

# Análisis de Heterogeneidad Espacial en Modelos Epidemiológicos

Luis Ernesto Ibarra Vázquez<sup>1</sup>

## Abstract

Este reporte presenta una introducción a la Biomatemática, un campo interdisciplinario que aplica métodos matemáticos y computacionales para modelar sistemas biológicos complejos. Se explica la importancia de representar la heterogeneidad espacial en modelos ecológicos y epidemiológicos, lo cual permite una comprensión más profunda de procesos del mundo real. Se presenta el modelo epidemiológico SIR y se discuten sus limitaciones al asumir homogeneidad espacial. Luego, se propone un esquema de modelado que incorpora heterogeneidad mediante la definición de metapoblaciones, esquemas de separación, y reglas de intercambio. Se muestran ejemplos de modelos espacialmente explícitos y sus aplicaciones para el estudio de COVID-19. El reporte brinda las bases para comenzar a estudiar y aplicar técnicas de modelado espacial en diversas áreas de la biología.

## Palabras Clave

Biomatemática, heterogeneidad espacial, modelado matemático

<sup>1</sup> Centro de Neurociencias de Cuba, La Habana, Cuba, [luisernesto.ibarra@cneuro.edu.cu](mailto:luisernesto.ibarra@cneuro.edu.cu), [luise98cu@gmail.com](mailto:luise98cu@gmail.com)

## Reporte de investigación

### 1. Introducción

La Biomatemática es un campo interdisciplinario que aplica principios matemáticos y computacionales para modelar y analizar sistemas biológicos complejos. Esta integración de biología, estadística y modelado matemático busca entender y hacer predicciones sobre organismos vivos y sus interacciones. Mediante el desarrollo de modelos cuantitativos, la Biomatemática ayuda a revelar relaciones y patrones difíciles de detectar solo con experimentación biológica.

La heterogeneidad espacial es un fenómeno común en sistemas biológicos y ecológicos. Se refiere a la variación en las propiedades de un sistema a través del espacio, como diferencias en la densidad de población, distribución de recursos, o condiciones ambientales. Modelar matemáticamente esta heterogeneidad espacial puede proporcionar información valiosa sobre los procesos subyacentes y la dinámica de estos sistemas.

La habilidad de representar adecuadamente la heterogeneidad espacial puede mejorar significativamente la comprensión de patrones y procesos en ecología, epidemiología y evolución. Los modelos desarrollados en este campo tendrán aplicaciones para problemas importantes como la propagación de enfermedades infecciosas y la dinámica de metapoblaciones.

En el reporte se mencionan algunas de las maneras que existen en la literatura para el modelado y análisis de modelos y variables que toman en cuenta la heterogeneidad espacial. Se mencionan pasos a tener en cuenta para la confección de este tipo de modelos.

### 2. Desarrollo

#### 2.1 Modelo SIR clásico

El modelo SIR se utiliza para describir la propagación de enfermedades infecciosas en una población. Proporciona una representación matemática de cómo la enfermedad se propaga a lo largo del tiempo y cómo evoluciona la cantidad de personas en cada categoría (susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R)).

##### Ecuaciones del modelo:

Las ecuaciones diferenciales que rigen el modelo SIR son las siguientes:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I$$

Donde:

- $S$  es la cantidad de personas susceptibles.
- $I$  es la cantidad de personas infectadas.
- $R$  es la cantidad de personas recuperadas.
- $\beta$  es la tasa de transmisión de la enfermedad.
- $\gamma$  es la tasa de recuperación de la enfermedad.

Estas ecuaciones describen cómo cambian las cantidades de susceptibles, infectados y recuperados en función del tiempo. El término  $-\beta \cdot S \cdot I$  en la ecuación de  $\frac{dS}{dt}$  representa la tasa de personas susceptibles que se infectan, mientras que el término  $\gamma \cdot I$  en la ecuación de  $\frac{dR}{dt}$  representa la tasa de personas infectadas que se recuperan. El término  $\beta \cdot S \cdot I$  en la ecuación de  $\frac{dI}{dt}$  representa la tasa de personas susceptibles que se infectan, menos la tasa de personas infectadas que se recuperan.

#### Hipótesis del modelo:

El modelo SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado) se basa en las siguientes suposiciones:

1. La población total se divide en tres particiones: susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R).
2. La población es constante, es decir, no hay nacimientos, muertes o migraciones.
3. La enfermedad se propaga solo por contacto directo entre individuos susceptibles e infectados.
4. La recuperación de la enfermedad conduce a una inmunidad total y permanente.
5. **Todos los individuos son iguales e interactúan de igual manera entre ellos [1].**

## 2.2 Heterogeneidad espacial

La hipótesis del modelo SIR que indica la igualdad de individuos e interacciones en la población es, en la mayoría de los casos, una simplificación del problema real. Para capturar estas diferencias e interacciones se necesita modelos que incluyan la heterogeneidad espacial en su definición.

1. Captura la dinámica compleja de los sistemas del mundo real.
2. Representación más realista de las interacciones y propagación de fenómenos en diferentes regiones o ubicaciones.
3. Reconoce que las poblaciones, los entornos y los comportamientos varían espacialmente, lo que resulta en patrones diversos de transmisión de enfermedades, dinámica de poblaciones y otros fenómenos.
4. Tiene en cuenta factores localizados como la densidad de población, la conectividad, la movilidad, que influyen en la dinámica y los resultados de varios procesos.
5. Permite una comprensión más profunda de los impactos de la estructura espacial en el comportamiento del sistema, lo que facilita predicciones más precisas, intervenciones específicas y una formulación de políticas efectiva.

## 2.3 Modelación con heterogeneidad espacial

Para la creación de modelos que tomen en cuenta la heterogeneidad espacial se presenta un esquema de modelado, basado en los puntos propuestos en [2].

1. Definir las distintas metapoblaciones.
  - Deben estar separadas por conjuntos que tengan elementos con características similares.
  - Los elementos del conjunto deben de interactuar de manera similar con otros conjuntos.
2. Definir esquema de separación.
  - Cada área se debe de poder comportar como un subsistema que interactúa con las demás.
  - Ejemplos: Grafos, retículas.
3. Definir intercambio entre los compartimentos definidos.
  - ¿Cómo se realiza el intercambio entre distintos compartimentos?

- Ejemplos: Movimiento euleriano, movimiento lagrangiano, reglas de difusión.
4. Seleccionar y aplicar modelo de dinámica de epidemia al esquema propuesto.
    - El modelo seleccionado debe tener en cuenta las interacciones entre los elementos de cada compartimento de manera individual y su intercambio con otras.
    - Ejemplos: SIR, reglas de transición.

### 2.3.1 Ejemplos de modelos

1. SIR y SIS con movimiento euleriano (*Flux*) y lagrangiano (*Simple Trip*) [3].
2. Modelos sobre redes [4].
3. Autómatas celulares [5].

### 2.3.2 Usos prácticos de heterogeneidad espacial

En [6] se estudia la propagación de la COVID-19 en Cuba. En este se sigue el patrón anterior al dividir las poblaciones en dos grupos principales, las regiones de La Habana y los regiones fuera de La Habana, con el objetivo de identificar las dinámicas de transmisión entre zonas urbanas densamente pobladas y el resto de la isla. El esquema de intercambio entre poblaciones se vio reflejado los parámetros del modelo indicando por una tasa de cambio a estimar. Para las poblaciones localizadas se modeló la transmisión con un esquema SEIR generalizado y además se tomó en cuenta el proceso de vacunación mediante un modelo SEIQRPV. Este trabajo contribuyó a comprender mejor el papel de la densidad de población, la movilidad y las intervenciones y permitir un análisis y una respuesta a la pandemia más específicos.

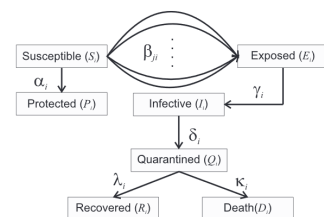


FIG. 1. Flow diagram of the generalized SEIR model with multiple populations.

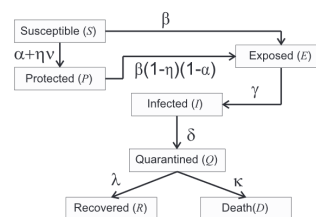


FIG. 2. Flow chart for the vaccination model on population.

Figure 1. Diagrama de intercambio entre metapoblaciones.

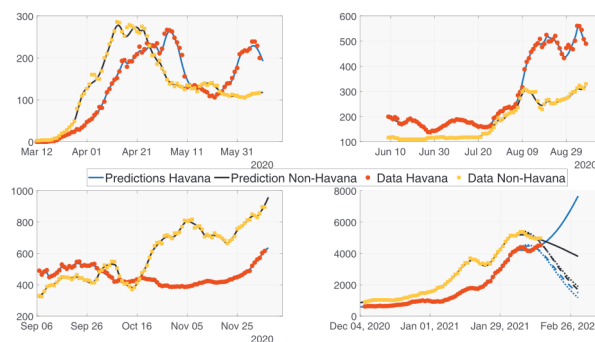


FIG. 3. Prediction of the active cases using multi-population method to study the first year of the pandemic in Cuba. Period 1 (from March 12 to June 8); period 2 (from June 9 to September 5); period 3 (from September 6 to December 3); period 4 (from December 4 to February 20).

Figure 2. Predicciones del estudio en las diferentes metapoblaciones.

El artículo [7] analiza la distribución geográfica y factores de influencia en los casos de COVID-19 en China. Utiliza varios indicadores socioeconómicos y ambientales para modelar la influencia de factores como construcción urbana, PIB y emisiones industriales en la cantidad de pacientes y fallecidos por la enfermedad. El análisis de interacción muestra efectos complejos entre los factores y los resultados sugieren estrategias de salud pública localizadas basadas en los impulsores específicos de cada ciudad. En resumen, el estudio aplica análisis espacial para caracterizar la heterogeneidad en la propagación de COVID-19 e informar respuestas pandémicas adaptadas.

## 3. Conclusiones

Este reporte ha presentado una introducción a la Biomatemática y el uso de modelos para representar la heterogeneidad espacial en sistemas biológicos. Se ha mostrado cómo la inclusión explícita del espacio en modelos epidemiológicos y ecológicos puede mejorar nuestra comprensión de procesos complejos en el mundo real.

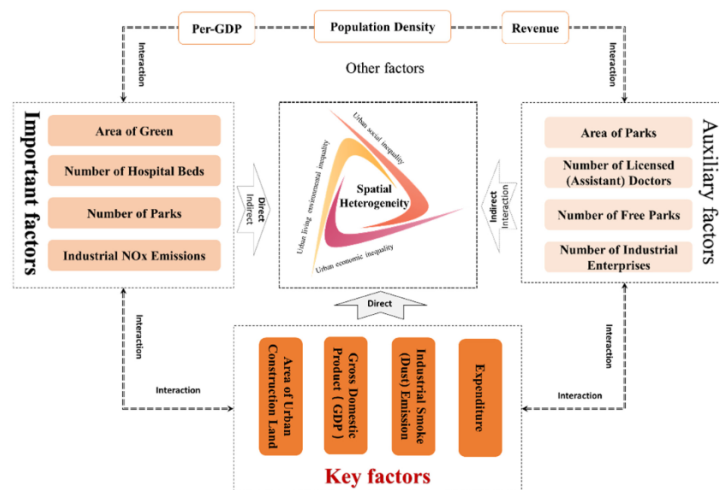


Figure 8. Driving mechanism of spatial heterogeneity.

**Figure 3.** Factores que influyen en la propagación y fallecimientos y cómo se relacionan los factores entre sí.

El curso me ha provisto de conocimientos valiosos sobre los principios de la modelación matemática en biología y las técnicas para desarrollar modelos que capturen interacciones espacialmente explícitas. El uso de ejemplos y aplicaciones a problemas actuales ha facilitado la comprensión de los conceptos teóricos.

Entre los principales aprendizajes se encuentran: los enfoques para representar espacialmente sistemas biológicos, el esquema de modelado presentado, y ejemplos de modelos espacialmente explícitos como el SIR con movimiento y modelos en redes. Estas herramientas me permitirán construir modelos más realistas de fenómenos ecológicos y epidemiológicos.

## References

- [1] Frank Ball, Tom Britton, Thomas House, Valerie Isham, Denis Mollison, Lorenzo Pellis, and Gianpaolo Scalia Tomba. Seven challenges for metapopulation models of epidemics, including households models. *Epidemics*, 10:63–67, 2015.
- [2] Ángela M. León Mecías José A. Mesejo Chiong. Heterogeneidad espacial en modelos epidemiológicos (metapoblaciones). 2023.
- [3] Daniel T Citron, Carlos A Guerra, Andrew J Dolgert, Sean L Wu, John M Henry, Héctor M Sánchez C, and David L Smith. Comparing metapopulation dynamics of infectious diseases under different models of human movement. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 118(18):e2007488118, 2021.
- [4] Arti Mishra, Benjamin Ambrosio, Sunita Gakkhar, and MA Aziz-Alaoui. A network model for control of dengue epidemic using sterile insect technique. *Mathematical Biosciences & Engineering*, 15(2):441–460, 2017.
- [5] Lílíam César de Castro Medeiros, Cesar Augusto Rodrigues Castilho, Cynthia Braga, Wayner Vieira de Souza, Leda Regis, and Antonio Miguel Vieira Monteiro. Modeling the dynamic transmission of dengue fever: investigating disease persistence. *PLOS neglected tropical diseases*, 5(1):e942, 2011.
- [6] D Guinovart-Sanjuán, R Guinovart-Díaz, K Vajravelu, W Morales-Lezca, and I Abelló-Ugalde. Multi-population analysis of the cuban sars-cov-2 epidemic transmission before and during the vaccination process. *Physics of Fluids*, 33(10), 2021.
- [7] Weiwei Li, Ping Zhang, Kaixu Zhao, and Sidong Zhao. The geographical distribution and influencing factors of covid-19 in china. *Tropical Medicine and Infectious Disease*, 7(3):45, 2022.