

Universidad de La Habana
Facultad de Matemática y Computación



Simulación computacional de la movilidad humana para la dinámica de enfermedades transmitidas por vectores

Autor:

Yoan René Ramos Corrales

Tutores:

Dra. Aymée de los Ángeles Marrero Severo
Lic. Ernesto Alfonso Hernández

Trabajo de Diploma
presentado en opción al título de
Licenciado en Ciencia de la Computación

Enero 2025

github.com/YoanRene/My-Thesis

Dedicación

Agradecimientos

Agradecimientos

Opinión del tutor

Opiniones de los tutores

Resumen

El presente trabajo se centra en el desarrollo de un modelo computacional para simular la movilidad humana y su impacto en la dinámica de enfermedades transmitidas por vectores. La movilidad humana, caracterizada por los desplazamientos de individuos entre diferentes ubicaciones geográficas, juega un papel crucial en la propagación de estas enfermedades. El modelo propuesto incorpora diversos factores que influyen en la movilidad, como patrones de desplazamiento diarios, viajes de larga distancia y migraciones, para comprender cómo estos movimientos afectan la distribución espacial y temporal de las enfermedades. Se espera que este modelo contribuya al diseño de estrategias de control más efectivas para mitigar el impacto de estas enfermedades en la salud pública.

Abstract

This thesis focuses on the development of a computational model to simulate human mobility and its impact on the dynamics of vector-borne diseases. Human mobility, characterized by the movement of individuals between different geographical locations, plays a crucial role in the spread of these diseases. The proposed model incorporates various factors influencing mobility, such as daily commuting patterns, long-distance travel, and migration, to understand how these movements affect the spatial and temporal distribution of diseases. This model is expected to contribute to design of more effective control strategies to mitigate the impact of these diseases on public health.

Índice general

Introducción	1
0.1. Motivación	1
0.2. Antecedentes	2
0.3. Problema de Investigación	2
0.4. Pregunta Científica	3
0.5. Objetivos	3
0.5.1. Objetivos General	3
0.5.2. Objetivos Específicos	3
0.6. Estructura	3
1. Estado del Arte	5
2. Propuesta	6
3. Detalles de Implementación y Experimentos	7
Conclusiones	8
Recomendaciones	9
Bibliografía	10

Índice de figuras

Ejemplos de código

Introducción

Las enfermedades transmitidas por vectores son una de las grandes problemáticas de salud pública en el mundo. Según la Organización Mundial de la Salud (OMS), estas representan más del 17% de las enfermedades infecciosas y provocan más de 700,000 defunciones anuales (WHO 2024), lo que supone un gran impacto en la salud y el bienestar de las poblaciones afectadas .

Estas enfermedades son causadas por parásitos, bacterias o virus que son transmitidos por insectos, garrapatas o ácaros, y pueden causar una amplia variedad de síntomas, desde leves hasta graves y potencialmente mortales. Así como en el impacto directo en la salud de las personas, estas enfermedades también tienen un impacto económico significativo en los países afectados, ya que pueden dañar la productividad laboral, el turismo y otros sectores económicos.

En este contexto, la prevención y el control de las enfermedades transmitidas por vectores son esenciales para proteger la salud pública y reducir su impacto en la sociedad. Esto implica una amplia gama de estrategias, desde la educación y la concientización de la población sobre las medidas de prevención, hasta la implementación de programas de control de vectores y la investigación y desarrollo de nuevos medicamentos y vacunas.

La dinámica de estas enfermedades es compleja y multifactorial, aún más cuando es transmitida rápidamente en el tiempo, por lo que para ser analizada se requiere de un enfoque interdisciplinario que combine conocimientos de epidemiología, biología, matemáticas, computación y otras disciplinas. En este sentido, los modelos matemáticos y computacionales pueden ser una herramienta valiosa para entender mejor el comportamiento de estas enfermedades y predecir su evolución.

0.1. Motivación

La aparición de una epidemia de este tipo de enfermedades presenta desafíos complejos que demandan una respuesta inmediata y coordinada. Desde la devastadora pérdida de vidas humanas hasta las profundas consecuencias económicas y sociales, la necesidad de herramientas eficaces para la gestión de estas situaciones es innegable.

El colapso de los sistemas de salud debido a la rápida propagación de enfermedades, a menudo exacerbado por una capacidad limitada de respuesta, subraya la importancia de la preparación y la prevención. La escasez de recursos, la sobrecarga del personal médico y la dificultad para brindar atención adecuada a todos los necesitados son consecuencias directas de una respuesta inadecuada ante una epidemia.

Así como las epidemias imponen una carga económica significativa, las medidas de control, como cuarentenas y restricciones de viaje, junto con el aumento de los gastos médicos, pueden desencadenar crisis económicas. La disminución de la productividad, la interrupción del turismo y las pérdidas en diversos sectores económicos son elementos que agravan aún más la situación.

Ante estos desafíos, el desarrollo de una herramienta computacional de simulación epidémica se presenta como una solución crucial. Esta herramienta permitiría modelar la dinámica de este tipo de enfermedades, proporcionando información vital para la toma de decisiones, fortaleciendo así la capacidad de respuesta ante futuras epidemias, mitigando su impacto y protegiendo la salud pública.

0.2. Antecedentes

La experiencia del Grupo de Biomatemática de la Facultad de Matemática y Computación en el trabajo con modelos epidemiológicos poblacionales, incluyendo la estimación y ajuste de sus parámetros, respalda la necesidad de herramientas computacionales que aborden los desafíos inherentes a la modelación, solución, estimación y predicción en epidemiología. En este contexto, se destaca la tesis de licenciatura “Redes Complejas en Epidemiología. Aplicaciones a modelos de VIH y Dengue” de Glenda Beatriz Rodríguez García (2016), así como “Simulación computacional para la dinámica de enfermedades transmitidas por vectores” de Ernesto Alfonso Hernández (2024), ambos bajo la tutoría de la Dra. Aymée Marrero Severo. Estas investigaciones introducen conceptos de la teoría de redes complejas y analizan su aplicación en la modelación de epidemias como el dengue. Estos trabajos previos han demostrado la eficacia del uso de redes complejas en la comprensión y predicción de la dinámica de epidemias, sirviendo como justificación para el desarrollo de la herramienta computacional propuesta.

0.3. Problema de Investigación

Para comprender y modelar la dinámica de transmisión de enfermedades por vectores, la simulación computacional se presenta como una herramienta fundamental. Permite explorar diversos escenarios y estrategias de control, con el objetivo de prevenir y mitigar la propagación de enfermedades (Ferguson et al. 2006). Diversos modelos

contribuyen al estudio de esta dinámica, desde el clásico modelo SIR (Kermack y McKendrick 1927), que clasifica a la población en susceptibles, infectados y recuperados, hasta modelos basados en agentes, que simulan el comportamiento individual, y modelos de redes, que representan las interacciones entre vectores, huéspedes y entorno (Ferguson et al. 2006; Balcan et al. 2009). Cada método ofrece diferentes recursos para el proceso de simulación. En este contexto, la presente investigación se centra en la modelación de una simulación para la dinámica de enfermedades transmitidas por vectores, con énfasis en la incorporación de elementos que simulen la toma de decisiones humanas.

0.4. Pregunta Científica

¿Es posible implementar una herramienta de simulación, la cual modele la propagación de una enfermedad transmitida por vectores teniendo en cuenta el comportamiento dinámico de las personas?

0.5. Objetivos

0.5.1. Objetivos General

Desarrollar un modelo de aprendizaje automático capaz de generar redes complejas para la simulación de la propagación de una enfermedad transmitida por vectores teniendo en cuenta el comportamiento dinámico de las personas.

0.5.2. Objetivos Específicos

- Implementar un modelo de aprendizaje automático para la generación de redes complejas.
- Implementar un modelo de simulación para la propagación de una enfermedad transmitida por vectores.
- Implementar un modelo de comportamiento dinámico de las personas.

0.6. Estructura

La estructura del documento está dada por tres capítulos. En el Capítulo 1 se realiza un estudio sobre el marco teórico conceptual del problema. El Capítulo 2 aborda tanto la modelación como la metodología utilizada. En el Capítulo 3 se discuten sobre

la implementación del modelo, así como de su evaluación mediante la experimentación. Terminado este último capítulo se da paso a las Conclusiones, la cual resume los puntos principales, dando respuesta a los objetivos según los resultados obtenidos.

Capítulo 1

Estado del Arte

Capítulo 2

Propuesta

Capítulo 3

Detalles de Implementación y Experimentos

Conclusiones

Conclusiones

Recomendaciones

Recomendaciones

Bibliografía

- Balcan, D., Colizza, V., Gonçalves, B., Hu, H., Ramasco, J. J., & Vespignani, A. (2009). Multiscale mobility networks and the spatial spreading of infectious diseases. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 106(51), 21484-21489 (vid. pág. 3).
- Ferguson, N. M., Cummings, D. A., Fraser, C., Cajka, J. C., Cooley, P. C., & Burke, D. S. (2006). Strategies for mitigating an influenza pandemic. *Nature*, 442(7101), 448-452 (vid. págs. 2, 3).
- Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772), 700-721 (vid. pág. 3).
- WHO. (2024). Vector Borne Diseases - Key Facts. (Vid. pág. 1).