

## **Modelación y simulación computacional usando sistemas de información geográfica con dinámica de sistemas aplicados a fenómenos epidemiológicos**

*Carlos Arturo Castro Castro\**, *Libardo Antonio Londoño Ciro\*\** y *Juan Carlos Valdés Quintero\*\*\**

(Recibido el 2 de julio de 2004. Aceptado el 17 de mayo de 2005)

### **Resumen**

En este artículo se presentan avances del proyecto de investigación modelación y simulación computacional usando sistemas de información geográfica (SIG) con dinámicas de sistemas aplicados a fenómenos epidemiológicos con el cual se han abordado los principales modelos matemáticos usados en epidemiología (susceptible-infectado-recuperado: SIR, susceptible-infectado-recuperado-susceptible: SIRS, susceptible-infectado-susceptible: SIS), para su integración, espacialización y simulación usando diferentes técnicas computacionales con el fin de modelar factores críticos en la propagación de epidemias. Para correr el modelo, se tomaron los datos de una epidemia de asma en el distrito de Manhattan de Nueva York, del tutorial de ARCGIS® versión 8.3.

----- *Palabras clave:* dinámica de sistemas, sistemas de información geográfica, epidemiología.

## **Computational modelling and simulation using geographical information systems (GIS) with system dynamics applied to epidemiological phenomena**

### **Abstract**

In this paper, advances of the research project “Computational modelling and simulation using Geographical Information Systems (GIS) with system dynamics applied to epidemiological phenomena” are presented. Specifically, a model to

---

\* Facultad de Ingeniería. Universidad de San Buenaventura, sede San Benito, carrera 56C N.º 51-90. Teléfono: (574) 511 36 00. Fax: (574) 513 82 94. Medellín. carlos.castro@usbmed.edu.co.

\*\* Facultad de Ingeniería. Universidad de San Buenaventura, sede San Benito, carrera 56C N.º 51-90. Teléfono: (574) 511 36 00. Fax: (574) 513 82 94. Medellín. libardo.londono@usbmed.edu.co.

\*\*\* Facultad de Ingeniería. Universidad de San Buenaventura, sede San Benito, carrera 56C N.º 51-90. Teléfono: (574) 511 36 00. Fax: (574) 513 82 94. Medellín. juan.valdes@usbmed.edu.co.

describe the critical factors in the propagation of epidemics is introduced. The model integrates the most common mathematical models used in epidemiology (SIR, SIRS, SIS) with georeferencing and simulation using different computational techniques. Pondered weight techniques are employed in the solution of a case study (asthma epidemics in New York).

----- *Key words:* system dynamics, geographic information systems, epidemiology.

## Introducción

Actualmente en Colombia no se poseen herramientas de carácter tecnológico basados en dinámicas de propagación de frentes de epidemias que permitan abordar, visualizar y contrarrestar con eficacia y eficiencia su propagación. En el presente proyecto se propone la integración de diferentes modelos computacionales basados en herramientas de dinámica de sistemas y sistemas de información geográfica con los cuales se puedan simular, la complejidad y multivariabilidad de los aspectos involucrados en estos fenómenos.

En este artículo se presentan los resultados correspondientes a la fase I del proyecto, cuyo propósito fundamental es convalidar la factibilidad de la integración de los modelos matemáticos ideales para la simulación de epidemias con la potencialidad de las herramientas computacionales de los SIG.

Al final del artículo se detalla la proyección de las siguientes fases del proyecto, el cual se encuentra inmerso en la línea de investigación en geoinformática de la Facultad de Ingeniería de la Universidad de San Buenaventura, seccional Medellín.

## Contexto conceptual

En el sector de la salud pública en lo relacionado con fenómenos epidemiológicos, los SIG permiten realizar análisis espaciales y temporales de las enfermedades, posibilitando la creación de mapas temáticos para el monitoreo y control del fenómeno salud-enfermedad para la toma de decisiones.

En epidemiología, los SIG han sido aplicados desde la década de los 90 para incrementar la eficiencia en los programas de salud, analizar el comportamiento de factores de riesgo, identificar áreas geográficas y las necesidades en salud de sus grupos poblacionales [1].

En el estudio de la distribución en espacio y tiempo de las enfermedades en epidemiología se han

utilizado patrones de puntos, de líneas y de áreas para realizar con estos, análisis espaciales [2].

Los patrones lineales se han utilizado en la generación de mapas de flujo representando el origen y destino de diferentes fenómenos que contribuyen al análisis de la difusión de una enfermedad como, por ejemplo, para evaluar patrones referidos a pacientes con cáncer en el extremo noroeste del estado de Washington. Además, han sido utilizados para describir la difusión de epidemias, tales como la de sida a nivel internacional [3].

También se han hecho investigaciones para la identificación de clusters en espacio y tiempo; en el estudio de los patrones geográficos de transmisión de enfermedades, como es el caso del estudio de la tuberculosis en Baltimore, USA [4], se han utilizado imágenes satelitales y sistemas de posicionamiento geográfico (GPS) para la vigilancia de las enfermedades y su relación con el medio ambiente [5, 6], estudios de la variación de las tasas de las enfermedades a través de regiones geográficas en el tiempo [7] y modelos de predicción de riesgos de enfermedades [8, 9, 10].

En el contexto de la dinámica de sistemas se han desarrollado modelos matemáticos ideales para representar fenómenos epidemiológicos, en ellos se parte de una población de tamaño  $S$  inicialmente sana, en la cual se introduce un cierto número  $I$  de infectados. El objeto de estudio de la mayor parte de estos modelos lo constituyen individuos, en un sentido figurado y matemáticamente tratable, vinculados con su entorno generalmente constituido por los vecinos más cercanos.

Durante el proceso infeccioso y dependiendo del tipo de enfermedad, los individuos pueden pasar por todos o algunos de los siguientes estadios:

- Susceptibles ( $S$ ) a ser contagiados.
- Infectado ( $I$ ) el individuo se halla infectado y además puede infectar.
- Removido ( $R$ ), o recuperado, estado durante el cual el individuo no puede ni ser infectado por haber adquirido inmunidad (temporal o permanente) ni afectar (por haber recupera-

do o haber pasado la etapa contagiosa de la enfermedad).

Teniendo en cuenta los distintos estadios relacionados con un proceso infeccioso, los modelos epidemiológicos matemáticos se dividen en tres grandes grupos:

SIR: el modelo susceptible-infectado-removido, relacionado con las enfermedades que confieren inmunidad permanente y un ciclo típico incluye los tres estadios.

SIRS: el modelo susceptible-infectado-removido-susceptible, idéntico al anterior, pero aplicable a casos en que la inmunidad no es permanente y el individuo vuelve a ser susceptible después de un cierto período, tal como la gripe.

SIS: el modelo susceptible-infectado-susceptible; se usan en casos en que la enfermedad no confiere inmunidad y el individuo pasa de estar infectado a susceptible nuevamente, saltando la etapa R.

La dinámica de los modelos anteriores ha sido simulada por medio de diagramas de Forrester para analizar el comportamiento de las poblaciones de susceptibles, infectados y removidos en el tiempo con base en dos factores fundamentales como son la tasa de contagio de una enfermedad y la tasa de recuperación.

### Descripción del modelo

Para esta fase del proyecto, se tomó el modelo genérico de epidemiología matemática propuesto por Navarro Juárez para entender y analizar por medio de la dinámica de sistemas las fluctuaciones en las poblaciones de sanos, recuperados e infectados por polígono en una región de influencia. Las condiciones poblacionales iniciales en el tiempo  $t_0$  son: total de habitantes ( $H_0$ ), total de sanos ( $S_0$ ), total de infectados ( $I_0$ ) y total de recuperados ( $R_0$ ).

Siendo  $S_t$ ,  $I_t$  y  $R_t$  las poblaciones de sanos, infectados y recuperados en un polígono, en un tiempo  $t$ , para un tiempo  $t+1$  están dadas por las siguientes ecuaciones:

$$S_{t+1} = S_t + \Delta S \quad (1)$$

$$I_{t+1} = I_t + \Delta I \quad (2)$$

$$R_{t+1} = R_t + \Delta R \quad (3)$$

Siendo  $\Delta S$ ,  $\Delta I$  y  $\Delta R$  las variaciones de crecimiento o decrecimiento poblacional. Para la primera fase del modelo se tienen las siguientes consideraciones:

- Se toma un modelo SIR.
- $\Delta S$ ,  $\Delta I$  y  $\Delta R$  son constantes.
- Se cumple el principio de conservación para las poblaciones, es decir no hay ni muertos ni individuos incorporados (nacimientos), como se muestra en la ecuación 4.

$$S_t + R_t + I_t = S_0 + R_0 + I_0 \quad (4)$$

- Las variaciones de sanos, infectados y recuperados satisfacen la ecuación 5.

$$\Delta S + \Delta I + \Delta R = 0 \quad (5)$$

$\Delta S$  es proporcional al producto entre los sanos y los infectados. Su constante de proporcionalidad se le denominara tasa de contagio, la cual mide la probabilidad por unidad de tiempo y por habitante de contraer la enfermedad. Esta tasa de contagio, denominada TC, puede obtenerse a partir de la interacción de múltiples variables como: distancia entre centros urbanos, vías de comunicación (carreteras pavimentadas o no; caminos de trocha, ríos), direcciones de las corrientes de viento, fuentes y escorrentías de aguas (cuencas y microcuencas), sistemas de acueducto y alcantarillado, temperatura, precipitación y humedad, deposición y tratamiento de desechos, relieve (curvas de nivel), población de tolerancia, densidad de población, estrato socioeconómico (índices de calidad de vida), usos del suelo, vectores de propagación (cualquier agente que transporte la enfermedad pero que no se infecte de ella), entre otros factores según el tipo de epidemia.

$\Delta R$  es proporcional al numero de infectados y a su constante de proporcionalidad se le deno-

minará tasa de recuperación (TR), la cual mide la intensidad de recuperación de los infectados; por lo tanto:

$$\Delta R = (TR) * I \quad (6)$$

Esta tasa de recuperación puede obtenerse a partir de la interacción de variables como: tiempo de respuesta de las entidades de salubridad, indicadores de eficacia de las medicinas utilizadas para contrarrestar la enfermedad en los individuos, nivel de calidad de vida de la población, entre otras.

$\Delta I$  se obtiene de la suma de los nuevos infectados menos los que se recuperan, en tal sentido:

$$\Delta I = (TC) * S * I - (TR) * I \quad (7)$$

Al mismo tiempo  $\Delta S$  es el número de sanos que se convierten en infectados y está dada por la siguiente ecuación:

$$\Delta S - (TC) * S * I \quad (8)$$

El modelo SIR se representó por medios de diagramas de Forrester utilizando herramientas de dinámica de sistemas y los resultados para las condiciones propuestas por Navarro Juárez,  $S_0 = 10.000$ ,  $I_0 = 250$ ,  $R_0 = 0$ ,  $T_C = 0,0001$  y  $T_R = 0,5$ , se muestran en la figura 1.

En la figura 1, la variable nuevos infectados es un acumulador en el cual se suman para cada nueva iteración, los sanos que se infectaron más los infectados de la iteración anterior. La variable nuevos recuperados es un acumulador de los infectados que se recuperaron. Los datos de poblaciones se almacenan en las variables Sanos, Infectados y Recuperados. Por lo tanto un infectado acumulado en nuevos infectados puede ser el resultado o de un sano que se infectó, o de un infectado de la iteración anterior.

En la figura 2 se puede observar la variación de las poblaciones involucradas en el modelo con respecto al tiempo, debido a la dinámica sistémica de las interacciones entre las variables.

Una vez entendido el modelo de Navarro Juárez, se agregaron otras variables para afectar el comportamiento de la dinámica poblacional. Es así como en una segunda simulación, tomando las mismas condiciones iniciales del modelo anterior y adicionalmente considerando que la población de infectados pudiese disminuir debido a muertes por causa de la enfermedad, se incluyó una nueva población dentro del modelo designada “muertos”, proporcional a la población de infectados con constante de proporcionalidad denominada tasa de mortalidad (TM). Para correr el modelo se supuso constante e igual 0,015.

En consecuencia el modelo SIR se complementa con base en las siguientes ecuaciones:

$$\Delta M = (TM) * I$$

$$M_{t+1} = M_t + \Delta M \quad (9)$$

Por lo tanto:

$$\Delta S + \Delta I + \Delta R + \Delta M = 0 \quad (10)$$

En la figura 3 se presentan los resultados después de correr el modelo en la herramienta para dinámica de sistemas:

En la figura 4 se puede observar cómo la población que muere influye notablemente en el

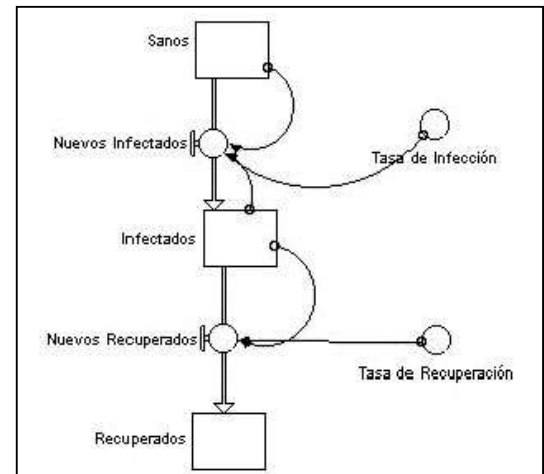


Figura 1 Diagrama de flujo Forrester para un SIR sin muertes

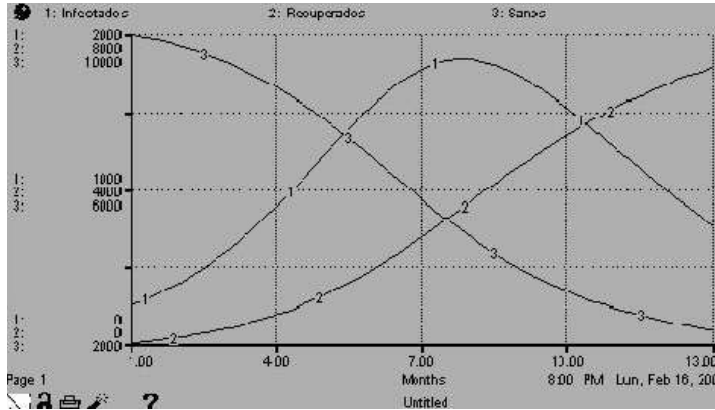
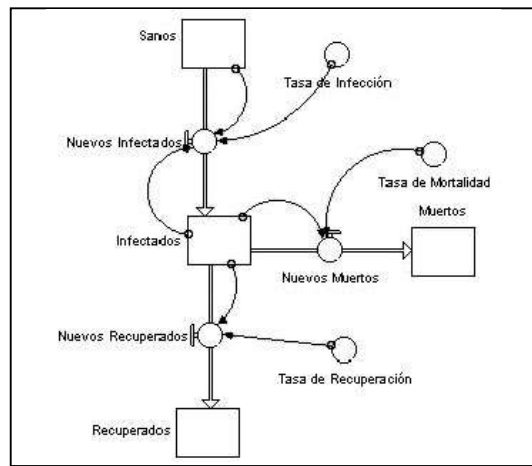


Figura 2 Diagrama de comportamiento de poblaciones SIR



comportamiento de las otras poblaciones involucradas.

Retomando el modelo SIR y varias poblaciones espacialmente distribuidas, se implementó y se ejecutó dicho modelo usando herramientas de sistemas de información geográfica (SIG) con el propósito de visualizar e interpretar las fluctuaciones de sanos, infectados y recuperados por polígono en una zona de influencia, cuyos datos fueron tomados de estadísticas reales de una enfermedad en el distrito de Manhattan, Nueva York, E. U.

Figura 3 Diagrama de flujo Forrester para un SIR con muertos

La adecuación del modelo matemático SIR en el SIG permite hacer análisis cuantitativos sobre la distribución espacial y la variación poblacional por polígonos, realizar análisis de correlación

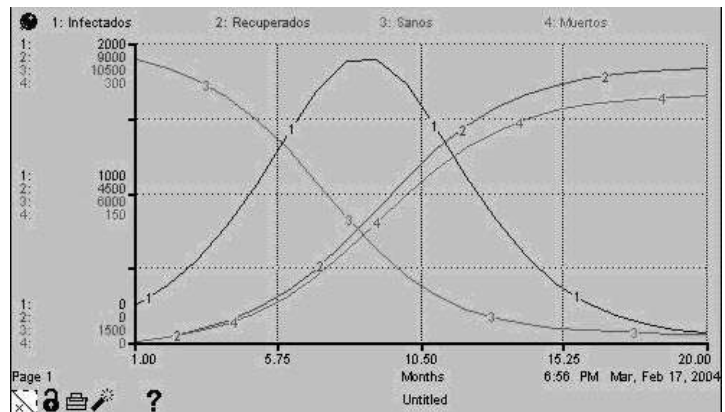


Figura 4 Diagrama de comportamiento de poblaciones SIR con muertos

espacial entre los datos (variografía de los datos) y análisis de tendencias de propagación de la epidemia por métodos geoestadísticos.

El modelo de análisis espacial adecuado de la dinámica de sistemas, se muestra en la figura 5.

Como se puede observar en la figura 5, el modelo incluye los mapas de los polígonos de la región de influencia antes mencionada los cuales contienen la información tabular y espacial de las poblaciones de sanos, infectados y recuperados por polígono en un tiempo  $t = t_0$ . Seguidamente se reclasificaron los mapas iniciales, lo cual incluyó:

- Implantar el modelo SIR en la tabla de los datos espaciales.
- Controlar que las variaciones poblacionales estén dentro de los rangos máximos y mínimos de cada polígono, de tal manera que los infectados no superen la población total del polígono y que los sanos no estén por debajo de cero. Lo anterior se debe a que en la herramienta de dinámica de sistemas este control

es implícito mientras que en los SIG debe ser implementado.

- Empleando el módulo de análisis espacial de la herramienta SIG, se clasificaron los datos en 10 intervalos de igual magnitud de tal manera que se pudiese visualizar de una forma estándar y poder hacer análisis comparativos entre los distintos mapas obtenidos.

Luego de la reclasificación, se ejecutó el modelo bajo la plataforma SIG, para 20 iteraciones.

En las figuras 6-9 se muestran los mapas resultantes para la variación poblacional de infectados en las iteraciones  $t = t_0$ ,  $t = t_3$ ,  $t = t_{10}$ , y  $t = t_{20}$ , dados que en ellas se visualizan las fluctuaciones más significativas en esta variación poblacional.

Como se muestra en la figura 6, en el tiempo  $t = t_0$ , se tiene la distribución inicial de infectados por polígono en la zona de influencia de una epidemia de asma en Manhattan.

En la figura 7 puede observarse que en el tiempo  $t = t_3$ , la distribución de infectados por polígono en la zona de influencia ha variado notablemente.

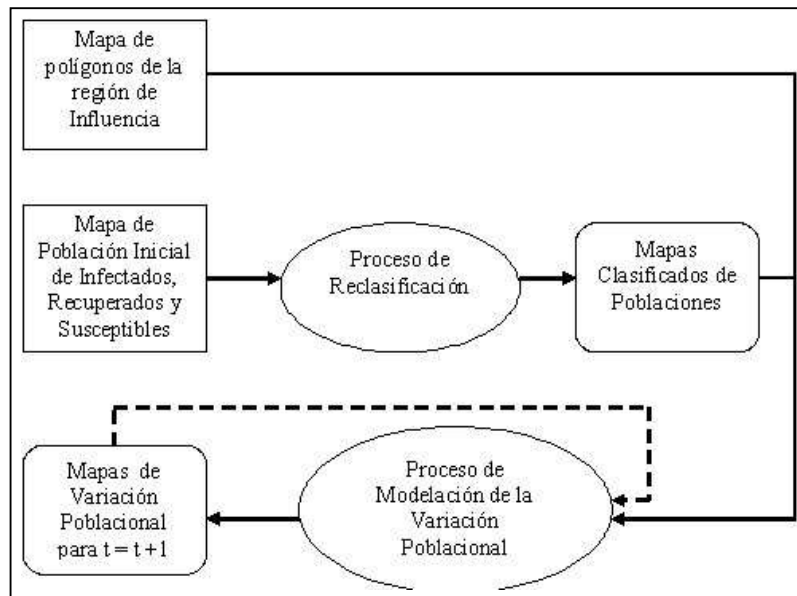


Figura 5 Modelo de análisis espacial de la variación poblacional para un SIR

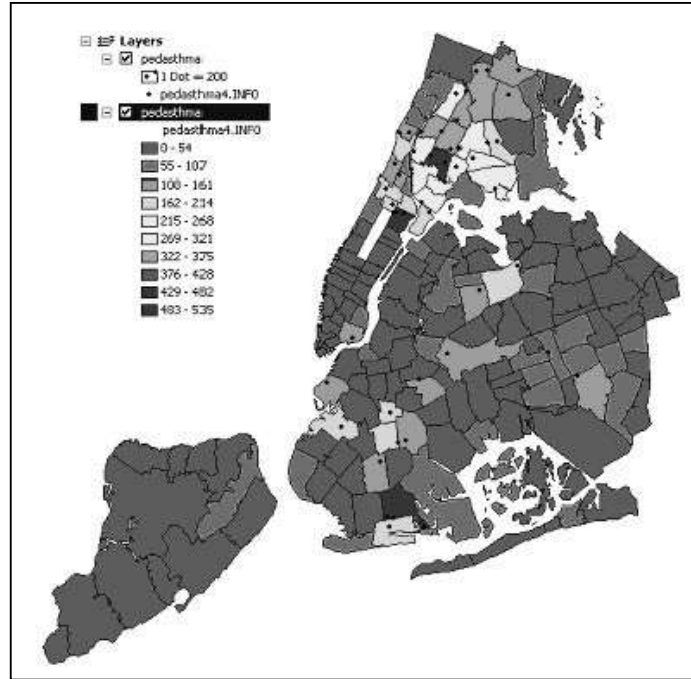


Figura 6 Mapa de polígonos para la variación poblacional de infectados en  $t = t_0$

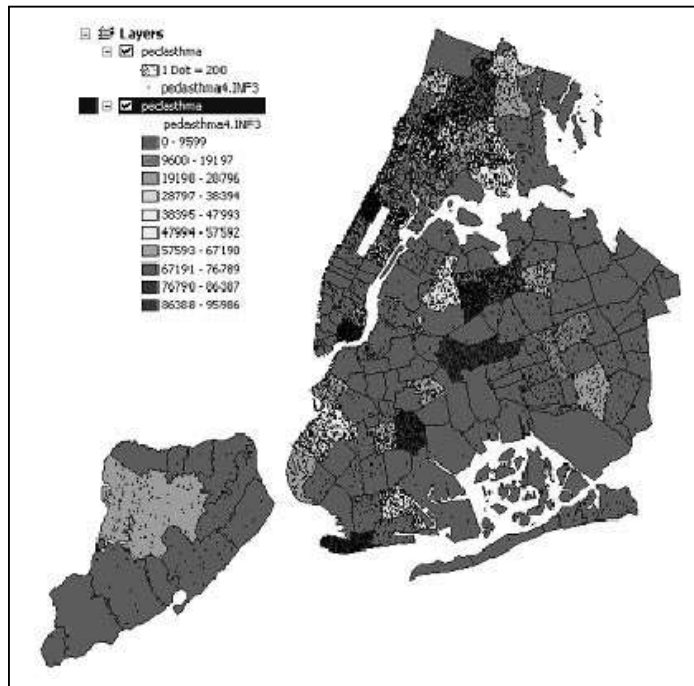


Figura 7 Mapa de polígonos para la variación poblacional de infectados en  $t = t_3$



Las regiones antes mencionadas están ahora en un rango de infectados entre 86.388 y 95.986 personas.

En las figuras 8 y 9 puede observarse como el orden de magnitud de la población de infectados decrece por polígono.

Los resultados obtenidos también permiten hacer un análisis de la variación poblacional de sanos, infectados y recuperados para cada uno de los polígonos de la región de influencia. En la figura 10 y la tabla 1 se muestran las fluctuaciones poblacionales de cuatro polígonos seleccionados aleatoriamente.

La tabla 1 muestra las fluctuaciones poblacionales cuantitativas para las iteraciones  $t = t_0$ ,  $t = t_3$ ,  $t = t_5$ ,

$T = t_{10}$ ,  $t = t_{15}$  y  $t = t_{20}$ .

### Determinación de tendencias de propagación por medio de análisis geoestadístico

La *geoestadística* es una ciencia aplicada que estudia las variables distribuidas espacialmente, partiendo de una muestra representativa del fenómeno en estudio. En dicha muestra, los datos están correlacionados espacialmente, esto es, un dato se relaciona con los datos más cercanos, y esta dependencia va perdiendo fuerza a medida

que se incrementa la distancia entre ellos; para el caso de fenómenos epidemiológicos el hecho de que se presenten casos que estén más cercanos favorecen la propagación de la epidemia. Un aspecto importante de la *geoestadística* es la posibilidad de predicción de datos desconocidos a partir de los datos del muestreo. Para realizar cualquier predicción, primero se debe hacer un análisis exploratorio de los datos con el fin de determinar que tan uniformemente están distribuidos (aunque en realidad esto poco ocurre en los fenómenos espaciales), luego se caracteriza la correlación espacial que existe entre los datos y esto se hace a partir del cálculo y representación gráfica de la función semivariograma y finalmente se aplican métodos de estimación geoestadísticos.

Uno de los métodos de estimación geoestadísticos se denomina *Kriging* que en esencia consiste en la determinación de un dato desconocido a partir de otros conocidos basándose en la idea de que para estimar dicho dato, los datos más cercanos tienen mayor influencia (peso) sobre él. Tal influencia o peso se calcula con base en la información obtenida por el semivariograma, de la siguiente forma:

$$\lambda = \Gamma^{-1} * g$$

En donde  $\lambda$  es el vector que contiene los pesos de influencia de los datos conocidos sobre el dato por estimar; en donde  $\Gamma^{-1}$  es la matriz inversa de

**Tabla 1** Variación poblacional para cuatro polígonos seleccionados

| Id  | Pob_Tot | San0   | Inf0 | Rec0 | San3  | Inf3  | Rec3 | San5 | Inf5  | Rec5  |
|-----|---------|--------|------|------|-------|-------|------|------|-------|-------|
| 23  | 102119  | 102021 | 98   | 0    | 0     | 95986 | 6133 | 0    | 23996 | 78123 |
| 174 | 78706   | 78659  | 47   | 0    | 50580 | 26268 | 1858 | 0    | 31857 | 46849 |
| 2   | 81370   | 81154  | 216  | 0    | 0     | 72478 | 8892 | 0    | 18120 | 63250 |
| 133 | 85173   | 85023  | 150  | 0    | 0     | 78431 | 6742 | 0    | 19608 | 65565 |

| Id  | Pob_Tot | San10 | Inf10 | Rec10  | San15 | Inf15 | Rec15  | San20 | Inf20 | Rec20  |
|-----|---------|-------|-------|--------|-------|-------|--------|-------|-------|--------|
| 23  | 102119  | 0     | 750   | 101369 | 0     | 23    | 102096 | 0     | 1     | 102118 |
| 174 | 78706   | 0     | 996   | 77710  | 0     | 31    | 78675  | 0     | 1     | 78705  |
| 2   | 81370   | 0     | 566   | 80804  | 0     | 18    | 81352  | 0     | 1     | 81369  |
| 133 | 85173   | 0     | 613   | 84560  | 0     | 19    | 85154  | 0     | 1     | 85172  |

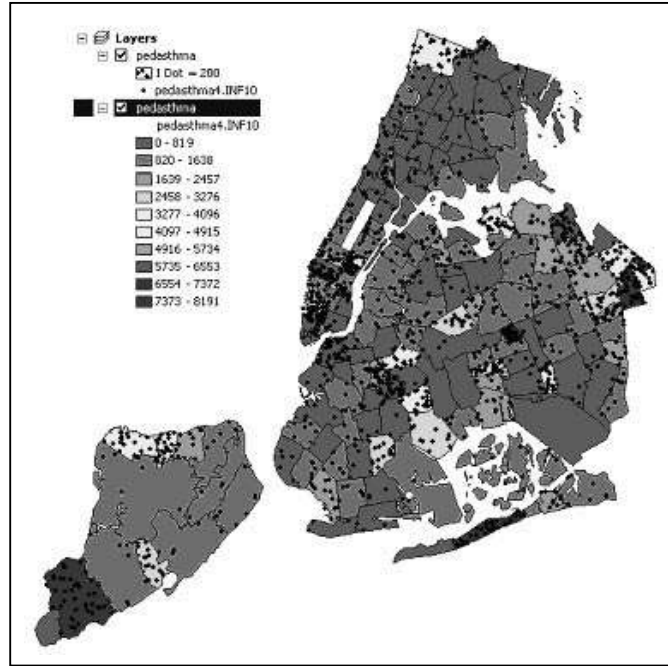


Figura 8 Mapa de polígonos para la variación poblacional de infectados en  $t = t_0$

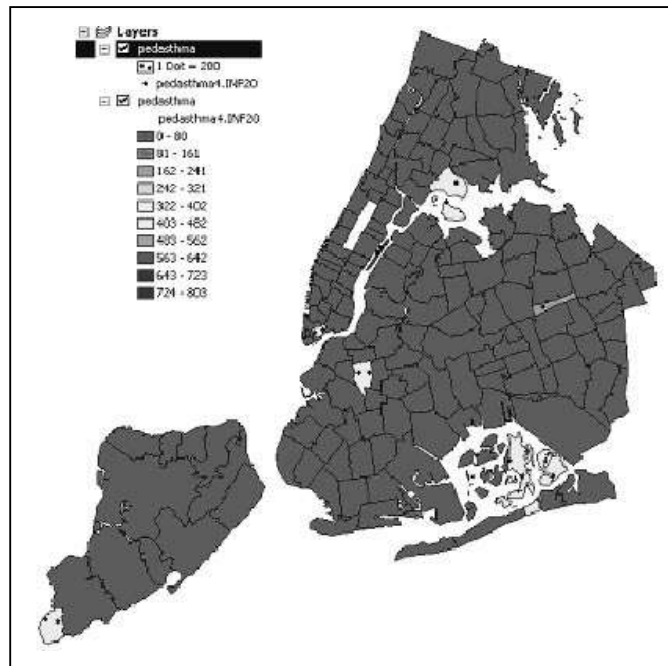
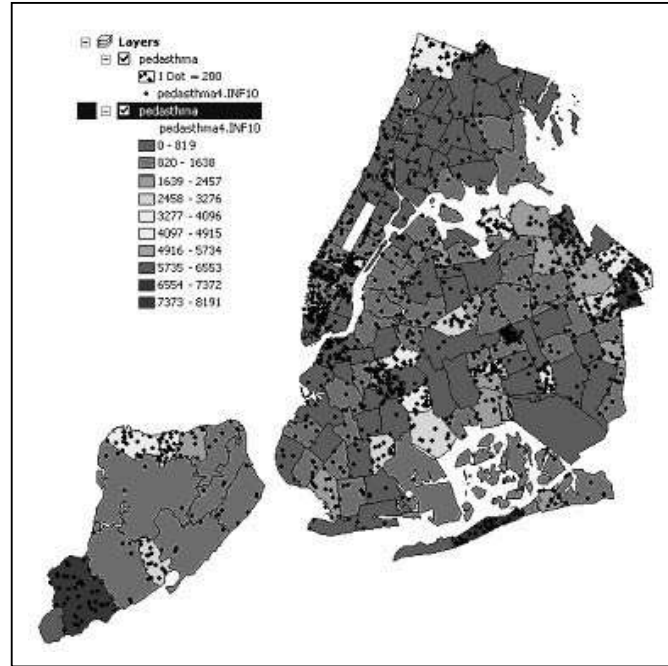


Figura 9 Mapa de polígonos para la variación poblacional de infectados en  $t = t_{20}$



**Figura 10** Mapa de polígonos para la variación poblacional de infectados en  $t = t_3$

las semivarianzas  $\gamma_i, j$ , es decir, la semivarianza de cada dato conocido con respecto a los demás datos conocidos (obtenidas a partir del modelo teórico del semivariograma), y así mismo, donde  $g$  es el vector de semivarianzas de cada uno de los datos conocidos con relación al dato por estimar, igualmente se obtienen a partir del semivariograma teórico. Con la información de los pesos  $\lambda_i$ , se estima el dato desconocido por medio de la siguiente fórmula:

$$Z_0 = \sum \lambda_i * Z_i$$

En donde  $Z_0$  es el valor del dato por estimar y los  $Z_i$ , son los valores de los datos conocidos.

Usando la herramienta para análisis geoestadístico del SIG, se realiza el siguiente procedimiento:

- Se hace un análisis exploratorio de los datos con el fin de identificar, entender y buscar tendencias en los datos; calcular las estadísticas descriptivas básicas y determinar qué tan uniformemente están distribuidos los datos.

- Se hace un análisis estructural, o variografía de los datos, con el fin de determinar correlaciones espaciales entre los datos. Primero se calcula el semivariograma teórico de los datos y se le ajusta un modelo teórico de los propuestos por la literatura.
- Se realiza un proceso de interpolación o estimación espacial con el fin de predecir datos desconocidos a partir de datos conocidos. En la mayoría de los casos no es posible tener toda la información requerida para un estudio geoestadístico, en consecuencia se debe desarrollar métodos confiables, desde el punto de vista estadístico, que permitan la estimación de más datos.

Ha de aclararse que con este análisis se pretende encontrar un mapa que muestre tendencias de propagación de la epidemia basándose en el hecho de la correlación espacial entre los datos, pero en este caso no se involucraron las dinámicas temporales en la variación de las poblaciones de sanos, infectados y recuperados.

Tomando los datos de la población de infectados de asma se realiza el análisis exploratorio de los datos cuyos resultados se muestran la figura 11.

De los estadísticos de la figura 11 se puede inferir:

- Como el coeficiente de sesgo (*skewness*) es mayor que cero (1,8568), hay un sesgo positivo en la distribución de los datos, en la literatura se recomienda para este caso hacer una transformación tipo logarítmica (Ln o Log), con el fin de mejorar la distribución de los datos (para que tengan una distribución más normalizada), pero al hacer esto dicho coeficiente se vuelve negativo lo cual no produce el efecto deseado, y en consecuencia se decide trabajar con los datos sin transformar.
- Como el coeficiente de variación es mayor que 200% ( $100 * \text{desviación estándar}/\text{media} \% = 100 * 10.128,4096 / 83,339 = 12.153,2651 \%$ ) se tendrán dificultades con los valores extremos al momento de la estimación.
- Como el coeficiente de curtosis (kurtosis), es mayor que cero (6,4273) entonces la distribución es más puntiaguda que la distribución normal.

Según el análisis de la exploración de los datos, se concluye que éstos no están uniformemente distribuidos.

Para realizar el análisis estructural de los datos, se incluyó dentro del cálculo del semivariograma teórico la influencia de la dirección sobre la correlación espacial de los datos, es decir, la discontinuidad direccional de las propiedades de la variable bajo estudio, en este caso la población infectada.

Se probaron varios modelos teóricos de semivariogramas (esférico, exponencial, gaussiano, hole effect) teniendo en cuenta que para garantizar la calidad de un buen modelo de estimación se debe cumplir que:

- La raíz cuadrada del error medio cuadrático del modelo elegido, *root mean square*, debe ser la más pequeña de los modelos propuestos.
- El error estándar promedio del modelo elegido, *average estándar error*, debe ser el más pequeño de los modelos propuestos.
- La raíz cuadrada del error medio cuadrático estándar, *root mean square standardizaed*, debe ser cercana a 1.

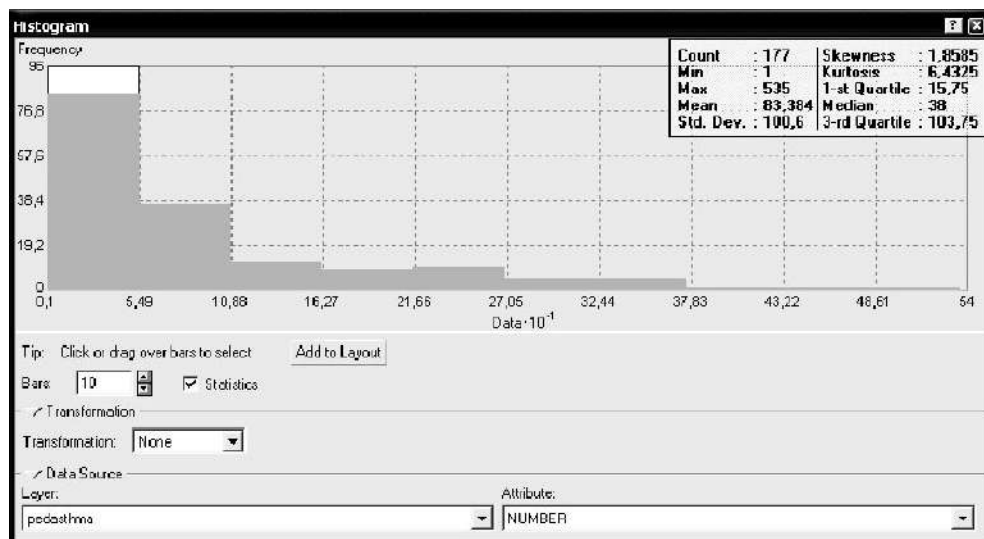


Figura 11 Análisis exploratorio de los datos de la población de infectados de asma en Manhattan

De los cuatro modelos teóricos para el semivariograma experimental, los modelos exponencial y *hole effect* fueron los que manifestaron mejor ajuste a los criterios de calidad del modelo; siendo el exponencial el que mejor ajuste presenta. La ecuación del modelo es la siguiente:

$$\gamma(h)_{\text{exponencial}} = 10.238 \left(1 - e^{-\frac{h}{16543,2}}\right) + 1.643,2$$

En la figura 12 se muestra el semivariograma experimental de los datos y el teórico propuesto usando un modelo exponencial.

En la figura 13 se muestran los errores de la predicción usando un modelo teórico exponencial para el semivariograma.

Con el semivariograma teórico usando un modelo exponencial, se procede a calcular el mapa de predicción usando el método del *Kriging* ordinario (así como en el caso de la variografía, este método fue el que mejores resultados arrojó, con relación a un *Kriging* simple o universal). La figura 14 muestra el mapa de predicción en donde tomando como base solamente la correlación espacial de los datos de la población de infectados,

se muestran las tendencias de propagación de la epidemia de asma en el distrito de Manhattan.

En la figura 14 puede observarse que existe una tendencia de propagación desde las zonas de mayor concentración de infectados formando frentes de propagación de la epidemia desde el centro hacia la periferia de forma irregular dados los parámetros, lo que permitiría en un momento dado tomar decisiones en cuanto al control de la enfermedad.

### Conclusiones

La modelación de la propagación de epidemias por medio de la dinámica de sistemas es útil en cuanto permite interpretar la fluctuación de las poblaciones en el tiempo en una determinada zona. El modelo computacional propuesto usando SIG permite adicionalmente observar la fluctuación espacial de las poblaciones por polígonos en una región de influencia.

La utilización del análisis geoestadístico permite realizar estudios preliminares de las posibles tendencias de la propagación de la epidemia,

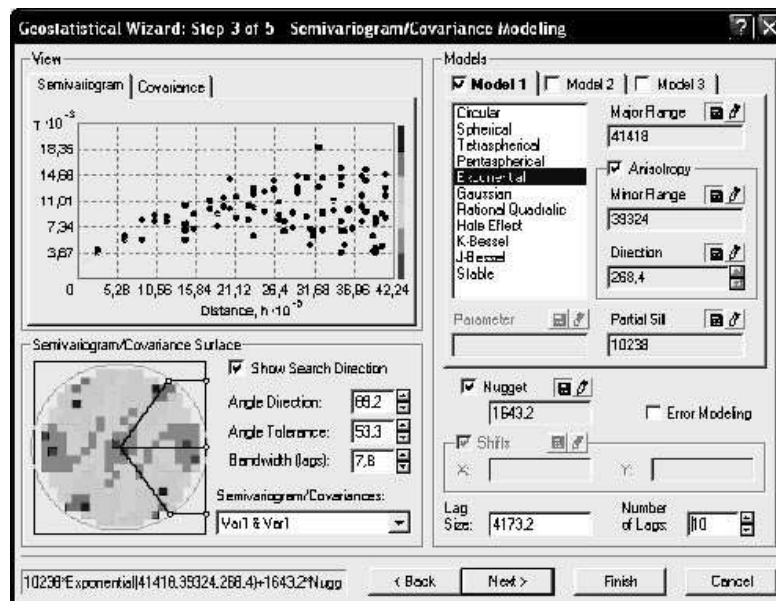


Figura 12 Modelo teórico exponencial para el semivariograma

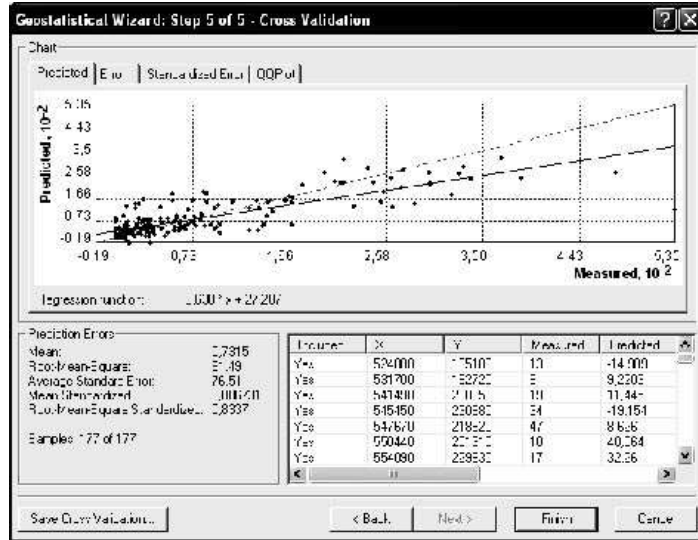


Figura 13 Errores de predicción usando un modelo teórico exponencial para el semivariograma teórico

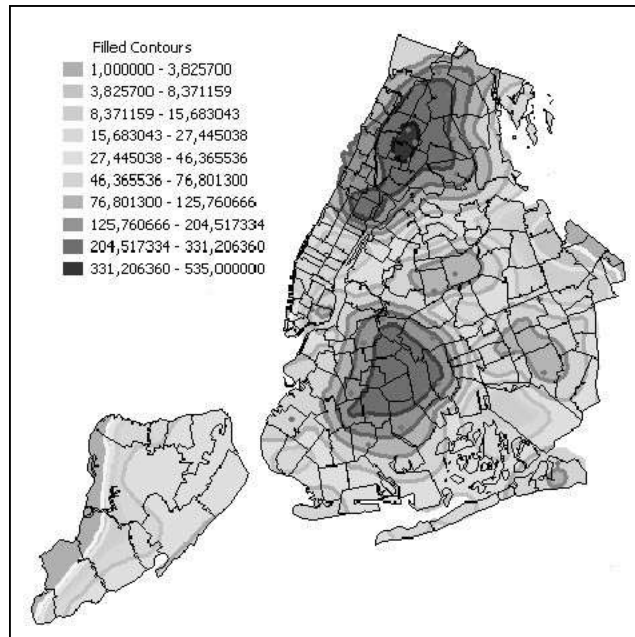


Figura 14 Tendencias de propagación de la epidemia con base en el análisis geoestadístico

teniendo eso sí muy presente que no se están incluyendo explícitamente todos los factores que inciden sobre el fenómeno de propagación; solo se ha tenido en cuenta la correlación espacial

entre los datos partiendo del supuesto de que datos que están más cerca, es decir, la cercanía entre infectados, favorece la propagación de la epidemia. Estos análisis apoyarían la toma de

decisiones por parte de los expertos en cuanto al control de la propagación del fenómeno.

### Proyección del modelo

Todo lo anterior corresponde a la primera fase de desarrollo del proyecto de investigación modelación y simulación computacional usando sistemas de información geográfica (SIG) con dinámicas de sistemas aplicados a fenómenos epidemiológicos.

Las siguientes fases de dicho proyecto corresponderán al desarrollo de los siguientes aspectos:

- Incorporación de un modelo para la simulación de la tasa de contagio (TC), tasa de recuperación (TR) y tasa de mortalidad (TM), de tal manera que se puedan incluir los factores que afectan los fenómenos de propagación de epidemias dentro de la variación poblacional. Por medio de la evaluación usando múltiples criterios, es posible implementar un modelo de asignación de pesos por medio de la comparación por parejas de tal manera que los expertos puedan definir la prioridad de las variables que afectan estas tasas, de esta manera se podría obtener un mapa de distribución de probabilidades iniciales para las tasas. Con base en el procedimiento anterior y utilizando modelos de estructuras fractales aleatorias en conjunto con los modelos matemáticos epidemiológicos, se podrían simular los fenómenos de difusión y propagación epidemiológica entre zonas.
- Realización de pruebas de *back testing* que permitan hacer ajustes del horizonte de

predictibilidad de los modelos propuestos, y realización de pruebas piloto con datos de regiones y epidemias específicas en el contexto colombiano.

### Referencias

1. <http://www.who.int/csr/mapping/en/>. Consultado el 21 de abril de 2004.
2. [http://www.uanl.mx/publicaciones/respyn/ii/2/ensayos/sistemas\\_geogra.html](http://www.uanl.mx/publicaciones/respyn/ii/2/ensayos/sistemas_geogra.html). Consultado el 18 de junio 2004.
3. <http://www.catunesco.upc.es/ads/contagio.doc>. Consultado el 15 de mayo de 2004.
4. I. Molina. "Aplicación de los sistemas de información geográfica en epidemiología". En: *Boletín epidemiológico semanal del Instituto Pedro Kouri*. Vol. 11. N.º 13. La Habana, Cuba. Marzo de 2001.
5. [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=pubmed&dopt=Abstract&list\\_uids=7604918&query\\_hl=1](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=pubmed&dopt=Abstract&list_uids=7604918&query_hl=1). Consultado el 17 de abril de 2004.
6. [http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=PubMed&list\\_uids=8840676&dopt=Abstract](http://www.ncbi.nlm.nih.gov/entrez/query.fcgi?cmd=Retrieve&db=PubMed&list_uids=8840676&dopt=Abstract). Consultado el 18 de marzo de 2004.
7. W. Cuellar et al. "Distribución espacial de enfermedades seleccionadas en el municipio Centro Habana, 1993-1995". En: *Revista Cubana de Higiene y Epidemiología*. Vol. 37. N.º 1. La Habana, Cuba. Enero-abril, 1999.
8. J. Aracil. *Dinámica de Sistemas*. Madrid. Isdefe. 1995. pp. 36-43.
9. <http://64.233.167.104/search?q=cache:v0mm1g8H8BUJ:www.catunesco.upc.es/ads/contagio.doc+Epidemiolog%C3%ADa+Matem%C3%A1tica:+Aprendiendo+Modelos+por+Contagio&hl=es>. Consultado el 12 de febrero de 2004.
10. R. Webster, M. Oliver. *Geostatistics for environmental scientists*. Great Britain. John Wiley & Sons Inc. 2001. pp. 19-20.