

57
2ej



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTONOMA DE MEXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

"UN MODELO MATEMATICO APLICADO AL
PROCESO EPIDEMICO DE LA INFLUENZA"

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TITULO DE:

A C T U A R I O

P R E S E N T A I .

GREGORIO AGUSTIN RUIZ HERNANDEZ



Cd. Universitaria, D.F.

1991

TESIS CON
FALLA DE ORIGEN



UNAM – Dirección General de Bibliotecas Tesis Digitales Restricciones de uso

DERECHOS RESERVADOS © PROHIBIDA SU REPRODUCCIÓN TOTAL O PARCIAL

Todo el material contenido en esta tesis está protegido por la Ley Federal del Derecho de Autor (LFDA) de los Estados Unidos Mexicanos (México).

El uso de imágenes, fragmentos de videos, y demás material que sea objeto de protección de los derechos de autor, será exclusivamente para fines educativos e informativos y deberá citar la fuente donde la obtuvo mencionando el autor o autores. Cualquier uso distinto como el lucro, reproducción, edición o modificación, será perseguido y sancionado por el respectivo titular de los Derechos de Autor.

I N D I C E

INDICE

INTRODUCCION	1
§ ₁ DESCRIPCION DE UN PROCESO INFECCIOSO A TRAVES DE UN MODELO EPIDEMICO CON CARACTERIZACION CONTINUA DE LOS ESTADOS MEDICO-BIOLÓGICOS DEL INDIVIDUO	5
§ ₂ MODELO LOCAL DEL PROCESO EPIDEMICO.....	12
§ ₃ MODELO PARA TODA LA REPUBLICA	29
§ ₄ EL MODELO PROPUESTO EN LA COMPUTADORA	50
RESULTADOS	74
APENDICE I	80
APENDICE II	86
REFERENCIAS	91

INTRODUCCION

La epidemiología científica es una ciencia relativamente nueva que data del siglo XIX ; época en la que se inició también la ciencia de la microbiología .

Sin embargo los primeros estudios epidemiológicos tuvieron lugar cuando aun se creía que los olores emanados de las sustancias putrefactas , principalmente de los cadáveres o del agua podrida o del aire contaminado , provocaban las enfermedades aunque se reconocía que los padecimientos se transmitían de persona a persona , también se creía firmemente que las emanaciones de la suciedad y de la materia en descomposición eran las que difundían el mal durante las epidemias. A finales del mismo siglo algunos investigadores empezaron a dudar de la vigencia de esta teoría . es decir , de la teoría miasmática .

La ciencia de la microbiología dió gran impulso a los conceptos epidemiológicos relacionados con la causa y la transmisión de las enfermedades infecciosas . La ciencia de la inmunología que empezó a desarrollarse desde principios del siglo contribuyó también a reforzar las teorías epidemiológicas . la inmunología se ocupa de la relación entre el individuo y el microorganismo invasor . así como de la capacidad del cuerpo para resistir o sucumbir a dicha invasión también investiga la capacidad de un individuo para resistir a una futura invasión después de haber sido atacado por cierto tipo de organismos .

A principios del siglo , la epidemiología se ocupaba del efecto de las enfermedades infecciosas al ocurrir en forma epidémica. Pronto se vió que el criterio epidemiológico podrá ser también aplicado a enfermedades no epidémicas tales como la tuberculosis y la sífilis .

Entre tanto, a medida que se van venciendo gradualmente las enfermedades infecciosas que ya no son causas principales de muerte .

y a medida que la duración de la vida se prolonga y que sobrevienen cambios en la distribución de la población , el concepto epidemiológico sufre nuevas transformaciones es decir en la actualidad la epidemiología puede aplicarse también a enfermedades no infecciosas que afectan a grandes masas de la población .

Modelaciones adecuadas a grandes epidemias de tipo concreto casi no aparecían en las investigaciones hasta los años 70 , pues no resultaba claro a partir de que conceptos es posible construir la teoría de tales modelos . Esto se debe a que el valor de la matemática aplicada depende de la elaboración y desarrollo de los correspondientes lenguajes formales y de los métodos de descripción abstracta de los procesos epidemiológicos concretos .

En el siglo XIX se generaron los primeros modelos matemáticos aplicados a los procesos epidémicos (véase 1 - 3) ; se continua en el siglo XX con (4 - 8) que son quienes abren las puertas a la teoría de los procesos epidemiológicos . Hasta antes del modelo propuesto en los trabajos de RVACHOV (véase 11-13) los modelos construidos eran principalmente modelaciones teórico-probabilísticas para el estudio de brotes epidémicos para poblaciones pequeñas (vease por ejemplo 10 y 11)

También aparecen investigaciones estadísticas que incluyen aproximaciones formales a epidemias y una gama de modelos epidémicos a través de modelos abstractos (véase por ejemplo 9 y 10) .

Es claro que la evolución de una epidemia en una población dada , lleva implícita la dinámica del agente infeccioso en la población .

Es por ello que los métodos desarrollados han estado íntimamente ligados a la ciencia física , sobre todo a la mecánica .

Solo después de que aparecieron las computadoras esta situación a empezado a cambiar . en particular en la descripción formal de los procesos químicos , biológicos económicos y sociales .

Esto nos da idea de la importancia directa de las descripciones formales para el estudio de los procesos de grandes epidemias .

Debido a las implicaciones de salud , sociales , económicas , etc que las epidemias traen consigo se han ido tomando medidas preventivas para evitar y controlar las epidemias ; Esto no es notado explícitamente en el momento actual , aunque en la medida en que esto no existiera se presentarían peores brotes epidémicos que los que se presentaban en la época medieval y causarían destrozos enormes debido a la alta densidad poblacional de las grandes urbes actuales y su vida de intensa comunicación masiva.

Aquí se toma en cuenta lo económico de las medidas profilácticas y esto depende de las leyes de desarrollo de las epidemias . Esto es posible en la medida en que se hacen las modelaciones correspondientes ya que es impracticable el método experimental y prácticamente irreal el fenomenológico .

Ciertas ideas de la física teórica en particular de la mecánica de los medios continuos serán el punto de partida .

Más exactamente propiedades geométricas y cinemáticas de la mecánica de medios continuos : trayectorias y flujo de partículas campos vectoriales (de velocidades) y ecuación de continuidad . En cuanto a las características dinámicas , estas se estudiarán a través de las ecuaciones de los procesos infecciosos en los individuos de manera que el movimiento de una partícula ocurre en el espacio fase de todos los posibles estados de salud en que pueden estar los individuos es decir, por un lado la enfermedad de un individuo se considera un proceso , puesto que queda descrito por un movimiento continuo representado por una partícula en el espacio de estados del individuo .

Por otro , la epidemia para grandes masas de la población queda descrita como un proceso en el medio continuo , donde los individuos quedan representados por partículas que llenan cierta región del espacio fase .

Este trabajo tiene como meta el llegar a modelar matemáticamente el proceso epidémico de la influenza , esta modelación será de carácter predictivo y dicho modelo esta definido para todas las poblaciones importantes del territorio nacional .

Haremos uso de la idealización y abstracción de varios aspectos del proceso , aunque tales resultados por su naturaleza , no pueden ser obtenidos de otra forma ; a saber , modelando las propiedades cuantitativas del fenómeno real .

Por su carácter general y porque los métodos profilácticos y curativos esencialmente no influyen en el control de la epidemia , es que nos avocaremos a describir matemáticamente el proceso epidémico de la influenza . Estas epidemias tienen una frecuencia a nivel mundial de cada tres años y afectan aproximadamente a una tercera parte de la población mundial .

Además tiene una importancia económica global por la baja en las horas laborables a todos los niveles de la población , en particular la población económicamente activa .

Su modelación se hará como mencionamos antes como un proceso continuo cuyos " átomos " son también procesos continuos (el desarrollo del proceso infeccioso en un individuo) con punto de partida en la mecánica de los medios continuos .

DESCRIPCION DE UN PROCESO INFECCIOSO A TRAVES DE UN MODELO EPIDEMICO
CON CARACTERIZACION CONTINUA DE LOS ESTADOS MEDICO-BIOLÓGICOS DEL
INDIVIDUO

En los modelos clásicos teóricos se estudian los procesos de difusión de una enfermedad en una población a través de observar el comportamiento de las distintas clases de individuos que conforman la población (susceptibles, infecciosos, y recuperados) partiendo del supuesto que todo individuo de la población pertenece a una y solo una de estas clases .

En esta clasificación equiparamos a todos los individuos susceptibles entre sí , y lo mismo hacemos con las otras clases . Así , dados dos individuos de la misma clase no tenemos forma de distinguirlos entre sí ; por el hecho de encontrarse en la misma clase se encuentran en el mismo estado de salud .En los modelos clásicos por tanto , todos los individuos susceptibles se encuentran en igualdad de condiciones para pasar a la clase de los individuos infecciosos , al igual que todos los individuos infecciosos se encuentran en igualdad de condiciones para pasar a formar parte de la clase de los individuos removidos o recuperados . Estos modelos pueden llamarse "compartamentales" por sus características de compartimientos con clases de individuos .

Por lo tanto en un modelo compartamental todos los individuos de un compartimiento están en igualdad de circunstancias para poder pasar a otro compartimiento .

El modelo presentado en este trabajo, caracteriza a los elementos de la población de forma distinta al caso de los modelos arriba descritos, mediante su estado médico-biológico y será dirigido a enfermedades infecciosas.

Supondremos que cada individuo es caracterizado por ciertos parámetros, por ejemplo tipo y cantidad de germen patógeno; características inmunológicas específicas como: cantidad de anticuerpos a la materia infecciosa medida de alguna forma; características inmunológicas generales como: nivel alimenticio medido por ejemplo en deficiencia vitamínica y demás consideraciones nutricionales.

En cuanto a los posibles estados en que pueden estar los individuos de la población supondremos en principio que un individuo queda caracterizado por un conjunto de parámetros al tiempo t .

Denotamos por F al conjunto de todos los posibles estados médico-biológicos de los individuos de la población es decir:

$$F = \left\{ \phi = (p_1(t), p_2(t), \dots, p_n(t)) \in \mathbb{R}^n \mid \phi \text{ caracteriza} \right.$$

el estado médico-biológico de un individuo al tiempo t }.

En otras palabras " F " es nuestro espacio fase, el cual dados nuestros objetivos de describir como se difunde una enfermedad infecciosa en una población densamente poblada, supondremos que (F no admite ni siquiera agujeros puntuales) y todo estado médico-biológico $\phi \in F$ tiene asociado un punto de \mathbb{R}^n , o sea F es simplemente conexo y F es un subconjunto formado de una única pieza de \mathbb{R}^n para cierta $n \in \mathbb{N}$.

Por ello en adelante nos referiremos al espacio fase F no solo como un conjunto de estados posibles , sino también como una estructura matemática dada . en este caso la de espacio euclideo .

Un proceso infeccioso es la descripción de la dinámica del germen patógeno en una población dada , y en nuestro contexto supondremos que los cambios y variaciones que presente tal proceso son continuos e incluso que ϕ es continuamente diferenciable .

Por otro lado , deseamos que el proceso sea determinístico y para ello supondremos además , que el estado médico-biológico de un individuo representa la historia médico-biológica de tal individuo desde su contagio hasta el momento t , es decir : la dinámica de la enfermedad representada por el estado de los individuos depende del estado médico-biológico actual ϕ y no de su pasado , o sea que :

$$\dot{\phi} = \frac{d\phi}{dt} = f(\phi) . \dots \dots \dots (1)$$

$$\phi : I \subset \mathbb{R} \longrightarrow \mathbb{R}^n \text{ (parámetros)}$$

$$t \longmapsto \phi(t) ,$$

$$f : F \subset \mathbb{R}^n \longrightarrow \mathbb{R}^n \text{ (campo de velocidades)}$$

$$\phi \longmapsto v$$

Ahora , si interpretamos los estados médico-biológicos ϕ de todos los individuos de la población , como puntos del espacio fase F , tendremos que el proceso epidémico de un individuo quedará descrito por el movimiento del punto en el espacio fase .

Así el proceso epidémico completo quedará descrito por el movimiento de todas las partículas del espacio fase , es decir , por el movimiento de un fluido . Es así que si conocemos las leyes del movimiento del fluido tendremos una descripción del proceso epidemiológico .

Más concretamente cualesquiera que sean las manifestaciones clínicas A través de las cuales se detecte el proceso infeccioso este quedará determinado al menos por dos parámetros o variables :

1^o por la dinámica de la población patógena en este caso representada simbólicamente por p , la cantidad de germen patógeno del individuo (la $p_1(t)$ de la anterior notación) .

2^o por la dinámica de las defensas del organismo en este caso denotada por ψ la cantidad de defensas del individuo (la $p_2(t)$ de la anterior notación) .

Como sucede con cualquier proceso objetivamente existente introducimos una medida cuantitativa ; que para la población patógena la denotamos por p y evidentemente puede tomarse como tal medida a la magnitud de dicho germen patógeno o una magnitud proporcional a esta , la cual como antes lo introducimos es una idealización del proceso continuo.

Es más difícil encontrar una medida para las defensas del organismo aunque no obstante las diversas reacciones inmunológicas , esto si es posible , pues recuérdese que la cantidad de defensas del organismo esta íntimamente relacionada con el germen patógeno específico , y por tanto estas reacciones es razonable de alguna manera sumarlas si como medida de la defensa del organismo tomamos :

$$\psi(t) = \rho(t) - \rho^M(t)$$

donde $\rho^M(t)$ nos describe la dinámica de la población patógena en un medio adecuado .

Aquí no nos importa tanto la cantidad de población patógena que tiene este individuo , sino que tanto se excede esta población de la tradicionalmente tenida :

$\rho(t)$ nos está midiendo la desviación con respecto a una situación normal , o sea nos mide la desviación $\rho(t)$ en el organismo respecto de su variación en cierto medio controlado .

$$\psi(t) = \rho(t) - \rho^M(t)$$

En realidad lo que por el momento nos interesa es que esta medida exista aunque luego se concretará .

Al identificar a cada estado médico-biológico ϕ con la posición de una partícula $\phi \in F \subset \mathbb{R}^n$, obtenemos que todos los individuos que ocupan un mismo estado seguirán la misma trayectoria médico-biológica y por ello al transcurrir el tiempo se establece un flujo de partículas en la región $F \subset \mathbb{R}^n$ y tal fluido tiene por campo de velocidades a f .

Para tal fluido podemos suponer que tenemos una función X que mide el número de individuos en el estado ϕ al tiempo t . Y puede interpretarse como la densidad del flujo en el estado ϕ al tiempo t , o bien la dinámica de la distribución de la densidad del fluido en el plano .

$$X : F \times [0, +\infty) \longrightarrow \mathbb{R}^n$$

$$X = X(\phi, \psi, t)$$

Nuestra función incógnita es X , para f dada y para todas las p, ψ, t conoceremos el proceso epidémico lo cual es nuestro objetivo .

Resumiendo ; tenemos un espacio fase F una medida de la dinámica del germen patógeno p , una medida del nivel de defensa del organismo ψ y un fluido de estados médico-biológicos (partículas) en F cuyo campo de velocidades es f y función de densidad X , que bajo la idealización hecha antes nos lleva a la asociación del proceso epidémico con un medio continuo .

Hacia el siglo XIX se llevan a cabo los estudios más importantes y representativos en cuanto al medio continuo . De hecho se formula la ecuación de continuidad de los medios continuos que describe el movimiento de un fluido en términos de su función de densidad y su campo de velocidades , a saber :

$$\frac{\partial X}{\partial t} + \text{div}(Xf) = \Psi(p, \psi, t)^{**}$$

donde

X = " densidad del fluido "

f = " velocidad del fluido "

Ψ = " cantidad de materia creada o destruida por unidad de volumen , para una fuente $\Psi \geq 0$, para un sumidero $\Psi < 0$ "

$\text{div } f$ = " divergencia de f "

**

Esta ecuación adquiere gran importancia por su carácter masivo , para grandes epidemias .

** para una explicación detallada vease el apéndice 1

** vease apéndice 2 ;

la mecánica de los medios continuos tiene métodos tales que si se conocen las leyes individuales del movimiento de cada partícula , entonces la ecuación de continuidad para $X(p, \psi, t)$ describe el movimiento del fluido en su totalidad .

Es decir ; con base en las propiedades de cada una de las partículas aisladas se puede prever el comportamiento del medio continuo como un todo y en esto radica el interés de la epidemiología . Considerando la epidemia como una sustancia formada por "átomos" (procesos infecciosos) se puede construir la teoría correspondiente .

Un punto clave de la teoría matemática (tradicional) de epidemias consiste en la discretización de los estados del individuo , donde la probabilidad de transición de un estado a otro no depende de que tanto el individuo se mantuvo en su estado anterior en este caso se llega a ecuaciones diferenciales relativamente simples .

Por otro lado, considerar que la probabilidad μ de que un individuo se recupere no depende de τ (tiempo transcurrido desde que un individuo se contagio) es algo que contradice a la realidad . Esta es una restricción fuerte , es por eso que en la teoría matemática clásica de las epidemias se tiende a investigar el mecanismo del proceso epidémico en sí mismo , como tal , es decir se tiende al estudio de las epidemias abstractas , en contraposición a modelar los brotes epidémicos concretos . Si consideramos que μ depende de τ , se complican las ecuaciones que obtenemos y comienzan a aparecer integrales de las funciones incógnita con argumento retardado y su consecuente estudio analítico se complica , por ello no haremos tal consideración en este trabajo , aunque ese es el verdadero modelo de RVACHOV .

MODELO LOCAL DEL PROCESO EPIDÉMICO

Para una enfermedad infecciosa como la influenza el problema lo planteamos de la siguiente forma :

Escogemos los parámetros ϕ que caracterizarán la situación médico-biológica de los individuos y conocida su dinámica , o sea f el problema consiste en hallar X tal que cumpla con la ecuación de continuidad de los medios continuos .

Hemos indicado que el estado de enfermedad ^{*} de cada individuo estará bien definido si conocemos , para todo momento t , los valores (p, ψ) recordando que p es la medida de la población patógena , y w las defensas del individuo medidas de alguna forma , donde p y ψ son funciones del tiempo .

La similitud que establecimos entre el proceso epidémico y el movimiento de un medio continuo , nos ayuda a notar que si conocemos los datos anteriores para cada individuo de la población tendremos la descripción de la epidemia .

Así la dinámica del proceso infeccioso queda descrita en general por la variación de p y ψ a lo largo del tiempo

en $F = \{ (p, \psi) : p \geq 0, \psi \geq 0 \}$. Podemos considerar al conjunto de puntos (individuos) que llenan cierta región aproximadamente en forma " continua " .

* no es preciso decir del todo el estado de enfermedad de un individuo, por cuanto que en este modelo solo hablamos de sanos e infectados , y en ambos casos reconocemos distintos estados tanto de salud como de enfermedad.

Además cada punto en F se mueve en su trayectoria de manera que globalmente podemos considerar esta situación como el flujo de un líquido o un gas (movimiento de un medio continuo) .

Ahora nos interesa determinar el número de individuos que al momento t se encuentran en el estado (p, ψ) este número lo describiremos por $X(p, \psi, t)$.

En la teoría general de epidemias se han obtenido buenas aproximaciones a los procesos epidémicos mediante modelos matemáticos basados en la siguiente hipótesis :

Hipótesis 1 (hipótesis discreta de interacción molecular)

" La razón de cambio en la población susceptible es proporcional al número de contactos entre los individuos susceptibles y los individuos infectados " , nosotros tomamos el número de contactos proporcional al producto del número de susceptibles por el número de infectados .

Si denotamos por S al número de susceptibles y por I al número de infectados , esa condición podemos escribirla como

$$\frac{ds}{dt} = - r S I \quad 2.1$$

aquí $r \geq 0$ recibe el nombre de razón de infección y el signo menos aparece por cuanto que $rSI \geq 0$, pero la función S es decreciente .

Regresando a nuestro modelo , podemos considerar que toda la población no infectada , es decir ; todos los sanos son susceptibles a la enfermedad .

Sea N el tamaño total de la población (constante durante el proceso) .

Nuestra ecuación de continuidad , debido a que no se crea ni se destruye materia (en este caso población) ya que esta es constante , será :

$$\frac{\partial X(\rho, \psi, t)}{\partial t} + \text{div} [X(\rho, \psi, t) f(\rho, \psi, t)] = 0 \quad (2.2)$$

Ya que en nuestro caso no existen ni fuentes ni sumideros (véase el apéndice 1) .

Debido a las dificultades que involucra para un campo de velocidades f arbitrario el poder hallar X de (2.2) intentaremos simplificaciones epidemiológicas para lo cual conviene regresar a la idea de los modelos compartamentales de clases de individuos .

Comencemos por una definición provisional de la clase de susceptibles :

$$S_1(t, \psi) = \text{" número de individuos susceptibles en el estado } (0, \psi) \text{ al tiempo } t \text{ , con } \rho = 0 \text{ y } \psi \geq 0 \text{"}$$

que mide al conjunto de pares ordenados $(\rho, \psi) \in F$ tales que $\rho(t) = 0$ y $\psi(t) \geq 0$

Esto es , en ausencia de germen patógeno S_1 es igual a la densidad del flujo X para $\rho = 0$ y $\psi \geq 0$ al tiempo t , es decir :

$S_1(t, \psi) = X(t, 0, \psi) =$ " el número de susceptibles en el estado $(0, \psi)$ al tiempo t " .

$S_1^M(t) =$ " total de susceptibles en $(0, \psi)$ al tiempo t , independientemente de su nivel de defensas " es decir :

$$S_1^M(t) = \int_0^{\psi_{\max}} S(t, 0, \psi) d\psi = \int_0^{\psi_{\max}} X(t, 0, \psi) d\psi \quad [2.4]$$

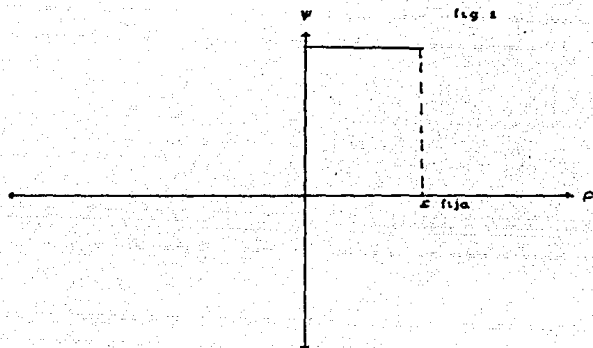
donde $\psi_{\max} =$ "es el nivel máximo promedio de defensas , respecto de la enfermedad de un individuo " .

Ahora definiremos lo anterior mas precisamente :

sea $S(t, \psi) =$ " el número de individuos susceptibles, con $0 \leq \rho \leq \epsilon$ y $\psi \geq 0$ al tiempo t y con ϵ fija para cada enfermedad "

$S(t, \psi)$ nos mide al conjunto de pares ordenados $(\rho, \psi) \in \mathbb{R}^{+2}$ tales que $0 \leq \rho \leq \epsilon$, $\psi = \psi_1 =$ constante , es decir :

$$S(t, \psi) = \int_0^{\epsilon} X(t, \rho, \psi) d\rho \quad [2.5]$$



$S^M(t) =$ " el total de susceptibles , independientemente del nivel de defensas ψ hasta c "

$$S^M(t) = \int_0^{\psi_{\max}} S(t, \psi) d\psi = \int_0^{\psi_{\max}} \int_0^c X(t, \rho, \psi) d\rho d\psi .$$

Lo que estamos haciendo con esta definición es poner en correspondencia a cada individuo susceptible con su nivel de defensas ψ .

Las clases restantes : infecciosos y recuperados son un

subconjunto de F donde $\rho \geq \epsilon$, o sea

$$\left\{ \text{infecciosos , recuperados} \right\} \subset \left\{ (\rho, \psi) \in F : \rho \geq \epsilon \right\}$$

este subconjunto se caracteriza porque cualquier individuo de estas clases que se encuentre en el tiempo t fué infectado hace τ tiempo con un nivel de defensas inicial ψ_{inic} es decir :

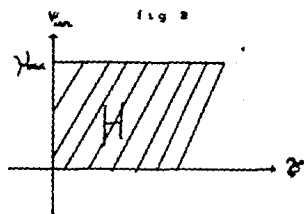
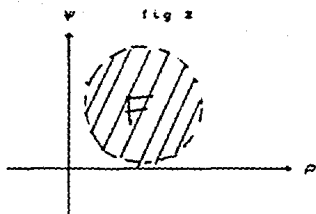
$\tau =$ " es el tiempo transcurrido desde que el individuo fué infectado "

$\psi_{\text{inic}} =$ " es el nivel de defensas al iniciarse la infección en un individuo de la población "

Por consiguiente todo individuo no susceptible tiene asociado un nuevo estado dado por la pareja $(\tau, \psi_{\text{inic}})$ y en particular a cada susceptible se le asocia su nivel de defensas ψ .

De esta forma del flujo en el espacio (ρ, ψ) al tiempo t se pasa al flujo en (τ, ψ_0) también al tiempo t donde ψ_0 son los posibles valores de ψ_{inic} . Es decir :

del flujo en F se pasa al flujo en H



Pero para todo $t \in [0, +\infty)$, tenemos que en este nuevo espacio de fases (τ, ψ) , al variar t , un individuo ocupa distintos estados, pero cada individuo conserva su nivel inicial de defensas ψ_0 , esto significa que :

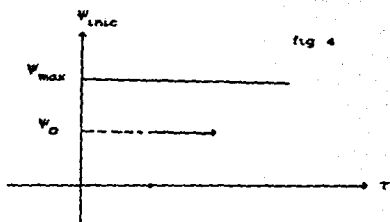
$$\frac{\partial \tau(t)}{\partial t} = 1$$

$$\frac{\partial \psi_0(t)}{\partial t} = 0$$

Es el nuevo campo de velocidades :

$$V : H \times [0, +\infty) \rightarrow H, \text{ con } V = V(t, \tau, \psi) = (1, 0)$$

y que resulta ser unitario y paralelo



Ahora sea $Y =$ " el número de individuos infecciosos al tiempo t en el estado (τ, ψ) infectados en $(t-\tau)$, con nivel de defensas inicial ψ_0 " .

En otras palabras

$Y =$ " es la función de densidad del flujo en H "

$$Y : H \times [0, +\infty) \longrightarrow [0, +\infty)$$

$$Y = Y(t, \tau, \psi_0)$$

Por tanto la ecuación de continuidad de los medios continuos en el nuevo espacio (τ, ψ_0) nos queda como

$$\frac{\partial Y(t, \tau, \psi_0)}{\partial t} + \text{div} [Y(t, \tau, \psi_0) V(t, \tau, \psi_0)] = 0$$

$$\frac{\partial Y}{\partial t} + Y \operatorname{div} V + V \operatorname{grad} Y = 0$$

$$\frac{\partial Y}{\partial t} + Y \left(\frac{\partial l}{\partial \tau} \frac{\partial \tau}{\partial t} + \frac{\partial \theta}{\partial \psi_0} \frac{\partial \psi_0}{\partial t} \right) + \left(\frac{\partial Y}{\partial \tau} \frac{\partial \tau}{\partial t} + \frac{\partial Y}{\partial \psi_0} \frac{\partial \psi_0}{\partial t} \right) = 0$$

$$\frac{\partial Y}{\partial t} + \left[\frac{\partial Y}{\partial \tau} \frac{\partial \tau}{\partial t} \right] = 0$$

Toma la forma

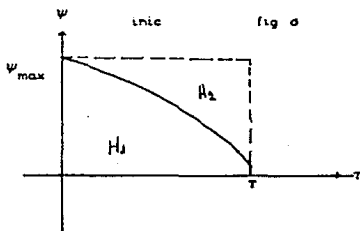
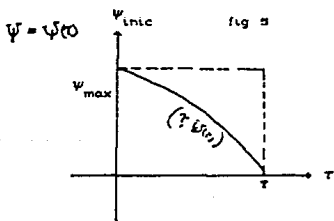
$$\frac{\partial Y}{\partial t} + \frac{\partial Y}{\partial \tau} \cdot \frac{\partial \tau}{\partial t} = 0,$$

pero

$$\frac{\partial \tau}{\partial t} = 1 \quad \text{y así obtenemos:}$$

$$\frac{\partial Y}{\partial t} + \frac{\partial Y}{\partial \tau} = 0 \quad (2.1)$$

Ahora en H están mezclados los individuos infecciosos y los recuperados. La recuperación depende de τ y de ψ y podemos suponer que los infecciosos y los recuperados están separados por la gráfica de una cierta función decreciente de τ :



Tomemos además a :

T = " tiempo máximo promedio de duración de la infección "

H_1 = " conjunto de todos los posibles estados infecciosos "
con $0 \leq \tau \leq T$, $0 \leq \psi_0 \leq \Psi(\tau)$ "

H_2 = " conjunto de los recuperados : $0 \leq \tau \leq T$, $\Psi(\tau) \leq \psi \leq \psi_{\max}$ "

$I(t)$ = " total de infecciosos al tiempo t "

$$I(t) = \int_0^T \int_0^{\Psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi_0) d\psi_0 d\tau \quad (2.8)$$

Introduciendo la idea de los modelos compartamentales el número de susceptibles S debe ser tal que :

$$-\frac{\partial S}{\partial t} \propto S I \quad \text{hipótesis [2.1]}$$

$$-\frac{\partial S(t, \psi)}{\partial t} = -\alpha S(t, \psi) I(t)$$

$$-\frac{\partial S(t, \psi)}{\partial t} = -\alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\Psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi_0) d\psi_0 d\tau \quad (2.II)$$

Por otro lado .

$Y(t, \tau, \psi_0) \Big|_{\tau=0} = " Y(t, 0, \psi_0) = " \text{número de infecciosos recientes}$
al tiempo t con nivel de defensas inicial $\psi_0 "$

pero por su significado también tenemos

$$Y(t, 0, \psi_0) = - \frac{\partial S(t, \psi_0)}{\partial t}$$

de esta forma sustituyendo en [2.II] tenemos :

$$Y(t, 0, \psi_0) = \alpha S(t, \psi_0) \int_0^T \int_0^{\psi(r)} Y(t, r, \psi_0) d\psi_0 dr \quad [2.III]$$

Ahora puesto que ψ_0 es arbitrario, generalizaremos para cualquier ψ de donde obtenemos :

$$(1) \frac{\partial Y(t, r, \psi)}{\partial t} + \frac{\partial Y(t, r, \psi)}{\partial r} = 0 \quad \begin{array}{l} 0 \leq \psi \leq \psi_{\max} \\ 0 \leq r \leq T \end{array}$$

$$(2) \frac{\partial S(t, \psi)}{\partial t} = - \alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(r)} Y(t, r, \psi) d\psi dr$$

$$(3) Y(t, 0, \psi) = \alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(r)} Y(t, r, \psi_0) d\psi_0 dr$$

Donde habrá de distinguirse entre.

$$\int_0^{\psi(r)} Y(t, r, \psi) d\psi = \text{número de infecciosos al tiempo } t$$

infectados hace r tiempo

$\int_0^{\psi_{\max}} Y(t, \tau, \psi) d\psi =$ número de individuos al tiempo t ,
 infectados hace τ tiempo entre los cuales
 puede ya haber recuperados

Para facilitar la solución del sistema (1) (2) (3)
 introduciremos una función :

$g =$ " distribución inicial ($t=0$) de susceptibles respecto del
 nivel de defensas "

$$\left[\begin{array}{l}
 g : [0, \psi_{\max}] \text{-----} \rightarrow \mathbb{R} \\
 g(\psi) = \frac{\int_0^{\psi} S(t, \psi) /_{t=0} d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} S(t, \psi) /_{t=0} d\psi} = \frac{\int_0^{\psi} S(t, \psi) d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} S(t, \psi) d\psi}
 \end{array} \right.$$

En general

$$(g \circ \Psi)(\tau) = g(\Psi(\tau)) = \frac{\int_0^{\Psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} Y(t, \tau, \psi) d\psi}$$

De esta última tenemos

$$\int_0^{\Psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi = (g \circ \Psi)(\tau) \int_0^{\psi_{\max}} Y(t, \tau, \psi) d\psi$$

Notese que

$$\int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi = g^M(\tau) \cdot Y^M(t, \tau)$$

$$\text{Donde } g^M = g \circ \psi \quad \text{y} \quad Y^M(t, \tau) = \int_0^{\psi_{\max}} Y(t, \tau, \psi) d\psi$$

Esta última es " el número total de individuos al tiempo t , infectados hace τ tiempo entre los cuales puede ya haber recuperados " .

Integrando las ecuaciones (1) (2) (3) entre 0 y ψ_{\max} e introduciendo de manera similar a Y^M la función

$$S^M(t) = \int_0^{\psi_{\max}} S(t, \psi) d\psi \quad \text{tendremos}$$

$$\int_0^{\psi_{\max}} \frac{\partial}{\partial t} Y(t, \tau, \psi) d\psi + \int_0^{\psi_{\max}} \frac{\partial}{\partial \tau} Y(t, \tau, \psi) d\psi = 0$$

$$\int_0^{\psi_{\max}} \frac{\partial}{\partial t} S(t, \psi) d\psi = -\alpha \int_0^{\psi_{\max}} \left[S(t, \psi) \int_0^{\tau} \int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi_0) d\psi_0 d\tau \right] d\psi.$$

$$\int_0^{\psi_{\max}} Y(t, 0, \psi) d\psi = \alpha \int_0^{\psi_{\max}} \left[S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi_0) d\psi_0 d\tau \right] d\psi$$

esto es :

$$\frac{\partial}{\partial t} \int_0^{\psi_{\max}} Y(t, \tau, \psi) d\psi + \frac{\partial}{\partial t} \int_0^{\psi_{\max}} Y(t, \tau, \psi) d\psi = 0$$

$$-\frac{\partial}{\partial t} \int_0^{\psi_{\max}} S(t, \psi) d\psi = -\alpha S^*(t) \int_0^T Y^*(t, \tau) g^*(\tau) d\tau$$

$$Y^*(t, 0) = \alpha S^*(t) \int_0^T Y^*(t, \tau) g^*(\tau) d\tau$$

donde

$$\int_0^{\psi_{\max}} Y(t, 0, \psi) d\psi = Y^*(t, 0)$$

Por tanto , obtenemos :

$$1_2 \quad \frac{\partial}{\partial t} Y^M(1, \tau) + \frac{\partial}{\partial t} Y^M(1, \tau) = 0$$

$$2_2 \quad \frac{\partial}{\partial t} S^M(1) = -\alpha S^M(1) \int_0^T Y^M(1, \tau) g^M(\tau) d\tau$$

S.1.2

$$3_2 \quad Y(1, 0) = \alpha S^M(1) \int_0^T Y^M(1, \tau) g^M(\tau) d\tau$$

Con las condiciones iniciales dadas

$$S^M(0) = S_0^M \quad Y^M(0, \tau) = a(\tau) \quad 0 \leq \tau \leq T$$

Discretizando y tomando como incremento de la variable según de la que se trate, $h = 1$.

$$\text{de } 1_2 : Y^M(1+i, \tau) - Y^M(1, \tau) + [Y^M(1, \tau) - Y^M(1, \tau-1)] = 0$$

$$\tau = \overline{1, T} \quad \text{por lo tanto}$$

$$1_2 \quad Y^M(1+i, \tau) - Y^M(1, \tau-1) = 0 \quad \tau = \overline{1, T}$$

$$\text{De } 2_2 : S^M(1+i) - S^M(1) = -\alpha S^M(1) \sum_{\tau=0}^T Y^M(1, \tau) g^M(\tau)$$

$$\text{De } 3_2 : Y^M(t,0) = Y^M(t+1,0) = \alpha S^M(t) \sum_{\tau=0}^T Y^M(t,\tau) g^M(\tau)$$

Igualando las dos ultimas 2_2 y 3_2 obtenemos

$$3_3 \quad S^M(t+1) = S^M(t) - Y^M(t+1,0)$$

De esta forma conociendo g y Ψ (frontera entre H_1 y H_2) podemos conocer g^M y teniendo ésta además de las condiciones iniciales S_0^M y $a(\tau)$ podemos obtener S^M y Y^M mediante 1_3 , 2_3 , 3_3 .

Es así que conocidos $a(\tau)$ y S_0^M , tendremos de la condición inicial : $Y^M(0,\tau) = a(\tau) \quad 0 \leq \tau \leq T$ que podemos conocer en $t = 0$ y para $0 \leq \tau \leq T$: $Y^M(t,\tau)$

$$\begin{aligned} Y^M(0,\tau) &= a(\tau) \\ Y^M(0,\tau-1) &= a(\tau-1) \\ Y^M(0,\tau-2) &= a(\tau-2) \\ &\dots\dots\dots \\ Y^M(0,1) &= a(1) \\ Y^M(0,0) &= a(0) \\ S^M(0) &= S_0^M \end{aligned}$$

así en $t = 1$ para $0 \leq \tau \leq T$ con ayuda de 1_3

$$Y^M(1,1) = Y^M(0,1-1) = a(1-1)$$

$$Y^M(1,1-1) = Y^M(0,1-2) = a(1-2)$$

$$Y^M(1,1-2) = Y^M(0,1-3) = a(1-3)$$

$$\dots\dots\dots$$

$$Y^M(1,2) = Y^M(0,1) = a(1)$$

$$Y^M(1,1) = Y^M(0,0) = a(0)$$

$$S^M(1) = ?$$

Para calcular $S^M(1)$ podemos usar 3_2 , dado que para $t = 0$ tendríamos

$$S^M(1) = S^M(0) - Y^M(1,0)$$

pero $S^M(0) = S_0^M$ y $Y^M(1,0)$ puede calcularse de 2_2 para $t = 0$

$$Y^M(1,0) = \alpha S_0^M \sum_{\tau=0}^1 Y^M(0,\tau) g^M(\tau)$$

por lo tanto

$$S(1) = S_0^M - \alpha S_0^M \sum_{\tau=0}^1 Y(\tau) g(\psi(\tau))$$

y así sucesivamente puede seguirse obteniendo los valores de $Y^M(1,\tau)$ y $S^M(1)$ para $t = 1, 2, 3, \dots$

para una obtención más rápida y puramente matemática del sistema de ecuaciones 1, 2, 3, ver el apéndice 2

MODELO PARA TODA LA REPUBLICA

Considerese el caso concreto de nuestro país con miras a tratar de hacer más convenientes las hipótesis específicas del modelo epidémico utilizado ; para ello únicamente especificaremos los valores de ciertos parámetros lo cual no implica modificaciones esenciales en el modelo .

De entrada estamos considerando que este modelo funciona para una clase amplia de países y territorios relativamente grandes .

Por otra parte , las ecuaciones del modelo local nos sirven para analizar las epidemias en las ciudades por tener estas una gran concentración humana , pero no admiten una generalización directa para todo el territorio nacional

Aunque el modelo intuitivo de la mecánica de los medios continuos permite trabajar con grandes masas de población , sin embargo el sistema de ecuaciones 1, 2, 3, del §₂ anterior :

$$\left[\begin{array}{l} (1) \quad \frac{\partial}{\partial t} Y(t, \tau, \psi) + \frac{\partial}{\partial \tau} Y(t, \tau, \psi) = 0 \quad \begin{array}{l} 0 \leq \psi \leq \psi_{\max} \\ 0 \leq \tau \leq T \end{array} \\ (2) \quad \frac{\partial}{\partial t} S(t, \psi) = -\alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi d\tau \\ (3) \quad Y(t, 0, \psi) = \alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi d\tau \end{array} \right]$$

presupone que la intensidad de transmisión de la infección x — y (susceptibles que pasan a infecciosos) sucede bajo hipótesis de que en relativamente poco tiempo se lleva a cabo una interacción uniforme de la población .

Esto es solamente satisfecho en los lugares de gran concentración humana : Las ciudades

DIFUSION GEOGRAFICA

Si deseamos diseñar el modelo para el país y tomamos k ciudades , tendremos que el conjunto incognita

$\left\{ (x_i, y_i) , i=1, 2, 3, \dots, k \right\}$ está formado por $2k$

incognitas y $3k$ ecuaciones del tipo S.I .

Para poder establecer la unidad de estos modelos en un único sistema tenemos que tomar en cuenta las transiciones entre las poblaciones de las distintas ciudades .

Para el caso epidémico considerado las transiciones entre las ciudades están determinadas por las redes de transporte .

Estas $3k$ ecuaciones generadas serán modificadas , a los términos que aparecen a la derecha en las ecuaciones deberá sumarseles aquellos términos tales que para cada par de ciudades (i, j) describen la intensidad del transporte durante el intervalo Δt .

En las transiciones que estamos considerando , no basta con determinar el número de gentes que pasa de una ciudad a otra : hay que determinar también la situación epidémica de cada una de ellas , por tanto , debemos tomar en cuenta la intensidad de transporte de cierto tipo de personas en el intervalo Δt entre las ciudades (i,j) .

El hecho de que en este modelo para todo el país nos restrinjamos ante todo a las ciudades es justificable :

Primero ; por el aspecto socioeconómico que representan las epidemias de influenza en las ciudades .

Segundo ; porque en las ciudades podemos disponer de la información mínima necesaria para afinar el modelo o para comprobarlo a través de la información diaria de las clínicas y hospitales .

En esta exposición consideraremos n ciudades ; además por completo del modelo , trabajaremos con regiones (en nuestro caso estados) ; todo esto con la intención de establecer la influencia inversa del proceso epidémico en el sistema de ciudades elegido .

Por el momento a priori , no podemos decir nada ; es así por tanto , que modelamos el resto del país aunque sea de forma aproximada de tal manera que generemos , por ejemplo el orden de magnitud del proceso epidémico .

De este modo se pretende hacer que el estudio abarque un alto porcentaje de la población del país $Y\%$.

El proceso epidémico para cada zona se considera formalmente establecido por las ecuaciones dadas para las ciudades , sin pretender de entrada una mayor exactitud , sino una idea del orden de magnitud .

La ausencia de exactitud en esta parte del modelo es totalmente irrelevante, puesto que todos los procesos epidémicos conocidos se transmiten de las grandes ciudades a las zonas rurales y no al revés, es decir las zonas que resultan intermedias geográficamente entre las ciudades, no resultan intermedias en el proceso de transmisión infecciosa; estas zonas tienen influencia en la diseminación de la epidemia, de tipo inverso; es decir, en el sentido de cambiar enfermos pero no en el sentido de que haya nuevos brotes epidémicos.

Sea $\sigma_{AB} \Delta t$ la probabilidad de que aquellas personas que pertenecen a cierta clase A pasen a la clase B durante el intervalo de tiempo $(t, t + \Delta t)$:

$$0 \leq \sigma_{AB} \Delta t \leq 1$$

En particular definamos:

σ_{ij} = " la intensidad de tránsito de individuos entre la ciudades (i, j) determinada por la red específica de transporte "

P_i = " tamaño de la población de la ciudad i "

X_i = " tamaño de la población susceptible de la ciudad i "

Y_i = " infecciosa "

$$i, j \in \{1, 2, \dots, n\}$$

Ahora considerese el cociente

$$\frac{\sigma_{ij}}{P_i} = \text{" proporción de individuos de la población } i \text{ que salen de la ciudad } i \text{ a la ciudad } j \text{"}$$

$i, j = 1, n$

Por lo tanto

$$\frac{q_1 \sigma_{i,j}}{P_i} \Delta t = \text{" proporción de individuos susceptibles de la población de la ciudad } i, \text{ que salen de la ciudad } i \text{ a la ciudad } j \text{ en el intervalo de tiempo } (t, t+\Delta t) \text{ "}$$

$/ i, j = 1, n /$

Con q_1 coeficiente de proporcionalidad $0 \leq q_1 \leq 1$

Pero por su significado también

$$q_1 \frac{\sigma_{i,j}}{P_i} \Delta t = \sigma_{i,j} x_i \Delta t = \text{" la probabilidad de que los individuos susceptibles de la ciudad } i \text{ pasen a ser individuos igualmente susceptibles, pero ahora de la ciudad } j \text{ en el intervalo de tiempo } (t, t+\Delta t) \text{ "}$$

$/ 0 \leq \sigma_{i,j} \Delta t \leq 1 /$

Análogamente

$$q_2 \frac{\sigma_{j,i}}{P_j} \Delta t = \text{" la probabilidad de que los individuos infectados de la ciudad } i \text{ pase a la ciudad } j \text{ en un intervalo de tiempo } (t, t+\Delta t) \text{ "}$$

$/ 0 \leq \sigma_{j,i} \Delta t \leq 1 /$ $i, j \in \overline{1, n} /$

con q_2 coeficiente de proporcionalidad $0 \leq q_2 \leq 1$

Cabe aclarar que esto se hace considerando , con base en la teoría de conjuntos , que las personas de una misma clase , pero de las distintas ciudades deben encontrarse en una misma región del espacio fase.

Resumiendo :

$$\sigma_{X_i X_j} \Delta t = q_{ij} \frac{\sigma_{ij}}{P_i} \Delta t$$

$$i, j \in \{1, n\}$$

$$\sigma_{Y_i Y_j} \Delta t = q_{ij} \frac{\sigma_{ij}}{P_i} \Delta t$$

Representan en su conjunto la probabilidad de transición que entrelaza las ciudades en un sistema único .

notemos que en las 2 ecuaciones anteriores solo se consideran particiones del tipo $X_i \longrightarrow X_j$ y $Y_i \longrightarrow Y_j$, pero no las del tipo $X_i \longrightarrow Y_j$ (esto significa $x \longrightarrow y$ y simultaneamente $i \longrightarrow j$) $Y_i \longrightarrow X_j$, esto es debido a que las transiciones de esta indole durante el intervalo de tiempo Δt , como es usual en la teoría de procesos estocásticos , se consideran despreciables .

Veamos ahora como salen y entran individuos ya sea susceptibles ó infecciosos a las ciudades del país

Supongamos i fija y $j \in \{1, n\}$, entonces

σ_{ji} = " la intensidad de tránsito de individuos de cualquiera de las ciudades j a la ciudad fija i "

$$j \in \{1, n\} \text{ ó } i \text{ fija}$$

$q_{ij} \frac{X_j}{P_j}$ = " proporción de individuos susceptibles de la ciudad j en la misma ciudad j "

$$j \in \{1, n\}$$

Por tanto el producto

$$q_i \frac{\sigma_{jt}}{p_j} x_j = \text{" el total de individuos susceptibles procedentes de cualquier ciudad } j \text{ que llegan a la ciudad fija } i \text{"}$$

/ $j \in \{1, n\}$ /

Ahora consideremos la totalidad de las intensidades de transito de la ciudad j a la ciudad i , con i fija y $j \in \{1, n\}$.

$$q_i \frac{\sigma_{i1}}{p_1} x_1 + q_i \frac{\sigma_{i2}}{p_2} x_2 + \dots + q_i \frac{\sigma_{in}}{p_n} x_n = q_i \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ij}}{p_j} x_j$$

$$q_i \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ij}}{p_j} x_j = \text{" total de llegadas a la ciudad } i \text{ de individuos susceptibles de la ciudad } j \text{" } j \in \{1, n\}$$

Analicemos ahora las salidas de la ciudad i a las ciudades j ,

donde i esta fija y $j \in \{1, n\}$

$$\sigma_{ij} = \text{" la intensidad de transito de la ciudad } i \text{ a la ciudad } j \text{" } j \in \{1, n\}$$

$$\frac{x_i}{p_i} = \text{" la proporción de susceptibles de la ciudad } i \text{ en la misma ciudad } i \text{"}$$

Ahora el producto

$$q_i \frac{\sigma_{ij}}{p_i} x_i = \text{" la proporción de individuos susceptibles de la población de la ciudad } i \text{ que salen de esta ciudad hacia cualquiera de las ciudades } j \text{"}$$

El significado de este producto induce a que

$$\sum_{j=1}^n q_{ij} \frac{\sigma_{ij}}{p_i} x_i = \text{ " el total de salidas de individuos susceptibles de la ciudad } i \text{ hacia todas las ciudades } j \text{ "}$$

Por tanto el incremento o (decremento) de la población susceptible de una ciudad fija i del país estará dado por :

$$\sum_{j=1}^n q_{ji} \frac{\sigma_{ji}}{p_j} x_j - \sum_{j=1}^n q_{ij} \frac{\sigma_{ij}}{p_i} x_i = \text{ " entradas - salidas "}$$

Es decir

$$q_{ij} \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{p_j} x_j - \frac{\sigma_{ij}}{p_i} x_i \right] = \text{ " el efecto debido a la migración de la población susceptible en la ciudad } i \text{ del país " } / i \in \{1, n\} /$$

Análogamente

$$q_{iz} \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{p_j} y_j - \frac{\sigma_{ij}}{p_i} y_i \right] = \text{ " el efecto debido a la migración de la población infecciosa en la ciudad } i \text{ del país " } / i \in \{1, n\} /$$

Ya antes habíamos hecho uso de la sustitución de la clase de los susceptibles S , en el caso del modelo para una ciudad (modelo local), por X_i que nos representa a los individuos susceptibles de la ciudad i / $i \in \{1, n\}$ /.

Además recuérdese que bajo la idea de los modelos compartamentales la razón de cambio de la población susceptible respecto al tiempo es directamente proporcional al número de contactos entre individuos susceptibles e infecciosos de la población. Es decir:

$$\frac{\partial X_i}{\partial t} = -r X(t, \psi) Y(t) \quad (\text{el signo menos es porque la función } X(t, \psi) \text{ es decreciente ya que } rXY > 0)$$

En el modelo local r es una constante de proporcionalidad que puede llamarse razón de infección o fuerza de la infección local.

Para los efectos de este capítulo necesitamos considerar una fuerza de infección de alguna forma proporcional al tamaño de la población de cada ciudad, ya que pretendemos aplicar el modelo a una población compuesta de varias ciudades cada una de las cuales tiene un tamaño específico donde $p_i \neq p_j$ para $i \neq j$.

Esta nueva fuerza de infección la denotaremos por λ y es la razón de infección generalizada para todo habitante del país. La cual para hacerla proporcional a la población de cualquiera de las ciudades consideradas la denotaremos por $\frac{\lambda_i}{p_i}$, $i \in \{1, n\}$

Por tanto: hipótesis para cada población $r_i = \frac{\lambda_i}{p_i}$

Recordemos las ecuaciones S.1 del capítulo anterior para el modelo local.

$$\left[\begin{array}{l}
 (1) \frac{\partial Y(t, \tau, \psi)}{\partial t} + \frac{\partial Y(t, \tau, \psi)}{\partial \tau} = 0 \quad \begin{array}{l} 0 \leq \psi \leq \psi_{\max} \\ 0 \leq \tau \leq T \end{array} \\
 (2) \frac{\partial S(t, \psi)}{\partial t} = -\alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\Psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi d\tau \\
 (3) Y(t, 0, \psi) = \alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\Psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi d\tau
 \end{array} \right]$$

Donde el estado médico-biológico de un individuo lo caracterizaban los dos siguientes parámetros :

$\rho(t)$ cantidad de germen patógeno en el individuo al tiempo t
 $t \in [0, +\infty)$

$\psi(t)$ nivel de inmunidad del individuo al tiempo t

$$F = \left\{ (\rho, \psi) \in \mathbb{R}^2 : \rho(t) \geq 0, \psi(t) \geq 0 \right\}$$

Incorporando al sistema S.1 del modelo local los efectos , resultado del tráfico de las distintas clases de personas en las diferentes ciudades del país é incorporando la nueva fuerza de infección para cada ciudad $\frac{\lambda_i}{P_i}$, $\{i = 1, 2, \dots, n\}$

tendremos el nuevo sistema S.2

$$(1) \frac{\partial X_i(t, \psi)}{\partial t} = - \frac{\lambda_i}{P_i} X_i(t, \psi) \int_{\tau_1}^{\tau_2} dt \int_{\psi_1(t)}^{\psi_2(t)} Y_i(t, \tau, \psi) d\psi$$

$$+ q_i \sum_{j=1}^R \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} x_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} x_i \right]$$

$$(2) \frac{\partial Y_i(t, \tau, \psi)}{\partial t} + \frac{\partial Y_i(t, \tau, \psi)}{\partial \tau} = q_2 \sum_{j=1}^R \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i \right]$$

$$(3) Y_i(t, 0, \psi) = \frac{\lambda_i}{P_i} x_i(t, \psi) \int_{\tau_1}^{\tau_2} dt \int_{\psi_1(t)}^{\psi_2(t)} Y_i(t, \tau, \psi) d\psi$$

$$\{ i = 1, 2, \dots, n \}$$

Donde t_1 y t_2 han sido sustituidos por τ_1 y τ_2 y donde para cada ciudad i tenemos su λ_i , ya que cada uno de estos parámetros evidentemente también tiene su componente social, y evidentemente $\sigma_{ii} = 0$.

Para resolver el sistema S.2 se antoja necesario utilizar la computadora, pero entonces la red de nodos de las funciones incognita (que son multidimensionales) se hace grandísima para particiones de paso pequeño.

Dadas las observaciones anteriores y puesto que la última de ellas implica mayores complicaciones, intentaremos una transformación del sistema S.2 de tal manera que nos libremos de una variable, en nuestro caso de ψ .

Dado que estamos trabajando en un proceso epidémico en un territorio grande (no local) introduciremos el siguiente postulado .

Existe una equivalencia inmunológica entre los diferentes estados del territorio nacional , antes del arribo de la epidemia, respecto de la variante antigena del virus que genera dicha epidemia .

Para darle validez a a este postulado hacemos uso del hecho empirico de que las epidemias de influenza en el pais provienen del exterior .(dado que en términos generales estas epidemias de influenza se generan en el sureste asiático y china) .

Por otro lado si existiera una región en el pais en donde hubiera algunas condiciones inmunológicas especiales , antes de la epidemia , existiria entonces una cierta correlación entre las epidemias y dicha región , esto contradice el hecho empirico de que las epidemias proceden del exterior del pais . Esto justifica la hipótesis arriba estipulada .

Esta última condición matemáticamente puede expresarse , para todo par de constantes w_1 y w_2 como :

$$\frac{\int_{\psi_1}^{\psi_2} X_i(\psi, 0) d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} X_i(\psi, 0) d\psi} = g(\psi_1, \psi_2) \quad / i = 1, 2, \dots, n /$$

Donde ψ_{\max} es el valor máximo posible del nivel de inmunidad en las personas susceptibles de ser infectadas , entonces $g(\psi_1, \psi_2)$ no depende del índice i , puesto que la relación nos está midiendo el número de personas de la ciudad i que al tiempo $t = 0$ (es decir antes de empezar la epidemia) se encuentran con un nivel de defensas entre ψ_1 y ψ_2 con respecto al número de personas que al tiempo cero se encuentran en un estado de defensa entre cero y el nivel máximo de defensa ψ_{\max} . Dado que estamos suponiendo que en las distintas ciudades existe equivalencia inmunológica , tenemos que esa relación no depende de i solo depende de ψ_1 y ψ_2 .

Ahora dado el postulado de equivalencia inmunológica aclaramos que ψ_{\max} es el nivel máximo de defensas de cualquier ciudad del país y por lo tanto es el nivel máximo de defensas general aplicable a todo individuo del país .

Utilizando esta relación matemática que establece las condiciones mencionadas en nuestra hipótesis , tenemos que :

$$\frac{\int_{\psi_1}^{\psi_2} X_i(\psi, 0) d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} X_i(\psi, 0) d\psi} = g(\psi_1, \psi_2) \quad i \in \{1, n\}$$

$$\frac{\int_{\psi_1}^{\psi_2} X_i(\psi, 0) d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} X_i(\psi, 0) d\psi} \stackrel{\text{hip}}{=} \frac{\int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} X_i(\tau, \psi) d\psi}{\int_0^{\psi_{\max}} X_i(\tau, \psi) d\psi} \stackrel{\text{hip}}{=} g(\psi_1(\tau), \psi_2(\tau))$$

$$g(\psi_1(\tau), \psi_2(\tau)) \int_0^{\psi_{\max}} X_i(\tau, \psi) d\psi = \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} X_i(\tau, \psi) d\psi$$

Ahora sea

$$X_i^M = \int_0^{\psi_{\max}} X_i(\tau, \psi) d\psi$$

tenemos entonces

$$g(\psi_1(\tau), \psi_2(\tau)) X_i^M = \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} X_i(\tau, \psi) d\psi$$

Análogamente tenemos la relación :

$$g(\psi_1(\tau), \psi_2(\tau)) Y_i^M = \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y_i(\tau, \psi) d\psi$$

Ademas si $\psi_1 = 0$ y $\psi_2 = \psi_2(t)$

tenemos que $g = g(\tau)$ o sea que $g(\tau) = g(\psi_1, \psi_2)$

con $0 \leq \tau_1, \tau_2 \leq T$ $i \in \{1, n\}$

$T =$ " al tiempo máximo de convalecencia en general "

$\alpha_i =$ " parte inicial de los susceptibles en la ciudad i "

$\alpha_i =$ " la convalecencia inicial de los infectados en la ciudad i "
 $i \in \{1, n\}$

Incorporando a nuestro sistema S.2 estas transformaciones
Ademas de las condiciones iniciales del S.2 llegamos a un sistema
de $3n$ ecuaciones , a saber :

$$\begin{aligned}
 (1) \quad \frac{d X_l^M(t)}{dt} &= - \frac{\lambda_l}{P_l} X_l^M(t) \int_0^T Y_l^M(t, \tau) g(\tau) d\tau \\
 &+ q_1 \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{jl}}{P_j} X_j^M - \frac{\sigma_{lj}}{P_l} X_l^M \right] \\
 (2) \quad \frac{\partial Y_l^M(\tau, t)}{\partial t} + \frac{\partial Y_l^M(\tau, t)}{\partial \tau} &= q_2 \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{jl}}{P_j} Y_j^M - \frac{\sigma_{lj}}{P_l} Y_l^M \right] \\
 (3) \quad Y_l^M(0, t) &= \frac{\lambda_l}{P_l} X_l^M(t) \int_0^T Y_l^M(\tau, \psi, t) g(\tau) d\tau \\
 \text{con} \quad X_l(0) &= a_l p_l \quad / l = 1, 2, \dots, n / \\
 Y_l(\tau, 0) &= a_l(\tau) \quad / 0 \leq \tau \leq T /
 \end{aligned}$$

Donde $g(\tau)$ es $g(\psi_1, \psi_2)$ con $\psi_1 = 0$ y $\psi_2 = \psi_2(\tau)$ y donde $X_l^M(t)$ y $Y_l^M(t, \tau)$ tienen el mismo significado que antes solo que ahora no están distribuidos, sino integrados respecto de ψ .

En particular las ecuaciones para el modelo local toman la forma

$$(1) \frac{dX(t)}{dt} = -\frac{\lambda}{p} X(t) \int_0^T Y(\tau, t) g(\tau) d\tau$$

$$(2) \frac{\partial Y(\tau, t)}{\partial t} + \frac{\partial Y(\tau, t)}{\partial \tau} = 0$$

$$(3) Y(0, t) = \frac{\lambda}{p} X(t) \int_0^T Y(\tau, t) g(\tau) d\tau$$

$$X(0) = a p$$

$$Y(\tau, 0) = g(\tau)$$

S.4

Con esto aparentemente ya hemos resuelto el problema de pasar del modelo original : un sistema de 3n ecuaciones integro-diferenciales-parciales , generando un nuevo sistema de 3n ecuaciones más sencillas sin embargo , al intentar utilizar los sistemas S.3 y S.4 a epidemias reales de influenza , surgen dificultades :

El registro oficial de enfermos de influenza en una ciudad es la única manifestación sistemática masiva confiable para tratar estadísticamente la epidemia en una ciudad . Otras fuentes estadísticas son poco confiables o muy incompletas , o simplemente no existen . en efecto

1° No existen los datos estadísticos masivos relativos a la estructura inmunológica de la población y de la estructura etiologica de la epidemia .

2° No existen datos sobre las magnitudes de las diferentes formas del virus , ni siquiera de la manera como es transmitido dicho virus , no obstante que considerar las personas infectadas es necesario para calcular cuantitativamente el desarrollo del proceso epidémico .

Por tanto , la comprobación posible del modelo propuesto en

las ciudades podremos realizarla solo a través de aproximaciones al registro oficial de enfermos

Por otro lado , si suponemos que la razón entre el registro oficial de enfermos y el número total de enfermos está dada por una cierta constante γ , es decir γ representa la probabilidad de que un enfermo recurra al médico , entonces podemos decir que para los enfermos registrados $Y_1(\tau, t)$ (esta misma notación nos representa arriba el número real de enfermos) no existe la necesidad de deducirles unas nuevas ecuaciones , sino que nos siguen sirviendo las ecuaciones del sistema 3 , así como su caso particular S.4 tan solo modificando los parámetros α y λ adecuadamente y la interpretación de las funciones incognita $X_1(t)$ y $Y_1(t)$.

Los sistemas 3 y 4 con las nuevas interpretaciones en términos de los enfermos registrados son el punto de partida para el subsiguiente estudio del modelo .

Podríamos preguntarnos si surgirán nuevas complicaciones con el cambio de significado de las magnitudes X_1 , λ_1 , α_1 . Vale señalar que la estructura inmunológica de la población y las posibles influencias de las condiciones meteorológicas entran evidentemente en α_1 así como lo contagioso de la infección y las particularidades sociales de la vida de la población entran en λ_1 . a su vez ahora entra la magnitud γ tanto en α_1 como en λ_1 .

Para la función X_1 resulta ahora menos clara su interpretación , son las personas susceptibles , las cuales por condiciones de contagio consultarían al médico.

Es decir, X_1 se convierte en una magnitud seguramente inobservable más sin embargo, la no observabilidad de X_1 no impide trabajar con el modelo, ya que datos estadísticos masivos con los cuales se podría estar comparando a X_1 en el sentido original (todos los susceptibles) de todas formas no existen .

Para los cálculos es suficiente con conocer una sola manifestación de X_1 en la forma de α_1 . También resulta que al pasar a las nuevas X_1 las magnitudes α_1 se transforman en forma desconocida (se multiplican por γ) . Sin embargo, peor que antes no puede ocurrir, ya que aun con la interpretación de las X_1 como el total de susceptibles, no podíamos esperarnos a obtener de observaciones las α_1 , puesto que los análisis serológicos para la influenza, en la actualidad no son representativos y nos revelan más bien un cuadro cualitativo más que cuantitativo de la estructura inmunológica de la población .

Esto en contraposición, como veremos adelante, con lo sensible que resulta el proceso epidémico a las variaciones de las α_1 .

Por tanto, para obtener los valores de las α_1 es necesario como antes, buscar métodos indirectos para su determinación lo mismo puede decirse de las λ_1 (tanto en el sentido original como en la nueva interpretación), puesto que dicho parámetro es también inobservable (al menos porque incluye como uno de sus factores la frecuencia media de contactos entre la población) .

De este modo no obstante que la nueva interpretación de las funciones Y_i nos lleva a una variación numérica de los parámetros α_i , λ_i , sin embargo, esto no lleva a nuevas complicaciones de principio, ya que los parámetros incógnita lo siguen siendo y no apareceran nuevas incógnitas.

Podemos afirmar que los nuevos parámetros α_i , λ_i , que caracterizan la especificidad de la magnitud de una epidemia concreta resultan ser parámetros "libres" en el sentido de que no podemos determinar sus valores directamente de su interpretación, sino que aquí también es posible solo su determinación indirecta. Este método indirecto, como vemos del señalado carácter masivo de la información numérica sobre las epidemias de influenza, queda determinado unívocamente.

Más adelante daremos una forma adecuada de cómo utilizar el registro oficial de enfermos al hablar de los parámetros "libres" por lo tanto serán determinados los parámetros individuales del proceso epidémico, no de su propia naturaleza intrínseca, no de sí mismos, sino de su manifestación a través de los datos estadísticos de la enfermedad. Así entonces la naturaleza de los parámetros no importa para el modelo no importa que naturaleza tienen. El método para obtener estos parámetros está unívocamente determinado.

No se utilizarán datos dados por el estudio etiológico del brote epidémico , ni de la estructura inmunológica de la población ni de los distintos factores del tiempo , ni las particularidades sociales de la población .

Sin embargo esto no significa que serán ignorados , sino que aparecen intrínsecamente en los parámetros λ_i , α_i mediante un tratamiento de los datos estadísticos de la enfermedad , de tal manera que lo etiológico y demás particularidades se manifestarán en los parámetros λ_i , y α_i .

Además son tomadas en cuenta sólo aquellas particularidades que influyen en la estadística de la enfermedad .

Lo que ayuda a que funcione el modelo no son tanto los datos que se tengan , sino más bien la gran masa afectada por la epidemia. Aunque se tuvieran muchos datos , pero poca cantidad de infectados el modelo no trabajaría .

EL MODELO PROPUESTO EN LA COMPUTADORA

EL ALGORITMO DEL MODELO GLOBAL

Dado lo relativamente prolongado que suele ser el periodo usual de duración de todo un brote epidémico de influenza en una ciudad , tomar como paso de cálculo del proceso epidémico 1 día resulta ser adecuado ; más aun , si se toma en cuenta que el cálculo diario de enfermos puede compararse con los datos estadísticos médicos en las ciudades .

Pudieramos usar lo que es usual con las ecuaciones de la física-matemática , o sea , disminuir el paso de cálculo , por ejemplo a 0.01 día y para comparar con los datos empíricos tomar el número acumulativo de enfermos por 100 pasos , pero en nuestro caso la disminución del paso de cálculo no sabemos que implique una mayor exactitud , pues no sabemos cómo nos acercamos al caso real . En otras palabras , en este modelo el error máximo respecto del proceso real se forma en el mismo planteamiento de las ecuaciones diferenciales 5.3 , al deducirlas se hace una serie de idealizaciones y aproximaciones , pues el proceso empírico es tan complicado y además también depende de factores aleatorios , de suerte que es casi imposible describirlo completamente .

Por otro lado tomar como paso de cálculo una parte de un día significa contradecir la interpretación , dado que una parte de un día en relación al proceso epidémico es no homogéneo . Un mismo Δt durante el día o durante la noche da efectos distintos .

Considerense pues los cambios en el sistema luego de 1 paso de acuerdo a la estructura de las ecuaciones de S.3 .La transición del " vector de estado de la epidemia " $(X_i(t) , Y_i(r,t))$ del día t al " vector de estado " en el día $t+1$ se realiza en 2 etapas :

En la primera etapa : en cada ciudad se considera aquel cambio en el estado de la epidemia que producen los procesos ocurridos únicamente al interior de dicha ciudad . Para denotar este estado auxiliar de la epidemia le pondremos barras a las magnitudes correspondientes .

En la segunda etapa : en todas las ciudades se estima el cambio del estado que la epidemia produce solo por los procesos que ocurren entre dichas ciudades . discretizando y formulando simbólicamente las 2 etapas mencionadas en el sistema S.3 tenemos :

$$\left[\begin{array}{l}
 1^{\text{a}} \text{ etapa : } \bar{Y}_i(0,t+1) = \frac{\lambda}{P_i} X_i(t) \sum_{r=0}^T Y_i(r,t) g(r) \\
 \\
 \bar{X}_i(1,t+1) = X_i(t) - Y_i(0,t+1) \\
 \\
 \bar{Y}_i(r,t+1) = Y_i(r-1,t) \quad \begin{array}{l} t=1,2,\dots,n \\ r=1,2,\dots,T \end{array}
 \end{array} \right] \quad \text{S.5}$$

Observe que si omitimos el índice i y la barra en X_i y Y_i obtenemos el modelo local , pero discreto :

$$\left[\begin{array}{l} Y(t_0, t+1) = \frac{\lambda}{P} X(t) \sum_{\tau=0}^T Y(\tau, t) g(\tau) \\ X(t+1) = X(t) - Y(t_0, t+1) \\ Y(\tau, t+1) = Y(\tau-1, t) \end{array} \right] \quad (S.5)'$$

Como antes \bar{X}_t, \bar{Y}_t son los valores intermedios obtenidos luego de un paso de cálculo en el sistema

En la 2ª etapa :

$$\left[\begin{array}{l} X_t^M(t+1) = \bar{X}_t(t+1) + \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} X_j^M(t) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} X_i^M(t) \right] \\ Y_t^M(\tau, t+1) = \bar{Y}_t(\tau, t+1) + q \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(\tau, t) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(\tau, t) \right] \\ / \quad \tau = 1, 2, \dots, T \quad / \quad / \quad i = 1, 2, \dots, n \quad / \end{array} \right] \quad S.6$$

Aquí $q = 1$, pero realmente este factor no tiene relación con el modelo y sólo aparece porque a veces en lo sucesivo será útil para fines técnicos.

La obtención de las ecuaciones S.6 es inmediata pues el valor tanto de $X_t(t+1)$ como de $Y_t(\tau, t+1)$ están dados por los valores intermedios $\bar{X}_t(t+1)$ y $\bar{Y}_t(\tau, t+1)$, más la parte debida a los factores externos.

Así, tenemos que sumar respectivamente los términos debidos a los factores externos (migración) sucedidos en el tiempo t (día).

En esta segunda etapa la ecuación sólo tiene sentido para cuando $\tau \geq 0$.

Ahora procederemos a solucionar el sistema resultante S.6 en su segunda etapa ya que recuérdese que en ésta hemos ya considerado la primera. recuérdese además que las funciones incógnita X y Y están integradas respecto de ψ . luego entonces sustituyendo \bar{X} y \bar{Y} de S.5 en S.6 tenemos

$$1) X_i^M(i+1) = X_i^M(i) - \frac{\lambda_i}{P_i} X_i^M(i) \int_{\tau=0}^T Y_i(\tau, i) g(\tau) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} X_j^M(i) - \frac{\sigma_{ji}}{P_i} X_i^M(i)$$

$$2) y_i^M(i+1, \tau) = y_i(\tau-1, i) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(i, \tau) - \frac{\sigma_{ji}}{P_i} Y_i^M(i, \tau)$$

con las condiciones iniciales dadas

$$X_i^M(0) = a_i p_i \quad 0 \leq \tau \leq T$$

$$Y_i^M(0, \tau) = a_i(\tau) \quad i = 1, n$$

de la 2ª condición inicial en $t=0$ y $0 \leq \tau \leq T$

$$Y_i^M(0, \tau) = a(\tau)$$

$$Y_i^M(0, \tau-2) = a(\tau-2)$$

.....

$$Y_i^M(0, 1) = a(1)$$

$$Y_i^M(0, 0) = a(0)$$

para $t=1$ con ayuda de 2)

$$\begin{aligned}
 Y_i^M(c_1, \tau) &= Y_i^M(c_0, \tau-1) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} Y_j^M(c_1, 1) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} Y_i^M(c_1, \tau) \\
 &= a_i(c_1, \tau-1) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} Y_j^M(c_0, \tau) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} Y_i^M(c_0, \tau) \\
 &= a_i(c_1, \tau-1) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} a_j(c_1, \tau) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} a_i(c_1, \tau)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 Y_i^M(c_1, \tau-1) &= Y_i^M(c_0, \tau-2) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} Y_j^M(c_1, \tau) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} Y_i^M(c_1, \tau) \\
 &= a_i(c_1, \tau-2) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} Y_j^M(c_0, \tau-1) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} Y_i^M(c_0, \tau-1) \\
 &= a_i(c_1, \tau-2) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} a_j(c_1, \tau-1) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} a_i(c_1, \tau-1)
 \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
 Y_i^M(c_1, 1) &= Y_i^M(c_0, 0) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} Y_j^M(c_1, \tau) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} Y_i^M(c_1, \tau) \\
 &= a_i(c_0) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} Y_j^M(c_0, 1) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} Y_i^M(c_0, 1) \\
 &= a_i(c_0) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{j1}}{P_j} a_j(c_1) - \frac{\sigma_{1j}}{P_i} a_i(c_1)
 \end{aligned}$$

$t = 2$ con ayuda de 2

$$\begin{aligned}
Y_i^M(c, \tau) &= Y_i^M(c, \tau-1) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(c, \tau) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(c, \tau) \\
&= a_i(\tau-2) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} a_j(\tau-1) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} a_i(\tau-1) \\
&\quad + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(c, \tau) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(c, \tau)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
Y_i^M(c, \tau-1) &= Y_i^M(c, \tau-1) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(c, \tau) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(c, \tau) \\
&= a_i(\tau-2) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} a_j(\tau-2) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} a_i(\tau-2) \\
&\quad + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(c, \tau-1) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(c, \tau-1)
\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
Y_i^M(c, 2) &= Y_i^M(c, 1) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(c, 2) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(c, 2) \\
&= a_i(0) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} a_j(1) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} a_i(1) \\
&\quad + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j^M(c, 2) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i^M(c, 2)
\end{aligned}$$

para X : $X_i^M(0) = \alpha_i P_i$

$$X_i^M(1) = \alpha_i P_i - \lambda_i \alpha_i \int_{\tau=0}^1 Y_i^M(0, \tau) g^M(\tau) + \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} \alpha_j P_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} \alpha_i P_i$$

$$= \alpha_i P_i - \lambda_i \alpha_i \int_{\tau=0}^1 Y_i^M(0, \tau) g^M(\tau) + \sum_{j=1}^n \sigma_{ji} \alpha_j - \sigma_{ij} \alpha_i$$

$$X_i^M(2) = \alpha_i P_i - \lambda_i \alpha_i \int_{\tau=0}^1 Y_i^M(0, \tau) g^M(\tau) + \sum_{j=1}^n \sigma_{ji} \alpha_j - \sigma_{ij} \alpha_i$$

$$- \frac{\lambda_i}{P_i} \left[\alpha_i P_i - \lambda_i \alpha_i \int_{\tau=0}^1 Y_i^M(0, \tau) g^M(\tau) + \sum_{j=1}^n \sigma_{ji} \alpha_j - \sigma_{ij} \alpha_i \right] \int_{\tau=0}^1 Y_i^M(1, \tau) g(\tau)$$

$$+ \sum_{j=1}^n \frac{\sigma_{ji}}{P_j} X_j^M(1) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} X_i^M(1)$$

y así sucesivamente pueden seguirse obteniendo los valores de Y y

X para $t = 1, 2, 3, 4, \dots$ y $0 \leq \tau \leq T$

En relación con la relativa simpleza de los sistemas (S.5) y (S.6) a los que hemos llegado haremos un paréntesis lírico , relacionado con el estilo del presente trabajo para lo cual nos permitimos hacer una analogía con la famosa ley de NEWTON . Esta ley la podemos considerar desde diferentes niveles de abstracción :

u) Podemos considerarla como una ley empírica sin ninguna fundamentación teórica y en esencia se entendería como la ley comprobable de que la fuerza aplicada a un objeto es proporcional a la aceleración que le produce y que correspondería al tratamiento que se le dió por lo menos durante 200 años .

uu) Deducirla en forma sencilla del principio de mínima acción del cálculo de variaciones lo que corresponde a cierto entendimiento e implícita fundamentación , lo cual se hace en la llamada física clásica y más cercano al método deductivo de tipo matemático o bien «u) con ciertas dificultades deducirla de los axiomas de la mecánica cuántica lo que corresponde evidentemente a un enfoque más formal menos intuitivo y empírico , pero con un entendimiento más profundo y con una fundamentación , la dada por la estructura de la mecánica cuántica misma , este enfoque lo estila la física teórica moderna . En nuestro caso el sistema en 2 etapas (S.5) y (S.6) , si consideramos las interpretaciones médico-biológicas las funciones $X_i(t)$, $Y_i(r,t)$, $g(r)$ y de las constantes P_i y σ_{ij} es fácil comprobar , aún bajo burdos redondeos , que tales sistemas pueden deducirse directamente solamente de las interpretaciones de las magnitudes mencionadas .

Todo esto sin necesitar para nada la dinámica de la epidemia , es más práctico sin tomar en cuenta la tradicional teoría matemática de las epidemias , esto es , sin siquiera considerar las ecuaciones diferenciales .

Puede uno preguntarse si no es más sencillo el procedimiento insinuado sobre todo porque de cualquier forma hay que regresar a las fórmulas de (S.5) y (S.6) para comprobar los datos empíricos , Pero podemos ir incluso más lejos y proponer no fundamentar las fórmulas (S.5) y (S.6) , sino limitarse a sólo comprobarlas empíricamente .

Desde el punto de vista pragmático esto es más que suficiente , pero el problema es más bien el de la relación entre la fundamentación teórica o empírica de cualquier rama del conocimiento y eso depende de los fines que se tengan propuestos .

En este trabajo el intento consiste en lograr su implementación práctica , pero también su relevancia teórica .

Resulta que la fundamentación teórica es más profunda si lógicamente se deduce de un volumen mayor de conocimientos científicos .

Así , si las fórmulas de (S.5) y (S.6) son deducidas sólo de interpretaciones dadas a las magnitudes que intervienen , entonces resulta que su fundamentación teórica es muy primitiva pues corresponderá a una representación epidemiológica muy elemental .

En particular del mismo modelo no podrán verse las hipótesis básicas de tipo epidémico biológicas que le estamos asignando , por ejemplo el tratamiento del proceso epidémico como un edificio de 2 pisos .

Donde en el piso superior ocurren los procesos epidémicos y en el inferior ocurren los procesos infecciosos y los métodos de la dinámica de la epidemia (mecánica de medios continuos) interrelacionan ambos pisos. En otras palabras ocurre un proceso continuo en el conjunto de procesos continuos.

El sistema discreto (S.5) y (S.6) admite la determinación de alguno de los parámetros que no requieren de ningún procedimiento especial. Digamos que si $n = 100$, las $P_i =$ "se obtienen de los censos de población", la $g(\tau)$ discreta puede determinarse promediando los valores dados en distintas fuentes, dado que $g(\tau)$ no tiene relación con el registro de enfermos, puesto que no intervino en la reinterpretación del modelo.

Pueden tomarse por ejemplo los siguientes valores promedio de $g(\tau)$:

$$(8) \quad g(1) = 0.9, \quad g(2) = 0.55, \quad g(3) = 0.3, \quad g(4) = 0.15,$$

$$g(5) = 0.05, \quad g(6) = 0 \quad (\text{por tanto } T = 5)$$

(por lo tanto el ajuste en τ consiste en agregarle 2)

Para $q(\tau)$ pueden tomarse los siguientes valores:

$$(9) \quad q(0) = 0.9, \quad q(1) = 0.8, \quad q(2) = 0.6, \quad q(3) = 0.4, \quad q(4) = 0.3,$$

$$q(5) = 0.2, \quad q(6) = 0.1, \quad q(7) = 0. \quad \text{Esta variación no influye}$$

sustancialmente en el resultado.

Por otro lado de un grupo de personas simultáneamente infectadas: el 1^{er} día (el día de la infección) nadie infecta a otros. El 2^o día todos son infecciosos. El 3^{er} día

el 90 % del número original de infectados son infecciosos (10 % sana) . El 4^o día el 55 % del número original de infectados son infecciosos (35 % sana) . y si seguimos

El " 5 ^o " día	el 30 %	son infecciosos ,	(25 % sana)
" 6 ^o "	el 15 %	✓	(15 % sana)
" 7 ^o "	el 5 %	✓	(10 % sana)
" 8 ^o " día	"	✓	(5 % sana)

Las condiciones iniciales Y_i pueden determinarse de que se cumpla $Y_i(\tau, 0) = Y_i(0, -\tau)$, y como para el caso discreto

$Y_i(0, 1) =$ " la cantidad diaria de enfermos " , entonces para determinar las condiciones iniciales Y_i se necesitan los datos de la cantidad de enfermos diaria en el día inicial y en los 5 días anteriores .

Antes de pasar al análisis de los parámetros σ_{ij} , hagamos un comentario final sobre la introducción de los primeros enfermos a una ciudad , en particular sobre el porque las fórmulas del algoritmo propuesto no redondean a cero las fracciones propias que corresponden a un enfermo .

No queda claro porqué no se transforma en cero la suma en la primera fórmula de S.5 cuando tal suma es menor que 1 , pues esto presumiblemente podría generar antes de tiempo el brote epidémico.

Para la 2ª fórmula de (S.B) la causa por la cual no se redondean a cero las fracciones propias correspondientes a un enfermo, consiste en la necesidad de trasladar " fracciones de enfermo(s) " en la red de transporte . Hay que darles posibilidad de sumarse en las ciudades receptoras por las vías de acceso y en el tiempo y transformarse reciprocamente en enfermos enteros ; si las " fracciones de enfermo " se anulan , entonces en los casos cuando las " fracciones propias de enfermo " se obtienen sólo debido a la distribución en cada ciudad receptora de personas enteras por días y en la red de comunicaciones en el periodo de introducción de la infección , se anularán muchas unidades incluso decenas de enfermos reales . Debido a esto , el brote epidémico se atrasa e incluso no ocurre .

En otros términos considerar y acumular las fracciones de enfermo está condicionado por la descripción determinista de la red de transporte , para que los primeros e importantes enfermos que aparecen en una ciudad no desaparezcan del modelo .

En la realidad los enfermos circulan entre las ciudades en números enteros pero al azar . Por ejemplo , si en la realidad , de la ciudad : a la j una vez cada tercer día se transporta un enfermo , entonces en la forma dada por las fórmulas de (S.B) a lo anterior corresponderá el traslado diario de la ciudad : a la j de " $\frac{1}{3}$ de enfermo " , lo que aproximadamente corresponde al caso real , puesto que en tres 3 días se acumula precisamente un enfermo . En cambio si redondeáramos a cero el $\frac{1}{3}$ entonces no habría introducción de enfermos a la ciudad j .

Introduzcamos dos esquemas de cálculo el I Y el II .

El esquema I ocurre cuando el proceso epidémico empieza con fracciones propias del enfermo y de acuerdo a las fórmulas de (S.5) mientras que el esquema II ocurre cuando el proceso epidémico empieza con un enfermo .

Observemos que bajo la interpretación epidemiológica de las fórmulas de (S.5) el esquema más correcto resulta ser el II y no el I , sin embargo para los tamaños de población no inmune que pretendemos modelar la forma de la onda epidemiológica es la misma cualquiera que sea el esquema de cálculo que escojamos , por lo tanto al escoger uno de estos esquemas de cálculo hay que considerar las repercusiones , no de las fórmulas de (S.5) , sino de las de (S.6) , a saber : una posible traslación de la onda epidemiológica en el tiempo .

Esto es , qué es mejor , considerar en la primera fórmula de (S.5) la fracción introducida de enfermo inmediatamente o esperar hasta que se acumule una magnitud de enfermo mayor que 1 .

Resulta finalmente que el esquema I , en contra de la primera impresión , es mejor que el II , lo que de alguna manera ya está contemplado en el algoritmo .

Para ilustrar lo dicho consideremos el siguiente ejemplo idealizado . dadas 101 ciudades de igual tamaño e igual comunicadas por pares , en 100 ciudades al principio no hay gripa en la 1^a ciudad restante ocurre un proceso epidémico estacionario de tal magnitud que en forma aditiva es igual a un enfermo , o sea que de esta ciudad se refleja a las 100 restantes 0.01 de enfermo al día .

Se pregunta en qué orden sucesivo aparecerá el brote epidémico en las 100 ciudades . Consideremos las 3 siguientes sucesiones :

- i) El resultado obtenido con el esquema de cálculo I ,
 ii) " " " II ,
 iii) La real .

Consideremos , para fijar ideas , que el momento de inicio del brote epidémico en una ciudad es aquel día en que el número acumulativo de fracciones de enfermo alcanza el valor de 1 .

Haciendo los cálculos con el esquema I en cada ciudad desde el primer día de conteo , además de la introducción de la infección , empieza el proceso epidémico y el momento en que comienza el brote epidémico es el mismo para todas las ciudades .

Experimentos con α y λ del tipo para el caso real muestran que el momento de inicio del brote epidémico oscila entre el 30^o y el 50^o día .

Si los cálculos se hacen con el esquema II , entonces el día único en que comienza el brote epidémico en todas las ciudades es el 100^o día .

La sucesión real de los grupos de ciudades que tienen al día t como el comienzo del brote epidémico está dada por una variable aleatoria condicionada por el traslado de números enteros de enfermos y considerando los procesos epidémicos que surgen en otras ciudades (excepto la primera) . Si se calcula su promedio bajo ciertas restricciones , resulta mucho más cercano al resultado del conteo con el esquema I que con el II .

Cierta idea al respecto puede obtenerse si se considera como real la siguiente sucesión el 1^{er} enfermo se introduce en la 1^a ciudad , el 2^o enfermo en la 2^a ciudad , etc . y considerar que el tiempo en el que se eleva la enfermedad hasta su peso máximo ocurre usualmente a las 2 semanas .

Ahora si pasemos al análisis de los parámetros σ_{ij} .

MODELO DE LA RED DE TRANSPORTE DE PASAJEROS

La difusión de las grandes epidemias de gripa están siempre condicionadas al traslado de personas entre las ciudades y zonas de todo un país ; observe que a partir de ahora estamos incluyendo zonas .

En nuestro caso sería deseable construir la matriz $n \times n$ de valores reales del flujo diario de pasajeros , entre las ciudades y zonas posibles denotadas por los índices i y j :

$$\left[\sigma_{ij} \right] = \begin{bmatrix} \sigma_{11} & \sigma_{12} & \sigma_{13} & \dots & \sigma_{1n} \\ \sigma_{21} & \sigma_{22} & \sigma_{23} & \dots & \sigma_{2n} \\ \dots & \dots & \dots & \dots & \dots \\ \sigma_{n1} & \sigma_{n2} & \sigma_{n3} & \dots & \sigma_{nn} \end{bmatrix}$$

La mayoría de las $\sigma_{ij} \neq 0$ están formadas de 4 componentes :

$$\sigma_{ij}^1 = \text{" ferrocarril "}$$

$$\sigma_{ij}^2 = \text{" avión "}$$

$$\sigma_{ij}^3 = \text{" autobús "}$$

$$\sigma_{ij}^4 = \text{" automóvil "}$$

$$\sigma_{ij} = \sigma_{ij}^1 + \sigma_{ij}^2 + \sigma_{ij}^3 + \sigma_{ij}^4$$

Algunos elementos resultan ser cero ya que magnitudes pequeñas de los valores reales del flujo pueden ser despreciables, puesto que es más significativo el flujo interno local, por ello esta matriz tiene diagonal distinta de cero y puede ser, pero no es necesariamente, simétrica.

Solo se justificaria la simetría de la matriz (σ_{ij}) si sus elementos son tomados en promedio; habria que hallar las estadísticas de la Secretaria de Comunicaciones y Transportes ^M

M

las de aviación civil y las de transporte carretero para poder construir adecuadamente la matriz (σ_{ij}) donde presumiblemente muchos de los valores de σ evidentemente serian cero pero tomariamos por definicion $\sigma_{ij} = \sigma_{ji}$ si $i \neq j$ y como una primera aproximacion $\sigma_{ij} = \sigma_{ji}$ por tanto la matriz (σ_{ij}) la tomariamos como simetrica. el primer intento de hallar tal informacion no fue un exito.

CALCULO DEL FLUJO EN ZONAS O REGIONES :

Además de las ciudades tendrá sentido hablar de zonas económicas como digamos el Bajío , etc.

Dividamos pues hipotéticamente nuestro país en " zonas económicas " , de alguna forma .

Y supóngase que en cada zona económica la distribución de la población es uniforme .

En tales zonas geográficas existen ciudades para las cuales el modelo funciona , a saber , ciudades cuya población excede a los 100.000 habitantes . En esto habría un cierto problema que depende cómo estén dados los datos estadísticos .

El flujo diario de pasajeros en ferrocarril entre 2 zonas económicas cualesquiera del país , tales que cumplan con la anterior condición puede describirse entonces como :

$$\sigma_{ij}^f = k P_i P_j$$

k es una constante de proporcionalidad única para cada región del país y es calculada de antemano $0 \leq k \leq 1$ /

Asimismo el flujo diario de pasajeros en avión entre 2 ciudades cualesquiera del país tales que la distribución de la población en tales zonas geográficas resulta ser homogénea es :

$$\sigma_{ij}^a = l P_i P_j$$

donde l cumple las mismas condiciones condiciones que k .

Es claro que en este caso el calculo sería más rápido ya que en el país existen ciudades con las características mencionadas que no cuentan con servicio de transportación aérea .

Similarmente sean M y N constantes de proporcionalidad que en zonas como las consideradas en los casos anteriores son tales que :

$$\sigma_{ij}^3 = M P_{ij} P_j$$

$$\sigma_{ij}^4 = N P_{ij} P_j$$

con M y N únicas para cada zona o región del país y

$$0 \leq M, N \leq 1$$

Por lo que cada elemento de nuestra matriz de flujo estará dado como sigue :

$$\sigma_{ij} = (k + 1 + M + N) P_{ij} P_j \quad ; \quad i, j \in \{1, 2, \dots, l\}$$

$$\text{y } \sigma_{ij} \neq \sigma_{ji} \quad \text{para } i \neq j \quad ; \quad i, j \in \{1, 2, \dots, l\}$$

La descripción de la enfermedad en una gran ciudad puede hacerse en términos de una estricta mezcla homogénea .

Pero el tratamiento de contactos entre las ciudades sobre la base de la migración (utilizando el registro del sistema de transporte) le da realismo .

Analizaremos el contacto entre grupos en términos de migración más que en forma de mezcla aleatoria .

MODELOS CON MIGRACION

La manera más simple :

Difusión de la enfermedad en un grupo ; con un modelo determinístico

Contactos entre los grupos ; con manipulación entre ellos con base en la migración .

Es necesario precisar cuestiones ; categorías de individuos todo aquel sujeto enfermo será aislado y no participará en la migración .

Tomemos el i -ésimo grupo , sean

$X_i(t)$ = " número de individuos susceptibles al tiempo t del grupo i "

$Y_i(t)$ = " número de individuos infecciosos circulando al tiempo t en el i -ésimo grupo "

$\mu_i(t)$ = " número de individuos infecciosos aislados al tiempo t del grupo i -ésimo "

$z_i(t)$ = " número de individuos recuperados (inmunes) al tiempo t en el grupo i "

$n_i(t)$ = " el tamaño del i -ésimo grupo al tiempo t "

G es el total de grupos

Tenemos ahora el sistema de ecuaciones siguiente :

$$X_i(t) + Y_i(t) + \mu_i(t) + z_i(t) = n_i(t) \quad (1)$$

$$i = 1, 2, 3, \dots, G$$

Supóngase una tasa de infección α , aplicable para todos los grupos. Supóngase además una tasa γ de recuperación aplicable también para todos los grupos. Ahora el número de nuevas infecciones en un intervalo de longitud Δt , en el i -ésimo grupo es:

$$\alpha X_i(t) Y_i(t) \Delta t$$

El número de "recuperamientos" en un intervalo de longitud Δt , en el i -ésimo grupo (son nuevos casos) es:

$$\gamma Y_i(t) \Delta t$$

También se presenta un recuperamiento en los individuos enfermos y aislados; supondremos una tasa de recuperación ω ; esto es; el número de recuperados de los aislados en un intervalo de longitud Δt , en el i -ésimo grupo es

$$\omega \mu_i(t) \Delta t$$

estos pasan a formar parte de los recuperados (inmunes)

sea μ_{ij} tasa de migración del i -ésimo grupo al j -ésimo (aplicable a todos los individuos a excepción de aquellos enfermos aislados)

Tenemos entonces

$$\frac{d X_i(t)}{dt} = -\alpha X_i(t) Y_i(t) + \sum_{j \neq i} \mu_{ij} X_j - \sum_{j \neq i} \mu_{ij} X_i$$

$$\frac{d Y_i(t)}{dt} = \alpha X_i(t) Y_i(t) + \sum_{j \neq i} \mu_{ij} Y_j(t) - \sum_{j \neq i} \mu_{ij} Y_i(t) - \gamma Y_i(t)$$

$$\frac{d \mu_i(t)}{dt} = \gamma Y_i(t) - \omega \mu_i(t) \quad \left. \vphantom{\frac{d \mu_i(t)}{dt}} \right\} (2)$$

$$\frac{d Z_i(t)}{dt} = \omega \mu_i(t) + \sum_{j \neq i} \mu_{ji} Z_j(t) - \sum_{j \neq i} \mu_{ij} Z_i(t)$$

$i = 1, 2, \dots, n$

Supondremos que

$$\sum_{i \in I} n_i = N \text{ (constante)}$$

En el sistema de ecuaciones S.2, existen 2 tipos de parámetros.

Parámetros intrínsecamente epidemiológicos: α, γ, ω

Parámetros de migración: $\mu_{ij}, i, j \in I, i \neq j$

Problemas en la estimación de parámetros

1) ω esta tasa de recuperación puede más o menos determinarse a partir de la población enferma (aislada)

2) μ_{ij} se puede estimar, a partir de la observación de la red de transporte

es, y es más difícil, puesto que sólo observamos recuperaciones y no infecciones.

Existen métodos de aproximación a priori: supóngase que se puede medir la tasa de migración entre todos los pares de grupos.

Sea σ_{ij} la tasa de transferencia del grupo i al j , tenemos:

1) σ_{ij} tasa de todo el grupo

2) μ_{ij} tasa por individuo

Ya que los enfermos aislados no participan en la migración se tiene que:

$$\sigma_{ij} = \mu_{ij} (n_i - \mu_i)$$

de donde

$$\mu_{ij} = \frac{\sigma_{ij}}{n_i - \mu_i}$$

sea S_{ij} la tasa observada en un intervalo de tiempo pequeño así podemos estimar μ_{ij} .

$$\hat{\mu}_{ij} = \frac{S_{ij}}{n_i - \mu_i}$$

este estudio de $\hat{\mu}_{ij}$ nos indica si μ_{ij} varía con el tiempo o no (pueden aparecer muchos problemas estadísticos)

Examinemos la suposición de mezcla homogénea existen restricciones para enfermedades infecciosas como (malaria , tuberculosis y enfermedades venéreas)

Ejemplo

Sea la ciudad A de tamaño poblacional N y la ciudad B de tamaño poblacional kN considérese el número de contactos de cada individuo infeccioso en cada una de las ciudades .

Podría suponerse que la tasa en que el infeccioso contacta a otros individuos de la población B, es k veces mayor que la de la ciudad A. Pero en muchos casos es más razonable suponer una tasa α constante de hacer contacto para cada individuo independientemente del tamaño de la población total .

Supóngase que esta primera suposición es aceptada y analicémosla tenemos por tanto

$$\alpha \longrightarrow \frac{\alpha}{n_i} \quad \text{para la ciudad } i$$

Depende del tamaño de la población y no es igual por tanto para todo individuo .

Esta es evidentemente una forma restringida de población homogéneamente mezclada , se tiene entonces .

$$\frac{d X_i(t)}{dt} = -\frac{\alpha}{n_i} X_i(t) Y_i(t) + \sum_{j=1}^g \frac{\sigma_{ij}}{n_j - \mu_j} X_j(t) - \sum_{j=1}^g \frac{\sigma_{ij}}{n_i - \mu_i} X_i(t)$$

$$\frac{d X_i(t)}{dt} = -\frac{\alpha}{n_i} X_i(t) Y_i(t) + \sum_{j=1}^g \frac{\sigma_{ij}}{n_j - \mu_j} Y_j(t) - \sum_{j=1}^g \frac{\sigma_{ij}}{n_i - \mu_i} Y_i(t) - \gamma Y_i(t)$$

$$\frac{d \mu_i(t)}{dt} = \gamma Y_i(t) - \omega \mu_i(t)$$

$$\frac{d Z_i(t)}{dt} = \omega \mu_i(t) + \sum_{j=1}^g \frac{\sigma_{ij}}{n_j - \mu_j} Z_j(t) - \sum_{j=1}^g \frac{\sigma_{ij}}{n_i - \mu_i} Z_i(t)$$

este modelo es útil para el caso en que la infección es inicialmente introducida en un pequeño grupo, difundiéndose subsecuentemente a otros grupos.

RESULTADOS

Los resultados más sobresalientes de este trabajo son :

a) La obtención y formulación de un sistema S.1 de 3 ecuaciones integro-diferenciales-parciales con 2 incógnitas S y Y que describe en forma aproximada la dinámica del agente infeccioso sobre las 2 clases de individuos en que se divide a la población (susceptibles e infecciosos) en una ciudad con alta densidad poblacional y una vida de gran comunicación masiva .

$$\left. \begin{aligned}
 \frac{\partial Y(t, \tau, \psi)}{\partial t} + \frac{\partial Y(t, \tau, \psi)}{\partial \tau} &= 0 \\
 \frac{\partial S(t, \psi)}{\partial t} &= -\alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi \\
 Y(t, 0, \psi) &= \alpha S(t, \psi) \int_0^T \int_0^{\psi(\tau)} Y(t, \tau, \psi) d\psi
 \end{aligned} \right\} \text{S.1}$$

2) Un algoritmo de resolución del sistema S.1 discretizando el proceso epidémico de la influenza (modelo local) de tal forma que si se conocen g (distribución inicial de los susceptibles $t=0$) y $W(\tau)$ (frontera entre H_1 y H_2) podemos obtener S^M y Y^M mediante el sistema S.1.2 y las condiciones iniciales $a(\tau)$ y S_0^M así conocidos $a(\tau)$ y S_0^M tendremos de la condición inicial :

$$Y^M(t, \tau) = a(\tau) \quad 0 \leq \tau \leq T$$

que podemos conocer en $t=0$ y para $0 \leq \tau \leq T$: $Y^M(t, \tau)$

3) una formulación de la probabilidad de transición que entrelaza las ciudades en un sistema único para las 2 clases de individuos de la población considerada .

$$\sigma_{x_i} x_j \Delta t = q_{ij} \frac{\sigma_{ij}}{P_i} \Delta t \text{ susceptibles}$$

$$i, j \in \{1, n\}$$

$$\sigma_{y_i} y_j \Delta t = q_{ij} \frac{\sigma_{ij}}{P_i} \Delta t \text{ infecciosos}$$

4) la formulación de los efectos debidos a la migración de la población

$$q_i \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} x_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} x_i \right] \text{ susceptibles}$$

$$i, j \in \{1, n\}$$

$$q_i \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} y_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} y_i \right] \text{ infecciosos}$$

es un sistema de 3n ecuaciones integro-diferenciales-parciales con 2n incógnitas, que describe los efectos del germen patógeno sobre los individuos que componen la población del país.

$$\frac{\partial X_i(\psi, t)}{\partial t} = -\frac{\lambda_i}{P_i} X_i(\psi, t) \int_{\tau_1}^{\tau_2} d\tau \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y_i(\tau, \psi, t) d\psi$$

$$+ q_i \sum_{j \in \{1, n\}} \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i \right]$$

$$\frac{\partial Y_i(\tau, \psi, t)}{\partial \tau} + \frac{\partial Y_i(\tau, \psi, t)}{\partial t} = q_i \sum_{j \in \{1, n\}} \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i \right] \quad \text{S.2}$$

$$Y_i(0, \psi, t) = \frac{\lambda_i}{P_i} X_i(\psi, t) \int_{\tau_1}^{\tau_2} d\tau \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y_i(\tau, \psi, t) d\psi$$

$$i \in \{1, n\} \quad j \in \{1, n\}$$

$$0 \leq \tau_1, \tau_2 \leq T$$

$$0 \leq \psi_1, \psi_2 \leq \psi_{\max}$$

a) Un algoritmo de integración del sistema S.2 que discretiza el proceso epidémico de la influenza en el país y que bien pudiera automatizarse si existieran datos estadísticos de brotes epidémicos anteriores y estadísticas de la intensidad de tránsito entre las ciudades elegidas para el modelo. Estos 2 tipos de estadísticas nos permitirían conocer los parámetros tanto epidemiológicos como de migración.

$$1^{\text{a}} \text{ etapa } \bar{Y}_i(t, t+2) = \frac{\lambda_i}{P_i} X_i(t) \sum_{\tau=t_0}^T Y_i(\tau, t) g(\tau)$$

$$\bar{X}_i(t+2) = X_i(t) - Y_i(t, t+2)$$

$$\bar{Y}_i(\tau, t+2) = Y_i(\tau-1, t)$$

$$\tau = 1, 2, 3, \dots, T$$

$$i = 1, 2, 3, \dots, n$$

$$2^{\text{a}} \text{ etapa } X_i(t+2) = \bar{X}_i(t+2) + \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} X_j(t) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} X_i(t) \right]$$

$$Y_i(\tau, t+2) = \bar{Y}_i(\tau, t+2) + \sum_{j=1}^n \left[\frac{\sigma_{ji}}{P_j} Y_j(\tau, t) - \frac{\sigma_{ij}}{P_i} Y_i(\tau, t) \right]$$

$$\tau = 0, 1, \dots, T$$

$$i = 1, 2, \dots, n$$

7) Un nuevo sistema que modela el caso de una sola ciudad (modelo local) y que de hecho da pauta a la integración del sistema S.1 a través de un algoritmo más sencillo.

$$\begin{aligned}
 Y(c_0, t+1) &= \frac{\lambda}{P} X(c_1) \sum_{r \in C} Y(r, t) g(c_1) \\
 X(c_1, t) &= X(c_1) - Y(c_0, t+1) \\
 Y(r, t+1) &= Y(r-1, t)
 \end{aligned}
 \quad \left. \vphantom{\begin{aligned} Y(c_0, t+1) \\ X(c_1, t) \\ Y(r, t+1) \end{aligned}} \right\} \text{S.7}$$

e) La formulación para el cálculo de la intensidad de tránsito σ_{ij} de una ciudad i del país a una ciudad j también del país. En donde P_i y P_j las poblaciones de la ciudad i y la ciudad j respectivamente, exceden a los 100,000 habitantes.

$$\sigma_{ij} = (K + L + M + N) \quad i, j \in \{1, n\}$$

K, L, M, N son únicas para cada región del país cuya distribución de la población resulta ser uniforme.

$$0 \leq K, L, M, N \leq 1$$

$$\sigma_{ij} = \sigma_{ji} \quad \text{para } i \neq j \quad i, j \in \{1, n\}$$

e) Un modelo con migración que incorpora otras 2 clases de individuos infecciosos aislados $\mu_i(t)$ recuperados o removidos $Z_i(t)$ aparte de susceptibles $X_i(t)$ e infecciosos $Y_i(t)$ aquí todas las clases de individuos de la población solo dependen del tiempo asimismo incorpora una tasa de infección α para todos los grupos, una tasa γ de recuperamiento aplicable a todos los grupos una tasa de recuperación ω en los individuos enfermos aislados y una tasa $\mu_{i,j}$ de migración del i -ésimo grupo al j -ésimo aplicable a todos los individuos excepto a aquellos enfermos aislados $\sigma_{i,j}$ es la tasa de migración de todo el grupo.

$$\frac{d X_i(t)}{dt} = -\frac{\alpha}{n_i} X_i(t) Y_i(t) + \sum_{j \neq i} \frac{\sigma_{i,j}}{n_j - \mu_j} X_j(t) - \sum_{j \neq i} \frac{\sigma_{i,j}}{n_i - \mu_i} X_i(t)$$

$$\frac{d Y_i(t)}{dt} = \frac{\alpha}{n_i} X_i(t) Y_i(t) + \sum_{j \neq i} \frac{\sigma_{i,j}}{n_j - \mu_j} Y_j(t) - \sum_{j \neq i} \frac{\sigma_{i,j}}{n_i - \mu_i} Y_i(t) - \gamma Y_i(t)$$

$$\frac{d \mu_i(t)}{dt} = \gamma Y_i(t) - \omega \mu_i(t)$$

$$\frac{d Z_i(t)}{dt} = \omega \mu_i(t) + \sum_{j \neq i} \frac{\sigma_{i,j}}{n_j - \mu_j} Z_j(t) - \sum_{j \neq i} \frac{\sigma_{i,j}}{n_i - \mu_i} Z_i(t)$$

$$\text{ya que } \mu_{i,j} = \frac{\sigma_{i,j}}{n_i - \mu_i}$$

$$i, j \in \{1, \dots, \sigma\}$$

ESTA TESIS NO DEBE
SALIR DE LA BIBLIOTECA

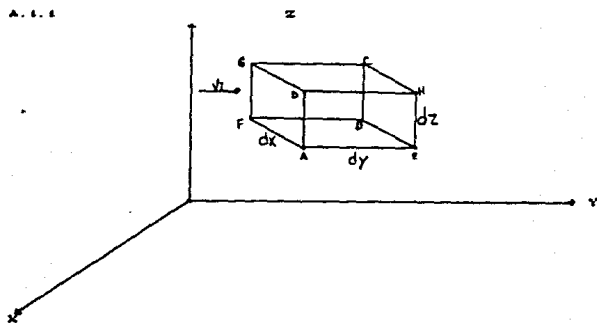
APENDICE I

La divergencia de un vector :

consideremos el movimiento de un fluido de densidad $\rho(x,y,z)$ supongamos que el campo de velocidad esta dado por f

$f = u(x,y,z)\mathbf{i} + v(x,y,z)\mathbf{j} + w(x,y,z)\mathbf{k}$ pensemos ahora en el flujo a través de un paralelepipedo ABCDEFGH , de dimensiones dx , dy , dz

fig A.1.1



Calculemos la cantidad de fluido que pasa a través de la cara ABCD por unidad de tiempo las componentes X y Z de la velocidad f no contribuyen en forma alguna al flujo a través de ABCD . La masa del fluido que entra por ABCD por unidad de tiempo esta dada por $\rho v dx dz$. La masa del fluido que abandona la cara EFGH por unidad de tiempo

$$\left[\rho v + \frac{\partial(\rho v)}{\partial y} dy \right] dx dz$$

La pérdida de masa por unidad de tiempo se ve que es entonces igual a :

$$\frac{\partial(\rho v)}{\partial y} dx dy dz$$

si tomamos también en cuenta las otras 2 caras , encontraremos que la pérdida total de masa por unidad de tiempo es

$$\left[\frac{\partial(\rho u)}{\partial x} + \frac{\partial(\rho v)}{\partial y} + \frac{\partial(\rho w)}{\partial z} \right] dx dy dz \quad \text{de tal manera que}$$

$\frac{\partial(\rho u)}{\partial x} + \frac{\partial(\rho v)}{\partial y} + \frac{\partial(\rho w)}{\partial z}$ representa la pérdida de masa por unidad de tiempo por unidad de volumen

Esta cantidad es llamada la divergencia del vector ρf vemos de inmediato que

$$\Delta \cdot (\rho f) = \text{div} (\rho f) = \frac{\partial(\rho u)}{\partial x} + \frac{\partial(\rho v)}{\partial y} + \frac{\partial(\rho w)}{\partial z} = \frac{1}{V} \frac{dM}{dt}$$

puesto que i, j, k son vectores constantes . M y V son la masa y el volumen del fluido .

$$\text{div} (\rho f) = \Delta \cdot (\rho f) = \rho \Delta \cdot f + f \Delta \cdot \rho .$$

El teorema de la divergencia (de GAUSS-OSTOGRADSKY)

consideremos una región V sobre la cual f y $\text{div}(f)$ son continuas supondremos que V esta acotada por un número finito de superficies tales que en cada superficie existe una normal continua bien definida . También supondremos que f puede integrarse sobre la superficie total que limita a V , ahora no importando cual sea la significación física de f , si es que tiene alguna , siempre podemos imaginar a f como el producto de la densidad y la velocidad de algún fluido . Hemos visto previamente que la pérdida neta de fluido por unidad de tiempo por unidad de volumen esta dada por $\text{div}(f)$ consecuentemente la pérdida total por unidad de tiempo está dada por :

$$\int \int \int_V \text{div}(f) dt \dots \dots (a)$$

Ahora , como f y $\text{div}(f)$ son continuas , no puede haber ningún punto en la región V en la que el fluido este siendo fabricado o destruido ; esto es no aparecen ni fuentes ni sumideros .

Consecuentemente , la pérdida total del fluido debe ser la consecuencia del flujo del fluido a través de la frontera S de la región V . Podemos colocar un gran número de observadores sobre la frontera S , y dejar que cada observador mida el flujo hacia afuera y luego sumar los datos registrados por cada observador . En un punto sobre la superficie con vector normal de area $d\lambda$, la componente de la velocidad perpendicular a la superficie es $V.N$ en donde N es el vector unitario normal hacia afuera

Es inmediatamente evidente que $\rho v \cdot d\lambda = f \cdot d\lambda$ representa el flujo hacia afuera de masa por unidad de tiempo. De aquí que la pérdida total de masa por unidad de tiempo esta dada por :

$$\int_S f \cdot d\lambda \dots \dots \dots (b)$$

igualando (a) y (b) tenemos el teorema de la divergencia

$$\int_S f \cdot d\lambda = \int_V \text{div}(f) \, dr \dots \dots \dots (c)$$

Esto es ; la integral de la divergencia de un campo vectorial F , extendida por cierto volumen, es igual al flujo del vector a través de la superficie que limita a este volumen.

Ahora tenemos un flujo de partículas en la región $F \subset \mathbb{R}^n$ simplemente conexa y para tal fluido tenemos su función de densidad X y campo de velocidades f .

Considerese una superficie S que limita a F la cual se encuentra completamente dentro del fluido.

La masa total del fluido dentro de S esta dada por :

$$M = \int_V X \, dr$$

diferenciando con respecto al tiempo tenemos :

$$\frac{dM}{dt} = \int_V \frac{\partial X}{\partial t} \, dr \dots \dots \dots (2)$$

Ahora existen solo 3 formas en que se puede cambiar la masa del fluido dentro de S :

a) puede estar entrando o saliendo fluido de la superficie, la contribución debida a este efecto es

$$\iint_S Xf \cdot d\lambda$$

a) puede estarse creando materia (fuente)

a) puede estarse destruyendo materia (sumidero)

sea $\psi(x,y,z,t)$ la cantidad de materia creada o destruida por unidad de volumen para una fuente $\psi > 0$, y para un sumidero, $\psi < 0$ la ganancia total de fluido es por lo tanto

$$\iiint_V \psi \, d\tau - \iint_S Xf \cdot d\lambda \dots \dots \dots (c_2)$$

igualando a) y b)

$$\iiint_V \frac{\partial X}{\partial t} \, d\tau = \iiint_V \psi \, d\tau - \iint_S Xf \cdot d\lambda$$

$$\iiint_V \frac{\partial X}{\partial t} \, d\tau + \iint_S Xf \cdot d\lambda = \iiint_V \psi \, d\tau$$

aplicando el teorema de divergencia

$$\iiint_V \frac{\partial X}{\partial t} \, d\tau + \iiint_V \operatorname{div}(Xf) \, d\tau = \iiint_V \psi \, d\tau$$

por lo que

$$\frac{\partial X}{\partial t} + \operatorname{div}(Xf) = \psi(x,y,z,t) \dots \dots \dots 4)$$

Ahora ya que en nuestro proceso la población es constante es decir no creamos ni destruimos individuos durante el proceso esto es equivalente a la ausencia de fuentes y sumideros es decir $\psi(x,y,z,t) = 0$ por lo que 4) se reduce a :

$$\frac{\partial X}{\partial t} + \operatorname{div}(Xf) = 0 \dots \dots \dots 5)$$

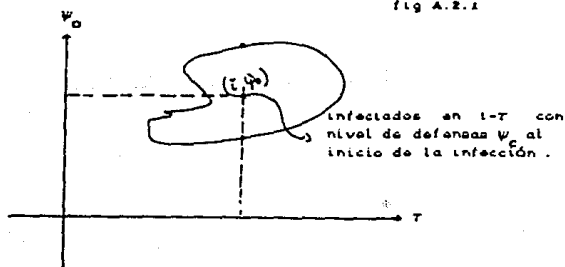
que es la ecuación de continuidad en ausencia de fuentes y sumideros para un fluido con función de densidad X y campo de velocidades f en una región $F \subset \mathbb{R}^n$ con lo cual vemos que nuestro fluido cumple con la ecuación de continuidad bajo la hipótesis de que tanto $\operatorname{div} f$ como f son continuamente diferenciables .

APENDICE II

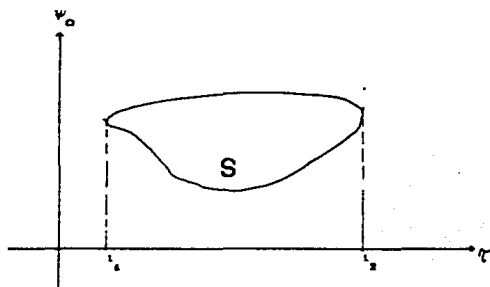
Para utilizar la hipótesis planteada tendremos que definir una función que nos determine el número de infectados .

Primero que todo , esta es una función del tiempo .Sin embargo escogeremos una definición en la que aparezcan datos que tengan que ver con la situación en que se encontraba el infectado (nivel de defensas) en el momento de la infección , al igual que el momento en que fué infectado (en otras palabras : cuanto tiempo lleva infectado) entonces el número de individuos que al momento t se encuentran infectados y cuya infección se inicien en el momento $t-\tau$ encontrándose con un nivel de defensas ψ_0 , estará determinada por
$$Y = Y(\tau, \psi_0, t)$$

considerense a todos los individuos infectados actualmente es decir al momento t , la información que se tiene de ellos es en que momento fueron infectados , y cual era su nivel de defensas inicial . Es decir , fijo t , los tenemos distribuidos en la región S del plano (τ, ψ_0) .

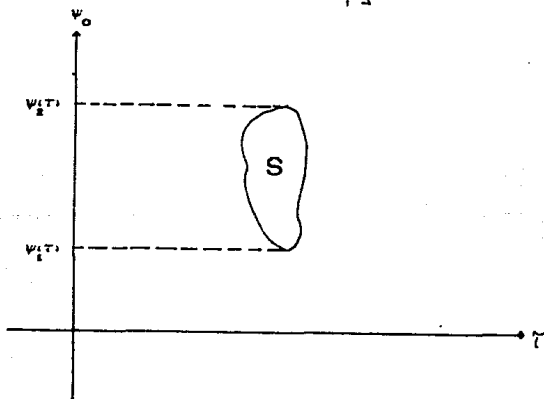


tomemos τ_1 y τ_2 los extremos, las fronteras derecha e izquierda respectivamente de la región S .



y a $\psi_1(\tau)$ y $\psi_2(\tau)$ como la cota inferior y superior al momento τ de la región S

Fig 4.9.3



tenemos entonces que el número total de infectados en el momento t está dado por :

$$\int_{t_1}^{t_2} d\tau \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y(\tau, \psi_0, \tau) d\psi_0$$

por tanto aplicando la hipótesis y resumiendo tenemos :

$$\frac{\partial X(\rho, \psi, t)}{\partial t} = -\lambda X(\rho, \psi, t) \int_{t_1}^{t_2} d\tau \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y(\tau, \psi_0, \tau) d\psi_0$$

o equivalentemente .

$$\frac{\partial X(\rho, \psi, \tau)}{\partial t} = -\frac{\alpha}{P} X(\rho, \psi, \tau) \int_{t_1}^{t_2} d\tau \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y(\tau, \psi_0, \tau) d\psi_0 \dots (2.1)$$

donde

p = la cantidad de individuos de la población en cierto tiempo t .

t = es el tiempo calendario .

τ = es el tiempo transcurrido desde el inicio de la enfermedad .

$X(\rho, \psi, t)$ = número de individuos que al tiempo t están en el mismo estado .

$Y(\tau, \psi_0, \tau)$ = densidad , al tiempo t , de la distribución respecto de τ y ψ_0 de individuos contagiados al tiempo $t - \tau$.

Si $Y(\tau, \psi_0, t)$ nos da el número de infectados al momento t que iniciaron su infección en el momento $t-\tau$ con un nivel de defensas ψ_0 ; tenemos entonces que $Y(\tau, \psi_0, t)$ nos da el número de infectados al tiempo t que iniciaron su infección precisamente en ese momento, con un nivel de defensas ψ_0 . Encontraremos una expresión para $Y(\tau, \psi_0, t)$ notese que $Y(\tau, \psi_0, t)$ es decir, el número de nuevos enfermos en el momento t con un nivel de defensa ψ_0 ; es igual a menos el cambio de aquellos individuos que encontrándose sanos en el momento t con un nivel de defensas ψ_0 y se infectan en ese momento. supongamos que la función $X(\psi_0, t)$ nos dice el número de individuos sanos que al momento t se encuentran con un nivel de defensas ψ_0 nuevamente aplicando la hipótesis 1, tenemos

$$\frac{\partial X(\rho, \psi_0, t)}{\partial t} = -\frac{\alpha}{P} X(\psi_0, t) \int_{t_1}^{t_2} d\tau \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y(\tau, \psi_0, t) d\psi_0$$

y dado que $Y(\tau, \psi_0, t) = -\frac{\partial X(\psi_0, t)}{\partial t}$ tenemos que :

$$Y(\tau, \psi_0, t) = \frac{\lambda}{P} X(\psi_0, t) \int_{t_1}^{t_2} \int_{\psi_1(\tau)}^{\psi_2(\tau)} Y(\tau, \psi_0, t) d\psi_0 \dots \dots 2.2$$

sabemos que $Y(\tau, t+h) = Y(\tau-t, t)$

$$\frac{\partial Y}{\partial t} = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{Y(\tau, t+h) - Y(\tau, t)}{h}$$

$$\lim_{h \rightarrow 0} \frac{Y(\tau-t, t) - Y(\tau, t)}{h}$$

$$= - \lim_{h \rightarrow 0} \frac{Y(\tau, t) - Y(\tau-t, t)}{h}$$

$$= - \frac{\partial Y}{\partial \tau}$$

por lo tanto $\frac{\partial Y}{\partial t} = - \frac{\partial Y}{\partial \tau}$ es decir

$$\frac{\partial Y}{\partial t} + \frac{\partial Y}{\partial \tau} = 0 \dots \dots \dots 2.3$$

REFERENCIAS

- 1) FARR W . Progress of epidemics , 2-nd report of the regist general of england and wales (1840) LONDON .
- 2) ROSS R , Proc. Roy . Soc , 92 (1916) .
- 3) ROSS R , Proc . Roy . Soc , 93 (1917) .
- 4) KERMACK W. , Mc KENDRICK A. , the contribution to the mathematical theory of epidemics , Proc. Roy. Soc. LONDON , 115 (1927) .
- 5) KERMACK W. , Mc KENDRICK A. , the contribution to the mathematical theory of epidemics , Proc . Roy . Soc. LONDON 138 (1932) .
- 6) KERMACK W. , Mc KENDRICK A. , the contribution to the mathematical theory of epidemics , Proc . Roy . Soc. LONDON 141 (1933) .
- 7) KERMACK W. , Mc KENDRICK A., the contribution to the mathematical theory of epidemics , Journal H y G CAMBRIDGE 37 (1937)
- 8) KERMACK W. , Mc KENDRICK A. , the contribution to the mathematical theory of epidemics , journal HyG CAMBRIDGE 39 (1939)

- 9) SOBERON NEGRETE , modelos ecologicos y epidemiologicos ,
 conacyt MEXICO , (1967)
- 10) BAILEY N. , the mathematical theory of epidemics , LONDON
 (1957) .
- 11) BAROYAN. , RVACHOV L. , BAZLEVSKY U. , FRANK K. , RVACHEV M ,
 SCHASCHKOV V. , YERMAKOV V. , proc of the who international symp
 on the cuantitative epidemiology , nov (1970) . recs, w. pap. of
 the who , genebra .
- 12) BAROYAN O.V , RVACHOV L.A. , matematika y epidemiologuiya ,
 izd. znanie , MOSCU (1977) .
- 13) ZEPEDA Z . M . tesis profesional , facultad de ciencias,
 198... Universidad Nacional Autonoma de México .
- 14) Die mathematischen hilfsmittel des physikers,
 VON ERWIN MADELUNG , SPRINGER VERLAG . (1974)
- 15) Analisis Vectorial y Tensorial : HARRY LASS
 edit. cecea . (1969)
- 16) Ecuaciones de la fisica matemática : A. N. TIJONOV
 A. A. SAMARSKY. edit. Mir MOSCU . (1980)