



Universidad del
Rosario

Escuela de Ingeniería,
Ciencia y Tecnología



MACC
Matemáticas Aplicadas y
Ciencias de la Computación

Expansión COVID-19

Autores:

Dayana Valentina González Vargas
Nelson Santiago Guayazán

Docente:

Daniel Alfonso Bojacá Torres

Asignatura:

Teoría de Grafos

Universidad del Rosario
Matemáticas aplicadas y ciencias de la computación

10 de mayo de 2020

1. Introducción	2
2. Descripción del problema	3
3. Objetivos	4
3.1. Objetivos Generales	4
3.2. Objetivos Específicos	4
4. Marco Teórico	5
4.1. ¿Qué es un grafo?	5
4.2. Tipos de grafos	5
4.2.1. Grafos dirigidos	5
4.2.2. Grafos ponderados	6
4.2.3. Red	6
4.3. Modelo SIR	7
5. Modelamiento del problema	8
6. Solución del problema	9
7. Implementación de la solución	10
8. Resultados obtenidos	11
9. Conclusiones	14
Referencias	15

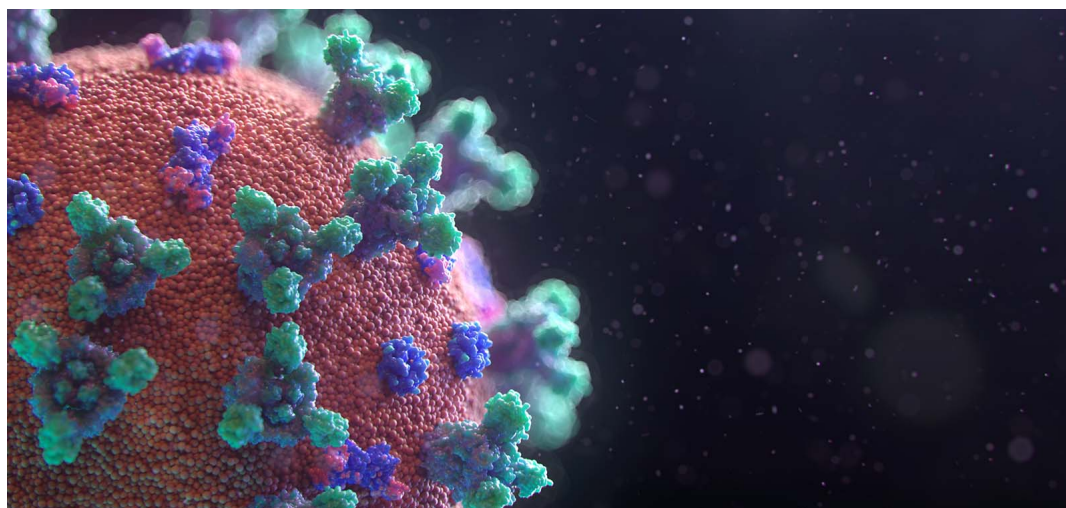


Figura 1: <https://www.isglobal.org/covid-19-novedades-cientificas>

1. Introducción

En la actualidad el mundo está padeciendo una alerta de posible pandemia por el COVID-19, comúnmente conocido como un tipo de coronavirus el cual es muy comparado con el SARS y el MERS ambos al igual que el COVID-19 originados en China. El COVID-19 es una enfermedad respiratoria con diversos síntomas, que pueden llevar a la muerte, esta enfermedad inició su propagación en diciembre del 2019 y actualmente hay más de 32 país entre Europa, Asia, África, Norte-América y Sur-América con casos de contagio. La propagación del virus ha llegado a ser tan avanzada en los últimos tres meses desde que surgió el primer caso de esta enfermedad que ha llegado a provocar aproximadamente treinta y ocho mil muertes a nivel mundial, con este proyecto tenemos en mente medir la expansión generada por el COVID-19 mediante un lenguaje de programación el cual nos de datos aproximados sobre ¿cómo fue avanzando el COVID-19 a partir de su primer caso hasta los casos actuales?, ¿cuánto logró propagarse en los últimos 2 meses? y aproximar el posible crecimiento del virus durante un tiempo t , además de utilizar un lenguaje de programación, relacionaremos la asignatura de Teoría de Grafos y Ecuaciones diferenciales.



2. Descripción del problema

El COVID-19 es actualmente una amenaza biológica a nivel mundial, la cual ha tenido un crecimiento exponencial en tan poco tiempo, y hasta la fecha no se tiene un modelo conciso sobre el comportamiento que ha tenido el virus con respecto al tiempo, ni tampoco se ha tenido una visibilidad de lo rápido que a sido el virus para llegar a cualquier parte del mundo, teniendo en cuenta los países con más de veinte mil casos del COVID-19 y como estos países están conectados entre ellos lo cual logro que fuera mas rápida la propagación, teniendo una aproximación de cuantas personas visitan cada país a lo largo de las semanas, por último saber cómo se pudo haber prevenido el contagio entre estos países.



3. Objetivos

3.1. Objetivos Generales

- Usar la teoría de grafos para representar el modelo y utilizando los conceptos que permitirán una aproximación del comportamiento del virus

3.2. Objetivos Específicos

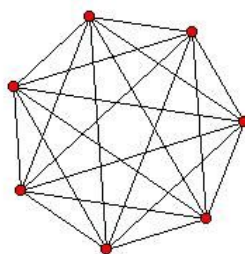
- Representar el grafo de la expansión teniendo en cuenta los países con más de veinte mil casos de contagiados.
- Crear conexiones entre la teoría de grafos, la programación y el uso de ecuaciones diferenciales.
- Utilizar modelos epidemiológicos para visualizar el comportamiento del virus con respecto al tiempo.
- Implementar los algoritmos de camino máximo y mínimo con el fin de visualizar el recorrido del virus teniendo en cuenta la cantidad de infectados que van de un país a otro.
- A partir del grafo encontrado reconocer si se pudo haber prevenido el contagio, mediante cortes de aristas.



4. Marco Teórico

4.1. ¿Qué es un grafo?

Un grafo G es una terna que consiste en un conjunto de vértices $V(G)$, un conjunto de aristas $E(G)$ y una relación que asocia a cada arista un par de vértices (extremos) no necesariamente distintos. .



4.2. Tipos de grafos

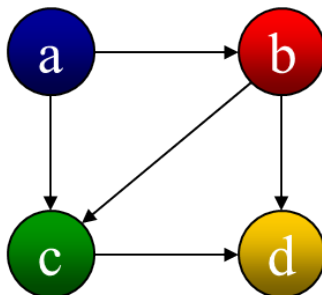
Los tipos de grafos que se utilizarán para la realización de este proyecto serán los siguientes:

4.2.1. Grafos dirigidos

Un grafo dirigido o digrafo G es una terna que consiste en un conjunto de vértices $V(G)$, un conjunto de aristas $E(G)$ y una función que asigna a cada arista un par ordenado de vértices.

$$f : E(G) \rightarrow V(G) \times V(G)$$

$$e \rightarrow f(e) = (u, v)$$



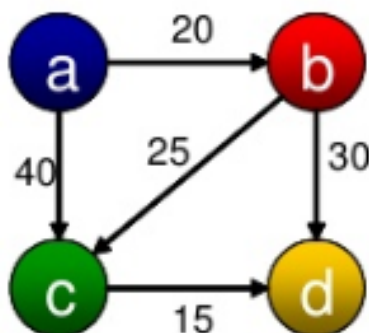
A partir de la imagen anterior, analizaremos un poco el uso de los grafos dirigidos en el proyecto, tenemos que el vértice a representara China y los



vértices b y c representarán los principales países infectados por el país de China y como eso se expandió a otro país en este caso el vértice d y podemos notar que el vértice b también influyo en la propagación del virus al país representado por el vértice c.

4.2.2. Grafos ponderados

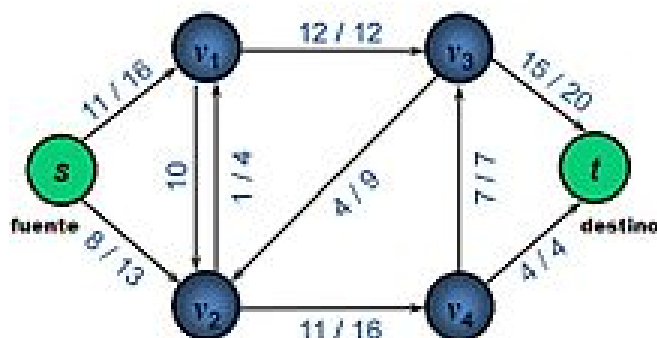
Un grafo ponderado o grafo con peso es un grafo con etiquetas numéricas en las aristas denominadas pesos de las aristas.



Este valor representará en el proyecto la cantidad de personas que viajaron de un país a otro, así poder hacer una estimación de la expansión del COVID-19 total que en un determinado tiempo t.

4.2.3. Red

Una red es un grafo dirigido N con capacidad no negativa $c(e)$ en cada arista $e \in E(N)$ y dos vértices distinguidos: s el vértice fuente y t el vértice sumidero. Los vértices se denominan nodos.

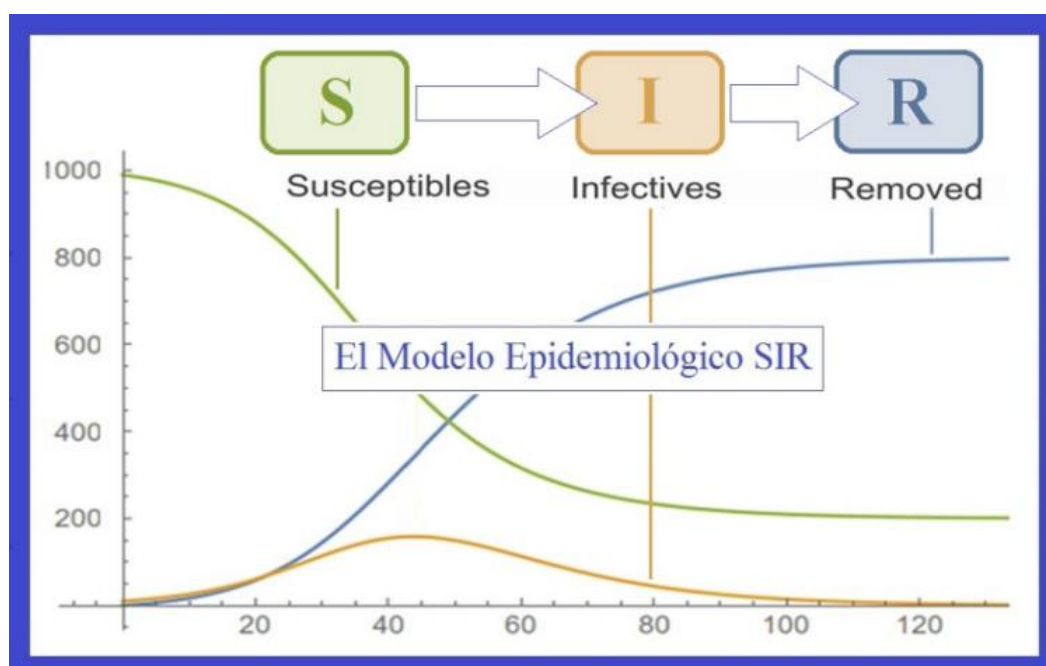




Se utilizara para partir de China a algún país de su interés el cual usted quiera ver cómo fue la expansión de ese virus hasta llegar a ese país , entonces tendremos una fuente fija la cual es China y varios sumideros que serán cada país puesto que China propago el virus a todo el mundo.

4.3. Modelo SIR

Es un modelo Epidemiológico capaz de capturar muchas características típicas de los botes epidémicos. Esta constituida por S (Población susceptible), I(Población infectada) y R(población recuperada), a través de la tasa de infección y el periodo infeccioso promedio.



Este modelo se utilizará en la parte de ecuaciones diferenciales, en dar una breve aproximación de cuantas personas infectadas se tiene en cada país, también se podrá reconocer cómo es la tasa de mortalidad a nivel mundial de este virus y un periodo de infección promedio que se tiene.



Figura 2: www.excelsior.com.mx/media//inside-the-note/pictures/2020/01

5. Modelamiento del problema

A través del lenguaje de programación Python, se planteara una pequeña visualización del crecimiento de la propagación del virus teniendo en cuenta los países con más de veinte mil casos, donde cada país representará un vértice y están conectados a partir de una arista con dirección de tal manera que esta señalará los países que contagiaron a un país en específico y si ese país pudo llegar a contagiar a otro país, esta descripción del modelo podemos verlo un grafo dirigido la cual tiene un vértice el cual solamente tiene aristas de salida (China), ya que de ese país salio el virus a diferentes partes del mundo , incluyendo los países que están más afectados y podemos observar que el vértice de llegada serán varios vértices que representaran a todos los países contagiados. Como nos podemos dar cuenta cada arista por ser un grafo de ponderado tendrá un peso, que representara la cantidad aproximada de personas infectadas que viajaron de un país a otro para así poder medir la expansión que tuvo el virus y que tan rápido pudo haberse propagado esos países. En Python se encuentra una librería de grafos llamada Networkx la cual nos ayudara con la visualización y partiendo de una clase grafo creada para tener los algoritmos y funciones necesitadas como son el Dijkstra, búsqueda a lo profundo y corte de aristas.



6. Solución del problema

La solución de este problema se llevará acabo a partir de la clase diseñada en Python y el uso de sus librerías, la cual constituye en nuestra parte de modela miento gráfico, usando conceptos vistos en la clase de grafos, como son grafos dirigidos y ponderados, los cuales se usaran para mostrar como fue el contagio de un país a otro, teniendo en cuenta en los pesos de cada arista la cantidad de infectados que se supone mediante los modelos epidemiológicos SI y SIR.

Realizando el algoritmo de Disjktra y ajustándolo a la necesidad de que nos de el peso máximo de una arista a otra , teniendo en cuenta también su recorrido mediante la dirección dada de cada arista y realizar un función llamada corte de arista para poder verificar si se pudo haber prevenido el contagio.



7. Implementación de la solución

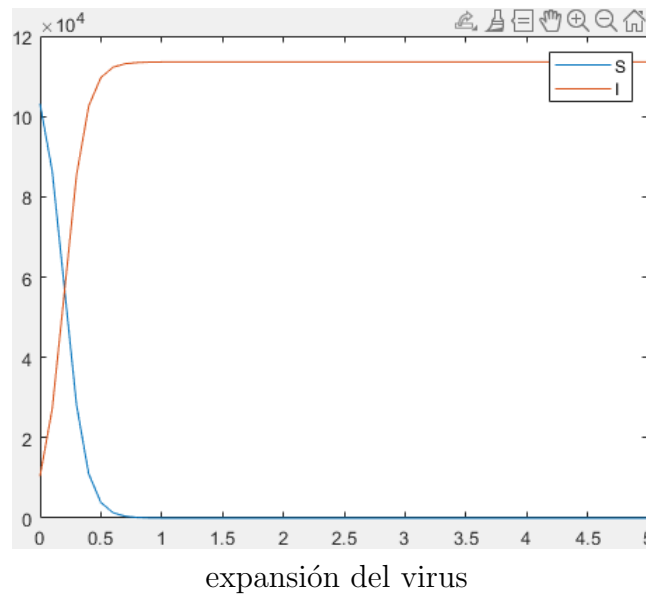
Para la implementación de la solución planteada ,decidimos usar el lenguaje de programación de Python, por sus extensas librerías de apoyo y su manejo que nos da un poco más de libertad a la hora de crear cualquier tipo de código,entre las librerías que usamos están las librerías de matplotlib, Networkx,Math y Os, como primer paso en nuestra implementación creamos una clase llamada *GraphClass*,en la cual desarrollamos diferentes funciones como son crear un grafo, agregarle vértices y aristas,en esa clase también podemos encontrar dos matrices las cuales son la de peso y la de adyacencia,además encontramos los diferentes algoritmos como el dijkstra el cual tiene una modificación que nos da el peso máximo, el búsqueda a lo profundo y una función llamada corte de arista,por ultimo encontramos una función que nos ayudara ha realizar la visualización del grafo creado.

Dado que uno de nuestros objetivos fue utilizar los modelos epidemiológicos, decidimos apoyarnos con la herramienta de MATLAB ,basándonos en los modelos SI(susceptibles, infectados) , y poder acoplarlo a los valores iniciales que estamos proponiendo en nuestro modelo(dado que solo estamos trabajando con un porcentaje de la población real) mas específicamente con 103.135 personas y una cantidad de infectados iniciales igual a 10.431,dado que el modelo que aplicamos es el modelo SI,obtenemos que la población queda totalmente infectada a razón que aumenta el tiempo,obteniendo así una aproximación de la expansión del virus.Ahora para ver la expansión a lo largo de la población,para esto usamos un modelo SIR con parámetros $\beta = 0,0001$ y $\gamma = 0,1$.

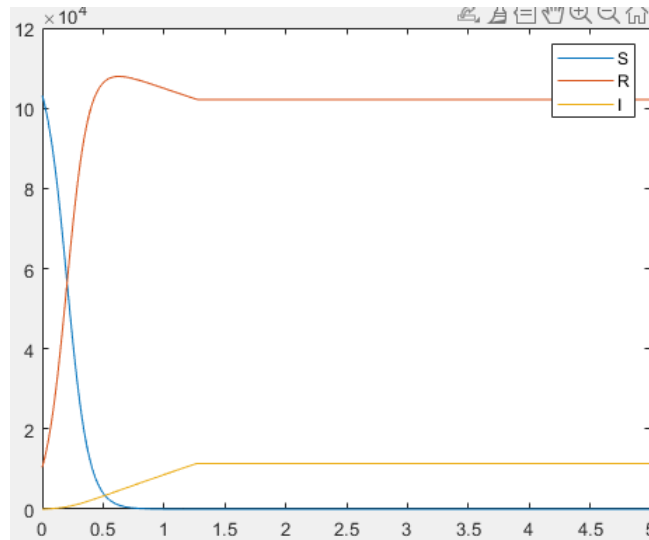


8. Resultados obtenidos

Con los métodos implementados y el gráfico tenemos como resultados, la expansión del virus y su crecimiento, al realizar el modelo con el sistema SI, obtuvimos la siguiente gráfica:

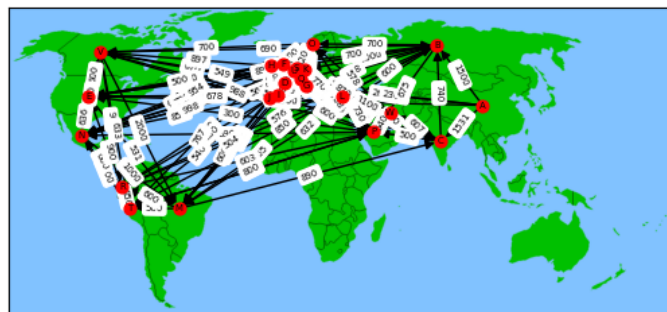


decidimos usar este modelo puesto que la expansión del virus en función de terreno no resulta ser muy sencillo de llevar, por lo cual decidimos representarlo mediante personas infectadas, ya que el hecho de tener una única persona infectada en un país o región significa que el virus ya se propagó lo suficiente, así que los recuperados no juegan un papel importante en este cálculo población infectada:



he de recalcar que lo que se intenta representar son conceptos diferentes, por un lado tenemos el crecimiento en cuanto a lo lejos que ha llegado el virus y por otro lado tenemos el crecimiento de este en la población(personas).

Mediante la clase grafo desarrollada en Python pudimos crear un grafo dirigido conexo, donde cada vértice representa los países con mas de veinte mil casos (China, Rusia, Arabia Saudita, Estados Unidos, México, Perú, ...etc.)



Como se dijo en la implementación, se hizo una modificación en el Dijkstra-



tra que nos daría el camino máximo (teniendo en cuenta que las aristas representan las personas que viajan entre país, suponiendo un porcentaje de infectados dentro de ese grupo) y de esta manera hacer una aproximación del número de personas infectadas que llegan a un país.

Dentro de nuestros resultados también pudimos observar gracias al algoritmo de búsqueda a lo profundo que el grafo siempre nos abre caminos entre cualquier par de vértices, inclusive si se remueve una arista aleatoria, esta observación nos da a entender que la única manera en que ciertamente se hubiese frenado de manera efectiva la propagación del virus seria cerrar totalmente las conexiones aéreas, tanto de entrada como de salida de cada país



9. Conclusiones

Finalmente del trabajo desarrollado podemos sacar las siguientes conclusiones:

- El crecimiento aparente de una pandemia tiende a crear varios puentes de infección para un mismo punto, esto lo pudimos observar gracias a que no encontramos aristas de corte que nos permitiera cortar el flujo de infección, esto hace que la propagación sea muy difícil de detener por lo que vemos que se deben tomar medidas desde muy temprano y muy estrictas.
- Ejecutando el algoritmo Dijkstra con su modificación pudimos encontrar una aproximación teniendo en cuenta lo que representan los pesos de cada arista y haciendo un recorrido que tomara los pesos máximos para poder encontrar la mayor cantidad de contagiados que llegan desde china a cualquier país que tenga mas de veinte mil casos.
- Partiendo de el grafo de la simulación nos dimos cuenta que como es conexo y al realizar el algoritmo de búsqueda a lo profundo, encontramos un árbol de expansión , en donde todos los vértices algunos sin ser adyacentes están conectados a partir de diferentes caminos.

Por ultimo,La teoría de grafos nos permite representar modelos de contagio de manera visual para poder tener una comprensión del problema aun mejor y además las propiedades que poseen nos abre puertas para poder manejar el problema desde varios ángulos y poder profundizar mas en su estudio y solución.



Referencias

Imágenes:

<https://www.excelsior.com.mx/media//inside-the-note/pictures/2020/01/23/plague>
<https://www.google.com/url?sa=iurl=https>

Modelo SIR

<https://www.scielosp.org/pdf/spm/2007.v49n3/218-226>