

EPIDEMIOLOGIA MATEMATICA: Aprendiendo Modelos por Contagio

JUAREZ, Gustavo Adolfo – NAVARRO, Silvia Inés

Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Universidad Nacional de Catamarca

e-mail: gajuarez@topmail.com.ar

RESUMEN:

La experiencia muestra que si bien no podemos comprender, al menos podemos predecir, dentro de ciertas limitaciones, cómo suceden los fenómenos naturales. La meta básica de la Ciencia actual es crear en torno a los fenómenos reales, modelos que describan y puedan predecir el comportamiento de tales fenómenos.

Se puede decir entonces que un Modelo Matemático de un cierto fenómeno es bueno si predice o simula algunos de los comportamientos del fenómeno real. Además, se puede tratar de encontrar estructuras matemáticas que sirvan de modelo común a diversos y diferentes fenómenos.

Si bien se dice que los problemas complejos tienen soluciones erróneas, sencillas y fáciles de comprender, éste es tal vez el caso de muchos de los modelos matemáticos que se usan en Ecología; a menudo demasiado simples como para describir adecuadamente el mundo real.

Nuestro objetivo en este trabajo es familiarizarnos con el uso de modelos en ciencias a través de la práctica. Es allí cuando se hace apropiado concretar la realización de un ejemplo. Que mejor entonces que considerar una temática que nos toca a todos por igual, la idea es trabajar acerca de la propagación de una enfermedad.

La idea básica no sólo es invitarlos a dar una visita guiada por el fantástico mundo de la Investigación Científica, sino convocarlos a participar de la elaboración de un simple modelo. Así, la Biología, Medicina, Matemática y la Programación Científica, dan muestras que la Interdisciplinariedad es una realidad, no sólo para admirarla desde lejos, sino para iniciarse lo más antes posible.

Introducción:

Nuestro objetivo en este Taller es familiarizarnos con el uso de modelos en ciencias a través de la práctica. Es allí cuando se hace apropiado concretar la realización de un ejemplo. Que mejor entonces que considerar una temática que nos toca a todos por igual, pues un modelo matemático, que pueda resolver una problemática propia de mejoramiento de producción de una industria, nos llevaría primero a tener que informarnos lo suficiente de lo que ocurre con la elaboración, materias primas que intervienen en la elaboración, costos de producción, utilidades de recursos, etc., y todo aquello que interviene en la composición del problema en cuestión.

La idea es trabajar acerca de la propagación de una enfermedad. Para ello necesitaremos presentar algunos conceptos previos. Más aún, la mejor manera de aprender modelos, es comenzar por conocer modelos y no su propia filosofía. Por lo que nuestra forma de trabajar será analizar modelos epidemiológicos simples, y recrearlos.

Pero, ¿qué es un modelo?, ¿podemos estudiar matemáticamente una epidemia?, ¿podemos estudiar la propagación de una enfermedad desde la matemáticas?.

¿Matemáticas en Biología?

Engel, A.B (1978)-[1], expresa que desde el comienzo la Biología se ha caracterizado por ser una disciplina contemplativa y descriptiva, hecho particularmente notorio en anatomía, que poco ha cambiado a lo largo de los años. La Biología como ciencia comenzó realmente al surgir la Genética, la Evolución y la Fisiología; y los avances más notables en Biología se lograron posteriormente con los progresos aportados por la Física en cuanto a los métodos de mediciones.

Por su parte Momo, F. y col. (1994)-[2], comenta que la Matemática en Biología o Biomatemática o Ecología Matemática, nació como Ciencia en los años 1926 y 1927. Si bien hubo una prehistoria que forman una constelación de famosos y no tanto como Malthus o Verhulst, fueron los trabajos de Volterra (1926), Lotka (1927) y Kostitzin (1927) los que iniciaron el feliz matrimonio entre la Ecología y la Matemática.

Volterra, motivado por un problema que le sugirió su yerno, el zoólogo Humberto D'Ancona, demostró, usando un modelo matemático, que las fluctuaciones de la pesca en el Mar Adriático podían deberse a la interacción entre depredadores y presas.

A partir de allí, la mayoría de los conceptos de la Ecología han tenido expresión en forma de modelos matemáticos que explican o predicen lo que pasa en la naturaleza, con mayor o menor grado de realismo y precisión.

Un ecólogo matemático hoy en día puede dedicarse a varios aspectos: predecir la probabilidad de inundaciones, modelar el clima, diseñar estrategias de vacunación o prevención para enfermedades infecciosas, manejar parques nacionales o, simplemente, intentar hacer crecer el cuerpo teórico de la Ecología.

Modelos Matemáticos

Los conocimientos alcanzados por la humanidad hasta el presente, hacen presumir que los avances científicos tienden a prever todos los acontecimientos que pudieran suceder bajo la órbita de una realidad cada vez más artificial, cibernética o programable. Los distintos fenómenos que se presentan en las diversas Ciencias, estudian su comportamiento, sus consecuencias y fines, según los parámetros que intervienen, pero esencialmente prefieren analizar sus implicancias ahorrándose el proceso de ejecución. Así es como mediante imitaciones o analogías, se recrea o simula el fenómeno en cuestión considerando que a veces no es posible reiterar el experimento cuantas veces se desee.

Esto lleva a reemplazar dicho fenómeno real por otro simulado, simple y que puede ser manipulado, denominado modelo; más aún, si se representa mediante herramientas matemáticas, se conocen como **Modelos Matemáticos**.

Dentro de las **Matemáticas Aplicadas**, un área muy comprometida con la sociedad, es la **Biomatemática** o **Ecología Matemática**, en donde el objeto de trabajo son los fenómenos que involucran salud, ambiente y sus consecuencias. Esta forma de hacer interdisciplinariedad trae aparejado que las Investigaciones Científicas deban atravesar por la etapa de la divulgación como en [3], [4], [5] y [6], siendo éste el propósito del presente trabajo, para ello concentramos nuestra labor en modelos epidemiológicos, e invitarlos a dar un paseo científico.

Así, muchos de estos modelos han prestado enormes servicios a la humanidad, en tareas tan complejas como manejar una pesquería durante cincuenta años o decidir si es mejor vacunar al 98 por ciento de la población o no vacunar a nadie.

Finalmente podemos decir, que los problemas biológicos se analizan tratando de captar sus cualidades biológicas básicas, para luego ser estudiadas por medio del razonamiento y las estructuras matemáticas.

Sistemas Dinámicos

Vamos a describir aquí un enfoque para interpretar la realidad. Muy posiblemente no existe la que podríamos llamar forma correcta o la mejor manera de observar la realidad. Pero sí es cierto que vamos a conocer un enfoque nuevo para varios de nosotros. Y es precisamente una manera oportuna de abordar los problemas que se plantean a la Humanidad en estos tiempos, a la vista de nuevos y cada vez más duros retos que hemos de afrontar: hambre, pobreza, degradación ambiental, guerras, epidemias.

Este enfoque tiene varios nombres, tales como *dinámica de sistemas*, o *sistemas dinámicos* [7]. Para ello debemos considerar en el análisis del mundo, a éste como un todo, como un sistema global. Nos alcanza con considerar como concepto el siguiente, que un sistema es un conjunto de elementos relacionados entre sí.

Para la mayoría de las personas, los modelos del mundo se asocian con enormes ordenadores con grandes cantidades de información sobre cualquier materia que podamos imaginar. Pero el primer modelo de simulación del mundo bien documentado era relativamente simple, y fue publicado por Jay Forrester en el año 1971.

Modelos de Epidemias

Supongamos una población de tamaño S inicialmente sana, en la cuál se introduce un cierto número I de infectados. El objeto de estudio de la mayor parte de estos modelos lo constituyen individuos, en un sentido figurado y matemáticamente tratable, vinculados con su entorno generalmente constituido por los vecinos más cercanos. La interacción con sus vecinos es modelada matemáticamente en forma abstracta y despojada de todo aspecto psicológico o social, y está asociada al hecho de que es la proximidad espacial entre dos individuos lo que hace más probable la transmisión de la enfermedad entre ellos, en caso de ser contagiosa. Así, la distribución espacial determinará cuál es el grupo de individuos a los cuales un sujeto podrá transmitir o de los cuales podrá contagiarse la enfermedad. Existen modelos que contemplan individuos inmóviles, otros sujetos que migran desplazando la infección.

Durante el proceso infeccioso y dependiendo del tipo de enfermedad, los individuos pueden pasar por todos o algunos de los siguientes estados [8]:

- Susceptibles (S), estado en el cual el individuo puede ser contagiado por otro agente que esté infectado;
- Infectado (I), estado durante el cual el individuo se halla infectado y puede además infectar;

- Removido(R), o recuperado, estado durante el cuál el individuo no puede ni ser infectado por haber adquirido inmunidad (temporal o permanente) ni afectar (por haber recuperado o haber pasado la etapa contagiosa de la enfermedad).

Entre las enfermedades infectocontagiosas encontramos dos grupos principales:

- Las que confieren inmunidad al infectado (temporal o permanente) una vez recuperado, la mayoría de origen viral (sarampión, varicela, poliomielitis); y
- Las que, una vez recuperado, el individuo vuelve a ser susceptible inmediatamente, entre las que encontramos las causadas por agentes bacterianos (enfermedades venereas, peste, algunas meningitis) o protozoos (malaria).

Teniendo en cuenta los distintos estadios relacionados con un proceso infeccioso, los modelos epidemiológicos matemáticos se dividen en tres grandes grupos:

1. SIR:

El modelo susceptible-infectado-removido, relacionado con las enfermedades que confieren inmunidad permanente y un ciclo típico incluye los tres estadios.

Esto no quiere decir que todos los individuos de una población deban pasar por estos, algunos no serán infectados y permanecerán sanos, o sea siempre en estado S, otros serán inmunizados artificialmente por vacunación, o algún otro método y pasarán a ser R sin haber estado infectados. Es justamente el interés del modelo tener en cuenta todas estas posibilidades y tratar de predecir el comportamiento de una epidemia.

2. SIRS:

El modelo susceptible-infectado-removido-susceptible, idéntico al anterior, pero aplicable a casos en que la inmunidad no es permanente y el individuo vuelve a ser susceptible después de un cierto periodo, tal como la gripe.

3. SIS:

El modelo susceptible-infectado-susceptible; se usan en casos en que la enfermedad no confiere inmunidad y el individuo pasa de estar infectado a susceptible nuevamente, saltando la etapa R.

Un modelo puede o no tener en cuenta la dinámica vital de la población (nacimientos, muertes, movimientos migratorios) dependiendo sobre todo de los tiempos involucrados en el proceso descripto, determinados principalmente por las características propias de la enfermedad y de la sociedad en estudio.

Realización de un Modelo

Consideraremos el modelo SIR, como en [3], con algunas suposiciones previas a fin de simplificar el problema. Por ejemplo, de que un enfermo, una vez recuperado, ya no contraerá la enfermedad, y que una vez tratado y aislado para su recuperación, no contagiará. Nos tomaremos la libertad de imaginar que no hay muertos, y a los efectos de este modelo no tendremos en cuenta las variaciones de población debida a otros factores, viajes, nacimientos, o sea, una población cerrada.

Así, nuestra población consta de tres categorías de personas:

- Sanos S
- Infectados I
- Recuperados R

Inicialmente no hay ningún recuperado, (aunque los podría haber), es decir, sólo consideramos sanos e infectados, y la cantidad que existe de cada uno es:

$$S = S_0 \quad I = I_0 \quad \text{y} \quad R = R_0 = 0$$

Además consideraremos que durante nuestro tiempo de observación la población cumple con el siguiente proceso:

- Algunos de los sanos enfermarán, de manera que habrá una disminución de la población sana susceptible de contraer la enfermedad. A ésta variación la llamaremos ΔS , y por ser una disminución se definirá negativa.
- La variación neta ΔI será la diferencia entre dos contribuciones, una debida a los nuevos infectados que será numericamente igual a ΔS , pero con el signo contrario, y la otra originada en algunos enfermos que se recuperarán, de manera que habrá una disminución en el número de infectados que será igual al aumento en el número de recuperados. Supondremos además, que no hay reinfección.

Lo supuesto hasta aquí, es fácilmente modificable para otras situaciones, como ser que los recuperados pueden infectarse nuevamente, o más aún, en repetidas veces.

Comencemos a hacer funcionar nuestro modelo, para ello deberemos contar periodicamente de mediciones del número de sano, infectados y recuperados en cada instante, como si fuesen tres poblaciones paralelas. Hemos de presentar la forma de obtener esas cantidades que miden cada población, previa presentación de cómo medir las variaciones que sufren, recordando que el total de las poblaciones es constante, por lo tanto:

$$S + I + R = S_0 + I_0 + R_0$$

y las variaciones de susceptibles, infectados y recuperados, satisfacen:

$$\Delta S + \Delta I + \Delta R = 0$$

Para comenzar a correr nuestro modelo, o sea, realizar nuestra simulación, debemos calcular los valores de las distintas poblaciones. Para ello llamemos a la población inicial de sanos por S_0 , y la correspondiente a los infectados sea I_0 .

Las variaciones ΔS , ΔI y ΔR las supondremos constantes durante todo nuestro experimento, y si denotamos con S_t , I_t y R_t el número de sanos, infectados y recuperados, respectivamente para el tiempo t , se tiene que para el instante siguiente de observación:

$$S_{t+1} = S_t + \Delta S \quad I_{t+1} = I_t + \Delta I \quad R_{t+1} = R_t + \Delta R$$

Ahora bien, la primera variación a calcular es ΔS , que es el número de sanos que se convierten en infectados, esto es, resta a S y suma a I , bajo las suposiciones que es proporcional a ambas cantidades iniciales, y siendo un bucle negativo entre S e I , de esta manera:

$$\Delta S = -c.S.I$$

siendo c la tasa de contagio, que mide la probabilidad por unidad de tiempo y por habitante de contraer la enfermedad. Con c sintetizamos todos los factores sociales y sanitarios que intervienen en el contagio: higiene, hacinamiento, pobreza, clima, disponibilidad de servicios públicos, nivel de formación, etc. Claro, hasta aquí vemos que no estamos hilando fino, pero es un modelo primitivo.

La forma óptima de trabajar es dar al modelo la forma más simple posible, lo cual implica que es lo más alejado de la realidad, pues nos desprendemos de variables que en un primer momento pueden resultar molestos; al tiempo que agrupamos otros tantos factores en la cantidad posible de constantes.

A partir de la primera aproximación obtenida de este modelo respecto a la realidad, agregamos elementos de acuerdo a los factores que intervienen.

Continuemos analizando los elementos que participan, así ΔI se obtiene de la suma de los nuevos infectados menos los que dejan de estarlo para convertirse en recuperados:

$$\Delta I = cSI - \Delta R$$

Es inmediato que ΔR depende sólo del número de infectados, pues no se relacionan con los sanos, así:

$$\Delta R = rI$$

con r constante que mide la intensidad de recuperación de los infectados y se denomina tasa de recuperación. O sea: $\Delta I = cSI - rI$

Una vez definidos todos los elementos que intervienen, el paso siguiente es hacer correr el modelo.

Simulación: Algoritmo en movimiento

Ahora debemos conocer que ocurre con las cantidades de sanos, infectados y recuperados a medida que transcurre el tiempo, es decir, debemos seguir los pasos determinados por el siguiente algoritmo:

Paso 1: Asignar valores iniciales a la población indicadas con S_0, I_0, R_0 . Indicar además los valores de las tasas de infección y recuperación.

Paso 2: Calcular las variaciones, de sanos, infectados y recuperados.

Paso 3: Obtener las nuevas cantidades de sanos, infectados y recuperados, sumando a la población actual la variación calculada.

Todos estas ternas de valores pueden ser ubicadas en una tabla confeccionada al respecto, o aún más, registrarlos graficamente mediante puntos, haciendo un grafico por cada población respecto del tiempo, es decir, sanos, infectados y recuperados a lo largo del tiempo.

Un recurso de la Programación Científica para el cálculo del número de cada población en cada instante son los diagramas, para ello presentaremos dos versiones:

1. Diagrama de Flujo Computacional
2. Diagrama de Flujo de Forrester

Con ambos podemos describir la simulación del modelo planteado, a partir del cuál realizamos luego, la simulación de acuerdo a un lenguaje de programación que se desee. En el primero de los casos (ver fig. 1) nos permite programar en un lenguaje de programación, en nuestro caso en Fortran Visual , mientras que con el Diagrama de Forrester, (ver fig.2.) el mismo modelo es escrito como un sistema dinámico que luego corremos mediante el software Vensim.

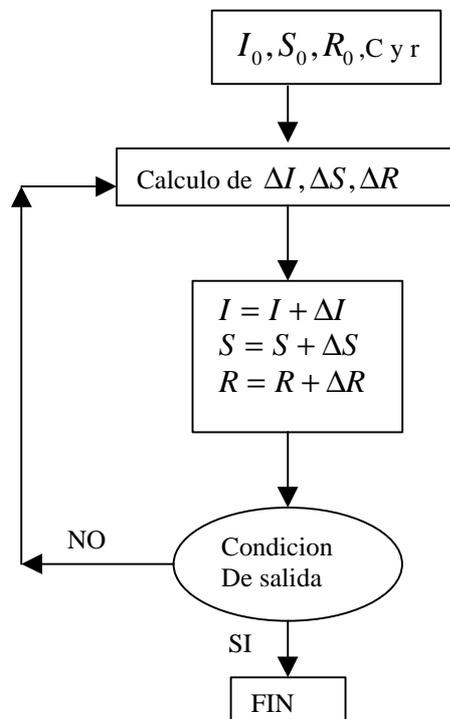


Fig. 1: Diagrama de Flujo

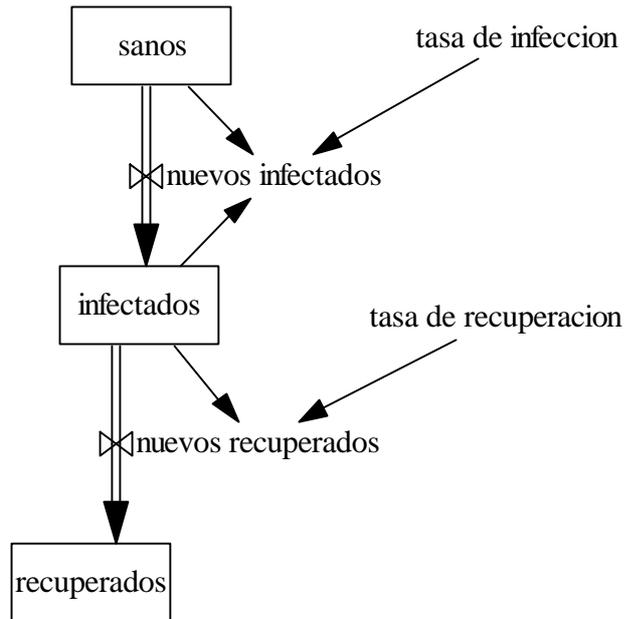


Fig.2: Diagrama de Flujo de Forrester del Sistema Dinámico

Para comprender lo mencionado hasta aquí, pondremos en marcha el modelo considerando los siguientes valores:

$$S_0 = 10.000 \quad I_0 = 250 \quad R_0 = 0 \quad c = 0,0001 \quad r = 0,5$$

Los resultados obtenidos con los valores dados se registran debajo, según el programa realizado con Fortran Visual, indicado a continuación. Además, los gráficos correspondientes a sanos, infectados y recuperados, respecto del tiempo, se dan en las figuras 3, 4 y 5, obtenidos con Vensim.

Programa en Fortran Visual

```

C PROGRAMA DE MODELOS EPIDEMIOLOGICOS SIR
DIMENSION S(100)
DIMENSION EI(100)
DIMENSION R(100)
WRITE (*,*) 'INGRESE TASA DE CONTAGIO'
READ (*,*) C
WRITE (*,*) 'INGRESE TASA DE RECUPERACION'
READ (*,*) TR
WRITE (*,*) 'INGRESE POBLACION INICIAL SANA'
READ (*,*) SA
WRITE (*,*) 'INGRESE POBLACION INICIAL INFECTADA'
READ (*,*) N
WRITE (*,*) 'INGRESE CANTIDAD DE PERIODOS A CALCULAR N'
READ (*,*) J

S(1)=SA
EI(1)=N
  
```

```

R(1)=0

      OPEN(7,FILE='A:episir.TXT')
      WRITE(7,*) '      t          S          I          R'

      K=0
      DO K = 1 , J+1
        S(K+1)=INT(S(K)-C*S(K)*EI(K)+.5)
        EI(K+1)=INT(EI(K)+C*S(K)*EI(K)-TR*EI(K))
        R(K+1)=SA+N-S(K+1)-EI(K+1)
        WRITE(7,*) K-1, S(K) ,EI(K) , R(K)

        IF (S(K)-1.LT.0) THEN
          GO TO 100
        END IF
        IF (EI(K)-1.LT.0) THEN
          GO TO 100
        END IF

      END DO
100 END

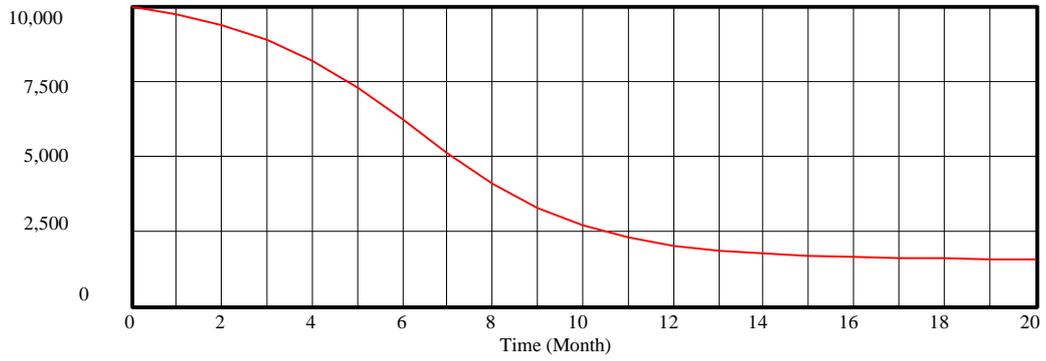
```

Resultado del Programa episir en Fortran Visual

A:EPISIR.TXT

t	S	I	R
0	10000.000000	250.000000	0.000000E+00
1	9750.000000	374.000000	126.000000
2	9385.000000	551.000000	314.000000
3	8868.000000	792.000000	590.000000
4	8166.000000	1098.000000	986.000000
5	7269.000000	1445.000000	1536.000000
6	6219.000000	1772.000000	2259.000000
7	5117.000000	1988.000000	3145.000000
8	4100.000000	2011.000000	4139.000000
9	3275.000000	1830.000000	5145.000000
10	2676.000000	1514.000000	6060.000000
11	2271.000000	1162.000000	6817.000000
12	2007.000000	844.000000	7399.000000
13	1838.000000	591.000000	7821.000000
14	1729.000000	404.000000	8117.000000
15	1659.000000	271.000000	8320.000000
16	1614.000000	180.000000	8456.000000
17	1585.000000	119.000000	8546.000000
18	1566.000000	78.000000	8606.000000
19	1554.000000	51.000000	8645.000000
20	1546.000000	33.000000	8671.000000

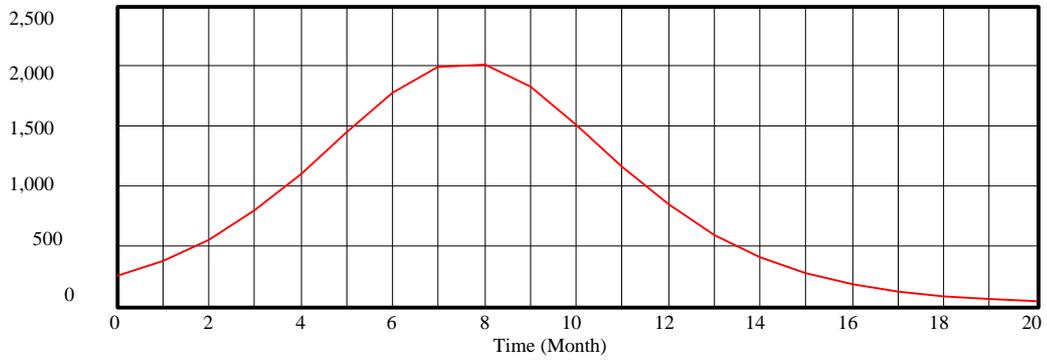
Fig.3.-Número de Susceptibles en 20 iteraciones



sanos : Current



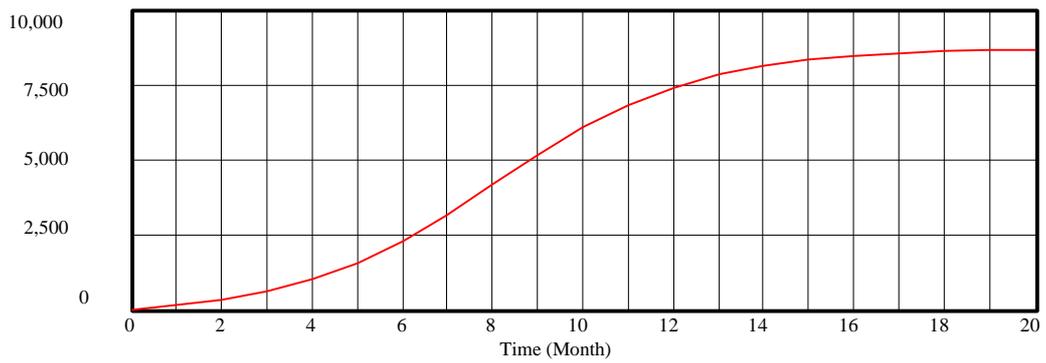
Fig.4.-Número de Infectados en 20 iteraciones



infectados : Current



Fig.5.-Número de Recuperados o Removidos en 20 iteraciones



recuperados : Current



Análisis de los Resultados

Si bien podemos contar con los gráficos de sanos, infectados y recuperados, donde se observa que el número de sanos siempre decrece, pudiendo ocurrir esto a distinta intensidad y estabilizarse en un cierto valor o bien anularse, es decir, todos se infectan en algún momento.

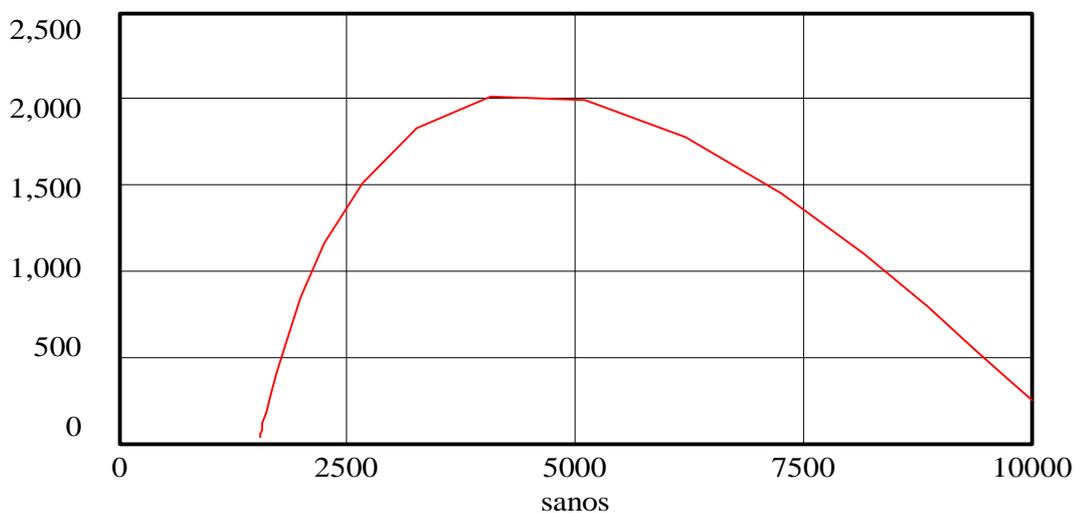
En cuanto a los infectados, puede ocurrir que el número crezca y alcance un máximo, para luego disminuir, o bien desde el primer momento disminuye, aunque siempre termina anulándose.

La cantidad de recuperados siempre crece, aunque no necesariamente todos los integrantes de la población deben terminar recuperados, solo aquellos que no están sanos.

A todo esto, un solo gráfico permite un análisis más sustancial, y éste es el que expresa la cantidad de infectados en términos de la cantidad de sanos, dado en la figura 6; es decir, tenemos:

$$I = I(S)$$

Fig. 6: Número de Infectados respecto al número de Susceptibles



infectados : Current —————

Comportamiento general de $I = I(S)$

Con respecto a esta grafica podemos plantearnos las mismas preguntas que se dan en [3]:

- Forma General de la Curva: Cuando es creciente y cuando es decreciente. Relación con la existencia de epidemia, o bien si se extingue y cuando.
- En caso de ser creciente, la interpretación del alcance máximo de la curva. Predice esto, la peor etapa de la epidemia, y nos permite dar pautas de prevención, acciones urgentes, etc.
- Todos los sanos enfermarán o puede extinguirse la epidemia antes de alcanzar a toda la población susceptible.
- Cual es el efecto de los parámetros r y c , y de ellos cuál afecta más.

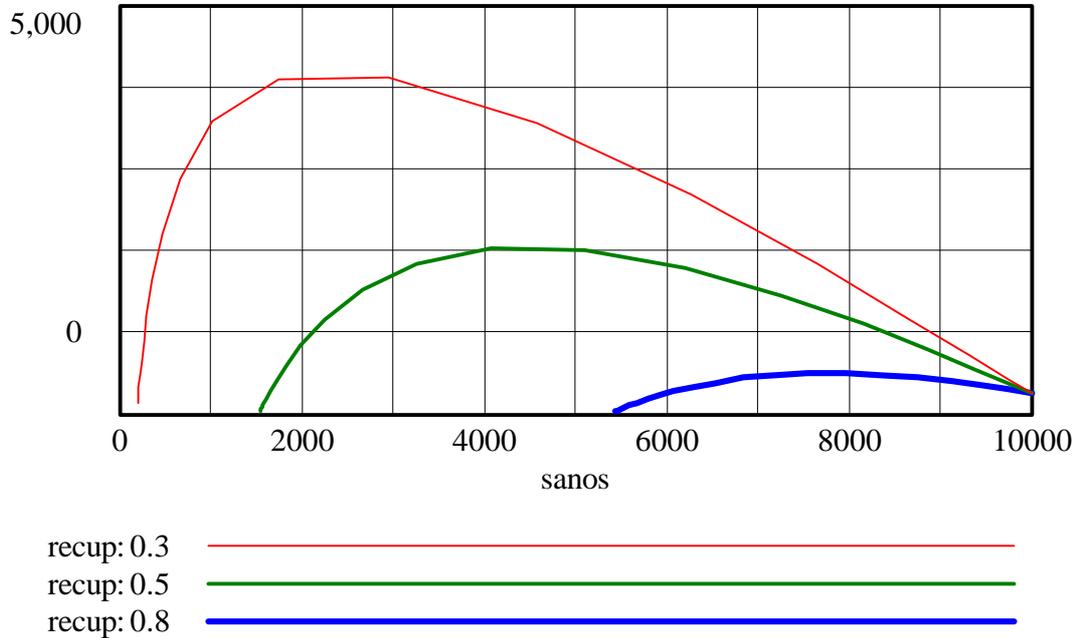
Con los resultados de las actividades planteadas para el trabajo, podemos obtener buenas conclusiones, para ello se hace variar un parametro por vez, tal el caso por ejemplo de la figura 7, donde usando la poblacion inicial de 10.000 sanos, 250 infectados, tasa de contagio de 0,0001; se varió la tasa de recuperación en los valores 0,3; 0,5 y 0,8. Algunas de estas conclusiones son:

- Ante igual número de sanos iniciales, y tasa de contagio, a menor número de tasa de recuperación, menor será la cantidad de susceptibles que permanezcan sin enfermarse. Esto se observa en la gráfica, diciendo que su máximo no alcanza un valor grande, o sea tiene poco crecimiento.
- Ante igual número de tasas, y con recuperación alta, cuando menor es el número inicial de susceptibles, la gráfica toma la forma decreciente, y no parabólica.

Finalmente debemos reconocer que los datos, valores y conclusiones obtenidos sirven para ver todo lo que es posible rescatar de un modelo como éste, lo cuál lejos está de significar que en todas las epidemias, se presenten estos comportamientos.

En general, un modelo no es tan sencillo como lo que hicimos, pero es un paso importante y esencial, para luego afinar un modelo más real. Pues bien, cumplimos con los requisitos propios de un modelo: partir de un modelo, tomar datos iniciales que asuman realidad, y comparar lo que el modelo predice con los datos experimentales existentes. De ésta manera, si resulta necesario se corrige el modelo, y una vez que se observe coincidencia entre los valores se dice que el modelo propuesto tiene validez.

Fig.7. Infectados en función de sanos para tres tasas de recuperación



Final del paseo científico

Por tratarse de un modelo extremadamente simple, y que en ningún momento se pretendió ajustar a valores de la vida real en particular, debe tenerse muy en claro que los números y las conclusiones cualitativas obtenidas no tienen aplicabilidad general. En particular, el uso del método iterativo simulado implica hacer una aproximación, y sólo a costo de métodos matemáticos sencillos, de otra manera se tiene resultados analíticos exactos. Es más, se puede verificar que el error de la aproximación usada es pequeño y no afecta a las conclusiones mencionadas ni al método en sí.

El objetivo final fue enseñar una técnica de análisis, una forma de pensar y de usar el lenguaje matemático, a través de algunas de sus herramientas: cálculos, tablas, gráficas, programación, etc. También merecen reconocer la importancia de la iteración como forma de simular un sistema dinámico.

Una propuesta de entrenamiento en este modelo es simular con una calculadora, lápiz, papel, y mucho entusiasmo, las actividades que se mencionan al final, lo cual se puede realizar en cuatro grupos uno por actividad, y presentar conclusiones para luego comentarlas en una mesa redonda.-

ACTIVIDAD N° 1

Nuestra tarea será obtener resultados numéricos del modelo para luego analizarlos. Para ello tomemos como valores fijos:

$$S_0 = 1.000 \quad I_0 = 25 \quad r = 0,5$$

Realizar la simulación correspondiente del modelo SIR para $c = 0,002$; $0,001$ y $0,0005$. Graficar la cantidad de sanos, infectados y recuperados a lo largo de 15 iteraciones. Finalmente realice en un solo gráfico las correspondientes figuras de los infectados en término de la cantidad de susceptibles.

.....

ACTIVIDAD N° 2

Nuestra tarea será obtener resultados numéricos del modelo para luego analizarlos. Para ello tomemos como valores fijos:

$$S_0 = 1.000 \quad I_0 = 25 \quad c = 0,001$$

Realizar la simulación correspondiente del modelo SIR para $r = 0,8$; $0,5$ y $0,3$. Graficar la cantidad de sanos, infectados y recuperados a lo largo de 15 iteraciones. Finalmente realice en un solo gráfico las correspondientes figuras de los infectados en término de la cantidad de susceptibles.

.....

ACTIVIDAD N° 3

Nuestra tarea será obtener resultados numéricos del modelo para luego analizarlos. Para ello tomemos como valores fijos:

$$S_0 = 1.000 \quad c = 0,001 \quad r = 0,5$$

Realizar la simulación correspondiente del modelo SIR para $I_0 = 10$; 25 y 100 . Graficar la cantidad de sanos, infectados y recuperados a lo largo de 15 iteraciones. Finalmente realice en un solo gráfico las correspondientes figuras de los infectados en término de la cantidad de susceptibles.

.....

ACTIVIDAD N° 4

Nuestra tarea será obtener resultados numéricos del modelo para luego analizarlos. Para ello tomemos como valores fijos:

$$I_0 = 25 \quad c = 0,001 \quad r = 0,5$$

Realizar la simulación correspondiente del modelo SIR para $S_0 = 1200$; 1000 y 800 . Graficar la cantidad de sanos, infectados y recuperados a lo largo de 15 iteraciones. Finalmente realice en un solo gráfico las correspondientes figuras de los infectados en término de la cantidad de susceptibles.

.....

Bibliografía:

- [1] Engel, Alejandro B.: Elementos de Biomatemática. Monografía N° 20. OEA. 1978.
- [2] Momo, Fernando y col.: III Encuentro Latinoamericano de Ecología Matemática. Luján. 1994.
- [3] Grünfeld, Verónica: Ciencia en los Tiempos del Cólera. Instituto Balseiro. UNCuyo. CNEA. 1993.
- [4] Juarez, Gustavo Adolfo, Navarro, Silvia Inés, y col.: La Función Exponencial y sus aplicaciones en Biología. UNCa. UMA. 1996.
- [5] Velasco Hernández, Jorge: Epidemiología Matemática. UNAM. México. 1998.
- [6] Sharkovskii, A.N.: Ecuaciones en Diferencias y Dinámica de Poblaciones. UNAM. 1981.
- [7] Garcia, Juan Martín: Creación de Modelos en Ecología y Gestión de Recursos Naturales. UPC-España. 1998.
- [8] Marcelo Kuperman: Rol de la Estructura Social en la Propagación y Control de Enfermedades Infectocontagiosas. Instituto Balseiro. UNCuyo. CNEA. 2001.

EPIDEMIOLOGIA MATEMATICA: Aprendiendo Modelos por Contagio

JUAREZ, Gustavo Adolfo – NAVARRO, Silvia Inés
Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad Nacional de Catamarca
e-mail: gajuarez@topmail.com.ar

RESUMEN:

La experiencia muestra que si bien no podemos comprender, al menos podemos predecir, dentro de ciertas limitaciones, cómo suceden los fenómenos naturales. La meta básica de la Ciencia actual es crear en torno a los fenómenos reales, modelos que describan y puedan predecir el comportamiento de tales fenómenos.

Se puede decir entonces que un Modelo Matemático de un cierto fenómeno es bueno si predice o simula algunos de los comportamientos del fenómeno real. Además, se puede tratar de encontrar estructuras matemáticas que sirvan de modelo común a diversos y diferentes fenómenos.

Si bien se dice que los problemas complejos tienen soluciones erróneas, sencillas y fáciles de comprender, éste es tal vez el caso de muchos de los modelos matemáticos que se usan en Ecología; a menudo demasiado simples como para describir adecuadamente el mundo real.

Nuestro objetivo en este trabajo es familiarizarnos con el uso de modelos en ciencias a través de la práctica. Es allí cuando se hace apropiado concretar la realización de un ejemplo. Que mejor entonces que considerar una temática que nos toca a todos por igual, la idea es trabajar acerca de la propagación de una enfermedad.

La idea básica no sólo es invitarlos a dar una visita guiada por el fantástico mundo de la Investigación Científica, sino convocarlos a participar de la elaboración de un simple modelo. Así, la Biología, Medicina, Matemática y la Programación Científica, dan muestras que la Interdisciplinariedad en una realidad, no sólo para admirarla desde lejos, sino para iniciarse lo más antes posible.

Título : EPIDEMIOLOGIA MATEMATICA:Aprendiendo Modelos por Contagio

Autor: Gustavo Adolfo Juarez –Silvia Inés Navarro

Procedencia : Departamento Matemáticas- Facultad de Ciencias Exactas y Naturales
Universidad Nacional de Catamarca

Dirección Particular: Barrio Avellaneda y Tula casa 102

C.P. 4700 – CATAMARCA

Dirección Laboral: Facultad de Ciencias Exactas y Naturales

Universidad Nacional de Catamarca

Av. Belgrano 300

C.P. 4700 – CATAMARCA

Teléfono: 03833-425033

03833-15685036

E-mail: gajuarez@topmail.com.ar

silvina@cedeconet.com.ar