

UNIVERSIDAD AUTONOMA DE
AGUASCALIENTES
CENTRO DE CIENCIAS BÁSICAS



Tesis

Simulación de modelos epidemiológicos con agentes.

Presenta

Fernando Sánchez Ruiz

Para Obtener el Grado de Maestro en Ciencias, con opciones
en Computación y Matemáticas Aplicadas.

Director:

Dr. José Antonio Guerrero Díaz de León

Comité Tutorial:

Dr. Jorge Eduardo Macías Díaz

Dr. Ángel Eduardo Muñoz Zavala

Aguascalientes, Ags, 2025

M. en C. Jorge Martín Alférez Chávez
DECANO (A) DEL CENTRO DE CIENCIAS

PRESENTE

Por medio del presente como **TUTOR** designado del estudiante **FERNANDO SANCHEZ RUIZ** con ID **118045** quien realizó *la tesis* titulada: **SIMULACIÓN DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS CON AGENTES**, un trabajo propio, innovador, relevante e inédito y con fundamento en el Artículo 175, Apartado II del Reglamento General de Docencia doy mi consentimiento de que la versión final del documento ha sido revisada y las correcciones se han incorporado apropiadamente, por lo que me permito emitir el **VOTO APROBATORIO**, para que *él* pueda proceder a imprimirla, así como continuar con el procedimiento administrativo para la obtención del grado.

Pongo lo anterior a su digna consideración y sin otro particular por el momento, me permito enviarle un cordial saludo.

ATENTAMENTE
"Se Lumen Proferre"
Aguascalientes, Ags., a 9 de junio de 2025.


Dr. José Antonio Guerrero Díaz De León
Tutor de tesis

c.c.p.- Interesado
c.c.p.- Secretaría Técnica del Programa de Posgrado

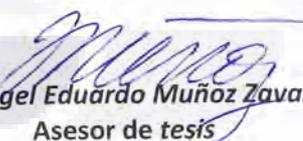
M. en C. Jorge Martín Alférez Chávez
DECANO (A) DEL CENTRO DE CIENCIAS

PRESENTE

Por medio del presente como **ASESOR** designado del estudiante **FERNANDO SANCHEZ RUIZ** con ID **118045** quien realizó *la tesis* titulada: **SIMULACIÓN DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS CON AGENTES**, un trabajo propio, innovador, relevante e inédito y con fundamento en el Artículo 175, Apartado II del Reglamento General de Docencia doy mi consentimiento de que la versión final del documento ha sido revisada y las correcciones se han incorporado apropiadamente, por lo que me permito emitir el **VOTO APROBATORIO**, para que *él* pueda proceder a imprimirla, así como continuar con el procedimiento administrativo para la obtención del grado.

Pongo lo anterior a su digna consideración y sin otro particular por el momento, me permito enviarle un cordial saludo.

ATENTAMENTE
"Se Lumen Proferre"
Aguascalientes, Ags., a 9 de junio de 2025.


Dr. Ángel Eduardo Muñoz Zavala
Asesor de tesis

c.c.p.- Interesado
c.c.p.- Secretaría Técnica del Programa de Posgrado

M. en C. Jorge Martín Alférez Chávez
DECANO (A) DEL CENTRO DE CIENCIAS

PRESENTE

Por medio del presente como **ASESOR** designado del estudiante **FERNANDO SANCHEZ RUIZ** con ID **118045** quien realizó *la tesis* titulada: **SIMULACIÓN DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS CON AGENTES**, un trabajo propio, innovador, relevante e inédito y con fundamento en el Artículo 175, Apartado II del Reglamento General de Docencia doy mi consentimiento de que la versión final del documento ha sido revisada y las correcciones se han incorporado apropiadamente, por lo que me permito emitir el **VOTO APROBATORIO**, para que *él* pueda proceder a imprimirla, así como continuar con el procedimiento administrativo para la obtención del grado.

Pongo lo anterior a su digna consideración y sin otro particular por el momento, me permito enviarle un cordial saludo.

ATENTAMENTE
"Se Lumen Proferre"
Aguascalientes, Ags., a 9 de junio de 2025.



Dr. Jorge Eduardo Macías Díaz
Asesor de tesis

c.c.p.- Interesado
c.c.p.- Secretaría Técnica del Programa de Posgrado

Fecha de dictaminación 21/07/2025: _____

NOMBRE: _____ FERNANDO SÁNCHEZ RUIZ _____ **ID** 118045 _____

PROGRAMA: _____ MAESTRÍA EN CIENCIAS, CON OPCIONES EN COMPUTACIÓN Y MATEMÁTICAS APLICADAS _____ **LGAC (del posgrado):** _____ COMPUTACIÓN-INTELIGENCIA ARTIFICIAL _____

TIPO DE TRABAJO: _____ () Tesis _____ () Trabajo Práctico _____

TÍTULO: _____ SIMULACIÓN DE MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS CON AGENTES. _____

IMPACTO SOCIAL (señalar el impacto logrado): _____ Se desarrolló una simulación que permite representar distintos modelos epidemiológicos y modificar sus parámetros para analizar diversas dinámicas de contagio. Esta herramienta contribuye al estudio y comprensión de los procesos de propagación epidémica desde un enfoque computacional y matemático. _____

INDICAR SI NO N.A. (NO APLICA) SEGÚN CORRESPONDA:

INDICAR	SI	NO	N.A. (NO APLICA)	SEGÚN CORRESPONDA:
Elementos para la revisión académica del trabajo de tesis o trabajo práctico:				
SI				El trabajo es congruente con las LGAC del programa de posgrado
SI				La problemática fue abordada desde un enfoque multidisciplinario
SI				Existe coherencia, continuidad y orden lógico del tema central con cada apartado
SI				Los resultados del trabajo dan respuesta a las preguntas de investigación o a la problemática que aborda
SI				Los resultados presentados en el trabajo son de gran relevancia científica, tecnológica o profesional según el área
SI				El trabajo demuestra más de una aportación original al conocimiento de su área
SI				Las aportaciones responden a los problemas prioritarios del país
SI				Generó transferencia del conocimiento o tecnológica
SI				Cumple con la ética para la investigación (reporte de la herramienta antiplagio)
El egresado cumple con lo siguiente:				
SI				Cumple con lo señalado por el Reglamento General de Docencia
SI				Cumple con los requisitos señalados en el plan de estudios (créditos curriculares, optativos, actividades complementarias, estancia, predoctoral, etc)
SI				Cuenta con los votos aprobatorios del comité tutorial, en caso de los posgrados profesionales si tiene solo tutor podrá liberar solo el tutor
SI				Cuenta con la carta de satisfacción del Usuario
SI				Coincide con el título y objetivo registrado
SI				Tiene congruencia con cuerpos académicos
SI				Tiene el CVU del Conacyt actualizado
N A				Tiene el artículo aceptado o publicado y cumple con los requisitos institucionales (en caso que proceda)
En caso de Tesis por artículos científicos publicados				
N A				Aceptación o Publicación de los artículos según el nivel del programa
N A				El estudiante es el primer autor
N A				El autor de correspondencia es el Tutor del Núcleo Académico Básico
N A				En los artículos se ven reflejados los objetivos de la tesis, ya que son producto de este trabajo de investigación.
N A				Los artículos integran los capítulos de la tesis y se presentan en el idioma en que fueron publicados
N A				La aceptación o publicación de los artículos en revistas indexadas de alto impacto

Con base a estos criterios, se autoriza se continúen con los trámites de titulación y programación del examen de grado;

Sí _____
No _____

FIRMAS

Elaboró:

* NOMBRE Y FIRMA DEL CONSEJERO SEGÚN LA LGAC DE ADSCRIPCIÓN:

Dr. Rogelio Salinas Gutierrez

NOMBRE Y FIRMA DEL SECRETARIO TÉCNICO:

Dra. Mariana Alfaro Gómez

* En caso de conflicto de intereses, firmará un revisor miembro del NAB de la LGAC correspondiente distinto al tutor o miembro del comité tutorial, asignado por el Decano

Revisó:

NOMBRE Y FIRMA DEL SECRETARIO DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO:

Dr. Alejandro Padilla Díaz

Autorizó:

NOMBRE Y FIRMA DEL DECANO:

M. en C. Jorge Martín Alférez Chávez

Nota: procede el trámite para el Depto. de Apoyo al Posgrado

En cumplimiento con el Art. 105C del Reglamento General de Docencia que a la letra señala entre las funciones del Consejo Académico: ... Cuidar la eficiencia terminal del programa de posgrado y el Art. 105F las funciones del Secretario Técnico, llevar el seguimiento de los alumnos.

Agradecimientos

Este proyecto de tesis no habría sido posible sin el acompañamiento y el respaldo de personas que han marcado mi camino en distintas formas. Más allá de los aportes académicos, ha sido el apoyo humano el que me sostuvo en los momentos de mayor exigencia. Por ello, quiero expresar mi gratitud a quienes estuvieron presentes, directa o indirectamente, en este proceso.

En primer lugar, al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnología (Conahcyt) y a la Universidad Autónoma de Aguascalientes, ya que sin su valioso apoyo económico este trabajo no se hubiera podido realizar. Asimismo, agradezco profundamente al pueblo de México, cuyo esfuerzo colectivo y compromiso con la educación y la ciencia hacen posible este tipo de oportunidades.

En el ámbito académico, expreso mi más profundo agradecimiento al comité de tesis, mi tutor, el Dr. José Antonio Guerrero Díaz de León, y a mis asesores, el Dr. Jorge Eduardo Macías Díaz y el Dr. Ángel Eduardo Muñoz Zavala, cuya orientación constante fue fundamental para la consolidación de este trabajo. Sus sugerencias, correcciones y enseñanzas no solo enriquecieron la calidad de la investigación, sino que también fortalecieron significativamente mis capacidades de análisis y pensamiento crítico.

A nivel personal, mi madre ha sido un pilar inquebrantable. Su ejemplo de entrega, esfuerzo y generosidad ha guiado cada uno de mis pasos. El amor con el que me ha acompañado y los valores que me transmitió desde pequeño son la base de este logro. Su presencia, aunque muchas veces silenciosa, fue esencial para no rendirme ante las dificultades.

También deseo agradecer de corazón a mi esposa y a mi hija, quienes me ofrecieron su comprensión y cariño en los momentos en que debía priorizar los estudios. Ellas aceptaron con paciencia las ausencias y renunciaciones que implicó este camino, y su apoyo constante me dio la fuerza para seguir adelante.

A todos ustedes, gracias por formar parte de este logro. Este trabajo lleva un poco de cada uno.

Índice general

Resumen	6
Abstract	7
1 Introducción	8
1.1 Problemática	10
1.2 Preguntas de Investigación	11
1.3 Objetivos	11
1.4 Metodología	12
2 Marco teórico	14
2.1 Simulación	14
2.2 Ecuaciones Diferenciales (ED)	18
3 Modelos Epidemiológicos	29
3.1 Modelo SIS	29
3.2 Modelo SIR	36
3.3 Modelo SEAIR	42
3.4 Modelo VSEIQR	47
4 Desarrollo	51
4.1 Algoritmo de Simulación Propuesto	52
4.2 Simulador	53
4.3 EpiSolver	61
4.4 Modelo Arquitectural	64
5 Experimentación	76
5.1 Modelo SIS	76
5.2 Modelo SIR	78
5.3 Modelo SEAIR	80
5.4 Modelo VSEIQR	83
5.5 Otros Experimentos	85

6 Conclusiones y Trabajo Futuro	90
6.1 Conclusión General	91
6.2 Trabajo a Futuro	92
Bibliografía	92



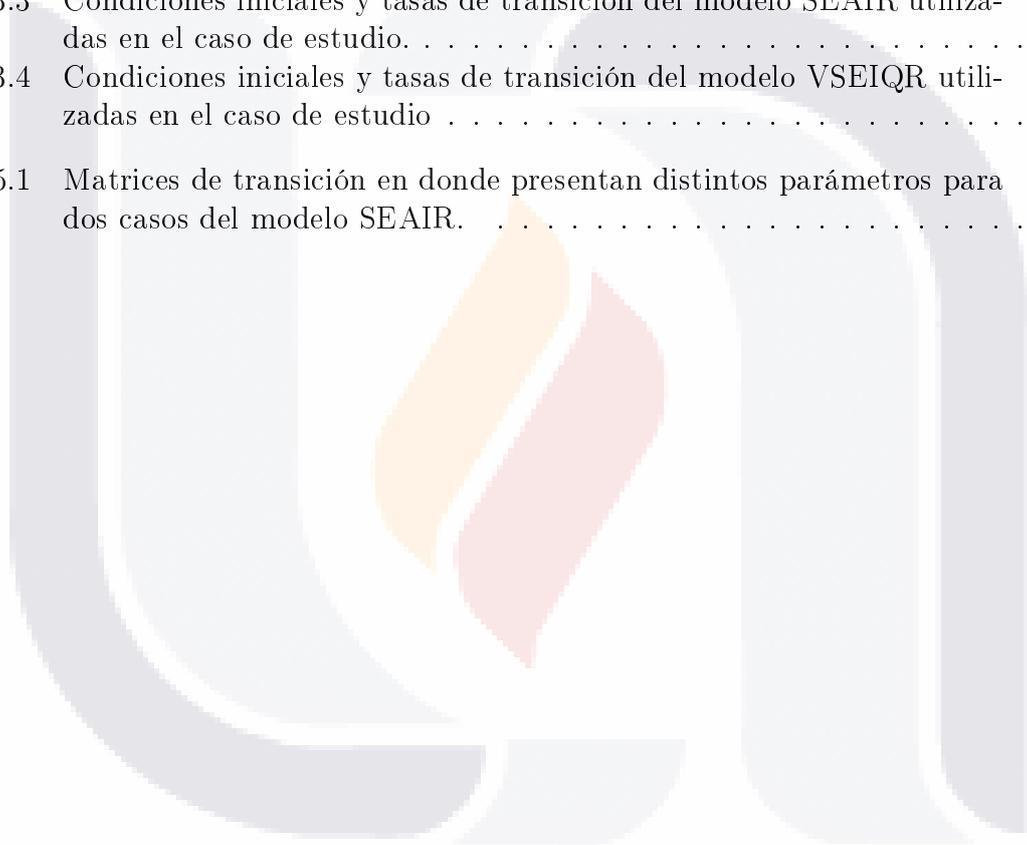
Índice de figuras

2.1	Diagrama de flujo representando las probabilidades de las cadenas de Markov.	16
2.2	Simulación del modelo Wa-tor	18
2.3	Simulación del modelo de desintegración radiactiva por el método analítico	23
2.4	Solución del modelo de desintegración radiactiva: se muestra la solución analítica en color rojo, la solución mediante el método de Euler en azul y la solución obtenida con el método de Runge-Kutta en color verde.	26
3.1	Diagrama de flujo del modelo SIS	30
3.2	Caso de estudio del modelo SIS, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.1	32
3.3	Diagrama de flujo del modelo SIR	36
3.4	Caso de estudio del modelo SIR, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.2	39
3.5	Diagrama de flujo del modelo SEAIR	42
3.6	Caso de estudio del modelo SEAIR, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.3	46
3.7	Diagrama de flujo del modelo VSEIQR	47
3.8	Caso de estudio del modelo VSEIQR, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.4	49
4.1	Interfaz del simulador	54
4.2	Pestaña Config del simulador	55
4.3	Pestaña Models del mimulador	57
4.4	Ejecución del modelo SIS en el Simulador	60
4.5	Interfaz de EpiSolver	62
4.6	Pantalla del EpiSolver para modificar las opciones para la solución numérica del modelo SIS	63
4.7	Diagrama de casos de uso de EpiSolver	66
4.8	Caso de uso - Seleccionar modelo epidemiológico	67

4.9	Caso de uso - Ver gráfica	68
4.10	Caso de uso - Crear solución numérica	69
4.11	Caso de uso - Comparación de la solución numérica con la simulación	70
4.12	Caso de uso - Modificar modelo numérico	71
4.13	Diagrama de clases de EpiSolver	72
5.1	Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo SIS. Existen dos estados: Susceptible (S) e Infectado (I).	77
5.2	La matriz de transición en la que se observa el comportamiento de tres estados: Susceptible (S), Infectado (I) y Recuperado (R). Esta presenta los tiempos y las probabilidades de transición entre estados. El estado Susceptible (S) no tiene posibilidades de transitar hacia otros estados según las propiedades de transición.	79
5.3	Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo SIR. Existen tres estados: Susceptible (S), Infectado (I) y Recuperado (R).	80
5.4	La matriz de transición incluye las probabilidades y los tiempos esperados asociados con las transiciones entre estados. Este modelo consta de cinco estados distintos: Susceptible (S), Expuesto (E), Asintomático (A), Infectado (I) y Recuperado (R).	81
5.5	Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo SEAIR. El modelo consta de cinco estados, donde la solución numérica está representada por líneas continuas y los resultados de la simulación se muestran con líneas discontinuas.	82
5.6	La matriz de transición incluye las probabilidades y los tiempos esperados asociados con las transiciones entre estados. Los estados son: Susceptible (S), Vacunado (V), Expuesto (E), Infectado Sintomático (I_s), Infectado Asintomático (I_a), en Cuarentena (Q), Recuperado (R) y Fallecido (D). En este modelo, el estado Susceptible puede transitar hacia otros estados con ciertas probabilidades asociadas.	84
5.7	Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo VSEIQR. Los estados se dividieron en dos gráficas: comparación de los estados Susceptible (S), Vacunado (V) y Recuperado (R); y comparación de los estados Expuesto (E), Infectado Sintomático (I_s), Infectado Asintomático (I_a), en Cuarentena (Q) y Fallecido (D).	85
5.8	Modificación de tiempo del Modelo SEAIR	86
5.9	Modificación del espacio del modelo SEAIR	87
5.10	Comparación del modelo SEAIR con los parámetros presentados en la Tabla 5.1.	89

Índice de tablas

3.1	Condiciones iniciales del modelo SIS utilizadas en el caso de estudio. .	31
3.2	Condiciones iniciales del modelo SIR utilizadas en el caso de estudio.	38
3.3	Condiciones iniciales y tasas de transición del modelo SEAIR utilizadas en el caso de estudio.	45
3.4	Condiciones iniciales y tasas de transición del modelo VSEIQR utilizadas en el caso de estudio	50
5.1	Matrices de transición en donde presentan distintos parámetros para dos casos del modelo SEAIR.	88



TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Resumen

Esta tesis presenta un enfoque de simulación para modelar la propagación de enfermedades infecciosas, centrado en sistemas basados en agentes capaces de reproducir comportamientos epidemiológicos clave. La simulación incorpora variables críticas como tasas de infección, tiempos de recuperación y transiciones entre estados de salud, lo que permite adaptarse a la estructura de modelos compartimentales ampliamente conocidos, como SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR.

Además de la simulación principal, se desarrolló una aplicación complementaria que permite comparar los resultados de la simulación con las soluciones obtenidas a partir de ecuaciones diferenciales para cada modelo. Este análisis dual facilita una comprensión más profunda de cómo se relacionan o difieren los enfoques estocásticos y deterministas bajo diferentes condiciones.

Ambas herramientas fueron desarrolladas siguiendo principios de programación orientada a objetos y están documentadas mediante diagramas UML, lo que garantiza modularidad, escalabilidad y claridad en su diseño. En conjunto, este trabajo ofrece un marco accesible y extensible para explorar la dinámica de enfermedades infecciosas tanto en contextos académicos como de investigación aplicada.

Abstract

This thesis presents a simulation-based approach to modeling the spread of infectious diseases, focusing on agent-based systems capable of reproducing key epidemiological behaviors. The simulation incorporates critical variables such as infection rates, recovery times, and health state transitions, allowing it to adapt to the structure of well-known compartmental models including SIS, SIR, SEAIR, and VSEIQR.

In addition to the core simulation, a complementary application was developed to compare the simulation outcomes against solutions derived from differential equations for each model. This dual analysis enables a deeper understanding of how stochastic and deterministic approaches align or diverge under varying conditions.

Both tools were developed following object-oriented programming principles and are documented through UML diagrams, ensuring modularity, scalability, and clarity in design. Overall, this work provides an accessible and extensible framework for exploring infectious disease dynamics in both academic and applied research contexts.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capítulo 1

Introducción

Las enfermedades infecciosas son responsables de aproximadamente el 25 % de las muertes a nivel global, y este porcentaje podría estar incrementándose a medida que algunas enfermedades crónicas son reclasificadas como infecciosas [1]. La historia de las enfermedades infecciosas se remonta al desarrollo de la agricultura y la ganadería, etapas que propiciaron una mayor interacción entre humanos y animales, facilitando la mutación de patógenos animales hacia enfermedades humanas. Existen registros de lesiones compatibles con la viruela en faraones que datan de aproximadamente 3000 años antes de Cristo [2].

Las infecciones pueden propagarse en una población con diferentes niveles de intensidad, dependiendo de factores como el agente patógeno, las condiciones sociales y sanitarias, y la capacidad de respuesta de las comunidades afectadas [3]. Para ilustrar estas intensidades, se pueden analizar ejemplos históricos y contemporáneos, comenzando con las denominadas plagas, que han marcado algunos de los eventos más devastadores en la historia de las enfermedades infecciosas. Aunque el término "plaga" suele asociarse con el nivel más alto de devastación en la clasificación de enfermedades infecciosas, históricamente se utilizó para describir enfermedades o eventos que causaron una destrucción masiva en las poblaciones pero que estuvieron muy localizadas geográficamente o limitadas a un solo país o ciudad. Las primeras enfermedades que se propagaron ampliamente fueron denominadas "plagas" debido a su impacto catastrófico, exacerbado por la limitada tecnología y los escasos conocimientos médicos disponibles en la época para detener su avance [4]. Sin embargo, estas enfermedades no alcanzaron una propagación global, a diferencia de otras infecciones que actualmente ostentan los niveles más elevados en dicha clasificación.

Algunos historiadores consideran que la Plaga de Atenas, ocurrida entre los años

430 y 427 a.C. durante la Guerra del Peloponeso, representa uno de los primeros registros documentados de una epidemia masiva [2]. El brote comenzó en un contexto de hacinamiento extremo en Atenas debido al asedio de los espartanos, lo que exacerbó la propagación de la enfermedad. La mortalidad estimada fue del 33 %, una cifra significativamente superior a la de pandemias modernas como la gripe de 1918. Los sobrevivientes parecían desarrollar inmunidad, y tanto humanos como animales se vieron afectados por igual. Aunque la causa exacta de la Plaga de Atenas sigue siendo objeto de debate, se ha sugerido que pudo tratarse de una combinación de influenza y síndrome de shock tóxico por estafilococo. Este evento destaca por su impacto en la historia médica, ya que no existen registros modernos de una epidemia comparable en escala y mortalidad [5].

Al ascender un nivel en la escala de propagación de infecciones, se pueden considerar las epidemias. Estas se definen como un aumento súbito y significativo en el número de casos de una enfermedad, que excede lo esperado en una región específica. Las epidemias pueden impactar a múltiples comunidades o incluso a varios países, pero su alcance geográfico generalmente permanece limitado [6]. Entre las infecciones que se encuentran en esta clasificación, podemos hablar de enfermedades como el H1N1 o la influenza española [7]. Sin embargo, el ébola destaca por las importantes lecciones que dejó. En particular, la epidemia de ébola de 2014 en África Occidental fue la más grande, severa y compleja registrada en la historia. Este brote comenzó en diciembre de 2013 en Guinea y se extendió rápidamente a Liberia y Sierra Leona, impulsado por sistemas de salud frágiles, desconfianza en las autoridades y una alta movilidad transfronteriza. En total, se reportaron más de 28,600 casos probables, confirmados y sospechosos, con aproximadamente 11,300 muertes hasta principios de 2016. Las estrategias implementadas para contener el brote incluyeron el aislamiento de pacientes, el rastreo de contactos y prácticas de entierros seguros, aunque estos esfuerzos enfrentaron desafíos debido a prácticas culturales y la desinformación en las comunidades afectadas. La epidemia también expuso desigualdades globales en la investigación y el desarrollo de tratamientos para enfermedades endémicas en regiones empobrecidas. A pesar de los avances logrados, el brote subrayó la necesidad crítica de fortalecer los sistemas de salud y mejorar la preparación ante futuras emergencias de salud pública [8].

Actualmente las infecciones han llegado al nivel de pandemia, este nivel puede ser definido como la propagación de una enfermedad infecciosa a nivel mundial, afectando a múltiples países y continentes con transmisión sostenida teniendo un impacto global con afectación masiva de la población [9]. El más contundente ejemplo de este nivel es el de COVID-19, causado por el virus SARS-CoV-2, originada en Wuhan, China, en diciembre de 2019. Declarada una Emergencia de Salud Pública de Alcance Internacional en enero de 2020 y pandemia en marzo del mismo año, la

enfermedad se caracteriza por fiebre, tos seca y dificultad respiratoria, con transmisión rápida mediante gotas y aerosoles [10]. La enfermedad afecta principalmente a personas mayores de 60 años y a aquellos con comorbilidades como hipertensión y diabetes. En los casos graves, puede provocar inflamación sistémica, fallo respiratorio y coagulopatías, con una letalidad global aproximada del 7%. En México, el primer caso se detectó en febrero de 2020. Según las últimas estadísticas actualizadas al 25 de junio de 2023 [11], el total de casos confirmados ascendió a 7,633,355. Según datos del INEGI [12], la población total en México en 2023 fue de 129 millones de personas, lo que representa un 5.92% de la población infectada. Las defunciones atribuidas a esta infección alcanzaron las 334,336, lo que resulta en una tasa de mortalidad del 4.38% entre los infectados. Sin embargo, la probabilidad de que un mexicano muriera por esta enfermedad fue de tan solo un 0.26%. Este resultado se debe en gran medida a las medidas adoptadas para controlar la propagación del virus, entre las que destacan la implementación de campañas de vacunación masiva, el fomento del distanciamiento social, la obligación del uso de mascarillas en espacios públicos y el refuerzo de las medidas de higiene. Además, se establecieron restricciones de movilidad y se promovió el aislamiento de personas infectadas, lo que contribuyó a reducir la transmisión comunitaria y a minimizar el impacto en la salud pública.

La presencia de este tipo de enfermedades en las poblaciones ha impulsado, a lo largo de la historia, el desarrollo de modelos para explicar la transmisión de infecciones. Entre ellos se destacan los modelos matemáticos propuestos por Daniel Bernoulli (1700-1782) o el trabajo epidemiológico de Ronald Ross [13], cuyas investigaciones sentaron las bases para herramientas modernas como modelos epidemiológicos avanzados [14] o análisis estadísticos para el diagnóstico de infecciones [15], [16].

1.1. Problemática

Los modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales ofrecen numerosas propiedades interesantes que permiten comprender la dinámica de propagación de enfermedades en las poblaciones. Sin embargo, el análisis y resolución de estos modelos, así como la interpretación de sus resultados y propiedades fundamentales, requieren un nivel significativo de conocimiento matemático. Esta complejidad limita su uso y comprensión por parte del personal de salud y de la población en general.

Lo que se pretende es el desarrollo de un simulador que permita visualizar de manera gráfica algunos modelos epidemiológicos clave, junto con sus principales

propiedades. Este simulador podría incluir características como la representación dinámica de la evolución de una epidemia en el tiempo, la posibilidad de ajustar parámetros para explorar distintos escenarios, y herramientas interactivas que expliquen conceptos fundamentales, como tasas de transmisión, períodos infecciosos e inmunidad adquirida o por vacunación. Una herramienta de este tipo no solo facilitaría la comprensión de los modelos epidemiológicos, sino que también contribuiría a la toma de decisiones informadas en el ámbito de la salud pública

1.2. Preguntas de Investigación

Pregunta General

- ¿Es posible simular gráficamente modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales para facilitar su comprensión y aprendizaje, así como el análisis de las propiedades que estos modelos ofrecen?

Preguntas Específicas

- ¿Puede la simulación basada en agentes proporcionar una base sólida para representar y analizar las ecuaciones diferenciales utilizadas en los modelos epidemiológicos?
- ¿Es posible simular y permitir la modificación de las propiedades fundamentales de los modelos epidemiológicos a través de una interfaz gráfica diseñada para el usuario?
- ¿Es posible comparar los resultados de la simulación con los obtenidos a partir de las ecuaciones diferenciales para identificar y analizar las propiedades bajo diferentes condiciones?

1.3. Objetivos

Objetivo General

- Diseñar una simulación basada en agentes que permita representar y analizar modelos epidemiológicos, abarcando desde los más básicos, como el modelo

SIS, hasta los más avanzados, para facilitar su comprensión y estudio en diversas condiciones.

Derivado del objetivo general, se derivan los siguientes objetivos específicos:

Objetivos Específicos

- Diseñar un simulador con una interfaz gráfica que permita al usuario iniciar y controlar la simulación.
- Permitir la modificación de los parámetros y propiedades relevantes de la simulación basada en agentes y de los modelos epidemiológicos, a fin de proporcionar flexibilidad en la representación de diferentes escenarios.
- Generar una comparación entre los resultados obtenidos a partir de la simulación basada en agentes y los derivados de las ecuaciones diferenciales de los modelos epidemiológicos, con el fin de evaluar su consistencia y precisión.

1.4. Metodología

El presente trabajo de investigación se llevará a cabo en varias etapas, con el objetivo de desarrollar una simulación de modelos epidemiológicos basada en agentes. La metodología se organiza en fases clave que guiarán el proceso, desde el diseño y la implementación inicial hasta la validación final de los resultados.

- **Selección del lenguaje de programación:** Uno de los principales desafíos será seleccionar el lenguaje de programación adecuado para el desarrollo de la simulación. Será necesario evaluar cuál es el lenguaje que mejor permita integrar una interfaz gráfica con la simulación de manera eficiente, considerando aspectos como la facilidad de desarrollo, la compatibilidad con herramientas gráficas y el manejo de simulaciones complejas. Además, se deberán tener en cuenta las limitaciones del lenguaje en cuanto a rendimiento, escalabilidad y mantenimiento del código.
- **Definición de parámetros y personalización de la simulación:** Otro reto importante será definir los parámetros clave que afectan el comportamiento de la simulación. Será necesario determinar cómo estos parámetros deben ser presentados y modificados por el usuario, asegurando que el sistema sea lo

suficientemente flexible para permitir una personalización adecuada, pero sin complicar demasiado la interacción. Esto también incluirá la problemática de cómo ofrecer una interfaz que sea intuitiva.

- **Integración de la simulación basada en agentes y modelos epidemiológicos:** Un desafío significativo será integrar la simulación basada en agentes con los modelos epidemiológicos. Habrá que considerar cómo estructurar la simulación para que los agentes interactúen de acuerdo con los parámetros definidos en los modelos epidemiológicos, mientras se mantiene la precisión y la coherencia en los resultados. Además, se tendrá que afrontar la dificultad de asegurar que esta integración permita la modificación de los parámetros de forma dinámica, de modo que el usuario pueda experimentar con diferentes escenarios.
- **Desarrollo de un sistema de comparación de resultados:** Un reto clave será la creación de un sistema que permita comparar los resultados obtenidos de la simulación con los derivados de las ecuaciones diferenciales. Se deberán afrontar cuestiones como la accesibilidad y la organización de los datos, además de establecer un método adecuado para evaluar la consistencia entre ambas fuentes de resultados. Este proceso incluirá la toma de decisiones sobre cómo almacenar y recuperar los datos de manera eficiente, así como garantizar que la comparación sea lo más precisa posible.
- **Pruebas de validación y ajuste de los modelos:** Finalmente, será fundamental validar el funcionamiento general de la simulación y los modelos implementados. En este proceso, se presentarán dificultades relacionadas con la verificación de la precisión de los resultados obtenidos, así como con la necesidad de ajustar los parámetros y las configuraciones de la simulación para lograr una mayor concordancia con los resultados esperados. Además, se deberá tener en cuenta la necesidad de realizar pruebas exhaustivas para identificar posibles inconsistencias o áreas de mejora en la simulación.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capítulo 2

Marco teórico

2.1. Simulación

La simulación se describe como un mecanismo iterativo que permite representar y analizar sistemas dinámicos complejos. Se basa en descomponer un sistema real (\mathbf{R}) en subsistemas (\mathbf{S}_i), cada uno definido por sus dinámicas internas (\mathbf{f}_i) y reglas de interacción (\mathbf{I}_{ij}) [17]. Estos subsistemas se representan como objetos encapsulados que calculan y comunican su estado interno. La simulación utiliza un funcional de actualización que organiza las interacciones y los cambios de estado de estos objetos de manera iterativa. De esta forma, tanto la simulación como el sistema simulado son sistemas dinámicos cuyos estados evolucionan de acuerdo con las reglas definidas. Lo más destacado es que, a través de este proceso, se generan relaciones y fenómenos que no están explícitamente codificados en los modelos individuales, pero que emergen de las interacciones colectivas.

Un aspecto central de las simulaciones es su capacidad para estudiar la emergencia, definida como la aparición de propiedades que no son directamente observables en los subsistemas individuales, pero que se manifiestan en el sistema global. Por ejemplo, en un sistema de tráfico, la congestión no es una propiedad de un solo vehículo, sino un fenómeno emergente de las interacciones entre vehículos y las condiciones de la carretera. Este enfoque permite analizar dinámicas complejas incluso cuando no es posible formular explícitamente las funciones globales que rigen el sistema. Además, la simulación actúa como una herramienta generativa para explorar propiedades inobservables o inalcanzables mediante métodos analíticos, haciendo posible modelar sistemas que de otra manera serían intratables debido a su alta

complejidad.

Tipos de Simulación

Hay varios tipos de simulaciones que se utilizan para modelar sistemas complejos [18]. Las simulaciones de eventos discretos representan sistemas donde los cambios ocurren en momentos específicos, como en la simulación de colas o sistemas de tráfico. Las simulaciones estocásticas, incluyendo las cadenas de Markov, permiten modelar sistemas con elementos de aleatoriedad, como la predicción del clima. Por otro lado, las simulaciones basadas en agentes representan interacciones entre entidades autónomas, como las simulaciones de la interacción depredador-presa. Las simulaciones de sistemas dinámicos, basadas en ecuaciones diferenciales, modelan la evolución de sistemas continuos como sistemas mecánicos. Finalmente, las simulaciones continuas modelan fenómenos físicos que evolucionan en el tiempo, como la dinámica de fluidos, y utilizan técnicas como Smoothed Particle Hydrodynamics (SPH).

Cadenas de Markov

Las cadenas de Markov, desarrolladas por el matemático ruso Andrei Markov en 1905, representan un modelo probabilístico diseñado originalmente para estudiar la frecuencia de aparición de vocales en textos literarios y poemas. Este modelo se destaca por su equilibrio entre complejidad y simplicidad, permitiendo describir características significativas de diversos sistemas, al tiempo que mantiene la capacidad de ser analizado matemáticamente. Su aplicabilidad se extiende a una variedad de campos científicos y sociales, respaldada por una amplia teoría matemática. Este balance ha hecho de las cadenas de Markov una herramienta valiosa en el análisis de procesos estocásticos en múltiples disciplinas [19].

Se define una Cadena de Markov como un proceso estocástico en el que la probabilidad de transición a un estado futuro depende únicamente del estado presente y no de la secuencia de eventos que condujo a ese estado actual, una propiedad conocida como la propiedad de Markov [20]. La matriz de transición, que encapsula las probabilidades de moverse de un estado a otro en un paso, es central en el análisis de estas cadenas.

Las probabilidades de transición son fundamentales en las Cadenas de Markov porque determinan cómo es posible que el sistema evolucione de un estado a otro en cada paso de tiempo. En una Cadena de Markov, la probabilidad de pasar de un estado i a un estado j en el siguiente paso se especifica por la probabilidad de transición P_{ij} . Estas probabilidades cumplen con dos condiciones principales: son no negativas ($P_{ij} \geq 0$) y la suma de las probabilidades de transición desde un estado

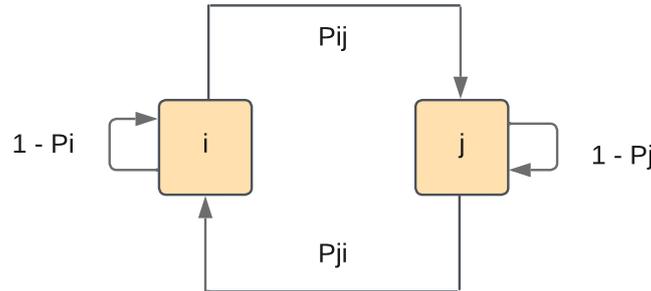


Figura 2.1: Diagrama de flujo representando las probabilidades de las cadenas de Markov.

a todos los posibles estados siguientes es igual a 1 ($\sum_j P_{ij} = 1$ para todo i). Como podemos ver en la Figura 2.1, el diagrama ilustra la dinámica de transición entre dos estados, i y j , en una Cadena de Markov. Cada estado está representado como un nodo, y las flechas dirigidas indican las probabilidades de transición entre ellos. La flecha de i a j está etiquetada con P_{ij} , que representa la probabilidad de pasar del estado i al estado j en un paso. De manera similar, la flecha de j a i tiene la probabilidad P_{ji} . Además, para garantizar que la suma de probabilidades salientes de cada nodo sea igual a uno, se incluyen términos complementarios como $1 - P_i$ y $1 - P_j$, que representan las probabilidades de permanecer en el estado actual o de tomar otras transiciones posibles. La dinámica completa de una Cadena de Markov en tiempo discreto se describe por su matriz de transición P , esta encapsula toda la información necesaria para entender cómo el sistema puede moverse de un estado a otro a lo largo del tiempo.

Las Cadenas de Markov tienen una amplia gama de aplicaciones en diversas disciplinas. En Investigación Operativa y Optimización de Procesos, se emplean para modelar sistemas de colas, gestión de inventarios y planificación de recursos, permitiendo tomar decisiones estratégicas basadas en probabilidades [21]. En Finanzas y Economía, son fundamentales para modelar riesgos y mercados financieros, facilitando predicciones sobre precios de acciones, tasas de interés y movimientos de mercado [22]. En Ciencias de la Computación, estas cadenas son esenciales en algoritmos como el PageRank de Google, así como en criptografía y seguridad informática, modelando procesos aleatorios [23]. En Biología y Genética, se aplican para estudiar secuencias de ADN, evolución de especies y procesos de mutación y selección natural [24]. También son útiles en Meteorología, para modelar transiciones entre diferentes estados del clima y mejorar la precisión en las predicciones [25]. En Ingeniería de

Telecomunicaciones, optimizan el rendimiento de redes al modelar tráfico de datos y asignación de recursos en sistemas de comunicación [26].

Simulación Basada en Agentes

La simulación basada en agentes (SBA) es una metodología computacional que modela sistemas complejos mediante la creación de agentes autónomos, heterogéneos y adaptativos, que interactúan en un entorno definido bajo reglas específicas. Esta metodología se caracteriza por su capacidad para representar dinámicamente interacciones no lineales y procesos de emergencia, donde los comportamientos macroscópicos surgen de las interacciones locales. Los agentes pueden tener propiedades como aprendizaje, memoria limitada y razonamiento heurístico, operando en un entorno estructurado que puede incluir dimensiones espaciales y temporales. La SBA requiere la especificación detallada de las reglas que regulan las interacciones agente-agente y agente-entorno, así como la posibilidad de explorar escenarios mediante experimentación virtual, lo que permite observar cómo pequeños cambios iniciales pueden generar efectos significativos en la dinámica global del sistema [27].

El modelo Wa-Tor es el ejemplo más usado para explicar la dinámica de la simulación basada en agentes ya que simula las interacciones depredador-presa en un ambiente acuático, representando tiburones como depredadores y peces como presas [28]. Se caracteriza por su dinámica de población oscilante y su capacidad para mostrar autoorganización y comportamientos emergentes, como la formación de clusters de presas y la oscilación en las cantidades de depredadores y presas. Es notable por su simplicidad y por ofrecer una plataforma para estudiar procesos ecológicos complejos, incluyendo la distribución espacial y el comportamiento colectivo.

El propósito del modelo es entender cómo fluctúan las poblaciones de estas dos especies a lo largo del tiempo debido a sus interacciones. Los tiburones se alimentan de los peces, y ambos tienen tiempos específicos de reproducción, además de que los tiburones cuentan con un límite de supervivencia sin alimento antes de morir de hambre. Para comprender mejor las propiedades de este tipo de modelos, veamos un ejemplo que ilustra cómo las interacciones y reglas específicas de comportamiento generan dinámicas en un ecosistema con agentes de peces en color azul y tiburones en color rojo, representado en la Figura 2.2.

Los parámetros utilizados incluyen los tiempos de reproducción de los peces ($f_{\text{breed}} = 4$) y los tiburones ($s_{\text{breed}} = 8$), el tiempo que los tiburones pueden sobrevivir sin alimento ($starve = 4$), y las proporciones iniciales de la población (10 % peces y 20 % tiburones). Estas reglas muestran cómo los peces se reproducen rápidamente, mientras que los tiburones, con un ciclo de reproducción más largo y una

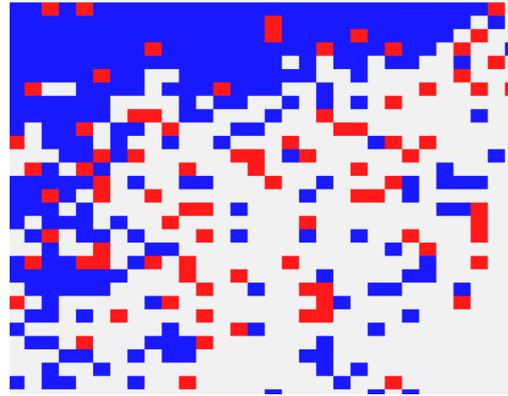


Figura 2.2: Simulación del modelo Wa-tor

vida limitada por la falta de alimento, dependen de la disponibilidad constante de peces [29].

El sistema permite observar cómo interacciones locales, como la búsqueda de alimento por parte de los tiburones y la reproducción de los peces, generan dinámicas globales que sustentan la coexistencia y la proliferación de ambas especies. Este ejemplo ilustra claramente la capacidad de la SBA para modelar procesos de emergencia, evidenciando cómo las reglas individuales de comportamiento y las interacciones entre agentes generan patrones macroscópicos y un equilibrio dinámico en el ecosistema.

La simulación basada en agentes (SBA) es especialmente funcional en áreas donde se requiere analizar sistemas complejos con interacciones dinámicas entre individuos o entidades. En economía [30], permite modelar mercados, evaluar políticas públicas y analizar cadenas de suministro. Además, en ecología y biología [31], se emplea para entender ecosistemas, dinámicas poblacionales y conservación de especies. También tiene aplicaciones en logística y urbanismo [32], proporcionando una herramienta poderosa para explorar escenarios y tomar decisiones informadas.

2.2. Ecuaciones Diferenciales (ED)

El estudio formal de las ecuaciones diferenciales comenzó en el siglo XVII con el desarrollo del cálculo por Isaac Newton y Gottfried Wilhelm Leibniz. Newton introdujo el concepto de ecuaciones diferenciales en su obra *Methodus fluxionum et Serierum Infinitarum* (El método de las fluxiones y series infinitas, 1671), aunque no

se publicó hasta después de su muerte. Leibniz, por su parte, publicó sus hallazgos sobre el cálculo diferencial en 1684, proporcionando herramientas esenciales para la formulación y solución de ecuaciones diferenciales. A lo largo de los siglos XVIII y XIX, matemáticos como Leonhard Euler, Joseph-Louis Lagrange, Pierre-Simon Laplace y Jean le Rond d'Alembert, entre otros, hicieron contribuciones significativas al desarrollo de las ecuaciones diferenciales. Euler, por ejemplo, fue pionero en el estudio de ecuaciones diferenciales de orden superior y en la aplicación de métodos analíticos para resolverlas.

Hoy en día las ecuaciones diferenciales constituyen una herramienta esencial en el modelado científico, capaces de describir una vasta gama de fenómenos físicos mediante la relación entre una función y sus derivadas. Fundamentalmente, se presentan en la forma $y' = f(x, y)$, donde $y' = \frac{dy}{dx}$, indicando cómo cambia la variable dependiente y con respecto a la variable independiente x [33]. Estas ecuaciones abarcan desde simples modelos unidimensionales hasta sistemas complejos en \mathbb{R}^N , permitiendo la inclusión de múltiples variables y sus interacciones a través de sistemas de ecuaciones como $y'_i(x) = f_i(x, y_1, y_2, \dots, y_N)$.

En la práctica, el análisis de estas ecuaciones se extiende más allá de encontrar soluciones exactas, interesándose también por el comportamiento general de las soluciones, como la estabilidad y la adherencia a leyes de conservación. Aunque muchas veces el tiempo se asume como la variable independiente, estas herramientas son aplicables a cualquier variable que marque una progresión de estados o etapas.

Clasificación de Ecuaciones Diferenciales

La clasificación de las ecuaciones diferenciales no solo facilita la selección de estrategias de solución adecuadas, sino que también profundiza en la comprensión de la naturaleza de los problemas modelados por dichas ecuaciones, permitiendo a los investigadores y profesionales abordar con mayor precisión y eficacia una amplia gama de problemas en ciencia e ingeniería, y las podemos clasificar de la siguiente forma [34]:

- Ecuaciones Diferenciales Ordinarias y Parciales: La distinción inicial entre las ecuaciones diferenciales se basa en la cantidad de variables independientes involucradas. Si la función desconocida depende de una sola variable independiente, la ecuación involucra derivadas ordinarias y se clasifica como una ecuación diferencial ordinaria (EDO). Un ejemplo sería la ecuación para la

carga $Q(t)$ en un circuito eléctrico:

$$L \frac{d^2 Q}{dt^2} + R \frac{dQ}{dt} + \frac{1}{C} Q = E(t).$$

Por otro lado, si la función desconocida depende de varias variables independientes y la ecuación incluye derivadas parciales, se considera una ecuación diferencial parcial (EDP). Ejemplos típicos de EDPs son la ecuación de conducción del calor:

$$\alpha^2 \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = \frac{\partial u}{\partial t},$$

y la ecuación de la onda:

$$\alpha^2 \frac{\partial^2 u}{\partial x^2} = \frac{\partial^2 u}{\partial t^2}.$$

- **Sistemas de Ecuaciones Diferenciales:** Cuando el problema involucra varias funciones desconocidas, se requiere un sistema de ecuaciones diferenciales. Un ejemplo importante en modelado ecológico es el sistema de ecuaciones depredador-presa de Lotka-Volterra:

$$\frac{dx}{dt} = ax - \alpha xy,$$

$$\frac{dy}{dt} = -cy + \gamma xy.$$

- **Orden de una Ecuación Diferencial:** El orden de una ecuación diferencial es el grado de la derivada más alta que aparece en la ecuación. Las ecuaciones discutidas previamente son de primer orden, mientras que la ecuación para la carga $Q(t)$ en un circuito es de segundo orden.
- **Ecuaciones Lineales y No Lineales:** Una ecuación diferencial se considera lineal si es una función lineal de la variable dependiente y sus derivadas. Por ejemplo, una ecuación diferencial ordinaria lineal de orden n tiene la forma:

$$a_0(t)y^{(n)} + a_1(t)y^{(n-1)} + \dots + a_n(t)y = g(t).$$

Una ecuación que no cumple con esta forma se clasifica como no lineal, como la ecuación del péndulo oscilante:

$$\frac{d^2 \theta}{dt^2} + \frac{g}{L} \sin \theta = 0.$$

Solución de Modelos Basados en ED Usando el Método Analítico

Los modelos continuos son herramientas fundamentales para describir sistemas en los cuales las variables de entrada y salida pueden experimentar cambios en cualquier instante de tiempo, sin restricciones a momentos específicos. Este tipo de modelado se caracteriza por el uso de variables dependientes que varían de manera continua en función de una o más variables independientes, lo que permite capturar dinámicas complejas en una amplia variedad de contextos, como la física, la biología, la economía y la ingeniería.

Una de las claves para representar estos sistemas es contar con información sobre la tasa de cambio de las variables dependientes con respecto a las independientes. Si el comportamiento del sistema se puede describir mediante una sola variable dependiente y una sola variable independiente, o un sistema sencillo, se utilizan ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden. Estas ecuaciones reflejan cómo evoluciona el sistema a lo largo del tiempo o en función de alguna otra variable. Sin embargo, hay casos más complejos donde la variable dependiente está influida por múltiples variables independientes simultáneamente, como ocurre en fenómenos que involucran espacio y tiempo. En estos escenarios, es necesario emplear ecuaciones diferenciales parciales, que permiten modelar cómo una variable depende de más de un factor independiente. Esto es especialmente relevante en sistemas como la transferencia de calor, la dinámica de fluidos o la propagación de ondas, donde las interacciones entre múltiples variables son esenciales para comprender el comportamiento del sistema [35]. Para ilustrar la resolución de modelos continuos mediante el método analítico, consideremos uno de los ejemplos más simples y ampliamente utilizados, que permite comprender de manera general los principios fundamentales de este tipo de modelos.

Desintegración Radiactiva

El método de desintegración radiactiva, desarrollado en 1947 por W.F. Libby [36], es un método que permite estimar con precisión la antigüedad de materiales arqueológicos que contienen carbono procedente del aire, como restos de plantas o fósiles. Este proceso se basa en el Carbono-14, un isótopo radiactivo generado por la interacción de neutrones provenientes de la radiación solar con átomos de nitrógeno en la atmósfera. En organismos vivos, la cantidad de C14 se mantiene en equilibrio entre su absorción y descomposición. Sin embargo, al morir el organismo, deja de absorber C14 y este comienza a desintegrarse con una vida media de 5730 años. El cálculo de la edad de una muestra se realiza midiendo la cantidad restante de C14 y comparándola con los niveles esperados en la atmósfera, utilizando modelos matemáticos que describen la descomposición radiactiva.

Dado el modelo de desintegración radiactiva:

$$\frac{dA}{dt} = -\lambda A, \quad (2.1)$$

donde A representa la cantidad de Carbono-14 en el tiempo t , y λ es la constante de desintegración, seguimos los pasos para resolver esta ecuación diferencial:

1. Reescribimos la ecuación para separar las variables:

$$\frac{dA}{A} = -\lambda dt.$$

2. Integramos ambos lados:

$$\int \frac{1}{A} dA = \int -\lambda dt.$$

3. Resolvemos las integrales:

$$\ln A = -\lambda t + C,$$

donde C es la constante de integración.

4. Exponenciamos ambos lados para despejar A :

$$A = e^{-\lambda t + C}.$$

5. Simplificamos:

$$A = A_0 e^{-\lambda t} \quad (2.2)$$

donde $A_0 = e^C$ representa la cantidad inicial de Carbono-14 en $t = 0$.

6. Utilizamos la información de la vida media del Carbono-14:

$$\frac{A_0}{2} = A_0 e^{-\lambda T},$$

donde T es la vida media y equivale a 5730 años.

7. Simplificamos la ecuación para encontrar λ :

$$\frac{1}{2} = e^{-\lambda T},$$

$$-\lambda T = \ln \frac{1}{2},$$

$$\lambda = \frac{\ln 2}{T}.$$

8. Sustituimos $T = 5730$ años:

$$\lambda = \frac{\ln 2}{5730}.$$

9. Sustituimos λ en la solución general (2.2), para obtener la solución analítica del modelo:

$$A = A_0 e^{-\frac{t \ln 2}{5730}}. \quad (2.3)$$

Con esta solución analítica podemos analizar algún caso en concreto. En nuestro caso de estudio consideraremos una cantidad inicial de Carbono-14 ($A_0 = 200$) y una constante de desintegración ($\lambda = \ln(2)/5730$), derivada de su vida media de 5730 años. El modelo describe cómo la cantidad de Carbono-14 disminuye exponencialmente con el tiempo, debido a que el organismo deja de absorberlo tras su muerte. Se analizaron los cambios desde $t = 0$ hasta $t = 20000$ años, un periodo suficientemente amplio para observar el comportamiento de la desintegración.

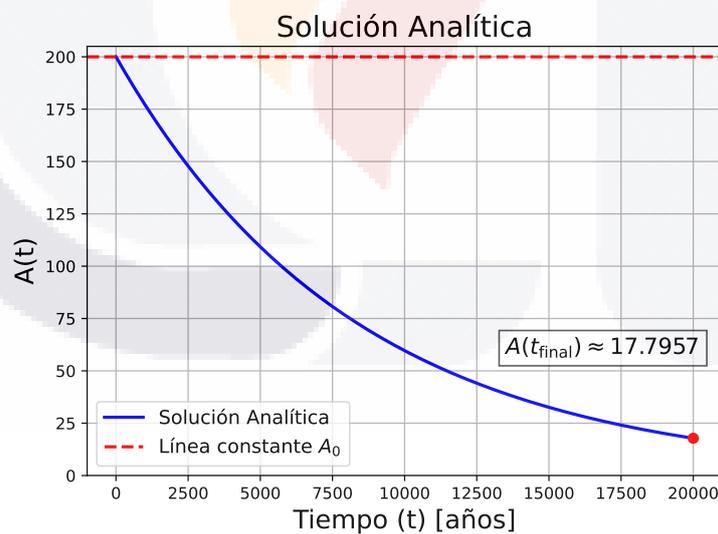


Figura 2.3: Simulación del modelo de desintegración radiactiva por el método analítico

En la Figura 2.3 podemos observar cómo la gráfica resultante muestra la evolución de la cantidad de Carbono-14 ($A(t)$) en función del tiempo, revelando su reducción progresiva y exponencial. La línea inicial constante en A_0 sirve como referencia para observar la disminución respecto a su valor original. Este análisis confirma que el modelo describe con precisión el proceso radiactivo, permitiendo predecir la cantidad restante de Carbono-14 en cualquier instante y, por ende, estimar la antigüedad de materiales orgánicos en contextos arqueológicos o científicos.

Solución de Modelos Basados en ED Usando Métodos Numéricos

Aunque la gráfica de la Figura 2.3 basada en la solución analítica del modelo de desintegración radiactiva puede ser considerada como una solución exacta, la mayoría de los modelos basados en ecuaciones diferenciales no tiene una solución analítica, ya sea por la dificultad intrínseca del modelo o por la capacidad de computación que se requeriría para resolver cada paso, esto nos lleva a métodos de integración numérica con los que se suelen resolver este tipo de problemas.

Métodos Numéricos: Euler

El método de Euler [33], es una técnica numérica básica para la resolución de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDOs) que partan de una condición inicial conocida. Se clasifica dentro de los métodos numéricos como un procedimiento de primer orden, lo que significa que su error global de aproximación es proporcional al tamaño del paso utilizado en las iteraciones. Aunque simple, este método sienta las bases para comprender técnicas más avanzadas y sofisticadas de resolución de EDOs.

El método se fundamenta en la idea de que, dada una EDO de la forma $y' = f(x, y)$ con una condición inicial $y(x_0) = y_0$, se puede aproximar la derivada y' en el punto x_0 por el cociente incremental $\frac{\Delta y}{\Delta x}$. Así, se estima el valor de y en un punto siguiente $x_1 = x_0 + h$ como:

$$y_1 = y_0 + hf(x_0, y_0).$$

Aquí h , es el tamaño del paso elegido para avanzar de x_0 a x_1 , y $f(x_0, y_0)$ es el valor de la derivada en el punto inicial. Repitiendo este proceso iterativamente, se pueden obtener aproximaciones sucesivas de y en puntos x_2, x_3, \dots

Por ejemplo, consideremos la ecuación de la desintegración radiactiva (2.1), que tiene la solución analítica $A(t) = A_0 e^{-\frac{t \ln 2}{5730}}$ (2.3), cuando la condición inicial es $A_0 = 200$. Queremos aproximar el valor de A en $t = 20000$ usando el método de Euler con un paso de $h = 1000$.

El método de Euler tiene la siguiente forma general:

$$A_{n+1} = A_n + h \cdot f(t_n, A_n),$$

en este caso particular, $f(t, A) = -\lambda A$, por lo tanto:

$$A_{n+1} = A_n(1 - h\lambda).$$

A continuación, se presentan los primeros pasos del cálculo:

▪ **Inicio:** con $t_0 = 0$, $h = 1000$, $A_0 = 200$, $\lambda = \frac{\ln 2}{5730}$

▪ **Primer paso** ($t_1 = 1000$):

$$A_1 = A_0(1 - h\lambda) = 200 \cdot (1 - 1000 \cdot \lambda) \approx 175.8064.$$

▪ **Segundo paso** ($t_2 = 2000$):

$$A_2 = A_1(1 - h\lambda) \approx 175.8064 \cdot (1 - 1000 \cdot \lambda) \approx 154.5394.$$

▪ **Tercer paso** ($t_3 = 3000$):

$$A_3 = A_2(1 - h\lambda) \approx 154.5394 \cdot (1 - 1000 \cdot \lambda) \approx 135.8451.$$

▪ ...

Siguiendo este procedimiento, es posible calcular todos los valores necesarios hasta alcanzar:

$$A_{20} \approx 15.1748,$$

Mientras que la solución exacta es:

$$A_{final} \approx 17.7957.$$

Aunque existe una pequeña discrepancia entre ambas soluciones, el método de Euler proporciona una estimación razonable del comportamiento de la desintegración, especialmente considerando el tamaño de paso utilizado. Esta diferencia se debe al error inherente del método y puede reducirse al usar un paso más pequeño.

El método de Euler, aunque simple y directo, tiene limitaciones en términos de precisión y estabilidad, especialmente para pasos grandes h y para problemas donde la solución cambia rápidamente o es *rígida*.

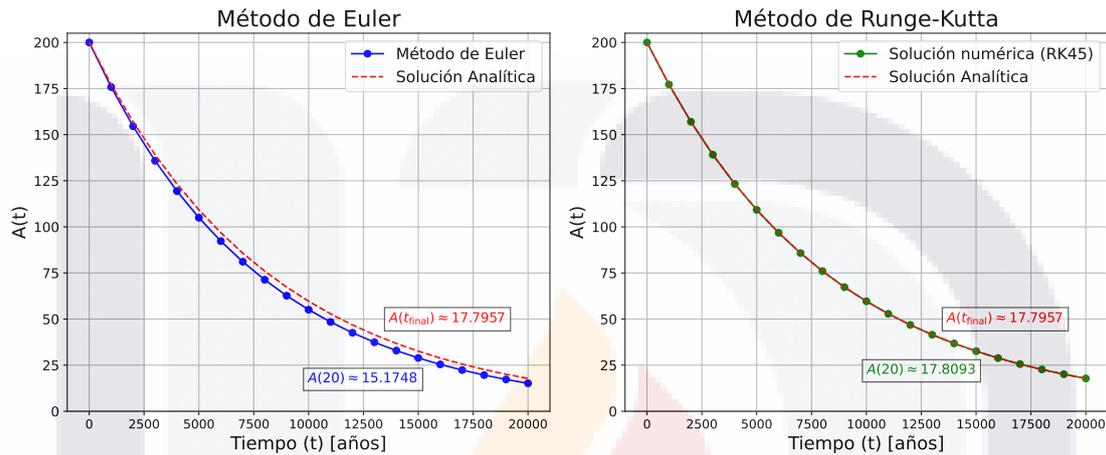


Figura 2.4: Solución del modelo de desintegración radiactiva: se muestra la solución analítica en color rojo, la solución mediante el método de Euler en azul y la solución obtenida con el método de Runge-Kutta en color verde.

Métodos Numéricos: Runge-Kutta

En este trabajo, se empleará el método de Runge-Kutta [37], debido a sus ventajas en la solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDOs). Este método ha demostrado ser altamente eficiente en términos de precisión y estabilidad, lo que lo hace ideal para problemas de valor inicial con soluciones de comportamiento complejo.

Para ilustrar el uso del método de Runge-Kutta, consideremos la ecuación de la desintegración radiactiva (2.1), que tiene la solución analítica $A(t) = A_0 e^{-\frac{t \ln 2}{5730}}$ (2.3).

$$A' = -\lambda A, \quad A_0 = 200,$$

El método de Runge-Kutta de Dormand-Prince realiza una combinación de eva-

luaciones intermedias de la función para estimar el valor de la solución en cada paso.

- **Paso 1:** Inicialización con $t_0 = 0, h = 1000, A_0 = 200$.
- **Paso 2:** Se calculan los coeficientes k_i evaluando la función de desintegración en distintos puntos intermedios:

$$k_1 = h \cdot f(t_0, A_0),$$

$$k_2 = h \cdot f(t_0 + c_1h, A_0 + a_{21}k_1),$$

$$k_3 = h \cdot f(t_0 + c_2h, A_0 + a_{31}k_1 + a_{32}k_2),$$

$$k_4 = h \cdot f(t_0 + c_3h, A_0 + a_{41}k_1 + a_{42}k_2 + a_{43}k_3),$$

$$k_5 = h \cdot f(t_0 + c_4h, A_0 + a_{51}k_1 + a_{52}k_2 + a_{53}k_3 + a_{54}k_4),$$

$$k_6 = h \cdot f(t_0 + c_5h, A_0 + a_{61}k_1 + a_{62}k_2 + a_{63}k_3 + a_{64}k_4 + a_{65}k_5),$$

- **Paso 3:** A partir de estos coeficientes, se estima el valor de A en el siguiente punto temporal:

$$A_1 = A_0 + b_1k_1 + b_2k_2 + b_3k_3 + b_4k_4 + b_5k_5 + b_6k_6.$$

- **Paso 4:** El proceso se repite para los valores sucesivos de t hasta alcanzar el tiempo final. Esto permite construir una aproximación precisa del comportamiento exponencial decreciente de la desintegración radiactiva.

Los coeficientes a_{ij} , b_i y c_i en los métodos de Runge-Kutta se calculan resolviendo un sistema de ecuaciones no lineales derivado de las condiciones de orden, que garantizan que el método tenga un cierto nivel de precisión. Estas condiciones se obtienen al comparar la expansión en serie de Taylor de la solución exacta con la de la solución numérica.

Los coeficientes c_i representan los puntos intermedios donde se evalúa la función, a_{ij} determinan cómo se combinan las evaluaciones en cada etapa, y b_i son los pesos para combinar las etapas y obtener la solución final. El diseño de estos coeficientes implica resolver las condiciones de orden y, en algunos casos, optimizarlos para mejorar propiedades como la estabilidad o minimizar el error.

El cálculo de esta solución de forma manual es complejo y costoso. Por esta razón, en este trabajo se empleará la librería *scipy.integrate* y su función *solve_ivp*

en Python, la cual se basa en el método de *RK45* Runge-Kutta explícito de orden 5(4) [37].

Utilizando esta librería con el método *RK45*, obtenemos los siguientes resultados para cada paso de 1000 años:

$$A_0 = 200.000000,$$

$$A_1 = 177.211037,$$

$$A_2 = 157.006885,$$

$$A_3 = 139.106527,$$

...

Al comparar con la solución exacta $A_{final} \approx 17.7957$, se observa que el error es mínimo, lo que evidencia la alta precisión del método. En este caso, la solución obtenida numéricamente es $A_{20} \approx 17.8093$, como se muestra en la Figura 2.4.

Este método controla el error asumiendo la precisión de un método de cuarto orden, pero realiza los pasos utilizando una fórmula de quinto orden (se aplica extrapolación local). Para la salida densa, se emplea un polinomio de interpolación de cuarto grado.

Si bien esta es la opción por defecto, *solve_ivp* también ofrece otros métodos adecuados según el problema a resolver. Entre ellos se encuentran *RK23*, un método explícito de Runge-Kutta de orden 3(2); *DOP853*, una implementación de Runge-Kutta de orden 8 basada en el algoritmo *DOP853* escrito en Fortran; *Radau*, un método implícito de la familia Radau IIA de orden 5; *BDF*, un esquema multipasos implícito de orden variable (1 a 5) basado en la diferenciación hacia atrás; y *LSODA*, un método que combina Adams y BDF con detección automática de rigidez. Cada uno de estos métodos ofrece ventajas específicas en términos de precisión, estabilidad y aplicabilidad en el dominio complejo.

Capítulo 3

Modelos Epidemiológicos

La epidemiología matemática emplea modelos matemáticos para prever la evolución de una enfermedad infecciosa y evaluar el impacto de distintas estrategias de control.

En los modelos epidemiológicos, la población se divide en tres categorías principales: la clase de individuos susceptibles, representada como $S(t)$, que incluye a las personas aún no infectadas pero con riesgo de contraer la enfermedad; la clase de individuos infectados, $I(t)$, que agrupa a quienes han contraído la infección y pueden propagarla; y la clase de individuos recuperados, $R(t)$, que comprende a aquellos que han superado la enfermedad y han desarrollado inmunidad [35].

Dependiendo de las características específicas de una enfermedad, es posible incorporar o adaptar las clases para modificar el enfoque de estudio en cada modelo. Sin embargo, la idea principal de dichos modelos se basa en la susceptibilidad del individuo, la infección, y su recuperación.

3.1. Modelo SIS

El modelo SIS (Susceptible-Infectado-Susceptible) fue formalizado entre las décadas de 1920 y 1930. Este modelo describe dos posibles estados en los que puede encontrarse un individuo: susceptible, cuando está sano pero en riesgo de contraer la enfermedad, e infectado, cuando ha contraído la infección. Se asume que, tras recuperarse, los individuos no adquieren inmunidad, por lo que pueden volver a ser

susceptibles y reinfectarse.

La dinámica del modelo puede comprenderse de manera más clara a través del diagrama de flujo mostrado en la Figura 3.1. En este esquema, se observa que un individuo inicia en el estado de susceptible o sano, y mediante una tasa de infección, puede pasar al estado de infectado. Posteriormente, a través de una tasa de recuperación, el individuo retorna al estado de susceptible. Este modelo matemático, basado en ecuaciones diferenciales [38], describe la tasa de cambio entre cada estado y su evolución a lo largo del tiempo.

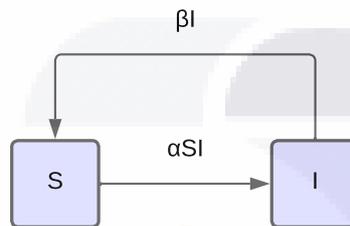


Figura 3.1: Diagrama de flujo del modelo SIS

Ecuaciones del Modelo SIS

El modelo SIS (*Susceptible-Infected-Susceptible*) se describe mediante un sistema de ecuaciones diferenciales que representan la tasa de cambio de las poblaciones susceptibles e infectadas a lo largo del tiempo. Este modelo asume que los individuos infectados pueden recuperarse, pero no adquieren inmunidad, por lo que regresan al estado susceptible.

Las ecuaciones del modelo se expresan de la siguiente manera:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\alpha SI + \beta I, \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha SI - \beta I. \end{aligned} \tag{3.1}$$

Donde:

- $S(t)$ representa la cantidad de individuos susceptibles en el tiempo t .
- $I(t)$ representa la cantidad de individuos infectados en el tiempo t .

- α es la tasa de infección, que determina la probabilidad de que un individuo susceptible se convierta en infectado por interacción con otro infectado.
- β es la tasa de recuperación, que indica la velocidad con la que los infectados regresan al estado susceptible.

En el sistema de ecuaciones (3.1) la primer ecuación de $\frac{dS}{dt}$ representa la disminución de individuos susceptibles debido a nuevas infecciones, mientras que el segundo término indica el aumento de susceptibles debido a la recuperación de los infectados. De manera análoga, en el sistema de ecuaciones (3.1) la segunda ecuación de $\frac{dI}{dt}$ muestra el crecimiento de la población infectada a través del contagio y su disminución debido a la recuperación.

Este sistema permite modelar la dinámica de enfermedades infecciosas en poblaciones donde la reinfección es posible y la inmunidad no se adquiere tras la recuperación.

Caso de Estudio Modelo SIS

Para simular el modelo SIS usando el sistema de ecuaciones (3.1), es necesario indicar las condiciones iniciales. En esta simulación se usan las condiciones iniciales basadas en el estudio de modelos epidemiológicos básicos [39]. Estas condiciones se han adaptado para una población de 10,000 individuos y un período de simulación de 200 días. Dichas condiciones serán empleadas no solo en este modelo, sino también en todos los modelos subsiguientes, asegurando consistencia en las simulaciones a lo largo de nuestro estudio. Utilizando las condiciones iniciales mostradas en la Tabla 3.1.

Parámetro	Símbolo	Valor
Tasa de infección	α	0.0001
Tasa de recuperación	β	0.4
Susceptibles iniciales	S_0	8,500
Infectados iniciales	I_0	1,500
Población total	N	10,000

Tabla 3.1: Condiciones iniciales del modelo SIS utilizadas en el caso de estudio.

La gráfica en la Figura 3.2, muestra la evolución de las poblaciones susceptibles e infectadas a lo largo del tiempo. Se observa lo siguiente:

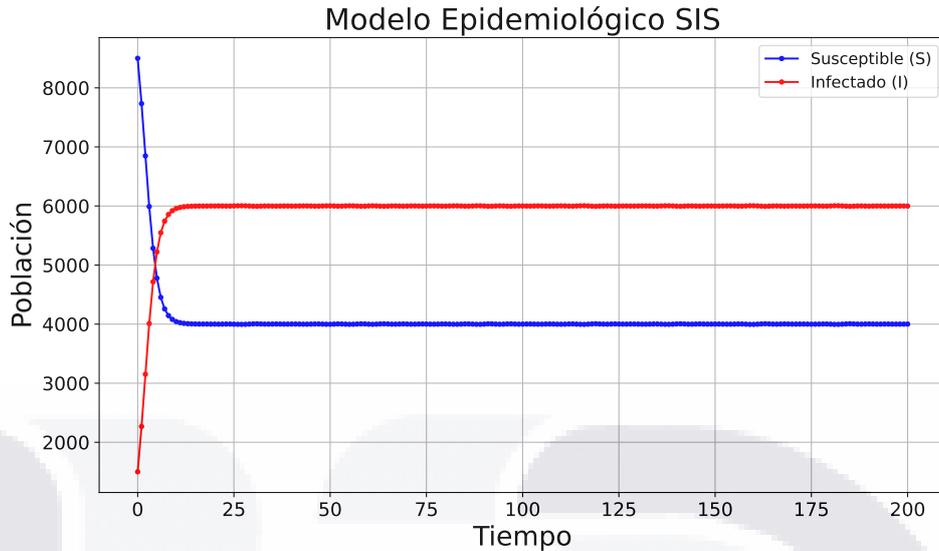


Figura 3.2: Caso de estudio del modelo SIS, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.1

- Inicialmente, la población susceptible es alta y decrece conforme aumenta el número de infectados, debido al proceso de transmisión de la enfermedad.
- A medida que la simulación avanza, la cantidad de infectados crece hasta alcanzar un punto máximo, tras el cual comienza a disminuir debido a la recuperación de individuos.
- Finalmente, el sistema tiende a un equilibrio en el que los individuos recuperados e infectados se compensan, manteniendo un número estable de individuos en cada estado.

Propiedades del Modelo Matemático

El modelo SIS nos permite analizar propiedades clave del sistema, como los puntos de equilibrio y la estabilidad de la infección en la población.

Punto de Equilibrio

El equilibrio del sistema se alcanza cuando la cantidad de individuos en cada estado deja de cambiar con el tiempo. Matemáticamente, esto significa que las derivadas deben ser iguales a cero:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\alpha SI + \beta I = 0, \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha SI - \beta I = 0.\end{aligned}$$

Vamos a determinar los puntos de equilibrio. De la ecuación para los susceptibles:

$$-\alpha SI + \beta I = 0.$$

Factorizando I :

$$I(-\alpha S + \beta) = 0.$$

Esto nos da dos posibles soluciones:

1. $I = 0$, lo que indica la erradicación de la enfermedad.
2. $-\alpha S + \beta = 0$, que al despejar para S da:

$$S = \frac{\beta}{\alpha}.$$

Como $S + I = N$, podemos despejar I :

$$I = N - \frac{\beta}{\alpha}.$$

Esto significa que, en equilibrio, la proporción de individuos susceptibles está determinada por la relación entre la tasa de recuperación β y la tasa de transmisión α , mientras que el número de infectados es el restante de la población total N .

Sustituyendo los valores $\beta = 0.4$ y $\alpha = 0.0001$, obtenemos:

$$S(t) = \frac{0.4}{0.0001} = 4000.$$

Esto significa que en el equilibrio, aproximadamente **4000 individuos** permanecen en la clase de susceptibles. Como el modelo considera una población total de $N = 10,000$, la cantidad de infectados en el equilibrio es el restante de la población:

$$I(t) = N - S(t) = 10,000 - 4000 = 6000.$$

Como se puede observar, los resultados analíticos obtenidos para el punto de equilibrio de ambos estados concuerdan con la solución numérica presentada en la Figura 3.2.

Número de Reproducción Básica o Estabilidad

El número de reproducción básica R_b es un indicador clave en epidemiología matemática, ya que determina la estabilidad del sistema [38].

La interpretación de R_b es la siguiente:

- Si $R_b > 1$, la infección se mantiene en la población y la cantidad de infectados no disminuye naturalmente.
- Si $R_b \leq 1$, la enfermedad desaparece con el tiempo, ya que los individuos infectados no generan suficientes nuevos casos para sostener la transmisión.

Se obtiene a partir de la ecuación de los infectados:

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

Factorizando I :

$$\frac{dI}{dt} = I(\alpha S - \beta).$$

Para que la infección crezca en la población:

$$I(\alpha S - \beta) > 0.$$

Dado que $I > 0$, la condición para la propagación de la infección es:

$$\alpha S - \beta > 0.$$

En el inicio del brote, la población es mayormente susceptible, por lo que asumimos $S \approx N$. Sustituyendo:

$$\alpha N - \beta > 0.$$

Dividiendo por β :

$$\frac{\alpha N}{\beta} > 1.$$

Definimos el número de reproducción básica:

$$R_b = \frac{\alpha N}{\beta}$$

Sustituyendo los valores:

$$R_b = \frac{(0.0001)(10,000)}{0.4} = 2.5.$$

Este resultado nos indica que cada individuo infectado transmite la enfermedad, en promedio, a **2.5 personas adicionales**. La interpretación de R_b es la siguiente:

- Si $R_b > 1$, la infección se mantiene en la población y la cantidad de infectados no disminuye naturalmente.

- Si $R_b \leq 1$, la enfermedad desaparece con el tiempo, ya que los individuos infectados no generan suficientes nuevos casos para sostener la transmisión.

Dado que en este caso $R_b = 2.5 > 1$, podemos concluir que la enfermedad se mantendrá dentro de la población a largo plazo.

Este análisis nos permite comprender cómo la tasa de transmisión y recuperación influyen en la propagación de la enfermedad.

3.2. Modelo SIR

El modelo SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado) considera también el estado de recuperado (además de los estados susceptible e infectado), que se obtiene cuando un individuo ha superado la enfermedad y ha adquirido inmunidad, por lo que no puede volver a infectarse

La dinámica del modelo puede comprenderse de manera más clara a través del diagrama de flujo mostrado en la Figura 3.3. En este esquema, se observa que un individuo inicia en el estado de susceptible y, mediante una tasa de infección, puede pasar al estado de infectado. Posteriormente, a través de una tasa de recuperación, el individuo transita al estado de recuperado, donde se asume que obtiene inmunidad temporal. Este modelo matemático, basado en ecuaciones diferenciales [40], describe la tasa de cambio entre cada estado y su evolución a lo largo del tiempo.

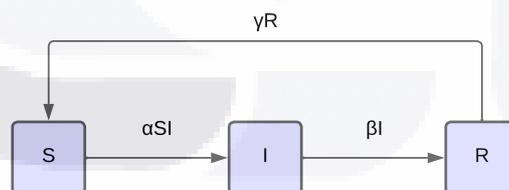


Figura 3.3: Diagrama de flujo del modelo SIR

Ecuaciones del Modelo SIR

El modelo SIR se describe mediante un sistema de ecuaciones diferenciales que representan la tasa de cambio de las poblaciones susceptibles, infectadas y recupe-

radas a lo largo del tiempo. Las ecuaciones del modelo se expresan de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\alpha SI + \gamma R, \\ \frac{dI}{dt} &= \alpha SI - \beta I, \\ \frac{dR}{dt} &= \beta I - \gamma R.\end{aligned}\tag{3.2}$$

Donde:

- $S(t)$ representa la cantidad de individuos susceptibles en el tiempo t .
- $I(t)$ representa la cantidad de individuos infectados en el tiempo t .
- $R(t)$ representa la cantidad de individuos recuperados en el tiempo t .
- α es la tasa de infección, que determina la probabilidad de que un individuo susceptible se convierta en infectado por interacción con otro infectado.
- β es la tasa de recuperación, que indica la velocidad con la que los infectados pasan al estado recuperado.
- γ es la tasa de pérdida de inmunidad, que representa la transición de individuos recuperados de vuelta al estado susceptible.

En el sistema de ecuaciones (3.2) la primer ecuación de $\frac{dS}{dt}$ representa la disminución de individuos susceptibles debido a nuevas infecciones, mientras que el segundo término indica el aumento de susceptibles debido a la pérdida de inmunidad en los recuperados.

De manera análoga, en el sistema de ecuaciones (3.2) la segunda ecuación de $\frac{dI}{dt}$ muestra el crecimiento de la población infectada a través del contagio y su disminución debido a la recuperación.

Por último, en el sistema de ecuaciones (3.2) la tercera ecuación de $\frac{dR}{dt}$ describe la dinámica de los individuos recuperados, quienes aumentan cuando los infectados sanan y disminuyen cuando pierden inmunidad y regresan al estado susceptible.

Este sistema permite modelar la dinámica de enfermedades infecciosas en poblaciones donde la inmunidad no es permanente, permitiendo que los individuos recuperados vuelvan a ser susceptibles.

Caso de Estudio Modelo SIR

Las condiciones iniciales utilizadas en esta simulación están basadas en el estudio de modelos epidemiológicos básicos [39]. Para resolver nuestro caso de estudio utilizaremos las condiciones iniciales mostradas en la Tabla 3.2.

Parámetro	Símbolo	Valor
Tasa de infección	α	0.0001
Tasa de recuperación	β	0.12
Tasa de pérdida de inmunidad	γ	0.08
Susceptibles iniciales	S_0	8,500
Infectados iniciales	I_0	1,500
Recuperados iniciales	R_0	0
Población total	N	10,000

Tabla 3.2: Condiciones iniciales del modelo SIR utilizadas en el caso de estudio.

La gráfica en la Figura 3.4 muestra la evolución de las poblaciones susceptibles, infectadas y recuperadas a lo largo del tiempo. Se observa lo siguiente:

- Inicialmente, la población susceptible es alta y decrece conforme aumenta el número de infectados debido a la propagación de la enfermedad.
- La cantidad de infectados crece rápidamente y alcanza un pico antes de comenzar a disminuir a medida que los individuos se recuperan.
- La población recuperada aumenta conforme los infectados sanan, pero eventualmente algunos individuos pierden inmunidad y regresan al estado susceptible, permitiendo que el ciclo de infecciones continúe.

Propiedades del Modelo Matemático

El modelo SIR nos permite analizar propiedades clave del sistema, como los puntos de equilibrio y la estabilidad de la infección en la población.

Punto de Equilibrio

Podemos determinar el punto de equilibrio para el estado susceptible (S) de manera similar a como se hace en el modelo SIS, obteniendo la siguiente ecuación:

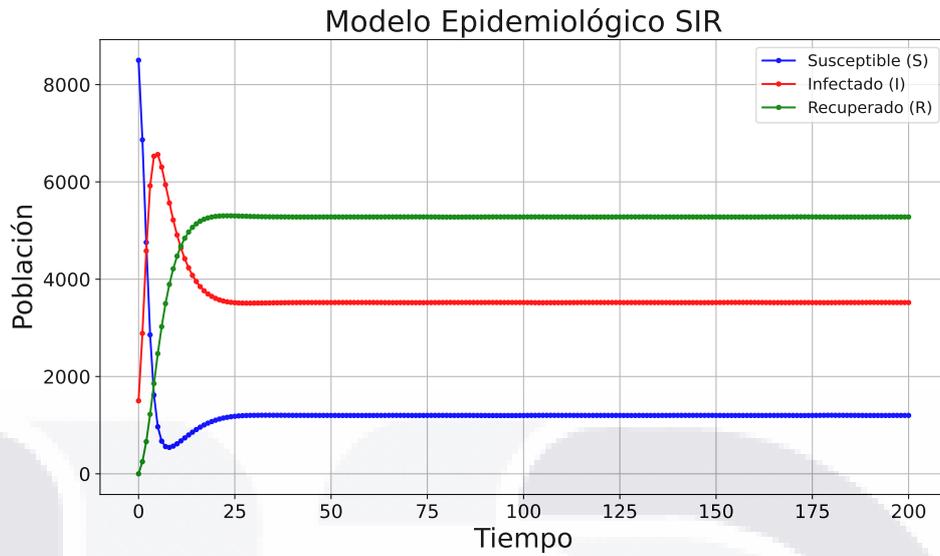


Figura 3.4: Caso de estudio del modelo SIR, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.2

$$S = \frac{\beta}{\alpha}.$$

Al sustituir las respectivas tasas en la ecuación, se obtiene:

$$S = \frac{0.12}{0.0001} = 1200.$$

De la ecuación de los recuperados:

$$\beta I - \gamma R = 0.$$

Despejando R :

$$R = \frac{\beta I}{\gamma}.$$

Sabemos que la población total es:

$$N = S + I + R.$$

Despejamos I :

$$I = N - S - R.$$

Sustituyendo el valor de S :

$$I = N - \frac{\beta}{\alpha} - R.$$

Sustituyendo $R = \frac{\beta I}{\gamma}$:

$$I = N - \frac{\beta}{\alpha} - \frac{\beta I}{\gamma}.$$

Factorizando I :

$$I \left(1 + \frac{\beta}{\gamma} \right) = N - \frac{\beta}{\alpha}.$$

Despejando I :

$$I = \frac{N - \frac{\beta}{\alpha}}{1 + \frac{\beta}{\gamma}}.$$

Sustituyendo los valores $\beta = 0.12$, $\alpha = 0.0001$, $\gamma = 0.08$ y $N = 10,000$:

$$I = \frac{10,000 - 1200}{1 + \frac{0.12}{0.08}} = \frac{8800}{1 + 1.5}.$$

$$I = \frac{8800}{2.5} = 3520.$$

Usamos la ecuación:

$$R = \frac{\beta I}{\gamma}.$$

Sustituyendo los valores:

$$R = \frac{0.12 \times 3520}{0.08} = \frac{422.4}{0.08} = 5280.$$

Los valores de equilibrio del sistema son:

- $S = 1200$ individuos susceptibles.
- $I = 3520$ individuos infectados.
- $R = 5280$ individuos recuperados.

Estos valores indican que la enfermedad se mantiene en la población sin erradicarse completamente, debido a la reinfección por pérdida de inmunidad.

Número de Reproducción Básica o Estabilidad

En nuestro modelo SIR, el número de reproducción básica R_b se calcula de manera análoga al modelo SIS. La expresión matemática de R_b está dada por:

$$R_b = \frac{\alpha N}{\beta}.$$

Sustituyendo en la ecuación:

$$R_b = \frac{(0.0001)(10,000)}{0.12} = \frac{1}{0.12} = 8.33.$$

Este resultado indica que, en promedio, cada individuo infectado transmitirá la enfermedad a aproximadamente 8.33 personas adicionales en una población completamente susceptible.

Dado que en nuestro modelo $R_b > 1$, la infección persistirá dentro de la población, lo que significa que la enfermedad no se erradicará naturalmente y continuará propagándose si no se toman medidas de control.

3.3. Modelo SEAIR

El modelo SEAIR (*Susceptible-Expuesto-Asintomático-Infectado-Recuperado*) es una extensión de los modelos epidemiológicos tradicionales, incorporando una fase de exposición y una categoría de individuos asintomáticos. Este modelo describe cinco posibles estados en los que puede encontrarse un individuo.

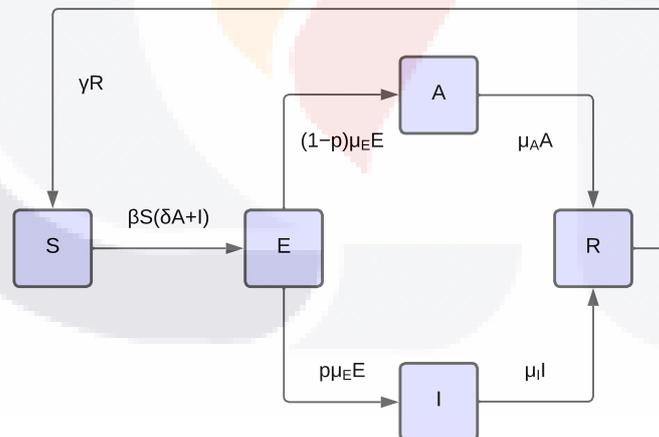


Figura 3.5: Diagrama de flujo del modelo SEAIR

La dinámica del modelo puede comprenderse de manera más clara a través del diagrama de flujo mostrado en la Figura 3.5. En este esquema, se observa que un

individuo inicia en el estado de susceptible y, mediante una tasa de infección, puede pasar al estado de expuesto. Posteriormente, los individuos expuestos pueden evolucionar a la fase de asintomáticos o directamente a la fase de infectados. Los asintomáticos pueden eventualmente desarrollar síntomas y convertirse en infectados, o recuperarse sin presentar síntomas. Finalmente, los infectados sintomáticos pasan al estado de recuperados a través de una tasa de recuperación.

Este modelo matemático, basado en ecuaciones diferenciales [41], describe la tasa de cambio entre cada estado y su evolución a lo largo del tiempo. Su uso es relevante en el estudio de enfermedades en las que los individuos pueden estar infectados sin mostrar síntomas, lo que dificulta su control y contención.

Ecuaciones del Modelo SEAIR

El modelo SEAIR se describe mediante un sistema de ecuaciones diferenciales que representan la tasa de cambio de las poblaciones susceptibles, expuestas, asintomáticas, infectadas y recuperadas a lo largo del tiempo. A diferencia del modelo SIS, este modelo introduce una fase de exposición antes de que los individuos desarrollen síntomas y considera la existencia de individuos asintomáticos que pueden propagar la enfermedad sin presentar síntomas.

Las ecuaciones del modelo se expresan de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
 \frac{dS}{dt} &= -\beta S(\delta A + I) + \gamma R, \\
 \frac{dE}{dt} &= \beta S(\delta A + I) - \mu_E E, \\
 \frac{dA}{dt} &= (1 - p)\mu_E E - \mu_A A, \\
 \frac{dI}{dt} &= p\mu_E E - \mu_I I, \\
 \frac{dR}{dt} &= \mu_A A + \mu_I I - \gamma R.
 \end{aligned} \tag{3.3}$$

Donde:

- $S(t)$ representa la cantidad de individuos susceptibles en el tiempo t .
- $E(t)$ representa la cantidad de individuos expuestos, es decir, aquellos que han sido infectados pero aún no son contagiosos.

- $A(t)$ representa la cantidad de individuos asintomáticos, quienes pueden contagiar la enfermedad sin presentar síntomas.
- $I(t)$ representa la cantidad de individuos infectados sintomáticos, quienes pueden transmitir la enfermedad y presentan síntomas visibles.
- $R(t)$ representa la cantidad de individuos recuperados, quienes han superado la infección y pueden o no adquirir inmunidad temporal.
- β es la tasa de transmisión, que determina la probabilidad de que un individuo susceptible se infecte tras el contacto con una persona infectada o asintomática.
- δ es un modificador que ajusta la infectividad de los asintomáticos en comparación con los infectados sintomáticos.
- μ_E es la tasa de progresión desde el estado expuesto al estado infectado o asintomático.
- p es la proporción de individuos expuestos que desarrollan síntomas y pasan al estado infectado.
- μ_A es la tasa de recuperación o progresión de los individuos asintomáticos.
- μ_I es la tasa de recuperación de los individuos infectados sintomáticos.
- γ es la tasa de pérdida de inmunidad, que representa la transición de individuos recuperados de vuelta al estado susceptible.

En el sistema de ecuaciones (3.3) la primer ecuación de $\frac{dS}{dt}$ representa la disminución de individuos susceptibles debido a nuevas infecciones, mientras que el segundo término indica el aumento de susceptibles debido a la pérdida de inmunidad en los recuperados.

De manera análoga:

- La ecuación de $\frac{dE}{dt}$ describe el aumento de los individuos expuestos debido a la infección y su disminución conforme avanzan a las etapas asintomática o sintomática.
- La ecuación de $\frac{dA}{dt}$ modela la evolución de los asintomáticos, quienes pueden recuperarse o desarrollar síntomas.
- La ecuación de $\frac{dI}{dt}$ muestra el crecimiento de la población infectada a través del contagio y su disminución debido a la recuperación.

- Finalmente, la ecuación de $\frac{dR}{dt}$ describe la dinámica de los individuos recuperados, quienes aumentan cuando los infectados sanan y disminuyen cuando pierden inmunidad y regresan al estado susceptible.

Este sistema permite modelar la dinámica de enfermedades infecciosas en poblaciones donde los individuos pueden estar infectados sin mostrar síntomas, lo que dificulta su detección y control. Su aplicación es relevante en el estudio de epidemias en las que la transmisión asintomática juega un papel fundamental en la propagación del virus.

Caso de Estudio Modelo SEAIR

Las condiciones iniciales utilizadas en esta simulación están basadas en el estudio de un modelo SEAIR [42]. Para resolver nuestro caso de estudio utilizaremos las condiciones iniciales mostradas en la Tabla 3.3.

Parámetro	Símbolo	Valor
Tasa de infección	β	0.0004
Tasa de pérdida de inmunidad	γ	0.25
Tasa de exposición	δ	0.03
Tasa de progresión (expuestos)	μ_E	0.012
Tasa de recuperación (infectados)	μ_I	0.1
Tasa de recuperación (asintomáticos)	μ_A	0.2
Proporción de casos asintomáticos	p	0.6
Susceptibles iniciales	S_0	8,500
Expuestos iniciales	E_0	1,000
Asintomáticos iniciales	A_0	100
Infectados iniciales	I_0	400
Recuperados iniciales	R_0	0
Población total	N	10,000

Tabla 3.3: Condiciones iniciales y tasas de transición del modelo SEAIR utilizadas en el caso de estudio.

En este caso, el cálculo de los puntos de equilibrio y su estabilidad resulta más complejo de realizar de forma analítica. Sin embargo, la gráfica en la Figura 3.6

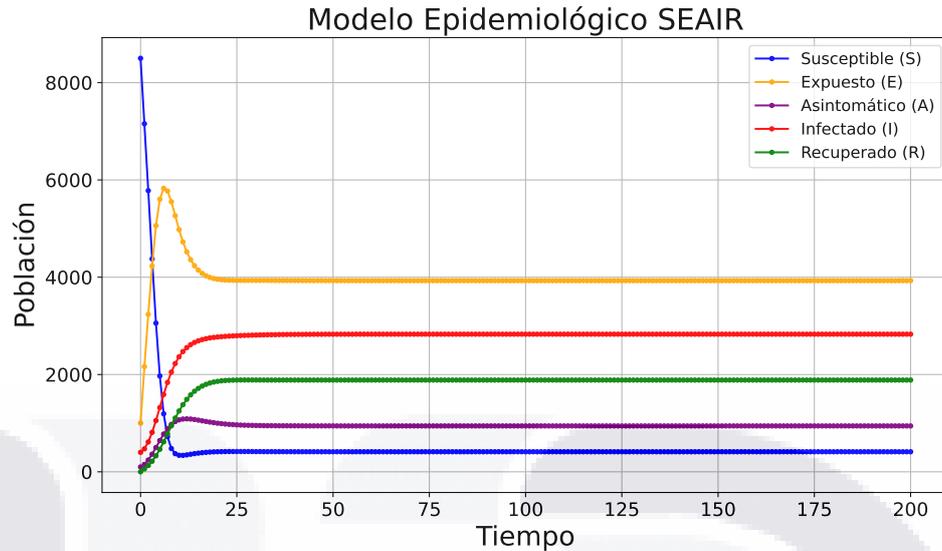


Figura 3.6: Caso de estudio del modelo SEAIR, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.3

muestra la evolución de las poblaciones susceptibles, expuestas, asintomáticas, infectadas y recuperadas a lo largo del tiempo. A partir de dicha gráfica, se pueden observar los siguientes comportamientos:

- Inicialmente, la población susceptible es alta y decrece conforme aumenta el número de expuestos y, posteriormente, infectados.
- La cantidad de expuestos crece debido a la propagación de la enfermedad, posteriormente se convierten en asintomáticos o infectados.
- Los individuos asintomáticos juegan un papel clave en la propagación de la enfermedad debido a su transmisibilidad moderada.
- La población recuperada aumenta conforme los individuos sanan, pero eventualmente algunos pierden inmunidad y regresan al estado susceptible, permitiendo que el ciclo de infecciones continúe.

3.4. Modelo VSEIQR

El modelo VSEIQR (Vacunados-Susceptibles-Expuestos-Infectados-En Cuarentena-Recuperados) describe seis posibles estados en los que puede encontrarse un individuo. La dinámica del modelo puede comprenderse de manera más clara a través del diagrama de flujo mostrado en la Figura 3.7. En este esquema, se observa cómo un individuo puede transitar entre los diferentes estados dependiendo de las tasas de infección, vacunación, exposición, cuarentena y recuperación. Este modelo matemático, basado en ecuaciones diferenciales [14], describe la tasa de cambio entre cada estado y su evolución a lo largo del tiempo.

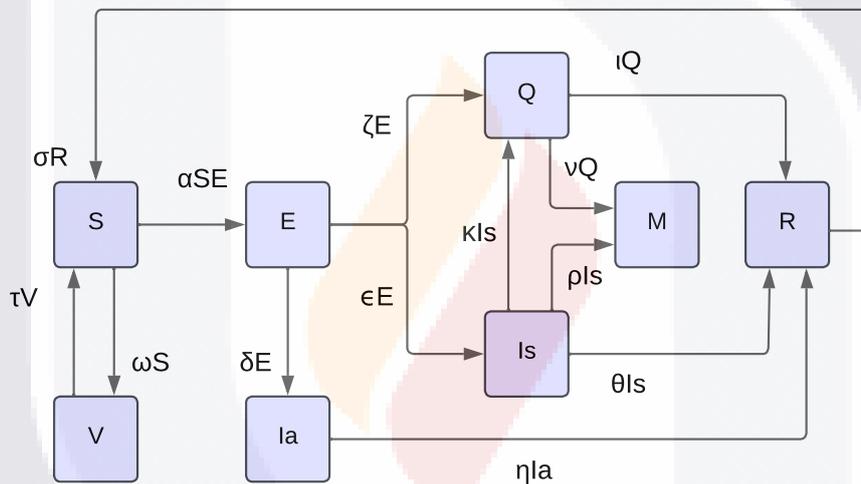


Figura 3.7: Diagrama de flujo del modelo VSEIQR

Ecuaciones del Modelo VSEIQR

El modelo VSEIQR se describe mediante un sistema de ecuaciones diferenciales que representan la tasa de cambio de las poblaciones involucradas a lo largo del tiempo. Este modelo incorpora estados que permiten modelar la vacunación, la cuarentena y la mortalidad en la propagación de la enfermedad.

Las ecuaciones del modelo se expresan de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= \sigma R - \alpha SE + \tau V - \omega S, \\
\frac{dV}{dt} &= \omega S - \tau V, \\
\frac{dE}{dt} &= \alpha SE - (\zeta + \epsilon + \delta)E, \\
\frac{dI_A}{dt} &= \delta E - \eta I_A, \\
\frac{dQ}{dt} &= \zeta E + \kappa I_S - (\iota + \nu)Q, \\
\frac{dI_S}{dt} &= \epsilon E - (\kappa + \rho + \theta)I_S, \\
\frac{dR}{dt} &= \iota Q + \theta I_S + \eta I_A - \sigma R, \\
\frac{dM}{dt} &= \nu Q + \rho I_S.
\end{aligned} \tag{3.4}$$

Donde:

- $S(t)$ representa la cantidad de individuos susceptibles en el tiempo t .
- $V(t)$ representa la cantidad de individuos vacunados en el tiempo t .
- $E(t)$ representa la cantidad de individuos expuestos en el tiempo t .
- $I_A(t)$ representa la cantidad de individuos infectados asintomáticos en el tiempo t .
- $I_S(t)$ representa la cantidad de individuos infectados sintomáticos en el tiempo t .
- $Q(t)$ representa la cantidad de individuos en cuarentena en el tiempo t .
- $R(t)$ representa la cantidad de individuos recuperados en el tiempo t .
- $M(t)$ representa la cantidad de individuos fallecidos en el tiempo t .
- α es la tasa de infección, que determina la probabilidad de que un individuo susceptible se convierta en expuesto.
- ζ, ϵ, δ representan las tasas de transición de expuestos a en cuarentena, infectados sintomáticos y asintomáticos, respectivamente.

- ω, τ representan la tasa de pérdida de inmunidad y la tasa de vacunación, respectivamente.
- κ, ρ, θ son tasas de transición de infecciosos sintomáticos a otros estados.
- ν, ι son tasas de mortalidad y recuperación de individuos en cuarentena.
- σ representa la tasa de pérdida de inmunidad en recuperados.

Caso de Estudio Modelo VSEIQR

El modelo de ecuaciones presentado en (3.4), basado en el trabajo [14], incluye algunas modificaciones. En particular, se ha incorporado un estado para representar las muertes, y se han omitido las tasas de inmigración y de fallecimientos por causas ajenas a la infección. Las condiciones iniciales consideradas para este caso se presentan en la Tabla 3.4.

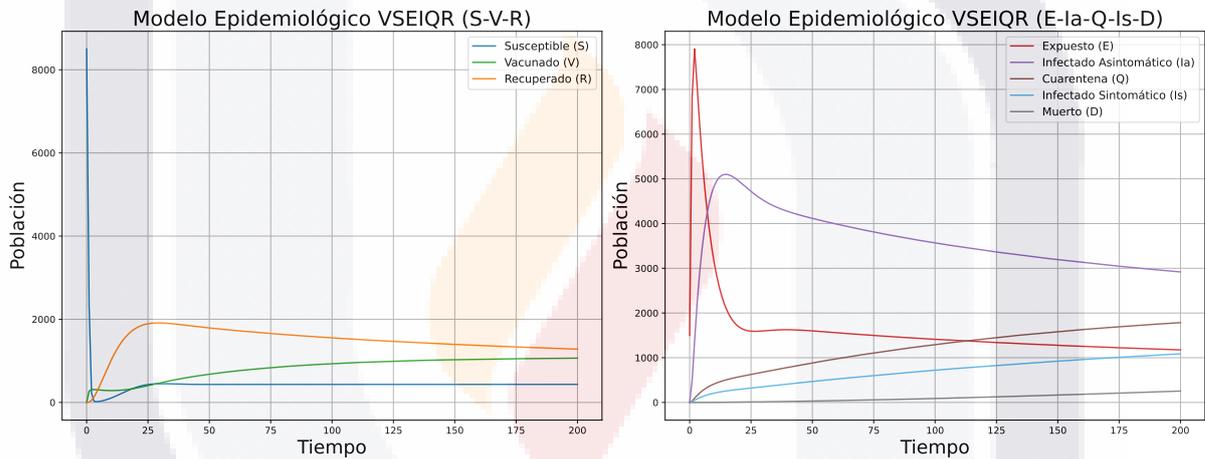


Figura 3.8: Caso de estudio del modelo VSEIQR, usando las condiciones iniciales vistas en la Tabla 3.4

La gráfica en la Figura 3.8 muestra la evolución de las poblaciones a lo largo del tiempo. Se observa lo siguiente:

- Inicialmente, la población susceptible disminuye drásticamente debido al contagio y a la vacunación, lo que reduce el número de individuos en riesgo de infección.
- La cantidad de expuestos crece rápidamente en las primeras etapas de la simulación, alcanzando un pico y posteriormente disminuyendo conforme los individuos avanzan hacia los estados de infección o recuperación.

Parámetro	Símbolo	Valor
Tasa de transmisión	σ	0.12
Tasa de infección	α	0.0003
Pérdida de inmunidad por vacunación	τ	0.2
Tasa de vacunación	ω	0.05
Transición a cuarentena	ζ	0.008
Transición a susceptibles	ϵ	0.004
Transición asintomática	δ	0.12
Recuperación asintomáticos	η	0.05
Deterioro de susceptibles	κ	0.001
Decaimiento de susceptibles	ρ	0.0001
Recuperación de susceptibles	θ	0.0005
Recuperación en cuarentena	ι	0.003
Decaimiento en cuarentena	ν	0.001
Susceptibles iniciales	S_0	8,500
Vacunados iniciales	V_0	0
Expuestos iniciales	E_0	1,500
Sintomáticos iniciales	I_{s_0}	0
Asintomáticos iniciales	I_{a_0}	0
Cuarentenados iniciales	Q_0	0
Recuperados iniciales	R_0	0
Fallecidos iniciales	D_0	0
Población total	N	10,000

Tabla 3.4: Condiciones iniciales y tasas de transición del modelo VSEIQR utilizadas en el caso de estudio

- Los infectados sintomáticos y en cuarentena presentan un comportamiento similar, con un aumento inicial seguido de una disminución progresiva debido a la recuperación o fallecimiento.
- Finalmente, el sistema tiende a un equilibrio donde la vacunación y la recuperación compensan la tasa de infección.

TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capítulo 4

Desarrollo

Esta sección contribuye al cumplimiento de los objetivos planteados. Para ello, hemos diseñado dos programas: un simulador desarrollado en C# y una aplicación denominada EpiSolver, implementada en Python.

El simulador en C# permite ejecutar una simulación basada en agentes de los modelos epidemiológicos. Su diseño flexible facilita la modificación de parámetros, lo que posibilita el análisis de distintos escenarios y opciones. Además, cuenta con una interfaz gráfica que permite la interacción con el usuario y genera un archivo de Excel con los resultados obtenidos en el tiempo para cada estado del modelo.

Por otro lado, EpiSolver en Python se encarga de resolver ecuaciones diferenciales asociadas a los modelos epidemiológicos. Esta herramienta no solo proporciona soluciones numéricas, sino que también permite generar un archivo de Excel con los resultados temporales de cada estado y realizar una comparación entre los datos obtenidos en el simulador y los resultados numéricos.

Sin embargo, antes de describir con detalle el funcionamiento de los programas desarrollados, es importante introducir la metodología de simulación propuesta en este trabajo. Dicha metodología combina las ventajas de los enfoques basados en agentes con la robustez matemática de las cadenas de Markov, y constituye el fundamento sobre el cual se basan ambas herramientas.

4.1. Algoritmo de Simulación Propuesto

Se propone el uso de una simulación híbrida que permite aprovechar las mejores propiedades de dos enfoques metodológicos. La metodología basada en agentes sirve como fundamento, estableciendo como regla principal que las infecciones ocurren por proximidad entre un individuo susceptible y uno infectado. Las transiciones entre estados están gobernadas por una matriz de transición, característica de las simulaciones basadas en cadenas de Markov. El algoritmo resultante puede dividirse en los siguientes tres pasos:

Movimiento de Agentes en un Espacio Bidimensional

El movimiento de cada agente se modela en un espacio bidimensional, considerando tanto su velocidad como perturbaciones inducidas por el terreno. La posición del agente en el instante t se actualiza en función de su posición previa en $t - 1$, los componentes de su velocidad (v_{ix}, v_{iy}) y las perturbaciones del terreno (G_x, G_y) .

$$x_{it} = x_{i(t-1)} + v_{ix} + G_x \quad (4.1)$$

$$y_{it} = y_{i(t-1)} + v_{iy} + G_y \quad (4.2)$$

Estas perturbaciones permiten representar entornos más realistas y dinámicos, como aquellos generados por ruido de Perlin u otras funciones topográficas.

Reglas de Interacción

La interacción entre agentes se modela a partir de la distancia euclidiana entre dos individuos i y j en el tiempo t , calculada como:

$$d_{ij} = \sqrt{(x_i(t) - x_j(t))^2 + (y_i(t) - y_j(t))^2}$$

A partir de esta distancia, se define la probabilidad de infección como una función de umbral:

$$P(\text{Infección}) = \begin{cases} 1, & \text{si } d_{ij} \leq r_{\text{infección}} \\ 0, & \text{si } d_{ij} > r_{\text{infección}} \end{cases}$$

Donde $r_{\text{infección}}$ representa el *radio de infección*, es decir, la distancia máxima dentro de la cual un agente infectado puede transmitir la enfermedad a uno susceptible.

La transición de un agente i desde el estado susceptible (S) a otro estado se expresa como:

$$P(\mathcal{S}_i(t) \rightarrow \mathcal{S}_i(t+1)) = P(\text{Infección}) \cdot (\mathcal{S}_i(t) = S) \quad (4.3)$$

Esta ecuación asegura que sólo los agentes susceptibles pueden cambiar de estado debido a una infección, y únicamente si se encuentran dentro del radio de infección de otro agente infectado.

Reglas de Transición

Las reglas de transición definen el cambio de estado de un agente i desde su estado actual $\mathcal{S}_i(t)$ hacia un nuevo estado $\mathcal{S}_i(t+1)$, de acuerdo con las probabilidades contenidas en una matriz de transición.

$$P(\mathcal{S}_i(t) \rightarrow \mathcal{S}_i(t+1)) = P_{\mathcal{S}_i(t), \mathcal{S}_i(t+1)} \quad (4.4)$$

Cada fila de la matriz de transición representa la probabilidad de pasar de un estado i a un estado j . Estas probabilidades se comparan con un número aleatorio para determinar si se produce la transición.

Cabe destacar que estas reglas no se aplican a los agentes en estado susceptible ($\mathcal{S}_i(t) \neq S$), ya que su transición se regula por la probabilidad de infección. Para los demás casos, cada agente cuenta con un tiempo aleatorio de permanencia (*rTime*) en su estado actual, generado a partir de un intervalo definido para dicho estado (Min-Time, Max-Time). Una vez transcurrido ese tiempo, se aplican las reglas de transición para definir su nuevo estado.

4.2. Simulador

A continuación, describiremos en detalle la funcionalidad del simulador. Esta aplicación proporciona una interfaz que permite ejecutar simulaciones basadas en

agentes de distintos modelos epidemiológicos, usando una matriz de transición y diversas propiedades que explicaremos más adelante.

Interfaz del Simulador

La interfaz del simulador cuenta con un panel lateral izquierdo, el cual agrupa varias opciones clave para la configuración y ejecución de la simulación como se puede ver en la Figura 4.1. Entre ellas se encuentran:

- **Properties:** Permite acceder a las opciones Models y Config.
 - **Models:** Permite seleccionar el modelo epidemiológico que se desea simular.
 - **Config:** Opción que facilita ajustes adicionales en la simulación, como la personalización de parámetros específicos.

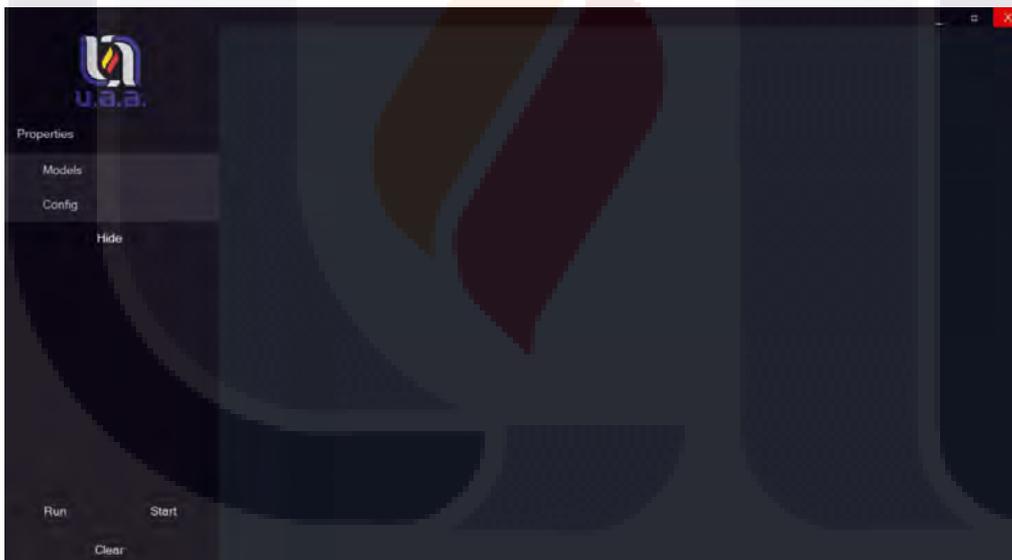


Figura 4.1: Interfaz del simulador

Adicionalmente, en la parte inferior del panel se presentan los siguientes controles:

- **Run:** Arranca una simulación para las configuraciones establecidas.
- **Start:** Inicia la ejecución de la simulación.
- **Clear:** Función que permite restablecer la simulación.

El área central de la interfaz está diseñada para visualizar la simulación y sus resultados en tiempo real. Este diseño permite una navegación estructurada y un acceso eficiente a las herramientas clave para configurar y analizar los modelos epidemiológicos en ejecución.

Pestaña de Configuración

La pestaña de configuración permite la personalización de diversos parámetros que afectan la simulación. En la interfaz mostrada en la Figura 4.2, se pueden observar varias opciones ajustables mediante controles deslizantes y casillas de selección, lo que permite modificar aspectos clave del modelo epidemiológico.

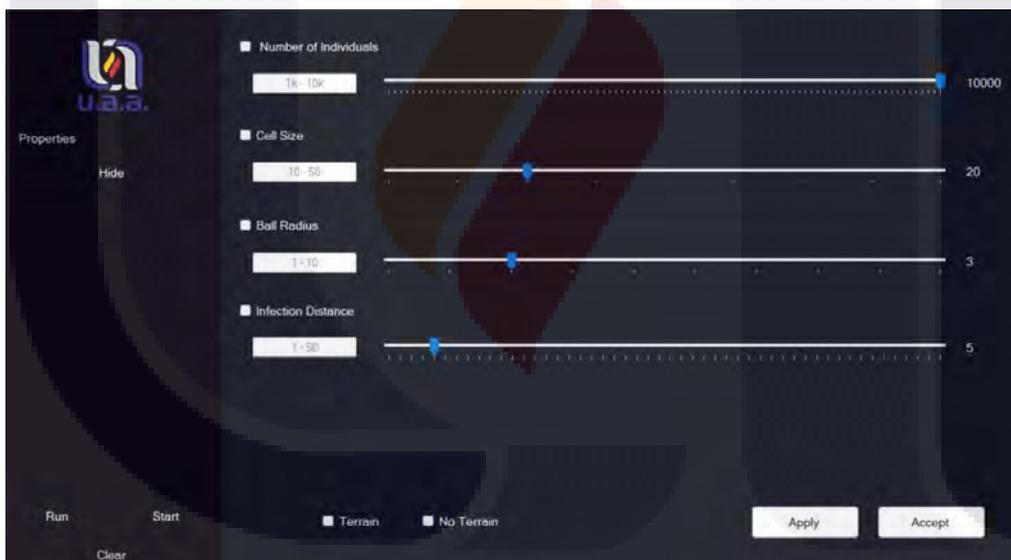


Figura 4.2: Pestaña Config del simulador

- **Cantidad de Individuos:** Esta opción permite definir el número total de individuos en la simulación. Se puede ajustar mediante un control deslizante

dentro de un rango de 1,000 a 10,000, lo que permite adaptar el tamaño de la población simulada según las necesidades del experimento.

- **Tamaño de Celda:** Controla el tamaño de las celdas en las que se agrupan los individuos dentro del entorno simulado. El acomodo en celdas es usado en el paso de detección de interacciones entre individuos. Este parámetro es ajustable dentro de un rango de 10 a 50, afectando la distribución espacial y la dinámica de interacción entre los agentes.
- **Radio de la Bola:** Representa el radio de movimiento o influencia de cada individuo dentro de la simulación. Puede modificarse en un rango de 1 a 10, lo que influye en la movilidad y la proximidad entre agentes, impactando en la propagación del contagio.
- **Distancia de Contagio:** Define la distancia mínima a la cual un individuo puede contagiar a otro dentro de la simulación. Se puede ajustar entre 1 y 50, permitiendo simular diferentes escenarios de transmisión según las características de la enfermedad modelada.
- **Selección de Terreno:** Se presentan dos opciones: *Terrain* y *No Terrain*, las cuales permiten activar o desactivar restricciones geográficas en la simulación. Esta funcionalidad influye en la movilidad de los individuos y en la propagación de la enfermedad dentro del entorno simulado.
- **Aplicación de Configuración:** Existen dos botones principales: *Apply*, que guarda los cambios sin iniciar la simulación, y *Accept*, que confirma la configuración y procede con la simulación. Estas opciones permiten realizar ajustes previos antes de la ejecución del modelo.

Pestaña de Modelos

En la pestaña de modelos, se pueden seleccionar diferentes modelos epidemiológicos comunes para su simulación. Al elegir un modelo, la interfaz muestra automáticamente su diagrama de transición y una matriz de configuración, lo que permite ajustar sus parámetros antes de ejecutar la simulación.

- **Matriz de configuración:** Representa el estado de la población mediante una tabla en la que cada fila corresponde a un estado epidemiológico. En la Figura 4.3, se puede observar que cada modelo puede utilizar un color específico para identificar sus distintos estados. En el modelo SIS, por defecto, el color verde representa a los susceptibles (S) y el color rojo a los infectados (I). La tabla



Figura 4.3: Pestaña Models del simulador

permite definir el número inicial de individuos en cada estado, los tiempos mínimos y máximos de permanencia, así como la matriz de transición entre estados.

- Diagrama del modelo epidemiológico:** Se muestra una representación visual del modelo seleccionado. En la Figura 4.3, se observa el modelo SIS, en el que los individuos pueden pasar del estado *Susceptible* (S) al estado *Infectado* (I) con una tasa de transmisión β , y posteriormente regresar a susceptibles con una tasa α .
- Selección de modelos:** Se pueden elegir distintos modelos epidemiológicos, como *SIS*, *SIR*, *SEAIR* y *VSEIQR*, adaptándose a diferentes dinámicas de propagación. En la Figura 4.3, se muestra el caso cuando está activado el modelo SIS.
- Configuración del terreno:** La interfaz permite habilitar o deshabilitar el terreno a través de las opciones *Terrain* y *No Terrain*. Esta función puede influir en la movilidad de los individuos dentro del simulador.

- **Botones de configuración:** Se presentan las opciones *Apply* y *Accept*. El botón *Apply* guarda los cambios realizados sin iniciar la simulación, mientras que *Accept* confirma la configuración y ejecuta la simulación.

Matriz de Configuración

Dado que la matriz de configuración es fundamental para comprender el alcance de este simulador, se describen a continuación sus componentes en detalle:

- **Color:** En esta columna se pueden asignar colores a cada estado. Existe una amplia variedad de opciones, y además, es posible agregar nuevos colores gracias al diseño basado en el formato RGB.
- **States:** Permite seleccionar las letras con las que se identifica cada estado. La lista incluye los estados más comunes utilizados en modelos epidemiológicos.
- **Qty:** Determina la cantidad de individuos que iniciarán en cada estado. Existen dos restricciones: (1) La cantidad total de individuos debe coincidir con la cantidad definida en la pestaña de configuración y (2) Si todas las columnas tienen un valor de cero, la cantidad de individuos será determinada de manera aleatoria basada en una proporción.
- **Action:** En esta columna se define el comportamiento de los agentes en la simulación mediante dos opciones: (->) y (o).

La opción (->) indica que los individuos en ese estado actuarán como *susceptibles*, es decir, podrán cambiar a otro estado si entran en contacto con individuos contagiados.

La opción (o) señala que los individuos en ese estado representan a los *contagiados*, es decir, aquellos que transmiten la enfermedad en la simulación.

Es importante destacar que el nombre del estado en la columna *States* no define su función dentro del modelo; lo que determina si un agente es susceptible o contagiado es el valor asignado en la columna *Action*.

- **Min Time y Max Time:** Definen el tiempo mínimo y máximo que un agente permanecerá en un estado antes de realizar una transición.
- **Matriz de Transición:** Representa las probabilidades de cambio de un estado a otro dentro del modelo. Permite configurar las dinámicas de contagio y recuperación en la simulación.

Implementación de la propuesta

El simulador se fundamenta en la combinación de dos enfoques de simulación: la simulación basada en agentes y la simulación con cadenas de Markov. Sin embargo, la simulación basada en agentes predomina en su diseño, ya que la interfaz y las reglas de interacción están estructuradas bajo este paradigma.

A continuación, analizaremos las características que este modelo adopta de ambos enfoques, tomando como referencia el modelo epidemiológico SIS.

Por un lado, el simulador incorpora la matriz de transición propia de las cadenas de Markov, lo que permite la evolución de los estados a partir de probabilidades. En la figura 4.3, se puede observar que el estado susceptible no cambia por probabilidad, es decir, los individuos en este estado permanecen en él hasta que interactúan con agentes infectados. En contraste, el estado infectado sí cambia de estado por probabilidad:

- Existe un **79 %** de probabilidad de que un individuo infectado regrese al estado susceptible.
- Hay un **21 %** de probabilidad de que permanezca en el estado infectado.

Este mecanismo proviene directamente de la teoría de simulación con cadenas de Markov, ya que permite reemplazar tasas de transición con probabilidades.

Por otro lado, la columna *Action* introduce la lógica de la simulación basada en agentes. En este enfoque, el contagio no ocurre por probabilidad, sino por interacción directa entre individuos. Los agentes susceptibles se contagian cuando están en proximidad de individuos infectados, independientemente de las probabilidades de la matriz de transición. Además, la dinámica de movimiento y la interacción entre agentes son características clave que distinguen este enfoque y lo diferencian de la simulación puramente estocástica.

Al ejecutar la simulación con las propiedades previamente configuradas, se puede observar la interacción de los agentes en el espacio. En la Figura 4.4, cada agente se mueve y cambia de estado de acuerdo con las reglas establecidas en la matriz de configuración.

En la parte izquierda de la interfaz, se presenta una gráfica que muestra la cantidad de individuos en cada estado. Esta representación permite un seguimiento visual en tiempo real de la propagación del fenómeno modelado.

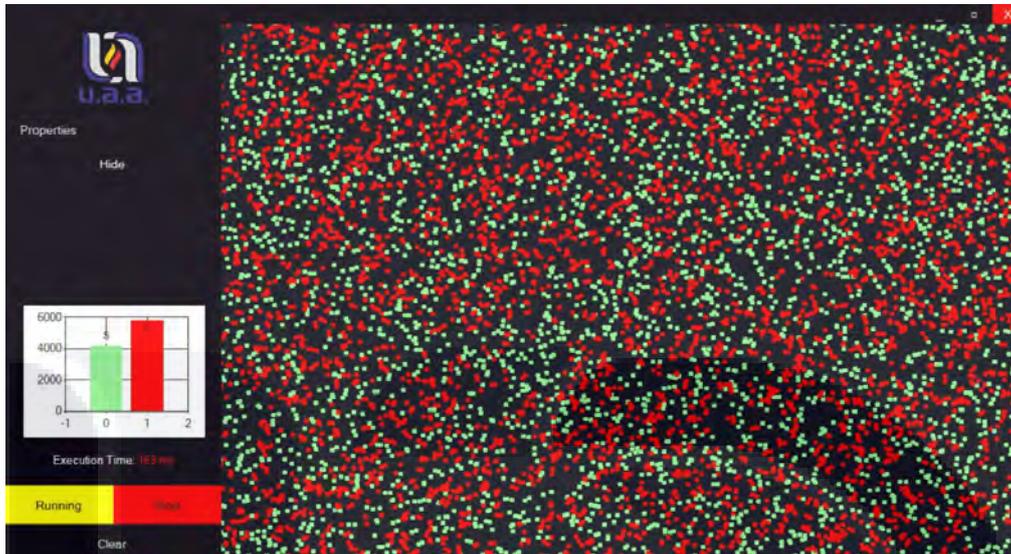


Figura 4.4: Ejecución del modelo SIS en el Simulador

Además, en la misma sección, se encuentra un indicador que muestra la eficiencia de la simulación, expresada en tiempo de ejecución por iteración. Este indicador cambia de color según el rendimiento del sistema:

- **Verde:** Si la simulación se ejecuta en menos de 100 ms , lo que indica un flujo óptimo.
- **Amarillo:** Si el tiempo de ejecución está entre 100 ms y 150 ms , señalando un rendimiento aceptable.
- **Rojo:** Si el tiempo supera los 150 ms , lo que sugiere una carga computacional elevada.

Este monitoreo de rendimiento permite evaluar la eficiencia del simulador y realizar ajustes para mejorar su estabilidad y velocidad de procesamiento.

Durante la ejecución de la simulación, los botones de control cambian de estado visualmente para indicar su función:

- El botón *Run* cambia a *Running* y se muestra en color amarillo, señalando que la simulación está en curso.
- El botón *Start* cambia a *Stop* y se muestra en color rojo, permitiendo detener la simulación en cualquier momento.

Al presionar el botón *Stop*, la simulación se pausa. La interfaz permite retomar la simulación desde el mismo punto en el que fue detenida o, si se prefiere, reiniciarla completamente. Para restablecer la simulación desde cero, se debe presionar el botón *Clear*, el cual limpia todos los datos y reinicia el entorno de simulación.

Además, cuando se presiona *Clear*, la información de la simulación eliminada se guarda automáticamente en un archivo *Excel*. En este archivo, se registra cada estado junto con la cantidad de individuos que se encontraban en cada iteración, permitiendo así un análisis posterior de los datos obtenidos durante la simulación.

4.3. EpiSolver

EpiSolver es una aplicación diseñada para proporcionar una interfaz intuitiva que permite la ejecución de soluciones numéricas para diversos modelos epidemiológicos. Para ello, emplea el método de Runge-Kutta, ofreciendo así una aproximación precisa a la evolución de los sistemas modelados.

Además, la aplicación permite la personalización de los modelos epidemiológicos, lo que brinda flexibilidad para adaptar las simulaciones a distintos escenarios y necesidades específicas. La configuración y adaptación de estos modelos se explica con mayor detalle en secciones posteriores.

Interfaz de la Aplicación

La interfaz de EpiSolver presenta un diseño estructurado que permite a los usuarios seleccionar y ejecutar soluciones numéricas de distintos modelos epidemiológicos. Como se puede observar en la Figura 4.5, la interfaz contiene los siguientes elementos:

- **Selección de Modelo:** En la parte superior de la interfaz, se encuentran varias opciones de modelos epidemiológicos como SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR, cada uno acompañado de una casilla de selección.

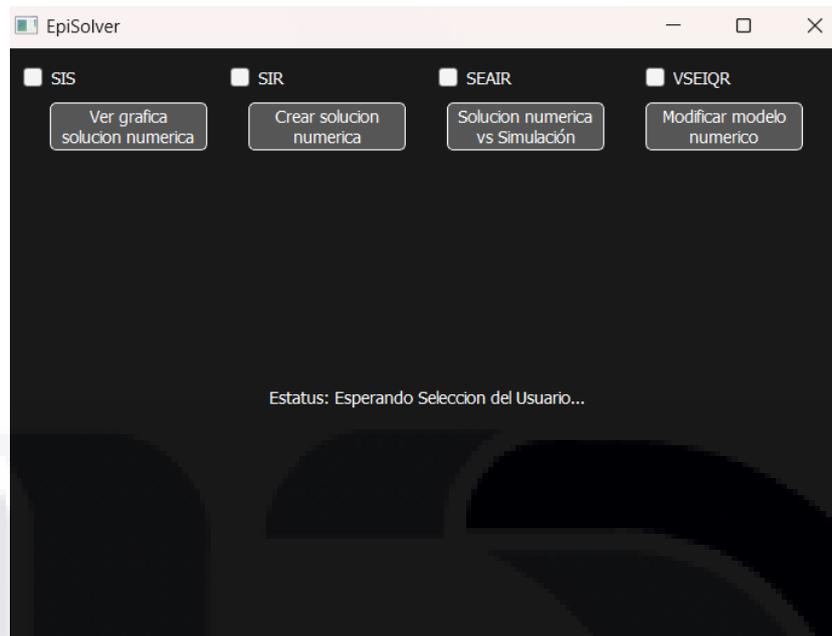


Figura 4.5: Interfaz de EpiSolver

- **Indicador de Estado:** En la parte inferior de la interfaz, se muestra un mensaje de estado que informa al usuario sobre la actividad actual del sistema, como *Esperando Selección del Usuario...*
- **Botones de Acción:** Bajo la sección de los modelos, hay botones que permiten realizar diferentes acciones:
 - **Ver gráfica solución numérica:** Este botón permite visualizar gráficamente la evolución de un modelo epidemiológico seleccionado. La gráfica se genera a partir de las condiciones iniciales establecidas por el usuario, proporcionando una representación visual del comportamiento del sistema.
 - **Crear solución numérica:** Al presionar este botón, se genera un archivo en formato Excel que contiene los resultados de la solución numérica del modelo seleccionado. Este archivo incluye el número de individuos en cada estado epidemiológico a lo largo del tiempo, facilitando el análisis detallado de la dinámica de la enfermedad.
 - **Solución numérica vs Simulación:** Esta opción permite comparar visualmente los resultados obtenidos mediante la solución numérica y la simulación. La herramienta genera una gráfica en la que se representan ambas metodologías, facilitando la comparación de sus tendencias y dis-

crepancias en la evolución del modelo epidemiológico.

- **Modificar modelo numérico:** Esta funcionalidad proporciona acceso a la configuración del modelo epidemiológico como se ve en la Figura 4.6, permitiendo visualizar y ajustar las condiciones iniciales del sistema. El usuario puede modificar parámetros clave para adaptar la simulación a diferentes escenarios y analizar sus efectos en la propagación de la enfermedad. También nos muestra las ecuaciones del modelo seleccionado para facilitar la modificación de los parámetros.

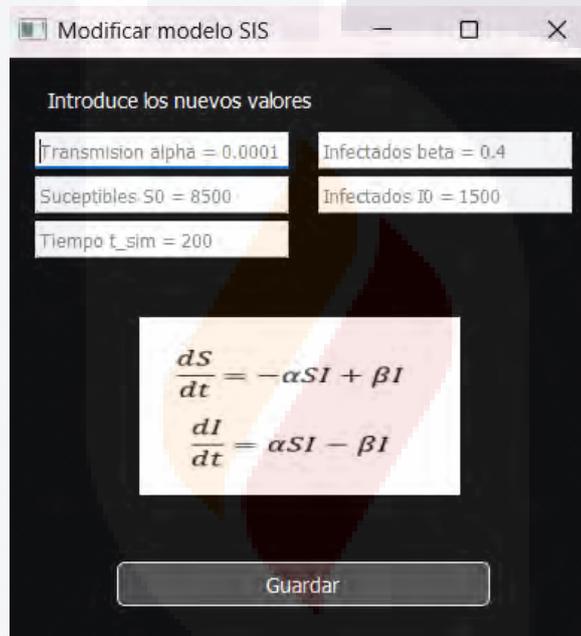


Figura 4.6: Pantalla del EpiSolver para modificar las opciones para la solución numérica del modelo SIS

Aunque esta aplicación es más sencilla que el simulador, constituye la pieza fundamental para la obtención de resultados experimentales. Su importancia radica en la capacidad de comparar los resultados generados por la simulación con aquellos derivados del modelo matemático, permitiendo así verificar que las simulaciones obtenidas por el simulador son coherentes con los resultados esperados para modelos conocidos. De esta manera, esperamos que los resultados obtenidos para modelos generales en el simulador son válidos.

4.4. Modelo Arquitectural

En este trabajo se desarrollan dos programas: un simulador en C# y EpiSolver en Python. En esta sección, nos enfocaremos en la arquitectura de EpiSolver, analizando su estructura y diseño. Ambos programas se desarrollaron siguiendo los mismos estándares, por lo que nos enfocamos en describir solamente la estructura de diseño de uno de ellos.

Arquitectura: EpiSolver

EpiSolver fue desarrollado bajo una arquitectura en capas, un enfoque ampliamente utilizado en el diseño de software modular y escalable. Este tipo de arquitectura permite una separación clara de responsabilidades, facilitando el mantenimiento, la reutilización del código y la escalabilidad del sistema.

Cada capa en EpiSolver cumple un propósito específico y se comunica con las demás de manera controlada, asegurando que los cambios en una de ellas no afecten directamente a las demás. A continuación, se detallan las capas implementadas y sus respectivas funciones.

1. Capa de Presentación

Esta capa gestiona la interacción con el usuario y muestra los datos de las simulaciones. Su funcionalidad principal se centra en tres aspectos:

- Captura y validación de la entrada del usuario.
- Representación gráfica de los datos, facilitando su interpretación.
- Manejo de la interfaz de usuario, incluyendo ventanas, pestañas y gráficos interactivos.

Al desacoplar esta capa del núcleo del sistema, se pueden realizar modificaciones en la presentación sin afectar la lógica interna. Su estructura modular permite adaptaciones futuras, integrando nuevas tecnologías o frameworks gráficos según sea necesario.

2. Capa de Lógica

Esta capa es el núcleo del sistema y se encarga de ejecutar los cálculos y simulaciones epidemiológicas. En esta capa se implementan los modelos matemáticos y los algoritmos que rigen la simulación. Sus principales funciones incluyen:

- Implementación de los modelos epidemiológicos utilizados en la simulación.
- Ejecución de los algoritmos que procesan los datos y generan los resultados.
- Coordinación entre la entrada del usuario y los cálculos internos del sistema.

Esta capa asegura que los cálculos se realicen correctamente y que el sistema pueda adaptarse a diferentes modelos sin afectar la interfaz o la gestión de datos.

3. Capa de Datos

Esta capa se encarga del almacenamiento y recuperación de la información generada por las simulaciones. Proporciona acceso estructurado a los datos, permitiendo su uso eficiente dentro del sistema. Sus funciones principales incluyen:

- Almacenamiento y recuperación de los datos generados en las simulaciones.
- Integración con bases de datos y archivos para registrar los resultados.
- Optimización del acceso a la información para mejorar el rendimiento del sistema.

Al centralizar la gestión de datos en esta capa, se facilita la implementación de distintos métodos de almacenamiento sin afectar otras partes del software. Esto permite, por ejemplo, cambiar entre almacenamiento local y bases de datos remotas sin modificar la lógica del sistema.

La arquitectura en capas utilizada en EpiSolver proporciona una estructura sólida y flexible para su desarrollo y mantenimiento. Al separar la interfaz de usuario, la lógica de negocio y la gestión de datos, se garantiza un diseño escalable y adaptable a futuras mejoras. Esta organización modular no solo facilita la comprensión del sistema, sino que también optimiza su funcionamiento y facilita su evolución.

Casos de Uso

La Figura 4.7 representa un diagrama de casos de uso para EpiSolver, en el cual un usuario interactúa con diversas funcionalidades del sistema. En primer lugar, el usuario puede seleccionar modelo epidemiológico, lo que le permite definir qué

modelo epidemiológico desea ejecutar. Una vez seleccionado el modelo, tiene la opción de ver la gráfica generada a partir de los datos, facilitando la interpretación visual de los resultados. Además, el usuario puede crear una solución numérica, lo que implica la ejecución de los cálculos matemáticos del modelo seleccionado y su almacenamiento para su posterior análisis.

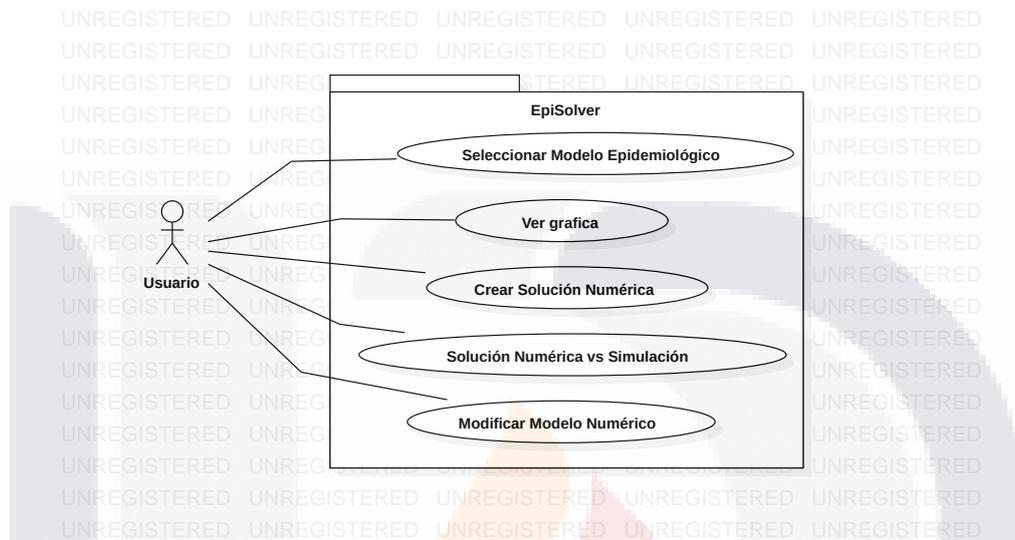


Figura 4.7: Diagrama de casos de uso de EpiSolver

Otra funcionalidad clave es la posibilidad de comparar la solución numérica con una simulación externa, lo que permite evaluar la precisión del modelo mediante la superposición de ambas soluciones. Finalmente, el usuario tiene la capacidad de modificar el modelo numérico, ajustando parámetros o realizando cambios en la estructura del modelo para mejorar su precisión o adaptarlo a nuevos escenarios. Estas funcionalidades en conjunto ofrecen una herramienta flexible para la simulación y análisis de modelos epidemiológicos.

Caso de Uso: Seleccionar Modelo Epidemiológico

Actor: Usuario

El usuario selecciona, a través de la interfaz del sistema, el modelo epidemiológico que desea resolver utilizando los selectores disponibles. Las opciones de modelos incluyen SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR.

Sistema: EpiSolver

Cuando el usuario selecciona un modelo, el sistema procesa automáticamente la

elección y carga las condiciones iniciales predefinidas para ese modelo. A continuación, calcula la solución del sistema de ecuaciones correspondiente y genera los datos resultantes.

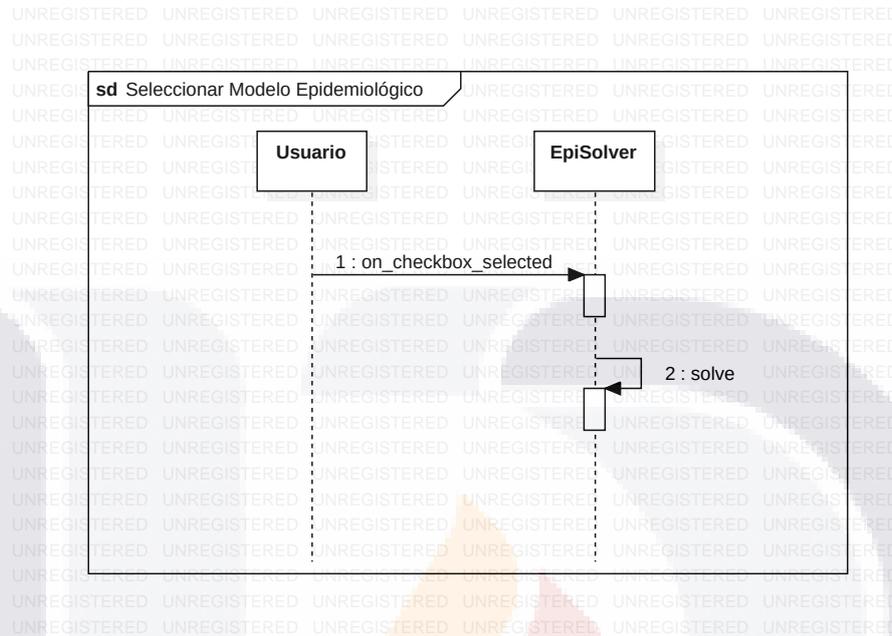


Figura 4.8: Caso de uso - Seleccionar modelo epidemiológico

Como se puede observar en la figura 4.8, la representación gráfica ilustra los métodos que son llamados durante la ejecución del caso de uso.

Caso de Uso: Ver Gráfica

Actor: Usuario

Después de seleccionar el modelo epidemiológico, el usuario puede hacer clic en el botón “Ver Gráfica” para visualizar la representación del modelo seleccionado.

Sistema: EpiSolver

El sistema genera la representación gráfica correspondiente al modelo epidemiológico seleccionado. A continuación, procesa los datos y muestra la gráfica en la interfaz, permitiendo al usuario analizar visualmente la evolución del modelo.

Como se puede observar en la figura 4.9, la representación gráfica ilustra los métodos que son llamados durante la ejecución del caso de uso, permitiendo entender cómo el sistema procesa la solicitud y genera la visualización del modelo.

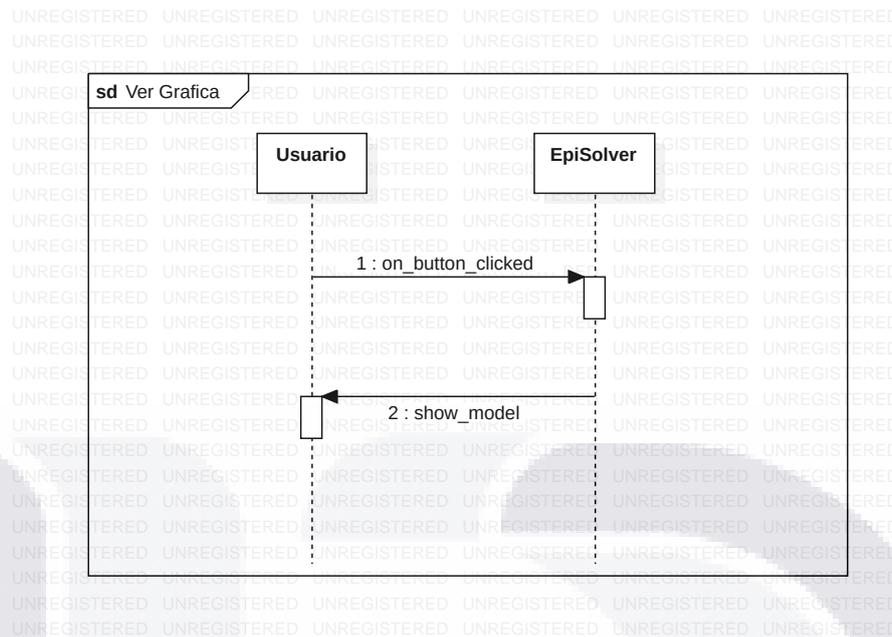


Figura 4.9: Caso de uso - Ver gráfica

Caso de Uso: Crear Solución Numérica

Actor: Usuario

El usuario selecciona el botón “Crear Solución Numérica” para generar un archivo con los datos de la solución del modelo epidemiológico seleccionado.

Sistema: EpiSolver

El sistema procesa la solicitud y calcula la solución numérica del modelo seleccionado. A continuación, genera un archivo CSV con los resultados y lo guarda en el sistema, permitiendo al usuario acceder a los datos para su posterior análisis o exportación.

Como se puede observar en la figura 4.10, la representación gráfica ilustra los métodos que son llamados durante la ejecución del caso de uso, permitiendo entender cómo el sistema procesa la solicitud y genera el archivo con la solución numérica.

Caso de Uso: Comparar Solución Numérica con Simulación

Actor: Usuario

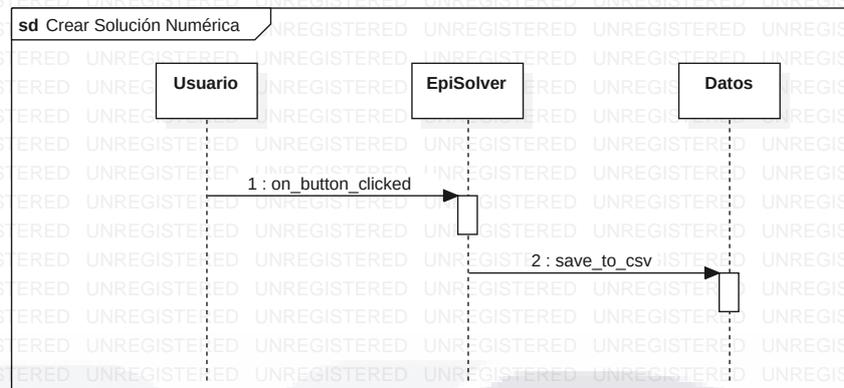


Figura 4.10: Caso de uso - Crear solución numérica

El usuario selecciona el botón “Comparar Solución Numérica con Simulación” para visualizar la diferencia entre los datos obtenidos mediante la solución numérica y los generados por la simulación del modelo epidemiológico.

Sistema: EpiSolver

El sistema procesa la solicitud y accede a las bases de datos que contienen tanto la solución numérica como los resultados de la simulación. A continuación, genera una representación gráfica comparativa en la que se visualizan ambas soluciones, permitiendo al usuario analizar sus diferencias y evaluar la precisión del modelo.

Como se puede observar en la figura 4.11, la representación gráfica ilustra los métodos que son llamados durante la ejecución del caso de uso, permitiendo entender cómo el sistema recupera los datos, los procesa y genera la visualización comparativa.

Caso de Uso: Modificar Modelo Numérico

Actor: Usuario

El usuario selecciona el botón “Modificar Modelo Numérico” para acceder a la configuración del modelo y realizar cambios en sus condiciones iniciales.

Sistema: EpiSolver

El sistema abre una nueva pantalla en la que se presentan las condiciones ini-

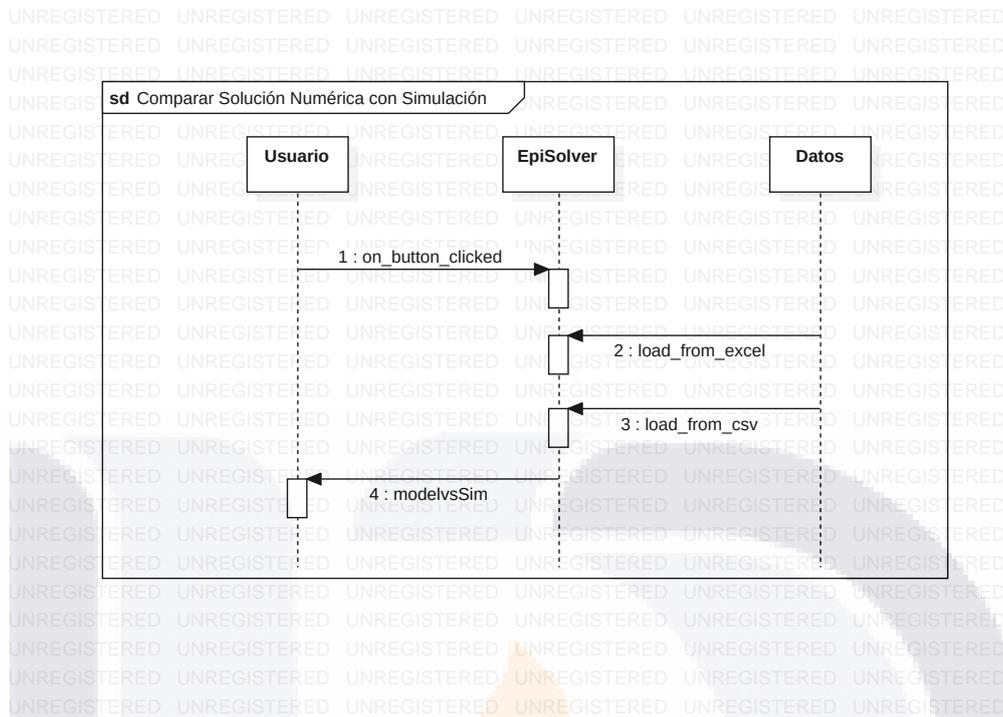


Figura 4.11: Caso de uso - Comparación de la solución numérica con la simulación

ciales del modelo seleccionado. El usuario puede modificar los parámetros según sus necesidades y guardar los cambios. Una vez guardadas las modificaciones, el sistema actualiza el modelo con los nuevos valores para su posterior análisis o simulación.

Como se puede observar en la figura 4.12, la representación gráfica ilustra los métodos que son llamados durante la ejecución del caso de uso, permitiendo entender cómo el sistema permite la modificación de los parámetros del modelo y la actualización de su configuración.

Diagrama de Clases

El diagrama de clases de la aplicación que se observa en la Figura 4.13, muestra una arquitectura basada en tres capas principales: la capa de presentación, la capa lógica y la capa de datos. La clase central que coordina estas capas es `MainWindowLogic`, que actúa como el núcleo del sistema, gestionando la interacción entre la interfaz de usuario, la solución de ecuaciones diferenciales y la gestión de datos.

Capa de Presentación: `MainWindowUI`

La clase `MainWindowUI` es responsable de la gestión de la interfaz de usuario. Se

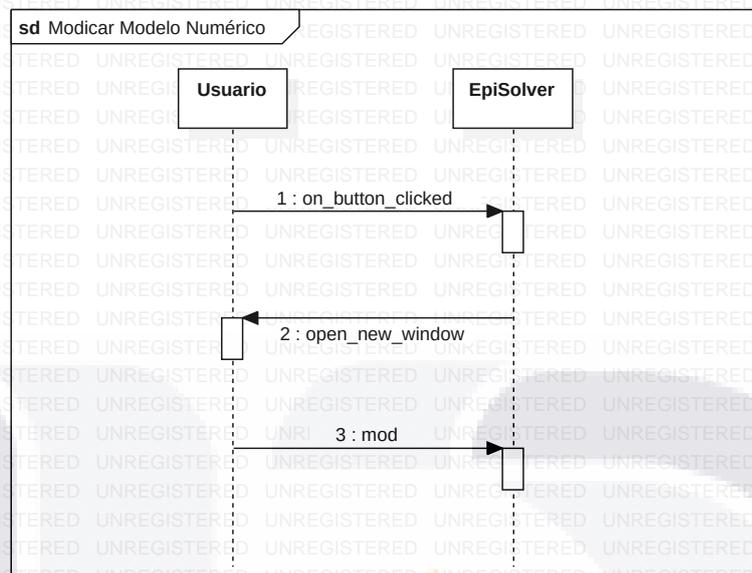


Figura 4.12: Caso de uso - Modificar modelo numérico

encarga de la disposición de los elementos visuales, incluyendo botones, cuadros de selección y etiquetas. También maneja la inicialización de los componentes gráficos y el estilo de la interfaz.

Capa de Lógica: MainWindowModel

La clase `MainWindowModel` es la encargada de resolver las ecuaciones diferenciales de los modelos epidemiológicos implementados en la aplicación. En esta capa se gestionan los modelos SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR, permitiendo actualizar sus parámetros y visualizar sus soluciones.

Capa de Datos: ModelData

La clase `ModelData` gestiona la carga y almacenamiento de datos. Permite guardar la solución numérica de los modelos en archivos CSV, así como cargar datos desde archivos preexistentes en formatos CSV y Excel.

Relación entre MainWindowLogic, MainWindowUI y MainWindowModel

La clase `MainWindowLogic` hereda las funcionalidades de dos clases principales:

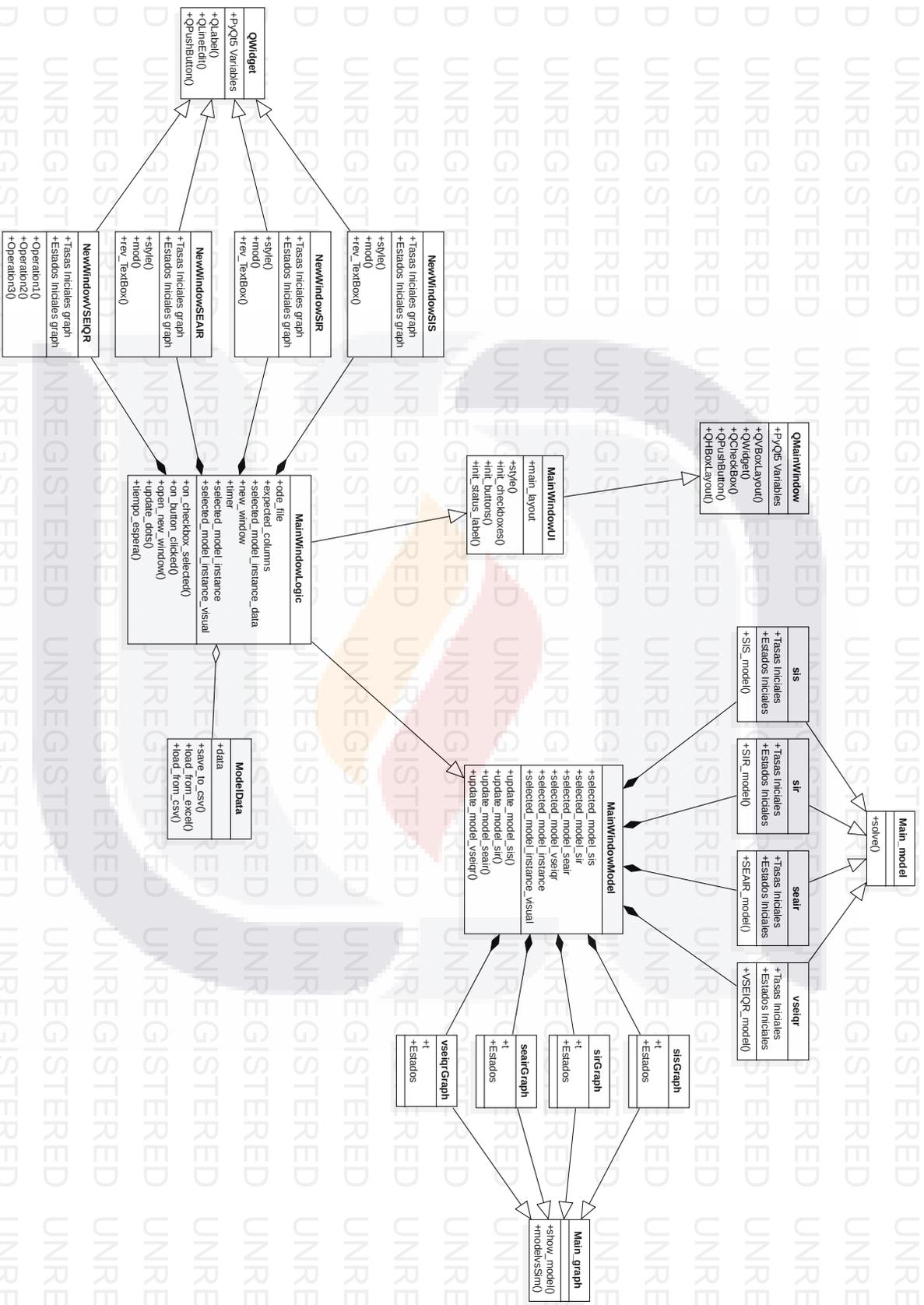


Figura 4.13: Diagrama de clases de EpiSolver

- *MainWindowUI*: Proporciona los métodos para la interfaz gráfica de usuario, gestionando la disposición y el estilo de los elementos gráficos.
- *MainWindowModel*: Encargada de manejar la lógica del sistema, permitiendo la solución de ecuaciones diferenciales y la interacción con los modelos matemáticos.

Esta relación permite que *MainWindowLogic* sirva como la clase principal de la aplicación, integrando tanto la interfaz gráfica como la lógica del sistema.

Agregación de ModelData en MainWindowLogic

MainWindowLogic crea una instancia de la clase *ModelData* para gestionar la carga y almacenamiento de datos. Esta relación es de tipo agregación, lo que significa que *ModelData* puede existir independientemente de *MainWindowLogic*, pero esta última lo usa para la manipulación de datos en la aplicación.

Herencia en los Modelos Epidemiológicos

La clase *MainWindowModel* gestiona múltiples modelos epidemiológicos SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR.

Cada uno de estos modelos hereda funcionalidades de la clase *Main_model*, que proporciona el método *solve()* para la resolución de ecuaciones diferenciales. Esto permite que los modelos tengan una estructura común para resolver los problemas matemáticos.

Relación entre MainWindowModel y Main_graph

Además de gestionar los modelos matemáticos, *MainWindowModel* también está relacionado con la clase *Main_graph* y sus subclases (*sisGraph*, *sirGraph*, *seairGraph*, *vseiqrGraph*). Estas clases permiten visualizar gráficamente la evolución de los modelos y comparar las soluciones obtenidas con los datos simulados.

Relación entre MainWindowLogic y las Ventanas Secundarias

La clase *MainWindowLogic* está conectada con las clases *NewWindowSIS*, *NewWindowSIR*, *NewWindowSEAIR* y *NewWindowVSEIQR*. Cada una de estas clases representa una ventana secundaria que permite al usuario modificar las condiciones iniciales del modelo epidemiológico correspondiente para obtener su solución numérica. Estas ventanas heredan de *QWidget*, proporcionando una interfaz interactiva en la que se pueden ajustar los parámetros del modelo antes de ejecutar la simulación.

Evaluación

El programa sigue varios de los principios SOLID de la programación orientada a objetos, como lo define C. Martin en su libro *Agile Software Development* [43], lo que facilita su mantenimiento y extensibilidad.

De acuerdo con el Single Responsibility Principle (SRP), cada clase tiene una responsabilidad bien definida: `MainWindowLogic` actúa como la clase principal de la aplicación, coordinando la interacción entre la interfaz de usuario, la lógica de los modelos epidemiológicos y la gestión de datos. La interfaz gráfica se maneja a través de `MainWindowUI`, la lógica de solución de ecuaciones diferenciales se encapsula en `MainWindowModel`, y la persistencia de datos es responsabilidad de `ModelData`. Adicionalmente, las clases `NewWindowSIS`, `NewWindowSIR`, `NewWindowSEAIR` y `NewWindowVSEIQR` permiten modificar las condiciones iniciales de cada modelo, facilitando la parametrización sin alterar la estructura principal. Esta organización asegura que cada clase tenga una única razón para cambiar.

Según el Open/Closed Principle (OCP), el diseño permite la adición de nuevos modelos epidemiológicos sin modificar las clases existentes. Por ejemplo, `MainWindowModel` está diseñado para gestionar diferentes modelos, como SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR, los cuales heredan de `Main_model` para reutilizar la funcionalidad de resolución de ecuaciones diferenciales. Del mismo modo, la representación gráfica está abstraída en `Main_graph` y sus subclases, lo que facilita la integración de nuevos métodos de visualización sin afectar la lógica central.

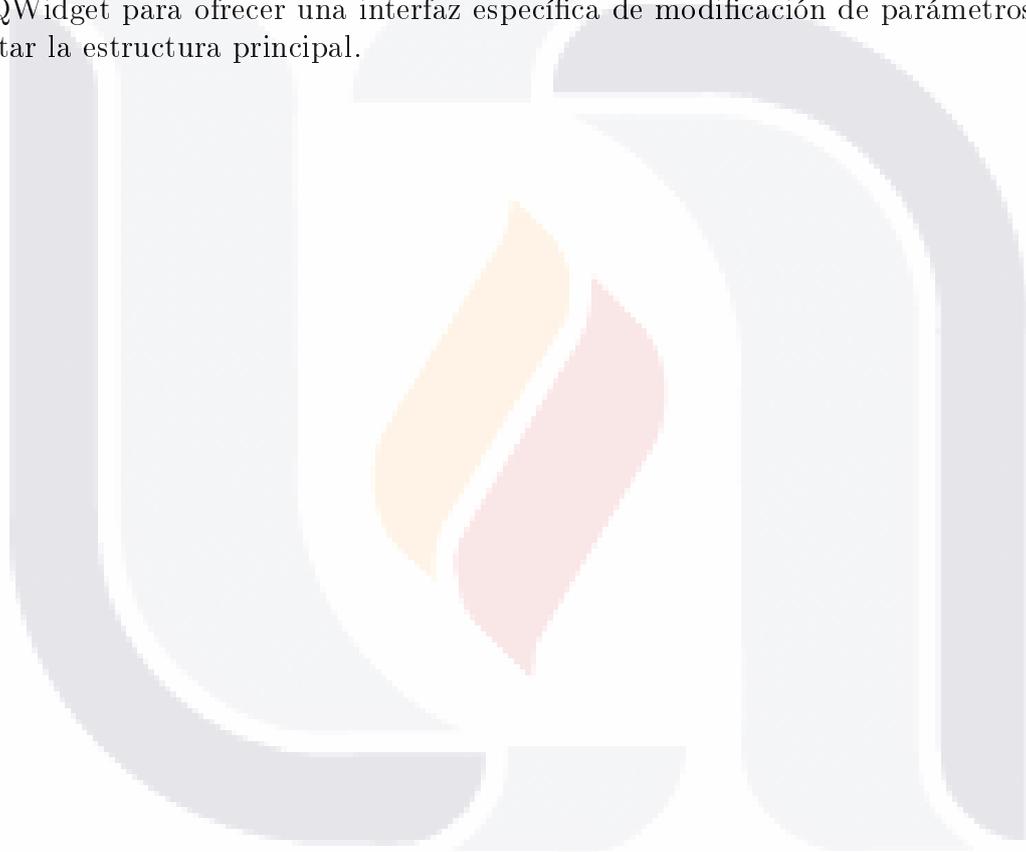
El Liskov Substitution Principle (LSP) se cumple en el diseño de los modelos epidemiológicos, ya que SIS, SIR, SEAIR y VSEIQR pueden sustituirse entre sí sin alterar el funcionamiento de `MainWindowModel`, gracias a la herencia de `Main_model`. Si en el futuro se introdujeran interfaces para los modelos matemáticos, este principio garantizaría que las implementaciones específicas puedan intercambiarse sin afectar el código dependiente.

En cuanto al Interface Segregation Principle (ISP), cada clase mantiene métodos específicos para su función, evitando dependencias innecesarias. `Main_graph` y sus subclases, por ejemplo, solo contienen métodos relacionados con la visualización de los modelos, mientras que `ModelData` se enfoca únicamente en la gestión de archivos. Esto simplifica la estructura del código y reduce el acoplamiento.

Finalmente, el diseño modular del programa sigue el Dependency Inversion Principle (DIP) al hacer que `MainWindowLogic` dependa de abstracciones en lugar de implementaciones concretas. Por ejemplo, `MainWindowLogic` no gestiona directamente los cálculos matemáticos, sino que delega esta tarea a `MainWindowModel`,

que a su vez interactúa con los modelos específicos. A pesar de que aún no se utilizan interfaces explícitas para la gestión de modelos, la arquitectura actual permite que las clases de alto nivel no dependan de detalles de implementación, lo que podría mejorarse aún más con la introducción de inyección de dependencias.

También podemos analizar el diseño bajo los principios de Clean Architecture de Robert C. Martin [44]. Se respeta el Single Responsibility Principle (SRP) al distribuir las funcionalidades en clases separadas: `MainWindowLogic` coordina la ejecución del sistema, `MainWindowUI` gestiona la interfaz, y `MainWindowModel` encapsula la lógica de los modelos matemáticos. Además, la encapsulación y modularidad permiten que las ventanas secundarias, como `NewWindowSIS` y `NewWindowSIR`, hereden de `QWidget` para ofrecer una interfaz específica de modificación de parámetros sin afectar la estructura principal.



TESIS TESIS TESIS TESIS TESIS

Capítulo 5

Experimentación

La presente experimentación tiene como objetivo verificar que los resultados del simulador coinciden con los de modelos conocidos. Para esto se ajustan los parámetros del simulador para obtener resultados similares a las soluciones numéricas de diferentes modelos epidemiológicos.

Cabe destacar que el ajuste de los parámetros del simulador se hace de manera manual. Por tanto, obtener un resultado similar a uno esprado es una tarea complicada. La dificultad de obtener ciertos resultados deseados se incrementa debido a la sensibilidad del simulador al valor de ciertos parámetros, como el tiempo que cada individuo permanece en un estado y las probabilidades de transición entre estados. Esta dificultad se ve afectada también por el número de parámetros del modelo epidemiológico con el que se está trabajando.

5.1. Modelo SIS

Como se puede observar en la Figura 3.2, la solución numérica con las condiciones iniciales establecidas, presentadas en la Tabla 3.1. En contraste la Figura 4.3, presenta las condiciones iniciales de la simulación, que permiten obtener un resultado muy cercano a la solución numérica. En este caso, no se define explícitamente una probabilidad de propagación de la infección, ya que, como se explicó anteriormente, la transmisión ocurre por proximidad entre los individuos.

El estado susceptible se rige únicamente por la regla establecida en la columna

action, mientras que los individuos en estado susceptible pasan al estado infectado tras el contagio por cercanía. Sin embargo, el estado infectado sí está sujeto a probabilidades de transición: un 79 % de los individuos infectados tienen la probabilidad de recuperarse y volver al estado susceptible, mientras que un 21 % permanece en el estado infectado. Estas probabilidades de cambio de estado se manifiestan entre 8 y 10 días después de que el individuo ha sido infectado.

En la Figura 5.1, se presenta la comparación entre los resultados obtenidos mediante la solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) y la simulación basada en agentes.



Figura 5.1: Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo SIS. Existen dos estados: Susceptible (S) e Infectado (I).

Podemos observar que la solución numérica (curvas continuas) exhibe un comportamiento suave y estable, en el que la cantidad de individuos susceptibles e infectados alcanza rápidamente un equilibrio. En contraste, la simulación (curvas con marcadores) muestra fluctuaciones más pronunciadas a lo largo del tiempo debido a la naturaleza estocástica del modelo y la regla de contagio basada en la proximidad entre individuos.

A pesar de estas oscilaciones, la similitud de los resultados de ambos enfoques es bastante clara. Las tendencias generales de la simulación siguen de cerca la solución numérica, lo que indica que el modelo implementado refleja adecuadamente la dinámica esperada de la infección. Sin embargo, la principal diferencia radica en la falta de estabilidad absoluta en la simulación, ya que el mecanismo de propagación

introduce variabilidad en la evolución del sistema. Esta fluctuación es especialmente notable en los primeros días y persiste a lo largo del tiempo debido a la interacción local de los individuos en el entorno simulado.

5.2. Modelo SIR

La simulación del modelo puede observarse en la Figura 3.4, utilizando las condiciones iniciales presentadas en la Tabla 3.2. Como pudimos ver, el número de reproducción básica obtenido es $R_b = 8.33$, se espera que la infección tenga una propagación significativa dentro de la población antes de estabilizarse. Gracias a las propiedades del modelo matemático, el sistema evoluciona hasta alcanzar un equilibrio en el que aproximadamente 1200 individuos permanecen susceptibles (S), 3520 infectados (I) y 5280 recuperados (R), reflejando el efecto de la inmunidad temporal y la dinámica de reinfección en la población.

Asimismo, en la Figura 5.2, se presentan las condiciones iniciales de la simulación, que permiten obtener un resultado muy cercano a la solución numérica. En este caso, no se define explícitamente una probabilidad de propagación de la infección, ya que, como se explicó anteriormente, la transmisión ocurre por proximidad entre los individuos.

El estado susceptible (S) se rige únicamente por la regla establecida en la columna *action* y puede pasar al estado infectado (I) tras el contagio por cercanía con individuos infectados. A diferencia del modelo SIS, el estado infectado (I) no tiene una probabilidad regresar al estado susceptible (S) de forma inmediata, sino que está sujeto a una transición hacia el estado recuperado (R).

Los individuos en estado infectado tienen una probabilidad de recuperación del 40 %, lo que significa que, después de un tiempo mínimo de 7 y un máximo de 8 días, un 40 % de los infectados pasan al estado recuperado. Sin embargo, el 60 % restante permanece en el estado infectado hasta que ocurra una nueva transición.

Por otro lado, los individuos en estado recuperado tampoco permanecen inmunes de manera permanente. Existe una probabilidad del 61 % de que sigan en el estado recuperado, mientras que un 39 % puede perder la inmunidad y regresar al estado susceptible. Esta transición ocurre dentro de un rango de 6 a 8 días, de acuerdo con las propiedades establecidas en la simulación.

En la Figura 5.3, se presenta la comparación entre los resultados obtenidos me-

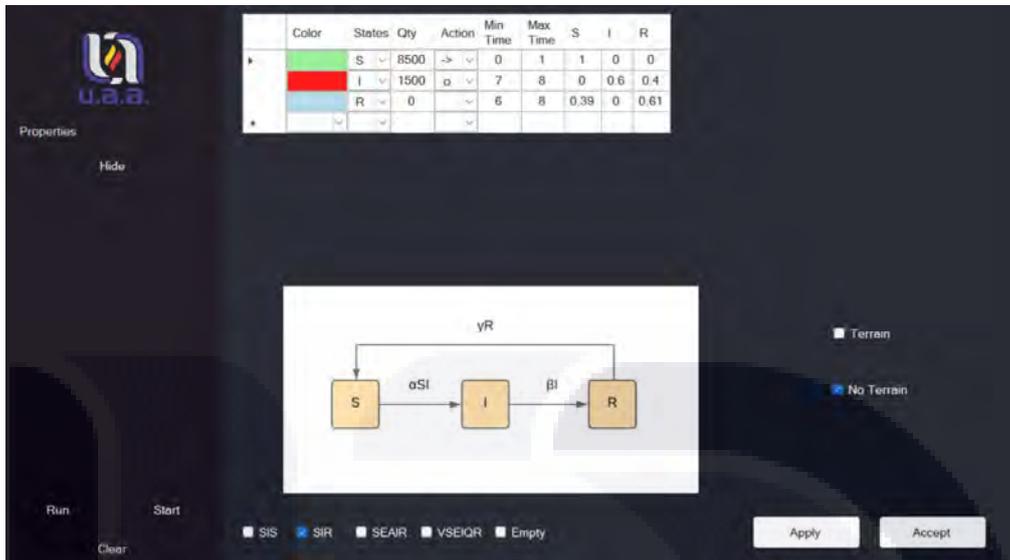


Figura 5.2: La matriz de transición en la que se observa el comportamiento de tres estados: Susceptible (S), Infectado (I) y Recuperado (R). Esta presenta los tiempos y las probabilidades de transición entre estados. El estado Susceptible (S) no tiene posibilidades de transitar hacia otros estados según las propiedades de transición.

diante la solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) y la simulación basada en agentes.

En la simulación, observamos una fase inicial donde la cantidad de individuos infectados crece rápidamente, alcanzando su punto máximo alrededor del día 10. Este crecimiento es impulsado por la propagación de la infección dentro de la población susceptible, lo que genera un descenso acelerado en el número de individuos susceptibles durante los primeros días. Posteriormente, la cantidad de infectados comienza a disminuir conforme más individuos pasan al estado recuperado, estabilizando la curva en un equilibrio en el que las poblaciones de los tres estados permanecen relativamente constantes.

En general, el modelo SIR simulado captura adecuadamente la dinámica esperada de la epidemia, pero la interacción entre recuperación y pérdida de inmunidad introduce fluctuaciones en la cantidad de individuos en cada estado. Estas variaciones reflejan la heterogeneidad del proceso de contagio y recuperación en un sistema

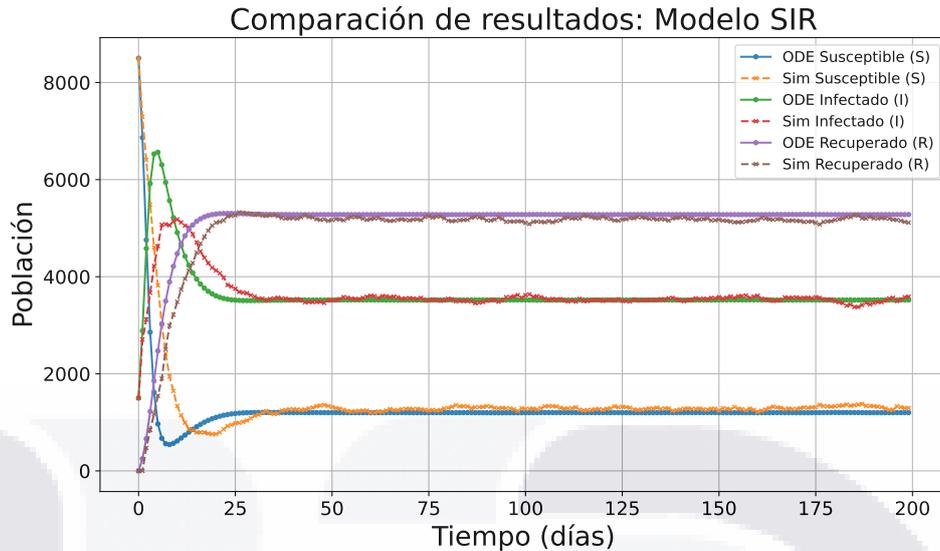


Figura 5.3: Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo SIR. Existen tres estados: Susceptible (S), Infectado (I) y Recuperado (R).

basado en agentes, en contraste con la suavidad de la solución numérica obtenida por ecuaciones diferenciales.

5.3. Modelo SEAIR

La simulación del modelo puede observarse en la Figura 3.6, utilizando las condiciones iniciales presentadas en la Tabla 3.3. Dado que el modelo SEAIR considera la presencia de una fase de exposición y casos asintomáticos, se espera que la infección tenga una propagación significativa dentro de la población antes de estabilizarse. Gracias a las propiedades del modelo matemático, el sistema evoluciona hasta alcanzar un equilibrio en el que aproximadamente 412 individuos permanecen susceptibles (S), 3929 expuestos (E), 2829 infectados sintomáticos (I), 943 asintomáticos (A) y 1886 recuperados (R). Estos valores reflejan el efecto de la inmunidad temporal, la proporción de casos asintomáticos y la dinámica de reinfección en la población.

Asimismo, en la Figura 5.4, se presentan las condiciones iniciales de la simulación, que permiten obtener un resultado muy cercano a la solución numérica. En este caso, no se define explícitamente una probabilidad de propagación de la infección, ya que, como se explicó anteriormente, la transmisión ocurre por proximidad entre

los individuos.

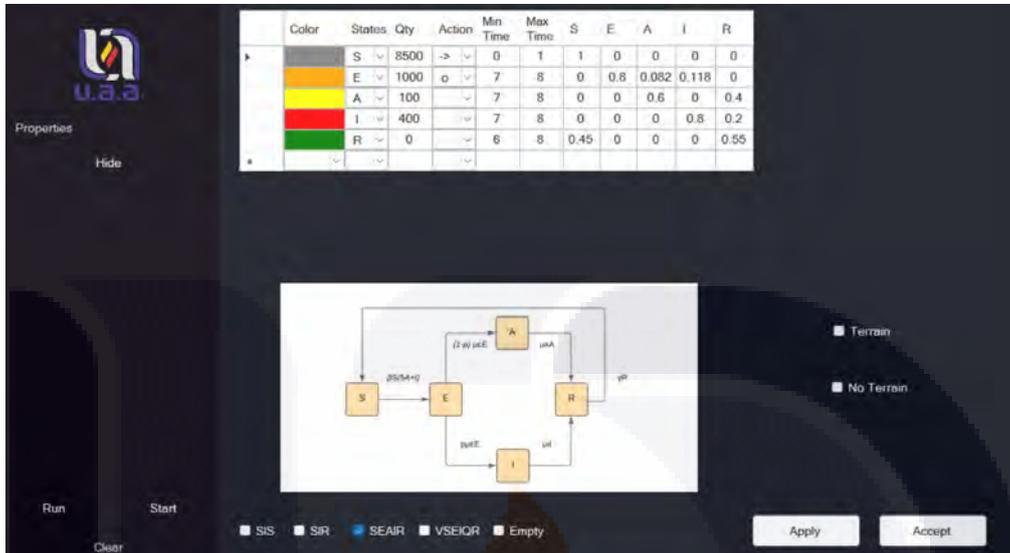


Figura 5.4: La matriz de transición incluye las probabilidades y los tiempos esperados asociados con las transiciones entre estados. Este modelo consta de cinco estados distintos: Susceptible (S), Expuesto (E), Asintomático (A), Infectado (I) y Recuperado (R).

El estado *susceptible* (S) se rige únicamente por la regla establecida en la columna *action* y puede pasar al estado expuesto (E) tras el contacto con individuos infectados o asintomáticos. A diferencia del modelo SIR, los individuos no se infectan inmediatamente, sino que pasan primero por un estado latente de exposición antes de volverse infecciosos.

El estado *expuesto* (E) representa a los individuos que han sido contagiados, pero que aún no presentan síntomas ni pueden contagiar a otros. Este estado tiene una duración mínima de 7 días y máxima de 8 días, tras la cual un 80% de los individuos progresa al estado infectado sintomático (I), un 8.2% pasa al estado asintomático (A) y un 11.8% se recupera directamente sin desarrollar síntomas.

Los individuos en el estado *asintomático* (A) tienen una duración mínima de 7 días y máxima de 8 días, tras lo cual 60% pasa al estado recuperado (R) y el 40% permanece en el estado asintomático hasta que ocurra una nueva transición.

Los individuos en el estado *infectado* (I) tienen una duración mínima de 7 días y máxima de 8 días. Al finalizar este periodo, 80% de los infectados pasan al estado recuperado (R), mientras que el 20% permanece en el estado infectado hasta que ocurra una nueva transición.

Por otro lado, los individuos en el estado *recuperado* (R) tampoco permanecen inmunes de manera permanente. Existe una probabilidad del 55% de que sigan en el estado recuperado, mientras que un 45% puede perder la inmunidad y regresar al estado susceptible (S). Esta transición ocurre dentro de un rango de 6 a 8 días, de acuerdo con las propiedades establecidas en la simulación.

En la Figura 5.5, se presenta la comparación entre los resultados obtenidos mediante la solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) y la simulación basada en agentes.

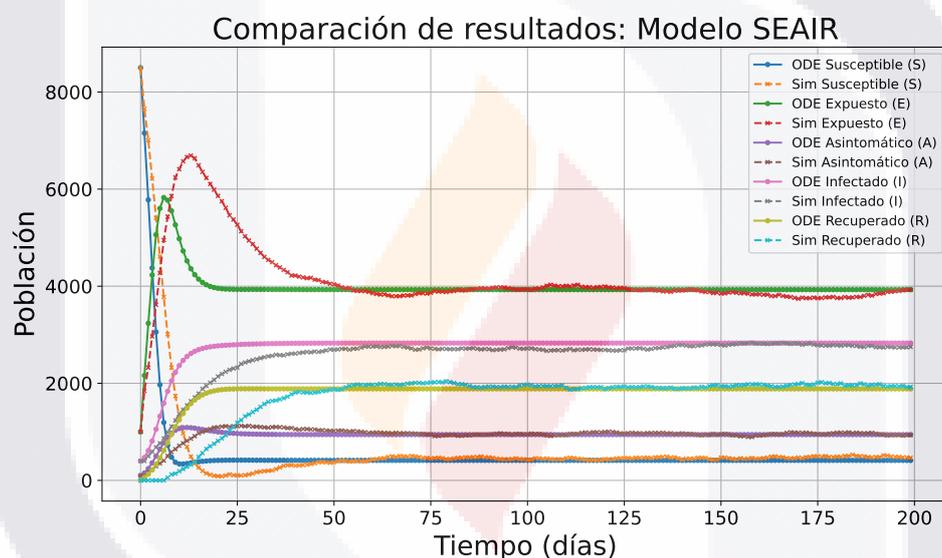


Figura 5.5: Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo SEAIR. El modelo consta de cinco estados, donde la solución numérica está representada por líneas continuas y los resultados de la simulación se muestran con líneas discontinuas.

En la simulación, observamos una fase inicial donde la cantidad de individuos expuestos crece rápidamente debido al período de latencia característico del modelo SEAIR. Esta fase alcanza su punto máximo alrededor del día 10, antes de que los individuos progresen a los estados asintomático e infectado. Durante este mismo periodo, la cantidad de individuos susceptibles desciende de forma acelerada debido al contagio, mostrando una caída pronunciada en los primeros días.

A partir del pico de expuestos, la cantidad de individuos infectados sintomáticos comienza a crecer y alcanza su punto máximo poco después del día 15, mientras que los asintomáticos mantienen un aumento más moderado y estable. Con el paso del tiempo, ambos grupos comienzan a disminuir conforme más individuos pasan al estado recuperado. En el equilibrio final, observamos que las poblaciones de los cinco estados (S, E, A, I, R) se estabilizan, con una población significativa de individuos recuperados y una proporción residual de asintomáticos e infectados, lo que refleja la persistencia de la infección a niveles bajos.

Si bien la simulación sigue la tendencia general de la solución numérica, podemos notar que las oscilaciones son más evidentes en los estados de asintomáticos e infectados, mientras que la curva de susceptibles es más estable. En particular, las curvas de asintomáticos e infectados presentan ligeras fluctuaciones alrededor del equilibrio, reflejando la influencia de la recuperación y la reinfección en un contexto heterogéneo. Además, la población expuesta muestra una transición rápida y un descenso sostenido tras alcanzar su máximo, destacando el papel clave del período de latencia en la propagación de la epidemia.

En general, el modelo SEAIR simulado captura adecuadamente la dinámica esperada de la epidemia. La interacción entre individuos susceptibles, expuestos, asintomáticos, infectados y recuperados genera un sistema dinámico más complejo que el modelo SIR, lo que se evidencia en la diversidad de trayectorias observadas en la simulación y en la solución numérica.

5.4. Modelo VSEIQR

La simulación del modelo puede observarse en la Figura 3.8, utilizando las condiciones iniciales presentadas en la Tabla 3.4. En este caso, algunos estados no alcanzan un punto de equilibrio.

Se analiza el comportamiento de los individuos susceptibles (S), vacunados (V) y recuperados (R), donde la población susceptible disminuye rápidamente, mientras que la cantidad de vacunados y recuperados incrementa en las primeras etapas, para luego descender de forma progresiva. Del mismo modo, se estudia la evolución de los individuos expuestos (E), asintomáticos (I_A), en cuarentena (Q), sintomáticos (I_S) y fallecidos (M). El número de expuestos y asintomáticos muestra un pico inicial seguido de una disminución sostenida, mientras que los individuos en cuarentena y con síntomas presentan un crecimiento moderado. Finalmente, la población fallecida (M) aumenta de manera gradual con el tiempo.



Figura 5.6: La matriz de transición incluye las probabilidades y los tiempos esperados asociados con las transiciones entre estados. Los estados son: Susceptible (S), Vacunado (V), Expuesto (E), Infectado Sintomático (I_s), Infectado Asintomático (I_a), en Cuarentena (Q), Recuperado (R) y Fallecido (D). En este modelo, el estado Susceptible puede transitar hacia otros estados con ciertas probabilidades asociadas.

Por otro lado, en la Figura 5.6 se representan las condiciones iniciales de la simulación, las cuales permiten obtener un resultado muy cercano a la solución teórica. Una diferencia notable en este modelo es que se define una probabilidad de transición para el estado susceptible; sin embargo, dicho estado no interactúa directamente con la infección. Por lo tanto, se puede seguir considerando que el contagio ocurre únicamente a través de la regla de contagio basada en la proximidad entre individuos.

En la Figura 5.7, se compara la solución numérica de ecuaciones diferenciales ordinarias (ODE) con la simulación basada en agentes para el modelo VSEIQR.

La simulación muestra un crecimiento inicial rápido de los infectados, seguido de una disminución progresiva a medida que más individuos pasan a otros estados. La población susceptible disminuye en las primeras etapas debido al contagio y la vacunación, mientras que los estados de recuperación y cuarentena aumentan con el

tiempo.

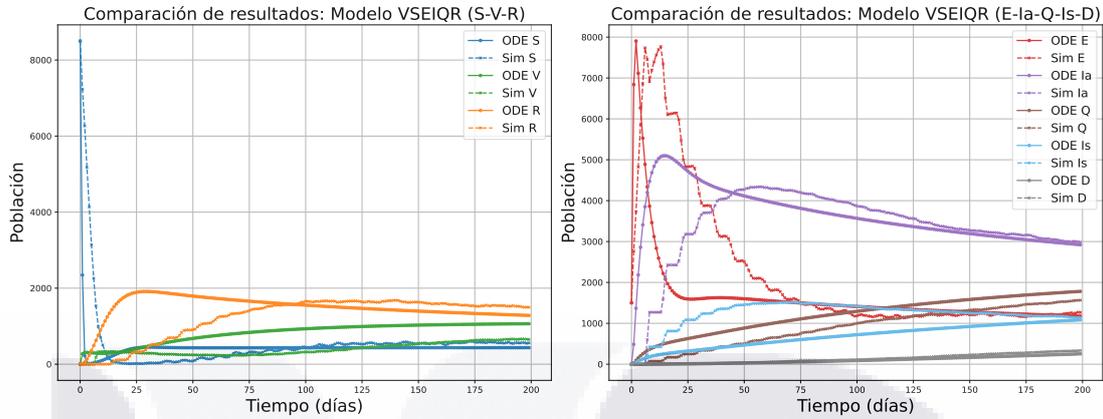


Figura 5.7: Comparación entre la solución numérica y la simulación del modelo VSEIQR. Los estados se dividieron en dos gráficas: comparación de los estados Susceptible (S), Vacunado (V) y Recuperado (R); y comparación de los estados Expuesto (E), Infectado Sintomático (I_s), Infectado Asintomático (I_a), en Cuarentena (Q) y Fallecido (D).

5.5. Otros Experimentos

Se realizaron múltiples experimentos ajustando los parámetros del simulador para evaluar su sensibilidad ante pequeñas variaciones en las condiciones iniciales. Durante estas pruebas, se observó que el simulador es altamente sensible, ya que ligeros cambios en un solo parámetro provocan modificaciones drásticas en los resultados. Esta sensibilidad será expuesta con el modelo SEAIR, donde, incluso manteniendo constantes las probabilidades de transición, las curvas resultantes varían significativamente al modificar algunos parámetros entre estados. Esta respuesta extrema refleja la complejidad inherente del modelo, destacando la importancia de ajustar cuidadosamente los parámetros para obtener simulaciones coherentes y representativas. Además, se observó que la sensibilidad es más pronunciada en los estados intermedios, como expuestos (E) y asintomáticos (A), debido a su papel crítico en la propagación secundaria de la infección.

Modificación del Tiempo

En el primer experimento, se analizó el impacto de modificar el tiempo de exposición del modelo SEAIR visto en la Figura 5.5. A partir de los parámetros originales,

donde el tiempo de exposición (E) se establecía entre 7 y 8 días, se realizó una prueba reduciendo este intervalo a 4 y 5 días.



Figura 5.8: Modificación de tiempo del Modelo SEAIR

Como se observa en la Figura 5.8, esta modificación genera resultados notablemente diferentes en comparación con la solución numérica, a pesar de mantener las mismas probabilidades de transición.

En particular, las curvas de individuos susceptibles (S) y Expuestos (E) presentan una mayor discrepancia respecto a la solución ODE, con fluctuaciones más marcadas a lo largo del tiempo. A diferencia de los resultados anteriores, que se alineaban más estrechamente con la solución numérica, estas nuevas simulaciones muestran que el estado expuesto mantiene una población inferior a la esperada, mientras que el estado susceptible se estabiliza en un valor más elevado. También se observa que la cantidad de individuos recuperados (R) alcanza un nivel final mayor al previsto por el modelo ODE, evidenciando que la reducción del tiempo de exposición no solo modifica la propagación, sino que también altera el equilibrio poblacional. Este resultado subraya cómo pequeños ajustes en el tiempo de transición impactan significativamente en la dinámica global del modelo SEAIR y resaltan la sensibilidad del simulador ante cambios en los parámetros temporales.

Modificación del Espacio

En este experimento se simula el mismo modelo presentado en la Figura 5.5, pero con un cambio significativo: se amplía el área de simulación, otorgando a los indivi-

duos un mayor espacio para desplazarse. Esta modificación provoca una alteración radical en la dinámica del modelo, a pesar de mantener idénticos los parámetros epidemiológicos. El aumento del espacio simula una medida de contingencia, similar al distanciamiento social, lo que reduce la frecuencia de contacto entre individuos y, en consecuencia, ralentiza la propagación de la infección. Este resultado es particularmente interesante, ya que resalta cómo cambios espaciales, sin variar las tasas de transmisión o recuperación, pueden influir significativamente en el desarrollo de la epidemia.

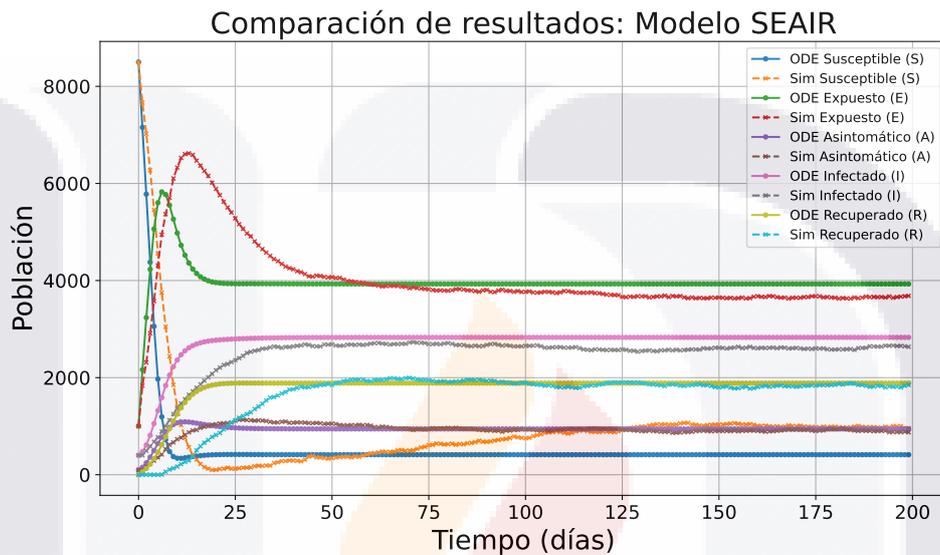


Figura 5.9: Modificación del espacio del modelo SEAIR

Como se observa en la Figura 5.9, el incremento del espacio genera diferencias notorias en la evolución de cada estado. En comparación con simulaciones anteriores, la población de individuos expuestos (E) crece más lentamente y alcanza un pico más bajo, evidenciando la reducción en la velocidad de contagio. En consecuencia, la cantidad de individuos infectados sintomáticos (I) y asintomáticos (A) es menor y se estabiliza más rápidamente, mostrando una curva más plana. Además, los individuos susceptibles (S) descienden de forma menos abrupta y se mantiene una población remanente más significativa. Por otro lado, la población recuperada (R) crece de manera más gradual y alcanza un nivel final inferior al observado en simulaciones con espacios más reducidos. En general, estas diferencias reflejan cómo el distanciamiento espacial puede funcionar como una medida de mitigación efectiva, ralentizando el brote y distribuyendo los casos a lo largo del tiempo, lo que disminuye la presión sobre el sistema epidemiológico.

Explorando la Complejidad

En este experimento, se busca analizar la capacidad del modelo para generar dinámicas diferentes al aplicar múltiples combinaciones de probabilidades y tiempos de transición. A partir de la observación de que pequeñas modificaciones en los parámetros provocan variaciones significativas en los resultados, se diseñaron dos escenarios (Caso 1 y Caso 2) con diferencias en los tiempos de transición y las probabilidades de cambio entre estados.

En ambos casos, se mantienen las mismas reglas de transición entre estados del modelo SEAIR, pero se varían las probabilidades de cambio y los intervalos de tiempo para cada transición. En particular, se modifican los tiempos mínimos y máximos que los individuos permanecen en los estados de exposición (E), asintomático (A), infectado (I) y recuperado (R), así como las probabilidades de progresión, recuperación y pérdida de inmunidad, que se muestra en la Tabla 5.1.

Caso 1							
State	Min	Max	S	E	A	I	R
S	0	1	1	0	0	0	0
E	7	8	0	0.8	0.082	0.118	0
A	7	8	0	0	0.6	0	0.4
I	7	8	0	0	0	0.8	0.2
R	6	8	0.45	0	0	0	0.55

Caso 2							
State	Min	Max	S	E	A	I	R
S	0	1	1	0	0	0	0
E	10	11	0	0.72	0.105	0.175	0
A	0	2	0	0	0.93	0	0.07
I	0	1	0	0	0	0.97	0.03
R	2	4	0.25	0	0	0	0.75

Tabla 5.1: Matrices de transición en donde presentan distintos parámetros para dos casos del modelo SEAIR.

En este análisis, se espera observar diferencias significativas entre ambos casos.

- *Caso 1*: Este caso corresponde a los parámetros que analizamos previamente y están plasmados en la Figura 5.4.

- *Caso 2:* En este caso se presentan varias modificaciones clave en los parámetros:
 - El tiempo de exposición (E) se incrementa de 7-8 días a 10-11 días, lo que retrasa la aparición de asintomáticos e infectados.
 - El estado asintomático (A) presenta una mayor probabilidad de permanecer en ese estado (93 %) y una menor probabilidad de recuperarse (7 %), lo que prolonga su presencia en la población.
 - El tiempo de infección (I) se reduce drásticamente a 0-1 días, pero con una alta probabilidad de permanecer infectado (97 %), generando una fase infecciosa más breve pero intensa.

En la Figura 5.10, podemos observar los resultados de la comparación entre los casos 1 y 2. Como mencionamos anteriormente, al realizar modificaciones significativas en los parámetros de tiempos y probabilidades de transición, esperábamos que los resultados mostraran diferencias exponencialmente mayores. Sin embargo, los resultados obtenidos revelan que es posible alcanzar comportamientos cercanos a las soluciones numéricas, a pesar de usar diferentes tablas de transición.

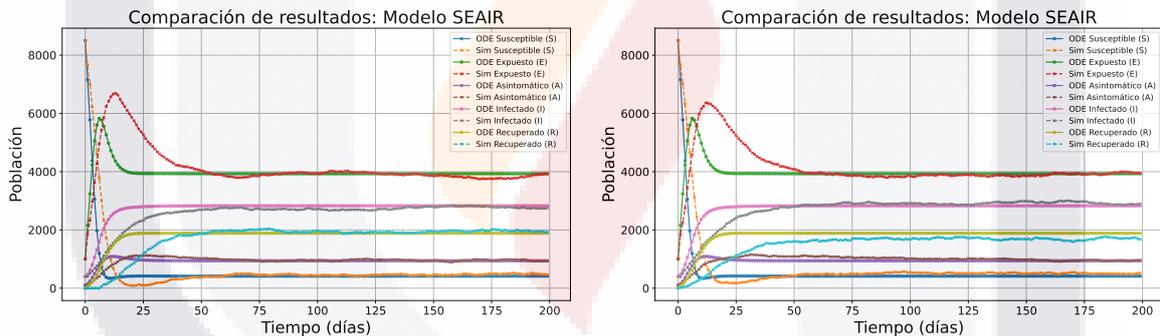


Figura 5.10: Comparación del modelo SEAIR con los parámetros presentados en la Tabla 5.1.

Este hallazgo es relevante, ya que demuestra que múltiples combinaciones de parámetros pueden conducir a trayectorias epidémicas similares, lo que amplía las posibilidades de análisis y proyección. En lugar de generar una única trayectoria predecible, la variabilidad en las transiciones nos ofrece diversos escenarios, cada uno con su propia interpretación epidemiológica. Esta capacidad de generar resultados comparables con configuraciones distintas resalta la versatilidad del simulador y su utilidad para mostrar diferentes medidas de control y contingencia bajo escenarios variados.

Capítulo 6

Conclusiones y Trabajo Futuro

Iniciaremos esta sección abordando nuestras preguntas de investigación iniciales, basándonos en el desarrollo y la experimentación realizados a lo largo del trabajo. A partir de los resultados obtenidos mediante la simulación basada en agentes y su comparación con los métodos numéricos, podemos responder a cada una de las preguntas planteadas:

- **¿Puede la simulación basada en agentes proporcionar una base sólida para representar y analizar las ecuaciones diferenciales utilizadas en los modelos epidemiológicos?**

Como observamos en el Capítulo 4, específicamente en la sección del simulador, la simulación basada en agentes permite representar de forma funcional los modelos epidemiológicos clásicos y obtener resultados claros y detallados para su análisis. Esta metodología es capaz de simular la dinámica de las enfermedades bajo diferentes condiciones, facilitando así el estudio de sus comportamientos y propiedades.

- **¿Es posible simular y permitir la modificación de las propiedades fundamentales de los modelos epidemiológicos a través de una interfaz gráfica diseñada para el usuario?**

Como se mostró en el Capítulo 4, en la sección dedicada a las interfaces, y también en las imágenes presentadas en el Capítulo 5, fue posible diseñar una interfaz gráfica que permite al usuario modificar los parámetros fundamentales de los diferentes modelos epidemiológicos. Esta interfaz facilita la parametrización de las simulaciones, ofreciendo un entorno intuitivo y accesible para ajustar las propiedades esenciales de cada modelo.

- **¿Es posible comparar los resultados de la simulación con los obtenidos a partir de las ecuaciones diferenciales para identificar y analizar las propiedades bajo diferentes condiciones?**

Como se mostró en el Capítulo 5, realizamos la comparación y validamos la coherencia de los resultados. Esto fue posible gracias al almacenamiento de la base de datos con los resultados de ambos métodos, lo que nos permitió generar gráficas comparativas y facilitar futuros análisis si fueran necesarios.

Respondiendo a las preguntas específicas, ahora es clara la respuesta a la pregunta general: *¿Es posible simular gráficamente modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales para facilitar su comprensión y aprendizaje, así como el análisis de las propiedades que estos modelos ofrecen?* Con los resultados obtenidos, podemos afirmar que sí es posible realizar una simulación de los modelos epidemiológicos y desarrollar una interfaz que permita la modificación de los parámetros de dicha simulación. En nuestro caso, esta implementación se realizó mediante la simulación basada en agentes y el uso de cadenas de Markov, lo que permitió modelar las transiciones entre los estados epidemiológicos. Esta metodología no solo facilita la representación gráfica de la dinámica de los modelos, sino que también contribuye al análisis y estudio detallado de sus propiedades, promoviendo una comprensión más profunda y accesible para su aprendizaje.

6.1. Conclusión General

Como conclusión general, podemos afirmar que este simulador es una herramienta útil para comprender el comportamiento de los modelos epidemiológicos, especialmente para aquellos usuarios que no poseen un alto nivel de conocimientos matemáticos. Además, su capacidad para representar y analizar estos modelos de forma visual y accesible lo convierte en una herramienta valiosa para el aprendizaje y la exploración de dinámicas epidemiológicas.

Buscar condiciones que se ajusten de manera más realista a los datos observados durante una epidemia permitiría modelarla mediante el simulador, incluso en aquellos casos donde los patrones no correspondan directamente a un modelo basado en ecuaciones diferenciales conocido. Esta flexibilidad amplía su aplicabilidad en contextos diversos y con comportamientos más complejos.

Por otra parte, el uso complementario del simulador junto con *EpiSolver* permitió realizar un análisis más completo y detallado del comportamiento de las si-

mulaciones. En conjunto, todo esto nos lleva a concluir que el simulador cumple satisfactoriamente su objetivo al facilitar el estudio y la interpretación de los modelos epidemiológicos.

6.2. Trabajo a Futuro

En cuanto a las mejoras y líneas de trabajo a futuro, identificamos tres áreas principales de desarrollo:

En primer lugar, es necesario corregir algunos bugs y añadir estrategias de mitigación para evitar anomalías en el simulador. Estas mejoras incrementarán la estabilidad y la fiabilidad del software.

En segundo lugar, se pueden implementar mejoras en la funcionalidad, como la incorporación de nuevos módulos que permitan agregar estados adicionales. Esto facilitaría la creación de modelos epidemiológicos más complejos y adaptables a distintos escenarios, manteniendo la flexibilidad del simulador.

En tercer lugar, consideramos que la búsqueda de soluciones equivalentes a modelos epidemiológicos matemáticos es una tarea que, en ocasiones, resulta compleja y demandante en tiempo. Esta labor podría optimizarse mediante el uso de algoritmos de inteligencia artificial (IA), lo que permitiría encontrar parámetros de forma más eficiente y sencilla. El uso de IA no solo agilizaría la búsqueda de soluciones, sino que también garantizaría resultados más consistentes y adaptables a distintos escenarios epidemiológicos.

Bibliografía

- [1] D. M. Morens, G. K. Folkers, and A. S. Fauci, “Emerging infections: a perpetual challenge,” *The Lancet Infectious Diseases*, vol. 8, no. 11, pp. 710–719, 2008.
- [2] D. M. Morens, P. Daszak, H. Markel, and J. K. Taubenberger, “Pandemic covid-19 joins history’s pandemic legion,” *mBio*, vol. 11, no. 3, 2020.
- [3] P. Hedberg, F. Granath, J. Bruchfeld, J. Askling, D. Sjöholm, M. Fored, A. Färnert, and P. Naucler, “Post covid-19 condition diagnosis: A population-based cohort study of occurrence, associated factors, and healthcare use by severity of acute infection,” *Journal of Internal Medicine*, vol. 293, pp. 246–258, 02 2023. Epub 2022 Dec 7.
- [4] E. R. Franklin, P. D. Mitchell, and J. Robb, “The black death in hereford, england: A demographic analysis of the cathedral 14th century plague mass graves and associated parish cemetery,” *American Journal of Biological Anthropology*, vol. 182, no. 3, pp. 452–466, 2023.
- [5] N. M. Ampel, “Plagues—what’s past is present: thoughts on the origin and history of new infectious diseases,” *Reviews of Infectious Diseases*, vol. 13, no. 4, pp. 658–665, 1991.
- [6] F. Tirado and J. A. Canada, “Epidemias: un nuevo objeto sociotécnico,” *Convergencia*, vol. 18, no. 56, pp. 133–156, 2011.
- [7] P. Berche, “The spanish flu,” *La Presse Médicale*, vol. 51, no. 3, p. 104127, 2022. History of modern pandemics.
- [8] E. A. Largent, “Ebola and fda: reviewing the response to the 2014 outbreak, to find lessons for the future,” *Journal of Law and the Biosciences*, vol. 3, pp. 489–537, 12 2016.
- [9] F. Botero-Rodríguez, Ó. H. Franco, and C. Gómez-Restrepo, “Pandemic’s glossary: The abc of coronavirus concepts,” *Biomedica*, vol. 40, pp. 16–26, 10 2020.

- [10] X. Escudero, J. Guarner, A. Galindo-Fraga, M. Escudero-Salamanca, M. A. Alcocer-Gamba, and C. D. Río, “La pandemia de Coronavirus SARS-CoV-2 (COVID-19): Situación actual e implicaciones para México,” *Archivos de cardiología de México*, vol. 90, no. 1, pp. 7–14, 2020.
- [11] CONACYT, “Mapa interactivo de COVID-19 México.” <https://datos.covid-19.conacyt.mx/#DOView>, 2020. Revisión: 24-02-2025.
- [12] INEGI, “Estadísticas a propósito del día mundial de la población.” <https://tinyurl.com/INEGI23>, 2023. Revisión: 24-02-2025.
- [13] O. A. Montesinos-López and C. M. Hernández-Suárez, “Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas,” *Salud Pública de México*, vol. 49, no. 3, pp. 218–226, 2007.
- [14] J. E. Herrera-Serrano, J. A. Guerrero, I. E. Medina-Ramírez, and J. E. Macías-Díaz, “A multiconsistent computational methodology to resolve a diffusive epidemiological system with effects of migration, vaccination and quarantine,” *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, vol. 236, p. 107526, 2023.
- [15] J. C. Clement, V. Ponnusamy, K. Sriharipriya, and R. Nandakumar, “A survey on mathematical, machine learning and deep learning models for covid-19 transmission and diagnosis,” *IEEE Reviews in Biomedical Engineering*, vol. 15, pp. 325–340, 2022.
- [16] N. Cruz-Ramírez, G.-d.-J. Hoyos-Rivera, S. L. Gutiérrez, and H. Tapia-McClung, *Data Science: A Useful Tool for Understanding SARS-CoV-2 Information Facts*, pp. 238–275. 9 2022.
- [17] S. Rasmussen and C. L. Barrett, “Elements of a theory of simulation,” in *Advances in Artificial Life* (F. Morán, A. Moreno, J. J. Merelo, and P. Chacón, eds.), (Berlin, Heidelberg), pp. 515–529, Springer Berlin Heidelberg, 1995.
- [18] A. Urquía Moraleda and C. Martín Villalba, *Métodos de simulación y modelado*. MÁSTER, UNED, 2016.
- [19] L. d. C. Rosas Rosas and J. I. Segundo Rosas, “Sobre cadenas de Markov y su potencial en las aplicaciones,” *Epistemos*, vol. 13, no. 26, pp. 7–12, 2019.
- [20] E. M. Delgado-Moya and A. Marrero-Severo, “Estudio estocástico con el uso de cadenas de markov para la transmisión del dengue,” *Uniciencia*, vol. 32, no. 1, pp. 108–117, 2018.

- [21] H. Avilés, M. Negrete, A. Reyes, R. Machucho, K. Rivera, G. de-la Garza, and A. Petrilli, “Autonomous behavior selection for self-driving cars using probabilistic logic factored markov decision processes.,” *Applied Artificial Intelligence*, vol. 38, no. 1, pp. 1–25, 2024.
- [22] R.-V. Ionescu, M. L. Zlati, V.-M. Antohi, I. O. Susanu, and N. Bărbuță-Mișu, “Quantifying the economic survive across the EU using Markov probability chains,” *Technological and Economic Development of Economy*, vol. 30, no. 3, pp. 809–849, 2024.
- [23] N. Liu, W. Qin, J. Cheng, J. Cao, and D. Zhang, “Protocol-based control for semi-markov reaction-diffusion neural networks,” *Neural Networks*, vol. 179, p. 106556, 2024.
- [24] P. Bran and L. Escobar, “Addressing misidentification in noninvasive dna sampling using bayesian approach and simulations,” *Revista Colombiana de Estadística*, vol. 47, no. 1, pp. 135–150, 2024.
- [25] S. VijayaShanthi, E. B. Priyanka, V. Sampathkumar, S. Manoj, S. Vivek, S. Karuppanan, and K. Kathiresan, “Analysis of air quality parameters on climate change phenomenon using markov autoregressive model,” *Cogent Engineering*, vol. 11, no. 1, p. 2421284, 2024.
- [26] S. N. Zeleke, A. F. Jember, and M. Bochicchio, “Encrypted malicious network traffic detection: Leveraging attention mechanism and markov chain sequencing,” in *2024 International Conference on Information and Communication Technology for Development for Africa (ICT4DA)*, pp. 148–153, 2024.
- [27] L. G. Rodríguez Zoya and P. Roggero, “Modelos basados en agentes: aportes epistemológicos y teóricos para la investigación social,” *Revista Mexicana de Ciencias Políticas y Sociales*, vol. LX, no. 225, pp. 233–266, 2015.
- [28] B. Sutherland and A. Jacobs, “Self-organization and scaling in a lattice predator-prey model,” *Complex Systems*, vol. 8, pp. 385–405, 12 1994.
- [29] A. Dewdney, *The Armchair Universe: An Exploration of Computer Worlds*. W.H. Freeman, 1988.
- [30] D. Azamuke, M. Katarahweire, and E. Bainomugisha, “Momtsim: A multi-agent-based simulation platform calibrated for mobile money transactions,” *IEEE Access*, vol. 12, pp. 120226–120238, 2024.
- [31] M. J. Kendzel, J. C. de Roode, and L. A. Waller, “Inferring the relative importance of navigation and landscape effects for migratory populations using agent-based models,” *Ecological Modelling*, vol. 501, p. 111008, 2025.

- [32] D. S. Utomo, A. Gripton, and P. Greening, “Long haul logistics using electric trailers by incorporating an energy consumption meta-model into agent-based model,” in *2020 Winter Simulation Conference (WSC)*, pp. 147–158, 2020.
- [33] J. C. Butcher, *Numerical Methods for Ordinary Differential Equations*. John Wiley and Sons, 2016.
- [34] W. Boyce, R. DiPrima, and D. Meade, *Elementary Differential Equations and Boundary Value Problems*. Wiley, 2017.
- [35] S. Banerjee, *Mathematical Modeling: Models, Analysis and Applications*. CRC Press, 2021.
- [36] W. F. Libby, *Radiocarbon Dating*. Chicago, Ill.: University of Chicago Press, 2nd ed., 1955.
- [37] J. Dormand and P. Prince, “A family of embedded runge-kutta formulae,” *Journal of Computational and Applied Mathematics*, vol. 6, no. 1, pp. 19–26, 1980.
- [38] M. Martcheva, “An introduction to mathematical epidemiology,” vol. 61, 01 2015.
- [39] L. J. Allen, “Some discrete-time si, sir, and sis epidemic models,” *Mathematical Biosciences*, vol. 124, no. 1, pp. 83–105, 1994.
- [40] I. S. Guevara and R. V. Cristóbal, “La modelación del covid-19 en México a partir del modelo SIR,” *Política y Cultura*, vol. 58, pp. 151–178, 2022.
- [41] C. Deressa and G. Duressa, “Analysis of atangana-baleanu fractional-order seair epidemic model with optimal control,” *Advances in Difference Equations*, vol. 2021, no. 174, 2021.
- [42] L. Basnarkov, “Seair epidemic spreading model of covid-19,” *Chaos, Solitons and Fractals*, vol. 142, p. 110394, 2021.
- [43] R. C. Martin, *Agile Software Development: Principles, Patterns, and Practices*. USA: Prentice Hall PTR, 2003.
- [44] R. C. Martin, *Clean Architecture: A Craftsman’s Guide to Software Structure and Design*. USA: Prentice Hall Press, 1st ed., 2017.