linewidth=1, label='Ih4')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,11], '-r',linewidth=1, label='R4')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,15], '--b',linewidth=1, label='Ms1')
plt.plot(t_rango,Resultado[:,19], '--g',linewidth=1, label='Mi1')
plt.legend(loc=0,shadow=True)
plt.ylabel('Poblacion 4')
plt.show()

```

Esta simulación brinda cuatro Gráficos que muestran la cantidad de infectantes en cada población, lo cual se presentará en análisis de resultados.

VII. RESULTADOS

A. Propagación espacial de la Chikungunya

En esta sección se analiza la propagación de la enfermedad de la Chikungunya (mediante el uso del modelo de la sección VI, subsección C.) que es una enfermedad endémica en Escuintla durante el año 2014. El brote que se analizará inició en el mes de septiembre, ya que meses anteriores se poseían casos reportados pero no podían analizarse debido al comportamiento. Es entre los meses de septiembre y diciembre de 2014 que puede observarse la propagación espacial del Chikungunya en los municipios de Escuintla. Estos datos fueron brindados por la unidad de Sistema de Información Gerencial en Salud (SIG-SA) del Ministerio de Salud Pública y Asistencia Social (MSPAS), donde los datos se detallan por localidad de municipio, que no es donde el caso ocurrió sino donde el caso fue notificado. Para iniciar se ven los casos de Chikungunya en Escuintla, comprendidos entre septiembre y diciembre.

Cuadro 2: Casos de Chikungunya entre septiembre y diciembre en municipios de Escuintla.

Municipio	Casos de Chikungunya	Incidencia (por cada 100 habitantes)
Escuintla	7,884.00	5
Masagua	1,981.00	4
La Gomera	1,094.00	2
Palín	513.00	1
Siquinalá	468.00	2
San José	422.00	1
Santa Lucía Cotzumalguapa	309.00	0
Tiquisate	103.00	0
Nueva Concepción	139.00	0
Iztapa	156.00	2
Guanagazapa	150.00	1
San Vicente Pacaya	9.00	0
La Democracia	2.00	0

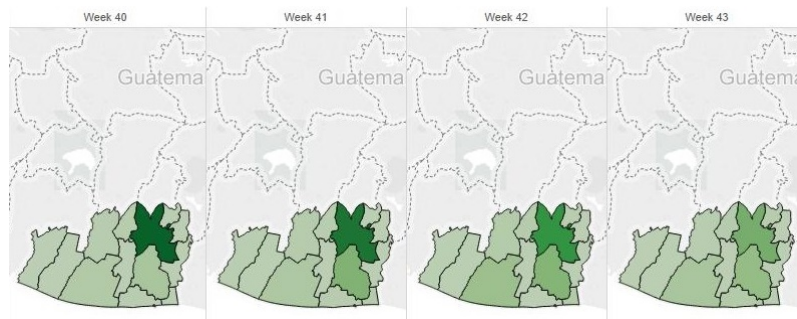
Esta tabla muestra los casos reportados en los diferentes municipios de Escuintla, donde claramente se puede ver la mayor cantidad de casos de Chikungunya.

Como se posee esta información, se observa el comportamiento de cómo se fue propagando la enfermedad en Escuintla. Al ver el comportamiento de Escuintla se observa que tiene el comportamiento de una onda, las cuales son estudiadas en electromagnetismo y en fluidos, pero en este caso se habla de una onda que se mueve en el espacio y en el tiempo.

B. Mapas de riesgo de la propagación espacial de la Chikungunya

Los mapas de riesgo se utilizan para poder estudiar la distribución espacial, de manera que se pueden analizar las vías mediante las cuales las personas se movilizan y logran propagar el virus. A continuación se muestra cómo se propagó la Chikungunya en los municipios de Escuintla y determinar las distancias que existen entre los municipios.

Figura 10: Propagación espacial de la Chikungunya en el departamento de Escuintla, semana 40 a semana 43.

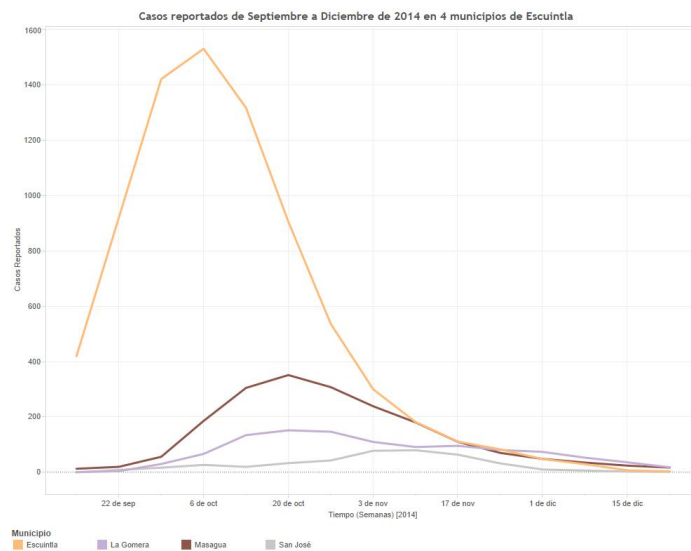


La Figura 10 representa de manera visual cómo es el comportamiento de la Chikungunya. Claramente se ven los municipios en donde existe esta enfermedad y al medir distancias entre municipios por carreteras y conociendo tiempos, se puede determinar empíricamente la velocidad de propagación de la enfermedad, lo cual se debe a la movilidad que las personas tienen entre estos municipios.

VIII. ANÁLISIS DE RESULTADOS

Se inicia mediante la observación del comportamiento de brotes en los cuatro municipios con mayor cantidad de casos de chikunguna, siendo estos Escuintla, Masagua, San José y Palín. Estas gráficas se realizaron con los datos reportados semanalmente de SIGSA, lo cual se puede observar en el Gráfico 5. Para realizar las simulaciones presentadas se utilizó el modelo propuesto de la sección VI. subsección C.

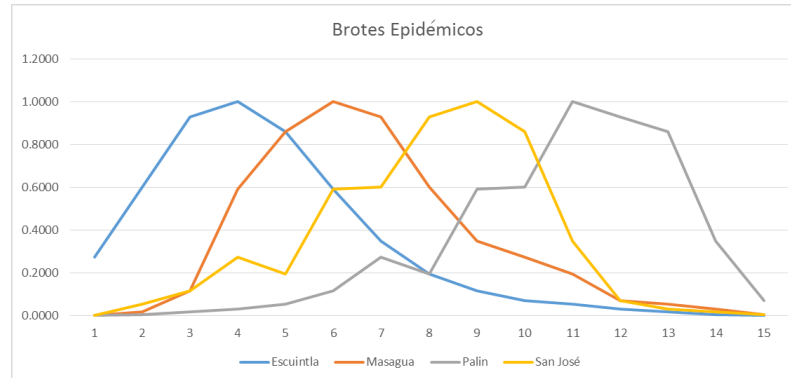
Figura 11: Casos reportados en cuatro municipios de Escuintla.



Se ve claramente el comportamiento de una onda que se propaga con diferentes magnitudes.

Como se observa en el Gráfico anterior, existe un coeficiente de difusión que explica cómo esta enfermedad se propaga en el espacio tiempo. Al ver este Gráfico se puede realizar una normalización, es decir, llevar a una sola escala las cuatro curvas. De esta manera se puede conocer en qué tiempo específico se dio la máxima cantidad de casos en estos municipios y así, determinar cuáles son las vías de comunicación entre estos municipios. Esto hace ver que el tiempo entre los brotes puede relacionarse con el periodo extrínseco que ocurre en aproximadamente doce días que es cuando el virus se multiplica y llega a las glándulas salivales del vector (la vida del vector es de 30 días aproximadamente). El resultado de normalización se presenta en la Figura 12.

Figura 12: Normalización de casos de Chikungunya en Escuintla.



Puede verse el tiempo que tardó en darse un brote respecto al otro.

En las Figura 10 y 11, se puede observar cómo se desarrolló la enfermedad del Chikungunya en el departamento de Escuintla. La primera gráfica muestra la magnitud de la propagación de la enfermedad, mientras la segunda muestra la separación de tiempo que hubo entre cada brote.

Se prosigue entonces realizando la simulación en python del modelo discreto que describe la propagación de la Chikungunya, para un mayor entendimiento se presenta el modelo a continuación:

Figura 13: Simulación del modelo discreto para cuatro poblaciones, tomando un coeficiente de migración constante entre las cuatro poblaciones.

```
import scipy.integrate as spi
import numpy as np
import pylab as plt
n=4;
beta= 0.00025*np.ones(n);
gamma= 0.014*np.ones(n);
nu=0.001*np.ones(n);
mu=0.0011*np.ones(n);
mum=0.02*np.ones(n);
X0=10000*np.ones(n);
Y0=0.0*np.ones(n); Y0[0]= 1.0;
S0 = 1000.0*np.ones(n); S0[1] = 900; S0[2]=800; S0[3] = 500;
I0 = 0.0*np.ones(n);
R0 = 0.0*np.ones(n);
m= 0.002*np.ones((n,n)); m=m-np.diag(np.diag(m));
INPUT=np.hstack((S0,I0,R0,X0,Y0))

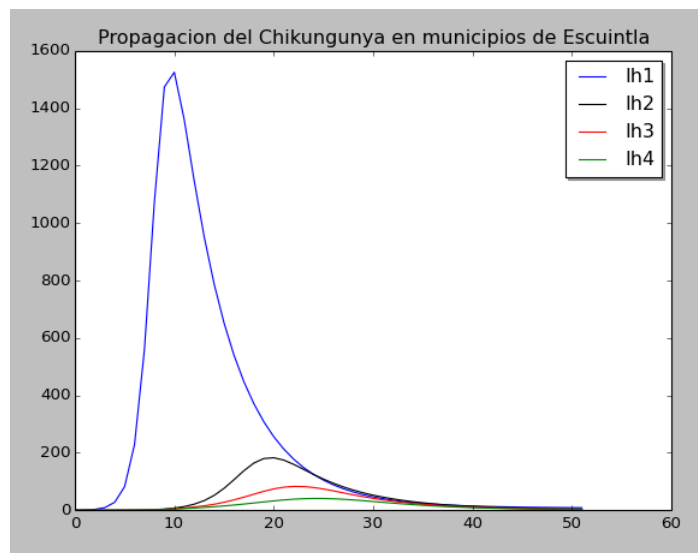
def ecuaciones(INP,t):
    Y=np.zeros((5*n))
    V = INP
    for i in range(n):
        Y[i]=-beta[i]*V[i]*V[4*n+i]-mu[i]*V[i]+nu[i]*(V[i]+V[n+i]+V[2*n+i]);
        Y[n+i]=beta[i]*V[i]*V[4*n+i]-mu[i]*V[n+i]-gamma[i]*V[n+i];
        Y[2*n+i]=gamma[i]*V[n+i]-mu[i]*V[2*n+i];
        Y[3*n+i]=- beta[i] * V[n+i] * V[3*n+i]-mum[i]*V[3*n+i];
        Y[4*n+i]=beta[i]*V[n+i]*V[3*n+i]-mum[i]*V[4*n+i];
    for j in range(n):
        Y[i]+m[i][j]*V[j]-m[j][i]*V[i];
        Y[n+i]+m[i][j]*V[n+j]-m[j][i]*V[n+i];
        Y[2*n+i]+m[i][j]*V[2*n+j]-m[j][i]*V[2*n+i]
    return Y

t_inicio = 0.0;t_final = 52.0;t_cambio = 1.0
t_rango = np.arange(t_inicio,t_final,t_cambio)
Resultado = spi.odeint(ecuaciones,INPUT,t_rango)

print Resultado
```

Este programa hace posible la solución del modelo discreto mediante la utilización de métodos numéricos. En la Figura 8 se observa la interacción explicada en el modelo SIR discreto, y las condiciones iniciales hipotéticas para que la enfermedad se propague. Al realizar varias corridas se logra obtener una gráfica similar al Gráfico 5. Donde el brote inicia en un municipio y luego se propaga en cuatro poblaciones, la similitud de las gráficas se debe a los parámetros dados, debido a la estabilidad de las ecuaciones debe proporcionarse un valor muy cercano al real. Para llevar a cabo esto se debe realizar una optimización.

Figura 14: Casos en eje y, semanas en eje x. Propagación de la Chikungunya mediante modelo discreto.



Puede observarse que el modelo describe como la Chikungunya se propaga mediante la forma de una onda, pero para que estas tengan un comportamiento propio de cada municipio, deben conocerse los parámetros de la rapidez con que se propaga la enfermedad, además de la tasa de recuperación y parámetros que se obtienen mediante ajuste de datos.

IX. CONCLUSIONES

1. Se logró la descripción de un brote epidémico, analizando los dos modelos: donde el modelo estudiado analíticamente brindó los estados estacionarios, mientras el modelo numérico brindó una descripción de cómo se propagó la Chikungunya mediante la movilidad del ser humano.
2. Para llevar a cabo la resolución numérica en el segundo modelo se vieron implicados procesos markovianos, de manera que en el segundo modelo siendo este discreto, se observó la analogía de la difusión mediante la movilidad entre comunidades.
3. La elaboración de caminatas aleatorias se ve implicada en ambos modelos, debido a que estas describen el movimiento aleatorio de cómo la enfermedad se propaga ya que en cualquier persona existe la misma probabilidad de contagiarse.
4. Mediante métodos numéricos se logró la aplicación y resolución de las ecuaciones en el modelo propuesto para los cuatro municipios analizados de Escuintla.

X. RECOMENDACIONES

- Ampliar el análisis para otras enfermedades transmitidas por vectores para analizar la forma en que este se propaga.
- Determinar los puntos estacionarios y de equilibrio para n poblaciones del modelo propuesto.
- Ver similitudes y diferencias entre cómo se propagó la Chikungunya en otros departamentos del país de Guatemala.
- Realizar optimización de curvas para un ajuste entre datos teóricos y datos reales.

XI. BIBLIOGRAFÍA

1. Bellouquid, Abdelghani; Delitala, Marcello. 2006. *Mathematical Modelling of Complex Biological Systems*. Estados Unidos de América. Birkhäuser Boston. 188 págs.
2. Barton, Gabriel. 1989. *Elements of Green's Functions and Propagation*. Estados Unidos. Oxford University Press. 480 págs.
3. Blasius, Bernd; Kurths, Jürgen; Stone, Lewi. 2007. *Complex Population Dynamics*. Estados Unidos de América. "World Scientific Publishing Co.". 246 págs.
4. Bonchev, Danail; Rouvray, Dennis. 2005. *Complexity in Chemistry Biology and Ecology*. Estados Unidos de América. Springer. 344 págs.
5. Brauer, Fred; Castillo-Chavez, Carlos. 2010. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. 2^{da} edición. Estados Unidos de América. Springer. 508 págs.
6. Britton, Nicholas F.. 2003. *Essential Mathematical Biology*. Londres. Springer-Verlag. 334 págs.
7. Cantrell, Robert Stephen; Cosner, Christopher. 2003. *Spatial Ecology via Reaction-Diffusion Equations*. Londres. Wiley. 411 págs.
8. Capasso, Vincenzo. 2008. *Mathematical Structures of Epidemic Systems*. Alemania. Springer-Verlag. 283 págs.
9. Crank, John. 1975. *The Mathematics of Diffusion*. 2^{da} edición. Londres. Oxford University Press. 421 págs.
10. Daley, D.J.; Gani, J.. 1999. *Epidemic Modelling: An Introduction*. Estados Unidos de América. Cambridge University Press, New York. 213 págs.
11. Edelstein-Keshet, Leah. 2005. *Mathematical Models in Biology*. Estados Unidos. "Society for Industrial and Applied Mathematics". 630 págs.
12. Gillman, Michael. 2009. *An Introduction to Mathematical Models in Ecology and Evolution*. 2^{da} edición. Londres. John Wiley & Sons. 158 págs.
13. Hari Rao, V. Sree; Durvasula, Ravi. 2013. *Dynamic Models of Infectious Diseases-Volume 1: Vector-Borne Diseases*. Nueva York, Estados Unidos de América. "Springer Science+Business Media". 292 págs.
14. Itô, Kiyosi; Henry P. McKean. *Diffusion Processes and their simple paths*. Alemania. Springer-Verlag. 340 págs.
15. J. Keeling, Matt; Rohani, Pejman. 2008. *Modeling Infectious Diseases IN HUMANS AND ANIMALS*. Londres. Princeton University Press. 366 págs.
16. Krämer, Alexander. 2010. *Modern Infectious Disease Epidemiology*. Estados Unidos de América. Springer. 443 págs.

17. Ma, Shien; Zhou, Yicang; Wu Jianhong. 2009. *Modeling and Dynamics of Infectious Diseases*. China. High Education Press. 342 págs.
18. Magal, Pierre; Ruan, Shigui. 2008. *Structured Population Models in Biology and Epidemiology*. Alemania. Springer-Verlag. 314 págs.
19. Maidana, Norberto; Yang, Hyun Mo. 2008. *Describing the Geographic Spread of dengue disease by travelling waves*. Universidad de Campinas. Mathematical Biosciences. Brazil. 14 págs.
20. Mansuy, Roger; Yor, Marc. 2008. *Aspects of Brownian Motion*. Alemania. Springer-Verlag. 205 págs.
21. Murray, J.D.. 2003. *Mathematical Biology I: An Introduction*. Estados Unidos de América. Springer-Verlag. 551 págs.
22. Murray, J.D.. 2003. *Mathematical Biology II: Spatial Models and Biomedical Applications*. Estados Unidos de América. Springer-Verlag. 811 págs.
23. Rothe, Franz. 1984. *Global Solutions of Reaction-Diffusion Systems*. Alemania. Springer-Verlag. 222 págs.
24. S. Allman, Elizabeth; Rodes, John. 2003. *Mathematical Models in Biology*. Estados Unidos de América. Cambridge University Press. 370 págs.
25. Shonkwiler W., Ronald; Herod, James. *Mathematical Biology*. 2^{da} edición. Estado Unidos de América. Springer. 551 págs.
26. Turchin, Peter. 1957. *Quantitative Analysis of Movement*. Estados Unidos. "Sinauer Associates, Inc". 408 págs.

XII. ANEXOS

A. Programas correspondientes a las simulaciones realizadas

Este ejemplo se utiliza para poder ver la forma de los brotes epidémicos y cómo estos al ser analizados ayudan para realizar intervenciones y, además, conocer el número básico de reproducción de la enfermedad que se desee analizar. Para este ejemplo se utiliza el software python 2.7, donde se trabaja el modelo presentado en la subsección A. de la sección VI, que es el modelo SIR aplicado a vectores, de modo que la programación está dada por:

Figura 15: Código de programa de python. Se presentan las constantes y restricciones del modelo SIR.

```
import scipy.integrate as spi
import numpy as np
import pylab as pl
from pandas import DataFrame

"FRANCISCO QUIROA"
b = 1/float(3)#probabilidad de que pique cualquier mosquito
PH = 377719#poblacion de humanos
PM = 20800#poblacion de mosquitos diaria
THM =b*(0.5)*(0.5)#probabilidad de que se infecte una hembra
TMH = 0.5 #probabilidad de que un mosquito se infecte al picar a un humano
MH = 1/float(365*71)
MM = 1/float(30)#Periodo de Viremia
TR = 1/float(7) #tasa de recuperación asumiendo dengue
R0 = ((b**2)*(THM)*(TMH)*(PM))/((MM)*(TR + MH)*(PH))
print "El numero de reproduccion basico es:", float(R0)

#Inicio de utilización de variables
r = b/PH;
Beta = np.array([[0, THM], [TMH, 0]]);
Gamma = np.array([TR, 0]); #gamma es la tasa de recuperación
Mu = np.array([MH, MM]); #mortalidad
Nu = np.array([MH*PH,MM*PM]); #natalidad
S0 = np.array([PH, PM/2]); #susceptibles iniciales
I0 = np.array([54,540]); #infectante inicial
R0 = np.array([0.0,0.0]) #R0 en forma matricial
TM = Tiempo_Maximo = 365;
IT = 1.0

Entrada = np.hstack((S0,I0,0.0))
```

```

def ecuaciones_diferenciales(Ingreso,t): #5 ecuaciones diferenciales
    '''Conjunto de Ecuaciones'''
    Y = np.zeros((5))
    V = Ingreso
    #Susceptibles Humanos
    Y[0] = Nu[0] - V[0] * r * (Beta[0][1]*V[3]) - Mu[0] * V[0]
    #Susceptibles Mosquitos
    Y[1] = Nu[1] - V[1] * r * (Beta[1][0]*V[2]) - Mu[1] * V[1]
    #Infectados Humanos
    Y[2] = V[0] * r * (Beta[0][1]*V[3]) - Gamma[0] * V[2] - Mu[0] * V[2]
    #Infectados Mosquitos
    Y[3] = V[1] * r * (Beta[1][0]*V[2]) - Mu[1] * V[3]
    #Recuperados
    Y[4] = Gamma[0]*V[2] - Mu[0]*V[4]
    return Y #Da las 5 ecuaciones resueltas

tInicial = 0.0; tFinal = TM; deltat = IT
rangot = np.arange(tInicial, tFinal + deltat, deltat)
Resultado = spl.odeint(ecuaciones_diferenciales,Entrada,rangot)
df = DataFrame(Resultado)
print df

df.to_excel('SIR_Escuintla.xlsx', sheet_name = 'Hojal',index=False)

#Ploting
fig = pl.gcf()
fig.canvas.set_window_title('Modelo SIR para Vectores')
pl.subplot(111)
pl.plot(Resultado[:,0], '-k', label = 'Susceptibles')
pl.plot(Resultado[:,2], '-r', label = 'Infectados')
pl.plot(Resultado[:,4], '-g', label = 'Recuperados')
pl.legend(loc=0)
pl.xlabel('Tiempo')
pl.ylabel('Casos')
pl.show()

```

B. Procedimiento de las ecuaciones adimensionales

Tomando los procedimientos para el cambio adimensional de las ecuaciones (2) - (5). Iniciando con (2) se tiene que:

$$\frac{\partial \bar{M}_I}{\partial t} = \bar{D} \frac{\partial^2 \bar{M}_I}{\partial x^2} - \bar{v} \frac{\partial \bar{M}_I}{\partial x} - \bar{\mu}_1 \bar{M}_I + \bar{\beta}_1 \bar{\mu}_1 \bar{M}_S \bar{I}$$

Tomando entonces:

$$\bar{M}_I = k_1 M_I \quad \bar{v} = v \bar{r} \sqrt{\frac{\bar{D}}{\bar{r}}} \quad \bar{\mu}_1 = \bar{r} \mu_1 \bar{\beta}_1 = \frac{\bar{r} \beta_1}{\bar{N}} \quad \bar{I} = \bar{N} I$$

$$\begin{aligned} \frac{\partial}{\partial t} &\rightarrow r \frac{\partial}{\partial t} \quad \frac{\partial}{\partial x} \rightarrow \sqrt{\frac{\bar{r}}{\bar{D}}} \frac{\partial}{\partial x} \\ \bar{r} k_1 \frac{\partial M_I}{\partial t} &= \frac{k_1 \bar{r} \bar{D}}{\bar{D}} \frac{\partial^2 M_I}{\partial x^2} - v \bar{r} k_1 \sqrt{\frac{\bar{r}}{\bar{D}}} \sqrt{\frac{\bar{D}}{\bar{r}}} \frac{\partial M_I}{\partial x} - k_1 \bar{r} \mu_1 M_I + \frac{\bar{r} \beta_1}{\bar{N}} \mu_1 M_S I \bar{N} \\ \frac{\partial M_I}{\partial t} &= \frac{\partial^2 M_I}{\partial x^2} - v \frac{\partial M_I}{\partial x} - \mu_1 M_I + \beta_1 M_S I \end{aligned}$$

Para (3):

$$\begin{aligned} \frac{\partial \bar{A}}{\partial t} &= \bar{r} \left(1 - \frac{\bar{A}}{k_2} \right) \bar{M} - \mu_2 \bar{A} - \gamma \bar{A} \\ \bar{A} &= A k_2 \quad \bar{\mu}_2 = \mu_2 \bar{r} \quad \bar{M} = k_1 M \quad \bar{\gamma} = \bar{r} \gamma \\ k_2 r \frac{\partial A}{\partial t} &= \bar{r} (1 - A) M k_1 - \bar{r} \mu_2 k_2 A - \bar{r} \gamma k_2 A \\ \frac{\partial A}{\partial t} &= k (1 - A) M - \mu_2 A - \gamma A \end{aligned}$$

Para(4):

$$\begin{aligned}\frac{\partial \bar{H}}{\partial t} &= \bar{\mu}_H \bar{N} - \bar{\mu}_H \bar{H} - \bar{\beta}_2 \bar{H} \bar{M}_I \\ \bar{H} &= \bar{N} H \quad \bar{\mu}_H = r \mu_H \quad \bar{\beta}_2 = \frac{\bar{r} \beta_2}{k_1} \\ \bar{r} \bar{N} \frac{\partial \bar{H}}{\partial t} &= \bar{r} \mu_H \bar{N} - \bar{r} \mu_H \bar{N} H - \frac{\beta_2 \bar{r}}{k_1} \bar{N} k_1 H M_I \\ \frac{\partial H}{\partial t} &= \mu_H - \mu_H H - \beta_2 H M_I\end{aligned}$$

Finalmente para la ecuación (5), se tiene:

$$\begin{aligned}\frac{\partial \bar{I}}{\partial t} &= \bar{\beta}_2 \bar{H} \bar{M}_I - \bar{\sigma} \bar{I} - \bar{\mu}_H \bar{I} \\ \bar{I} &= \bar{N} I \quad \bar{\sigma} = \bar{r} \sigma \\ \bar{N} \bar{r} \frac{\partial \bar{I}}{\partial t} &= \frac{\bar{r} \beta_2}{k_1} \bar{N} k_1 H M_I - \bar{r} \sigma \bar{N} I - \bar{r} \mu_H \bar{N} I \\ \frac{\partial I}{\partial t} &= \beta_2 H M_I - \sigma I - \mu_H I\end{aligned}$$

De esta manera se llegó a las 5 ecuaciones diferenciales adimensionales que describen el sistema de propagación del vector y la enfermedad, donde el compartimento (6) se desacopla del sistema debido a la normalización de los humanos, donde se tiene que $\bar{H} + \bar{I} = \bar{N}$.

C. Procedimiento de los estados estacionarios

Como es observado en el análisis espacial del sistema, los estados de las ecuaciones (18), se probó M_S y A , donde tal A es el mismo para el estado estacionario tres, de manera que $A \rightarrow A^*$. Luego se procedió y se mostró que:

$$I^* = \frac{\mu_1 \mu_H (R_0 - 1)}{(\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H)}$$

A continuación se procede a la simplificación de los estados estacionarios restantes. Entonces, como se conoce I^* se procede a la simplificación de H^* :

$$\begin{aligned}H^* &\rightarrow -\frac{(\gamma + k \mu_1)(\beta_1 \mu_H + \mu_1(\mu_H + \sigma))}{\beta_1 \beta_2 (\gamma(\mu_1 - 1) + \mu_1 \mu_2) - \beta_1 (\gamma + k \mu_1) \mu_H} \\ H^* &\rightarrow \frac{-(\gamma + k \mu_1)(\beta_1 \mu_H + \mu_1(\mu_H + \sigma))}{-\beta_1 \beta_2 (\gamma(1 - Q_0^{-1})) - \beta_1 (\gamma + k \mu_1) \mu_H} \\ H^* &\rightarrow \frac{-(\gamma + k \mu_1)(\beta_1 \mu_H + \mu_1(\mu_H + \sigma))}{-(\gamma + k \mu_1)(\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H)} \\ H^* &\rightarrow \frac{\beta_1 \mu_H + \mu_1(\mu_H + \sigma)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H}\end{aligned}$$

Entonces para proseguir se procede a sumar cero en el numerador, es decir

$$\beta_1 \beta_2 m^* - \beta_1 \beta_2 m^* = 0; \text{ de tal manera:}$$

$$\begin{aligned}H^* &\rightarrow \frac{\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^* - \beta_1 \beta_2 m^* + \mu_1(\mu_H + \sigma)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} \\ H^* &\rightarrow \frac{\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^* - \beta_1 \beta_2 m^* + \mu_1(\mu_H + \sigma)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H}\end{aligned}$$

$$H^* \rightarrow 1 - \left(\frac{\beta_1 \beta_2 m^* - \mu_1 (\mu_H + \sigma)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} \right)$$

Tomando $\frac{\beta_1 \beta_2 m^* + \mu_1 (\mu_H + \sigma)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} = \alpha$, y procediendo únicamente sobre α , se tiene que:

$$\frac{\beta_1 \beta_2 m^* + \mu_1 (\mu_H + \sigma)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} = \frac{\mu_1 (\mu_H + \sigma) \left(\frac{\beta_1 \beta_2 m^*}{\mu_1 (\mu_H + \sigma)} - 1 \right)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} = \frac{\mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H}$$

Multiplicando por la unidad, i.e. $\frac{\mu_H}{\mu_H}$, se tiene que α es:

$$\frac{\mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} \frac{\mu_H}{\mu_H} = \frac{\mu_H \mu_1 (R_0 - 1)}{\beta_1 \beta_2 m^* + \beta_1 \mu_H} \frac{(\mu_H + \sigma)}{\mu_H} = \frac{(\mu_H + \sigma)}{\mu_H} I$$

Regresando a H^* entonces el resultado:

$$H^* \rightarrow 1 - \frac{(\mu_H + \sigma)}{\mu_H} I.$$

Se procede para M_I , iniciando entonces:

$$M_i^* \rightarrow - \frac{\mu_H (\beta_1 \beta_2 (\gamma (\mu_1 - 1) + \mu_1 \mu_2) + \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma))}{\beta_2 (\gamma + k \mu_1) (\beta_1 \mu_H + \mu_1 (\mu_H + \sigma))}$$

$$M_i^* \rightarrow - \frac{\mu_H (-\beta_1 \beta_2 (\gamma (1 - Q_0^{-1})) + \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma))}{\beta_2 (\gamma + k \mu_1) (\beta_1 \mu_H + \mu_1 (\mu_H + \sigma))}$$

Tomando entonces el numerador:

$$\begin{aligned} & -\mu_H (-\beta_1 \beta_2 \gamma (1 - Q_0^{-1}) + \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma)) \\ & \mu_H [(\beta_1 \beta_2 \gamma (1 - Q_0^{-1}) - \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma))] \\ & \mu_H \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma) \left[\frac{(\beta_1 \beta_2 \gamma (1 - Q_0^{-1}))}{\mu_H \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma)} - 1 \right] \end{aligned}$$

Entonces regresando a M_i^* se tiene:

$$M_i^* \rightarrow \frac{\mu_H \mu_1 (\gamma + k \mu_1) (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\beta_2 (\gamma + k \mu_1) (\beta_1 \mu_H + \mu_1 (\mu_H + \sigma))}$$

$$M_i^* \rightarrow \frac{\mu_H \mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\beta_2 (\beta_1 \mu_H + \mu_1 (\mu_H + \sigma))}$$

Multiplicando por la unidad, tal que $\frac{\mu_H}{\mu_H} = 1$, entonces:

$$M_i^* \rightarrow \frac{\mu_H \mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\beta_2 (\beta_1 \mu_H + \mu_1 (\mu_H + \sigma))} \frac{\mu_H}{\mu_H}$$

$$M_i^* \rightarrow \frac{\mu_H^2 \mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\mu_H \beta_2 (\beta_1 \mu_H + \mu_1 (\mu_H + \sigma))}$$

De igual manera que en H^* sumamos cero en el denominador, siendo $\mu_H \beta_2 (\beta_1 \beta_2 m^* - \beta_1 \beta_2 m^*) = 0$; y factorizando $(\mu_H + \sigma)$ entonces:

$$\mu_H \beta_2 (\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^* - \mu_1 \left(\frac{\beta_1 \beta_2 m^*}{(\mu_H + \sigma)} - 1 \right) (\mu_H + \sigma))$$

Regresando a M_{i^*} :

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{\mu_H^2 \mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{\mu_H \beta_2 (\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*) - \beta_2 \mu_H \mu_1 (R_0 - 1) (\mu_H + \sigma)} * \frac{(\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*)}{(\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*)}$$

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{\frac{\mu_H^2 \mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{(\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*)}}{\frac{\mu_H \beta_2 (\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*) - \beta_2 \mu_H \mu_1 (R_0 - 1) (\mu_H + \sigma)}{(\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*)}}$$

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{\frac{\mu_H^2 \mu_1 (\mu_H + \sigma) (R_0 - 1)}{(\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*)}}{\mu_H \beta_2 - \frac{\beta_2 \mu_H \mu_1 (R_0 - 1) (\mu_H + \sigma)}{(\beta_1 \mu_H + \beta_1 \beta_2 m^*)}}$$

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{\mu_H (\mu_H + \sigma) I}{\mu_H \beta_2 - \beta_2 (\mu_H + \sigma) I}$$

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{(\mu_H + \sigma) I}{\frac{\mu_H \beta_2 - \beta_2 (\mu_H + \sigma) I}{\mu_H}}$$

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{(\mu_H + \sigma) I}{\beta_2 - \beta_2 \frac{(\mu_H + \sigma) I}{\mu_H}}$$

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{(\mu_H + \sigma) I}{\beta_2 \left(1 - \frac{(\mu_H + \sigma) I}{\mu_H} \right)}$$

Multiplicando el numerador por $\frac{\mu_H}{\mu_H}$:

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{\frac{\mu_H (\mu_H + \sigma) I}{\mu_H}}{\beta_2 \left(1 - \frac{(\mu_H + \sigma) I}{\mu_H} \right)}$$

Observando que:

$$\frac{(\mu_H + \sigma) I}{\mu_H} = 1 - \left(1 - \frac{\mu_H (\mu_H + \sigma) I}{\mu_H} \right)$$

Y por lo tanto se tiene que:

$$M_{i^*} \rightarrow \frac{(1 - H^*) \mu_H}{\beta_2 H^*}.$$

De igual manera para M_{s^*} se obtiene:

$$M_{s^*} \rightarrow m^* - M_{i^*}.$$

D. Procedimiento de las ecuaciones de onda

Recordando lo que se planteó en el modelo se tiene que:

$$\frac{dm_s}{dz} = u(z), \quad \frac{dm_i}{dz} = v(z)$$

Por lo tanto, al proceder sobre el sistema (7) - (11), se tiene que:

$$cv = \frac{dv}{dz} - v^2 - \mu_1 m_i + \beta_1 m_s i$$

$$\frac{dv}{dz} = cv + v^2 + \mu_1 m_i - \beta_1 m_s i$$

$$\frac{dv}{dz} = (c + v)v + \mu_1 m_i - \beta_1 m_s i$$

De las misma manera se obtuvieron los resultados (24) - (25).

XIII. GLOSARIO

- Brote: Ocurrencia de un número significativamente anormal de casos (mayor o igual a dos casos), en corto espacio de tiempo, en un sector geográfico bien delimitado.
- Caso: Persona o animal que presenta síntomas o signos diagnosticables clínicamente (observación de síntomas).
- Difusión: Proceso mediante el cual la materia u otra propiedad, como el calor, es transportada de un lado a otro de un sistema por movimientos aleatorios.
- Endemia: Número de casos de determinada enfermedad, usualmente infecciosa, que esperamos que normalmente se estén presentando en determinado lugar por unidad de tiempo.
- Epidemia: Ocurrencia en una comunidad o área, de casos de una enfermedad, cuyo número claramente excede al esperado.
- Etapa intrínseca: Ocurre en el ser humano desde un día antes de tener fiebre hasta siete días después.
- Etapa extrínseca: Ocurre en el vector y es cuando el virus se multiplica en un período de ocho a doce días.
- Inmunidad: Capacidad que posee un cuerpo para resistir la contracción de un virus que conlleva a una enfermedad.
- Migración: Movimiento de determinada población, que se basa en abandonar un lugar en el espacio por motivos, económicos, sociales, culturales, etc.
- Modelo SIR: Modelo matemático que describe la propagación de cualquier enfermedad infecciosa.
- Oviposición: Acto de depositar o colocar huevos en determinado lugar por un vector.
- Pandemia: Epidemia que traspasa las barreras continentales; epidemia mundial.
- Susceptibles: Población que está expuesta a contraer la enfermedad.
- Infectantes: Población infectada e infectantes, es decir que por medio de ellos la enfermedad se expande.
- Recuperados: Población que se recuperó después de determinado tiempo.