



BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE
PUEBLA

FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICO MATEMÁTICAS

SIMULACIÓN DE UN MODELO SIR EPIDEMIOLÓGICO CON MOVILIDAD
ESPACIAL Y TEMPORAL.

TESIS

PRESENTADA PARA OBTENCIÓN DEL GRADO DE LICENCIADO EN FÍSICA

POR

PEREZ HERNANDEZ PEDRO

ASESORADO POR

DR. JORGE VELÁZQUEZ CASTRO

MAYO DEL 2018

TÍTULO:

SIMULACIÓN DE UN MODELO SIR EPIDEMIOLÓGICO CON MOVILIDAD
ESPACIAL Y TEMPORAL.

ALUMNO: PEREZ HERNANDEZ PEDRO

COMITÉ

PRESIDENTE

M.C. TOLENTINO ESLAVA PEDRO

SECRETARIO

DRA. BONILLA CAPILLA BEATRIZ

VOCAL

DR. ROJAS RODRIGUEZ FERNANDO

VOCAL

DR. ANZO HERNÁNDEZ ANDRES

ASESOR

DR. JORGE VELÁZQUEZ CASTRO

Índice general

	Página
Agradecimientos	7
Dedicatoria	9
Prólogo	11
Introducción	13
1. Modelo Epidemiológico	15
1.1. Modelo SIR con vectores.	15
2. Modelo de movilidad espacio-temporal	19
2.1. ¿Qué es la movilidad poblacional?	19
2.2. Movilidad espacial	20
2.3. Movilidad temporal	25
3. Modelo SIR con vectores y movilidad espacio-temporal	31
4. Resultados y discusión	37
Apéndice A	45
Apéndice B	47
bibliografía	60

Agradecimientos

“Los autores agradecen al Laboratorio Nacional de Supercómputo del Sureste de México (LNS), perteneciente al padrón de laboratorios nacionales CONACYT, por los recursos computacionales, el apoyo y la asistencia técnica brindados, a través del proyecto: Predicción de la propagación del dengue, chikungunya y zika en una red interurbana mediante simulación basada en procesos de Márkov.”

A Biaani por ayudarme con la redacción y la ortografía

Dedicatoria

A quienes sin saber nada de ciencia me han hecho científico: a mi madre y mi abuela.

Prólogo

El objetivo fundamental de los modelos es recrear parte de la realidad, la física está llena de modelos que predicen casi con exactitud fenómenos naturales, por ejemplo la traslación y rotación de los planetas en el sistema solar, el efecto fotoeléctrico, la curvatura de la luz, entre otros.

Cuando uno pasa toda una carrera estudiando estos distintos modelos encuentra fascinante el hecho más brillante que se alberga en ellos que es: como delimitaron las distintas partes del fenómeno para poder definirlo apropiadamente; con esta forma de ver las cosas me gustaría tomar este trabajo esperando que el lector comprenda porqué haré hincapié en las ideas detrás de todo y note que todos los esfuerzos están dirigidos en plasmar enteramente esas ideas en Matemáticas.

Introducción

El dengue es una enfermedad del tipo vírica transmitida por mosquitos que se ha propagado rápidamente en todas las regiones del mundo en los últimos años, especialmente en los trópicos por lo que es un problema que afecta mucho a nuestra región, lo cual recientemente ha despertado el interés en su estudio. Este virus se transmite por mosquitos hembra, principalmente de la especie *Aedes aegypti*, éstos también son responsables de transmitir la fiebre chikungunya, la fiebre amarilla y la infección por el virus de Zika.

Se conocen cuatro serotipos distintos del virus: DEN-1, DEN-2, DEN-3 y DEN-4; cuando una persona se recupera de la infección adquiere inmunidad de por vida contra el serotipo en particular, pero es aquí cuando se presenta el verdadero problema ya que la inmunidad cruzada a los otros serotipos es parcial y temporal. Las infecciones de otros serotipos aumentan el riesgo de padecer el dengue grave.

En las últimas décadas ha aumentado enormemente la incidencia de dengue en el mundo. El número real de casos de dengue no se conoce y muchos casos están mal clasificados por lo que los estudios de esta enfermedad están limitados a estadísticas muy dispersas. Según una estimación reciente, se producen 390 millones de infecciones por dengue cada año, de los cuales un tercio se manifiestan clínicamente lo que ocasiona un problema para su estudio.

Como comentamos anteriormente el vector principal del dengue es el mosquito *Aedes aegypti*, el cual transmite a los seres humanos el virus por la picadura de mosquitos hembra infectadas. Tras un periodo de incubación del virus que dura entre 4 y 10 días, un mosquito infectado puede transmitir el agente patógeno durante toda la vida.

Cuando una persona es infectada, sin importar que sea sintomática o asintomática, pasa a ser portadora y multiplicadora del virus y los mosquitos se infectan al picarla. Tras la aparición de los primeros síntomas, las personas infectadas con el virus pueden transmitir la infección durante 4 o 5 días.

Una de las razones por las cuales el humano está expuesto a esta enfermedad es que el mosquito vive en hábitats urbanos y se reproduce principalmente en recipientes con agua estancada como llantas, tinacos, cubetas etc. Además a diferencia de otros mosquitos, el *Aedes aegypti*, se alimenta durante el día principalmente por la mañana y el atardecer.

Aunque el dengue es una enfermedad que puede afectar a la mayoría de la población, raras veces puede resultar mortal. En los casos donde existen complicaciones potencialmente mortales se les denomina dengue grave, y el cuadro médico que pueden presentar las personas es: cursa con ex-

travasación de plasma, acumulación de líquidos, dificultad respiratoria, hemorragias graves o falla orgánica. Los signos que advierten de esta complicación se presentan entre 3 y 7 días después de los primeros síntomas y hay que brindar atención médica para evitar otras complicaciones y disminuir el riesgo de muerte.

En la actualidad no hay tratamiento específico para el dengue. En caso de dengue grave, la asistencia prestada por médicos y enfermeras que tienen experiencia con los efectos y la evolución de la enfermedad puede salvar vidas y reducir 20 a sólo un deceso, por eso se busca que las personas sepan los síntomas y conozcan las unidades médicas a las cuales pueden asistir.

Hoy por hoy, el único método para controlar o prevenir la transmisión del virus del dengue consiste en luchar contra los mosquitos, por ejemplo: se recomienda evitar que los mosquitos encuentren lugares donde depositar sus huevecillos, ésto logra eliminar correctamente los posibles hábitats, otra muy importante sería cubrir, vaciar y limpiar cada semana los recipientes donde se almacena agua para uso doméstico además, aplicar insecticidas adecuados a los recipientes en que se almacena agua a la intemperie; estas técnicas son las más económicas y oportunas que se pueden tomar tanto por las personas, como por el gobierno, para disminuir el riesgo de una epidemia.

En este trabajo proponemos un método de estudio del comportamiento de la epidemia del dengue, partiendo desde el modelo SIR. El modelo propuesto tiene como base el comportamiento de movilidad de los humanos y se centra en el hecho de que las epidemias las propagamos los humanos.

Capítulo 1

Modelo Epidemiológico

En este capítulo nos centraremos en explicar el modelo epidemiológico que elegimos para una enfermedad transmitida por vectores.

Se denomina a una enfermedad transmitida por vectores cuando no se transmite directamente entre los humanos, sino de una manera humano-vector-humano, por ejemplo el dengue, chikungunya y zika, las cuales son de las enfermedades transmitidas por vectores más importantes en la actualidad cuyo vector principal es el mosquito *Aedes aegypti*.

Para una mejor integración de estos conceptos llamaremos a nuestro objeto de estudio primordial *nodo* el cual representa una localidad en el sentido geográfico. Primero mostraremos como se comporta la propagación del dengue en un nodo y después en el siguiente capítulo como es la propagación en k nodos conectados.

1.1. Modelo SIR con vectores.

En este modelo la población humana incluye personas de todas las edades y sexos, las cuales están divididas en tres subpoblaciones: S_h susceptibles humanos (individuos que pueden ser infectados), I_h humanos infecciosos y R_h removidos humanos, estos subconjuntos no los consideramos constantes con respecto al tiempo aunque la suma sí es constante: N_h total de Humanos en el nodo; del mismo modo los vectores forman dos subpoblaciones: S_v susceptibles vectores y I_v vectores infecciosos.

Cabe aclarar que los mosquitos no se recuperan así la población de mosquitos N_v es el total de vectores en el nodo.

$$N_h = S_h + I_h + R_h \tag{1.1}$$

$$N_v = S_v + I_v \tag{1.2}$$

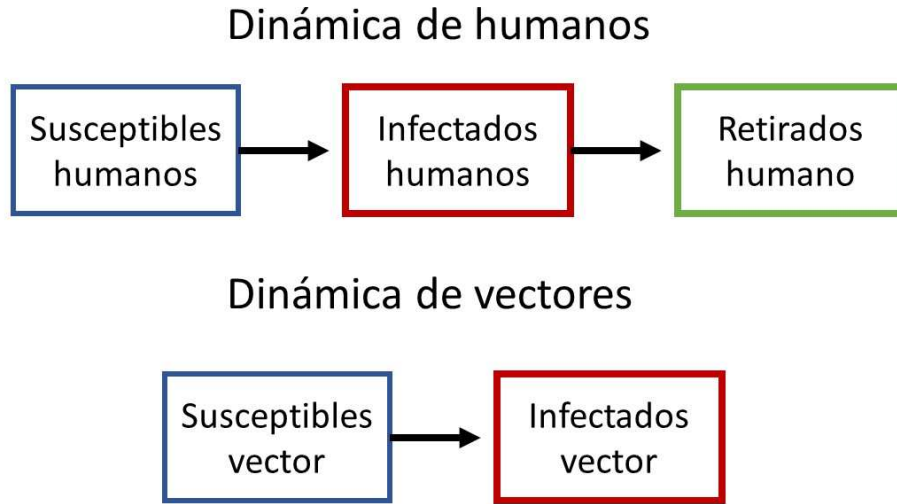


Figura 1.1: Flujo de SIR con vectores

Una propuesta del modelo SIR con vectores es la siguiente:

$$\dot{S}_h = -\beta I_v \frac{S_h}{N_h} \quad (1.3)$$

$$\dot{I}_h = \beta I_v \frac{S_h}{N_h} - \gamma I_h \quad (1.4)$$

$$\dot{R}_h = \gamma I_h \quad (1.5)$$

$$\dot{S}_v = \alpha N_v \left(1 - \frac{N_v}{C}\right) - \beta' S_v \frac{I_h}{N_h} - \mu S_v \quad (1.6)$$

$$\dot{I}_v = \beta' S_v \frac{I_h}{N_h} - \mu I_v \quad (1.7)$$

Esta propuesta se compone de 5 ecuaciones diferenciales que describen como varía en el tiempo cada uno de los subgrupos.

La primera ecuación (ec. 1.3) es la que corresponde al grupo \dot{S}_h humanos susceptibles, la cual está modulada por β que representa la tasa efectiva de picaduras de vectores infecciosos. Ésta a su vez está multiplicada por los vectores infectados βI_v generando el número total de picaduras efectivas por unidad de tiempo, que sólo afectan a la fracción de población humana susceptible $\frac{S_h}{N_h}$. Es debido señalar que \dot{S}_h tiene un comportamiento decreciente, esto se debe a que si un humano es infectado y después se recupera no vuelve a ser vulnerable a el mismo tipo de virus, es decir, generamos inmunidad.

La segunda ecuación (ec. 1.4) corresponde al grupo de los humanos infecciosos I_h en este grupo se encuentran los humanos infectados por vectores que pueden infectar a otros vectores, como primer término tenemos lo mismo que en S_h sólo que con signo positivo, esto significa que todos los que salen del grupo S_h se integran a I_h , después de éste tenemos la resta de γI_h donde γ es la tasa de recuperación en humanos.

La última ecuación que describe a los humanos es \dot{R}_h (ec. 2.5), la cual representa el grupo de los humanos removidos, esta ecuación tiene el último término de I_h , esto se debe a que todas las personas infectadas que se recuperan o mueren, se restan del grupo I_h para pasar a el grupo de los recuperados R_h .

La forma de modelar a los vectores es distinta, para ellos incorporemos la natalidad y mortalidad. La razón es que el tiempo de vida de un mosquito es corto en comparación a la duración de la epidemia. Aunque también depende de muchos factores: la humedad, la temperatura, el sexo del mosquito y la época del año. Los machos suelen vivir tiempos cortos -aproximadamente una semana-, mientras que las hembras sobreviven hasta un mes, pero ya que sólo las hembras pueden transmitir el virus el estudio se centrará sólo en ellas, con estas bases vemos que el primer término de \dot{S}_v (ec. 1.6) corresponde a $-\alpha N_v (1 - \frac{N_v}{C})$ que se traduce a la natalidad de los mosquitos, siendo α la cantidad de huevos puestos por una hembra al día y $\tilde{C} = (1 - \frac{\mu}{\alpha}) C$ es la capacidad de carga efectiva, a esto se le resta el número de vectores infectados por unidad de tiempo $-\beta' S_v \frac{I_h}{N_h}$ por último la resta de μS_v que es la mortalidad de los mosquitos.

La última ecuación (ec. 1.7) corresponde a los vectores infectados, que son los que se encargan de propagar la enfermedad entre los humanos, esta ecuación contiene la cantidad de vectores infectados $\beta' S_v \frac{I_h}{N_h}$ y la mortalidad μI_v .

El valor de los parámetros se muestra en la siguiente tabla, estos valores son aproximados y existen algunos que se proponen por falta de información de ellos.

Cuadro 1.1: Parámetros [11]

Parámetro	Valor	Descripción
β	[0.2, 0.67]	Tasa efectiva de picadura de vectores infecciosos (por día, por mosquito).
β'	[0.2, 0.67]	Tasa efectiva de picadura de vectores susceptibles (por día, por mosquito).
γ	1/7	Tasa de recuperación.
α	5	Número de huevos puestos por mosquitos hembra (por día, por mosquito).
C_i	[100, 1000]	Capacidad de carga de los criaderos de mosquitos hembra adultas.
μ	1/8	Tasa de mortalidad de mosquitos hembra adulto.

Para ejemplificar cualitativamente las soluciones esperadas por un modelo de un sólo nodo, graficámos las soluciones de este modelo tomando los parámetros de la tabla 2.1 donde $\beta = \beta' = 0.65$ y la capacidad de carga $C = 500$ las demás condiciones iniciales son:

$$[S_{h_0}, I_{h_0}, R_{h_0}, S_{v_0}, I_{v_0}] = [1000, 1, 0, \tilde{C}, 0] \quad (1.8)$$

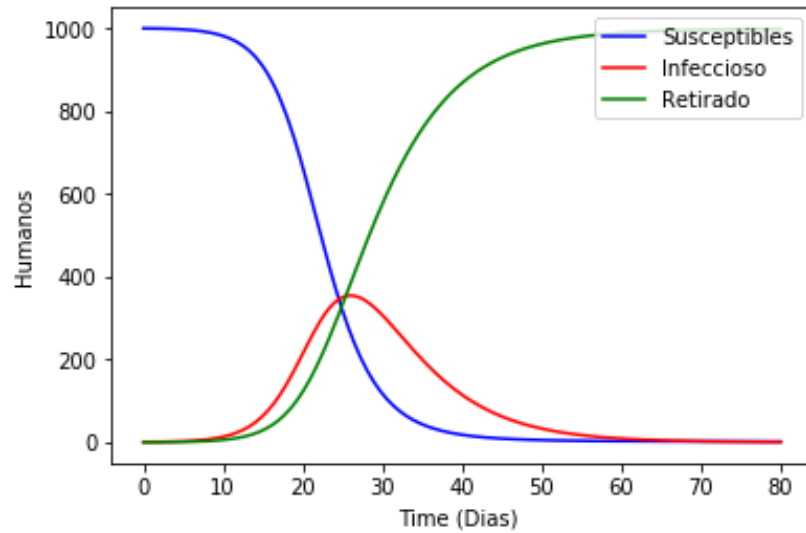


Figura 1.2: Dinámica de los Humanos en un nodo

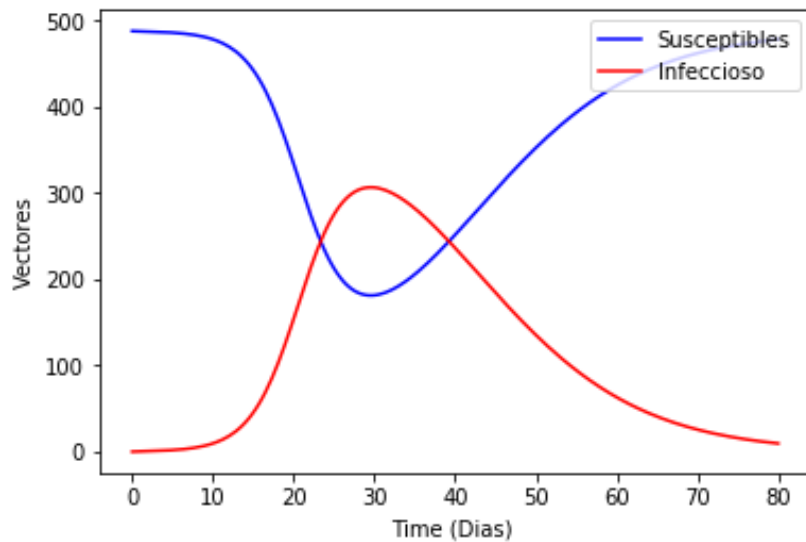


Figura 1.3: Dinámica de los Vectores en un nodo

Capítulo 2

Modelo de movilidad espacio-temporal

En este capítulo nos centraremos en modelar la movilidad espacial de la población, esta se ha distinguido de manera tradicional en dos tipos fundamentales: la migración y la circulación, caracterizándose la primera por una modificación permanente o semi-permanente del lugar de residencia y, la segunda por referirse a desplazamientos cortos, reiterativos o cíclicos. En este trabajo simplificaremos el estudio tomando solo la movilidad circulante, es decir que modelaremos como las personas viajan de una localidad geográfica (nodo) a otra.

2.1. ¿Qué es la movilidad poblacional?

Es necesario enfatizar el significado y el contexto en el cual usaremos la palabra movilidad, de igual forma debemos de explicar a qué nos referimos con un modelo de movilidad. Cuando hablemos de movilidad de un nodo nos vamos a referir a la fracción de población que viaja de una localidad a otra por unidad de tiempo. Por ejemplo la movilidad del nodo i es de 0.3 lo que significa que 3/10 personas viajan fuera de i en una unidad de tiempo, la unidad de tiempo que nos servirá en este estudio será un día, a esto también se le llamará ciclo en algunas ocasiones. Del mismo modo cuando hablemos de la movilidad entre dos nodos, nos referiremos a la fracción de población que viaja de algún nodo a otro. Se debe enfatizar la diferencia entre la movilidad 'de un nodo' y 'entre nodos' la cual puede resultar confusa, la primera se refiere a la fracción de personas que salen del nodo i sin importar su destino y la segunda sólo es la fracción que viaja del nodo a al nodo b . Por último tendremos la movilidad del sistema la cual será la suma de la movilidad de los nodos que componen nuestro sistema, posteriormente se definen apropiadamente estos conceptos.

En el caso del modelo de movilidad poblacional nosotros intentamos calcular los conceptos anteriores para cada nodo y poder caracterizar el sistema, de esta manera podríamos saber cuántas y con que rapidez las personas viajan entre los diferentes nodos.

Al intercambio de pobladores el llamaremos interacción enfatizando que ésta se compone no sólo del número de pobladores intercambiados si no que es necesario saber la rapidez con que se intercambian.

2.2. Movilidad espacial

Como ya habíamos venido manejando llamaremos nodo a una localidad geográfica, a su vez cada nodo está caracterizado por dos de sus coordenadas geográficas: latitud y longitud, con un atributo adicional que es el número de pobladores humanos de dicho nodo, con esta información podemos proponer nuestra distribución de nodos.

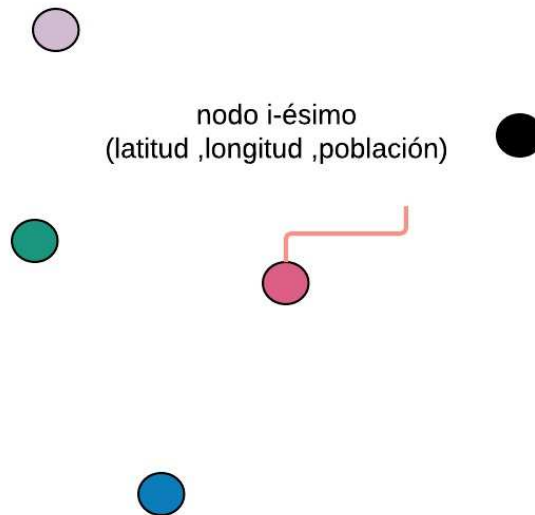


Figura 2.1: ejemplo de distribución de nodos

En este primer acercamiento al modelar la movilidad se han definido poblaciones puntuales, ya que necesitaríamos un estudio más complejo para referirnos a éstas como polígonos.

Ahora daremos las hipótesis que sustentaran el modelo

- *Estudiaremos un sistema cerrado, es decir, la suma del número de pobladores de todos los nodos se mantiene constante.*
- *Los nodos presentan dinámica interna.*
- *Todos los nodos presentan interacción con otros nodos.*

Como antes se había señalado, sólo se tomará en cuenta la movilidad circulante, la cual se define como desplazamientos cortos y cíclicos principalmente, así que podemos proponer que las interacciones sólo se producen de los nodos más próximos.

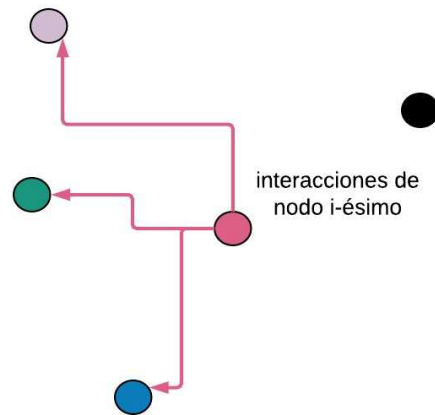


Figura 2.2: ejemplo de movilidad

Con este razonamiento propondremos que los nodos interactúan con sus l vecinos más cercanos, que nos dará como resultado un grafo donde cada nodo tiene l enlaces de salida y dado que el comportamiento que plantea la movilidad circulante puede ser cíclico debemos completar aquellas conexiones faltantes entre nodos para que puedan retornar los visitantes, con esto diremos que cada nodo tiene como mínimo l enlaces.

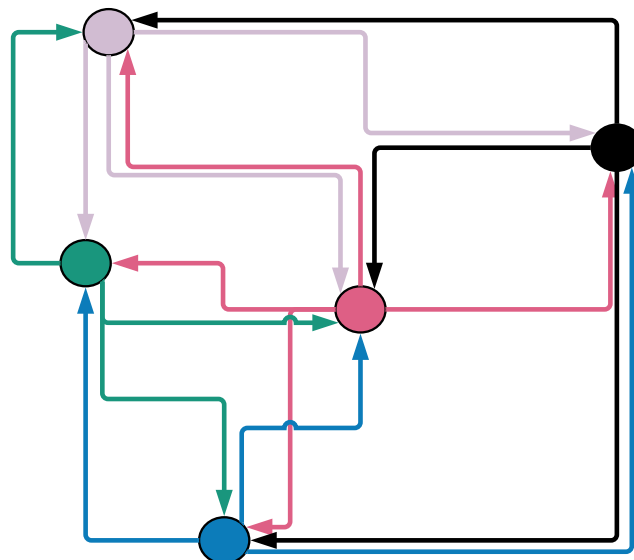


Figura 2.3: Grafo resultante

Entonces tenemos un grafos:

$$S(V, A) \quad (2.1)$$

donde V es el conjunto de nodos y A el de aristas. es decir:

$$V = \{n_1, n_2, \dots, n_k\} \quad (2.2)$$

donde las n_i es el nodo i

$$A \subseteq \{(n_i, n_j) \in V \times V : n_i \neq n_j\} \quad (2.3)$$

Para futuros cálculos definiremos el conjunto In_i como el conjunto que contiene los nodos con los que interactúa el nodo i podemos llamarle conjunto de vecinos:

$$In_i = \{n_j : (n_i, n_j) \in A\} \quad (2.4)$$

También al número de elementos que contenga el conjunto In_i lo definiremos como λ_i . de igual forma definiremos las funciones P y D :

$$P(n_i) = p_i \quad (2.5)$$

$$D(n_i, n_j) = d_{ij} \quad (2.6)$$

Siendo p_i la cantidad de humanos del nodo i y d_{ij} la distancia geográfica entre los nodos i y j .

La conexión representara que dos poblaciones intercambian pobladores, el peso de esta interacción sera la cantidad de pobladores que intercambian en un ciclo.

Para darle peso a las interacciones entre nodos, en la Encuesta Nacional de Movilidad y Transporte [1]. Se muestran las principales razones por las que las personas salen de casa: para ir al trabajo (46.3 %), adquirir un bien o servicio(19.1 %), ir a clases (11.3 %), relacionado con la familia (6.1 %) la salud (4.6 %), entre otras.

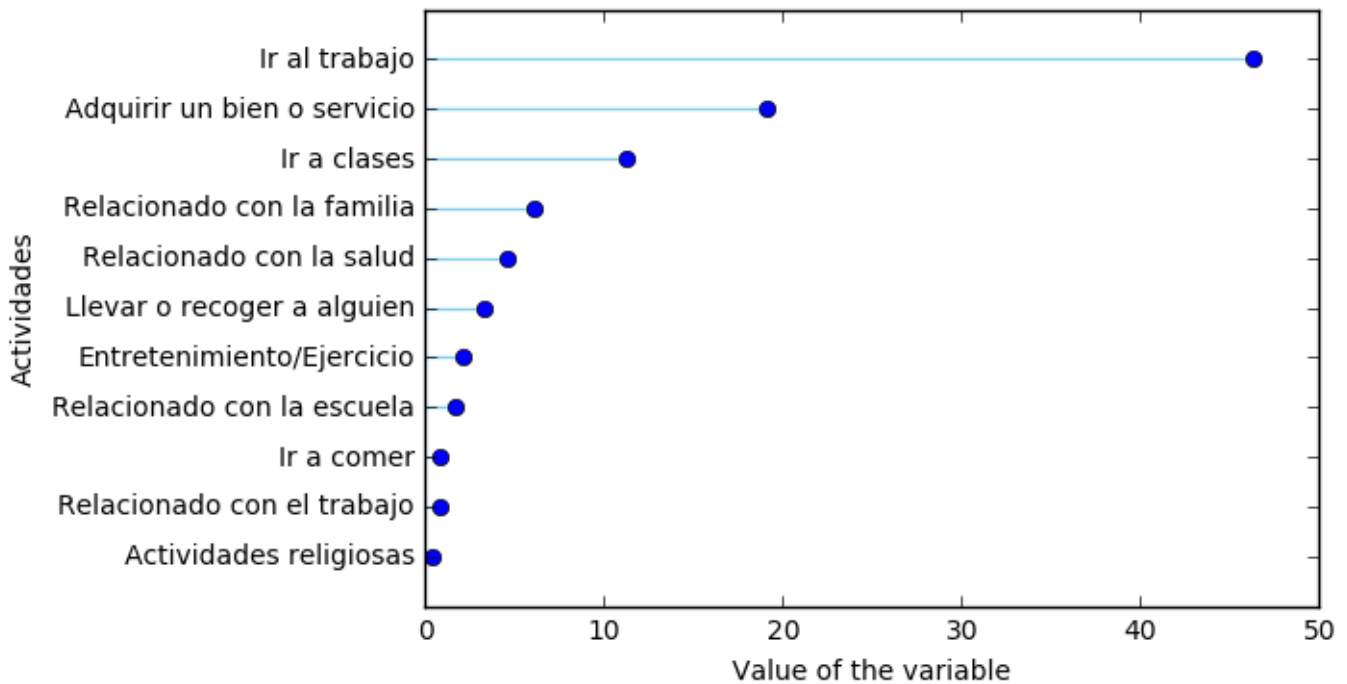


Figura 2.4: Resultados de Encuesta Nacional de Movilidad y Transporte

Los nodos con mayor número de habitantes humanos son más autónomos; donde la autonomía se refiere a que las personas de un nodo autónomo tienen menos razones por las cuales salir del en comparación de aquellas que habitan en un nodo con menor autonomía debido a que hay más fuentes de empleo, servicios o escuelas en los nodos mas poblados. En este trabajo no propondremos una escala para la autonomía sera solo una idea que nos ayudara a a modelar la interacción entre nodos.

Teniendo en mente lo anterior podemos decir ademas que los nodos de menor población presentan dependencia de los nodos más poblados; así que podemos inferir que la dinámica entre nodos tendrá un comportamiento en función de su tamaño, donde los más poblados tienen un índice de interacción menor a comparación de los menos poblados.

Nuestro modelo estará principalmente ajustado para cumplir con la movilidad del sistema que esta denotado por M es la suma de la movilidad de cada nodo que en este caso denotaremos por m_i .

$$M = \sum_V m_i \quad (2.7)$$

La forma que propondremos para calcular los diferentes m_i se basa en la comparación de la cantidad de pobladores entre el nodo i y el promedio de sus interactuantes, el objetivo es comparar que tan grande es el nodo i con respecto a los nodos con lo que interactúa.

$$m_i = \exp\left(\frac{\lambda_i P(n_i)}{\sum_{I n_i} P(n_j)} \zeta\right) \quad (2.8)$$

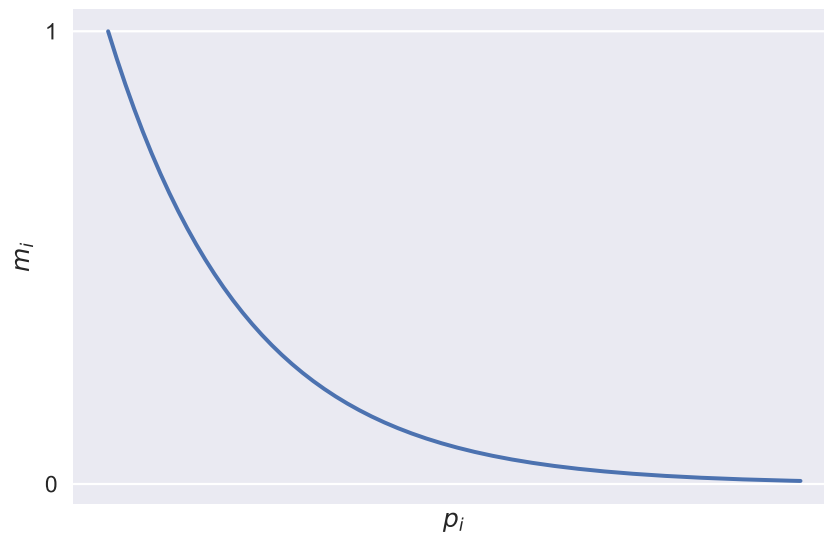


Figura 2.5: Movilidad en función de la $P(n_i)$

Se incluye ζ que es un parámetro que se ajusta para que se cumpla la ecuación correspondiente a M (ec 2.7).

Las razones por las que se utiliza la función exponencial son dos principalmente: la primera es que m_i nunca debe de ser cero y tampoco debe ser mayor a 1 debido a que m_i representa la fracción de su población que sale del nodo en un ciclo, la segunda es que esperamos un decaimiento rápido en la interacción para que no suceda que los nodos con mayor cantidad de población que interactuen con nodos poco poblados sedan mas población que la existente en ese nodo.

La movilidad de un nodo a otro la definimos como m_{ij} donde el primer índice representa el nodo que genera la interacción y el segundo.

$$m_i = \sum_{In_i} m_{ij} \quad (2.9)$$

Nosotros proponemos que aunque en buena medida la movilidad tiene que ver con el tamaño de los nodos, también es importante involucrar a la distancia entre nodos, así que tomamos el conjunto In_i y calculamos para cada nodo su población y la distancia entre n_i y los diferentes n_j , después sumamos el cociente de estas cantidades. Como la suma de los m_{ij} deben de ser igual a m_i proponemos asignarle a cada m_{ij} la parte proporcional de la suma anterior, por ultimo multiplicamos por m_i .

$$m_{ij} = m_i \left(\frac{\frac{P(n_j)}{D(n_i, n_j)}}{\sum_{I n_i} \frac{P(n_k)}{D(n_i, n_k)}} \right) P(n_i) \quad (2.10)$$

Señalemos que m_{ij} tiene como ultimo $P(n_i)$ esto lo haremos por comodidad, y así poder decir que m_{ij} es el número de personas que viajan del nodo i al j en un ciclo. Calculando estos coeficientes para cada nodo sobremos cuantas personas viajan entre nodos en un día, pero aún esta inconcluso este modelo ya que el número de pobladores en un nodo debe mantenerse en un ciclo, cosa que no podrá suceder usando solo la movilidad entre nodos.

2.3. Movilidad temporal

Hasta el momento las interacciones entre nodos harían que algunas poblaciones crecieran y otra desaparecieran con el pasar del tiempo, esto se debe a que en la mayoría de los casos $m_{ij} \neq m_{ji}$.

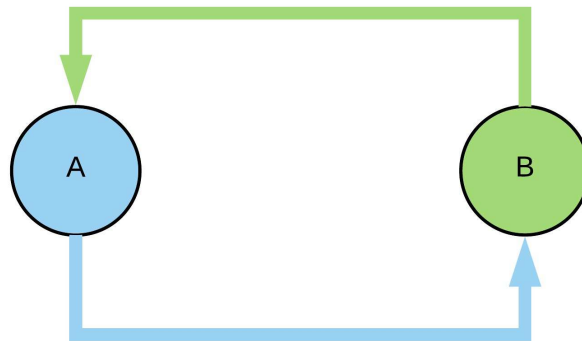


Figura 2.6: interacción entre dos nodos

Para que la población de un nodo se mantenga constante en un ciclo proponemos que las mismas personas que salen de un nodo tienen que regresar a él lo cual concuerda con nuestra propuesta de movilidad cíclica, es decir m_{ij} es la cantidad de personas que pertenecen al nodo i y viajan al j pero también el la misma cantidad de personas que siendo del nodo i están en el nodo j y viajaran del nodo j al i

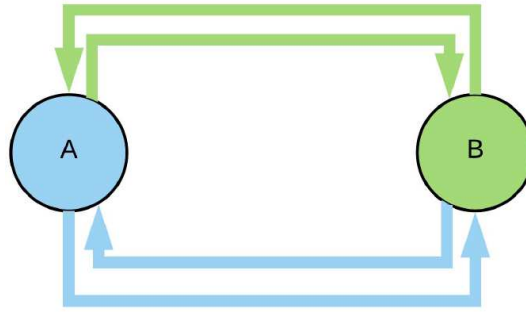


Figura 2.7: interacción entre dos nodos con retorno

Para lograr proponer funciones de comportamiento humano, estudiaremos datos reales de movilidad cotidiana, los cuales fueron recabados por la INEGI en una encuesta llamada: encuesta origen destino en hogares de la zona metropolitana del Valle de México 2017 [5], en la encuesta existen muchos datos interesantes, entre ellos una descripción de las motivaciones por las que las personas viajan y la hora en que lo hacen.

Cuadro 2.1: Movilidad cotidiana

Hora	Total	Ir al trabajo	Ir a la escuela	Regresar al hogar
05:00-05:59	941736	682940	171970	9449
06:00-06:59	2884731	1348701	1152721	49309
07:00-07:59	4479442	1783023	1612490	218244
08:00-08:59	2651478	1411781	165170	562852
09:00-09:59	1541542	689824	71995	282135
10:00-10:59	1459133	384574	47921	335264
11:00-11:59	1359749	193224	37754	532112
12:00-12:59	2529668	184499	143922	1383833
13:00-13:59	3082161	178287	484576	1835849
14:00-14:59	2452278	148029	92518	1800695
15:00-15:59	1621253	97907	45418	1193567
16:00-16:59	1416079	86236	26320	1099171
17:00-17:59	1484568	50868	15940	1215364
18:00-18:59	2470477	44293	11368	2235467
19:00-19:59	1446523	35072	3361	1305310
20:00-20:59	1205686	29699	1359	1110373
21:00-21:59	726837	23079	245	678810

Ésta es una descripción temporal de la movilidad poblacional que nos puede dar una idea de como las personas viajan de un lugar a otro.

Si tomamos la idea de que los viajes efectuados por una persona pueden catalogarse en dos grandes grupos: en el primero se encuentra regresar a casa y en el segundo todos los demás motivos, entonces podemos hacer una descripción de como la gente sale de algún nodo y como regresa a él.

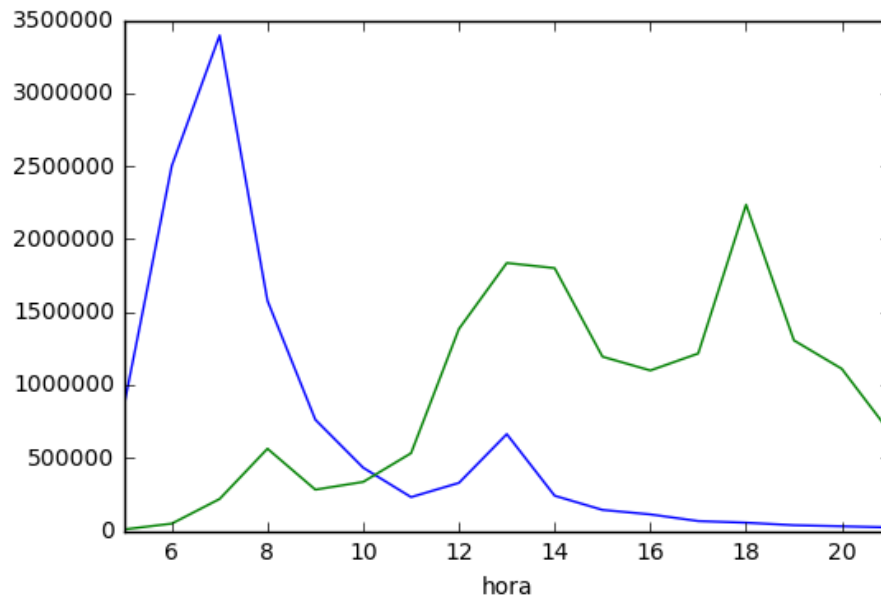


Figura 2.8: Regresar al hogar(verde) vs Trabajo +Escuela(Azul)

Cabe señalar que ésta será una parte importante para poder crear un modelo de movilidad temporal mas completo.

Los requerimientos mínimos serán una descripción de como las personas salen de su nodo y como retornan a él, pues una de las premisas fundamentales que proponemos es que los nodos tienen el mismo comportamiento de movilidad en el sentido cualitativo, por ejemplo que la mayoría va a la escuela a la misma hora o al trabajo, y que la mayoría de las personas regresa al hogar antes de las 11 pm, así que estudiando uno de los nodos podremos extrapolar este comportamiento a todos los demás.

Si proponemos datos para las horas faltantes, ajustamos los puntos a una función y normalizamos las funciones resultantes, éstas nos podrán servir como las funciones de dinámica temporal y tendrían todo el perfil de lo que estamos buscando. Para ajustar los datos usaremos interpolación con splines cúbicos la cual se explica en el apéndice A .

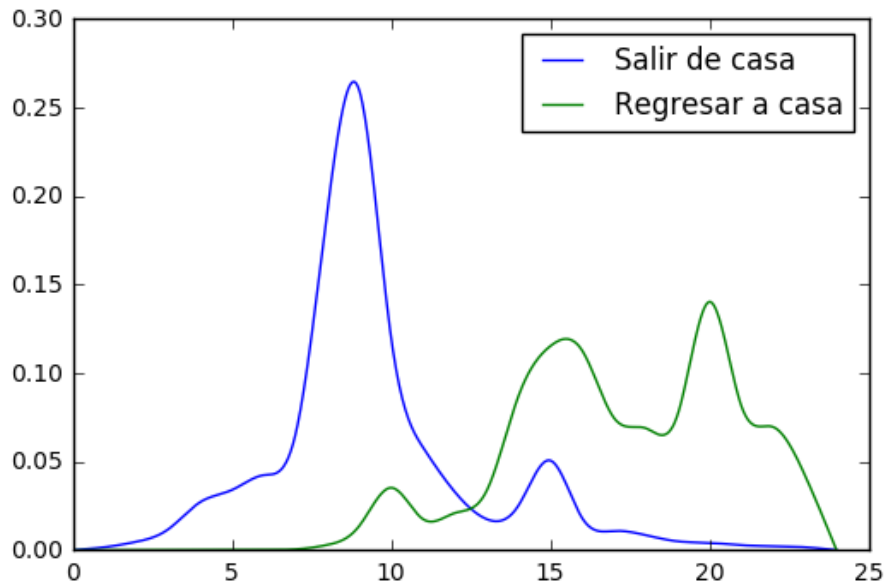


Figura 2.9: Regresar al hogar vs Trabajo +Escuela con ajuste

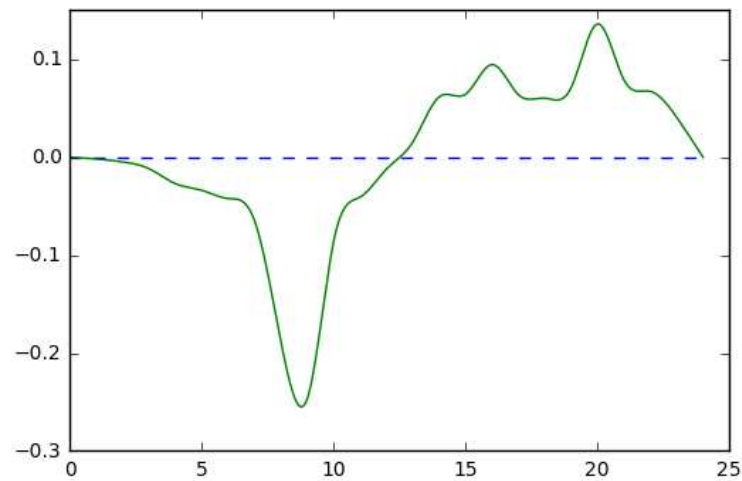
Al usar el método de cúbico natural obtuvimos como resultado dos funciones compuestas de cierto número de polinomios de grado 3, esta función tiene una forma larga que no puede ser usada con agilidad en los cálculos, así que las llamaremos función de entrada(E) y salida(S), las cuales multiplicadas por m_{ij} nos darán el flujo de personas que salen y entran del nodo i en función del tiempo, este flujo lo denotaremos por f_{ij} .

$$f_{ij}(t) = E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij} \quad (2.11)$$

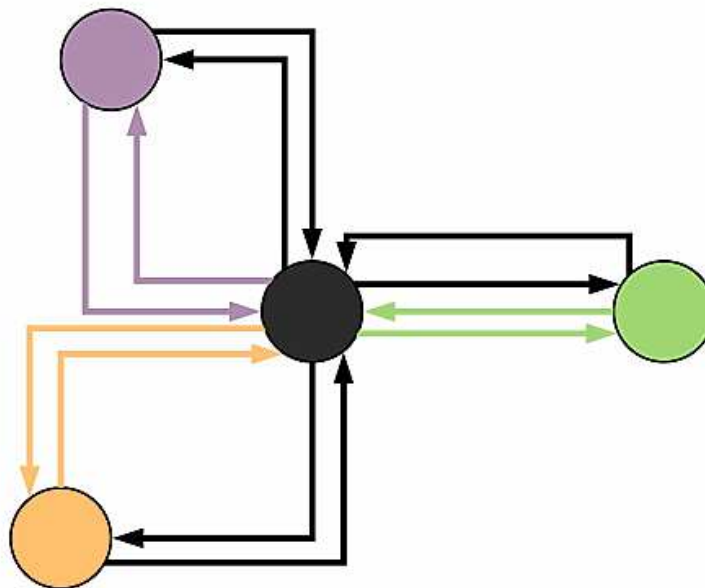
Es bueno no confundir las $S(T)$ no tiene que ver con los susceptibles del modelo SIR.

Esta función f_{ij} debe de cumplir algunas condiciones por ejemplo que la integral en un ciclo sea cero, donde un ciclo representa un día, y dado que ambas funciones $E(t)$ y $S(t)$ están normalizadas podemos asegurar que se cumple:

$$\int_C f_{ij}(t) \cdot dt = 0 \quad (2.12)$$

Figura 2.10: $E(t) - S(t)$ en un ciclo

Con todo lo antes dicho llegamos a un grafo que se verían de la siguiente manera:

Figura 2.11: interacciones sobre el nodo i de color negro

Por último sumaremos todos los diferentes flujos sobre el nodo i lo cual denotaremos por $F_i(t)$ y así llegamos a la expresión del flujo total sobre el nodo i , que tendrá la siguiente forma:

$$F_i(t) = \sum_{In_i} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij} - E(t)m_{ji} + S(t)m_{ji}) \quad (2.13)$$

$F_i(t)$ es la suma de las personas que entran y salen de i . Para cada nodo nosotros tenemos 4 términos, que corresponden a las interacciones entre un par de nodos. Si definimos al número de

habitantes del nodo i como N_{hi} , tendremos ya la ecuación que modelará el cambio de la población del nodo i en el tiempo.

$$\dot{N}_{hi} = F_i(t) \tag{2.14}$$

Capítulo 3

Modelo SIR con vectores y movilidad espacio-temporal

Ahora combinamos los dos capítulos anteriores para obtener una herramienta capaz de dar una predicción de la propagación de un virus transmitido por vectores en una red de nodos. Para esto se propondrá una red de k nodos que interconectamos con el modelo de movilidad propuesto en el capítulo 1, y en cada uno de los nodos realizaremos el estudio de la propagación local de alguna enfermedad transmitida por vectores como en el capítulo 2.

Sabiendo que los vectores no pueden viajar más que unos metros desde su lugar de nacimiento, es razonable pensar que ellos sólo son responsables de la infección de pobladores humanos que vivan o visiten su nodo. esto nos lleva a proponer que el humano es el verdadero responsable de propagar la enfermedad a gran escala, con esta idea uniremos los dos modelos anteriores. Para lograr la unión de los dos modelos propondremos que el flujo de personas se compone de tres subflujos: susceptibles, infectados, removidos de esta manera creamos el vinculo entre los dos modelos.

Si tomamos la ecuación (ec. 2.12) que representa el flujo de personas:

$$F_i(t) = \sum_{I_{n_i}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij} - E(t)m_{ji} + S(t)m_{ji})$$

y proponemos que este se divide en tres subflujos:

$$FS_{hi}(t) = \sum_{I_{n_i}} \left[\frac{S_{hi}}{N_{hi}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij}) - \frac{S_{hj}}{N_{hj}} (E(t)m_{ji} - S(t)m_{ji}) \right] \quad (3.1)$$

$$FI_{hi}(t) = \sum_{I_{n_i}} \left[\frac{I_{hi}}{N_{hi}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij}) - \frac{I_{hj}}{N_{hj}} (E(t)m_{ji} - S(t)m_{ji}) \right] \quad (3.2)$$

$$FR_{hi}(t) = \sum_{I_{n_i}} \left[\frac{R_{hi}}{N_{hi}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij}) - \frac{R_{hj}}{N_{hj}} (E(t)m_{ji} - S(t)m_{ji}) \right] \quad (3.3)$$

Donde:

$$F_i(t) = FS_{ih}(t) + FI_{ih}(t) + FR_{ih}(t) \quad (3.4)$$

Esta nueva forma de ver el flujo de las personas nos permitirá acoplar esta idea a nuestro modelo SIR con vectores, sólo modificaremos las primeras 3 ecuaciones (ecs. 2.3, 2.4, 2.5) que son las correspondientes a los humanos sanos, infectados y retirados.

$$\dot{S}_{hi} = -\beta_i I_{vi} \frac{S_{hi}}{N_{hi}} + FS_{hi}(t) \quad (3.5)$$

$$\dot{I}_{hi} = \beta_i I_{vi} \frac{S_{hi}}{N_{hi}} - \gamma_i I_{hi} + FI_{hi}(t) \quad (3.6)$$

$$\dot{R}_{hi} = \gamma_i I_{hi} + FR_{hi}(t) \quad (3.7)$$

$$\dot{S}_{vi} = \alpha_i N_{vi} \left(1 - \frac{N_{vi}}{C_i}\right) - \beta'_i S_{vi} \frac{I_{hi}}{N_{hi}} - \mu_i S_{vi} \quad (3.8)$$

$$\dot{I}_{vi} = \beta'_i S_{vi} \frac{I_{hi}}{N_{hi}} - \mu_i I_{vi} \quad (3.9)$$

La resolución de este modelo es compleja, ya que debemos de resolver las 5 ecuaciones diferenciales anteriores para cada uno de los k nodos teniendo entonces $5k$ ecuaciones, así que para la solución recurrimos a herramientas computacionales, en especial el lenguaje de programación python, en el apéndice A explicamos la implementación de él API creada para modelar y obtener los resultados de este trabajo.

Para tener una idea del comportamiento cualitativo del modelo daremos un ejemplo:

Proponemos las mismas condiciones iniciales del ejemplo anterior:

$$[S_{h_0}, I_{h_0}, R_{h_0}, S_{v_0}, I_{v_0}] = [1000, 1, 0, \tilde{C}, 0]$$

La distribución constará de 6 nodos con una movilidad $M = 0.3$.

En el cuadro 3.1 mostramos las características de la distribución de nodos propuesta y en el cuadro 3.2 calculamos In_i para todos los i que representan el conjunto de los índices de los nodos con los que interactúa el nodo i .

Cuadro 3.1: Características de los nodos

Nodo	Longitud	Latitud	Población
0	975611	194752	130
1	975752	194552	233
2	975526	194847	166
3	975306	194707	103
4	975531	194717	83
5	975541	194456	285

Cuadro 3.2: In_i

Nodo	In_i
0	[1, 2, 3, 4, 5]
1	[0, 4, 5]
2	[0, 3, 4]
3	[0, 2, 4]
4	[0, 1, 2, 3, 5]
5	[0, 1, 4]

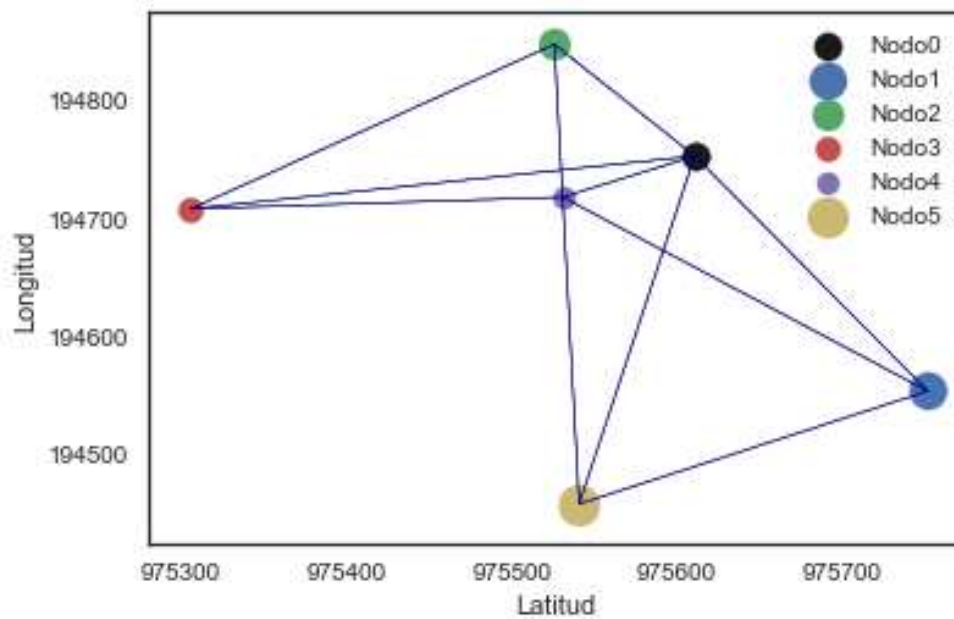


Figura 3.1: Distribución de nodos

La descripción temporal de la movilidad también corresponde a la antes propuesta, así que sólo nos queda implementar el modelo SIR con vectores para k nodos, como comentamos al principio de este capítulo, tomaremos las mismas condiciones iniciales del ejemplo anterior, aunque con una sutil diferencia, al momento de la implementación las condiciones iniciales del sistema deben de ser la suma de las condiciones de cada nodo:

$$\left[\sum_{i=0}^5 S_{hi_0}, \sum_{i=0}^5 I_{hi_0}, \sum_{i=0}^5 R_{hi_0}, \sum_{i=0}^5 S_{vi_0}, \sum_{i=0}^5 I_{vi_0} \right] = [1000, 1, 0, \tilde{C}, 0]$$

además C_i es el mismo para todos los nodos $\frac{C}{k}$ y el infectado 0 se encuentra en el nodo 0.

Las siguientes gráficas corresponden las soluciones de cada ecuación en los diferentes nodos.

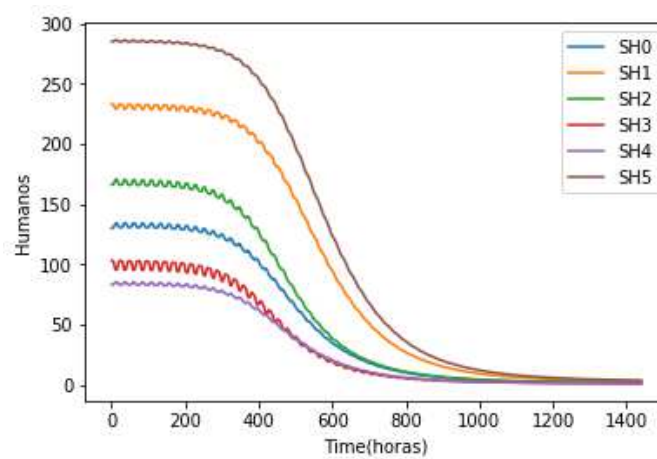


Figura 3.2: Dinámica de los Humanos susceptibles por nodo

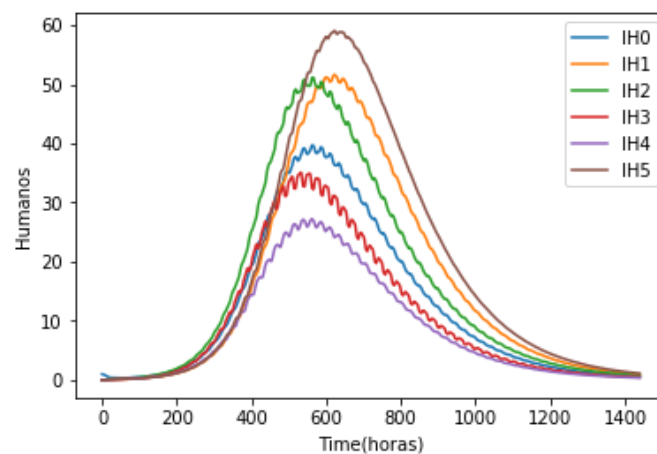


Figura 3.3: Dinámica de los Humanos infectados por nodo

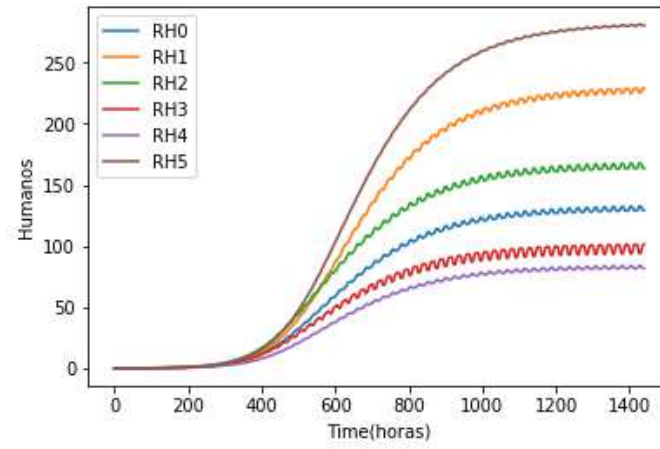


Figura 3.4: Dinámica de los Humanos removidos por nodo

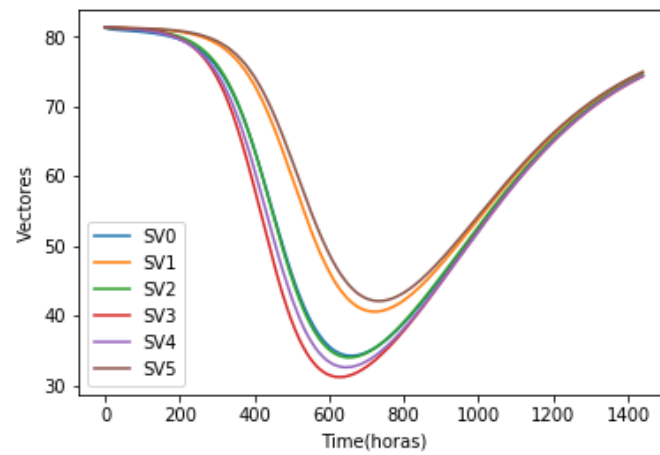


Figura 3.5: Dinámica de los Vectores susceptibles por nodo

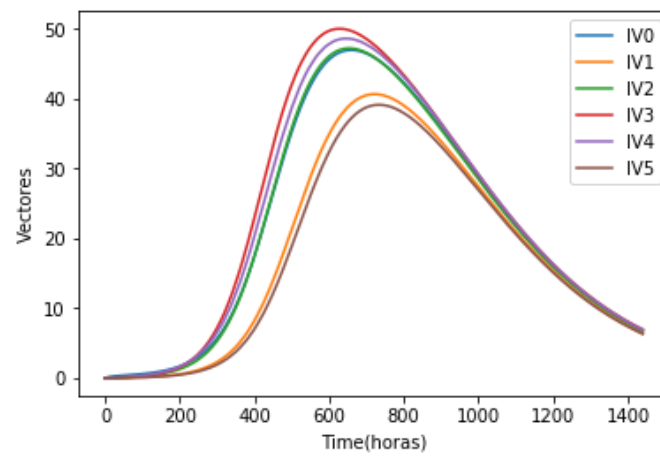


Figura 3.6: Dinámica de los Vectores infectados por nodo

El comportamiento global de la red lo podemos gráficar como la suma de los comportamientos locales, ésto lo podemos notar en las figuras 3.7 y 3.8.

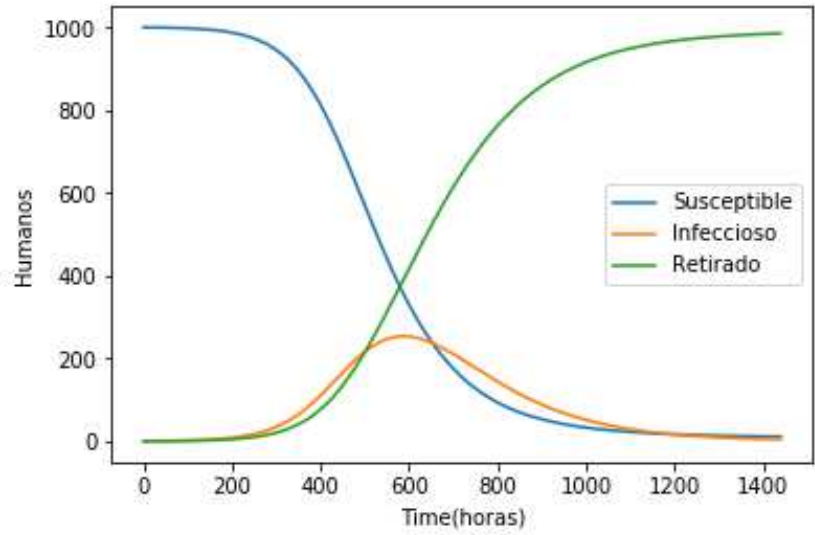


Figura 3.7: Dinámica global de los Humanos

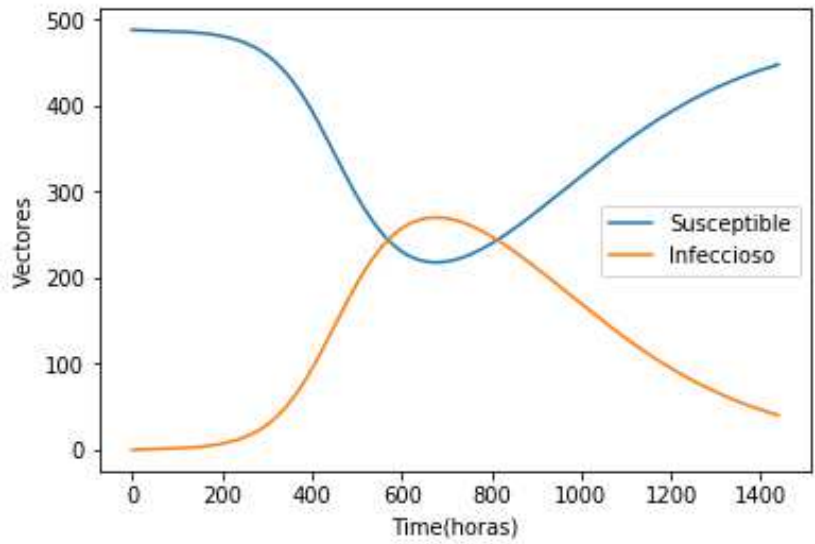


Figura 3.8: Dinámica global de los Vectores

Capítulo 4

Resultados y discusión

Para este capítulo plantearemos los distintos resultados y discutiremos su importancia así como sus alcances.

En el capítulo 1 planteamos un modelo sin movilidad el cual se semeja al comportamiento de un solo nodo, después propusimos una distribución de nodos que sumando las condiciones iniciales de cada uno coincidieran con las del primer modelo, de esta forma obtuvimos las siguientes gráficas.

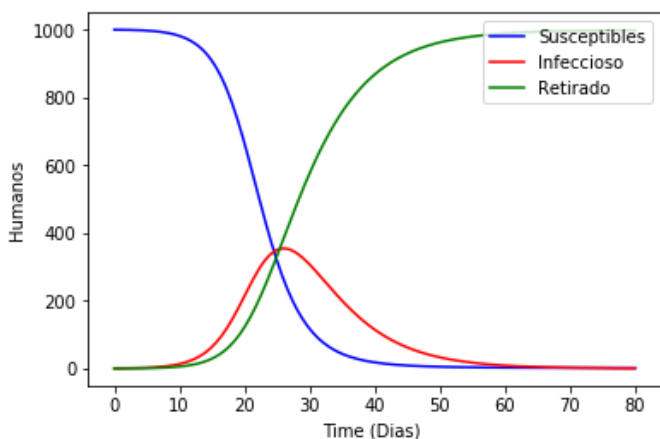


Figura 4.1: SIR sin movilidad

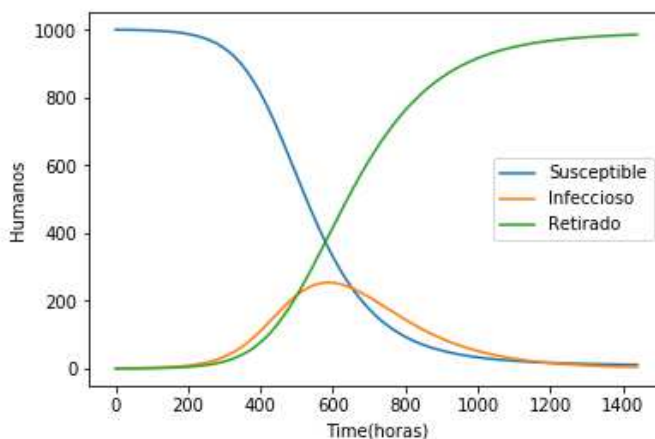


Figura 4.2: SIR con movilidad

Como podemos notar en ambos casos tenemos dinámicas semejantes, pero ya que sabemos que ambos modelos describen lo mismo esto no debería de sorprendernos. Así que aunque no son tan exorbitantes las diferencias entre ambas gráficas estas nos podrían sugerir resultados importantes y es por eso que nos centraremos específicamente en ellas.

- Los tiempos de duración de la epidemia son distintos, mientras que sin movilidad tarda alrededor de 60 días en concluir con movilidad tarda solo 50 días esto sin duda alguna es un cambio significativo.
- Los máximos de la curva de infectados cambia, en el modelo sin movilidad tenemos el máximo aproximadamente en 370, mientras que con movilidad lo tenemos al rededor de 250.
- El crecimiento de la curva de infectados así como el decrecimiento son mas rápidos en el caso sin movilidad

Estos cambios son significativos para nuestro análisis, ya que el pico de la curva de infectados esta relacionado con el número de enfermos simultáneos, lo cual preocupa a los hospitales y clínicas, mientras mas personas estén infectadas al mismo tiempo menor atención recibirán y mayor es el riesgo de muerte, de igual forma el acortamiento del tiempo de duración de la enfermedad eleva la cantidad de enfermos simultáneos.

Las siguientes gráficas pertenecen a los vectores, podemos ver que también sufren un cambio, aunque para nuestro análisis no les prestaremos tanta importancia como en el caso de las pertenecientes a los humanos, podemos notar que en el caso del modelo con movilidad la curva de infectados es menor que en el caso sin movilidad, esto va ligado directamente con los humanos infectados.

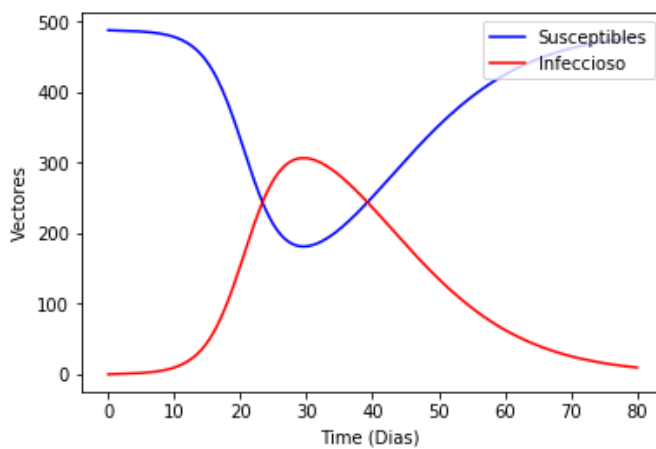


Figura 4.3: SIR sin movilidad

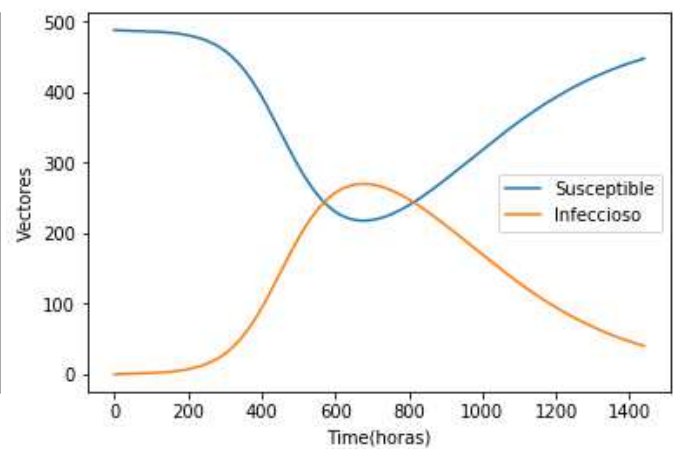


Figura 4.4: SIR con movilidad

Lo siguiente que haremos en esta sección será examinar como un sistema depende tanto de su movilidad M como del nodo inicial de la epidemia. Para esto propondremos una distribución de nodos mayor a las anteriores, esta constará de 22 nodos con un total de 7849 humanos. Los parámetros a usar para este modelo se muestran en la tabla 4.1 también en este caso tendremos las gráficas de la modelacion sin movilidad.

Con todo lo antes planteado se espera:

- Que a mayor movilidad el sistema se comience a comportar como el modelo sin movilidad.
- Que el comportamiento varíe en cuanto al nodo inicial es decir, un nodo mas céntrico propaga la enfermedad mas rápido.
- Que a mayor movilidad exista una frontera entre un modelo y el otro.

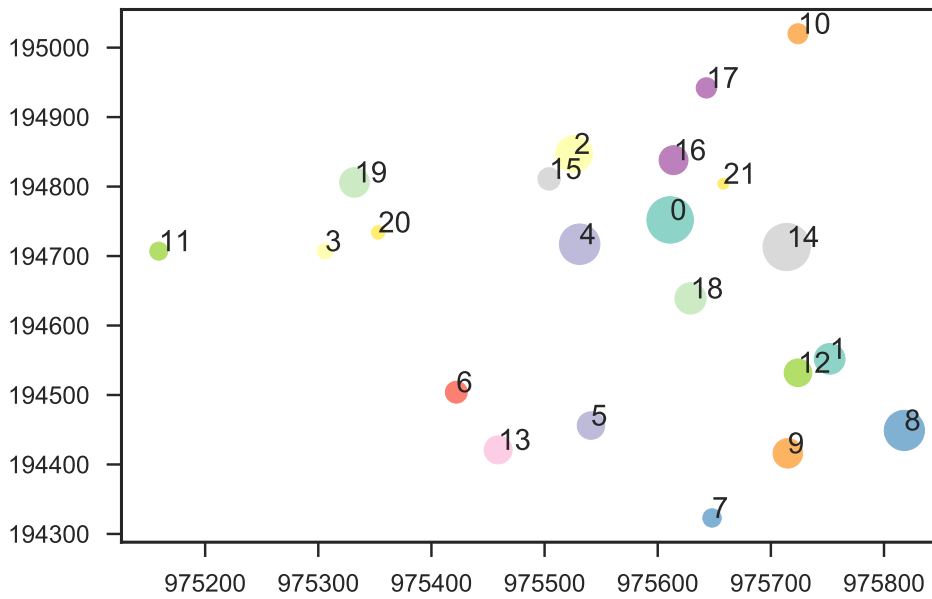


Figura 4.5: Distribución de nodos

Cuadro 4.1: Parámetros

Parámetro	Valor
β	0.67
β'	0.67
γ	1/7
α	5
C_i	1833
μ	1/8

Las gráficas siguientes corresponden a la simulación sin usar movilidad. Estas simulaciones podrían ser vistas como si todos los nodos estuvieran concentrados en un mismo lugar, con esta idea buscaremos la frontera entre ambos modelos.

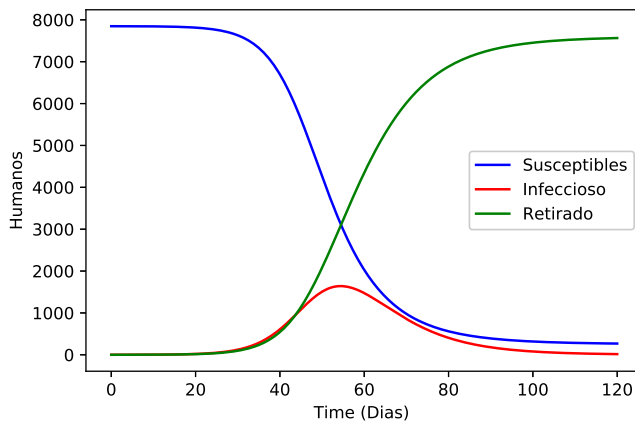


Figura 4.6: SIR sin movilidad

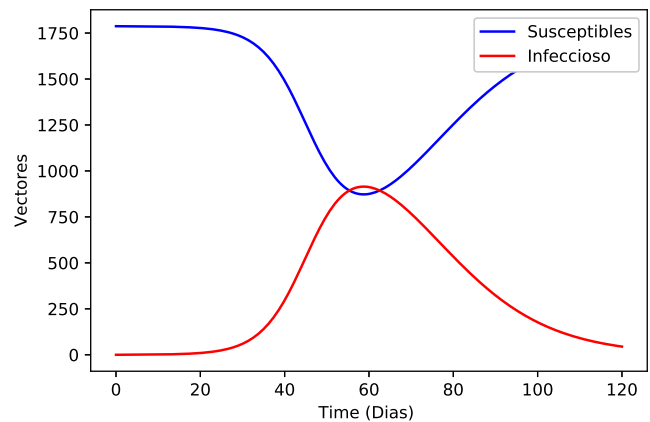


Figura 4.7: SIR sin movilidad

Las siguientes gráficas corresponden a la simulación del modelo con movilidad donde el brote lo proponemos en el nodo 0 y además variamos la movilidad, desde .1 hasta 1, con esto esperamos ver que a mayor movilidad el modelo comience a comportarse como un SIR sin movilidad, además la elección del nodo 0 se debe a que es un nodo céntrico y por ende esperamos que propague la enfermedad más rápido.

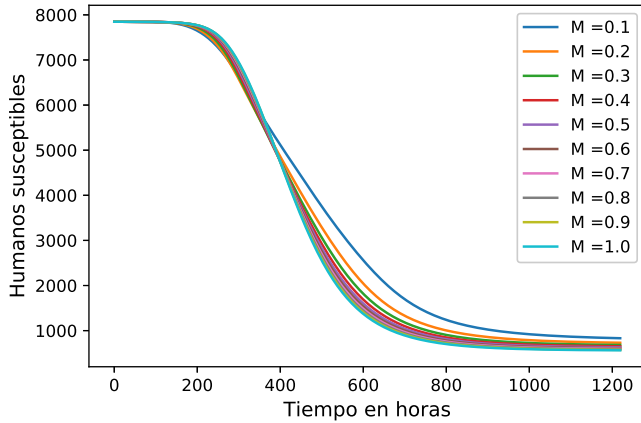


Figura 4.8: brote nodo 0

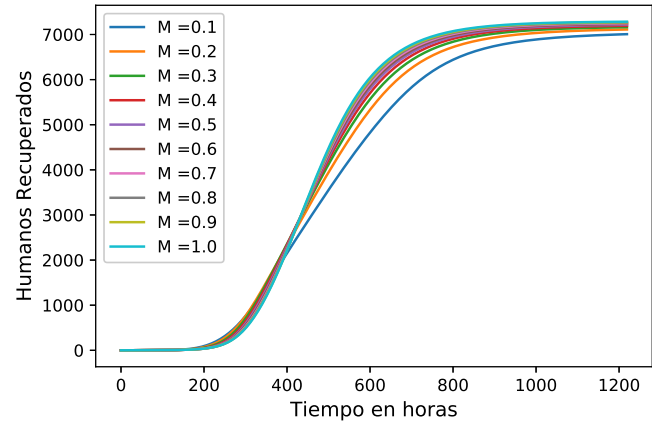


Figura 4.9: brote nodo 0

Podemos notar que a movilidades bajas [.1, .3] las curvas tienen un comportamiento distinto a la mayoría, mientras que las curvas con movilidad muy alta se semejan mas a un SIR sin movilidad.

Las siguientes gráficas corresponden a los infectados, también agregamos una tabla con los máximos de cada una de las curvas.

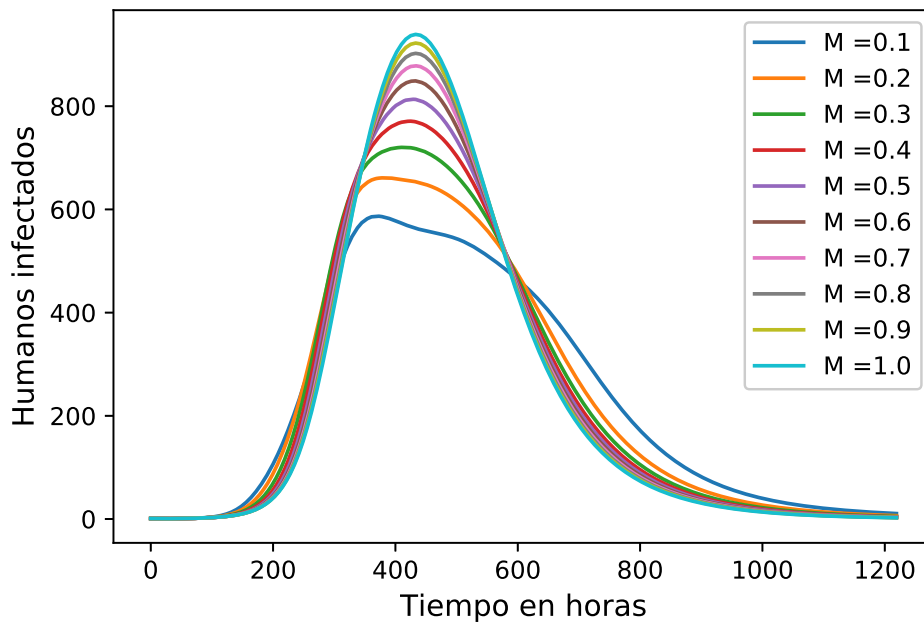


Figura 4.10: brote nodo 0

Cuadro 4.2: Picos de infectados

M	Máximo
0.1	587.0
0.2	661.4
0.3	720.4
0.4	771.1
0.5	813.5
0.6	849.2
0.7	878.5
0.8	902.5
0.9	922.4
1.0	939.2

En este caso si tenemos un cambio significativo en la forma de la curva con menor movilidad, de igual forma tenemos un cambio de casi 250 entre picos, un indicador claro de la dependencia entre la movilidad y el comportamiento del sistema. Ahora si notamos que a movilidades altas las curvas tienen la forma de un SIR sin movilidad aunque los picos no son tan altos como en ese caso.

Las siguientes gráficas corresponden a la dinámica de los vectores, estas también sufren cambios en función a la movilidad, como ya habíamos comentado estas curvas están ligadas estrechamente con las de humanos infectados es por eso que también tiene cambios significativos a movibilidades pequeñas.

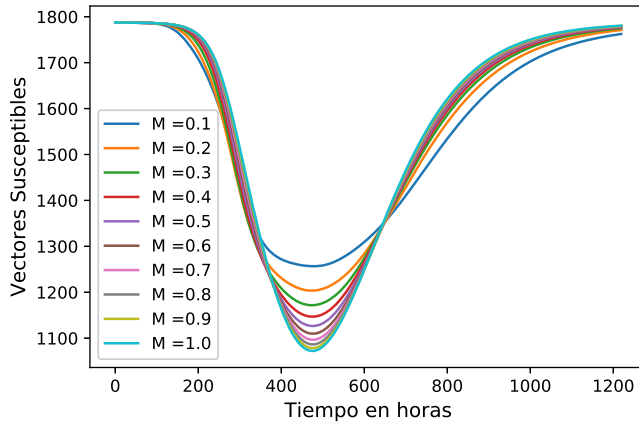


Figura 4.11: Brote nodo 0

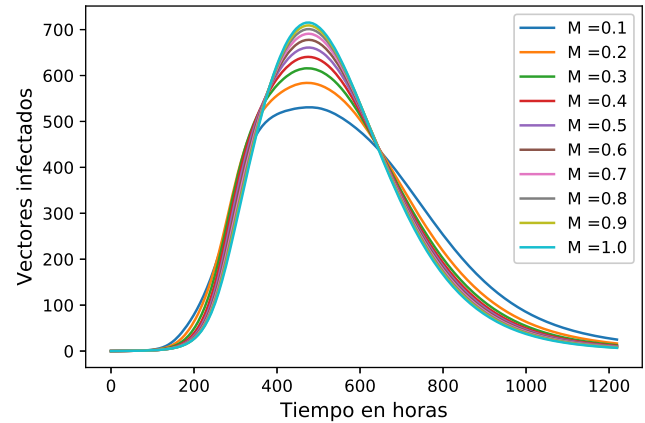


Figura 4.12: Brote nodo 0

Las siguientes gráficas corresponden a el misma modelo con un brote distinto pero con los mismos parámetros, en este caso tomamos un nodo alejado en la distribución, el nodos tomado es el 10, esto se toma para hacer la comparativa entre las condiciones iniciales espaciales y el comportamiento del sistema.

Podemos notar el un comportamiento muy similar a la otra simulación

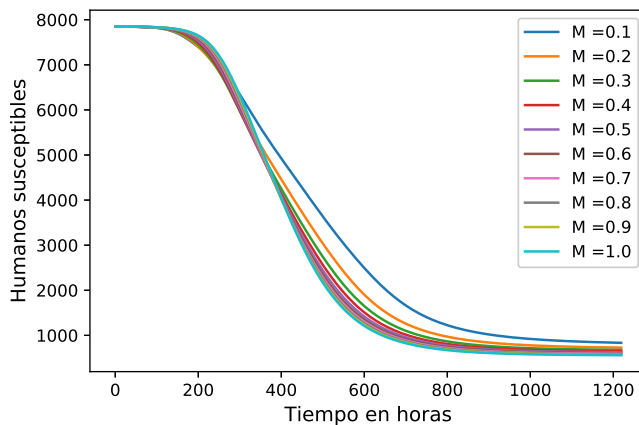


Figura 4.13: Brote nodo 10

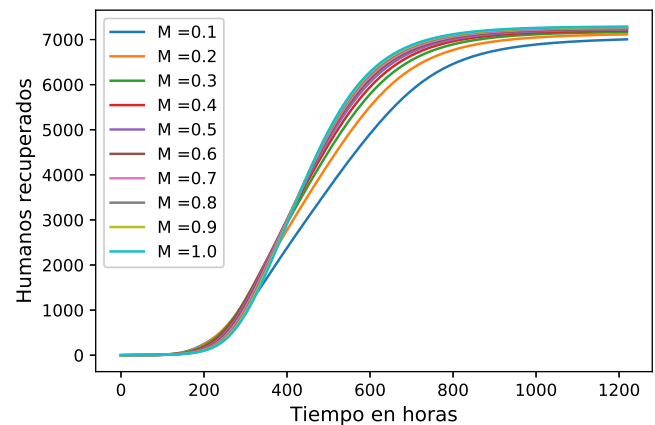


Figura 4.14: Brote nodo 10

en las siguientes curvas podemos notar los cambio, ademas de que los picos son menores a la simulación anterior, también tenemos un cambio en la forma de la gráfica correspondiente a $M = .1$

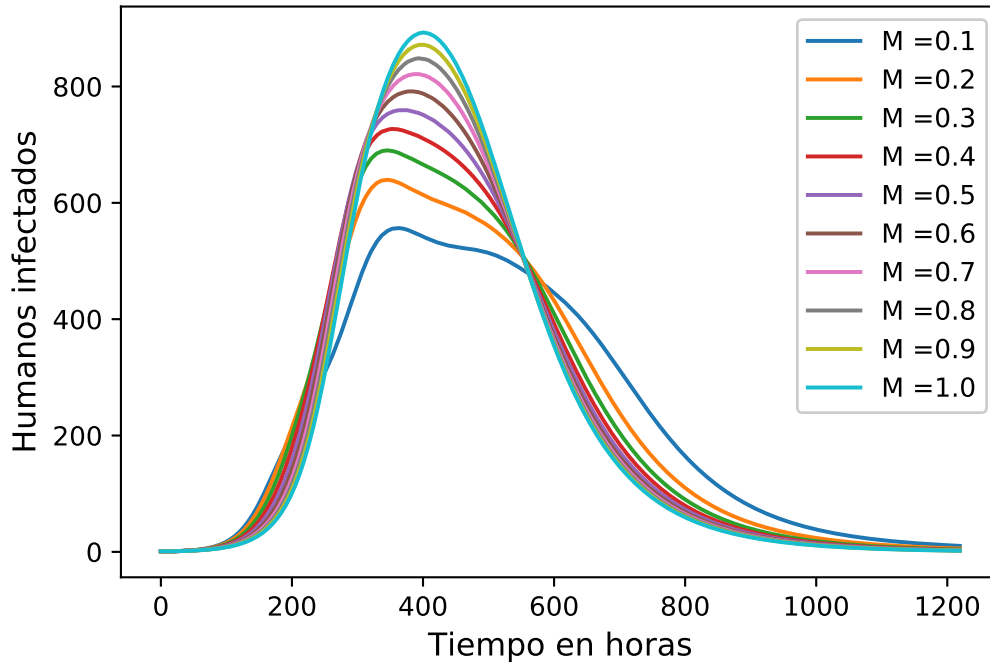


Figura 4.15: Brote nodo 10

Cuadro 4.3: Tabla grande

M	Máximo
0.1	556.8
0.2	639.8
0.3	690.4
0.4	727.0
0.5	759.7
0.6	791.6
0.7	821.6
0.8	848.4
0.9	872.1
1.0	892.8

Ya con estas gráficas podríamos advertir un cambio en los comportamientos del sistema en funcion de las condiciones espaciales podriamos decir que estas no tienen tanta sensibilidad como lo tiene la movilidad. Por ultimo tenemos las gráficas correspondientes a los vectores.

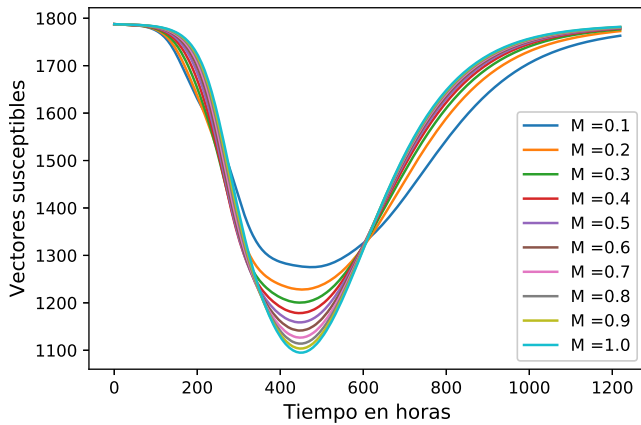


Figura 4.16: Brote nodo 10

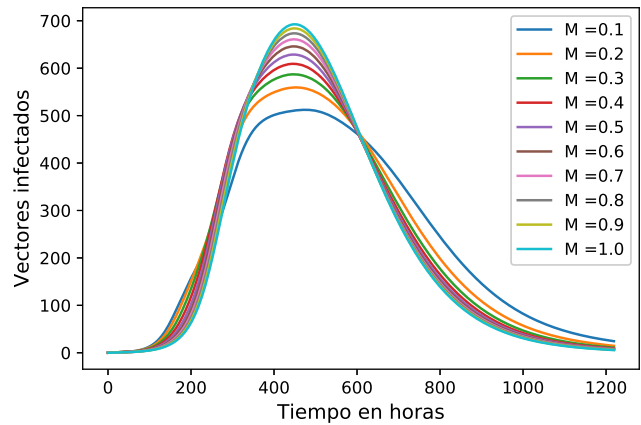


Figura 4.17: Brote nodo 10

Por ultimo trataremos la comparación entre modelos, aprovechamos estas gráficas para poder analizar diferentes resultados. Las primeras gráficas corresponden al el modelo con una población de 1000 humanos sin movilidad a la izquierda y con movilidad de .3 en 9 nodos a la derecha, las segundas gráficas, corresponden a el modelo con 7849 humanos sin movilidad a la izquierda y

con movilidad de .3 en 22 nodos a la derecha en este caso también se graficaron los dos caso de condiciones iniciales distintos en el nodo 0 y 10

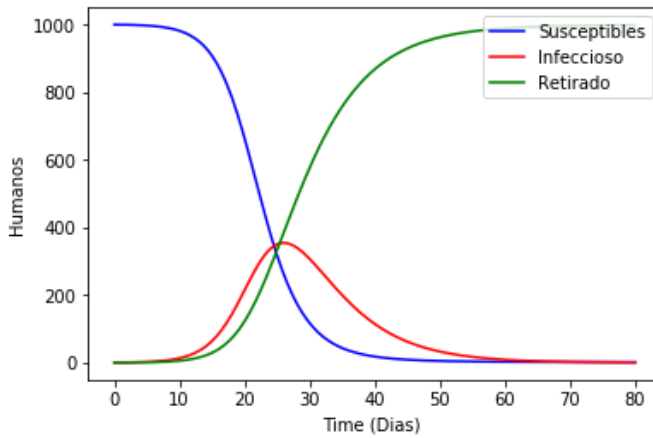


Figura 4.18: SIR sin movilidad

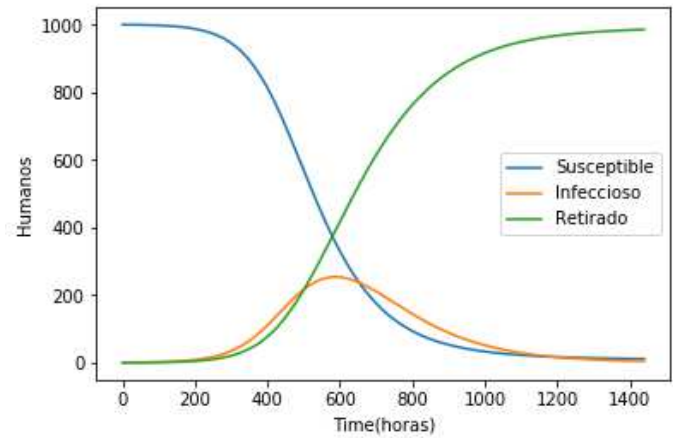


Figura 4.19: SIR con movilidad de .3

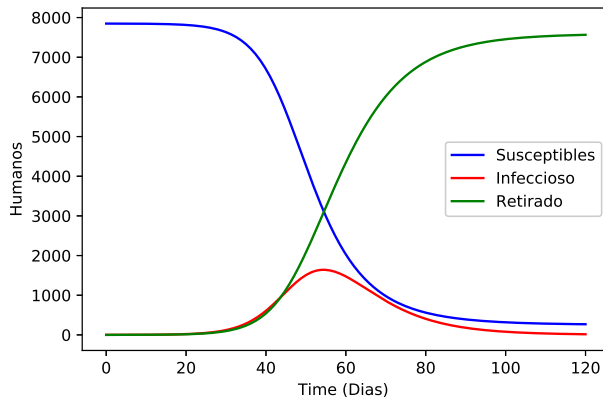


Figura 4.20: SIR sin movilidad

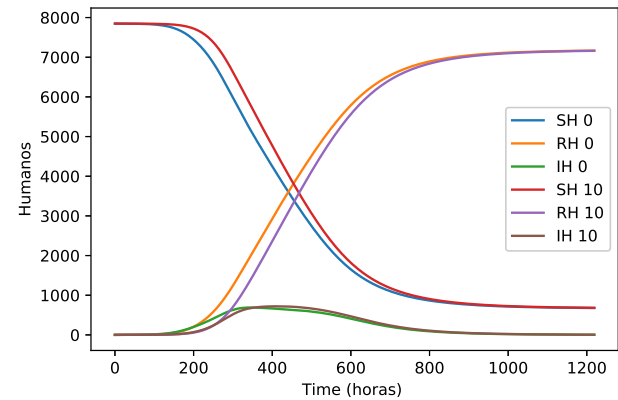


Figura 4.21: SIR con movilidad de .3

Lo primero a recalcar es la sensibilidad de condiciones iniciales espaciales del modelo con movilidad, esto se puede notar en la gráfica 4.21 en el caso con movilidad igual a .3 tenemos una diferencia de máximos de aproximadamente 30 puntos que bien podría ser despreciable en este caso pero que sin duda alguna podría llegar a ser mayor y jugar un papel importante en el comportamiento si tenemos distribuciones con nodos muy dispersos.

De las cosas más notables podemos rescatar el cambio enorme que sufre la duración de la epidemia mientras que en el primer par de gráficas la diferencia de tiempos es de solo 10 días en el segundo par tenemos una diferencia de 80 días, mientras la primera dura alrededor de 120 días la segunda dura 42 días, recalcare que se tomaron los mismos parámetros para ambos modelos, esto sin duda alguna es un cambio muy significativo que no solo es cuantitativo, ya que la curva de infectados toma una forma más plana y alargada con no solo un pico. Si nosotros sumamos los dos últimos resultados tendremos un cambio más que significativo que no solo pone en duda la utilidad del primer modelo con poblaciones grandes si no también advierte que no podría haber una una

transición entre ambos modelos, con todo esto podríamos proponer que si queremos modelar la propagación de epidemias a gran escala es imprescindible generar redes como mínimo.

Por ultimo se observa que en los primeros modelos las gráficas no dejan humanos sin infectar, pero observando en las dos últimas existe una fracciones de población que no fueron afectadas por la epidemia comienza a hacer interesante preguntarse a que se debe esto, por el momento solo explicaremos que en el caso del modelo con movilidad con brote en el nodo 10 tenemos 677 no infectados y con brote en el nodo 0 682 no infectados esto es mayor que en el caso sin movilidad donde solo 310 fueron no infectados. Esto es un buen indicio de la utilidad del modelo con movilidad, ya que sabemos que en la realidad las epidemias de dengue no infectan poblaciones completas mas bien es atacada una pequeña fracción de esta.

conclusiones

- Existe aun una brecha entre un modelo y otro.
- La propagación de la epidemia es proporcional a la movilidad.
- La condiciones iniciales espaciales afecta la dinámica del modelo.
- La cantidad de nodos influye en el comportamiento del sistema.

Por último me gustaría externar la pregunta que nace al terminar este trabajo, ¿Es quizá la escala con la que exponemos el problema y el modo en que lo hacemos lo que no nos deja mirar bien el fenómeno?

Apéndice A

Interpolación con splines cúbicos

Para obtener curvas suaves suele utilizarse splines cúbicos de clase 2, es decir dada una partición:

$$P = \{a = x_0 < x_1 < \dots < x_n = b\} \quad (4.1)$$

Interpolamos con funciones de clase 2 que restringidas a los intervalos $[x_i, x_{i+1}]$ son polinomios de grado 3.

Si llamamos $s_i(x)$ a la restricción del spline $s(x)$ al intervalo $[x_i, x_{i+1}]$, $i = 0, 1, \dots, n - 1$, entonces:

$$s_i(x) = a_i + b_i x + c_i x^2 + d_i x^3, \quad i = 0, 1, \dots, n - 1 \quad (4.2)$$

Por lo que tenemos $4n$ incógnitas a determinar.

Por otra parte, el spline tiene que cumplir las siguientes condiciones:

- condiciones de interpolación:

$$s_i(x_i) = f(x_i), \quad i = 0, 1, \dots, n - 1, \quad s_{n-1}(x_n) = f(x_n). \quad (4.3)$$

- condiciones de continuidad (en nodos interiores):

$$s_i(x_{i+1}) = s_{i+1}(x_{i+1}), \quad i = 0, 1, \dots, n - 2. \quad (4.4)$$

- condiciones de suavidad (en nodos interiores):

$$s_i'(x_{i+1}) = s_{i+1}'(x_{i+1}), \quad i = 0, 1, \dots, n - 2. \quad (4.5)$$

$$s_i(x_i) = s_{i+1}(x_i), \quad i = 0, 1, \dots, n-2. \quad (4.6)$$

Observemos que se obtienen en total $4n - 2$ ecuaciones, lo que significa que para determinar el spline $s(x)$ de forma única necesitamos imponer 2 condiciones adicionales, dichas condiciones suelen imponerse sobre los extremos del intervalo siendo las más habituales para spline cúbico natural.

$$s_0(a) = 0, \quad s_0''(b) = 0 \quad (4.7)$$

Apéndice B

Untitled

May 11, 2018

1 Manejo del API Movilidad y SIR con vectores

1.1 1– importaremos las librerías necesarias

```
In [1]: #librerías generales
import matplotlib.pyplot as plt
%matplotlib inline
import seaborn as sns
sns.set()
import numpy as np
import json
import pandas as pd
```

```
In [2]: # librerías API
import Movilidad as md
import SIR_NV as sir
```

1.2 2– Importaremos los datos necesario para el análisis de la movilidad

Para el análisis de la movilidad necesitamos una descripción de la distribución, en este ejemplo tenemos una base de datos sin etiquetas que contiene latitud, longitud, y población, además número de nodo se le asignará según su posición en la base. En el trabajo $V = \{n_1, n_2, \dots, n_k\}$ es el conjunto de nodos, y $P(n_i) = p_i$ la función que genera el número de pobladores del nodo n_i

```
In [3]: fil = 'data.csv'
datos = np.genfromtxt(fil, delimiter = ',')
datos # las primera dos columnas corresponden a las coordenadas y la última a la población
```

```
Out[3]: array([[9.75611e+05, 1.94752e+05, 9.01000e+02],
 [9.75752e+05, 1.94552e+05, 3.93000e+02],
 [9.75526e+05, 1.94847e+05, 5.66000e+02],
 [9.75306e+05, 1.94707e+05, 1.03000e+02],
 [9.75531e+05, 1.94717e+05, 6.83000e+02],
 [9.75541e+05, 1.94456e+05, 3.15000e+02],
 [9.75422e+05, 1.94504e+05, 2.00000e+02],
 [9.75648e+05, 1.94323e+05, 1.41000e+02],
 [9.75818e+05, 1.94449e+05, 6.75000e+02],
 [9.75715e+05, 1.94416e+05, 3.63000e+02],
```



```
[9.75724e+05, 1.95020e+05, 1.67000e+02],
[9.75159e+05, 1.94707e+05, 1.36000e+02],
[9.75724e+05, 1.94532e+05, 3.19000e+02],
[9.75459e+05, 1.94421e+05, 3.27000e+02],
[9.75714e+05, 1.94713e+05, 9.30000e+02],
[9.75504e+05, 1.94811e+05, 2.09000e+02],
[9.75614e+05, 1.94838e+05, 3.48000e+02],
[9.75643e+05, 1.94942e+05, 1.72000e+02],
[9.75629e+05, 1.94639e+05, 4.07000e+02],
[9.75332e+05, 1.94806e+05, 3.67000e+02],
[9.75353e+05, 1.94734e+05, 7.60000e+01],
[9.75658e+05, 1.94804e+05, 5.00000e+01]])
```

guardamos los datos en variables para hacer el analisis mas versatil

```
In [4]: pob = datos[:,2] #
        coor = datos[:,0:2] #lat,log
```

1.3 3– Calcular los λ nodos mas cercanos

Recordemos que despues de calcular los λ nodos mas cercanos debemos de completar las interacciones asi que tenemos al final λ minimo es decir las interacciones minimas permitidas para cada nodo. Ademas In esta definido en el tradajo como $In_i = \{n_j : (n_i, n_j) \in A\}$ donde $A \subseteq \{(n_i, n_j) \in V \times V : n_i \neq n_j\}$ que son todas las pocibles tublas del conjunto V explayendo bucles

```
In [5]: lambda_min = 3
        v_In = md.dis(coor, lambda_min)
        v_In
```

```
Out[5]: array([array([ 2,  4, 14, 16, 18, 21]), array([ 8,  9, 12]),
              array([16,  0, 15]), array([11, 19, 20,  6]), array([ 0, 18, 15]),
              array([13,  6,  7]), array([ 5,  3, 13]), array([ 8,  9, 13,  5]),
              array([ 9, 12,  1,  7]), array([ 8,  1, 12,  7]),
              array([16, 17, 21]), array([19,  3, 20]), array([8,  1,  9]),
              array([5,  6,  7]), array([ 0, 18, 21]), array([ 2,  4, 16, 19, 20]),
              array([ 0,  2, 10, 15, 17, 21]), array([16, 10, 21]),
              array([ 0,  4, 14]), array([11,  3, 20, 15]),
              array([19, 11,  3, 15]), array([ 0, 10, 14, 16, 17])], dtype=object)
```

En este arreglo se encuentran las listas de interacciones entre nodos, lo podemos interpretar lo facilmente de la siguiente formas

```
In [6]: v_In[0]
```

```
Out[6]: array([ 2,  4, 14, 16, 18, 21])
```

el nodo 0 interactua con el conjunto $In_0 = \{2,4,14,16,18,21\}$

1.4 4– Calcular las interacciones entre nodos

La siguiente funcion a usar engloba muchas ecuaciones propuestas en el trabajo, con la funcion `v_coef` tendremos una relacion de las interacciones entre los nodos, este arreglo tiene la misma forma que `v_In`, y para mejor manejo definimos despues una funcion muy comoda que es analoga a m_{ij} . Primero proponemos la movilidad M :

$$M = \sum_V \exp \left(\frac{\lambda_i P(n_i)}{\sum_{In_i} P(n_j)} \zeta \right)$$

donde se definio m_i como:

$$m_i = \exp \left(\frac{\lambda_i P(n_i)}{\sum_{In_i} P(n_j)} \zeta \right)$$

donde m_{ij}

$$m_{ij} = P(n_i) m_i \left(\frac{\frac{P(n_j)}{D(n_i, n_j)}}{\sum_{In_i} \frac{P(n_k)}{D(n_i, n_k)}} \right)$$

```
In [7]: M = .3
        v_coef = md.coef(pob, v_In , coor, M)
        m_ij = md.coef_uni(v_coef, v_In, pob)
```

esta funcion necesita dos argumentos y devuelve un valor entonces $m_{ij}(0,1) = m_{01}$, esta funcion regresa un error si no existe tal interaccion entre nodos.

```
In [8]: m_ij(0,2) #Flujo de personas del nodo 0 al nodo 2
```

```
Out[8]: 17.187406457927064
```

```
In [9]: m_ij(0,1) # estos nodos no interactuan
```

```
-----
IndexError                                Traceback (most recent call last)

<ipython-input-9-3ab9890c7ba1> in <module>()
----> 1 m_ij(0,1) # estos nodos no interactuan

~\Documents\API_1\Movilidad.py in i_j(i, j)
    75     def i_j(i,j):
    76         i_p = i
----> 77         j_p = np.where(v_int[i] == j)[0][0]
    78         return v_coef[i][j_p]*pob[i]
    79     return i_j
```

```
IndexError: index 0 is out of bounds for axis 0 with size 0
```

1.5 4– Descripción temporal

Para esta parte necesitamos tener una descripción de la movilidad en el tiempo, esta será el argumento de la función `splines` que retornará otra función que nos da un flujo normalizado en un ciclo que está en función del tiempo, el método que se usa para crear tal función es: interpolación con splines cúbicos, estas funciones que crearemos serán las de entrada y salida propuestas en el texto.

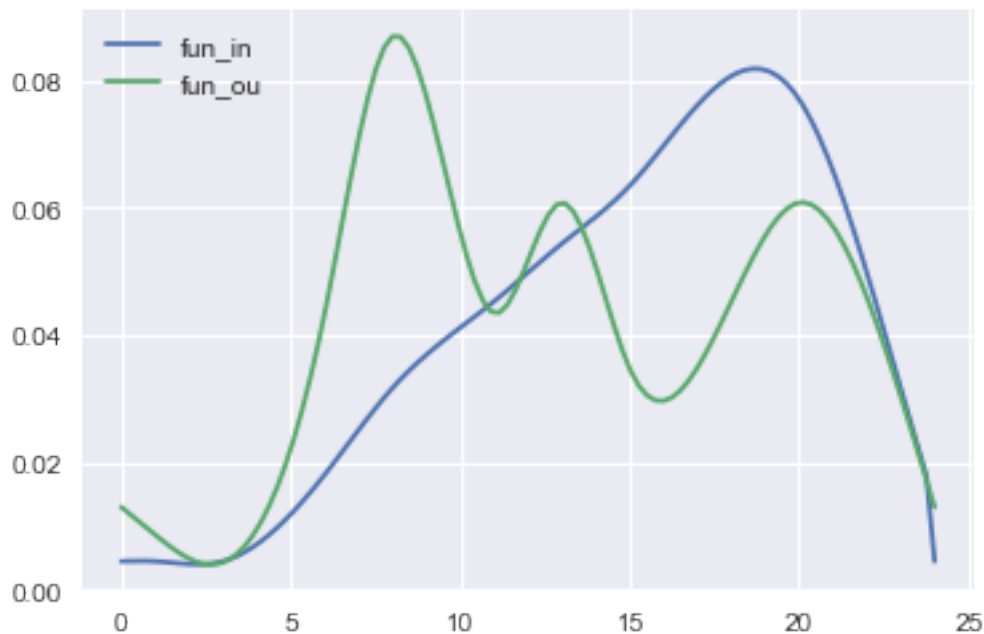
```
In [10]: horas1 = [0.0,1.0,3.0,6.0,8.0,11.0,13.0,15.0,20.0,23.0,24.0]
         flujo_entrada = [1.0,1.0,1.0,4.0,7.0,10.0,12.0,14.0,17.0,7.0,3.0]
         fun_in = md.splines(horas1,flujo_entrada)
```

```
In [11]: horas2 = [0.0,1.0,3.0,6.0,8.0,11.0,13.0,15.0,20.0,23.0,24.0]
         flujo_salida = [3.0,2.0,1.0,10.0,20.0,10.0,14.0,8.0,14.0,7.0,3.0]
         fun_ou = md.splines(horas2,flujo_salida)
```

entonces en analogía al trabajo $fun_in = E(t)$ y $fun_ou = S(t)$

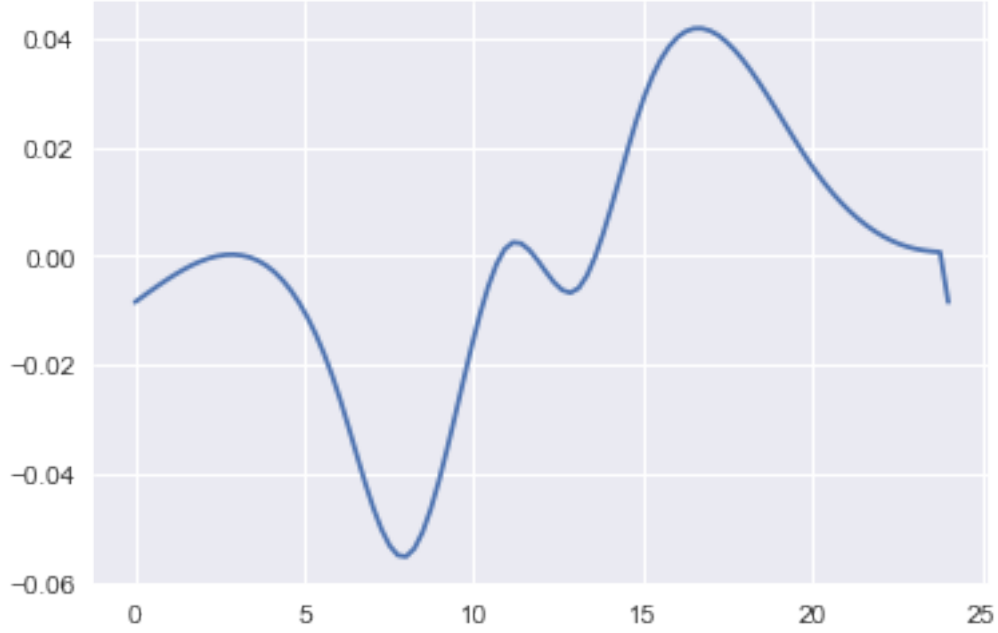
```
In [12]: x = np.linspace(0,24,100)
         yi = np.asarray([fun_in(i) for i in x])
         yo = np.asarray([fun_ou(i) for i in x])
         plt.plot(x,yi,label = 'fun_in')
         plt.plot(x,yo,label = 'fun_ou')
         plt.legend()
```

```
Out[12]: <matplotlib.legend.Legend at 0x1311fb72d30>
```



```
In [13]: plt.plot(x,yi-yo,label = 'Flujo total')
```

Out[13]: [<matplotlib.lines.Line2D at 0x1311fad5470>]



Estas funciones nos ayudaran en la definicion del modelo SIR con movilida

1.6 5– Modelo SIR con vectores y dinamica de movilidad espacio-temporal

La parte mas importante de este modelo se encuentra en el planteamiento de las ecuaciones diferenciales, las ecuaciones que nosotros resolvemos en este API son:

$$\dot{S}_{hi} = -\beta_i I_{vi} \frac{S_{hi}}{N_{hi}} + FS_{hi}(t) \quad (1)$$

$$\dot{I}_{hi} = \beta_i I_{vi} \frac{S_{hi}}{N_{hi}} - \gamma_i I_{hi} + FI_{hi}(t) \quad (2)$$

$$\dot{R}_{hi} = \gamma_i I_{hi} + FR_{hi}(t) \quad (3)$$

$$\dot{S}_{vi} = -\alpha_i N_{vi} \left(1 - \frac{N_{vi}}{C_i}\right) - \beta'_i S_{vi} \frac{I_{hi}}{N_{hi}} - \mu_i S_{vi} \quad (4)$$

$$\dot{I}_{vi} = \beta'_i S_{vi} \frac{I_{hi}}{N_{hi}} - \mu_i I_{vi} \quad (5)$$

donde $FS_{hi}(t)$, $FI_{hi}(t)$, $FR_{hi}(t)$ estan definidas como:

$$FS_{hi}(t) = \sum_{In_i} \left[\frac{S_{hi}}{N_{hi}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij}) - \frac{S_{hj}}{N_{hj}} (E(t)m_{ji} - S(t)m_{ji}) \right] \quad (6)$$

$$FI_{hi}(t) = \sum_{In_i} \left[\frac{I_{hi}}{N_{hi}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij}) - \frac{I_{hj}}{N_{hj}} (E(t)m_{ji} - S(t)m_{ji}) \right] \quad (7)$$

$$FR_{hi}(t) = \sum_{In_i} \left[\frac{R_{hi}}{N_{hi}} (E(t)m_{ij} - S(t)m_{ij}) - \frac{R_{hj}}{N_{hj}} (E(t)m_{ji} - S(t)m_{ji}) \right] \quad (8)$$

que se encuentran computadas en el Paquete SIR_NV.py en la función sir_n

```
In [14]: def sir_n(y,t,param,v_int):
    red = np.array([])
    for i ,v in enumerate(v_int):
        Sh = y[i*5] # Suseptibles
        Ih = y[i*5+1] # Infectados
        Rh = y[i*5+2] # Recuperados
        Sv = y[i*5+3] # suseptibles vectores
        Iv = y[i*5+4] # Infectados vectores

        Nh = Sh + Ih + Rh #total poblacion
        Nv = Sv + Iv

        beta1 = param[i*6]
        gamma = param[i*6+1]
        mu = param[i*6+2]
        beta2 = param[i*6+3]
        alfa = param[i*6+4]
        C = param[i*6+5]

        #contribuciones de las demas poblaciones
        C_S = 0.0 #contribucion a Suseptibles
        C_I = 0.0
        C_R = 0.0

    for j in v:
        Shj = y[j*5]
        Ihj = y[j*5+1]
        Rhj = y[j*5+2]
        Svj = y[j*5+3]
        Ivj = y[j*5+4]
        Nhj = Shj + Ihj + Rhj #total poblacion humanos
        Nvj = Svj + Ivj #total poblacion vectores

        # movilidad
        propias_s = m_ij(i,j)*(fun_ou(t)*(Shj/Nhj)-fun_in(t)*(Sh/Nh))
        ajenas_s = m_ij(j,i)*(fun_ou(t)*(Sh/Nh)-fun_in(t)*(Shj/Nhj))
        C_S = C_S + propias_s - ajenas_s

        propias_i = m_ij(i,j)*(fun_ou(t)*(Ihj/Nhj)-fun_in(t)*(Ih/Nh))
        ajenas_i = m_ij(j,i)*(fun_ou(t)*(Ih/Nh)-fun_in(t)*(Ihj/Nhj))
```

```

C_I = C_I + propias_i - ajenas_i

propias_r = m_ij(i,j)*(fun_ou(t)*(Rhj/Nhj)-fun_in(t)*(Rh/Nh))
ajenas_r = m_ij(j,i)*(fun_ou(t)*(Rh/Nh)-fun_in(t)*(Rhj/Nhj))
C_R = C_R + propias_r - ajenas_r

# modelo

dSh = -(beta1*Iv*Sh)/Nh+C_S
dIh = (beta1*Iv*Sh)/Nh - gamma*Ih + C_I
dRh = gamma*Ih + C_R
dSv = alfa*Nv*(1.0-(Nv/C)) -beta2*Sv*(Ih/Nh)-mu*Sv
dIv = beta2*Sv*(Ih/Nh) - mu*Iv

nodo = np.array([dSh,dIh,dRh,dSv,dIv])
red = np.append(red,nodo)
return red

```

si quisieramos proponer otra modelo diferencial esta seria la funcion que deberiamos mutar.

Ahora bien, para usar el paquete SIR_NV primero debemos de definir las condiciones iniciales y parametros de nuestro sistema, para este ejemplo tenemos 22 nodos por lo que sera un poco tedioso dar los parametros y condiciones de cada uno de ellos sin equivocarnos, asi que para tal tarea tenemos dentro de SIR_NV dos funciones que seran utiles en este caso.

```

In [15]: #parametros
beta1 = 0.67/24.0
gamma = (1.0/5.0)/24.0
mu = (1.0/8.0)/24.0
beta2 = 0.67/24.0
alfa = 5.0/24.0
C = 500.0/6

globales = [beta1 ,gamma ,mu ,beta2 ,alfa ,C ] # este es el orden nesesarrio para dar l
n_n = len(pob) #numero de nodos

param = sir.parametros(globales,n_n)

```

La funcion parametros nos da una lista con todos los parametros nesesarrio para correr n_n nodos en este caso 22, si quisieramos hacer alguna modificacion a algun parametro de algun nodo en especifico bastaria con identificar la posicion del parametro y el ndice el nodo, por ejemplo si quisieramos cambiarle el beta1 a el nodo i param[i*6] = new_beta1.

Para las condiciones iniciales tenemos una funcion similar, y aprovechamos para definir el tiempo en el cual queremos que retornen las soluciones

```

In [23]: Cp = (1 - (mu/alfa))*C
y_0 = sir.condicion_0(pob,n_n,Cp)
time = np.linspace(0.0,3660,1220)

```

si recordamos las condiciones iniciales para un nodo son: $[S_{h_0}, I_{h_0}, R_{h_0}, S_{v_0}, I_{v_0}] = [1000, 1, 0, \tilde{C}, 0]$ además tenemos que decir que hasta el momento y_0 no tiene ningun brote inicial.

Teniendo las ecuaciones diferenciales pasamos a resolver el sistema de ecuaciones diferenciales con la función `odeint` que se encuentra en la librería `scipy.integrate` en este caso no la importaremos, pero si es necesario decir que requerido tenerla instalada para que funcione el API, ya que donde si esta importada es el archivo `SIR_NV`.

La función que usaremos es `solucion()`, que necesita como argumentos `fun_in`, `fun_ou`, `v_in`, `m_ij`, `pob`, `Tarea`, todos estos argumentos ya los hemos definido o calculados, excepto el último, este es un argumento creado para que la función retorne otra función que cumpla con la tarea pedida.

Existen tres posibilidades - `Tarea = 'P'` es solo una prueba, y la nueva función necesita como argumentos `brote`, `y_0`, `param`, `time` y genera un archivo con las soluciones llamado `prueba.json` - `Tarea = 'PS'` genera varias pruebas y la nueva función necesita como argumentos `brotos`, `y_0`, `param`, `time` y genera los archivos con las soluciones llamados `prueba_i.json` donde `i` es el número de prueba, además genera un archivo adicional llamado `lis_pruebas.json` que guarda las condiciones iniciales de cada corrida - `Tarea = 'MA'` genera varias pruebas con brotes aleatorios y la nueva función necesita como argumentos `n_m`, `y_0`, `param`, `time` donde `n_m` es el número de muestras y genera los archivos con las soluciones llamados `MuestreoAleatorio_i.json` donde `i` es el número de prueba, además genera un archivo adicional llamado `lis_muestras.json` que guarda las condiciones iniciales de cada corrida

Haremos un ejemplo con `Tarea = 'P'` y explicaremos como utilizar las otras dos funciones.

```
In [24]: prueba = sir.solucion(fun_in,fun_ou,v_in,m_ij,pob,'P') #creamos la funcion prueba
```

`brote`, es una lista con dos valores donde el primer elemento es el índice del nodo en el cual se propondrá la infección y el segundo corresponde a el número de infectados, por ejemplo un brote en el nodo 1 de 4 personas se escribiría así `brote = [1, 4.0]`

```
In [25]: brote = [0,1.0]
         prueba(brote,y_0,param,time) #esta funcion nos generara el archivo 'prueba.json'
```

```
In [26]: #cargamos el archivo con ayuda de pandas
         datos_prueba = json.loads(open('prueba.json').read())
         datos_prueba = pd.read_json(datos_prueba,orient = 'split')
```

```
In [27]: datos_prueba.head() # las etiquetas ya fueron agregadas automaticamente
```

```
Out[27]:
```

	SH0	IH0	RH0	SV0	IV0	SH1	\
0.000000	901.000000	1.000000	0.000000	81.250000	0.000000	393.000000	
3.002461	898.587983	0.963755	0.024413	81.242640	0.007360	392.838043	
6.004922	892.022082	0.913230	0.046821	81.235660	0.014340	392.397444	
9.007383	854.038654	0.792961	0.061685	81.229276	0.020724	389.852423	
12.009844	845.431173	0.705167	0.073937	81.223657	0.026343	389.272241	
	IH1	RH1	SV1	IV1	...	\	
0.000000	0.000000e+00	0.000000e+00	81.25	0.000000e+00	...		
3.002461	3.206169e-29	8.171826e-31	81.25	7.411067e-32	...		
6.004922	1.195248e-24	6.118720e-26	81.25	1.527660e-27	...		

```

9.007383  9.691517e-20  7.550239e-21  81.25  2.023427e-22  ...
12.009844  1.317086e-17  1.384427e-18  81.25  5.628014e-20  ...

```

```

          SH20          IH20          RH20  SV20          IV20  \
0.000000  76.000000  0.000000e+00  0.000000e+00  81.25  0.000000e+00
3.002461  76.112988  8.097909e-10  2.051461e-11  81.25  2.468423e-11
6.004922  76.420367  3.266369e-08  1.674958e-09  81.25  6.614585e-10
9.007383  78.195874  1.423741e-06  1.107978e-07  81.25  4.030735e-08
12.009844  78.600629  5.184476e-06  5.436470e-07  81.25  3.127150e-07

```

```

          SH21          IH21          RH21          SV21          IV21
0.000000  50.000000  0.000000  0.000000  81.250000  0.000000
3.002461  50.179119  0.000566  0.000014  81.249954  0.000046
6.004922  50.666619  0.001852  0.000095  81.249821  0.000179
9.007383  53.485658  0.006247  0.000484  81.249314  0.000686
12.009844  54.126551  0.008677  0.000902  81.248368  0.001632

```

[5 rows x 110 columns]

In [28]: *#esta es una forma de agrupar las etiquetas para graficar los datos*

```

r = len(datos_prueba.xs(0.0))//5
SHN = ['SH'+str(i) for i in range(r)]
IHN = ['IH'+str(i) for i in range(r)]
RHN = ['RH'+str(i) for i in range(r)]
SVN = ['SV'+str(i) for i in range(r)]
IVN = ['IV'+str(i) for i in range(r)]

```

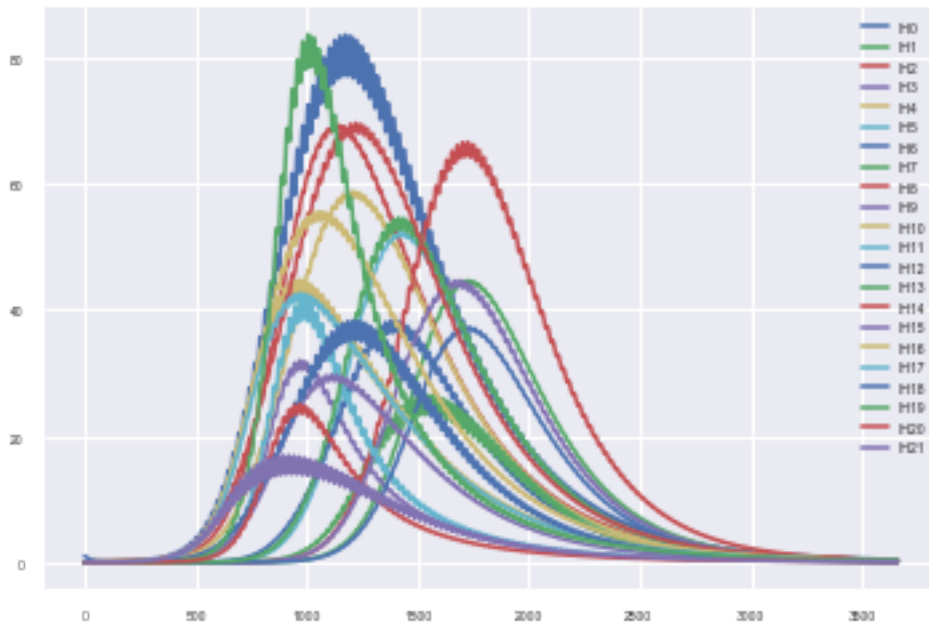
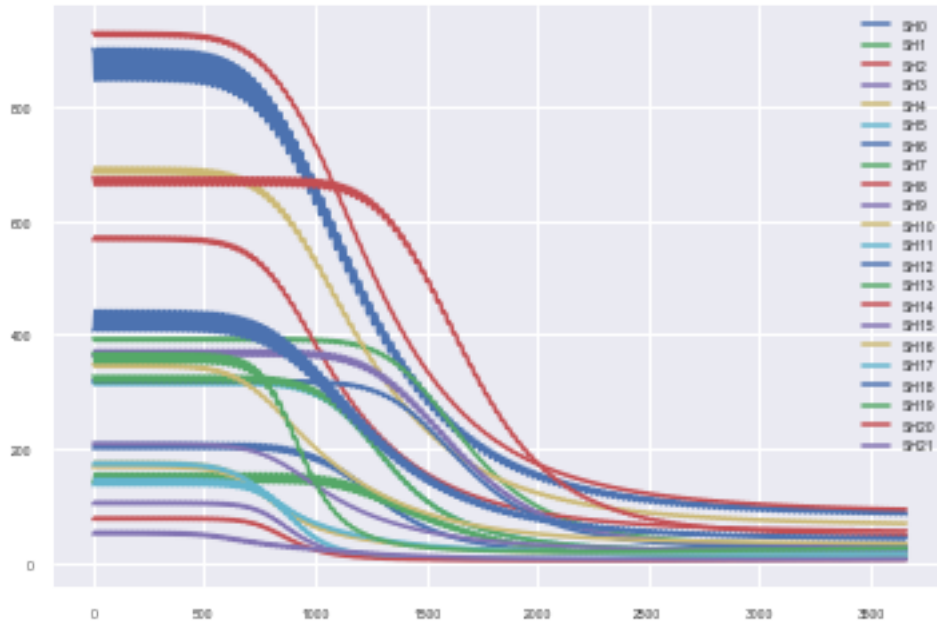
In [29]: `sns.set_context("notebook", font_scale=.5, rc={"lines.linewidth": 1.5})`

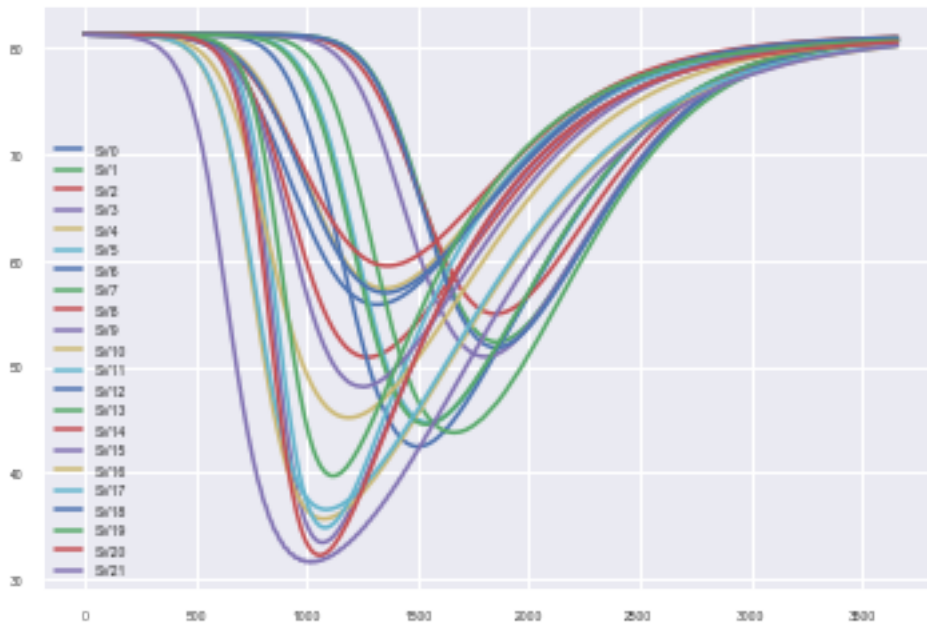
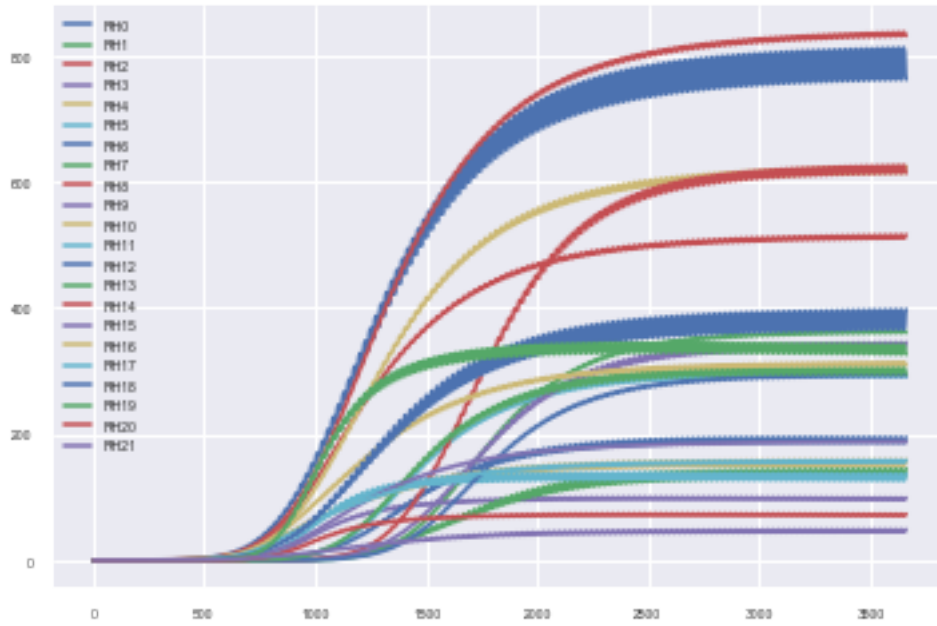
```

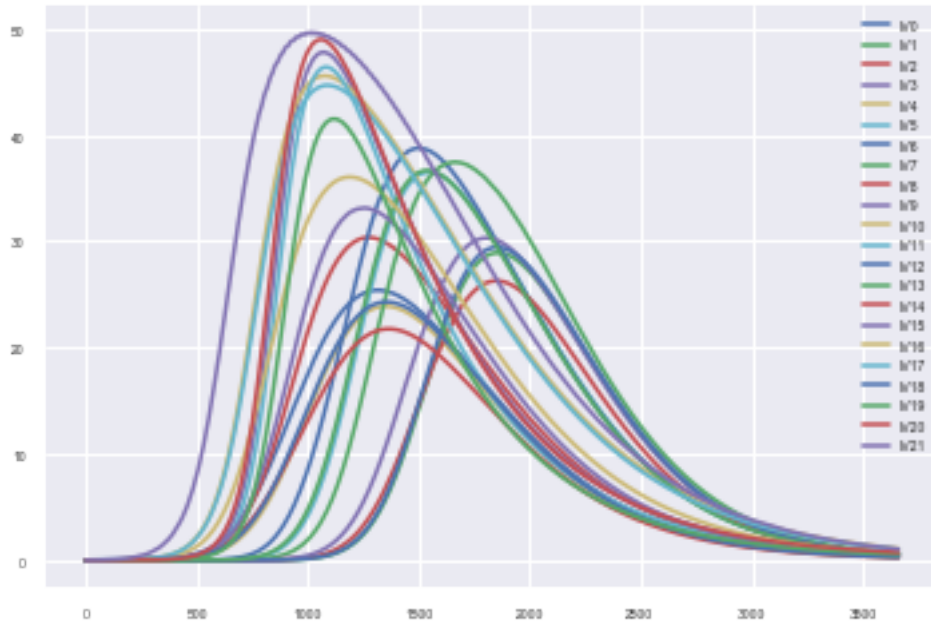
datos_prueba[SHN].plot()
datos_prueba[IHN].plot()
datos_prueba[RHN].plot()
datos_prueba[SVN].plot()
datos_prueba[IVN].plot()

```

Out[29]: `<matplotlib.axes._subplots.AxesSubplot at 0x1312266c978>`







```
In [ ]: pruebas = sir.solucion(fun_in,fun_ou,v_In,m_ij,pob,'PS') #creamos la funcion pruebas
        brotes = [[2,4.0],[3,5.0],[0,1.0]]
        prueba(brotes,y_0,param,time) #esta funcion nos generara los archivos 'prueba_i.json' don

In [ ]: MuestreoAleatoria = sir.solucion(fun_in,fun_ou,v_In,m_ij,pob,'MA') #creamos la funcion p
        n_m = 4 numero de muestras
        prueba(n_m,y_0,param,time) #esta funcion nos generara los archivos 'MuestreoAleatorio_i.j
```

para mayor informacion contactanos fispedro13@gmail.com

Bibliografía

- [1] Biblioteca Los mexicanos vistos por sí mismos. Los grandes temas nacionales.
- [2] Biblioteca Los mexicanos vistos por sí mismos. Los grandes temas nacionales / Encuesta Nacional de Movilidad y Transporte.
- [3] Controlling Dispersal Dynamics of *Aedes aegypti*: Mathematical Population Studies: Vol 13, No 4.
- [4] Estudios sobre movilidad cotidiana en México.
- [5] Migración interna en México y causas de su movilidad.
- [6] Movilidad en el Estado de México, un círculo vicioso.
- [7] OMS | El mosquito.
- [8] On the dynamics of dengue virus type 2 with residence times and vertical transmission: Letters in Biomathematics: Vol 3, No 1.
- [9] PAHO/WHO Data - Casos de dengue.
- [10] PAHO/WHO Data - México - Casos de dengue.
- [11] Vector-borne disease risk indexes in spatially structured populations.
- [12] OPS/OMS México - Inicio, Oct. 2017.
- [13] M. U. Kraemer, M. E. Sinka, K. A. Duda, A. Q. Mylne, F. M. Shearer, C. M. Barker, C. G. Moore, R. G. Carvalho, G. E. Coelho, W. V. Bortel, G. Hendrickx, F. Schaffner, I. R. Elyazar, H.-J. Teng, O. J. Brady, J. P. Messina, D. M. Pigott, T. W. Scott, D. L. Smith, G. W. Wint, N. Golding, and S. I. Hay. The global distribution of the arbovirus vectors *Aedes aegypti* and *Ae. albopictus*. *eLife*, 4:e08347, June 2015.
- [14] C. A. Manore, K. S. Hickmann, S. Xu, H. J. Wearing, and J. M. Hyman. Comparing dengue and chikungunya emergence and endemic transmission in *A. aegypti* and *A. albopictus*. *Journal of Theoretical Biology*, 356:174–191, Sept. 2014.
- [15] J. D. Sanchez and <https://www.facebook.com/pahowho>. Descripción de la situación epidemiológica actual del dengue en las Américas | OPS OMS.
- [16] W. Zelinsky. The Hypothesis of the Mobility Transition. *Geographical Review*, 61(2):219, Apr. 1971.