



UNIVERSIDAD NACIONAL DEL ALTIPLANO

ESCUELA DE POSGRADO MAESTRÍA EN INFORMÁTICA



TESIS

MODELO DE SIMULACIÓN DE LA DINÁMICA DE COVID-19 EN PERÚ BASADO EN AUTÓMATAS CELULARES PROBABILÍSTICOS

PRESENTADO POR:

ALCIDES RAMOS CALCINA

PARA OPTAR EL GRADO ACADÉMICO DE:

MAESTRO EN INFORMÁTICA

MENCIÓN EN GERENCIA DE TECNOLOGÍAS DE INFORMACIÓN Y
COMUNICACIONES

PUNO, PERÚ

2021



DEDICATORIA

A mis padres Narciso Ramos H. y Benita Calcina M. (†) con eterna gratitud porque siempre confiaron en mí.

A mis hijos Keanu Ramiro y Sean Danilo por ser la fuente de mi esfuerzo y todas las energías requeridas, gracias por ser el motor de mi vida, cuya llegada a este mundo me ha hecho el hombre más feliz de la tierra.

A mi esposa Martha, mi compañera y amiga, por ser mi fortaleza.

A mis hermanos José, Luis y Lino por su apoyo incondicional, por estar conmigo en todo momento gracias.



AGRADECIMIENTOS

- Quiero expresar mi gratitud a Dios, quien con su bendición llena siempre mi vida y a toda mi familia por estar siempre presentes.
- A la Universidad Nacional del Altiplano por la oportunidad que me ha brindado para alcanzar una de mis metas académicas.
- Mi profundo y más sincero agradecimiento a mis colegas y amigos, al M.Sc. Fredy Heric Villasante Saravia, a la Dra. Teresa Paola Alvarez Rozas y al Dr. Edgar Eloy Carpio Vargas, por apoyarme en la realización del presente trabajo de investigación.
- A los docentes del Maestría en Informática por sus enseñanzas impartidas durante mi formación de posgrado.
- A mis estudiantes de la Universidad Nacional del Altiplano, quienes me motivan a seguir capacitándome en el área de estadística e informática.



ÍNDICE GENERAL

	Pág.
DEDICATORIA	i
AGRADECIMEINTOS	ii
ÍNDICE GENERAL	iii
ÍNDICE DE TABLAS	vi
ÍNDICE DE FIGURAS	vii
ÍNDICE DE ANEXOS	ix
RESUMEN	x
ABSTRACT	xi
INTRODUCCIÓN	1

CAPÍTULO I

REVISIÓN DE LITERATURA

1.1. Marco teórico	2
1.1.1. Pandemia de COVID-19	2
1.1.1.1. Estructura del COVID-19	3
1.1.1.2. Epidemiología de la infección	4
1.1.1.3. Características de la enfermedad	4
1.1.2. Modelado epidemiológico	5
1.1.2.1. Modelo epidemiológico SIR	5
1.1.2.2. Modelo epidemiológico SEIR	6
1.1.2.3. Modelo SEIR estocástico	7
1.1.3. Modelo basado en individuos móviles	8
1.1.4. Autómatas celulares	9
1.1.4.1. Construcción de un autómata celular	10
1.1.4.2. Autómatas celulares de una dimensión	11
1.1.4.3. Autómatas celulares bidimensionales	12
1.1.4.4. Reglas de transición	13
1.1.5. Autómatas celulares sobre grafos	14
1.2. Antecedentes	15
1.2.1. Internacionales	15
1.2.2. Nacionales	19
1.2.3. Locales	21



CAPÍTULO II

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

2.1. Identificación del problema	22
2.2. Enunciado del problema	23
2.2.1. Problema general	23
2.2.2. Problemas específicos	23
2.3. Justificación	23
2.4. Objetivos	24
2.4.1. Objetivo general	24
2.4.2. Objetivos específicos	24
2.5. Hipótesis	24
2.5.1. Hipótesis general	24
2.5.2. Hipótesis específicas	25

CAPITULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de estudio	26
3.2. Población	26
3.3. Muestra	26
3.4. Método de investigación	26
3.4.1. Metodología	27
3.5. Descripción detallada de métodos por objetivos específicos	29
3.5.1. Análisis de dinámica de la pandemia de COVID-19	29
3.5.2. Propuesta del modelo basado en autómatas celulares probabilísticos	29
3.5.3. Simulación del comportamiento dinámico de sistema epidemiológico de COVID-19	29

CAPITULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Análisis de la dinámica de la pandemia de COVID-19	31
4.1.1. Modelo epidemiológico estocástico SEIR	32
4.1.2. Determinación de los parámetros del modelo	33



4.2. Propuesta de modelo epidemiológico basado en autómatas celulares probabilísticos	35
4.2.1. Diagrama de estado del modelo SEIR	35
4.2.2. Reglas	36
4.2.3. Implementación del autómata celular	38
4.3. Simulación de la dinámica de COVID-19	40
4.3.1. Propagación del COVID-19 sin individuos móviles	41
4.3.2. Propagación del COVID-19 con individuos móviles	47
4.4. Validación	51
4.4.1. Validación visual	52
4.4.2. Validación estadística	53
CONCLUSIONES	58
RECOMENDACIONES	60
BIBLIOGRAFÍA	61
ANEXOS	66

Puno, 01 de setiembre de 2021

ÁREA: Informática

TEMA: Modelos de simulación



INDICE DE TABLAS

	Pág.
1. Resumen de la situación del COVID -19 en el Perú: Corte al 31 de diciembre del 2020, 22:00 hrs.	34
2. Matriz de transición $W = [w_{ij}]$	36
3. Notación de las sub poblaciones en la malla poblacional	38
4. Reglas de transición del modelo computacional SEIR con autómatas celulares	38
5. Estadísticos descriptivos del número de infectados sin individuos móviles por densidad poblacional	45
6. Estadísticos descriptivos del número de infectados por densidad poblacional	51
7. Evolución estadística de la calidad de los modelos	53

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pág.
1. Estructura de COVID-19	3
2. Esquema de estados del modelo SIR	6
3. Esquema de estados del modelo SEIR	6
4. Máquina de estado finito para el modelo SEIR	7
5. Modelo basado en individuos móviles	8
6. Vecindad con radio 1: a) Vecindad de Neumann y b) Vecindad de Moore	10
7. Arreglo de 10 células	11
8. Representación de la regla 54 utilizando colores	11
9. Diagrama de evoluciones de un autómata celular lineal (2,1)	12
10. Espacio de evoluciones en dos dimensiones	12
11. Tipos de vecindad en dos dimensiones	13
12. Malla rectangular	13
13. Periodo de transmisión de Covid-19	33
14. Grafo de estados de transición del autómata que modela el estado epidemiológico	35
15. Propagación de la epidemia COVID-19 sin individuos móviles, desde el primer caso: 6 de marzo del 2020 con una vecindad de Moore $\nu = 1$, periodo de 90 días	42
16. Dinámica de la propagación de infección sin movimiento de individuos para modelo 1, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día	44
17. Dinámica de la propagación de infección sin movimiento de individuos para modelo 2, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día	44
18. Dinámica de la propagación de infección sin movimiento de individuos para modelo 3, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día	45
19. Propagación de la epidemia COVID-19 con individuos móviles, desde el primer caso: 6 de marzo del 2020 con una vecindad de Moore $\nu = 1$, periodo de 90 días	48



20. Dinámica de la propagación de infección con movimiento de individuos para modelo 1, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día	49
21. Dinámica de la propagación de infección con movimiento de individuos para modelo 2, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día	50
22. Dinámica de la propagación de infección con movimiento de individuos para modelo 3, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día	50
23. Número de infectados de los modelos con densidad poblacional de 10000, 40000 y 250000 individuos	52
24. Gráfico de residuos para los modelos con densidad poblacional de 10000, 40000 y 250000 individuos	53



ÍNDICE DE ANEXOS

	Pág.
1. Algoritmos de rutinas implementadas del modelo planteado	67
2. Validación del modelo mediante RSE, R2 y el criterio de información de Akaike (AIC) en RStudio	70

RESUMEN:

La pandemia de COVID-19 se considera la mayor amenaza mundial debido a miles de infecciones confirmadas, acompañadas de muertes en todo el mundo y el Perú; estos eventos epidemiológicos provocados por el nuevo virus COVID-19 pueden provocar grandes pérdidas humanas y económicas; por tanto, gran parte del desarrollo de los modelos epidemiológicos se ha centrado en el uso de modelos matemáticos, estos modelos descuidan las características locales del proceso de propagación y no incluyen la susceptibilidad variable de los individuos; en ese sentido los autómatas celulares, pueden superar estos inconvenientes y son utilizados en varias investigaciones como un método alternativo eficiente para simular la propagación de una epidemia. El objetivo de este trabajo es desarrollar un modelo de simulación de la dinámica de COVID-19 en territorio peruano basado en autómatas celulares probabilísticos, considerando para esto como objetivos específicos analizar la dinámica de la pandemia, proponer un modelo basado en autómatas celulares probabilísticos y simular el comportamiento dinámico del sistema. La muestra fue definida por los casos de COVID-19 confirmados a través del MINSA. Se implementó un modelo basado en individuos con Autómatas Celulares probabilísticos con el que se pueda analizar y simular la dinámica de la pandemia COVID-19, así mismo el modelo epidemiológico desarrollado es el modelo SEIR, la implementación del modelo fue desarrollado con MATLAB. Se concluye que, el modelo implementado permite simular de forma sencilla el comportamiento dinámico del sistema epidemiológico de COVID-19 en el Perú, a través de la inclusión en el modelo del movimiento de individuos. La fortaleza de la implementación propuesta permite abarcar diversos problemas de variantes en la densidad poblacional. Los resultados así obtenidos presentan concordancia con los reportados por la bibliografía de referencia, resaltando que el marco propuesto proporciona amplias ventajas computacionales para modelar fenómenos no lineales de manera precisa.

Palabras clave:

Simulación, autómata celular, COVID-19, modelo epidemiológico, modelo de individuos, pandemia.



ABSTRACT:

The COVID-19 pandemic is considered the greatest global threat due to thousands of confirmed infections, accompanied by deaths in the world. These epidemiological events caused by the COVID-19 virus cause human and economic losses. Therefore, much epidemiological models are focused on the use of mathematical models, which neglect the local characteristics of the propagation process and do not include the variable individual susceptibility. Thus, cellular automata can overcome these drawbacks and are used in research as an efficient alternative method to simulate the spread of an epidemic. The objective was to develop a simulation model of the dynamics of COVID-19 in Peruvian territory based on probabilistic cellular automata. The specific objectives were to analyze the dynamics of the pandemic, propose a model based on probabilistic cellular automata, and simulate the dynamic behavior of the system. The sample was defined by COVID-19 confirmed through MINSA. A model based on individuals with probabilistic Cellular Automata was implemented with which the dynamics of the COVID-19 pandemic can be analyzed and simulated. Likewise, the epidemiological model developed is the SEIR model, the implementation of the model was developed with MATLAB. It is concluded that the implemented model allows to simulate in a simple way the dynamic behavior of the epidemiological system of COVID-19 in Peru, through the inclusion in the model of the movement of individuals. The strength of the proposed implementation allows covering various problems of variants in population density. The results obtained agree with those reported by the reference bibliography, highlighting that the proposed framework provides ample computational advantages to model nonlinear phenomena accurately.

Keywords:

Simulation, cellular automaton, COVID-19, epidemiological model, model of individuals, pandemic.

INTRODUCCIÓN

Después de que la infección por COVID-19 fuese declarada como pandemia por el Organismo Mundial de la Salud (OMS) el 11 de marzo del 2020 y en el Perú, el 05 de marzo del 2020 se confirme el primer caso de infección; surge la necesidad de estudiar la dinámica de la enfermedad de COVID-19 como un sistema natural a través de un modelo epidemiológico basado en autómatas celulares, los cuales constituyen una alternativa muy interesante para simular sistemas reales. El trabajo se ha dividido en cuatro capítulos:

El capítulo I, se hizo una revisión de los diferentes conceptos y teorías sobre la pandemia de COVID-19, modelado epidemiológico, modelo basado en individuos y autómatas celulares que nos ayuden a entender la dinámica de infección de la enfermedad. Así mismo, se ha realizado la revisión trabajos de investigación, concernientes a la aplicación de los modelos basados en individuos con aplicación de autómatas celulares en sistemas naturales epidemiológicos.

En el Capítulo II, se realizó el planteamiento de problema, el enunciado del problema, justificación, objetivos y la respectiva hipótesis planteada.

En el Capítulo III especificamos el lugar donde se desarrolló el estudio, se define la población y tamaño de muestra, luego se describe el método de investigación de manera clara, de tal manera que pueda ser replicada por otros investigadores.

En el Capítulo IV se presenta los resultados de la investigación, usando para ello instrumentos estadísticos y computacionales cuyos hallazgos se presenta en tablas y figuras que permitieron analizar y explicar los resultados encontrados según lo requerido por la investigación. Con los parámetros encontrados a partir de revisión bibliográfica y reportes de las instituciones de salud del país, se realiza una simulación computacional con el programa MATLAB R2014 para describir la dinámica de infección de la enfermedad por COVID-19 en el país del año 2020, además se realiza su respectiva interpretación, así como la discusión respecto a otros autores que realizaron investigaciones similares.

Finalmente se presentan las conclusiones y recomendaciones que derivaron de la investigación. Seguidamente se presenta la bibliografía consultada y en anexos se presenta los algoritmos del programa de simulación.

CAPÍTULO I

REVISIÓN DE LITERATURA

1.1. Marco teórico

1.1.1. Pandemia de COVID-19

La enfermedad es considerada como cualquier estado donde haya un deterioro de la salud del organismo humano. Por tanto, Ruiz Laguna (2015) define una enfermedad como una alteración del cuerpo, o de una o varias partes de éste; que incapacita o entorpece sus funciones y que presenta unos síntomas observables característicos.

Así mismo, se define enfermedad infecciosa como aquella que puede ser transmitida de un individuo a otro de la población. Dicho de otro modo, se trata de aquellas enfermedades en las cuales la proximidad a un organismo ya infectado supone un aumento significativo del riesgo de resultar también infectado (Ruiz Laguna, 2015).

Según la Organización Mundial de la Salud (OMS) una pandemia representa una tasa inusual de incidencia de la enfermedad en un periodo de tiempo dado, pero ilimitado en el espacio. Usualmente si la diseminación de la enfermedad sobrepasa un continente puede considerarse una pandemia. Es decir, es la propagación mundial de una nueva enfermedad (OMS, 2010).

La pandemia de enfermedad COVID-19 es caracterizada por la OMS como un nuevo coronavirus, al que denominó novel coronavirus 2019 (2019-nCoV), o también como SARS-CoV-2 (coronavirus-2 del síndrome respiratorio agudo grave – *severe acute respiratory syndrome*). El 11 de enero de 2020 China comunicó el primer muerto por esta nueva enfermedad, un varón de 61 años expuesto al marisco en el mercado de Wuhan. En pocas semanas se extendió la infección por China y otras partes del mundo, de tal forma que la OMS se vio obligada a declarar (el 30 de enero) la enfermedad como una “emergencia de salud pública de importancia internacional” (Sandín et al, 2020).

En el Perú, se registró el primer caso confirmado el día 6 de marzo de 2020 y el 11 de marzo se decretó estado de emergencia sanitaria, fortaleciéndose las actividades de

prevención y control. Desde el 16 de marzo del 2020, se inició una fase de aislamiento social obligatorio y se intensificaron las acciones de prevención y control. Específicamente en el Perú se realizaron diversas intervenciones para prevenir la propagación del COVID-19, tales como el estado de cuarentena total, el toque de queda en las noches, reducción de actividades económicas no esenciales que implicaban la aglomeración de personas, así como todo tipo de actividades culturales, recreativas y sociales. Asimismo, se inició un paulatino fortalecimiento del tamizaje del COVID-19, así como el incremento de la capacidad resolutive de los hospitales, incluyendo el aumento de unidad de cuidados intensivos y de ventiladores mecánicos (Pino et al., 2020).

1.1.1.1. Estructura de COVID-19

COVID-19 está formado por tres proteínas estructurales: Espiga (S), Envoltura (E) y Membrana (Figura 1), siendo la proteína estructural S la responsable de permitir el ingreso del COV-19 a las células alveolares de pulmón. La proteína S se encuentra altamente glicosilada y se asocia en homotrímeros para formar la espiga característica del virus. Cada monómero de la proteína S se organiza en dos dominios: el S1 y el S2. El S2 posee un péptido de fusión, un dominio transmembranal y un dominio citoplasmático, el cual tiene una enorme homología con la proteína codificada por SARS-CoV (99%); por lo que este dominio podría ser un blanco potencial para compuestos antivirales. En contraste el dominio S1 tiene tan solo un 77% de identidad con el SARS-CoV (Cedillo et al, 2020).

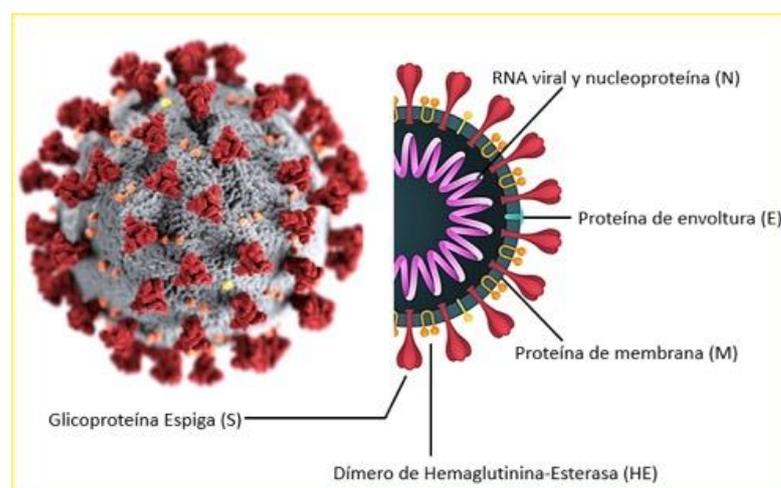


Figura 1. Estructura de COVID-19.

Fuente: (Cedillo et al., 2020)

1.1.1.2. Epidemiología de la infección

La vía de transmisión entre humanos se considera similar a la descrita para otros coronavirus a través de las pequeñas gotas de saliva, conocidas como microgotas de Flügge, que se emiten al hablar, estornudar, toser o respirar. Se propaga principalmente cuando las personas están en contacto cercano, pero también se puede difundir al tocar una superficie contaminada y luego de llevar las manos contaminadas a la cara o las mucosas. Su período de incubación suele ser de cinco días, pero puede variar de dos a catorce días. Los síntomas más comunes son la fiebre, la tos seca y dificultades para respirar. Las complicaciones pueden incluir la neumonía, el síndrome respiratorio agudo o la sepsis. Aunque hay numerosas en desarrollo, todavía no existe una vacuna o tratamiento antivírico específico, por lo que actualmente la única forma de abordaje del mal es a través de la terapia sintomática y de apoyo (Rothan & Byrareddy, 2020).

1.1.1.3. Características de la enfermedad

El COVID-19 presenta una tasa elevada de contagio, donde el ciclo infeccioso inicia cuando las mucosas de una persona susceptible a la enfermedad entran en contacto con el virus y, dado que el virus puede sobrevivir cierto periodo de tiempo en el ambiente, es posible que se presenten infecciones sin contacto directo entre un portador y un individuo susceptible. Así mismo, la transmisión de la enfermedad puede darse mediante contacto directo como un aerosol o fluido expelido por un portador, o mediante una interacción indirecta con los mismos fluidos. Dicha interacción indirecta puede presentarse debido a la capacidad del virus de permanecer en superficies tiempo después de haber sido expelido por el portador (Catano & Rojas, 2020).

Posteriormente, tras presentarse el contacto infeccioso, se da el proceso de reproducción o proliferación del virus en el individuo expuesto; la progresión de la enfermedad en este punto se asume similar al presentado por el SARS. Por lo tanto, la carga vírica aumenta en la persona expuesta hasta alcanzar un pico que, cabe resaltar, no suele coincidir con el inicio de los síntomas o del periodo infeccioso (He et al., 2020). Por lo tanto, estudios sugieren que el periodo de latencia de la enfermedad (aproximado a 3 días) es considerablemente inferior al periodo de

incubación (próximo a 6 días) y, por lo tanto, un número considerable de personas pueden contagiarse mediante interacciones con individuos asintomáticos.

1.1.2. Modelado epidemiológico

Según Azarang & Garcia (1996), un modelo es una representación de la realidad desarrollado con el propósito de estudiarla. En la mayoría de los análisis no es necesario considerar todos los detalles de la realidad, entonces, el modelo no sólo es un sustituto de la realidad si no también una simplificación de ella.

La modelación de enfermedades contagiosas es uno de los campos más ricos de la modelación en biología, ya que existen tantas enfermedades, cada una de ellas con características propias, que se necesitaría hacer un modelo para cada una de ellas. Sin embargo, es posible modelar estas enfermedades de una manera más general, para ello se han desarrollado modelos generales que pueden captar las propiedades de un grupo de enfermedades y darnos información acerca de ellas. Así se han desarrollado modelos SI (Susceptible - Infectado), SIS (Susceptible – Infeccioso - Susceptible), SIR (Susceptible – Infeccioso - Recuperado), SEIR (Susceptible – Expuesto - Infectado- Recuperado), etc (Hernández Gómez, 2008).

En particular, el modelo epidemiológico más común es el modelo SIR y otro mejor adaptados a la epidemia de coronavirus COVID-19, es el denominado SEIR, al que se incorporan variaciones para poder tener en cuenta las medidas de contención que se adoptan (Gutiérrez & Varona, 2020).

1.1.2.1. Modelo epidemiológico SIR

Gutiérrez y Varona (2020) indican que es uno los modelos epidemiológicos más usados y fue propuesto por W. O. Kermack y A. G. McKendrick en 1927. En una población de tamaño fijo N en la que se ha desatado una epidemia que se propaga mediante contagio, en un tiempo t los individuos pueden estar en tres estados distintos:

- susceptible $S(t)$
- infectados $I(t)$
- recuperados $R(t)$

donde, $S(t) + I(t) + R(t) = N$

Los susceptibles se pueden infectar cuando entran en contacto con contagiados, con un parámetro β denominado tasa de infección, y cuyo valor depende de si la enfermedad es más o menos contagiosa. Así mismo, los infectados se recuperan con el tiempo, con un parámetro γ denominado tasa de recuperación y que depende del tiempo que suele durar la enfermedad; una vez que se recuperan, los individuos son inmunes, ya no vuelven a ser susceptibles (de hecho, también podemos pensar que no todos los individuos se ‘recuperan’, sino que pueden morir a causa de la enfermedad: ambos tipos de casos están recogidos en $R(t)$, y ya no afectan al desarrollo de la epidemia). Esto se suele representar según el esquema:

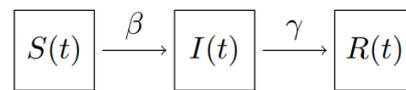


Figura 2. Esquema de estados del modelo SIR.

Fuente: (Gutiérrez & Varona, 2020)

1.1.2.2. Modelo epidemiológico SEIR

El modelo SIR no se adapta bien al comportamiento de la epidemia del coronavirus dado que, en esta enfermedad, conviene también tiene en cuenta a una nueva clase de individuos que portan la enfermedad pero que, al hallarse en su periodo de incubación, no muestran síntomas y aún no pueden infectar a otros. A dichos individuos se los denomina ‘expuestos’, y el número de ellos en el tiempo t se denota mediante $E(t)$ (hay que ser precisos con lo que estamos denotando: si un individuo no presenta síntomas, pero sí puede contagiar a otros lo contabilizamos en $I(t)$, no en $E(t)$). Este modelo se denomina SEIR y, en él, hay un nuevo parámetro σ , de tal forma que $1/\sigma$ es el tiempo promedio de incubación (Gutiérrez & Varona, 2020). En el modelo SEIR, el flujo entre los distintos grupos se cumple $S(t) + E(t) + I(t) + R(t) = N$ y se puede representar mediante:

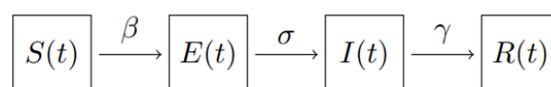


Figura 3. Esquema de estados del modelo SEIR.

Fuente: (Gutiérrez & Varona, 2020)

1.1.2.3. Modelo SEIR estocástico

Ávila (2016), indica que el modelo SEIR estocástico se formula en términos de una cadena de Markov a tiempo continuo, donde es suficiente el monitoreo de las categorías $S(t)$, $E(t)$ e $I(t)$, ya que puede obtenerse $R(t) = N - S(t) - E(t) - I(t)$. Las posibles transiciones entre los cuatro estados corresponden a nuevas exposiciones, infecciones y remociones del sistema, y se muestran a continuación.

Exposición (R1): $S + I \rightarrow E + I$ a tasa $\frac{\beta SI}{N}$

Infección (R2): $E \rightarrow I$ a tasa σE

Remoción (R3): $I \rightarrow R$ a tasa γI

El modelo SEIR, es representado en la Figura 4, por una Máquina de Estado Finito que muestra la progresión de enfermedades infecciosas tal como influenza, tuberculosis, enfermedades de transmisión sexual, etc., a través de los diferentes estados que experimenta un individuo desde que es Susceptible (q_0) al agente infeccioso, pasando por un periodo de latencia donde se encuentra Expuesto (periodo de incubación) (q_1) hasta alcanzar el periodo Infeccioso (periodo sintomático) (q_2) y para que finalmente ser Recuperado (q_3) (Inmunizado). Cuyo incremento en el número de individuos Recuperados eventualmente bloquea el avance de la epidemia al no poder encontrar contactos susceptibles (Bravo et al., 2019).

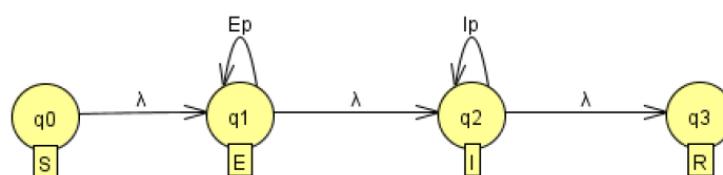


Figura 4. Máquina de estado finito para el modelo SEIR.

Fuente: (Bravo et al., 2019)

Según López (2017), un autómata se define como un modelo matemático que realiza cálculos en forma automática sobre una entrada para producir una salida. El mismo consta de un alfabeto, un conjunto de estados y un conjunto de transiciones entre estados. El funcionamiento básico de un autómata está dado por: (i) se parte de un estado inicial; (ii) se lee una cadena de caracteres de la entrada; (iii) a medida que se desplaza de un estado a otro por medio de una función de transición; (iv) finalmente

se detiene en un estado final o de aceptación, que representa la salida del autómata. Los estados pueden ser finitos o infinitos. Formalmente, un autómata de estados finitos determinista puede definirse con un quintupla de la forma $A = F(X, \mu, x_0, \varepsilon, R)$, donde:

- X es un conjunto finito de estados
- μ es el alfabeto de entrada
- $x_0 \in X$ es el estado inicial
- $\varepsilon \subseteq X$ es un conjunto de estados finales o de aceptación
- R son las reglas o función transición entre estados

1.1.3. Modelo basado en individuos móviles

Según López (2017), los modelos basados en individuos móviles surgieron como metodología para modelar fenómenos epidemiológicos hacia mediados de la pasada década. Este tipo de modelos contemplan la heterogeneidad teniendo en cuenta los tres principios de diseños:

- i) los individuos como la unidad de modelado,
- ii) las interacciones entre ellos,
- iii) el proceso espacial y temporal.

Para modelar la transmisión de la enfermedad estos modelos contemplan el concepto de geografía espacial y la teoría de redes para representar la dinámica temporal y espacial.

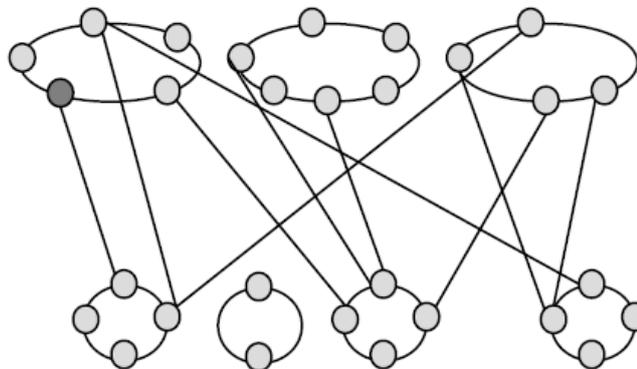


Figura 5. Modelo basado en individuos móviles.

Fuente: (López, 2017)

Las trayectorias de los individuos en un período de tiempo (días, horas, etc.) son representadas como trayectorias espacio-temporales. Estas trayectorias se intersecan en diferentes locaciones, como casas, lugares de trabajo y oficinas de servicios en donde los individuos interactúan entre ellos, conformando de esta forma una red social (ver figura 5). La enfermedad se distribuye a través de la red por medio de dos mecanismos, las interacciones entre los individuos en un lugar y los traslados de los individuos entre locaciones para interactuar con otros individuos.

1.1.4. Autómatas Celulares

Un autómata celular (CA) es un sistema dinámico discreto formado por un número finito de objetos idénticos llamados celdas. A cada celda se le asigna un estado (perteneciente a un conjunto finito de estados) el cual cambia en tiempo discreto acorde a una regla, llamada función de transición (Hoya et al., 2009).

Según Mitchell (2005), para definir un autómata celular es necesario definir otros elementos que lo integran, tales como:

- Una lattice (retícula) regular de N máquinas de estado finito idénticas, llamadas células, que cubre el espacio n -dimensional; cada una de las células cuenta con patrones idénticos y conexiones locales con otras células.
- Un conjunto de estados que pueden ser asignados a cada célula.
- Una regla de transición, que especifica la evolución en el tiempo de los estados.
- Una vecindad; las interacciones locales que toda célula tiene es con células que pertenecen solo a su vecindad (área de influencia).

Estas características son las que en conjunto dan forma a un autómata celular.

Los autómatas celulares son herramientas útiles para modelar cualquier sistema en el universo. Pueden considerarse como una buena alternativa a las ecuaciones diferenciales y han sido utilizados para modelar sistemas físicos, como interacciones entre partículas, formación de galaxias, cinética de sistemas moleculares y crecimiento de cristales, así como diversos sistemas biológicos a nivel celular, multicelular y poblacional (Marin, 1984).

1.1.4.1. Construcción de un autómata celular

La construcción original de von Neumann de un arreglo celular (autómata celular) auto-reproductivo requería que cada célula de un espacio celular representado por una cuadrícula bi-dimensional. El arreglo por sí mismo requería aproximadamente 200,000 células. Además, el valor del estado en que se encuentra cada célula del arreglo localizada en una posición (i,j) (donde i es la columna y j el renglón) en un tiempo t estará determinado por los valores de los estados en que se encuentran las células localizadas en las posiciones $(i-1,j)$, $(i+1,j)$, $(i,j+1)$ e $(i,j-1)$ y el valor del estado en que se encuentra la célula central localizada en la posición (i,j) en el tiempo $t - 1$; cada célula del arreglo en algún momento será una célula central, la cual junto con las células ubicadas arriba, abajo, a la izquierda y a la derecha (ortogonalmente) de la misma forman lo que se conoce como vecindad von Neumann (Figura 6.a), también se puede definir una vecindad rectangular, denominada vecindad de Moore (Figura 6.b). Las interacciones locales de las vecindades en un tiempo t determinan el estado global del arreglo (el cual es actualizado sincrónicamente) en el tiempo $t + 1$ (Lahoz-Beltrá, 2004).

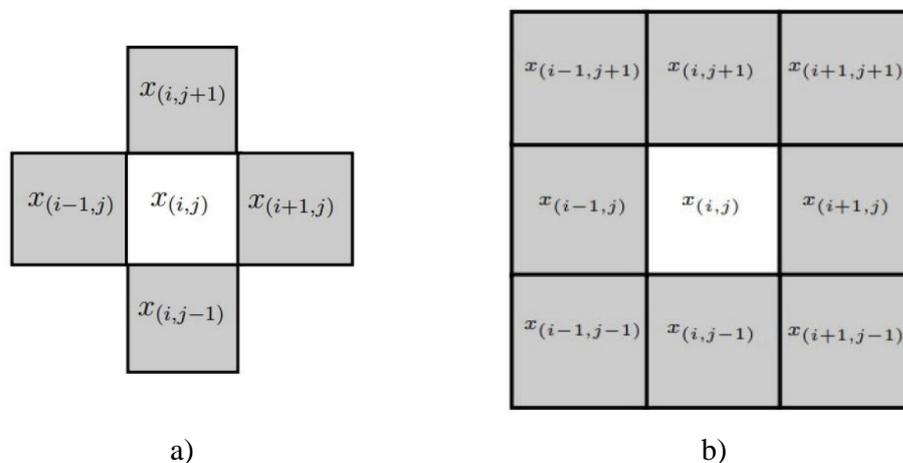


Figura 6. Vecindad con radio 1: a) Vecindad de Neumann y b) Vecindad de Moore.

Fuente: (Lahoz-Beltrá, 2004)

1.1.4.2. Autómatas celulares de una dimensión

En una dimensión tenemos un arreglo lineal, donde cada una de las células toma un elemento del conjunto de estados $\Sigma = \{0, 1\}$:

$$\dots |0|0|1|0|1|1|1|0|0|1|1|1|0|0|1|0|1|0|0|1| \dots$$

Como pudimos ver, Conway definió ciertos términos tales como nacimiento, muerte, sobrevivencia, still life y glider. Con la creación de estos términos, Conway estableció, además de la dinámica de evolución, la posibilidad de identificar diferentes patrones de comportamiento que presenta Life.

Un autómatas celular uni-dimensional consta de un arreglo lineal finito de celdas o células (Figura 7), una de las características por las cuales a los autómatas celulares en una dimensión también se les conoce como Autómatas Celulares Lineales (Lahoz-Beltrá, 2004).

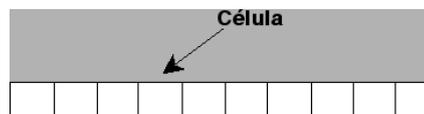


Figura 7. Arreglo de 10 células.

Fuente: (Lahoz-Beltrá, 2004)

Como se mencionó anteriormente, para fines de visualización es útil utilizar colores para representar los estados del autómatas. De esta manera es posible obtener una visión general acerca del comportamiento del autómatas a través del tiempo. En la Figura 8 se observa una representación utilizando colores.

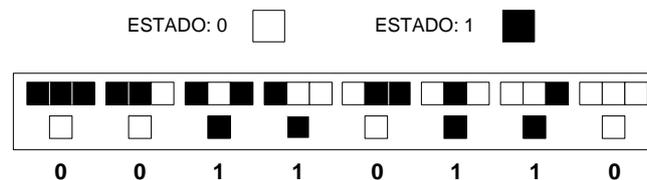


Figura 8. Representación de la regla 54 utilizando colores.

Fuente: (Sancho, 2016)

En la Figura 9 se ilustra el comportamiento a nivel macroscópico de un autómata celular lineal (2,1) aplicando la regla 54 por medio del diagrama de evoluciones.

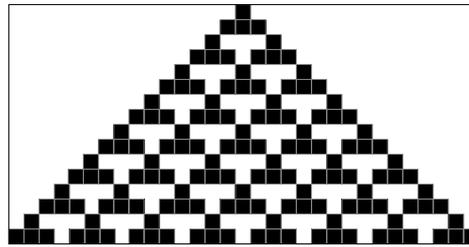


Figura 9. Diagrama de evoluciones de un autómata celular lineal (2,1) aplicando la regla 54.

Fuente: (Sancho, 2016)

1.1.4.3. Autómatas celulares bidimensionales

Juárez (2019), indica que los autómatas celulares bidimensionales abren un nuevo y gran nivel de complejidad e interés. Los autómatas celulares 2D usan la información de sus vecinos circundantes para calcular su próximo estado.

En dos dimensiones tenemos un arreglo definido por las parejas ordenadas (i, j) . De igual manera que una dimensión, cada una de las células x_{ij} toma un elemento del conjunto de estados Σ .

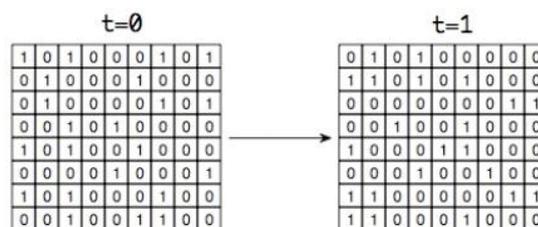


Figura 10. Espacio de evoluciones en dos dimensiones.

Fuente: (Juárez, 2019)

La regla de evolución puede encontrar algunas variantes a través de la historia. Sin embargo, solo consideramos las más conocidas. Iniciamos con la vecindad de von Neumann definida para una célula central y sus vecinos ortogonales (Figura 11-a). La vecindad de Moore que además de los vecinos ortogonales se consideran los vecinos diagonales (Figura 11-b). Por último, la vecindad hexagonal (Figura 11-c).

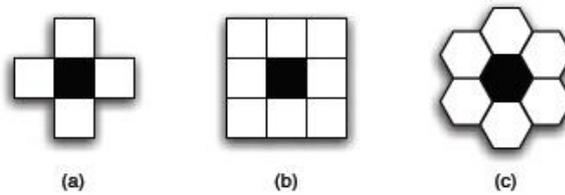


Figura 11. Tipos de vecindad en dos dimensiones.

Fuente: (Juárez, 2019)

1.1.4.4. Reglas de transición

Conway (1970), indica que su trabajo representa una especie de “juego ecológico” ya que las células del autómatas pueden estar “vivas” o “muertas”. Así mismo, trabaja sobre una cuadrícula bi-dimensional infinita y los estados de las células están determinados por las siguientes reglas:

a) Nacimiento

Se reemplaza una célula muerta por una viva si dicha célula tiene exactamente 3 vecinos vivos.

b) Supervivencia

Una célula permanece viva si hay dos o tres células vivas en su vecindad, de lo contrario muere.

c) Muerte

Se reemplaza una célula viva por una muerta si dicha célula no tiene más de 1 vecino vivo (muerte por aislamiento) o si tiene más de 3 vecinos vivos (muerte por sobrepoblación).

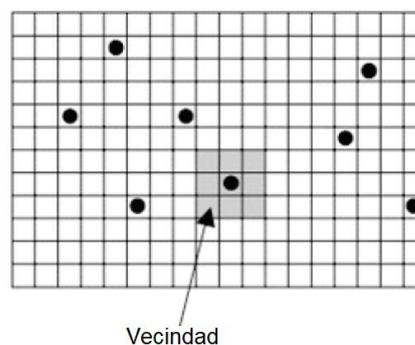


Figura 12. Malla rectangular.

Fuente: (Barrantes et al. 2018)

La disposición o patrón inicial de células se llama “semilla”, como se muestra en la Figura 12. La siguiente generación nace de aplicar las reglas del juego a todas las células de manera simultánea. Este proceso se puede ejecutar de manera indefinida.

1.1.5. Autómatas Celulares sobre grafos

Barrantes et al. (2018) en su trabajo definen que, un grafo G es una pareja (V, E) donde $V = \{v_1, v_2, v_3, \dots, v_n\}$ es un conjunto finito y ordenado de elementos llamados nodos o vértices, y E es una colección de parejas de elementos de V llamadas aristas. Se dice que dos nodos del grafo, $v_i, v_j \in V$, son adyacentes o vecinos si existe una arista en E de la forma (v_i, v_j) . Se dice que el grafo es no dirigido cuando E está formado por parejas no ordenadas, es decir: $(v_i, v_j) = (v_j, v_i)$. Un grafo se dice que es simple si entre dos nodos no existe más de una arista y no posee lazos.

La vecindad de un nodo v de V , N_v , es el conjunto de todos los nodos de G que son adyacentes a v , es decir: $N_v = \{u \in V / (u, v) \in E\}$. El grado del nodo v , d_v , es el número de sus vértices adyacentes.

Se llama autómatas celular sobre un grafo simple no dirigido $G = (V, E)$ a una 5-tupla, $A = (V, S, N, q_0, f)$ tal que: el conjunto V define el espacio celular del autómatas celular de tal forma que cada nodo representa una de las células del autómatas. S es el conjunto finito de estados que pueden adoptar cada uno de los nodos en cada instante (discreto) de tiempo; el estado del nodo v en el instante t se denota por $s_v^t \in S$. N es la función de vecindad que asigna a cada nodo aquellos que son adyacentes a él, es decir:

$$N : V \rightarrow 2^V, v \rightarrow N(v) = N_v = \{v_1, v_2, \dots, v_{d_v}\}$$

Los estados de los nodos cambian de manera sincronizada de acuerdo a la llamada de la función de transición local f , de tal forma que el estado del nodo v en el instante de tiempo t depende de los estados de sus nodos vecinos y de él mismo en el instante de tiempo inmediatamente anterior, es decir, $s_v^t = f(s_v^{t-1}, s_{v_1}^{t-1}, s_{v_2}^{t-1}, \dots, s_{v_{d_v}}^{t-1}) \in S$, donde $N_v = \{v_1, v_2, v_3, \dots, v_{d_v}\}$.

1.2. Antecedentes

1.2.1. Internacionales

Ghosh & Bhattacharya (2020), plantearon identificar los principales factores de la dinámica de propagación de esta infección, la cual se está volviendo crucial para minimizar el impacto y la vida útil del COVID-19 y cualquier pandemia futura. Se emplea un método basado en autómatas celulares probabilísticos para modelar la dinámica de la infección en un número significativo de países diferentes. Este estudio propone que, para un modelo preciso basado en datos de esta propagación de la infección, los autómatas celulares proporcionan una plataforma excelente, con un algoritmo genético secuencial para estimar de manera eficiente los parámetros de la dinámica. Han demostrado que la metodología propuesta puede ser flexible y robusta al mismo tiempo, y puede utilizarse para modelar los casos activos diarios, el número total de personas infectadas y el total de casos de muerte mediante la estimación sistemática de parámetros. El poder predictivo sustancial de este modelo se ha establecido con conclusiones sobre los actores clave en esta dinámica pandémica.

Zhang et al. (2020), analizaron la eficiencia de varias estrategias de intervención para prevenir la infección por el virus, SARS-CoV-2, utilizando un modelo SEIR basado en agentes, en la ciudad completamente urbanizada de Shenzhen, provincia de Guangdong, China. Se descubrió que acortar la duración desde el inicio de los síntomas hasta la admisión al hospital, poner en cuarentena a los recién llegados de la provincia de Hubei y permitir que las personas sintomáticas se queden en casa son las tres intervenciones más importantes para reducir el riesgo de infección en Shenzhen. Las estrategias de intervención implementadas en Shenzhen fueron efectivas y la propagación de la infección se controlaría incluso si el número de reproducción básico inicial se hubiera duplicado. Estos resultados pueden ser útiles para otras ciudades a la hora de elegir sus estrategias de intervención para prevenir brotes de COVID-19

Annas et al. (2020), propusieron construir el modelo SEIR para COVID-19. El método utilizado para construir el modelo es el modelo SEIR considerando factores de vacunación y aislamiento como parámetros del modelo, el análisis del modelo utiliza el método de matriz de generación para obtener los números de reproducción básicos y la estabilidad global del modelo de distribución COVID-19. Los resultados: el análisis del

modelo produjo estabilidad global por la propagación de COVID-19, los resultados de la simulación también mostraron que la vacuna puede acelerar la curación de COVID-19 y el aislamiento máximo puede ralentizar la propagación de COVID-19. Los resultados obtenidos pueden ser utilizados como referencia para la prevención temprana de la propagación del COVID-19 en Indonesia.

Sree & Devi Nedunuri (2020), desarrollaron un clasificador preliminar con autómatas celulares híbridos no lineales, que se entrena y prueba para predecir el efecto del COVID-19 en términos de muertes, número de personas afectadas, número de personas que se podrían recuperar, etc. Esto predice indirectamente la tendencia de esta epidemia en la India. Para el estudio, el clasificador propuesto, autómatas celulares híbridos no lineales (HNLCA), se entrenó con 23.078 conjuntos de datos y se probó con 6785 conjuntos de datos. HNLCA se compara con métodos convencionales de memoria a corto plazo, se encontró una precisión del 78,8%, que es mejor en comparación con la literatura citada. Este clasificador también puede predecir la velocidad a la que se propaga este virus, la transmisión dentro del límite, etc.

López et al. (2020), presentaron un modelo basado en el individuo donde el comportamiento de cada agente se rige por su apreciación del entorno y los estímulos externos y su apreciación por su entorno. Se construye como una combinación de tres bloques que interactúan: (i) comportamiento individual, (ii) comportamiento social y (iii) estado de salud. El comportamiento del individuo se modela a través de la interacción de información sobre su estado de salud, así como su vecindario (vecinos infectados y recuperados) y la situación de la epidemia global; el comportamiento social se modela a través de una red de contactos que agrega el comportamiento y el estado de salud de los individuos; el modelo propuesto permite utilizar una amplia gama de alternativas para modelar cada uno de estos bloques, lo que brinda flexibilidad para seleccionar la herramienta más adecuada para modelar cada componente del marco.

Bravo *et al* (2019), propusieron el uso de un modelo computacional basado en un Autómata Celular estocástico global para la simulación del modelo epidemiológico SEIR (Susceptibles, Expuestos, Infectados, Recuperados) con el que se pueda observar la morfología de eventos epidemiológicos y poder simular estrategias de vacunación (Inmunización). Para validar la morfología se contrastó el modelo computacional con

un modelo matemático clásico. Concluyeron que, el modelo computacional propuesto permite simular la propagación de un agente infeccioso en ambientes homogéneos con lo que se visualiza la dinámica de un brote epidemiológico con diferentes parámetros y diferentes estrategias de vacunación. La utilización de un Autómata Celular ofrece una mayor precisión en la duración de un evento con respecto a la duración del brote epidemiológico al no tener individuos parciales como en el caso del modelo matemático.

Gómez (2019), modela el contagio de la euforia (expectativas) puede ayudar a identificar escenarios de comportamiento dentro de un ambiente complejo. Planteo como objetivo de la investigación realizar simulaciones por computadora con autómatas celulares (ACs) para emular el contagio de la euforia durante la formación de una burbuja especulativa. En específico, propuso El juego de la vida, de Conway como un ejemplo para simular dinámicas complejas, donde el desplazamiento de los individuos es un elemento esencial. Concluyo que, bajo esta propuesta sólo se requiere de pocos inversionistas y de una ubicación estratégica para contagiar a un número importante de participantes en el mercado.

Silva et al. (2019), mostraron que, la aplicación de autómatas celulares es una opción interesante en las simulaciones de sistemas reales, ya que puede representar un comportamiento emergente dada su implementación sencilla. Presentan un método para simular sistemas termodinámicos, como la dinámica de nubes, con autómatas celulares. Su modelo utiliza la vecindad de Von Neumann de cinco celdas, cada una con dos estados posibles: la presencia o ausencia de una nube o una parte de ella. El modelo utiliza tres propiedades climáticas: partículas de agua de nubes condensadas, temperatura y vientos exteriores. Realizaron cuatro tipos de experimentos para validar el modelo propuesto: (i) un cuerpo cálido en el ambiente, (ii) una simulación dinámica de nubes, (iii) un análisis de estabilidad, y (iv) una comparación entre la dinámica del modelo propuesto e imágenes satelitales de nubes.

Bouaine & Rachik (2018), investigaron la inmigración epidémica mediante el desarrollo de modelos espacio-temporales basados en el enfoque de autómatas celulares. También tiene exploraron el impacto de la arquitectura del vecindario en la difusión de la epidemia. Este estudio también intentó examinar el impacto de la variación de la virulencia en la propagación de la epidemia. Además de eso, han desarrollado una

aplicación en línea básica y útil llamada “Aplicación Epidemia” para predecir la propagación de enfermedades en el tiempo y el espacio, evaluando el efecto de diferentes parámetros espaciales y proporcionando simulaciones espacio-temporales adecuadas para ayudar a las organizaciones de salud. Observando que, la distribución espacial de las células en el vecindario tiene un impacto importante en la propagación de la enfermedad y en el valor pico máximo. de las personas infectadas.

López (2017), presentó un marco de trabajo que consiste en un modelo modular construido a partir de unidades básicas que definen su dinámica a partir del comportamiento. El comportamiento de estas unidades fue constituido por tres bloques principales: el comportamiento individual, el comportamiento social y el comportamiento epidemiológico. El marco propuesto resultó entonces muy atractivo para modelar diferentes tipos de epidemias en donde el comportamiento de los individuos, sus relaciones y su entorno jugaron un rol crucial. El modelo fue validado utilizando datos epidemiológicos de gripe y a además se proponen diferentes escenarios de control que permitieron evaluar la capacidad adaptativa del enfoque.

Sharma & Gupta (2017), analizaron la propagación epidémica SEIR con retraso de tiempo a través de un modelo de autómatas celulares bidimensionales. Investigaron la existencia y estabilidad del equilibrio libre de enfermedad. Encontraron dos patrones de comportamiento principales de la dinámica de la enfermedad según el retraso. Calcularon el valor crítico del retraso, más allá del cual existen variaciones notables en los patrones de dispersión. También se examinaron la influencia de parámetros importantes que afectan la dinámica de la enfermedad en el número de reproducción básico. Los resultados obtenidos mostraron que el retraso juega un papel positivo en el control de la progresión de la enfermedad en un huésped infectado.

Holko *et al* (2016), presentaron un nuevo marco de autómatas celulares bidimensionales numéricos para la simulación de la propagación de una enfermedad infecciosa en una región con distribución espacial de población no homogénea. El modelo presentado es una combinación de modelos SEIR e IBM complementado con factores adicionales como densidad de población variable, muerte, nacimiento y algunos parámetros estocásticos para reflejar la dinámica de población más realista. En el modelo propuesto, los estados de los individuos se rastrean a través del tiempo como en el modelo de IBM

y la evolución de todo el sistema se describe mediante la función de transición SEIR que determina cómo las células interactúan con sus vecinas, lo que influye en el comportamiento global del sistema. Los resultados de la simulación mostraron la tasa de propagación de la enfermedad y se pueden utilizar para describir posibles acciones para prevenir una pandemia.

Huerta (2016), trató los conceptos fundamentales de Autómatas Celulares (CA), como técnica para modelar sistemas naturales, que muestran un comportamiento complejo en función del tiempo, por medio de reglas lo más sencillas posibles. La metodología que siguió para definir un CA bidimensional que simule un sistema de membrana vibrante, así como la obtención de la regla de evolución tomando como base para dicha regla las Leyes de Newton y Hooke. Finalmente concluyo que existe una ventaja sustancial entre los modelos propuestos y los métodos numéricos que se utilizan para resolver Ecuaciones Diferenciales Parciales, y es que no se requiere el uso de estados anteriores para calcular estados futuros por lo que el desarrollo computacional se simplifica de forma sustancial.

Delvalle et al. (2015), proponen una serie de mejoras teóricas, funcionales y aplicables al estudio publicado en 2009 por Hoya, Martín del Río y Rodríguez; está específicamente dirigido a controlar los patrones de propagación en autómatas celulares con celdas homogéneas redimensionables, permitiendo la simulación de conjuntos de células inmunes que actúan como barreras en los entornos estudiados. Como agente retardante se utilizó el modelo epidemiológico Susceptible-Infectado-Recuperado [SIR] de influenza tipo A. El trabajo se desarrolló utilizando MATLAB, lo que resultó en una colección de simulaciones más realistas y versátiles que parecen ajustarse, de una manera más precisa, a las observaciones realizadas sobre patrones conocidos de influenza.

1.2.2. Nacionales

Espinola *et al* (2020), analizaron la evolución de la pandemia Covid-19 estimando el efecto de las medidas de contención realizadas en Perú. Se aplicó el modelamiento matemático epidemiológico SIR, estimando la evolución COVID-19 en su población. Se realizó el análisis de datos siguiendo el modelo matemático SIR con ecuaciones diferenciales ordinarias definidas para simular el comportamiento epidemiológico; y fue

ejecutado en el lenguaje de programación RStudio. Concluyeron que, las medidas de contención son necesarias; siempre que, se consideren estrategias que permitan hacer efectivo su rol en nuestra población.

Vergara et al. (2020), utilizaron un modelo epidemiológico básico para determinar la evolución del COVID-19 en cada una de las regiones del Perú. Para determinar los parámetros del modelo que caracteriza una determinada epidemia, se utiliza los reportes de las personas infectadas, fallecidas y recuperadas proporcionados por las Gerencias Regionales de Salud del Perú. Como resultado, obtuvieron la configuración de los infectados, susceptibles y removidos que concuerda con la bibliografía existente, así también se obtiene un intervalo de tiempo en que hay un considerable número de infectados, el máximo de infectados y la fecha en que ocurre.

Pino & Wainer (2019), presentaron un modelo computacional por Autómatas Celulares (Cell-DEVS) aplicado a la transmisión de la enfermedad Dengue, propagada por mosquitos hacia una población susceptible. Concluyendo entre lo más importante: El modelamiento por autómatas celulares ayuda en la construcción de un modelo mediante reglas sencillas y lógicas sin tener una enorme formación en modelamiento matemático. Las reglas pueden incluir diferentes consideraciones que se traducirán en estados que cambian con el tiempo de simulación y el espacio del vecindario. El modelo computacional en Cell-DEVS por niveles permitió una mejor visualización del impacto que genera la temperatura en la superficie para la reproducción de los mosquitos en el tiempo y espacio considerado.

Pino *et al* (2018), realizaron un modelo computacional mediante los Autómatas Celulares (Cell-DEVS) que describa la dinámica de transmisión de la Varicela en un grupo cerrado de personas donde se pueda propagar la enfermedad. Desde la perspectiva de la epidemiología matemática se tiene el modelo matemático SEIR de W. O. Kermack y A. G. McKendrick que representa la dinámica de la epidemia, en este caso la Varicela, donde se realizará las simulaciones computacionales tanto por los Métodos Numéricos como los Autómatas Celulares para analizar el desarrollo de la enfermedad. Respecto al modelo de autómatas celular. Se concluyó que, permite la apertura de un camino diferente para generar modelos computacionales que permitan brindar respuestas en

tiempo real de acuerdo a las reglas que describen la dinámica de la evolución de la enfermedad.

Barrantes et al. (2018), realizaron la simulación el efecto de la interdependencia y el contagio en las decisiones de compra y venta de los inversionistas en un mercado financiero de tipo Black-Schole, donde existen dos activos financieros: acciones (activo riesgoso) y bonos (activo libre de riesgo); y dos estados del inversionista: amante y averso al riesgo; bajo distintas probabilidades de contagio. Este fenómeno económico-financiero podría ser modelado por un sistema de ecuaciones estocásticas; sin embargo, no todas las ecuaciones estocásticas tienen una solución cerrada por lo que optan por realizar simulaciones computacionales para analizar su comportamiento numérico, en este sentido, realizaron una simulación computacional mediante los autómatas celulares. Concluyeron que, las simulaciones computacionales permiten una interpretación tiempo-espacio debido que se considera la interacción entre las células (agentes financieros) que están dentro del vecindario considerado.

1.2.3. Local

Yanqui (2018), planteo identificar los factores que repercuten en los parámetros poblacionales del modelo epidemiológico SEIR para el brote la epidemia causada por el virus AH1N1 en la población del distrito de Abancay, 2018. En la simulación se inició con 2 personas infectadas, luego del décimo día tuvo un crecimiento exponencial hasta alcanzar su máximo a los 22 días, luego de ello la curva decae rápidamente hasta tener un promedio menor a un infectado al día 50 que viene a ser el tiempo de permanencia de la enfermedad. Las muertes alcanzaron su máximo a los 23 días, los recuperados o inmunes supera 45000 personas y teniendo en cuenta que hay un total de 56135 habitantes en el año 2018, el número máximo de infectados superó a 6000 personas con un factor de 0.999162 de 6000 que desarrollaron la enfermedad.

CAPÍTULO II

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

2.1. Identificación del problema

La infección por COVID-19, declarada como pandemia por la Organización Mundial de la Salud (OMS) el 11 de marzo del 2020, presenta un número de casos notificados probablemente subestimado, dada la escasez o la falta de disponibilidad de equipos de pruebas en muchos países. En sus esfuerzos por reducir las multitudes, los países están adoptando medidas sin precedentes para mitigar la propagación exponencial de la COVID-19. Diversas son las recomendaciones realizadas sobre cuarentena de los casos positivos por COVID-19 y múltiples las instituciones que proporcionan indicaciones para estos casos (Abad, Sánchez, & Moreno, 2020).

La pandemia de COVID-19 está afectando gravemente la vida de miles de millones de personas en todo el mundo, la propagación de la infección sigue creciendo de manera constante, causando miles de muertes y una grave crisis socioeconómica (Ghosh & Bhattacharya, 2020). En Perú también se están realizando medidas para mitigar y frenar su impacto, pero esta nueva enfermedad, ha desnudado de manera cruda y real, la terrible situación sanitaria del Perú (Maguiña Vargas, 2020). Con respecto a la situación del COVID-19, en el Perú, al 15 de agosto del 2020, tenemos 516,296 casos de coronavirus y 25,852 fallecidos, 14,175 hospitalizados, 1,553 en Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) con ventilación mecánica (MINSA, 2020a), situación por más muy preocupante.

En ese sentido, para poder predecir la magnitud de epidemias y su comportamiento se hace uso de herramientas matemáticas que permiten crear modelos epidemiológicos determinísticos o estocásticos. Normalmente, la mayoría de los modelos matemáticos existentes para simular epidemias se basan en ecuaciones diferenciales ordinarias. Estos modelos tienen serios inconvenientes, ya que descuidan las características locales del proceso de propagación y no incluyen la susceptibilidad variable de los individuos. Específicamente, no logran simular de manera adecuada: i) los procesos de contacto individuales, ii) los efectos del comportamiento individual, iii) los aspectos espaciales de la propagación de la epidemia y iv) los efectos de los patrones de mezcla de los individuos (White, del Rey, & Sánchez, 2007).

Los autómatas celulares, por tanto, pueden superar estos inconvenientes y han sido utilizados en varias investigaciones como un método alternativo eficiente para simular la propagación de una epidemia (López, 2017). Por consiguiente, los autómatas celulares son una propuesta muy interesante que modelan el movimiento de los individuos y por todo lo expresado líneas arriba se permite hacer las siguientes interrogantes que se mencionan en el siguiente ítem.

2.2. Enunciado del problema

2.2.1. Problema general

¿El modelo basado en autómatas celulares probabilísticos permite simular la dinámica de la pandemia de COVID-19 en Perú?

2.2.2. Problemas específicos

- ¿Cuál es el comportamiento social e individual de la pandemia de COVID-19 en el territorio peruano?
- ¿Cuáles es el modelo basado en autómatas celulares probabilísticos cuyos parámetros poblacionales sea capaz de reproducir el comportamiento de la pandemia de COVID-19?
- ¿Cuál es el nivel de adaptabilidad del modelo basado en autómatas celulares probabilísticos con referencia al comportamiento del sistema epidemiológico de COVID-19?

2.3. Justificación

Desde el inicio de la pandemia de COVID-19, se han publicado diferentes modelos matemáticos epidemiológicos en China, Japón, Italia, y entre otros países de Sudamérica. Sin embargo, en la literatura no se han identificado modelos epidemiológicos basados en autómatas celulares de la pandemia de COVID-19 en Perú.

Estudiar la dinámica de la enfermedad COVID-19 como un sistema natural permite un mejor entendimiento de este proceso biológico, a través del estudio de los determinantes de la distribución y dinámica de esta enfermedad, se logrará contar con

el conocimiento necesario para mitigar y controlar el impacto que pueda tener sobre la salud y la economía en nuestro país.

Por tanto, surge la necesidad de un modelo preciso de esta enfermedad infecciosa que pueda predecirse con la ayuda de modelos cuantitativos, en este escenario los modelos de autómatas celulares constituyen una alternativa muy interesante, pues son uno de los modelos más antiguos de la computación natural. John von Neumann fue quien, inspirado en la biología, alrededor de 1940, intentó diseñar sistemas artificiales autoreplicables.

En simulaciones de sistemas reales, la aplicación de autómatas celulares se ha mostrado como una opción interesante, ya que puede representar un comportamiento emergente y su implementación es simple (Silva et al., 2019).

2.4. Objetivos

2.4.1. Objetivo general

Desarrollar un modelo de simulación de la dinámica de COVID-19 en territorio peruano basado en autómatas celulares probabilísticos.

2.4.2. Objetivos específicos

- Analizar la dinámica de la pandemia de COVID-19 en Perú.
- Proponer un modelo basado en autómatas celulares probabilísticos que sea capaz de reproducir el comportamiento de la dinámica de COVID-19.
- Simular el comportamiento dinámico del sistema epidemiológico de COVID-19.

2.5. Hipótesis

2.5.1. Hipótesis general

El modelo basado en autómatas celulares probabilísticos simula y predice adecuadamente el escenario de la dinámica de COVID-19 en territorio peruano.



2.5.2. Hipótesis específicas

- El modelo SEIR (Susceptibles, Expuestos, Infectados y Recuperados) representa adecuadamente el escenario de la pandemia de COVID-19 en Perú.
- El modelo de autómatas celulares probabilísticos basados en individuos es válido para reproducir el comportamiento de la pandemia de COVID-19.
- El modelo de autómatas celulares probabilísticos se adapta significativamente al comportamiento dinámico del sistema epidemiológico de COVID-19.

CAPÍTULO III

MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Lugar de estudio

La investigación se realizó en la región de Puno, el cual está ubicado al extremo sur este del Perú, entre los 13°00'00" y 17°17'30" de latitud sur y los 71°06'57" y 68°48'46" de longitud oeste del meridiano de Greenwich; cuenta con una extensión territorial de 71999,0 km² siendo la quinta región más grande en el ámbito nacional. El trabajo hace referencia a todo el territorio peruano, el mismo que se encuentra situado al medio de América del Sur, frente al océano Pacífico, entre los paralelos 0°2' y los 18° 21'34" de latitud sur y los meridianos 68° 39'7" y los 81° 20'13" de longitud.

3.2. Población

Los datos poblacionales fueron proporcionados por el Instituto Nacional de Estadística e Informática (INEI), según sus estimaciones y proyección al 30 de junio del 2019, el Perú tiene una población de 32,625,948 habitantes (INEI, 2020), lo cual representa el universo de este trabajo de investigación.

3.3. Muestra

La muestra está definida por los casos de COVID-19 confirmados por el Ministerio de Salud (MINSA), considerando que, el primer caso confirmado de coronavirus en el Perú fue anunciado por el Presidente de la Republica el 06 de marzo del 2020 y con los reportes diarios de su web al 31 de diciembre del 2020 (MINSA, 2020b), se tuvo una muestra de 301 días con un total de casos confirmados de 1,017,199 habitantes.

3.4. Método de investigación

Según el enfoque de investigación es cuantitativo, el diseño es no experimental con datos de páginas oficiales de organismos gubernamentales (OMS, MINSA e INEI) y el tipo de investigación es correlacional cuyo propósito es describir variables y analizar su

incidencia e interrelación en un momento dado (Hernández, Fernadez, & Baptista, 2010).

3.4.1. Metodología

Los modelos basados en redes sociales son utilizados generalmente para la simulación y validación de los sistemas sociales reales mediante el uso de datos. Pero la mayoría de estos modelos de redes sociales se construyen para estudiar las características estadísticas de la población y del modelo, como el grado de distribución, coeficiente de agrupamiento, y la estructura de la comunidad, entre otras, teniendo poca consideración de la dinámica evolutiva de los actores involucrados, que son la base de las redes sociales y también un importante tema de investigación (López, 2017). En la presente investigación se implementa un modelo de individuos basado en Autómatas Celulares probabilísticos con el que se pueda analizar y simular la dinámica de la pandemia COVID-19 en el Perú, así mismo el modelo epidemiológico desarrollado es el modelo SEIR. La metodología se desarrolló de la siguiente forma:

1. Análisis del modelo epidemiológico: En esta primera etapa se describe el curso de la pandemia COVID-19 a través del modelo SEIR.
2. Definición del modelo basado en autómatas: Se define como un modelo matemático que realiza cálculos en forma automática sobre una entrada para producir una salida. El cual consta de un alfabeto, un conjunto de estados y un conjunto de transiciones entre estados. Formalmente, un autómata de estados finitos determinista puede definirse con un quintupla de la forma $A = (Q, \Sigma, \delta, q_0, F)$ esta define la progresión de la enfermedad infecciosa COVID-19 a través de los diferentes estados que experimenta el individuo desde que es Susceptible, Expuesto, Infeccioso y Recuperado.
3. Determinación de reglas: Las reglas que describirán el modelo propuesto mediante los autómatas celulares podrán ser formalizadas de tal manera que al representarlos en el respectivo algoritmo sea interpretado en MATLAB para realizar la respectiva simulación computacional. Hay que tener en cuenta que las consideraciones del modelo expresadas en la anterior subsección serán formalizadas de manera objetiva.

4. Determinación de parámetros: Los parámetros del modelo son estimados a partir de la revisión de trabajos de investigación y reportes del MINSA y OMS recopilado sobre las características epidemiológicas del COVID-19.
5. Implementación del autómata celular: El primer paso en la implementación de una red de autómatas celulares es la selección de la geometría específica para la trama o topología en este caso topología cuadrada. La definición de un autómata celular requiere que la trama sea regular. Una vez determinada la trama, debemos escoger una vecindad en la que las células puedan obrar recíprocamente. El segundo paso corresponde al movimiento espacial entre vecinos, en el que cada autómata calcula la suma de migraciones desde y hacia cada celda de su vecindad, definida como de Moore. Estos eventos pueden ocurrir con una probabilidad asociada a cada uno en cada paso de tiempo. En este modelo se incorporan parámetros probabilísticos como la probabilidad de infección, la probabilidad de recuperación y la probabilidad de muerte.
6. Simulación: Para la simulación del modelo computacional se desarrolló una implementación del Autómata Celular en MATLAB (MathWorks, 2019) el cual fue seleccionado por ser un lenguaje orientado a objetos y que proporciona las capacidades gráficas de visualización que requiere la matriz celular, el script (Covid_AC.m) desarrollado para el simulador consiste en dos módulos. Módulo de simulación donde se establecen los parámetros y se puede observar la dinámica de la epidemia y el módulo de análisis donde se observa la serie de tiempo, morfología y status de progresión del modelo SEIR. El hardware utilizado para el proceso de experimentación es el siguiente: Sistema operativo Windows 10 Pro de 64 bits, procesador Inter Core i5, RAM de 8 GB y tarjeta gráfica Intel HD Graphics 3000.
7. Validación: Es la etapa más importante en el proceso de construcción del autómata celular. Se utilizan dos metodologías para llevar adelante este proceso. Primero se utilizan los métodos gráficos que, ilustran una amplia gama de aspectos complejos de la relación entre el modelo y los datos observados y en segundo lugar, los métodos numéricos ilustran de forma precisa aspectos particulares de la relación entre el modelo y los datos observados. Los métodos numéricos para la validación

de un modelo revelan un número único o resultado que representa el grado de confiabilidad del mismo. El modelo se validó numéricamente mediante el criterio de información de Akaike (AIC), que proporciona una medida de la calidad del modelo teniendo en cuenta la precisión y la complejidad del mismo.

3.5. Descripción detallada de métodos por objetivos específicos

3.5.1. Análisis de dinámica de la pandemia de COVID-19

Se realizó el análisis del modelo propuesto considerando el compartimento de letalidad, relacionado con la muerte por infección viral. Al hacerlo, el tamaño de población total constante N se subdivide en cuatro clases epidemiológicas: clase susceptible (S), clase expuesta (E), clase sintomática e infecciosa (I) y clase de recuperación (R). El modelo propuesto es SEIR. Luego se realiza el modelado de la transmisibilidad de individuos a través de un diagrama de estados finitos, así mismo la matriz de transición de estados las cuales son probabilidades que derivan de los parámetros del modelo.

3.5.2. Propuesta de modelo basado en autómatas celulares probabilísticos

Una vez determinado el diagrama de estados y la matriz de transición de probabilidades cuyo análisis permitió apreciar que las modificaciones introducidas afectan el comportamiento individual, que fue modelado a través de una red de contactos implementada como un autómata celular y el estado epidémico que fue modelado a través de un autómata probabilístico de estados finitos.

3.5.3. Simulación del comportamiento dinámico de sistema epidemiológico de COVID-19

La simulación computacional a través del software MATLAB permite conocer el comportamiento de la pandemia en el tiempo. Realizamos las simulaciones en una cuadrícula de 100 x 100 celdas para el caso de visualización de la dinámica, tomando en cuenta los parámetros del modelo y la distribución espacial inicial de los individuos susceptibles se considera uniforme con el supuesto de que en la etapa inicial toda la



población es susceptible. A partir de una fuente inicial que consiste en individuos infectados colocados en ubicaciones aleatorias con el estado inicial de cada una de estas células infectadas, se realizan simulaciones considerando la vecindad de Moore con $r = 1$. Estos resultados se comparan con los datos reales obtenidos de varios informes publicados por el MINSA.

CAPÍTULO IV

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Análisis de dinámica de la pandemia de COVID-19

Dentro del análisis de la dinámica de la pandemia de COVID-19, cuyo propósito es el control de la enfermedad, depende de varios factores entre estos, el conocimiento real de la enfermedad y del uso de dichos conocimientos en la toma de decisiones. Entonces, conocer los tiempos de contagio, el número de infectados, la velocidad de propagación, entre otros, es un ejercicio necesario para pronosticar la progresión de la enfermedad. El problema con la pandemia debido a la enfermedad por coronavirus (COVID-19) es que dicha información se está generando continuamente y las decisiones se basan en supuestos con mucha incertidumbre (Huamani et al, 2020).

Así mismo, Sacasa (2020), indica que como en la mayoría de los países del mundo, en Perú los casos diagnosticados de COVID-19 van en aumento. El estado peruano tomó medidas rápidas para controlar la pandemia; sin embargo, tomado como la dinámica de la enfermedad en otros países, incluso en aquellos que han respondido de forma más temprana, indican que los días más difíciles están aún por venir, y no solo en cuestiones de salud. Aunque cerca del 80% de los casos se concentran en Lima, las capacidades del Estado para el diagnóstico y tratamiento están aún por desarrollarse en el territorio.

Respecto a las diferentes intervenciones que se hicieron para prevenir la propagación del COVID-19 en el Perú, (Pino Romero et al., 2020) menciona las siguientes: la cuarentena total, el toque de queda en las noches, reducción de actividades económicas no esenciales que implicaban la aglomeración de personas, así como todo tipo de actividades culturales, recreativas y sociales. Paralelamente a estos esfuerzos, las matemáticas también jugaron y juegan un papel clave en la lucha contra el COVID-19 al orientar la toma de decisiones relacionadas a las medidas de control y prevención.

A partir de la revisión de trabajos de investigación, reportes del MINSA e informes del OMS, se recopiló información sobre las características epidemiológicas del COVID-19 en el territorio peruano, el tiempo de exposición y los cronogramas de enfermedad de los casos que se habían informado hasta el 31 de diciembre de 2020. A continuación, se

realiza una descripción del modelo epidemiológico SEIR y la determinación de los parámetros del modelo.

4.1.1. Modelo epidemiológico estocástico SEIR

Lo primero que se tuvo en cuenta a la hora de plantear un modelo epidemiológico fueron las características de la enfermedad COVID-19 en Perú. Estudiando cuántos y cuáles son los compartimentos en los que se clasifica la población en plena pandemia.

La COVID-19 se ajusta a un modelo SEIR, es decir, una persona o individuo puede pasar por cuatro estados diferentes:

$S \rightarrow$ Susceptible: La persona es susceptible de contraer la enfermedad.

$E \rightarrow$ Expuesto: El individuo ha contraído la enfermedad (infectado), pero no tiene síntomas ni puede contagiar, se encuentra en el periodo de incubación y después pasara al estado I (Infeccioso).

$I \rightarrow$ Infeccioso: La persona empieza a desarrollar síntomas y puede contagiar a otras personas, el periodo medio en este estado se puede ver modificado por las medidas de control. Tras este periodo el individuo pasa automáticamente a clasificarse como hospitalizado.

$R \rightarrow$ Recuperado: El individuo ha sobrevivido al virus, no es contagioso y no puede contraer la enfermedad de nuevo pues ha desarrollado inmunidad natural.

En cuanto a las características de la epidemia COVID-19 en las regiones del Perú, Vergara et al. (2020), precisan que, como cualquier epidemia provocada por un virus, son tres fundamentalmente, se transmite por contacto entre personas, tienen un periodo de desarrollo de la infección y al final del periodo el infectado si no fallece se cura; mientras no se demuestra lo contrario, además para efectos de su trabajo suponen que la cura de COVID-19 genera inmunidad y también cumpla con los supuestos del modelo básico epidemiológico SIR.

4.1.2. Determinación de los parámetros del modelo

Para determinar los parámetros que se tomaron en cuenta se basan en la literatura más actualizada identificada. Los parámetros están destinados a reflejar los patrones de transmisión COVID-19 (fases y períodos) presentados en la Figura 13 a continuación.

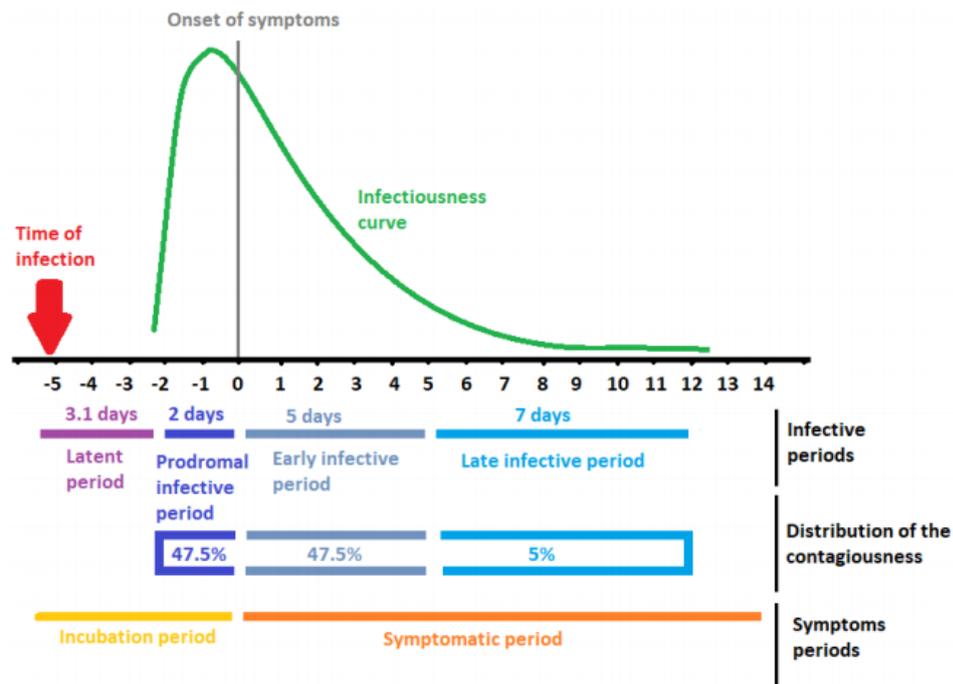


Figura 13. Período de transmisión de Covid-19.

Fuente: OPS (2020).

Según el Organismo Panamericano de la Salud (OPS, 2020), los parámetros para diferentes períodos son los siguientes:

- Período prodrómico: 2 días.
- Período infeccioso temprano: 5 días.
- Período infeccioso tardío: 7 días.
- Hospitalización: 14 días.
- Admisión en la UCI: 21 días.

Para los fines de aplicación en el modelo, se denota y resume del siguiente modo:

- λ : Período de latencia o incubación
- θ : Período de infección
- ν : Tamaño de la vecindad (vecindad de Moore $\nu = 1$).

Después de haber definido nuestras poblaciones epidemiológicas y analizar los patrones de transmisión del COVID-19, determinamos las tasas epidemiológicas para la formalización del modelo SEIR. Los parámetros considerados (tasas epidemiológicas) son extraídos del Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades del (MINSA, 2020b) que brinda un resumen de la situación actual del país al 31 de diciembre:

Tabla 1

Resumen de la situación del COVID -19 en el Perú: Corte al 31 de diciembre del 2020, 22:00 hrs.

Parámetro	Valor	Símbolo
Total de personas muestreadas	5,537,730	
Población contagiada	1,017,199	
Población fallecida	37,724	
Población recuperada	954,982	
Población Total	32,625,948	N
Tasa de contagio	18.36%	β
Tasa de latencia o incubación	90.00%	ϕ
Tasa de recuperación	93.88%	γ
Tasa de letalidad	3.70%	

Fuente: (MINSA, 2020b) (INEI, 2020)

Donde:

$$\text{Tasa de contagio: \% Positividad} = \left(\frac{\text{Casos positivos}}{\text{Pruebas realizadas}} \right) \cdot 100$$

De la revisión inicial de la dinámica de transmisión y las características epidemiológicas del COVID-19. Nuestro resumen proporciona parámetros importantes para proponer el modelo basado en autómatas celulares, con los cuales se realizó las simulaciones de la dinámica del COVID-19 en el país y finalmente nos permite evaluar el impacto de las medidas de control y predicciones de la futura propagación de la infección.

Al respecto, Munayco et al. (2020), estiman el potencial de transmisión temprana del SARS-CoV-2 en Lima, Perú, sus hallazgos apuntan a la transmisión sostenida de SARS-

CoV-2 en la fase temprana del brote, con una estimación del número de reproducción medio aproximadamente a 2.3. La epidemia de COVID-19 en Lima siguió una tendencia de crecimiento exponencial temprano, que se desaceleró y se convirtió en una tendencia de crecimiento casi lineal ($p < 0.5$), al parecer esto debido a las intervenciones de distanciamiento social a gran escala implementadas por el gobierno, lo que destaca la necesidad de continuar con el distanciamiento social, la búsqueda activa de casos, el aislamiento rápido, el rastreo de contactos y los esfuerzos de cuarentena para mitigar la transmisión de enfermedades en la región.

En otros resultados, Shenzhen, en el sureste de China, analizaron la efectividad de varias estrategias para prevenir la infección por COVID-19, para este análisis utilizaron el modelo SEIR basado en agentes. Descubrieron que, acortar la duración desde el inicio de los síntomas hasta la admisión al hospital, poner en cuarentena a los recién llegados de la provincia de Hubei y permitir que las personas sintomáticas se queden en casa son las tres intervenciones más importantes para reducir el riesgo de infección en Shenzhen (Zhang et al., 2020).

4.2. Propuesta de modelo Epidemiológico basado en autómatas celulares probabilísticos

4.2.1. Diagrama de estado del modelo SEIR

La figura 14 describe mediante un diagrama de grafos del modelo propuesto, tomando en cuenta la dinámica de la enfermedad, es decir, el comportamiento social la cual es modelada a través de un autómata probabilístico de estados finitos.

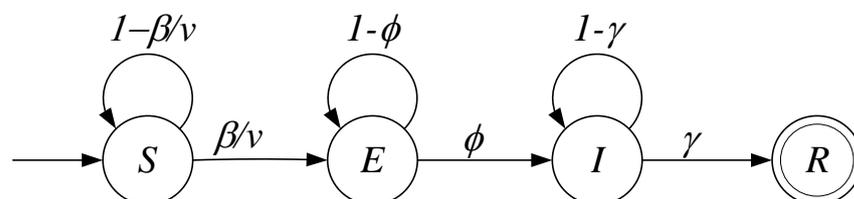


Figura 14. Grafo de estados de transición del autómata que modela el estado epidemiológico.

El movimiento de los individuos en la malla de contactos determina de manera directa la estructura de la malla encada instante de tiempo t , siendo la conexión de los nodos en la malla de contactos unidireccional.

Tabla 2
Matriz de transición $W = [w_{ij}]$

	S	E	I	R
S	$1 - \beta/v$	β/v	0	0
E	0	$1 - \phi$	ϕ	0
I	0	0	$1 - \gamma$	γ
R	0	0	0	0

Las probabilidades de transición de estados derivan del resumen de la situación del COVID -19 en el Perú al 31 de diciembre del 2020. Estos parámetros son deterministas en el modelo, pero como resultado de una agregación probabilística de los individuos bajo la hipótesis de una población bastante grande. La distribución inicial de los individuos en la malla es al azar, cumpliendo con la hipótesis de distribución homogénea.

El modelo permite explorar diferentes comportamientos espaciales para los individuos así como el número de individuos, y entre estos, el proceso de contagio se efectúa entre los individuos infecciosos (sintomáticos y asintomáticos) y los susceptibles que se encuentren dentro de la vecindad definida como zona de influencia de los individuos infecciosos. La infección es también probabilística y esta relacionada con el parámetro correspondiente del modelo. Para el estudio, la malla usada para la construcción del autómata celular es de tipo cuadrada, y la vecindad es de tipo Moore, con un tamaño $v = 1$. La condición de frontera es fija, con un contorno compuesto por celdas vacías no interactuantes.

4.2.2. Reglas

Antes de establecer las reglas, es preciso mencionar que, el modelo epidemiológico que se propone y analiza, se supone que la población se encuentra distribuida en diferentes celdas (células), cada uno de los cuales representa un individuo sobre el que se va

propagar la epidemia, y el grafo asociado al autómata celular representa la dinámica de los estados de la enfermedad. Por tanto, Martín del Rey (2009), para este tipo de modelos plantea las siguientes suposiciones:

- i) El número total de individuos en el espacio celular permanecerá constante a lo largo del tiempo. Es decir, no tiene en cuenta ni los nacimientos, ni las muertes, ni los procesos migratorios.
- ii) Principio de acción de masas: se supone que la vía de contagio de la enfermedad es directa, es decir, se realiza mediante el contacto físico o la proximidad a menos de un metro entre el individuo infectado y el individuo susceptible.
- iii) Finalmente, teniendo en cuenta los dos ítems anteriores, consideramos que los individuos se podrán desplazar y permanecer de un estado a otro estado en cada paso de tiempo.

Mikler et al (2005), describen las reglas que determinan las transiciones de estado de las celdas individuales en el autómata celular para el modelo SEIR:

- 1) Una célula cambia su estado de susceptible a expuestos ($S \rightarrow E$) cuando entra en contacto con una célula infectada en su vecindad definida. La probabilidad de adquirir la enfermedad de un vecino infectado es función de la infectividad β . La celda permanece en estado latente durante el número de pasos de tiempo (actualizaciones) según lo definido por el parámetro latencia λ .
- 2) El estado de la célula cambia de expuesto a infeccioso ($E \rightarrow I$) después de estar en el estado E para un λ dado. En nuestro modelo, asumimos que cada célula expuesta al patógeno se volverá infecciosa. En el estado I , las células pueden transmitir la infección a las células vecinas. Por ejemplo, para una enfermedad D , con $\lambda = 2$ unidades, la célula entrará en el estado infeccioso I después de dos pasos de tiempo de exposición inicial.
- 3) Después del período infeccioso θ , la célula cambia su estado de infeccioso a recuperado o eliminado ($I \rightarrow R$). Una vez que la célula entra en el estado R , la célula ya no es capaz de transmitir la infección.
- 4) Desde el estado R , el estado de la célula cambia de nuevo a S susceptible para el modelo SEIRS o permanece en el estado R , para el SEIR, lo que significa inmunidad completa.

4.2.3. Implementación del autómata celular

En primer lugar, definiremos el número correspondiente a cada variable de nuestro modelo computacional. De tal forma, será más sencillo conocer la interacción de las poblaciones.

Tabla 3

Notación de las sub poblaciones en la malla poblacional.

Número	Sub población	Color de celda
0	Individuo Susceptible	
1	Individuo Expuesto	
2	Individuo Infectado	
3	Individuo Recuperado	

Fuente: Elaboración propia

Se considero una malla cuadrangular de 100×100 (10000 células) para el análisis gráfico, que se ubican dentro de todo el territorio considerado para la simulación computacional mediante Autómatas Celulares.

Tabla 4

Reglas de transición del modelo computacional SEIR con autómata celular.

Regla	Estado inicial	Regla de transición	Estado Final
1	0	$(0,0) = 0 \wedge \#(2) = 0$	0
2	0	$(0,0) = 0 \wedge \#(2) \geq 1$	1
3	1	$(0,0) = 1 \wedge \lambda \leq 2$	1
4	1	$(0,0) = 1 \wedge \lambda > 2$	2
5	2	$(0,0) = 2 \wedge 5 \leq \theta \leq 12$	2
6	2	$(0,0) = 2 \wedge \theta > 12$	3
7	3	$(0,0) = 3$	3

Fuente: Elaboración propia.

Donde:

$(0,0)$: Celda en estado inicial de evaluación $t = 0$.

$\#(2)$: número de vecinos infectados.

En la tabla 4, las reglas se definieron para representar la dinámica de transición de los diferentes estados de las células (en nuestro caso, representan estado del individuo y la transmisión de la enfermedad) son las siguientes donde se considera el proceso de contagio y el periodo latente de la enfermedad.

Por tanto, el estado epidémico queda definido como una máquina de Moore estocástica mediante la quintupla de la forma $A=(Q,\Sigma,\delta,q_0,F)$, donde $Q = \{S, E, I, R\}$, es el conjunto finito de estados, comprende cuatro estados: S (susceptible), E (expuesto), I (infeccioso sintomático y asintomático) y R (recuperado). Σ es el conjunto de entrada (números reales). Un individuo únicamente recibe una entrada no nula cuando se encuentra en estado S , emitida por otro en estado I , cuando el receptor se encuentra dentro de la vecindad del emisor. δ es la función de transición de estados, aplicada sobre el estado activo en la iteración k , decide probabilísticamente el estado activo en la iteración $k + 1$. El estado inicial o estado de salida q_0 , depende de la tasa de infección (β) del autómatas, si éste se encuentra en estado I , dicha tasa es no nula.

La función se aplica en la propuesta de los siguientes modelos:

- 1) **Modelo clásico:** correspondiente al cambio de estados por infección y recuperación.
- 2) **Modelo propuesto:** correspondiente al modelo basado en individuos móviles. Se considera una probabilidad de movimiento de individuos o viajeros de 2%.

Con respecto a los modelos epidemiológicos, (Sharma & Gupta, 2017) analizaron la propagación de enfermedades epidémicas a través del modelo SEIR con retraso de tiempo basado en autómatas celulares bidimensionales. El retraso de tiempo correspondiente al período infeccioso, predominantemente, incluye la muerte durante el período de latencia en el curso de la infección. Para reflejar una dinámica de población más realista, consideran algunos parámetros estocásticos como el movimiento de la población, al igual que nuestro estudio considera la importancia del movimiento de individuos. También se examina la influencia de parámetros importantes que afectan la dinámica de la enfermedad en el número de reproducción básico.

4.3. Simulación de la dinámica de COVID-19

Se presenta las condiciones iniciales de la población en la malla, donde la ubicación será el comienzo de la simulación y determinará el futuro de la propagación en tiempo y espacio. La interacción de cada célula depende de su vecindario y de las condiciones determinadas por las reglas del modelo expresadas en la tabla 4 con lo cual se irá propagando la enfermedad. El software utilizado para la simulación es el Matlab con los algoritmos descritos en el Anexo 1.

Condiciones iniciales

- Población susceptible : $S(0) =$ definido en cada modelo.
- Población de expuestos : $E(0) = 0$
- Población de Infectados : $I(0) = 1$
- Población de recuperados : $R(0) = 0$

Se define como G_t a la cantidad total de celdas en la malla y como S_i , E_i , I_i y R_i , al número inicial de individuos en cada estado en la malla (siendo su suma igual a G_t y no a la población total).

Las reglas consideradas en la Tabla 4, delimita la información que se tiene sobre la enfermedad de manera especializada, es decir, la información que se tiene sobre el modo de contagio, el periodo latente y el tiempo de recuperación se tomaron de la referencia del periodo de transición del COVID-19 descrito por el OPS (ver Figura 12).

- Periodo de latencia : $\lambda = 5$ días (comúnmente)
- Periodo de Infección : $\theta = 12$ días (5 a 12 días)
- Periodo de recuperación : Siempre (Recuperados poseen inmunidad)
- Probabilidad de movimiento de individuos: 2%

El comportamiento individual de los autómatas se modela del diagrama de estados finitos (ver Figura 13), los cambios de estado están sujetos a los pesos w_{ij} de la matriz de transición W , periodos de las fases epidemiológicas y las probabilidades de

ocurrencia del evento asociado de forma aleatoria en el rango de $[0, 1]$ usando distribución uniforme.

El algoritmo 1 del Anexo 1, describe en términos generales el proceso epidemiológico, donde para cada iteración k la dinámica temporal del modelo se define a través de un triplete: Inicialización de condiciones, mecanismo de transición en la que la sección extraída es actualizada y finalmente es remplazada en la malla G . Así mismo, en el Anexo 1 se describe cada uno de los pasos del algoritmo 1 en forma más detallada.

4.3.1. Propagación del COVID-19 sin individuos móviles

La simulación mediante el modelo de autómatas celulares permitirá visualizar la propagación de la pandemia considerando el tiempo y el espacio. Es importante tomar en cuenta la posición inicial de algún posible infectado, y el impacto que podría generar en su entorno. Primeramente, visualizamos el caso con el primer infectado en Perú, el cual se registró el 6 de marzo del 2020. El estado inicial determina donde comenzará la simulación para analizar la evolución de la enfermedad.

Desde este escenario se puede analizar cómo se desarrolla en el tiempo y en el espacio la transmisión de la enfermedad del COVID-19 donde se ha considerado únicamente el contacto de individuos infectados y susceptibles para que se pueda generar el contagio, además los individuos en este modelo no pueden realizar movimiento, es decir modelo clásico.

Solo con el propósito de visualizar gráficamente la propagación de la enfermedad a través del autómata celular, planteamos una malla de 100×100 lo que nos da una población total de susceptibles de 10000 individuos.

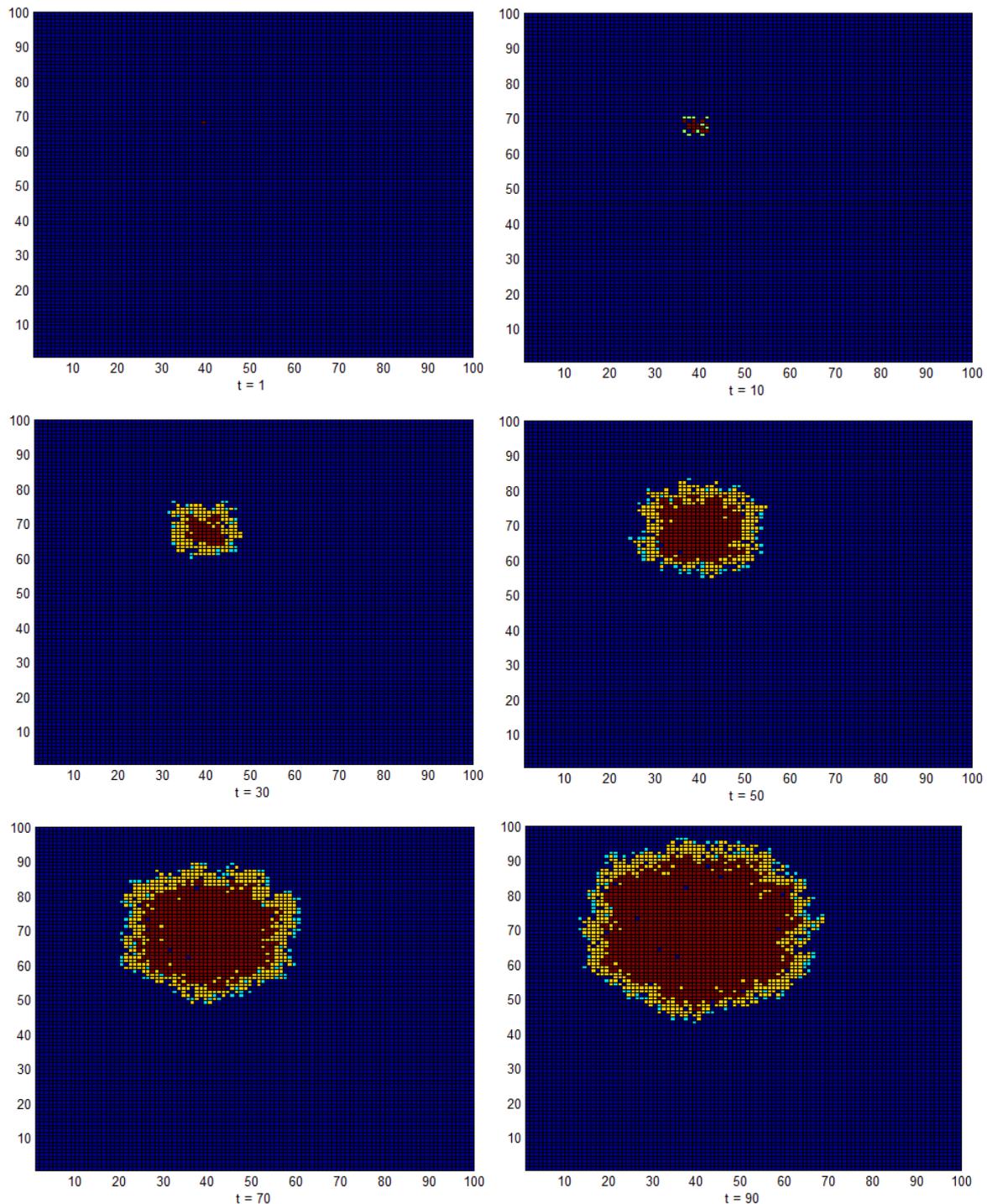


Figura 15. Propagación de la epidemia COVID-19 sin individuos móviles, desde el primer caso: 6 de marzo del 2020 con una vecindad de Moore $\nu = 1$, periodo de 90 días.

La Figura 15 muestra el desarrollo de la simulación donde se puede apreciar la evolución de las subpoblaciones epidemiológicas mediante su interacción. Es importante mencionar que, para esta simulación no se toma en cuenta el factor de movimiento de individuos o viajeros, por lo cual, se visualiza un brote localizado y compacto que crece paulatinamente hasta los 90 días. Aclaramos que el modelo no toma en cuenta los casos

de reinfección, además dentro de los casos recuperados el modelo SEIR considera las defunciones por la enfermedad.

A continuación, realizamos el análisis de la dinámica de la propagación de infección a través del modelo basado en autómatas celulares estocásticos, como menciona López (2017), el comportamiento individualizado que nos proporcionan estos modelos de cada una de los individuos sería de gran utilidad a la hora de trazar la dinámica de una infección una vez ocurrida y a partir de ello sacar conclusiones. Es más, se podrían tener predicciones en tiempo real y en los primeros estados de una epidemia y simular medidas de control evaluando de esta manera su impacto.

Se desarrollaron tres modelos SEIR sin considerar el movimiento de individuos, lo que es equivalente a tomar medidas de contención y son los siguientes:

- **Modelo 1:** malla de 100×100 , con densidad poblacional de 10000 individuos.
- **Modelo 2:** malla de 200×200 , con densidad poblacional de 40000 individuos.
- **Modelo 3:** malla de 500×500 , con densidad poblacional de 250000 individuos.

La Figura 16 muestra la dinámica de propagación para una densidad poblacional propuesta de 10000 individuos y poder contrastarlo con los datos reales que se tiene de la pandemia y las directrices que brinda la OMS. Para este estudio se toma en cuenta 90 días de pandemia, desde el 6 de marzo hasta el 3 de junio del 2020. Con los datos simulados para el modelo 1 se gráfica la evolución temporal de los componentes SEIR como se muestra en la figura 16.a, el número de infectados presenta un pendiente de crecimiento paulatina alcanzando un máximo de infectados (I) de 525 con un promedio de 223.5 individuos (ver Tabla 5) a los 90 días y del mismo modo los casos de expuestos (E) y recuperados (R), a la vez que los casos de susceptibles (S) decrecen lentamente. Para tener un panorama más claro, con respecto a los casos de infectados, la Figura 16.b permite evaluar de forma sencilla y directa con los datos reales, en esta se observa que, al día 30 los datos simulados se ajustan al número de infectado reales y a partir de este, los datos reales presentan un crecimiento exponencial y por el contrario los datos simulados mantienen la pendiente de crecimiento muy por debajo de los reales.

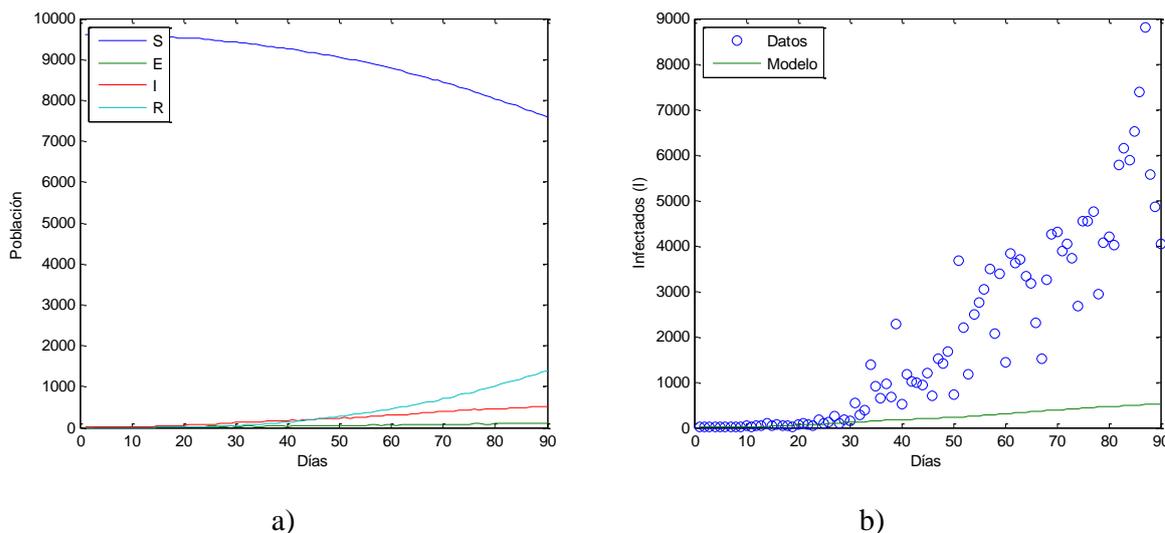


Figura 16. Dinámica de la propagación de infección sin movimiento de individuos para modelo 1, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día.

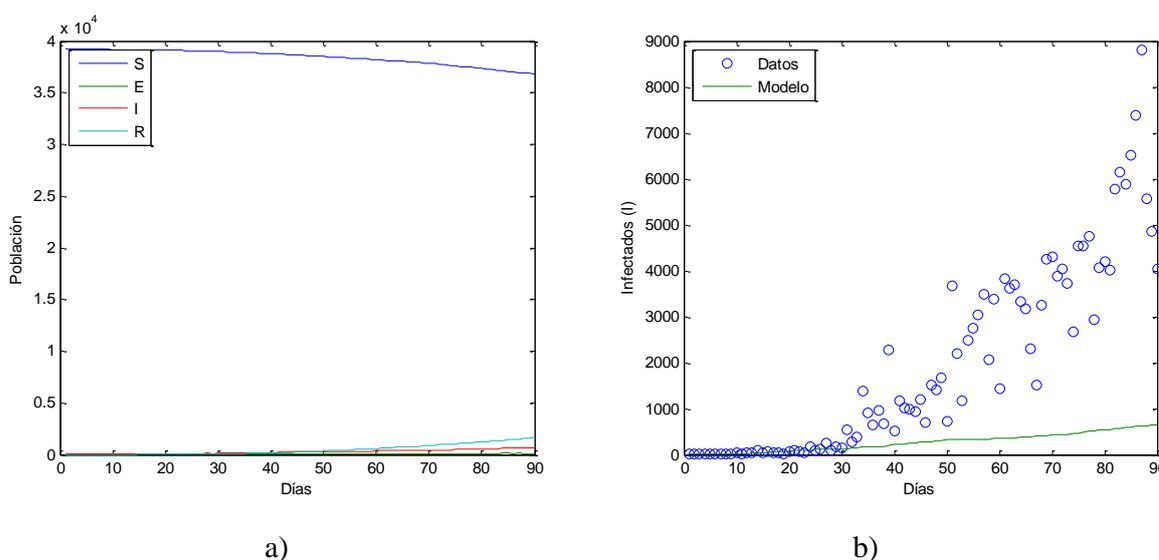


Figura 17. Dinámica de la propagación de infección sin movimiento de individuos para modelo 2, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día.

Al incrementar la densidad poblacional a 40000 y 250000 para los modelos 1 y 2 respectivamente, los cuales se pueden observar en las Figuras 17 y 18. La evolución de los componentes parece no verse influenciado por el incremento de la densidad poblacional, puesto que mantienen su pendiente de crecimiento, así como el máximo número de infectados y promedio, al día 90 de la pandemia tal como se muestra en la Tabla 5.

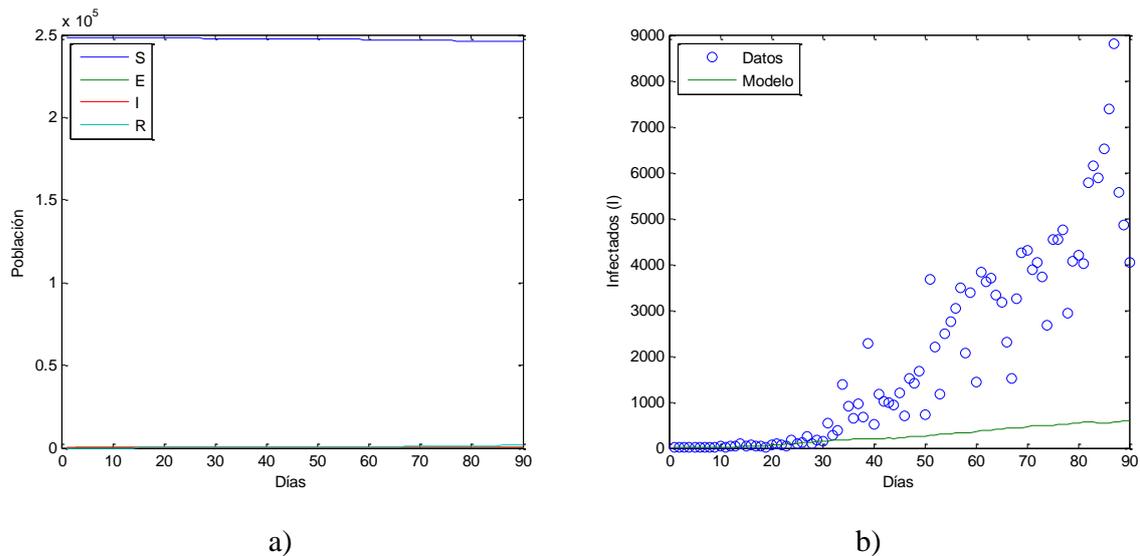


Figura 18. Dinámica de la propagación de infección sin movimiento de individuos para modelo 3, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día.

Como se pudo analizar, en las Figuras 16, 17 y 18 la aproximación realizada sin considera el movimiento de los individuos en la malla, permitió realizar aproximaciones muy cercanas al comportamiento poblacional real que se tiene en cuanto a la pandemia únicamente hasta el día 30. De esta forma el modelo SEIR para diferentes densidades poblacionales se ajusta y modela en un corto plazo la dinámica de la pandemia en el país.

Tabla 5

Estadísticos descriptivos del número de infectados sin individuos móviles por densidad poblacional.

Datos	Densidad poblacional	Mínimo	Máximo	Total acumulado	Media \bar{x}	Desviación estándar s
Real	32,625,948	1	8805	178914	1987.9	2078.9
	10,000	1	525	20118	223.5	166.4
Modelo	40,000	1	640	24059	267.3	193.9
	250,000	1	594	23582	262.0	192.7

Fuente: Elaboración propia.

La tabla de estadísticos descriptivos del número de infectados que se presenta permite analizar la evolución de los datos reales y los modelos planteados, en el cual se puede apreciar claramente que el número máximo de infectados alcanzado en un día al 3 de junio en el país es de 8805 individuos, con un promedio de 1987.9 infectados por día.

En cambio, en los modelos planteados el número máximo de infectados por día es muy bajo con 525, 640 y 594 para los modelos 1, 2 y 3 respectivamente, sin presentar diferencias significativas en sus promedios. Estos resultados nos llevan a concluir a partir del análisis gráfico y estadístico que para los modelos implementados sin considerar movimiento de individuos están muy lejos de ajustarse a la dinámica de la pandemia de COVID-19 en el país.

Considerando al modelo clásico como una medida de confinamiento, es decir sin movimiento de individuos, no presenta el crecimiento exponencial, al contrario, presenta una tendencia lineal con un incremento constante de infectados menor a de los datos reales, con lo cual podemos indicar que medidas de confinamiento controladas estrictamente reducen el incremento de infectados, sin que la densidad poblacional sea un factor determinante. Al respecto, Espinola-Sánchez et al. (2020) analizaron la evolución de la pandemia COVID-19 estimando el efecto de las medidas de contención realizadas en Perú, a lo cual concluyeron que estas medidas son necesarias, siempre y cuando se consideren estrategias que permitan hacer efectivo su rol en la población.

También, Bravo-Salgado et al. (2019), concluyen que el modelo computacional propuesto permite simular la propagación de un agente infeccioso en ambientes homogéneos con lo que se visualiza la dinámica de un brote epidemiológico con diferentes parámetros y diferentes estrategias de vacunación. A si mismo se facilita la observación y estudio de diferentes morfologías en epidemias específicas dados ciertas condiciones y parámetros iniciales, ayudando a platear umbrales de vacunación sobre una población afectada.

Del mismo modo, Annas et al. (2020) en su estudio de simulación numérica del modelo SEIR para la propagación de la pandemia de COVID-19 en Indonesia, consideraron factores de vacunación y aislamiento como parámetros del modelo, los resultados mostraron que la vacuna puede acelerar la curación del COVID-19 y el aislamiento (sin movimiento de individuos) puede ralentizar la propagación del COVID-19.

4.3.2. Propagación del COVID-19 con individuos móviles

En vista a los resultados analizados en la sección anterior, la cual presentaba un ajuste a corto plazo, ahora incluiremos en los modelos el movimiento de individuos o viajeros que también se puede indicar que realizaremos un análisis de la dinámica de pandemia de Covid-19 sin medidas de confinamiento.

En la Figura 19 realizamos simulaciones en una vecindad o malla homogénea de 100×100 celdas que hacen un total de 10000 individuos susceptibles para el modelo, en donde la determinación del primer infectado ($t = 1$) se realiza aleatoriamente y muestra la zona de interés en la condición inicial, donde las manchas azules indican los individuos susceptibles. Es importante recordar que para esta simulación la tasa del factor de movimiento se mantiene en 2% y el tamaño de la vecindad de Moore es de 1, por tanto, se mantienen las demás condiciones epidemiológicas del vecindario.

Diez días ($t = 10$) después del primer Infectado en el país, se observa el crecimiento de las personas expuestas e infectadas de forma focalizada y compacta, ya para el periodo $t = 30$ se observa la diseminación de los infectados en cuatro partes de la malla distribuidas aleatoriamente, siendo el brote inicial el de mayor tamaño. Así mismo, observamos la influencia del factor de movimiento de individuos en el crecimiento del número de infectados para el periodo $t = 50$. A los 70 días los casos de infectados de manchas amarillas se han incrementado notablemente casi a toda la población de la malla, así como los caso de recuperados de color rojo. Finalmente, en el periodo de 90 días se observa que casi en su totalidad la población de la malla esta recuperada con algunos casos de infectados en vías de recuperación.

Al respecto, López (2017) indica que, cuando se limita el área de influencia de los individuos infectados el movimiento aleatorio de los mismos contribuye a la distribución homogénea de la población en el espacio de los contactos, tal como se visualiza en la figura 19 y esto hace que incremente la probabilidad de contacto entre los individuos susceptibles e infecciosos y por lo tanto, aumenta la probabilidad de contagio y al mismo tiempo menciona que, otro factor determinante en este aspecto es el radio de la vecindad.

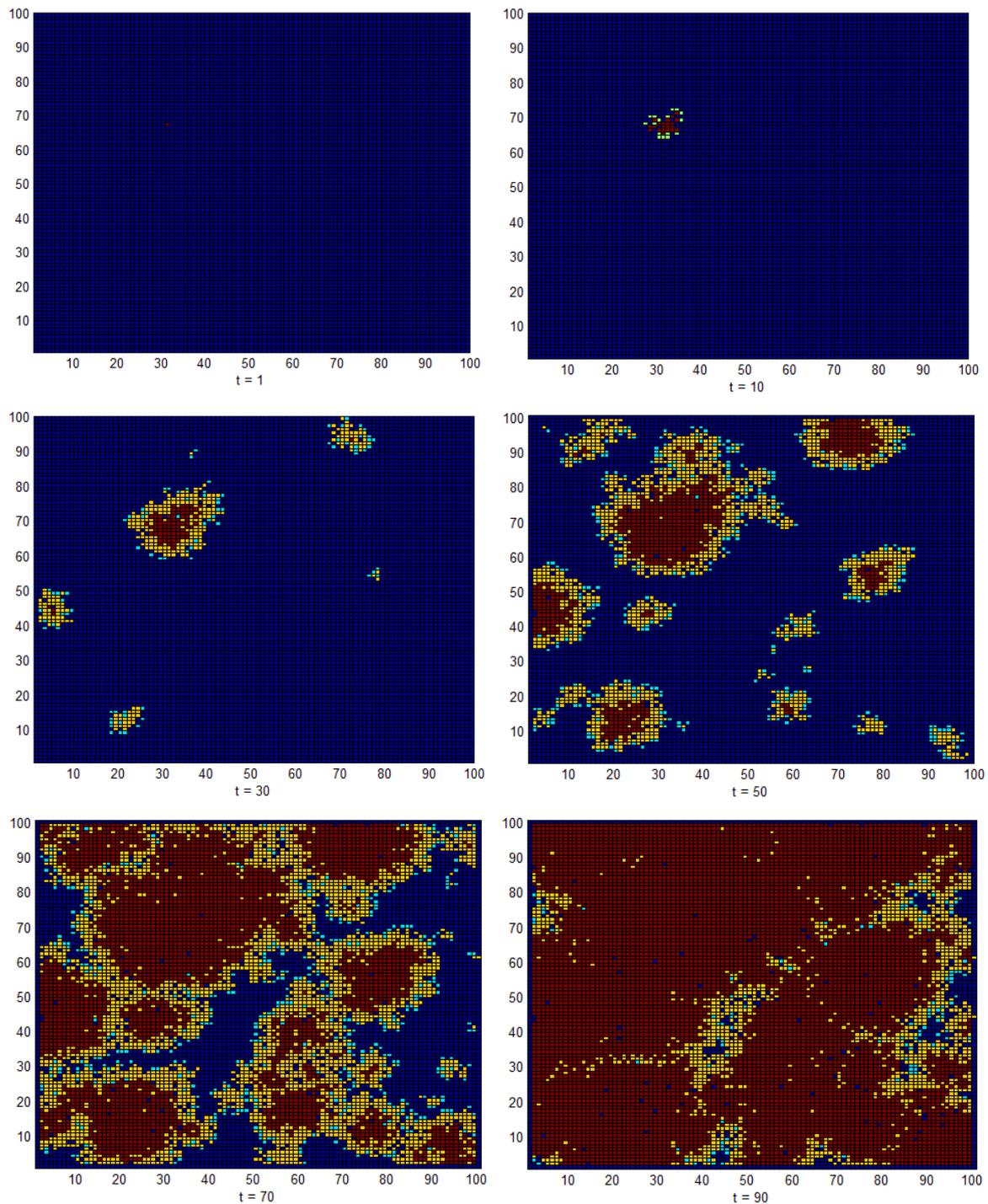


Figura 19. Propagación de la epidemia COVID-19 con individuos móviles, desde el primer caso: 6 de marzo del 2020 con una vecindad de Moore $\nu = 1$, periodo de 90 días.

La inclusión del movimiento de individuos tiende a reproducir la dinámica real de una manera muy precisa. Esto se puede ver en la fase exponencial de la epidemia y también en el pico del brote donde el modelo captura muy bien el comportamiento promedio a pesar de la dispersión de los datos (López et al., 2020). Lo mencionado se puede apreciar y corroborar claramente en el siguiente análisis de las figuras 20, 21 y 22.

En cuanto a la dinámica de la propagación de infección para modelos considerando el movimiento de individuos, la Figura 20 muestra la dinámica de propagación para una densidad poblacional propuesta de 10000 individuos (modelo 1) y en esta, la Figura 20.a muestra la evolución temporal de los componentes SEIR donde el número de infectados (I) alcanza la curva máxima aproximadamente a los 75 días con 3216 individuos en un día y a los 90 días desciende a casi 1000 y finalmente presenta un promedio de 1181.5 individuos infectados por día (ver tabla 6), los casos de susceptibles (S) reducen rápidamente a partir del día 40 hasta llegar a menos de los 500 individuos e inversamente a estos los recuperados (R) aumentan aproximadamente a 8000 casos a los 90 días. Así mismo los expuestos presentan una ligera curva, dado que es un estado de transición de susceptible a infectado.

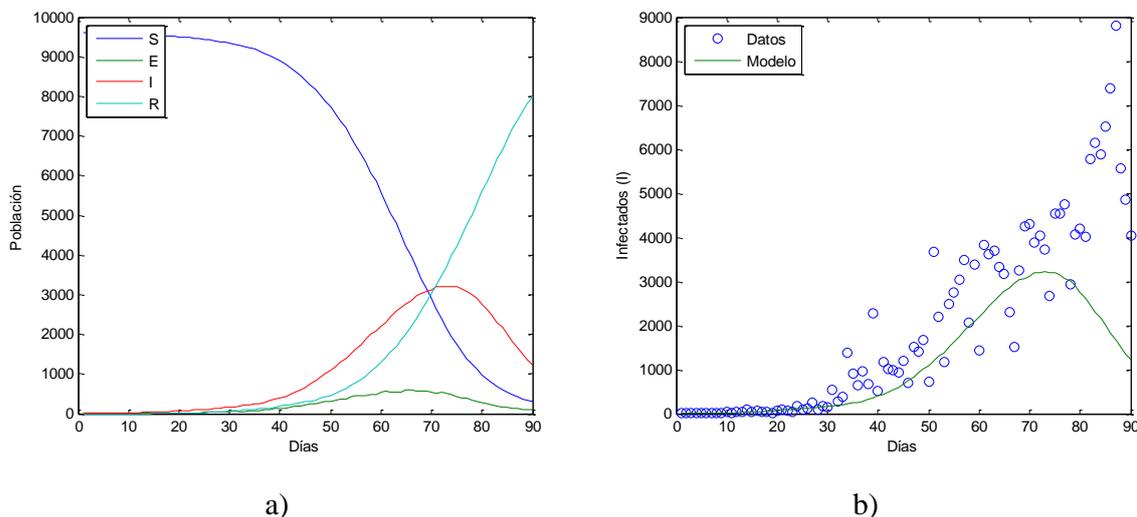


Figura 20. Dinámica de la propagación de infección con movimiento de individuos para modelo 1, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día.

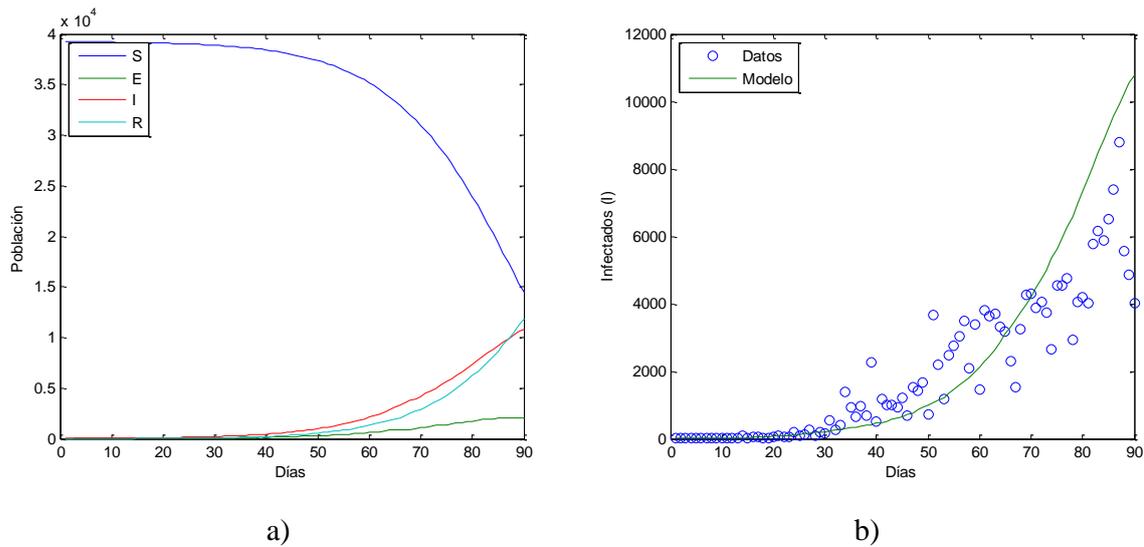


Figura 21. Dinámica de la propagación de infección con movimiento de individuos para modelo 2, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día.

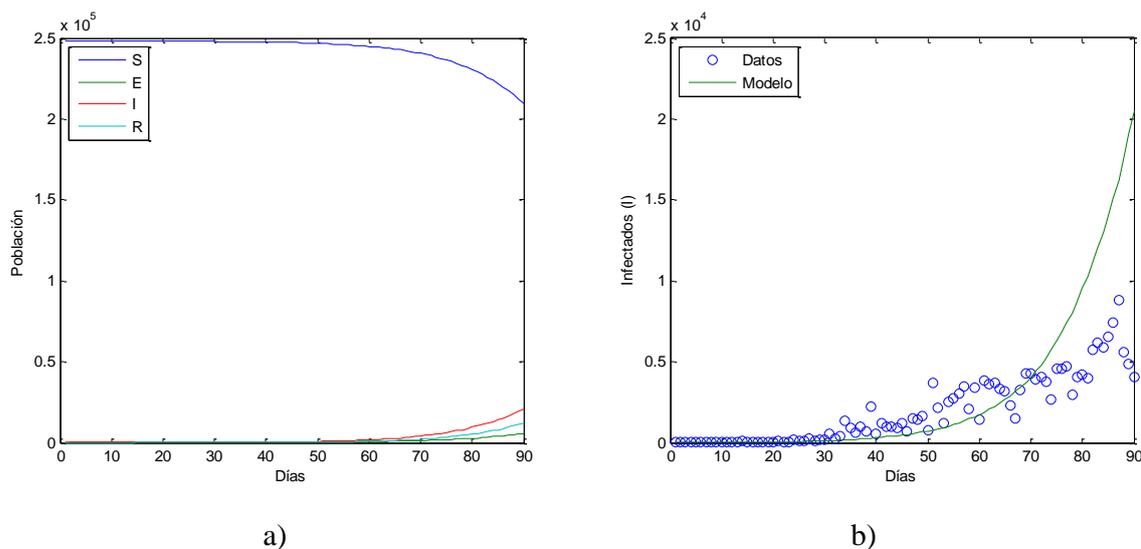


Figura 22. Dinámica de la propagación de infección con movimiento de individuos para modelo 3, periodo de 90 días: a) Evolución temporal de los componentes del modelo SEIR, b) Número de infectados por día.

A diferencia del modelo sin movimiento de individuos, como se analizó esta presenta claramente el punto de quiebre indicando que alcanza el máximo número de infectados debido a lo reducido de la población. Esto se aprecia mejor en la Figura 20.b, donde el número de infectados a partir del día 30 muestran un crecimiento exponencial hasta el día 75 aproximadamente, pues es hasta aquí que los datos del modelo 1 se ajustan al comportamiento de los datos reales.

Al incrementar la densidad poblacional a 40000 y 250000 el número de infectados ya no presenta el punto de quiebre o curva máxima, pues estos siguen creciendo exponencialmente, así mismo, el modelo 2 presenta visualmente mejor ajuste a la dinámica de la pandemia de COVID-19 en el país.

Tabla 6

Estadísticos descriptivos del número de infectados por densidad poblacional.

Datos	Densidad poblacional	Mínimo	Máximo	Total acumulado	Media \bar{x}	Desviación estándar s
Real	33,000,000	1	8805	178914	1987.9	2078.9
Modelo	10,000	1	3216	106339	1181.5	1175.2
	40,000	1	10798	211498	2350.0	3130.7
	250,000	1	20505	264693	2941.0	4885.9

Fuente: Elaboración propia

La tabla 6 muestra los estadísticos descriptivos del número de infectados para los datos reales y los modelos planteados, el número máximo de infectados alcanzado en un día que se aproxime más a los datos reales, es el modelo 2 con 10798 individuos con un promedio de 2350 infectados. Por el contrario, el modelo 1 y 3 se alejan bastante de los datos reales con 3216 y 20505 casos por día respectivamente. Con lo que podemos mencionar que el tamaño de la densidad poblacional determina el incremento de casos por día.

4.4. Validación

La validación de los modelos es uno de los pasos más importante al momento de construir modelos. En este estudio se utilizó dos metodologías, primero el método gráfico y el método estadístico. Se aplicaron estos métodos únicamente a los modelos con movimiento de individuos, pues estos presentaron comportamiento similar en el periodo de 90 días.

4.4.1. Validación visual

Con el propósito de comprobar la capacidad de nuestro modelo de ajustarse a la dinámica de la pandemia reales en nuestro país, se muestran los resultados del ajuste con movimiento de individuos. La Figura 23 muestra el ajuste de los tres modelos del número de infectados con diferente densidad poblacional contra el ajuste de los datos reales. Los tres modelos aproximadamente hasta el día 70 se ajustan a los datos reales, luego presentan distintos comportamientos como ya se analizó anteriormente. Solamente el modelo 2 logra capturar la dinámica real muy bien cómo se puede apreciar en la figura y las aproximaciones son similares a los datos reales.

Los gráficos de errores se utilizaron para evaluar la calidad del modelo. En la Figura 24 se pueden observar los errores correspondientes a los tres modelos SEIR, con 10000, 400000 y 250000 individuos de densidad poblacional. Y se aprecia que los errores cometidos con el modelo 2 están más cerca de cero y los modelos 1 y 3 se alejan sistemáticamente a partir de $t = 70$, sabemos muy bien mientras más cerca de 0 estén los errores, mejor es la aproximación del modelo.

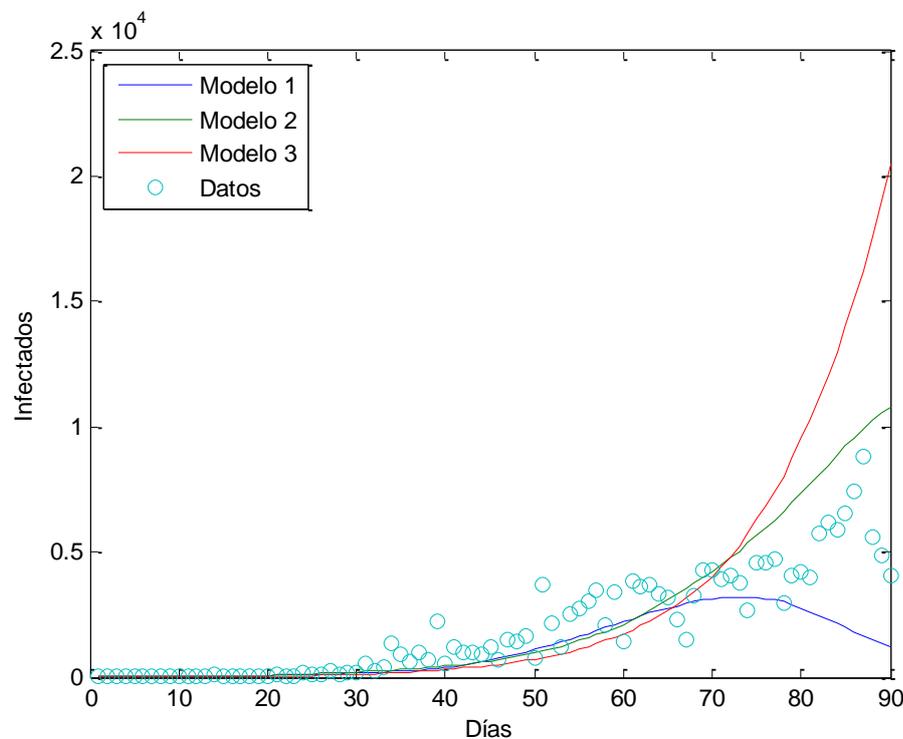


Figura 23. Número de infectados de los modelos con densidad poblacional de 10000, 40000 y 250000 individuos.

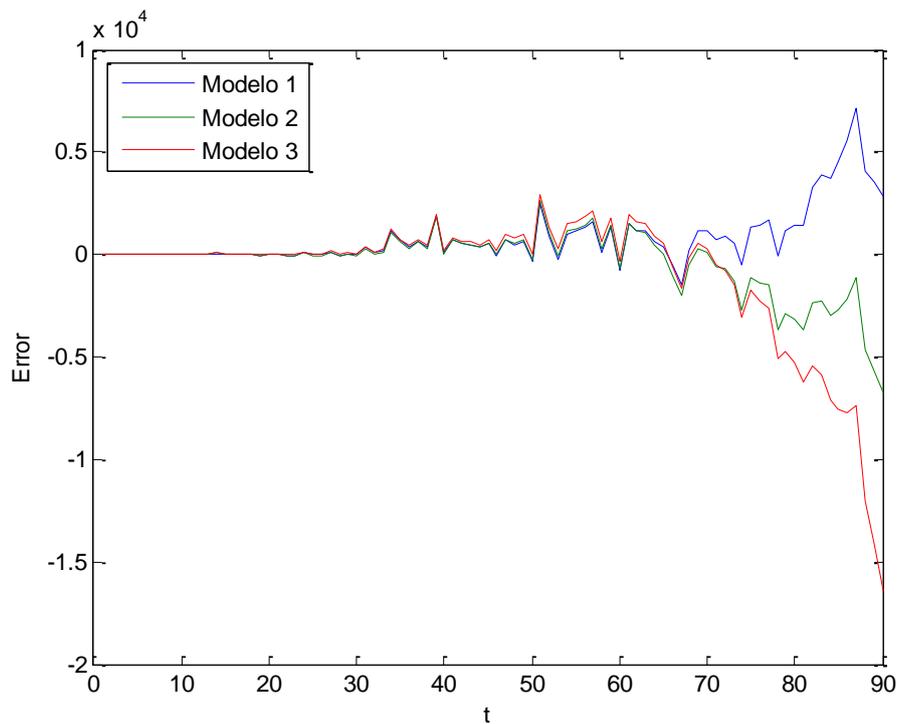


Figura 24. Gráfico de residuos para los modelos con densidad poblacional de 10000, 40000 y 250000 individuos.

4.4.2. Validación estadística

El modelo para el estudio se validó estadísticamente mediante el error estándar residual (RSE), R^2 y criterio de información de Akaike (AIC), este último es una medida que permite comparar y clasificar múltiples modelos en competencia y estimar cuál de ellos se aproxima mejor al proceso "verdadero" subyacente al fenómeno en estudio, así mismo, este criterio es ampliamente utilizado para medir la calidad de los modelos (Symonds & Moussalli, 2011). AIC en general se calcula como:

$$AIC = 2k - 2\ln(L)$$

donde k es el número de parámetros en el modelo estadístico, y L es el máximo valor de la función de verosimilitud para el modelo estimado.

Tabla 7
Evolución estadística de la calidad de los modelos.

Modelo	RSE	R^2	AIC	Sig. del modelo (p-value)
Ajuste 1: $Y = f(\text{modelo 1})$	1340	0.6052	1551.897	0.000
Ajuste 2: $Y = f(\text{modelo 2})$	929.8	0.8022	1489.686	0.000
Ajuste 3: $Y = f(\text{modelo 3})$	1178	0.6825	1532.271	0.000

Fuente: Elaboración propia.

La Tabla 7 muestra los estadísticos de la bondad del ajuste entre los datos reales y los simulados para cada modelo, así como su respectiva significancia. Con respecto al RSE que se considera una medida absoluta de la falta de ajuste del modelo, elegimos el menor valor correspondiente al modelo 2, que a su vez presenta un R^2 mayor con 0.8022 y el AIC menor a de los otros modelos, pues este coeficiente es una estimación de una constante más la distancia relativa entre la verdadera función de verosimilitud desconocida de los datos y la función de probabilidad ajustada del modelo, de modo que un AIC inferior representa un modelo más cercano a la realidad.

También es importante mencionar que se realizó la significación estadística de los modelos, los cuales son todos significativos a un ajuste lineal entre los datos reales y los modelos planteados con diferente densidad poblacional. Para realizar este análisis asumimos la independencia estadística de los errores y se dividió el conjunto de datos en tres subconjuntos. En primer lugar, se entrenó los modelos con densidades poblacionales de 10000, 40000 y 250000 individuos con mallas de 100x100, 200x200 y 500x500 respectivamente, donde los infectados fueron inicializados aleatoriamente siguiendo una distribución de probabilidad uniforme, al igual que la probabilidad de movimiento de individuos. Con las condiciones iniciales establecidas se entrenó cada modelo con el propósito de obtener 5 generaciones. Luego, se realizaron 100 corridas por cada generación de número de componentes del modelo SEIR con el propósito de obtener una buena aproximación de la respuesta promedio del modelo basado con individuos móviles.

En el trabajo de investigación de Holko et al. (2016), presentan un modelo combinado SEIR e IBM con factores adicionales como la densidad poblacional variable, muerte, nacimiento y algunos parámetros estocásticos para reflejar la dinámica de la población. Al igual que nuestros resultados concluyen que, especialmente el factor de densidad poblacional influye en el comportamiento global del sistema y se pueden utilizar para describir posibles acciones para prevenir una pandemia.

Por otro lado, es importante mencionar que en este trabajo se considera dentro de la estructura del vecindario un tamaño de vecindad de Moore igual a 1, por tanto, considerando que este parámetro es de suma importancia para el estudio de la dinámica de COVID-19 en el Perú, Bouaine & Rachik (2018), en su investigación sobre inmigración de epidemias mediante el desarrollo de modelos espacio-temporales basados en autómatas celulares, examinan el impacto de la variación de la virulencia en la propagación de la epidemia,

observando que, la distribución espacial de las células en el vecindario tiene un impacto importante en la propagación de la enfermedad.

Con respecto a la propagación del COVID-19 con individuos móviles, se coincide con el autor López (2017), al indicar que, el modelo con individuos móviles captura mejor la dispersión de los datos en la dinámica de la enfermedad como se pueden apreciar en las curvas obtenidas para la dinámica temporal. Este comportamiento lo atribuye a que a medida que el número de infectados aumenta al principio de la ola, los individuos tienden a limitar su movimiento en el espacio de los contactos y por ello puede verse que, hacia el final de la ola, la dinámica el modelo tiende a subestimar el número de infectados.

Sree & Devi Nedunuri (2020), concluyeron que, el clasificador desarrollado es adaptable a varias entradas dinámicas y puede procesar datos de diferentes longitudes. Si bien este es un trabajo preliminar para predecir tendencias de COVID-19, desarrollaron los primeros y novedosos clasificadores con reglas dinámicas con autómatas celulares. Coincidimos con los autores, indicando que la implementación de reglas de la dinámica de COVID-19 permite adaptarse muy bien a las tendencias de los componentes del modelo epidemiológico SEIR.

En general, con respecto al uso de modelos basados en autómatas celulares probabilísticos en la simulación sistemas epidemiológicos, Ghosh & Bhattacharya (2020), demuestran que la metodología propuesta puede ser flexible y robusta al mismo tiempo, y puede utilizarse para modelar los casos activos diarios, el número total de personas infectadas y el total de casos de muerte mediante la estimación sistemática de parámetros. En nuestro estudio los parámetros considerados para la simulación son definidos como condición inicial y se mantienen constantes en proceso, pero se coincide en el poder predictivo sustancial de este modelo sobre los actores clave en esta dinámica pandémica.

También López et al. (2020), en su modelo basado en el individuo, el comportamiento del individuo se modela a través de la interacción de información sobre su estado de salud, así como su vecindario (vecinos infectados y recuperados) y la situación de la epidemia global; el comportamiento social se modela a través de una red de contactos que agrega el comportamiento y el estado de salud de los individuos. Ya que en nuestro trabajo también el modelo basado en individuos nos dio flexibilidad a la hora de seleccionar las herramientas para la simulación.

En el momento de establecer el marco teórico para el estudio se pudo encontrar que, la simulación de dinámicas epidemiológicas con modelos matemáticos descuida las características locales del proceso de propagación y no incluyen la susceptibilidad variable de los individuos, por esta razón se implementaron reglas que determinan las transiciones de estado de las celdas individuales en el autómata celular para el modelo SEIR obteniendo buenos ajustes a los datos reales. Así mismo, Huerta (2016) en su estudio concluye que, existe una ventaja sustancial entre los modelos basados en autómatas celulares y los métodos numéricos que se utilizan para resolver Ecuaciones Diferenciales Parciales, y es que no se requiere el uso de estados anteriores para calcular estados futuros por lo que el desarrollo computacional se simplifica de forma sustancial.

Como se mostró en los resultados, la buena capacidad de simular la dinámica de COVID-19 a través de autómatas celulares estocásticos, también presentan aplicaciones favorables en otras enfermedades epidemiológicas, tal es el caso de Pino & Wainer (2019), presento un modelo computacional por autómatas celulares aplicado a la transmisión de la enfermedad del Dengue. Concluyendo que el modelo propuesto permitió una mejor visualización del impacto que genera la temperatura en la superficie para la reproducción de los mosquitos en el tiempo y espacio considerado.

Así mismo, Pino Romero et al. (2018) realizó un modelo computacional mediante autómatas celulares para describir la dinámica de transmisión de la varicela, concluyendo también que, los modelos computacionales propuestos le permiten brindar respuestas en tiempo real de acuerdo a las reglas que describen la dinámica de la evolución de la enfermedad. También, Delvalle Arroyo et al. (2015) propone una serie de mejoras dirigido a controlar patrones de propagación en autómatas celulares para observar patrones conocidos de influenza. Al igual que nuestro estudio, utilizo MATLAB para las simulaciones haciéndolos más realistas y versátiles y parecen ajustarse de una manera más precisa.

Por otro lado, con referencia a trabajos realizados en el medio local, solamente encontramos el estudio de Yanqui (2018), planteo el modelo matemático epidemiológico SEIR para simular el brote de la epidemia causada por el virus AH1N1 e identificar los factores que repercuten en los parámetros poblacionales del modelo. La similitud encontrada es el uso del modelo epidemiológico SEIR permitiéndole estimar los parámetros del modelo y la adecuación a este tipo de enfermedades endémicas tipo influenza.



En otras áreas Gómez Ramos (2019), realizó simulaciones por computadora con autómatas celulares (ACs) para emular el contagio de la euforia durante la formación de una burbuja especulativa, también tiene éxito en la aplicación del juego de la vida de Conway como un ejemplo para simular dinámicas complejas, donde el desplazamiento de los individuos es un elemento esencial. Así mismo Silva et al. (2019) simulan sistemas termodinámicos, como la dinámica de nubes, con autómatas celulares, en este utilizan la vecindad de Von Neuman de cinco celdas. La validación del modelo se realizó con la simulación de una rejilla autómata celular 100×100 a igual que nuestro trabajo, realizando validaciones visuales y análisis gráficos. Concluyendo también que el modelo propuesto presentó un comportamiento satisfactorio, considerando algunos principios termodinámicos.

Los autores Barrantes et al. (2018), realizaron simulaciones de fenómenos económico-financiero mediante autómatas celulares, concluyendo que, las simulaciones computacionales permiten una interpretación tiempo-espacio debido que se considera la interacción entre las células que están dentro del vecindario considerado. Se coincide con los autores en que, en la simulación del tiempo-espacio del COVID-19 nos ayudo a interpretar y entender la dinámica de la infección de la enfermedad.

CONCLUSIONES

- Teniendo en cuenta la dinámica de la pandemia de COVID-19 en el Perú, se estableció trabajar con el modelo compartimental SEIR, dado que la enfermedad COVID-19 presenta un periodo de latencia durante el cual el individuo infectado no tiene la capacidad de transmitir la enfermedad; durante este periodo de tiempo se dice que el individuo está expuesto (E). Se estableció las siguientes hipótesis para el modelo: (1) la enfermedad se transmite por contacto directo entre un individuo infectado (I) y uno susceptible (S); (2) la enfermedad se transmite inmediatamente después de producirse el contacto directo; (3) todos los individuos susceptibles tienen la misma probabilidad de ser infectados. Los parámetros hallados para establecer las condiciones iniciales del modelo al 31 de diciembre del 2020 son: tasa de contagio (β) de 18.36%, tasa de latencia o incubación (ϕ) de 90%, tasa de recuperación (γ) de 93.88%, periodo de latencia (λ) de 5 días y periodo de infección (θ) de 12 días.
- Los patrones de contacto interpersonal que determinan la transmisión de enfermedades de COVID-19 de forma natural son considerados para formar una malla o red, en esta el movimiento de los individuos contribuye al brote de la enfermedad. Es por ello que se planteó el modelo basado en individuales móviles para simular la dinámica de COVID-19. Como puede observarse en los resultados, las interacciones y las infecciones individualizadas juegan un rol vital en la dispersión de la enfermedad a través de toda la población. Por tanto, el uso de individuos como unidad de modelado hace que los autómatas celulares puedan obtener dinámicas realistas y válidas del proceso de infección del COVID-19 en el Perú.
- En el contexto del trabajo realizado, el modelo implementado permite simular de forma sencilla el comportamiento dinámico del sistema epidemiológico de COVID-19 en el Perú, a través de la inclusión en el modelo del movimiento de individuos. La fortaleza de la implementación propuesta permite abarcar diversos problemas de variantes en la densidad poblacional.



- Finalmente es importante resaltar que el marco propuesto en esta tesis permite desarrollar un modelo SEIR de simulación de la dinámica de COVID-19 en el territorio peruano basados en individuos aprovechando las ventajas computacionales para modelar fenómenos no lineales de manera precisa.

RECOMENDACIONES

- Para mayor flexibilidad y adaptabilidad en la simulación de la dinámica de enfermedades epidemiológicas se debe considerar los parámetros del modelo SEIR no constantes, pues estos dependen de otros factores no lineales.
- Con el propósito de obtener estabilidad global del modelo SEIR basado en autómatas celulares, considerar los factores de vacunación y reinfección como técnicas de referencia para la prevención temprana de la propagación de la enfermedad.
- Proponer modelos que permitan realizar la descripción de las relaciones que existen entre grupos de individuos que componen la población con el objetivo de aplicar a poblaciones muy grandes.

BIBLIOGRAFÍA

- Abad, E., Sánchez, D., & Moreno, M. T. (2020). Scoping review sobre las recomendaciones para el aislamiento domiciliario en la pandemia de COVID-19. *Enfermería Clínica*, (xx). <https://doi.org/10.1016/j.enfcli.2020.05.007>
- Annas, S., Isbar Pratama, M., Rifandi, M., Sanusi, W., & Side, S. (2020). Stability analysis and numerical simulation of SEIR model for pandemic COVID-19 spread in Indonesia. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 110072. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110072>
- Ávila, R. M. (2016). *Inferencia de modelos epidemiológicos compartimentales en redes sociales*. Centro de Investigación en Matemáticas, A.C. Retrieved from https://ciimat.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1008/549/1/TE_625.pdf
- Azarang, M. R., & Garcia, E. (1996). *Simulación y análisis de modelos estocásticos*. México: McGRAW-HILL.
- Barrantes Limahuaya, J., Pino Romero, N., & Wainer, G. (2018). Modelo Computacional Aplicado al Comportamiento de Agentes Financieros Mediante Autómatas Celulares (Cell-DEVS). *Pensamiento Crítico*, 23(1), 121. <https://doi.org/10.15381/pc.v23i1.15102>
- Bouaine, A., & Rachik, M. (2018). Modeling the impact of immigration and climatic conditions on the epidemic spreading based on cellular automata approach. *Ecological Informatics*, 46(2017), 36–44. <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2018.05.004>
- Bravo-Salgado, Á., Mikler, A., & Cuesta, H. (2019). Modelado para estudio de brotes epidémicos usando un Autómata Celular Estocástico Global, (February), 0–6. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.27590.11849>
- Catano-Lopez, A., & Rojas-Diaz, D. (2020). Modelos discretos de transmisión de COVID-19 y publicaciones preelminares en la ciencia : una búsqueda sistematizada, 1–15. <https://doi.org/10.1590/SciELOPreprints.1076>
- Cedillo, L., Lopez, V., & Visoso, G. (2020). COVID-19, la enfermedad viral que se diseminó en el mundo » Avance y Perspectiva. Retrieved August 19, 2020, from <https://avanceyperspectiva.cinvestav.mx/covid-19-el-virus-que-se-disemino-en-el-mundo/>
- Conway, J. H. (1970). Game of Life. *Scientific American: Mathematical Games*.
- Delvalle Arroyo, P. E., Fory Aguirre, C. A., & Serna Ramírez, J. M. (2015). Autómatas celulares: mejoras de control e inmunidad en la simulación de fenómenos

- propagativos. *Sistemas y Telemática*, 13(35), 9–22.
<https://doi.org/10.18046/syt.v13i35.2149>
- Espinola-sánchez, M., Racchumí-vela, A., & Sanca-Valeriano, S. (2020). Pandemia de Covid-19 y efecto de medidas de contención en población Peruana : Un modelamiento matemático SIR, *13*(1), 110–115.
<https://doi.org/https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2020.132.656> contención
- Espinola-Sánchez, M., Racchumí-Vela, A., Sanca-Valeriano, S., Espinola-Sánchez, S., Arango-Ochante, P., Saldaña-Díaz, C., ... Mejico-Caja, M. (2020). Pandemia de Covid-19 y efecto de medidas de contención en población Peruana: Un modelamiento matemático SIR. *Revista Del Cuerpo Médico Del HNAAA*, 13(2), 110–115.
<https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2020.132.656>
- Ghosh, S., & Bhattacharya, S. (2020). A data-driven understanding of COVID-19 dynamics using sequential genetic algorithm based probabilistic cellular automata. *Applied Soft Computing Journal*. <https://doi.org/10.1016/j.econlet.2020.109231>
- Gómez Ramos, E. L. (2019). El juego de la vida: una interpretación basada en el contagio de la euforia durante la formación de burbujas especulativas. *Análisis Económico*, 34(86), 179–195. <https://doi.org/10.24275/uam/azc/dcsh/ae/2019v34n86/gomez>
- Gutiérrez, J. M., & Varona, J. L. (2020). Análisis de la posible evolución de la epidemia de coronavirus COVID-19 por medio de un modelo SEIR. *Departamento de Matemáticas y Computación*, 1–14.
- He, S., Tang, S., & Rong, L. (2020). A discrete stochastic model of the COVID-19 outbreak: Forecast and control. *Mathematical Biosciences and Engineering*, 17(4), 2792–2804. <https://doi.org/10.3934/MBE.2020153>
- Hernández Gómez, J. C. (2008). *R0 y algunas generalidades en Autómatas Celulares*. CIMAT. Retrieved from <http://cimat.repositorioinstitucional.mx/jspui/handle/1008/152>
- Hernández, R., Fernadez, C., & Baptista, M. del P. (2010). *Metodología de la Investigación*. (McGraw-Hill, Ed.) (Quinta Edi).
- Holko, A., Mędrek, M., Pastuszak, Z., & Phusavat, K. (2016). Epidemiological modeling with a population density map-based cellular automata simulation system. *Expert Systems with Applications*, 48, 1–8. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2015.08.018>
- Hoya White, S., Martín del Rey, A., & Rodríguez Sánchez, G. (2009). Using cellular automata to simulate epidemic diseases. *Applied Mathematical Sciences*, 3(17–20), 959–968.

- Huamani, C., Timaná-Ruiz, R., Pinedo, J., Pérez, J., & Vásquez, L. (2020). Condiciones estimadas para controlar la pandemia de COVID-19 en escenarios de pre y poscuarentena en el Perú. *Revista Peruana de Medicina Experimental y Salud Pública*, 37(2), 195–202.
<https://doi.org/https://doi.org/10.17843/rpmesp.2020.372.5405>
- Huerta, I. (2016). *Autómatas celulares y ecuaciones diferenciales como técnicas convergentes para la simulación de sistemas físicos*. Instituto politécnico Nacional - México.
- INEI. (2020). Población y vivienda. Retrieved from <https://www.inei.gob.pe/estadisticas/indice-tematico/poblacion-y-vivienda/>
- Juárez, G. (2019). Complex Cellular Automata - Unconventional Computing Laboratory. Retrieved from <https://uncomp.uwe.ac.uk/genaro/>
- Lahoz-Beltrá, R. (2004). *Bioinformática: Simulación, vida artificial e inteligencia artificial*. España: Editorial Díaz de Santos, S.A.
- López, L. (2017). *Modelado de epidemias utilizando sistemas auto-organizados*. Universidad Nacional del Litoral - Santa Fe, Argentina.
<https://doi.org/https://doi.org/10.13140/RG.2.2.29087.87203>
- López, L., Fernández, M., & Giovanini, L. (2020). Influenza epidemic model using dynamic social networks of individuals with cognition maps. *MethodsX*, 7.
<https://doi.org/10.1016/j.mex.2020.101030>
- Maguiña Vargas, C. (2020). Reflexiones sobre el COVID-19, el Colegio Médico del Perú y la Salud Pública. *Acta Medica Peruana*, 37(1), 8–10.
<https://doi.org/10.35663/amp.2020.371.929>
- Marin, G. (1984). Autómatas celulares y su aplicación. *Revista de Información Tecnológica y Sociedad*, 9–11.
- Martín del Rey, A. (2009). *Epidemiología matemática usando autómatas celulares sobre grafos*. Ciudad Real, España.
- MathWorks. (2019). MathWorks - Creadores de MATLAB y Simulink - MATLAB y Simulink - MATLAB & Simulink. Retrieved March 17, 2021, from <https://es.mathworks.com/>
- Mikler, A. R., Venkatachalam, S., & Abbas, K. (2005). Modeling Infectious Diseases Using Global Stochastic Cellular Automata. *Biological Systems - World Scientific*, 13(4), 421–439. <https://doi.org/10.1142/S0218339005001604>
- MINSA. (2020a). Covid-19 en el Perú - Ministerio de Salud. Retrieved from

- https://covid19.minsa.gob.pe/sala_situacional.asp
- MINSA. (2020b). Situación Actual “COVID-19” en el Perú. Retrieved January 5, 2021, from <https://www.dge.gob.pe/portalnuevo/covid-19/covid-cajas/situacion-del-covid-19-en-el-peru/>
- Mitchell, M. (2005). Computation in Cellular Automata: A Selected Review. *Non-Standard Computation*, 95–140. <https://doi.org/10.1002/3527602968.ch4>
- Munayco, C. V., Tariq, A., Rothenberg, R., Soto-Cabezas, G. G., Reyes, M. F., Valle, A., ... Ramos, W. (2020). Early transmission dynamics of COVID-19 in a southern hemisphere setting: Lima-Peru: February 29th–March 30th, 2020. *Infectious Disease Modelling*, 5, 338–345. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.05.001>
- OMS. (2010). Alerta y Respuesta Mundiales (GAR): ¿Qué es una pandemia? Retrieved from https://www.who.int/csr/disease/swineflu/frequently_asked_questions/pandemic/es/
- OPS. (2020). *COVID-19 GUÍA TÉCNICA: metodología y parámetros*. Organización Panamericana de la Salud. Retrieved from https://iris.paho.org/bitstream/handle/10665.2/52368/OPSIMSPECOVID-19200031_spa.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Pino, N., & Wainer, G. (2019). Un Modelo Computacional de la Transmisión del Dengue por Autómatas Celulares. *Selecciones Matemáticas*, 6(2), 217–224. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.17268/sel.mat.2019.02.08>
- Pino Romero, N., López Cruz, R., & Wainer, G. (2018). Modelamiento Computacional de la Dinamica de Transmisión de la Varicela mediante Automatas Celulares (Cell-DEVS). *Pesquimat*, 20(2), 53. <https://doi.org/10.15381/pes.v20i2.13969>
- Pino Romero, N., Soto-Becerra, P., & Quispe Mendizábal, R. A. (2020). Un Modelo Matemático SIR-D Segmentado para la Dinámica de Propagación del Coronavirus (COVID-19) en el Perú. *Selecciones Matemáticas*, 7(1), 162–171. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.17268/sel.mat.2020.01.15>
- Rothan, H. A., & Byrareddy, S. N. (2020). The epidemiology and pathogenesis of coronavirus disease (COVID-19) outbreak. *Journal of Autoimmunity*, 109(March), 102433. <https://doi.org/10.1016/j.jaut.2020.102433>
- Ruiz Laguna, F. (2015). *Modelización matemática de enfermedades*. Universidad de Zaragoza. Retrieved from <https://zaguan.unizar.es/record/31741/files/TAZ-TFG-2015-1796.pdf>
- Sacasa, M. del C. (2020). Un abordaje integral para responder a la COVID-19 en Perú.

- Retrieved February 17, 2021, from
<https://www.undp.org/content/undp/es/home/blog/2020/peru-embarks-on-a-comprehensive-approach-to-covid-19.html>
- Sancho, F. (2016). *Autómatas Celulares*. Retrieved August 14, 2020, from
<http://www.cs.us.es/~fsancho/?e=66>
- Sandín, B., Valiente, R. M., García-Escalera, J., & Chorot, P. (2020). Impacto psicológico de la pandemia de COVID-19: Efectos negativos y positivos en población española asociados al periodo de confinamiento nacional. *Revista de Psicopatología y Psicología Clínica*, 25(1), 1. <https://doi.org/10.5944/rppc.27569>
- Sharma, N., & Gupta, A. K. (2017). Impact of time delay on the dynamics of SEIR epidemic model using cellular automata. *Physica A: Statistical Mechanics and Its Applications*, 471, 114–125. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2016.12.010>
- Silva, A. R., Silva, A. R., & Gouvêa, M. M. (2019). A novel model to simulate cloud dynamics with cellular automaton. *Environmental Modelling and Software*, 122(April). <https://doi.org/10.1016/j.envsoft.2019.104537>
- Sree, P. K., & Devi Nedunuri, S. S. S. N. U. (2020). A novel cellular automata classifier for COVID-19 trend prediction. *Journal of Health Sciences*, 10(1), 34–38. <https://doi.org/10.17532/jhsci.2020.907>
- Symonds, M. R. E., & Moussalli, A. (2011). A brief guide to model selection, multimodel inference and model averaging in behavioural ecology using Akaike's information criterion. *Behavioral Ecology and Sociobiology*, 65(1), 13–21. <https://doi.org/10.1007/s00265-010-1037-6>
- Vergara, E., León, R., More, J., Arteaga, D., Asmat, R., Peralta, J., ... Rubio, O. (2020). Modelo básico epidemiológico SIR para el COVID-19: caso las Regiones del Perú. *Selecciones Matemáticas*, 7(1), 151–161. <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2020.01.14>
- White, S. H., del Rey, A. M., & Sánchez, G. R. (2007). Modeling epidemics using cellular automata. *Applied Mathematics and Computation*, 186(1), 193–202. <https://doi.org/10.1016/j.amc.2006.06.126>
- Yanqui, F. (2018). *Simulación epideomológica usando el modelo SEIR del brote de influenza A H1N1 en el distrito de Abancay, 2018*. Universidad Nacional del Altiplano - Puno. Retrieved from <http://repositorio.unap.edu.pe/handle/UNAP/8448>
- Zhang, N., Cheng, P., Jia, W., Dung, C. H., Liu, L., Chen, W., ... Li, Y. (2020). Impact of intervention methods on COVID-19 transmission in Shenzhen. *Building and Environment*, 180(July), 107106. <https://doi.org/10.1016/j.buildenv.2020.107106>



ANEXO

—

ANEXO 1

RUTINAS IMPLEMENTADAS DEL MODELO PLANTEADO

Algoritmo 1: Dinámica del Autómata Celular

$G = M_{N \times N}$ {Se define la Grilla cuadrada de $N \times N$, lugar de evolución del autómata}

$N_T = \text{IndividuosTotales}$

$D_T = \text{DíasTotales}$

$G = \text{Inicialización}$ {Configuración inicial de la malla}

para $k = 1 \rightarrow D_T$ **hacer**

 Transición

 Reemplazo

fin para

Algoritmo 2: Inicialización

N_S {Número de susceptibles}

N_E {Número de expuestos}

N_I {Número de infectados}

N_R {Número de recuperados}

para $i = N_S$ **hacer**

$G(x,y) = S, 1 \leq x \leq N$ {Se determina los individuos susceptibles en la grilla}

fin para

para $i = N_I$ **hacer**

$G(x,y) = I, 1 \leq x \leq N$ {Se determina los individuos infecciosos en la grilla}

fin para

para $i = N_E$ **hacer**

$G(x,y) = E, 1 \leq x \leq N$ {Se determina los individuos expuestos en la grilla}

fin para

para $i = N_R$ **hacer**

$G(x,y) = R, 1 \leq x \leq N$ {Se determina los individuos recuperados en la grilla}

fin para

Algoritmo 3: Transición

$g = M_{n \times n} \in G = M_{N \times N}$ {Se define el fragmento de la malla}

β {Probabilidad de contagio}

ϕ {Probabilidad de latencia o incubación}

γ {Probabilidad de recuperación}

λ {Periodo de latencia o incubación}

θ {Periodo de infección}

para $g \in G$ **hacer**

Estado_Susceptible

Estado_Infeccioso

Estado_Expuesto

Movimiento

fin para

Algoritmo 4: Reemplazo

$G_r = M_{n \times n} \in G = M_{N \times N}$ {Se define el fragmento a reemplazar de la malla}

$G_r = g$

Algoritmo 5: Estado_Susceptible

si Estado = S **entonces**

$A \sim U[0,1]$

si $A < \beta/v \wedge \#(\text{VecinosInfectados}) \geq 1$ **entonces**

Estado = E

fin si

fin si

Algoritmo 6: Estado_Expuesto

si Estado = E **entonces**

$A \sim U[0,1]$

si $A < \phi \wedge \lambda > 2$ **entonces**

Estado = I

fin si

fin si

Algoritmo 7: Estado_Infeccioso

si $Estado = I$ **entonces**

$A \sim U[0,1]$

si $A < \gamma \wedge \theta > 12$ **entonces**

$Estado = R$

fin si

fin si

Algoritmo 8: Movimiento_individuos

$A_1, A_2 \sim U[-r, r]$

$Aux = Estado(i, j)$

$Estado(i, j) = Estado(i + A_1, j + A_2)$

$Estado(i + A_1, j + A_2) = Aux$

ANEXO 2

VALIDACIÓN DEL MODELO MEDIANTE RSE, R^2 Y EL CRITERIO DE INFORMACIÓN DE AKAIKE (AIC) EN RSTUDIO

Ajuste 1: datos = f (modelo 1)

```
> D <- read.table(file = "D:/data1.csv",header = T,sep = ";")
> m1<-lm(D$datos~D$mod1)
> summary(m1)

Call:
lm(formula = D$datos ~ D$mod1)

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2912.1  -398.0  -347.1    54.2   6157.3

Coefficients:
            Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  361.9247   196.9218    1.838  0.0694 .
D$mod1        1.3762     0.1185   11.614 <2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 1314 on 88 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6052, Adjusted R-squared:  0.6007
F-statistic: 134.9 on 1 and 88 DF, p-value: < 2.2e-16

> plot(D$mod1, D$datos)
> abline(m1, col = "red")
```

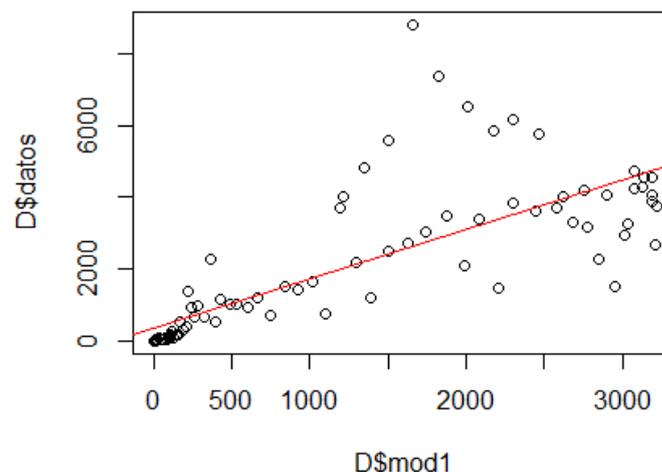


Figura 2.1. Ajuste del modelo 1

```
> AIC(m1)
[1] 1551.897
```

Ajuste 2: datos = f (modelo 2)

```
> m2<-lm(D$datos~D$mod2)
> summary(m2)

Call:
lm(formula = D$datos ~ D$mod2)
```

```

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-2982.5  -584.6  -296.6   511.2  2459.3

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  590.25772   122.80016    4.807 6.28e-06 ***
D$mod2       0.59476     0.03148   18.892 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

Residual standard error: 929.8 on 88 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.8022, Adjusted R-squared:  0.8
F-statistic: 356.9 on 1 and 88 DF, p-value: < 2.2e-16

> plot(D$mod2, D$datos)
> abline(m2, col = "red")

```

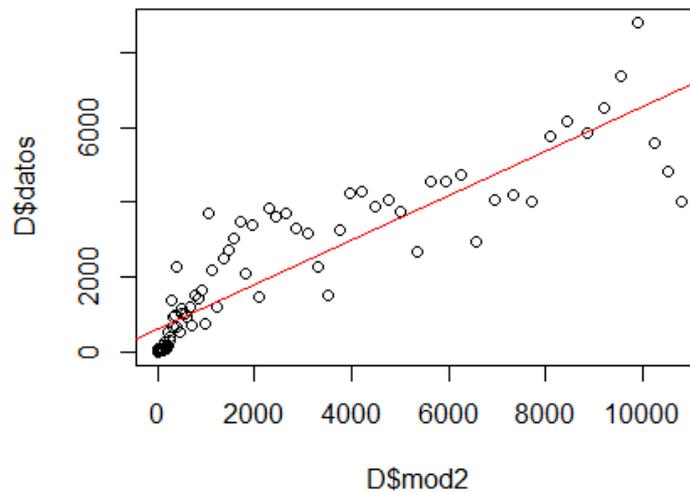


Figura 2.2. Ajuste del modelo 2

```

> AIC(m2)
[1] 1489.686

```

Ajuste 3: datos = f(modelo 3)

```

> m3<-lm(D$datos~D$mod3)
> summary(m3)

```

```

Call:
lm(formula = D$datos ~ D$mod3)

```

```

Residuals:
    Min       1Q   Median       3Q      Max
-4132.0  -909.5  -243.0   958.3  2458.6

```

```

Coefficients:
              Estimate Std. Error t value Pr(>|t|)
(Intercept)  954.09807   145.14988    6.573 3.37e-09 ***
D$mod3       0.35152     0.02556   13.755 < 2e-16 ***
---
Signif. codes:  0 '***' 0.001 '**' 0.01 '*' 0.05 '.' 0.1 ' ' 1

```

```

Residual standard error: 1178 on 88 degrees of freedom
Multiple R-squared:  0.6825, Adjusted R-squared:  0.6789
F-statistic: 189.2 on 1 and 88 DF, p-value: < 2.2e-16

```

```
> plot(D$mod3, D$datos)  
> abline(m3, col = "red")
```

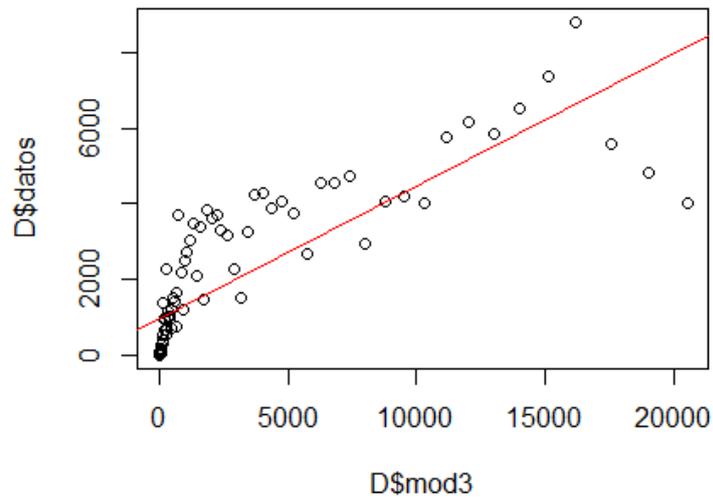


Figura 2.3. Ajuste del modelo 3

```
> AIC(m3)  
[1] 1532.271
```