



# Modelos Computacionales

**Proyecto:**

**Cadenas de Márkov (Tiempo Discreto).**

**Evolución de Enfermedades (Covid-19).**



**Profesora:**

**Valeria Soto Mendoza**

**Alumno:**

**Caracoza Gámez Salvador Gerardo.**

**Chávez Cárcamo Gerardo Rodrigo.**

**Hernández Ortega Ramiro Alejandro.**

**Melchor Loera José Francisco.**

## Descripción del proyecto:

Este proyecto se enfoca en el estudio, análisis y simulación de la propagación de la enfermedad COVID-19 en México. Para lograr este objetivo, el proyecto utiliza un script en R que recopila datos de COVID-19 disponibles públicamente, analiza estos datos y luego emplea un modelo de cadena de Márkov para simular la propagación de la enfermedad a lo largo del tiempo.

En general, este proyecto proporciona una herramienta valiosa para estudiar y prever la propagación de COVID-19 en México. Los resultados de este proyecto pueden ayudar a los responsables de la toma de decisiones a entender mejor la dinámica de la enfermedad y a planificar estrategias de intervención eficaces.

## Metas:

- La meta principal es entender la dinámica de la propagación de COVID-19 en México, incluyendo las tasas de infección, recuperación y muerte.
- Continuar desarrollando y mejorando el modelo de simulación basado en cadenas de Márkov para que sea más preciso y refleje más fielmente la realidad.
- Utilizar el modelo para predecir cómo puede evolucionar la pandemia de COVID-19 en México en el futuro, lo que puede ayudar a prepararse y responder de manera más eficaz.

## Descripción del modelo, parámetros, uso y ejemplo:

### Nuestro planteamiento:

**El problema que abordaremos se enfoca en determinar la probabilidad de recuperación o mortalidad en personas infectadas con COVID-19. La pandemia del COVID-19 ha afectado a millones de personas en todo el mundo, y conocer la probabilidad de resultados como la recuperación o la muerte es esencial para evaluar el impacto de la enfermedad.**

**Instalar y cargar los paquetes necesarios:** Este script utiliza los paquetes dplyr, readr, curl y markovchain, que proporcionan funcionalidades para la manipulación de datos, lectura de archivos, descarga de archivos de internet y análisis de cadenas de Márkov, respectivamente.

**Descargar y descomprimir el archivo ZIP:** El script descarga un archivo ZIP que contiene datos sobre COVID-19 desde una URL específica. Luego, descomprime este archivo en una carpeta llamada "datos\_abiertos\_covid19".

**Leer el archivo CSV:** El script lee un archivo CSV que contiene los datos de COVID-19 descomprimidos. Se obtiene el nombre del archivo CSV de la carpeta "datos\_abiertos\_covid19".

```
# Leer el archivo CSV
csv_file <- list.files("datos_abiertos_covid19", pattern = "*.csv", full.names = TRUE)
covid_data <- read_csv(csv_file, col_types = cols())
```

**Contar los registros existentes:** Calcula y muestra el número total de registros en el conjunto de datos.

```
# Contar los registros existentes
total_registros <- nrow(covid_data)
cat("Total de registros: ", total_registros, "\n")
```

**Contar los registros en la columna "FECHA\_DEF" que sean diferentes a "9999-99-99":** Calcula y muestra el número de registros que tienen una fecha de defunción registrada. En este conjunto de datos, una fecha de "9999-99-99" se usa para indicar que no se ha registrado una fecha de defunción.

```
# Contar los registros en la columna "FECHA_DEF" que sean diferentes a "9999-99-99"
registros_fecha_def <- covid_data %>%
  filter(FECHA_DEF != 9999-99-99) %>%
  nrow()

print(total_registros)
print(registros_fecha_def)
cat("Registros con fecha de defunción diferente a '9999-99-99': ", registros_fecha_def, "\n")
```

**Cálculo de tasas:** Calcula las tasas de infección, recuperación y muerte basándose en los números de casos totales, recuperados y muertes.

```
Sanos <- 126014024 #Población de México según el INEGI al 2020
Infectados <- total_registros
Muertos <- registros_fecha_def
Recuperados <- Infectados - Muertos

TasaInfeccion <- Infectados/Sanos
TasaRecuperacion <- Recuperados/Infectados
TasaMuerte <-Muertos/Infectados

TasaInfeccion
TasaRecuperacion
TasaMuerte
```

**Creación de una matriz de transición:** Este es un paso preparatorio para el análisis de la cadena de Márkov. La matriz de transición representa las probabilidades de pasar de un estado a otro en la cadena de Márkov.

```
# Crear una matriz de transición
NombredeEstados3 = c("Sano","Infectados","Recuperados","Muertos")
matrix_transicion <- new("markovchain", transitionMatrix = matrix(c(1 - TasaInfeccion, TasaInfeccion, 0, 0,
0, 1 - TasaRecuperacion - TasaMuerte, TasaRecuperacion, TasaMuerte,
0, 0, 1, 0,
0, 0, 0, 1),
byrow = TRUE, nrow = 4, dimnames = list(NombredeEstados3, NombredeEstados3)))

plot(matrix_transicion)
```

**Simulación de la cadena de Márkov:** Simula la propagación de la enfermedad a lo largo del tiempo, suponiendo que la enfermedad se propaga de acuerdo con la matriz de transición. Se realiza una simulación de 100 días y se repite este proceso 100 veces.

```
summary(matrix_transicion)

for (i in 1:100) {
  # Defina el número de pasos de tiempo que desea simular
  n_pasos <- 100 #días

  # Simule la cadena de Markov
  simulacion <- rmarkovchain(n = n_pasos, object = matrix_transicion, t0 = "Sano")

  # Ver la simulación
  print(i)
  print(simulacion)
}
```

**Probabilidad de transición:** Calcula las probabilidades de transición entre diferentes estados (por ejemplo, de "Sano" a "Infectados") utilizando la matriz de transición.

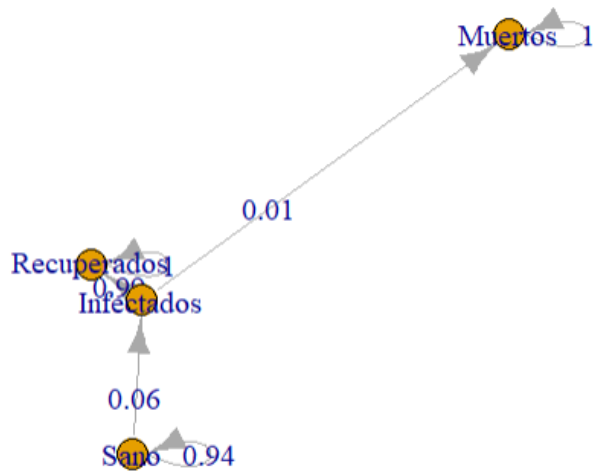
```
transitionProbability(object = matrix_transicion, t0 = "Sano", t1 = "Infectados")  
transitionProbability(object = matrix_transicion, t0 = "Infectados", t1 = "Recuperados")  
transitionProbability(object = matrix_transicion, t0 = "Infectados", t1 = "Muertos")
```

En resumen, este script descarga y analiza datos sobre la propagación de COVID-19 en México, y luego utiliza estos datos para simular la propagación futura de la enfermedad utilizando una cadena de Márkov.

**(explicar con pantallas de la aplicación y el código fuente):**

```
Warning: One or more parsing issues, call `problems()` on your data frame for  
details, e.g.:  
  dat <- vroom(...)  
  problems(dat)Total de registros: 7266739  
[1] 7266739  
[1] 46515  
Registros con fecha de defunción diferente a '9999-99-99': 46515  
[1] 0.05766611  
[1] 0.9935989  
[1] 0.006401083  
Unnamed Markov chain Markov chain that is composed by:  
Closed classes:  
Recuperados  
Muertos  
Recurrent classes:  
{Recuperados},{Muertos}  
Transient classes:  
{Sano},{Infectados}  
The Markov chain is not irreducible  
The absorbing states are: Recuperados Muertos  
[1] 1  
[1] "Sano" "Infectados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados"  
"Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados"  
[12] "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados"  
"Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados"  
[23] "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados"  
"Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados" "Recuperados"
```





**Repositorio (requerimientos técnicos, especificaciones, código documentado):**

<https://github.com/paco124/Proyecto-Modelos>

## Conclusión:

En conclusión, la utilización de las cadenas de Márkov para la simulación de la propagación de enfermedades como el COVID-19 ofrece una herramienta valiosa para anticipar la dinámica de la enfermedad. A través de este análisis, podemos obtener una mejor comprensión de las tasas de infección, recuperación y muerte, y prever cómo estas tasas pueden cambiar con el tiempo.

El proyecto demostró ser eficaz al proporcionar una visión detallada de la situación de COVID-19 en México. Al utilizar datos públicos y análisis estadístico, se logró modelar la progresión de la enfermedad, aportando información esencial para la planificación de estrategias de salud pública.

Es importante recordar, sin embargo, que estos modelos son tan buenos como los datos en los que se basan. Si los datos son incorrectos o están incompletos, las predicciones pueden ser inexactas. Además, los modelos de cadenas de Márkov son simplificaciones de la realidad y no pueden capturar todas las complejidades de la propagación de enfermedades en la vida real.

En general, este proyecto destaca la importancia de las técnicas de modelado estadístico en la lucha contra las pandemias. A medida que se disponga de más datos y se desarrollen modelos más sofisticados, esperamos que nuestras predicciones sobre la propagación de enfermedades como el COVID-19 se vuelvan cada vez más precisas, permitiéndonos combatir estas enfermedades de manera más efectiva.

## **Bibliografías**

Instituto Nacional de Estadística y Geografía. (s.f.). Estructura de la población. Recuperado el 13 de mayo de 2023, de <https://www.inegi.org.mx/temas/estructura/>

COVID-19 Tablero México - CONACYT - CentroGeo - GeoInt - DataLab. (2023) Recuperado el 13 de mayo, 2023, de <https://datos.covid-19.conacyt.mx/#DOView>



Taha, H. A. Investigación de operaciones. Pearson Educación.

Hillier, F. S., Lieberman, G. J., & Osuna, M. A. G. Introducción a la Investigación de Operaciones. McGraw-Hill.

Markovchain R Package, <https://cran.r-project.org/web/packages/markovchain/markovchain.pdf>