



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE
MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

EPIDEMIOLOGÍA COMPUTACIONAL

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE:

LICENCIADO EN CIENCIAS DE LA COMPUTACIÓN

PRESENTA:

ANTONIO SANDOVAL MENDOZA

TUTORES:

M. EN HA MALINALLI WONG RUEDA
DR. JOSÉ GALAVIZ CASAS

Ciudad de México, México, 2024



TUTORA -----

M. en H.A. Malinalli Wong Rueda

COTUTOR -----

Dr. José de Jesús Galaviz Casas

SINODAL -----

Dr. Pedro Eduardo Miramontes Vidal

SINODAL -----

Dra. Natalia Bárbara Mantilla Beniers

SINODAL -----

Dr. Ricardo Strausz Santiago

Proyecto de Apoyo a la Divulgación

Epidemiología Computacional.

Índice

1. Introducción	1
2. Objetivos	3
3. Epidemiología: Formación como disciplina científica.	4
3.1. ¿Qué es la epidemiología?	4
3.2. Epidemias y pandemias históricas: Peste Negra, Viruela, Europa, etc. (Orígenes, causas, impacto global y medidas de control)	7
3.3. La computación como rama fundamental dentro de la epidemiología	13
4. Epidemiología computacional	15
4.1. ¿Qué es la epidemiología computacional?	15
4.2. Introducción a las simulaciones computacionales	16
4.3. Papel de las bases de datos para el almacenamiento de información	18
4.4. ¿Cómo se pueden controlar y detener las epidemias mediante la ciencia, la computación y la tecnología?	21
5. Epidemiología: Modelos epidemiológicos.	25
5.1. Introducción a modelos epidemiológicos.	25
5.2. La estadística y probabilidad como ramas fundamentales para predecir epidemias y pandemias.	28
5.3. Modelo SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados).	32
6. Simulaciones computacionales del modelo SIR	36
6.1. Programa Computacional	36
6.2. Primer Caso de Análisis - 01	37
6.2.1. Descripción de la población que se analiza	37
6.2.2. Proceso de recolección y preparación de los datos de la población	37
6.2.3. Aplicación del modelo SIR	38
6.2.4. Resultados	44
6.3. Segundo Caso de Análisis - 02	45
6.3.1. Descripción de la población que se analiza	45
6.3.2. Proceso de recolección y preparación de los datos de la población	46
6.3.3. Aplicación del modelo SIR	46

6.3.4. Resultados	50
7. ¿México es un país capaz de afrontar cualquier tipo de pandemias y epidemias?	51
7.1. Pandemias y epidemias que ha vivido el país a lo largo de su historia.	51
7.2. Modelos epidemiológicos implementados en México	53
7.3. Entrevista a experto en el campo	55
8. Conclusiones y trabajo a futuro	58
8.1. Conclusiones	58
8.2. Trabajo a futuro	59
9. Anexos	61

1. Introducción

Esta investigación consistirá en estudiar el campo de la epidemiología computacional, debido a la relevancia que ha tomado el tema de pandemias y epidemias en los últimos años, y la cual surge a partir del reciente evento mundial del COVID-19.

Se empezará por definir el concepto de epidemiología, donde encontraremos cual es la diferencia entre epidemias, pandemias y endemias. Posteriormente, se encontrará el contexto histórico de algunos de los eventos epidemiológicos más grandes que han afectado a la humanidad, como la peste negra y la viruela, por ejemplo. En donde se presentan antecedentes, causas y consecuencias de cada una de estas enfermedades. Además, se da a conocer cómo la tecnología (en especial la computación) ha beneficiado a diversas áreas como la medicina; a través de las grandes cantidades de información que pueden ser procesadas para dar soluciones a los diversos eventos que se presenten.

Una vez establecidas las bases y conceptos sobre epidemiología, la tarea será definir formalmente qué es el campo de la *epidemiología computacional*. Así mismo, se analiza su origen gracias a la unión de diversas disciplinas que brindan un mayor número de herramientas y visiones para interpretar los problemas. Y como ejemplo de estas herramientas, se presentan las simulaciones computacionales, las cuales permiten repetir el número de veces que sea necesario un escenario y, además, permiten manipular los parámetros y variables. Sin embargo, es importante mencionar que el almacenamiento y protección de los datos tiene un rol muy importante, por lo que, de igual manera, se estudiarán las bases de datos dentro de esta investigación.

Continuando, se muestran cómo los modelos epidemiológicos permiten generar panoramas futuros de cómo se comportan las enfermedades a través de gráficos y elementos visuales. Y cómo es que en combinación con la estadística y la probabilidad, se pueden obtener las tasas de incidencia y prevalencia de una enfermedad en específico, y así, tener una visión más completa de la situación.

Debido a lo anterior, se optó por analizar el modelo epidemiológico SIR (Susceptibles-Infectedos-Recuperados), el cual es la representación más sencilla para poder entender como es que se propaga una enfermedad dentro de una población. Se estudio la composición del modelo, los parámetros y variables que deben ser tomadas en cuenta, y los grupos que la conforman. Incluso se elaboró un programa computacional del modelo SIR, elaborado en el lenguaje computacional Python, como parte de esta investigación, para poder analizar situaciones imaginarias sobre la pandemia del COVID-19. De esta manera, se generaron gráficos de las situaciones para ser estudiadas dentro de esta investigación y comprender mejor el tema.

Más adelante, la investigación se enfoca en cómo México ha afrontado eventos epidemiológicos que se han presentado a lo largo de la historia, como la influenza o el COVID-19. Además de conocer cuáles son algunos de los modelos epidemiológicos que se han implementado dentro del país para generar simulaciones, y de esta manera buscar medidas de salud adecuadas para controlar las enfermedades a tiempo. Finalmente, se presenta una entrevista realizada al Dr. Carlos Díaz, investigador e ingeniero en biotecnología, donde se platicó sobre la importancia de la epidemiología computacional, el nivel tecnológico de México a comparación del mundo y el papel que tienen los modelos epidemiológicos dentro del campo de la investigación.

2. Objetivos

Objetivo General

Destacar la importancia que ha adquirido la epidemiología computacional en los últimos años gracias los recientes eventos de salud que ha sufrido el mundo. Y mostrar como esta disciplina funge como un aliado fundamental en el campo de la salud para la creación y análisis de escenarios donde se observa el comportamiento y patrones de las enfermedades que se presentan dentro de una población en específico, y de esta manera, generar medidas de salud que ayuden a controlar dichas enfermedades.

Objetivos Específicos

- a) Mostrar la importancia de los modelos epidemiológicos más utilizados en el campo científico a través del análisis de su estructura y características que los definen.
- b) Implementar un software demostrativo sobre el modelo epidemiólogo SIR (Susceptibles-Infectedos-Recuperados), y poder analizar casos de estudio hipotéticos sobre enfermedades que afecten a una población a través de simulaciones computacionales.
- c) Informar a la comunidad sobre temas relacionados al manejo de eventos epidémicos dentro del país y dar a conocer más sobre el proceso de elaboración de investigaciones epidemiológicas, a través de la realización de una entrevista con un investigador experto en el campo de la epidemiología.

3. Epidemiología: Formación como disciplina científica.

3.1. ¿Qué es la epidemiología?

A lo largo de la historia de la humanidad, se han presentado una serie de eventos que han amenazado con alterar el entorno en el que se vive; incluso, llegando al punto de amenazar la salud de las poblaciones. Por lo que, la raza humana ha sido el foco de estudio de muchas disciplinas, entre ellas la epidemiología, en la cual este trabajo se centrará.

Primeramente, encontramos que el objetivo de la epidemiología es estudiar las causas, distribución y control de los factores y enfermedades que determinan el estado de salud de una población específica, con el fin de manipular y reducir el impacto que tendrán las enfermedades (Hernández et al., 2000). Siendo considerada como un campo de estudio innovador para su época hasta que John Snow (1813-1858), considerado el precursor de esta disciplina, y quien además fue un médico inglés que estudió y demostró que, a través de la existencia de un patrón, los brotes de cólera que tomaron lugar en la ciudad de Londres en los años 1853 y 1854 eran transmitidos a través del agua y no por vía respiratoria (Llanos, 2005). Este descubrimiento, generó una nueva forma de analizar cómo se propagaban las enfermedades.

Ahora, existen ciertas características que ayudan a comprender de mejor manera cuál es el campo de estudio de la epidemiología, como lo explican Chumpitaz y Ghezzi (2013):

- **Prevalencia:** Proporción de una población que fue afectada por cierta enfermedad determinada, en un periodo de tiempo determinado. Es decir, la prevalencia examinará los casos existentes que se presentaron al momento de empezar el estudio.
- **Incidencia:** Proporción de personas que recientemente desarrollan la enfermedad (nuevos contagios).

Con la información anterior, podemos deducir que la epidemiología contará con un campo interdisciplinario, en el que abarcaremos diferentes ámbitos; por ejemplo, el campo de la medicina tiene como tarea el identificar cada uno de los factores que son determinantes en el desarrollo de la enfermedad, siendo así, un punto de partida para ver cómo se empieza en el estudio general de las enfermedades. Por otro lado, el campo de la estadística analiza el número de habitantes de la población

estudiada por edad, sexo, padecimientos, etc. y de esta manera conocer la media de edad en la que se registra más casos de enfermedad y contagios. Y finalmente, el campo de la computación permite realizar simulaciones a través de software que ejecutan modelos matemáticos que permiten visualizar los periodos de infección y transmisión de la enfermedad en su punto más alto y bajo. De esta manera se espera que el resultado sea llegar a un entorno en el que se implementen las medidas que ayudan a preservar el control de salud a través del análisis de las necesidades de atención y de los recursos de una población en un lugar determinado.

El papel de las poblaciones en el estudio de la epidemiología

Ahora que se ha definido que las poblaciones son el centro de estudio de la epidemiología, podemos definir desde un punto de vista epidemiológico, que una población es un grupo de seres u organismos que pertenecen a la misma especie y que viven en un lugar geográfico y tiempo específico, además de compartir características que los hacen ser similares. (Portal Académico CCH, 2022). Y para ilustrar con un ejemplo lo anterior, se establece que una población, podría ser un grupo de estudiantes que se encuentre en el nivel medio superior. Aunque cabe destacar que la epidemiología no solo estudia las poblaciones humanas, sino que, de igual forma, existen numerosos grupos de animales, plantas e insectos que también son parte de su estudio.

Factores determinantes

Se han planteado tres factores primordiales al estar estudiando a una población. Cada uno de ellos tiene ciertas características que hacen a las poblaciones especiales unas de otras. Estos son mencionados por la Organización Panamericana de la Salud (2002):

- **Tiempo:** Rapidez con la que un fenómeno se puede transmitir en una población dentro de un periodo de tiempo establecido. Por lo que, si se comienza a analizar la frecuencia con la que se propaga una determinada enfermedad en una población particular mediante un análisis numérico, generación de gráficas y observación del fenómeno, es posible obtener tendencias de cómo se comporta el fenómeno a través de este periodo de tiempo y las cuales servirán como pronósticos que muestren los puntos claves (punto máximo y mínimo de propagación de la enfermedad) para generar conclusiones, y así tomar acciones para determinar cuáles y cuándo es el momento idóneo para poner en práctica las medidas de control de salud, y evitar que siga la propagación de dicha enfermedad.
- **Lugar:** Para poder conocer las medidas de control de salud más eficientes

y elegir los procesos de implementación correctos, será necesario conocer las características físicas y biológicas del lugar. Por lo que un objeto más de estudio de la epidemiología sería comprender las necesidades y los recursos con los que se cuentan. Ejemplo de esto sería: una casa, un hospital, hasta un país completo incluso.

- **Persona:** Haciendo un enfoque especialmente en los seres humanos, son diversas las características que distinguen a una persona: edad, sexo, altura, peso, etc. Donde cada una de ellas permite analizar de mejor manera a quienes afecta el agente patógeno y las causas del evento epidemiológico originado por cierta la enfermedad. Entrando en mayor detalle, se encontrará que diversos estudios se realizan con base en la edad y el sexo, debido a que las enfermedades se comportan en función de los cambios que sufre una persona y de sus características.



Figura 1: Diagrama de intersección de los factores.
Fuente: Elaboración propia.

En conclusión, son muchas las variables que pueden alterar los resultados en el proceso de estudio de una población, por lo que se buscará establecer variables y parámetros de la forma más exacta posible. Y sabemos que no todos estarán de acuerdo con la forma en que muchas investigaciones han definido y elegido sus variables. Sin embargo, si se logra transmitir y explicar de manera adecuada cuáles son los objetivos y significados de las variables que se utilizaron para estudiar a una población, esto permite que sea llevada a cabo una investigación entendible y con resultados beneficiosos para combatir la enfermedad (Pareja, 2011).

3.2. Epidemias y pandemias históricas: Peste Negra, Viruela, Europa, etc. (Orígenes, causas, impacto global y medidas de control)

Origen de la epidemiología y la investigación del Dr. John Snow

“La palabra epidemiología, que proviene de los términos griegos «epi»(encima), «demos»(pueblo) y «logos»(estudio), etimológicamente significa el estudio de «lo que está sobre las poblaciones»”(Hernández et al., 2000, p. 134). Y fue hasta que Hipócrates, conocido por ser fundador de la Medicina Racional y precursor de la Ética Médica, en una de sus diversas ideas, planteó dos principales condiciones que serían factores determinantes en el proceso de aparición de las enfermedades. El primero, son las condiciones ambientales de un sitio geográfico determinado y el estilo de vida de las personas en la cuestión de alimentación y condición física.(Hernández et al., 2000). Es así como inicialmente se empezaban a relacionar ideas con lo que se podría considerar “epidemiología” de ese momento histórico en la Antigua Grecia.

Sin embargo, fue hasta el siglo XIX que se presentaron grandes eventos donde se realizaron estudios sobre cómo se distribuían las enfermedades dentro de grupos determinados. Un ejemplo de esto, fue la investigación de John Snow (1813–1858), quien obtuvo un grado de Doctor en Medicina (1844) por la Universidad de Londres, y quien fue un investigador destacado por su gran sentido de la observación. Su trabajo estuvo basado en la segunda epidemia de cólera que sufrió Inglaterra 1848. Durante este fenómeno, los investigadores del momento desconocían el origen y modo de transmisión de esta enfermedad. Por ende, surgieron diversas teorías. Una de ellas argumentaba que el cólera se transmitía a través del contacto físico con enfermos y por el uso de objetos que estuvieran expuestos a la enfermedad. Incluso, se llegó a plantear que el aire transportaba vapores tóxicos, como resultado de la materia en descomposición; y que estos eran los factores causantes de la enfermedad (Cerdeja y Valdivia, 2007).

Fue así, como el Dr. Snow, quien contaba con conocimientos en los campos de física y química, nunca estuvo a favor de la teoría de que el cólera se transmitía por el aire. Ya que las condiciones que presentaban los pacientes no correspondían con casos respiratorios. Por lo que, preocupado por la gran tasa de mortalidad, decidió comenzar a estudiar minuciosamente la situación. El Dr. Snow llegó a la hipótesis de que los pobladores de Londres que eran mayormente afectados por el cólera, obtenían el agua para beber río abajo del Támesis. Agua que se encontraba contaminada y no estaba en condiciones para ser ingerida. Lo que lo llevo a

reflexionar, y más tarde, se percató que el ciclo funcionaba de la siguiente manera, la gente consumía agua, posteriormente, la gente se enfermaba, y finalmente terminaba el proceso de distribución al morir. Pero no fue hasta el año 1854, que se pasaba por otra epidemia de cólera en Londres, que Snow pudo comprobar su hipótesis, al ir creando un mapa con las ubicaciones y domicilios de cada persona que murió debido al cólera (Cerde y Valdivia, 2007). A este mapa le añadió, también, cuáles eran las calles límite por donde las compañías que suministraban el agud del lugar, podían llegar a través de sus bombas de agua. Como resultado del riguroso análisis que realizó, se dio cuenta que se creaba un patrón, donde la tasa de mortalidad era mayor en el grupo de personas que se les suministraba agua por parte de la compañía Southwark. De esta manera, el Dr. Snow, demostró que la cólera no se transmitía por el aire, sino que era por medio de una bomba de agua infectada, proveniente de una compañía de la cual nadie sospechaba en ese momento (Beaglehole et al., 1994/2003).

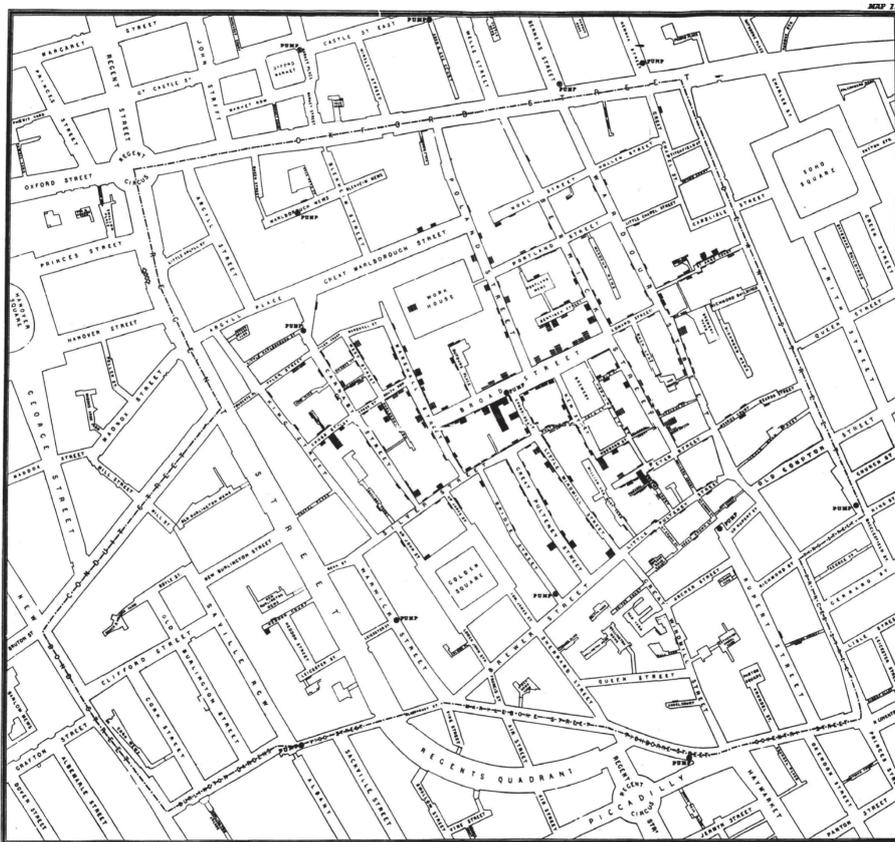


Figura 2: Vista completa del mapa de cólera de John Snow.

Fuente: (Snow, 1855).

Haciendo un acercamiento al mapa, se observan diversos puntos marcados con la palabra "Pump" (los cuales se resaltaron con color amarillo), haciendo referencia a una bomba de agua:

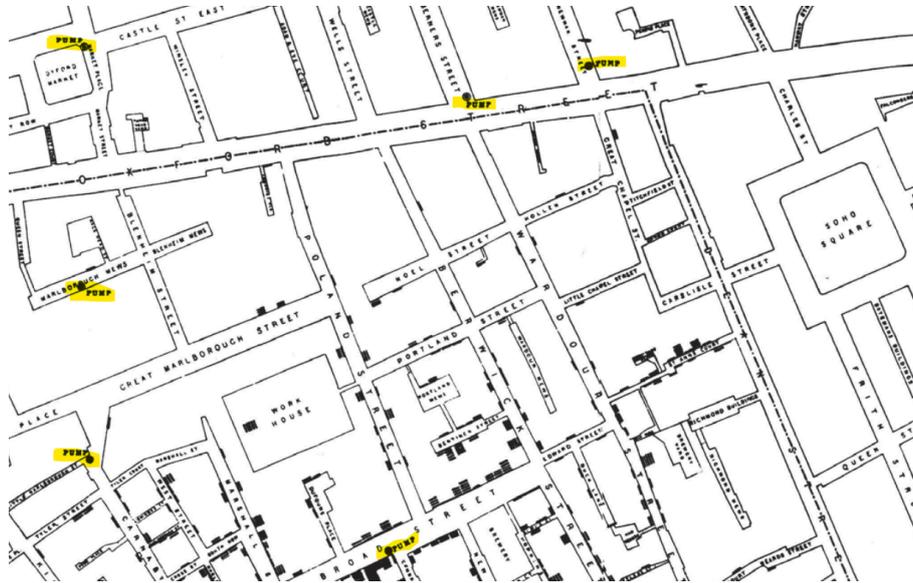


Figura 3: Sección del mapa con puntos de bombas de agua marcados.
Fuente: (Snow, 1855).

Este descubrimiento marco un antes y un después para la epidemiología, debido a que se implementó un análisis espacial, algo que era completamente novedoso para la época. Se plantearon los factores principales a partir de preguntas: *¿Dónde?*, *¿Quién?* y *¿Cuándo?*. Finalmente, se puede decir que esta investigación represento una mejora en las políticas sanitarias desde mitad del siglo XIX.

Epidemias y pandemias históricas en Europa: Peste Negra y Viruela

En la historia de la humanidad, el ser humano ha tenido la necesidad de observar el comportamiento de las distintas poblaciones humanas. Especialmente, ha sido fundamental observar las epidemias y pandemias que se han presentado desde el principio de los tiempos hasta el mundo contemporáneo. Por ello resulta importante entender cada uno de los conceptos. Son definidos por Gregorio Sánchez (2021) de la siguiente manera:

- **Epidemia:** Aumento inusual de brotes infecciosos endémicos, y de enfermedades que no son propias de la región. Es decir, se analiza el aumento del

número de casos en un área geográfica concreta.

- **Pandemia:** Infecciones que aparecen en algún sitio, y se distribuyen rápidamente afectando a la mayor parte del mundo o a todos los continentes. Aunque, debemos considerar que la enfermedad debe de estar afectando a más de un continente (por lo menos), y que la transmisión debe de darse a través del contagio comunitario.
- **Endemia:** Infecciones (de cualquier tipo) que aparecen en ciertos sitios geográficos determinados; se espera que se manifiesten de forma regular en una población específica.

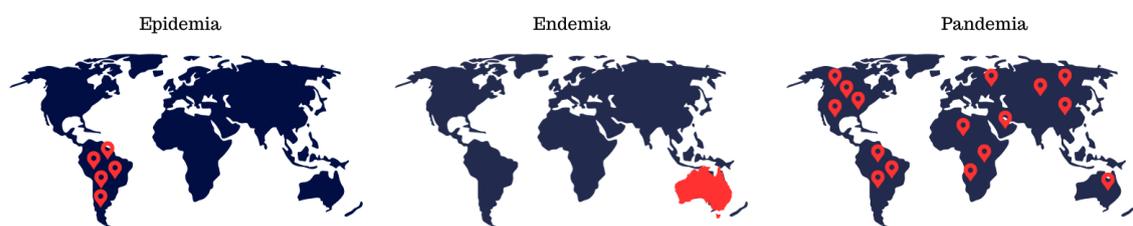


Figura 4: Representación visual de epidemia, endemia y pandemia.

Fuente: Elaboración propia.

Los conceptos mostrados anteriormente se relacionan con enfermedades infecciosas y transmisibles, las cuales son consideradas como una amenaza importante para la salud a nivel local, regional y mundial. Sin embargo, el objetivo de estudiar cualquiera de los tres eventos, es el mismo: Implementar medidas que permitan tener un control exitoso de la enfermedad, sea cual sea y en la región en donde ocurra.

Ahora, que se han definido los eventos epidemiológicos que pueden ocurrir, se procederá a analizar cuáles han sido algunas de las epidemias y pandemias que han tenido mayor impacto en la historia de la humanidad.

a) Viruela

Una de las grandes enfermedades que azotó el continente europeo, fue la viruela. La cual se cree que originalmente llegó a Europa en el siglo VI; pero fue hasta los tiempos de la Edad Media, que junto con enfermedades como la peste negra tuvieron su auge, repercutiendo en diversos continentes (Larrea, 2007); convirtiéndose así en enfermedades endémicas.

Era una enfermedad febril, es decir, provocaba fiebre y malestar. Era extremadamente contagiosa, y además, presentaba erupciones que causaban desde pápulas

hasta pústulas en la piel. Desafortunadamente, muchas de las personas que lograron recuperarse de la enfermedad, solían tener secuelas y repercusiones graves en la salud. Ejemplo de esto era quedar marcados por hoyos en la piel; otros llegaban a tal punto de quedar ciegos. Y es que hasta ese entonces se conocía que la distribución de la viruela era de forma viral, es decir, a través del contacto con personas que eran portadoras del virus. Incluso, se conocía que el virus podía transmitirse a través de la exposición con atuendos, cobijas o almohadas contaminadas (Cook, 2003). Ya que un simple tosido o estornudo, podía llevar consigo millones de virus que se quedaban plasmados en los objetos.

En aquel entonces tampoco se conocían tratamientos médicos eficaces, por lo que las medidas de prevención improvisadas no pudieron evitar lo que sería la muerte de 60 millones de personas que habitaban en Europa durante el siglo XV (Larrea, 2007).

b) Peste Negra

El referirse a la peste negra, es hablar de lo que hoy en día es considerada como la pandemia más mortífera de la historia. Un evento que tomó lugar en Asia Occidental, Oriente Medio, África y Europa a mediados del siglo XIV, es decir, perdido que empezaría en 1346 y concluiría en 1353. (Benedictow, 2011); extendiéndose rápidamente en pocos años.

Actualmente, se conoce que la causa que dio origen a esta pandemia fue provocada por el bacilo "*Yersinia pestis*". Bacilo que se contagiaba a través de pulgas que habitan usualmente, en las ratas, marmotas y ardillas (Haindl, 2010). Sin embargo, el hecho crucial era que los habitantes de aquel entonces no poseían mucho conocimiento en el campo de la salud. Y el desconocimiento de los diversos virus y bacterias que se podían presentar, significaba que muchas de sus prácticas como sociedad, reflejaban, gravemente, una falta de medidas higiénicas.

Consecuencias reflejadas en muertes

Al ser considerada como la pandemia con mayor impacto en la historia, el número de muertos que trajo consigo está calculado aproximadamente en 200 millones, comprendido, sobre todo en las regiones de Asia, en el Norte de África, y, principalmente, en la región europea; donde se calcula que la peste negra causó la muerte de entre 20% y 50% de la población, que como mencionamos anteriormente, llegó a su punto máximo de contagios y muertes entre los años de 1347 a 1351 (López y Cardona, 2020).

La peste negra no solo trajo consigo millones de muertes, sino que también provocó diversos impactos negativos en los ámbitos sociales y económicos. Esto debido al gran porcentaje de muertes que disminuyó, considerablemente, a la población, el cual actuó como un factor importante para que Europa tuviera una crisis económica que se extendería hasta el siglo XV (González, 2021). Ejemplo de esto fue el alza de los precios, la pobre paga en los diversos trabajos que existían, y una crisis en el sector agrario. El miedo que se suscitó también fue un factor principal durante la crisis, ya que nadie disponía con exactitud de indicios que explicaran el origen de la peste. Además de no conocer con certeza cuál era la manera en la que se distribuía.

Aunque no todo fue tragedia, también surgieron sentimientos de solidaridad, por lo que los habitantes de aquel momento histórico adquirieron nuevas formas de negociación. Al igual que se crearon novedosos trabajos con base en los nuevos precios y necesidades. Y se vio un cambio significativo en los sectores que dominaban el mercado en ese entonces; para dar paso a las bases de un mundo moderno, donde el feudalismo desapareció gradualmente. Y en cuanto a las medidas de prevención, uno de los factores que ayudaron a que la enfermedad tuviera un mayor impacto en las personas, eran las condiciones de pobreza en donde vivía la mayoría de la población, es decir, las practicas se caracterizaban por: las malas costumbres higiénicas, una preparación de los alimentos que no tenía el cuidado adecuado, y la poca atención en los sectores de salud (González, 2021).

En conclusión, la peste negra dejó un 70% más en el número de fallecidos durante el periodo en el que tuvo mayor impacto la enfermedad.



Figura 5: Representación gráfica de fallecidos.

Fuente: Elaboración propia.

3.3. La computación como rama fundamental dentro de la epidemiología

Como se ha mencionado en las secciones anteriores, desde que el hombre tiene uso de la razón, ha tenido como objetivo estudiar los orígenes, propagaciones y proponer cuales son las medidas de prevención adecuadas para combatir epidemias y pandemias. Sin embargo, otro rasgo en el que la humanidad se ha enfocado también es el de implementar procesos y herramientas que faciliten la vida. Es decir, usar maquinas que realicen las tareas pesadas, aparatos que hagan cálculos complejos y de forma automática, expandir los canales de comunicación alrededor de todo el mundo y fomentar la automatización de actividades dentro de todos los campos.

Cada vez más, vemos que la implementación de máquinas y dispositivos para realizar tareas, que antes se realizaban de forma manual, permite ahorrar mano de obra y, sobre todo, tiempo. Pero la herramienta que principalmente destaca es la computadora, la cual ha sido un dispositivo que nos ha permitido obtener y dar información. Por lo que los diferentes servicios que hoy en día se ofrecen, han sufrido diversos cambios debido a todos los avances tecnológicos que han surgido, principalmente en la manera en cómo se han tenido que adaptar para incluir todo tipo de dispositivos en sus actividades cotidianas.

Como ejemplo de los cambios mencionados, están los servicios médicos. La forma en como se ha beneficiado el sector médico al utilizar todo material tecnológico dentro del diagnóstico y tratamiento, ha sido muy alto, por lo que mejoraron los servicios y se agilizaron los procesos. Ejemplo de esto puede verse en la cantidad de los medicamentos que se recetan a las personas, ya que la computadora es una máquina que permite calcular una gran cantidad de datos y realizar operaciones aritméticas en cuestión de segundos, y de esta manera, dar información de las cantidades exactas y precisas de medicamentos que se deben suministrar a los pacientes dependiendo las carteristas de cada persona (edad, sexo, altura, etc.). Métodos que antes eran manuales y serian considerados como largos y complejos (Freer y Chavarría, 1992). De igual manera, a través de las computadoras se pueden realizar distintas pruebas médicas, como análisis de electrocardiogramas, y en pocos minutos, conocer los resultados.

Lo anterior es gracias a que en una computadora poseemos grandes cantidades de información que pueden ser procesadas para dar soluciones. Y a su vez, toda esta información ha sido producto de todo un historial de casos antiguos, investigaciones, medidas de prevención y pruebas médicas que se han ido almacenado y compartiendo con el mundo a través de la base datos más grande que hoy en día conocemos como internet.

Otro campo que se ha beneficiado bastante es la comunicación. Ya que la computación permite realizar actividades a larga distancia, como el tener consultas a través de videollamadas, compartir resultados de estudios médicos por medio de correos electrónicos. Incluso el uso de dispositivos móviles e Internet, da la oportunidad a los usuarios de consultar remedios para los síntomas que presentan (siempre y cuando no sean considerados graves y requieran la supervisión de un médico formalmente), permite el conocer la ubicación de hospitales cercanos, y en caso de pasar por alguna pandemia, conocer a través de medios digitales cuales son las medidas de prevención sin tener que salir de casa (Montiel et al., 2012).

Enfocándonos en este último punto de las pandemias, encontramos a los programas computacionales como una herramienta útil, para la simulación y control de eventos de salud masivos. Es decir, estos programas permiten construir modelos computacionales predictivos basados diversas variables obtenidas a partir de la población, lugar y tiempo determinados con los que se analizaran los comportamientos de una enfermedad, conocer el punto máximo de contagios, el punto más bajo, la tendencia a través del tiempo y demás.

La facilidad que nos brindan los aparatos tecnológicos para recolectar, comparar y generar datos, permite obtener grandes probabilidades para llegar al diagnóstico más correcto. Es debido a que dentro de cualquier tipo de cálculo se está llevando a cabo una búsqueda de entre más de un millón de publicaciones, investigaciones o pruebas médicas en pocos minutos o incluso segundos, algo que no conseguimos con tanta facilidad si consultamos un libro de manera manual (Freer y Chavarría, 1992). Como ejemplo, se muestra la comparativa de los tiempos que tarda en ejecutar una tarea el cerebro humano contra una computadora:

CEREBRO VS MÁQUINA		
ACTIVIDAD	CEREBRO 	MÁQUINA 
Tiempo de Procesamiento	0.001 segundos	0.000,000,001 segundos
Potencia	1	1,000,000

Figura 6: Comparativa tiempos de procesamiento.
Fuente: Elaboración propia, a partir de Del Brío y Serrano (1995).

Gracias a los modelos computacionales y simulaciones se pueden proponer diversas medidas de prevención y tratamientos a los problemas que se presentan durante una epidemia o pandemia y en cuestión de minutos, brindar un diagnóstico exacto para resolver todo tipo de dudas.

Prosiguiendo con la investigación, en el siguiente capítulo se aborda de manera más específica el concepto de epidemiología computacional. Además de presentar sus objetivos y aplicaciones para el control de eventos epidemiológicos.

4. Epidemiología computacional

4.1. ¿Qué es la epidemiología computacional?

Como se ha explicado en el capítulo anterior, el objetivo de la epidemiología es poder estudiar cómo es que un fenómeno (virus, enfermedad, bacteria, etc.) se expande y comporta durante un periodo determinado de tiempo y sobre un grupo de personas en específico (población). Sin embargo, el mundo está en constante cambio y al estar estudiando eventos epidemiológicos surgen retos cada vez más complejos. Existen diversas ramas y campos de estudios que a lo largo de la historia se han ido involucrando con la epidemiología. Ejemplo de esto son: la computación y las matemáticas.

Esto ha generado diversas ideas para unir la computación con la epidemiología dentro de una misma disciplina, para que obtengamos con ello nuevos conceptos como *Epidemiología computacional*, lo que nos lleva a plantear la siguiente pregunta: ¿Qué es la que es la epidemiología computacional?

Podemos definir a la epidemiología computacional como una interdisciplina que tendrá como principal objetivo el desarrollar herramientas, técnicas y, principalmente, implementar modelos computacionales (con una fuerte base matemática) para poder analizar de mejor manera cómo se comporta y se distribuye un fenómeno dentro de las poblaciones; y de esta manera crear medidas de control más eficaces a través del tiempo (Marathe y Vullikanti, 2013).

Gracias a la unión de estas disciplinas que surgen debido al “cambio”, es que se permite tener un mayor número de herramientas y visiones para analizar los problemas; dando vida a nuevas disciplinas como la epidemiología computacional. Y como se menciona en el capítulo anterior, la computación también ha influido mucho en el campo de la medicina, por lo que al plantear una conexión de la computación con la medicina se va formando una red interdisciplinaria. También se

observa que existe una conexión entre el campo de la medicina con áreas como la economía, por ejemplo. Una decisión económica que se tome sobre cómo será repartido el presupuesto de un gobierno, puede influir en la cantidad y manejo de los recursos disponibles para la salud (calidad de medicinas, cantidad de personal médico, etc.). Y es así como se va creando una red bastante diversa de conocimiento en la que la epidemiología computacional se puede apoyar: sociología, antropología, estadística, etc. (Rodríguez, 2015).

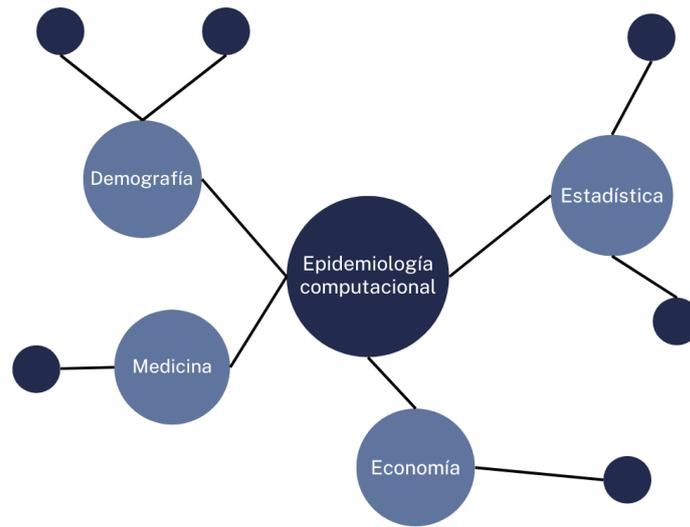


Figura 7: Red interdisciplinaria de la epidemiología computacional.
Fuente: Elaboración propia.

La epidemiología computacional se apoyará en las diversas herramientas y modelos computacionales para entender dinámicas de espacio-tiempo en el que suceden las epidemias y pandemias. Utilizará algoritmos y bases de datos para evaluar la complejidad de los fenómenos epidemiológicos, y así, ayudar a la toma de decisiones para determinar cuáles son las mejores estrategias de prevención y control dentro de la población (Marathe y Vullikanti, 2013). Además de incluir otros elementos, como: redes de computadoras para compartir datos a distancia, y la telemedicina para dar consultas y diagnósticos sin estar presencialmente en algún lugar.

4.2. Introducción a las simulaciones computacionales

Durante las últimas décadas las implementaciones de simulaciones computacionales son bastante conocidas en el campo de la investigación, ya que los científicos plantean modelos computacionales para hacer más eficientes los procesos al conocer las relaciones entre datos de entrada y salida (Seoane et al., 2015). Además

de que ejecutar un experimento a través de un programa computacional es más barato en ciertas ocasiones, ya que no existe riesgo de accidentes físicos, como lo pueden ser algunas explosiones, derrames, daños materiales, y lo más importante, es que el experimento puede repetirse el número de veces que sea necesario (se pueden cambiar, quitar, añadir parámetros y ejecutar nuevamente).

Existen ciertos requisitos para poder ejecutar simulaciones computacionales, los cuales permiten verificar que la hipótesis que se ha planteado en un inicio haya sido correctamente transformada a un algoritmo e insertada dentro del modelo computacional. Los requisitos son propuestos por Duarte y Fernández (2005):

- **Modelo matemático:** tiene el principal objetivo de analizar, explicar y predecir el comportamiento de un fenómeno en una población en particular (basándonos en sus propiedades). Una de las más grandes ventajas al aplicar un modelo matemático a través de un programa, es que no es necesario experimentar con la realidad, es decir, se evita exponer a una persona a dicho fenómeno o enfermedad, y ver su comportamiento para poder ser estudiado. Además, como mencionan Montesinos y Hernández (2007), si la creación del modelo matemático se realiza de manera adecuada y se contempla que hay que tomar el número exacto de variables y parámetros para tener un mejor enfoque y tiempo de respuesta, se pueden conocer el comportamiento del fenómeno, sea un virus, bacteria, etc.; y la forma en que se distribuyen en términos de tiempo y espacio. Finalmente los modelos matemáticos ayudan en la toma de decisiones para implementar medidas de control en temas de salud a partir de una mínima modelación del problema, y se pueden observar factores que no son claros a primera vista, aunque tampoco nos garantiza una simulación 100 % real de la situación.
- **Hardware:** Las computadoras no siempre fueron tan rápidas y accesibles como las conocemos hoy en día. También han sufrido grandes cambios conforme han pasado los años, es por esto que al empezar a implementar modelos matemáticos dentro de las computadoras, los componentes físicos como son: los procesadores y las memorias, presentaban grandes limitaciones que se relacionaban con la capacidad de memoria, el tiempo de ejecución del proceso e incluso la facilidad para poder crear el código en aquel entonces. Sin embargo, el avance tecnológico que hemos tenido gracias a la infraestructura tecnológica en campos como la tecnología móvil y las nuevas tecnologías web, han permitido que se creen materiales y piezas de mejor calidad que permiten ejecutar las tareas de una forma más eficaz para las que han sido diseñadas. Incluso para tareas complejas existen las supercomputadoras, con componentes especiales, las cuales utilizan más de una unidad central de procesamiento (o también conocidas por su abreviatura, CPU), lo cual garantiza

un análisis de alto rendimiento y ayudan a minimizar el tiempo de resolución en un gran porcentaje (IBM, s.f.). De esta manera vemos que es importante conocer el campo de estudio para hallar los componentes adecuados.

- **Software:** Antiguamente, los modelos computacionales que se programaban nacían con el objetivo de estudiar un solo fenómeno, es decir, un modelo y algoritmo específico para solucionar un problema en específico (Duarte y Fernández, 2005). Por lo que la generación de los programas era bastante abundante. Pero conforme se ha progresado, el desarrollo del software ha permitido crear aplicaciones y sistemas que han ido mejorando con el tiempo y que optimizan la ejecución de tareas en los diferentes campos. Ejemplo de esto es la representación gráfica de los resultados que se pueden obtener al ejecutar una simulación computacional. Esto beneficia en el aspecto visual y ayuda al entendimiento del problema.

En el siguiente gráfico se muestra el tiempo que tomaba en los años anteriores desarrollar software

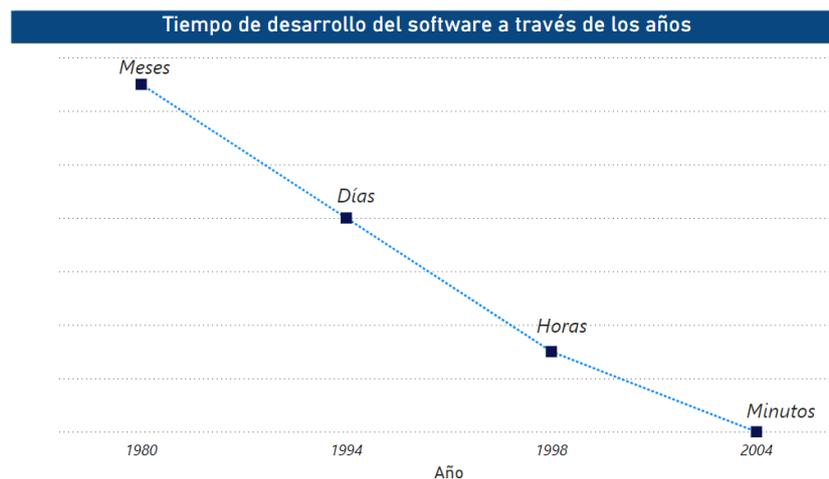


Figura 8: Cambios en el tiempo de desarrollo.

Fuente: Elaboración propia, a partir de Duarte y Fernández (2005).

4.3. Papel de las bases de datos para el almacenamiento de información

Una persona tiene la capacidad de generar grandes cantidades de datos. Desde enviar mensajes, ingresos a páginas web o redes sociales que se consultan, por lo que el objetivo de contar con herramientas para almacenar y analizar los distintos datos que se generan día con día permite presentar el concepto de bases de datos,

el cual podemos definir como: el conjunto de datos (palabras, números, imágenes, etc.) que están relacionados y almacenados en una memoria externa para ser organizados (Marqués, 2011).

La importancia de las bases de datos en el ámbito epidemiológico es muy importante, debido a que los datos que se toman para crear simulaciones computacionales con todo tipo de modelos provienen de tener almacenadas correctamente las características de la población que se analiza, así como el tipo de tratamientos que han recibido y los cuidados especiales de la zona. Por lo que al ser precisa y organizada la información, será más fácil identificar los factores para erradicar una enfermedad, ya que se utilizan tecnologías más apegadas a las necesidades, la implementación de un modelo epidemiológico correcto, y la manera en cómo se llevaran a cabo los procesos de cuidados médicos.

Sin embargo, existen ocasiones en donde la información que tenemos sobre una población o enfermedad es limitada. Conocemos el número de contagiados, pero no la edad de cada uno de ellos, o tal vez podemos conocer el sexo y edad, pero no el día en que se presentaron los primeros síntomas. Esto se debe a que en ciertos lugares se siguen utilizando sistemas manuales como: hojas físicas y ficheros, para resguardar la información (Marqués, 2011). Por esta razón, al intentar realizar investigaciones, los resultados que podemos obtener con estos datos, en primera instancia, pueden ser muy poco reveladores. Mientras que, al contar con información completa, la cual ha pasado por una serie de procesos para validar su exactitud y calidad, se estima que los resultados de una investigación serían más confiables. Además, el contar con datos detallados nos permite subclasificarlos para realizar otro tipo de investigaciones y tener una mejor visión. Un ejemplo de esto se observa en la Figura 9, donde si se cuenta con un panorama completo de los datos para realizar una investigación, se obtiene mayor porcentaje de efectividad en los resultados:



Figura 9: Efectividad de acuerdo a la cantidad de datos.

Fuente: Elaboración propia (porcentajes creados con fines de ejemplificación).

Ahora, ¿cómo se puede corroborar si la base de datos con la que se está trabajando y basando la investigación es correcta? Existen ciertos campos que garantizan la integridad de los datos e información:

Campo	Descripción
Definición	Se establecerá detalladamente cuál será el propósito de recolectar la información. Definir el objetivo de la investigación.
Estructura y alcance	Definir el número de campos: edad, sexo, ubicación, padecimientos, etc., el alcance de la base de datos y el número de habitantes de los que se almacenara información.
Independencia	Contar con independencia de datos, es decir, que los datos pueden ser procesados y analizados por cualquier tipo de sistema o aplicación para su uso.
Eliminar Redundancia	Minimizar la redundancia en los datos de entrada a través de la comparación con ciertos requisitos estandarizados para verificar que la información sea correcta. Así mismo, elimina la duplicidad de datos e incrementa la exactitud de los mismos.
Controles de Seguridad	Establecer accesos controlados a la información a través de contraseñas y permisos.

[1] “Definición” y “Estructura y alcance” (Planas et al., 2004).

[2] “Independencia”, “Eliminar Redundancia” y “Controles de seguridad” (Pulido et al., 2019).

Ventajas de la utilización de bases de datos dentro de la epidemiología

Gran cantidad de investigaciones epidemiológicas toman el alto volumen de datos que hoy en día se generan, o que se han ido almacenando en las bases de datos para ser utilizadas y procesadas a través de los diferentes modelos matemáticos y simulaciones computacionales que optan por ejecutar los diferentes científicos. Por consiguiente, el gran desarrollo de las bases de datos ha traído ventajas dentro del campo de la salud, dichas ventajas son enumeradas por Marqués (2011) como:

- El acceso inmediato y mayor productividad: Todos los usuarios pueden tener acceso inmediato a los datos que están almacenados en la base de datos. Y con los permisos correspondientes, la información puede ser manipulada para ciertos fines. De esta manera, los científicos que hagan uso de las bases de datos tendrán un gran impacto productivo, y serán más eficientes, ya que la información se encuentra ordenada y estructurada en todo momento.

- **Duplicidad de datos:** A través de la modelación de la base de datos se pueden generar una serie de características que los datos deben de cumplir para poder ser almacenados, de esta manera se elimina la redundancia y la duplicidad. La implementación de reglas de comparación de datos que se desean almacenar con datos estandarizados y previamente aprobados es un aliado muy útil para identificar que no existan incongruencias en la información.
- **Compartir datos globalmente:** Gracias a las diversas herramientas que la computación ha brindado, existe el acceso remoto a la información. Por lo que hospitales y centros de investigación pueden compartir y consultar la información que se almacena en las diferentes bases de datos, incluso en tiempo real. Y debido a las recientes enfermedades que han generado los eventos pandémicos en el mundo, es importante tener un acceso globalizado a la información de los datos sin importar la ubicación de la persona.
- **Mantenimiento:** Las tareas de mantenimiento se han vuelto bastante rápidas y accesibles debido a la implementación de la automatización de tareas repetitivas, y contemplando que las bases de datos cuentan con formatos digitales que son fáciles de respaldar. Además, se pueden consultar los estándares de documentación, procedimientos de actualización de la base de datos y conocer las reglas de acceso.

4.4. ¿Cómo se pueden controlar y detener las epidemias mediante la ciencia, la computación y la tecnología?

En los últimos años y debido a la reciente pandemia de la COVID-19, se ha notado un cambio significativo en el ritmo de desarrollo e innovación de aplicaciones móviles, sitios web, el análisis de bases de datos, e incluso el uso de la inteligencia artificial en chats para proveer información rápida. Todo esto surgió con el objetivo de poder prever más contagios y la distribución de las enfermedades, ya que, al llevar todas las facilidades a la casa de cada persona, hizo que hubiera menos interacción física, por lo que se analizaron grandes volúmenes de información en beneficio de las instituciones sanitarias, ayudándolas a obtener información más detallada y permitiéndoles tener una comunicación cercana con las personas (sin la necesidad de estar frente a frente). Por lo que, analizaremos como se han intentado controlar las epidemias y pandemias a través de la implementación de medidas tecnológicas.

Área educativa

Una de las medidas de control para reducir contagios estando en confinamiento, es el uso de dispositivos móviles con conectividad a internet (inalámbrica), ya que permiten consultar las diferentes plataformas escolares que se encuentran en internet.

Los modelos actuales de educación a distancia y presenciales, están fuertemente relacionados con el uso de tecnologías que brindan portabilidad, rapidez y adaptabilidad al usuario (Osorio, 2021); por lo que tener la flexibilidad de realizar actividades escolares en cualquier situación y lugar es un hecho beneficioso. Ejemplo de esto es la realización de videollamadas en tiempo real para llevar a cabo clases, conferencias y exposiciones a través de aplicaciones como: Zoom y Google Meet, permite un aforo de hasta 100 personas, lo cual facilita tener una mayor audiencia y de cualquier parte del mundo.

Finalmente, como resultado de la pandemia de la Covid-19, se muestra el top de aplicaciones más usadas en México antes y durante la pandemia:

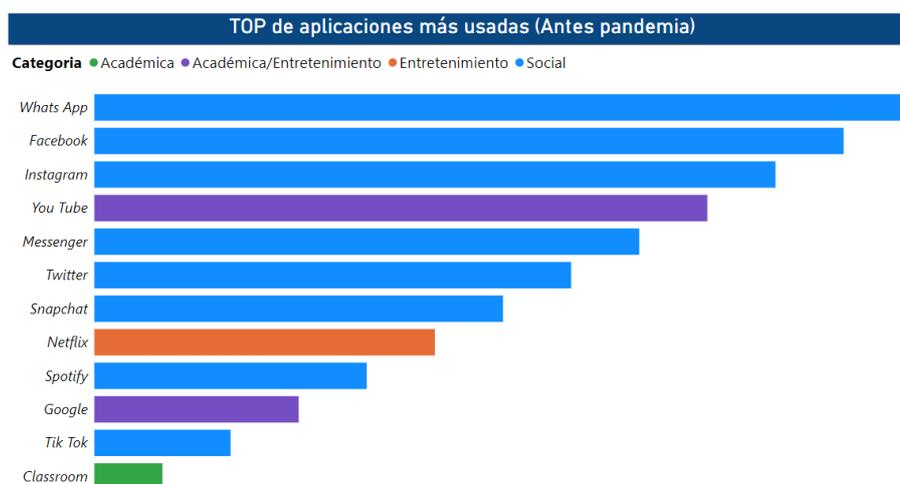


Figura 10: Top de aplicaciones antes de Covid-19

Fuente: Elaboración propia, a partir de Cervantes y Chaparro (2021).

Mientras que en la figura 11, se observa que el uso de aplicaciones académicas como *Classroom* y *Zoom* aumento considerablemente durante la pandemia:

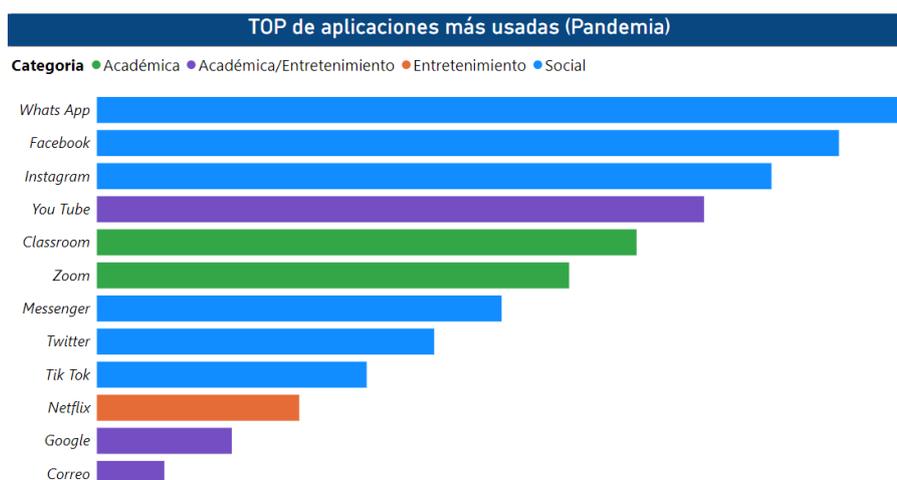


Figura 11: Top de aplicaciones durante Covid-19

Fuente: Elaboración propia, a partir de Cervantes y Chaparro (2021).

Área de economía

En los últimos años los diversos negocios y mercados han incluido en su modo de operar el uso de tecnologías de mensajería instantánea, ejemplo de esto son las aplicaciones como: WhatsApp y Telegram. Incluso, instituciones bancarias, empresas, restaurantes y demás negocios han implementado el uso chatbots y asistentes virtuales para poder atender las necesidades de sus clientes sin salir de casa, o sin tener que tratar con alguna persona física (Osorio, 2021). Lo anterior brinda una oportunidad de enviar mensajes con formato multiplataforma; por lo que la recepción de mensajes de celular a computadora, y viceversa, son posibles sin grandes complejidades. De igual manera, la opción de compartir documentos, imágenes, vídeos, realizar depósitos bancarios, enviar ubicaciones (mapas con instrucciones virtuales), enlaces para ingresar a páginas webs, poder realizar y tramitar documentos oficiales (CURP, Constancias, exámenes, etc.), entre otras cosas, han sido beneficiados por los últimos avances tecnológicos.

Área de salud

Uno de los principales objetivos de unir el campo de la medicina con el tecnológico, es dar monitoreo y seguimiento constante de la salud de la población a través de las diferentes tecnologías que se tienen a disposición. Y, además, todo este monitoreo puede realizarse en tiempo real para que exista una mejor orientación de las decisiones clínicas.

Actualmente, la inteligencia artificial, las redes sociales y las aplicaciones móviles pueden obtener la ubicación en tiempo real de las personas. Y en países como China, con respecto a la pandemia de la Covid-19, se ha optado por utilizar códigos QR (Quick Response), para compartir el estado de salud de las personas, conocer cuál ha sido su historial de lugares en los que ha estado; para que, de esta manera, se pueda observar si la persona ha estado en contacto con otras personas que portan la enfermedad (García y Sánchez, 2022). Y también es una estrategia que se puede ver replicada en México.

A principios de 2021, el periodista y miembro de la *Unión Nacional de Periodistas (National Union of Journalists)*, Samuel Woodhams, publicó un artículo en el sitio Top10VPN.com, donde obtuvo un conteo de 120 aplicaciones móviles que eran utilizadas en 71 países para dar seguimientos al estado de salud de las personas. Los resultados destacaban el uso de bluetooth, el cual, representaba el 48 % de las aplicaciones. Asimismo, el uso del GPS representaba el 25 %, luego el 22 % lo implementaban el uso de ambos métodos para rastrear. Y finalmente, el 5 % restante usaba otras alternativas (Woodhams, 2021).

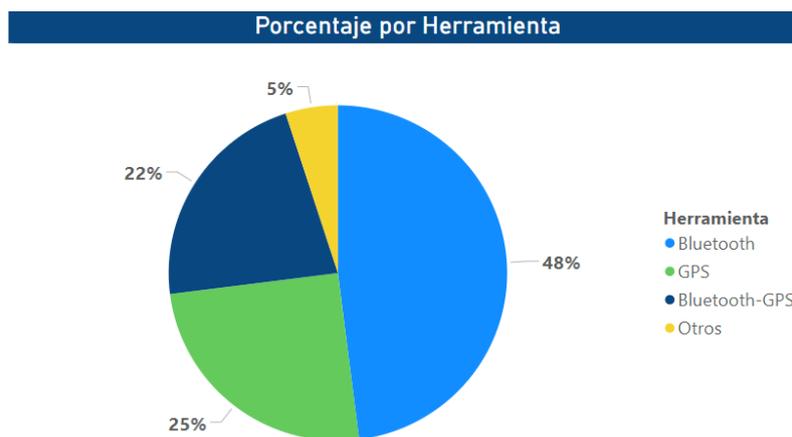


Figura 12: Representación gráfica del uso de herramientas.
Fuente: Elaboración propia, a partir de Woodhams (2021).

De esta manera, para los gobiernos les es posible poder comunicar constantemente a la población, de manera confiable y segura, cuáles son las medidas de prevención que se tienen que poner en práctica en ese momento (cubrebocas, guantes, lavado de manos, etc.). Y si es el caso, dar a conocer cuáles son las zonas donde pueden transitar libremente, sabiendo que es un espacio libre de infección.

El siguiente capítulo se centrará en los modelos epidemiológicos, es decir, se definirá cual es su función, su aplicación dentro del campo de la ciencia y se conocerá su importancia. Además, se profundizará en el modelo SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados), se analizará su estructura, flujo de comportamiento y se mostrará el sistema de ecuaciones diferenciales correspondiente. Sin embargo, el objetivo no será mostrar la solución matemática del sistema de ecuaciones, sino, representarlo en un programa computacional más adelante.

5. Epidemiología: Modelos epidemiológicos.

5.1. Introducción a modelos epidemiológicos.

Como se ha explicado anteriormente, la implementación de modelos a través de simulaciones computacionales suele ser de suma importancia para poder obtener un panorama futuro de cómo se comportarán los fenómenos de salud como: enfermedades, virus, bacterias etc. De esta manera, existe la posibilidad de generar predicciones que ayuden a la erradicación de ese problema social de salud. Pero ¿cuáles son y cómo funcionan los modelos que aplicamos en las simulaciones computacionales?

Las simulaciones computacionales están basadas en modelos epidemiológicos, que a su vez son considerados como modelos matemáticos. Entendamos por modelos matemáticos a las representaciones gráficas y visuales donde se muestran relaciones entre variables y parámetros, los cuales son obtenidos al analizar las propiedades y características de algún elemento (Álvarez et al., 2015).

Por lo tanto, subrayamos que uno de los principales objetivos de la aplicación de los modelos epidemiológicos es generar simulaciones que contemplen la mayor cantidad de variables, que estén apegadas a la realidad y que, asimismo, puedan orientar de mejor manera en la toma de decisiones, ya que serían una herramienta sencilla para poder entender estas problemáticas. Esto debido a que se busca la comprensión de los datos, por parte de las diversas áreas como: Medicina, economía, biología, bioquímica, etc.; disciplinas que participan en la prevención y erradicación de enfermedades.

Existen diversos modelos que son aplicados en las investigaciones que se realizan. Pero en este apartado se mencionarán dos modelos: Los deterministas y los estocásticos.

- Modelo Determinista: Estos modelos tienen la característica de que se tra-

bajan con datos conocidos, y además, se pueden manipular las condiciones y los factores que están interviniendo en el estudio. Y gracias a esto, se obtiene una predicción exacta de los resultados (Montesinos y Hernández, 2007). Por consiguiente, se elimina la incertidumbre sobre los datos que se podrían obtener.

- Modelo estocástico: Dentro de estos modelos, no es posible manipular los factores y las condiciones que forman parte de la investigación, por lo que se presenta la obtención de varios resultados posibles con una probabilidad asignada a cada resultado. Esto ayuda a que la investigación pueda fluir de manera más realista, al mostrar cómo es la propagación de una enfermedad (Pozos et al., 2019). Ya que es más lógico encontrar la probabilidad de transmisión de una enfermedad entre los individuos de una sociedad, que calcular la probabilidad de que la transmisión infecciosa realmente ocurra.

Sin embargo, existen modelos que pueden representarse de ambas formas (determinista y estocástica). Aunque también se basan en que la población se divide en categorías o grupos. Un ejemplo de esto, es el modelo SI.

Modelo SI

Se visualiza este modelo a partir de los siguientes pasos descritos por García (2017):

1. Este modelo está definido únicamente por dos grupos: las personas que son susceptibles a contagiarse (S), y el grupo de personas que ya se encuentra infectadas (I). Ambos grupos, son estudiados dentro de un instante de tiempo (t), por lo que tenemos:

$$S(t), I(t).$$

Otro dato importante es contemplar que cualquier individuo presenta la misma tasa de contraer la enfermedad, es decir de definir una tasa de contagio β .

2. El modelo contempla que si una persona se enferma ya no existe forma de recuperarse, por lo que una vez contagiado, la enfermedad es permanente (llegando al resultado que toda la población se contagiará al final). El flujo de un cambio de estado a otro, se vería como:



Figura 13: Diagrama flujo modelo SI

3. Una vez definidas las variables y los factores, el modelo presenta un sistema de dos ecuaciones diferenciales:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\beta S(t)I(t), & S(0) = S_0 > 0 \\ \frac{dI}{dt} = \beta S(t)I(t), & I(0) = I_0 > 0 \end{cases} \quad (1)$$

La ecuación (1) presenta el modelo SI en su forma determinista (modelo continuo). Con base a lo anterior, tenemos que el número esperado de personas recién infectadas, es decir, que pasarán del grupo de susceptibles a infectados, por unidad de tiempo es igual a:

$$\beta S(t)I(t) \quad (2)$$

Ahora, en el modelo se asume que existe un número de población constante, la cual definimos como N . (Recordemos que no se están contemplando nacimientos y muertes). Por lo que, en un inicio muestra el número de población total, conformado por la suma de Susceptibles más los Infectados, es decir, tenemos:

$$N = S(t) + I(t) \quad (3)$$

Por esta razón al despejar la ecuación (3) para calcular el valor de $S(t)$, número de personas susceptibles, tenemos:

$$S(t) = N - I(t) \quad (4)$$

Lo que conlleva a la ecuación logística:

$$\frac{dI}{dt} = \beta I(N - I) \quad (5)$$

5.2. La estadística y probabilidad como ramas fundamentales para predecir epidemias y pandemias.

Hoy en día se sabe que los datos y resultados que se obtienen a partir de una simulación computacional epidemiológica están basados en una serie de cálculos matemáticos. Además, es muy común escuchar en los análisis de pandemias y epidemias frases como: “Hubo un incremento de un 19 % de casos confirmados”, “La tasa de contagios disminuyó del 45 % al 25 %”, etc.

Se define como tasa a la “probabilidad de ocurrencia en una población de algún evento particular tal como casos o muertes” (Gobierno de México, 2023). Y está formada por tres factores: numerador, denominador y tiempo.

De manera que, para obtener este tipo de información, será necesario estudiar las medidas de frecuencia de una enfermedad. Ante esto se presentan dos conceptos que ayudaran al análisis de estas frecuencias:

1. Incidencia

Se estudiará el número de casos nuevos que surjan durante un período de tiempo determinado, además de analizar la velocidad con la que surgen (Fajardo, 2017). Sin embargo, podemos en listar diferentes tipos de incidencia, dentro de los que destacan:

- **Incidencia Acumulada (IA):** Es la probabilidad de que cierto grupo de personas dentro de la población pueda desarrollar la enfermedad. Tomando en cuenta que todas ellas son susceptibles a contraer la enfermedad y si solo se toma en cuenta que existe esta enfermedad como causa de muerte (Moreno et al., 2007).

Antes de realizar cálculos, se toma como base de estudio a un grupo de personas que no tengan la enfermedad en el momento que se inicia la investigación. En donde después se dividirá en un grupo de personas que desarrollaron la enfermedad con el tiempo (A) y un grupo de personas que no desarrollaron la enfermedad (B). Además de que existe un periodo de tiempo t donde se llevó a cabo la investigación.

Su fórmula es la siguiente:

$$IA = \frac{\text{Personas que desarrollaron la enfermedad con el tiempo}}{\text{Personas libres de la enfermedad al inicio de la investigación}} \quad (6)$$

Se observa que estas medidas cuentan con los 3 factores de una tasa mencionados anteriormente.

1. Numerador $\rightarrow A$: Personas que desarrollaron la enfermedad con el tiempo.
2. Denominador $\rightarrow A+B$: Personas libres de la enfermedad al inicio.
3. Tiempo $\rightarrow t$: Valor fijo (mismo tiempo de seguimiento de la enfermedad para cada persona).

El tiempo, al ser un valor fijo, se elimina de la ecuación, y así obtenemos:

$$IA = \frac{A}{A+B} \quad (7)$$

Ejemplo:

Se desea realizar un monitoreo y seguimiento por 2 semanas, a un grupo de 100 habitantes de una comunidad. Inicialmente el grupo se encuentra sano y libre de tal enfermedad, pero al finalizar las 2 semanas de observación, se registraron 35 casos de enfermedad dentro del grupo. Entonces:

$$IA = \frac{35}{35+65} = \frac{35}{100}$$

= 0.35 % incidencia acumulada en 2 semanas.

Como se mencionaba, al utilizar esta medida, se contempla que la población estudiada ha estado monitoreada durante un periodo de tiempo fijo y uniforme. Por lo que no se encuentran variaciones; un ejemplo de esto es que no se contempla que las personas puedan ingresar en diferentes momentos de tiempo dentro de la investigación o que alguna persona pueda abandonar el estudio. Situaciones que están apegadas a la realidad y en las que existen grandes probabilidades de que ocurran.

- **Densidad de incidencia (DI):** Como modo de solución a los problemas y a la falta de exactitud que pueden traer las variaciones de seguimiento y tiempo que se presentaron en la incidencia acumulativa, se establece utilizar la densidad de incidencia. Esta se calcula en base al sumar los tiempos libres de enfermedad de cada persona que pertenece a la población o grupo, y que

cumplen permaneciendo en la investigación durante el periodo de seguimiento (Moreno et al., 2007).

Como primer paso, es necesario tomar a un grupo de personas que no tengan la enfermedad en el momento que se inicia la investigación. Y su fórmula es la siguiente:

$$DI = \frac{\text{Personas que desarrollaron la enfermedad con el tiempo}}{\text{Suma de tiempos libres de enfermedad de cada persona}} \quad (8)$$

Es importante mencionar que la medida del denominador (suma de los tiempos) es *tiempo-persona*, como bien lo menciona Moreno et al., (2007). Ya que se puede plantear el usar años, meses, días, etc., para una investigación. Al sumar todos los tiempos libres de enfermedad de cada uno de los individuos, los cuales sabemos que pueden ser distintos, se genera un valor promedio total (tiempo de observación) para la ecuación y de esta manera se reduce el impacto que tiene el abandono o ingreso de una persona en momentos diferentes de la investigación.

Ejemplo:

Dentro de un periodo de 6 meses, el cual comienza en enero del 2022 y concluye en junio 2022. El grupo en donde se aplica el estudio será de 6 personas. Y se les asignará unos de los tres estados posibles a cada persona:

PERSONA	INICIO DE PARTICIPACIÓN	ESTATUS	RESULTADO TIEMPO-PERSONA
A	ENERO 2022	JUNIO 2022 	6 MESES
B	FEBRERO 2022	ABRIL 2022 	2 MESE
C	ENERO 2022	JUNIO 2022 	6 MESES
D	MAYO 2022	JUNIO 2022 	1 MES
E	FEBRERO 2022	JUNIO 2022 	5 MESES
F	ENERO 2022	MARZO 2022 	3 MESES

Figura 14: Tabla resultados del ejemplo propuesto.
Fuente: Elaboración propia.

Analícemos los casos:

1. Las personas A, C y E completaron el estudio sin desarrollar la enfermedad. Por lo que tenemos 6 meses + 6 meses + 5 meses = 17 meses.

2. Personas B y D desarrollaron la enfermedad en distintos momentos de la investigación e iniciaron participación en diferentes momentos). Por lo que tenemos: 2 meses (Persona B) + 1 meses (Persona D) = 3 meses.

3. Persona F, abandono la investigación, por lo que se perdió la observación de la persona. Por ende tenemos 3 meses.

Así:

$$DI = \frac{\text{N}^\circ \text{ de personas enfermas B y D}}{\text{Suma de tiempos libres de enfermedad de cada persona}} = \frac{2}{23} = 0.0869 \times 1000$$

$$= 6.9 \text{ casos por } 1000 \text{ meses} - \text{persona}$$

2. Prevalencia

En esta medida, se muestra la proporción de personas que pertenecen a la población estudiada, pero que ya se encuentran enfermas o que contrajeron la enfermedad en un periodo de tiempo determinado (Pita et al., 2004). Al estudiar un periodo de tiempo determinado, es importante mencionar que no hay tiempo de dar seguimiento a los casos, ya que se realiza el estudio al momento, con los casos de enfermos que existen. Su fórmula es la siguiente:

$$P = \frac{\text{Personas enfermas en un periodo determinado}}{\text{Total de la población en ese periodo de tiempo}} \quad (9)$$

Ejemplo:

Se realiza una investigación a un sector de la población que consta de 17,500 niños menores de 12 años. Y se encontró que 9,250 presentaban desnutrición. Para calcular la prevalencia de la desnutrición en el grupo estudiado, tenemos que:

$$P = \frac{9,250}{17,200} = 0.5377 \rightarrow 53.77\%$$

5.3. Modelo SIR (Susceptibles-Infectedos-Recuperados).

Definición:

En el año 1927 tuvo origen uno de los modelos matemáticos deterministas más usados en el campo de la epidemiología. Fue resultado del trabajo de W.O. Kermack y A.G. McKendrick, el cual lleva por nombre: Modelo SIR (Susceptibles-Infectedos-Recuperados). Es un modelo que está conformado por un sistema de 3 ecuaciones diferenciales no lineales, el cual no posee una solución explícita. Además, es conocido por ser la representación más básica que muestra cómo se comporta una enfermedad infecciosa (virus, bacteria, etc.), a través del contagio entre los habitantes de una población de tamaño constante. (García, 2014).

Una de las principales características de este modelo, es que no se estudiará a las personas de forma individual, sino que pertenecerán a un grupo o categorías epidemiológicas, las cuales estarán definidas por el estado de salud en el que se encuentra la persona:

- Susceptibles $\rightarrow S(t)$: Número de personas susceptibles. Es decir, personas de la población que se encuentran sanas pero que pueden contraer la enfermedad.
- Infectados $\rightarrow I(t)$: Número de personas que se encuentran infectadas y que pueden contagiar al grupo $S(t)$, conforme avanza el tiempo.
- Recuperados $\rightarrow R(t)$: Número de personas que superan la enfermedad y se vuelven inmunes, o fallecen a causa de esta misma.



Figura 15: Grupos del modelo SIR.

Estructurando el modelo

Para realizar el análisis epidemiológico, el modelo toma como base ciertas suposiciones que son fundamentales para su correcta implementación, y las cuales son en listadas por Bianco et al. (2020):

a) Al utilizar este modelo, se está asumiendo que el número total de habitantes de la población que se está estudiando actuará como un valor constante N . Y la suma de nuestros tres grupos, será igual a N , es decir:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (10)$$

Es importante mencionar que dentro de este modelo no se contemplan los nacimientos y fallecimientos que ocurran a lo largo del estudio.

b) La transmisión de la enfermedad es a través del contacto directo entre personas, y todas son susceptibles. Es decir, existe la misma probabilidad de contagiarse.

c) En cuanto un individuo es infectado pasa a estar en el grupo de los infectados.

d) Si una persona pasa del estado Infectado al Recuperado: $I(t) \rightarrow R(t)$

Es debido a que se recuperó de la enfermedad y adopta inmunidad total a la misma. O porque falleció a causa de la enfermedad. Ambas situaciones no alteran el desarrollo de los contagios.

e) El tiempo de desarrollo de la enfermedad es inmediato.

Parámetros y tasas

Existen parámetros que ayudan a tener un mejor panorama del evento epidemiológico que se está investigando.

1. Tasa de infección/transmisión de la enfermedad (β): Representa el número de contactos al que estuvo expuesta una persona antes de contraer la enfermedad; se definen por unidad de tiempo (Martín, 2020).

Usualmente se convierte en una función compleja de calcular, ya que es un valor que depende del comportamiento e interacción de una sociedad con la enfermedad. Como ejemplo se tendría que estudiar qué tan agresivo es el patógeno, su estructura biológica, etc.

Continuando, se establece que una persona infectada entrará en contacto con N personas por unidad de tiempo. Es decir:

$$\beta N \quad (11)$$

Mientras que la probabilidad de que exista contacto entre una persona susceptible con una infectada será igual a calcular:

$$\frac{S(t)}{N} \quad (12)$$

Es así como el número de casos nuevos de personas contagiadas por unidad de tiempo estará representado por la siguiente ecuación:

$$= I(t)(\beta N)\left(\frac{S(t)}{N}\right) \quad (13)$$

$$= \beta I(t)S(t) \quad (14)$$

Se observa que el número de cambios de estado de $S(t) \rightarrow I(t)$ es proporcional a $\beta I(t)S(t)$. Lo cual se apoya en la *ley de acción de masas* (Pliego, 2011).

2. Tasa de recuperación v : Representa el tiempo que tardan las personas en superar la enfermedad (ya no se encuentran enfermas o infectadas). Es decir, obtenemos como resultado al grupo de personas quienes se han recuperado de la enfermedad y posteriormente se adopta inmunidad a la enfermedad. (Wilches y Castillo, 2020).

El número de cambios de estado de $I(t) \rightarrow S(t)$ está definido por $vI(t)$.

Flujo

Con base a las suposiciones y parámetros anteriores, podemos definir formalmente cómo funciona el flujo de las categorías o grupos, para que las personas puedan cambiar de estado de salud.



Figura 16: Diagrama flujo modelo SIR

Sistema de ecuaciones

Al haber establecido las bases y condiciones del modelo SIR, se presenta el sistema de ecuaciones diferenciales que describe al modelo:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt}t = -\beta S(t)I(t), & S(0) = S_0 \\ \frac{dI}{dt}t = \beta S(t)I(t) - vI(t), & I(0) = I_0 \\ \frac{dR}{dt}t = vI(t), & R(0) = R_0 \end{cases} \quad (15)$$

Donde el número inicial de personas infectadas, susceptibles y recuperadas serán definidas por:

$$\begin{aligned} \beta > 0, v > 0 \\ S(0) = S_0, I(0) = I_0 \text{ y } R(0) = R_0 \end{aligned} \quad (16)$$

Observación: La suma de los tres grupos es constante debido a que:

$$S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0. \quad (17)$$

Tasa de reproducción

Tasa básica de reproducción R_0 : Representa el número de personas que un solo infectado es capaz de contagiar mientras posee la enfermedad (Martín, 2020). Y sirve para calcular la velocidad de propagación de la enfermedad dentro de la población:

$$R_0 = \frac{\beta}{v} \quad (18)$$

Existen tres casos importantes que analizar, si:

- $R_0 > 1 \rightarrow$ La velocidad de propagación es agresiva. Un infectado puede contagiar a más de una persona mientras posee la enfermedad. Convirtiéndose en una epidemia, e incluso pandemia.
- $R_0 = 1 \rightarrow$ La velocidad de propagación se mantiene en promedio. Un infectado solo contagia a un susceptible mientras posee la enfermedad.
- $R_0 < 1 \rightarrow$ La velocidad de propagación desaparece conforme avance el tiempo. Ya que un solo infectado no es capaz de contagiar a una sola persona susceptible, mientras posea la enfermedad.

Anteriormente se ha plasmado la teoría de la epidemiología computacional, por lo que en el próximo capítulo se aplicará lo práctico, es decir, se realizarán simulaciones computacionales a través de un programa elaborado en el lenguaje Python.

Esto para observar el comportamiento de los grupos estudiados (Susceptibles, Infectados y Recuperados) en gráficos y de esta manera generar un análisis más profundo.

6. Simulaciones computacionales del modelo SIR

6.1. Programa Computacional

Se desarrolló un programa en el lenguaje de Python para poder realizar simulaciones aplicando el modelo SIR, por lo que servirá como una muestra de cómo funciona y se visualiza la información de los diferentes grupos estudiados a través de gráficos. De esta manera, se creó una interfaz gráfica utilizando la librería *Tkinter* para facilitar que el usuario pueda ingresar datos que desee analizar y visualizar través de un gráfico, y en donde los campos que se solicitan son:

- Número total de la población que se desea analizar.
- Número inicial de infectados con los que se realizará la investigación.
- Número de personas recuperadas del virus o enfermedad que se desea estudiar.
- Finalmente, se ingresan las tasas de transmisión y recuperación correspondientes a la enfermedad.

Figura 17: Interfaz Gráfica del Modelo epidemiológico SIR

Fuente: Elaboración propia

La simulación se ha planteado para realizarse por 365 días, lo que correspondería a 12 meses, y muestra la tendencia de los tres grupos que se analizan dentro del modelo SIR: Susceptibles, Recuperados e Infectados.

Finalmente, el programa, además de utilizar librerías como *NumPy*, que ayuda en el cálculo y análisis de datos, también resuelve sistemas de ecuaciones diferenciales de primer orden utilizando la función *Odeint* (módulo *integrate*). Y para la parte de creación de gráficos de dos dimensiones se implementa la librería: *Matplotlib* (si se desea conocer más sobre el funcionamiento del *código computacional del modelo SIR*, se puede encontrar en los anexos).

6.2. Primer Caso de Análisis - 01

Para este primer caso se simulará la evolución de la epidemia del COVID-19 en la región de la Ciudad de México a finales del 2020. Periodo en el que el virus comenzaba a tomar mayor importancia en el mundo.

6.2.1. Descripción de la población que se analiza

De acuerdo con los datos presentados por del Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI, 2020), como resultado del Censo de Población y Vivienda 2020, se menciona que para ese año la población en la Ciudad de México equivalía a 9,209,944 de habitantes.

Ahora, basando parte de la investigación en la información obtenida en el sitio web del Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT, 2020), se observa que para la fecha del 03 de Marzo del 2020, había un aproximado de 3 casos confirmados de COVID-19 en la ciudad de México.

En cuanto a la tasa de recuperación del virus, la Secretaria de la Salud (2021) establecía que en caso de contraer los síntomas, el periodo de aislamiento era de 14 días para, posteriormente, realizar una prueba de antígenos, y si era negativa, se consideraría “recuperado” de haber contraído la enfermedad.

6.2.2. Proceso de recolección y preparación de los datos de la población

La duración de la simulación será de 12 meses, y la modelación de los datos de la población se plantea de la siguiente manera, para ser utilizados en el programa de simulaciones computacionales del modelo SIR:

- $N = 9,209,944$ total de habitantes.

- $I = 3$ infectados inicialmente.
- $R = 0$ recuperados al iniciar el estudio.

En cuanto a las tasas, el período de recuperación de la enfermedad será de 14 días de aislamiento, por lo que la tasa de recuperación es:

$$v = 1/14$$

$$v = 0.0714$$

Recordemos que al aplicar el modelo SIR, supone que β , v y R_0 son constantes durante todo el evento epidemiológico, pero para la tasa de transmisión (β) y reproducción de la enfermedad (R_0), se plantean 3 valores distintos (3 simulaciones) para analizar el diferente impacto que tienen las medidas de salud e higiene (no se contempla la existencia de una vacuna efectiva contra el virus).

6.2.3. Aplicación del modelo SIR

Simulación 1

No se aplican medidas sanitarias: Dentro de esta simulación, no habrá requerimientos que le exijan a la ciudadanía sobre el uso de cubre-bocas y lavado de manos frecuente, no se establecerá una orden de cuarentena, y los establecimientos como: restaurantes, parques de diversiones, cines y plazas comerciales operarán al 100 %. Es decir, se llevará una vida normal ante la presencia del COVID-19.

Para fines del ejercicio, se plantea que las condiciones anteriores provocarán que 1 infectado pueda generar 6 casos más de COVID-19, por lo que los valores que se manejan son:

Tasa Transmisión (β) = 0.4284 Tasa Recuperación (v) = 0.0714 Tasa Reproducción (R_0) = 0.4284/0.0714 = 6 $N = 9,209,944$ $I = 3$ $R = 0$

Ingresamos los valores en el programa computacional explicado anteriormente, el cual fue elaborado con el objetivo de ser una demostración de cómo funciona el modelo epidemiológico SIR.

Epidemiología Computacional

Simulaciones Modelo SIR

(Susceptibles-Infectados-Recuperados)

Datos de la Población

- Numero de personas que conforman la población (N): 9209944
- Numero inicial de personas Infectadas (I): 3
- Numero inicial de personas Recuperadas (R): 0

Factores %

Tasa transmisión (β): .4284

Tasa de recuperación (v): 0.0714

Ejecutar Simulación

Figura 18: Interfaz Gráfica con datos ingresados por usuario.

Gráfico:

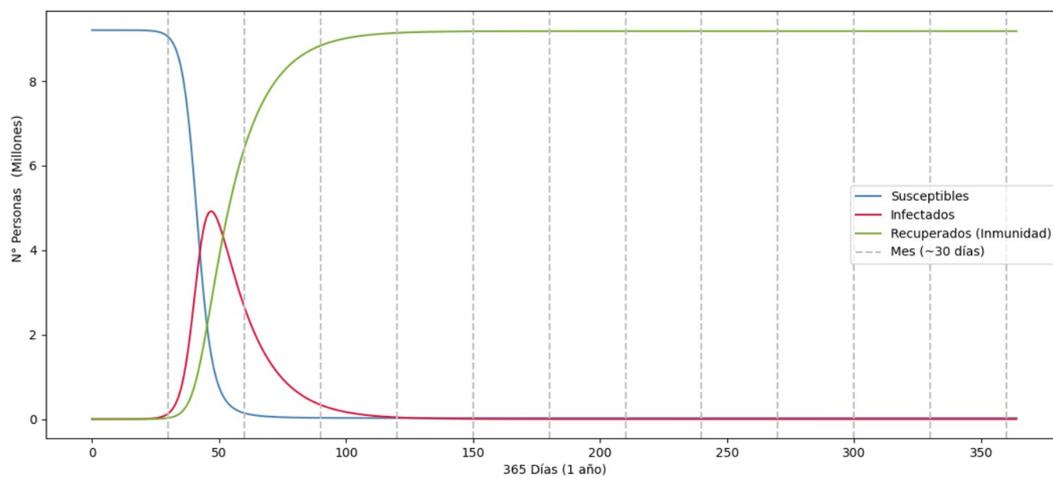


Figura 19: Caso 01 - Simulación 01 (Vista 365 días).

Realizando un acercamiento, a mitad de la investigación (6to mes) los números se estabilizan, es decir, la población del grupo de Susceptibles e Infectados será de 0, y pasarán todos al grupo de Recuperados, ya que habrán sido infectados para posteriormente recuperarse (adquieren inmunidad) o fallecer.

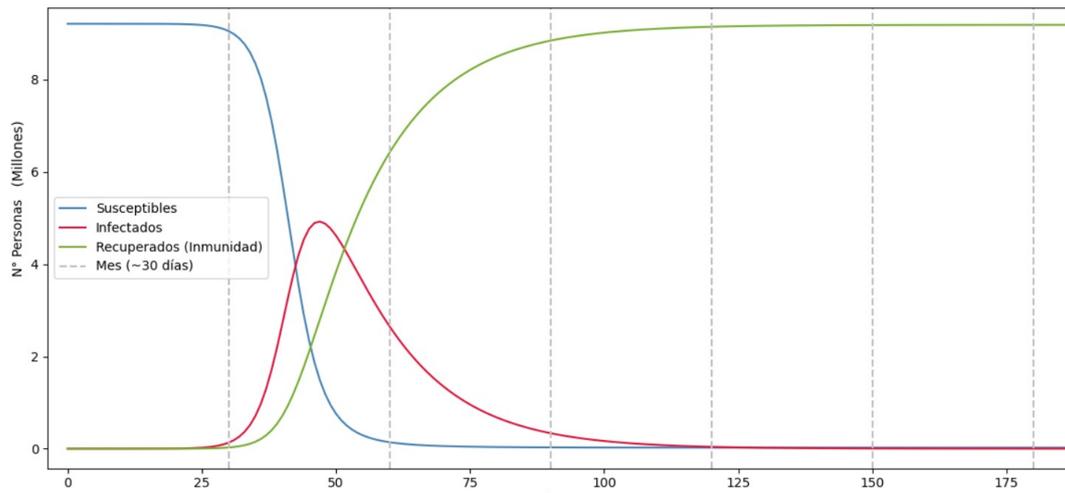


Figura 20: Caso 01 - Simulación 01 (Vista 180 días).

Finalmente, se observa que el punto máximo de infectados será de aproximadamente 4.9 millones de habitantes en la Ciudad de México, a los 47 días que inicio la investigación.

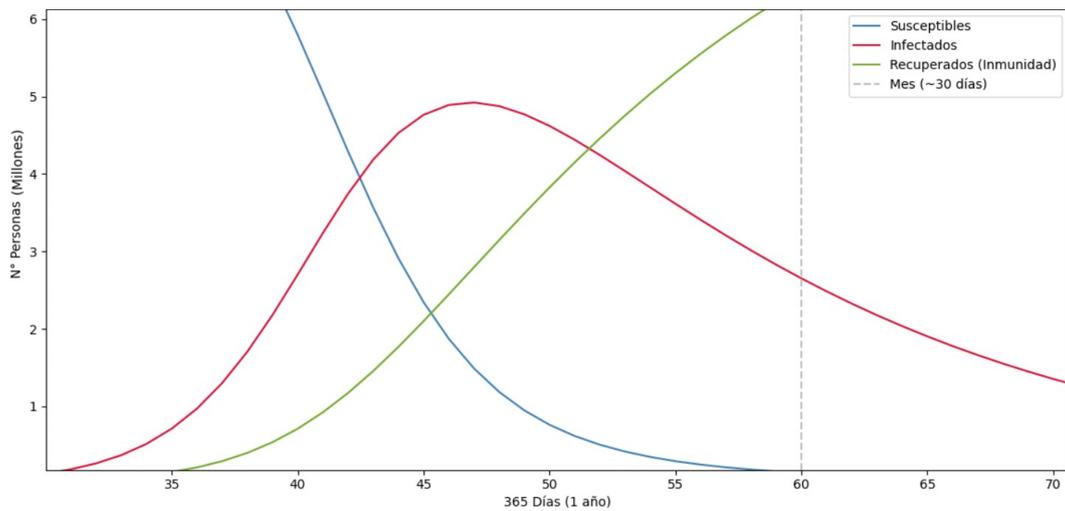


Figura 21: Caso 01 - Simulación 01 (Vista 70 días).

Simulación 2

Medidas sanitarias regulares: Dentro de esta simulación, existirán requerimientos que le exijan a la ciudadanía sobre el uso de cubre-bocas y lavado de

manos frecuente, se establecerá una orden de cuarentena de 3 días a la semana, y los establecimientos como restaurantes, parques de diversiones, cines y plazas comerciales operarán al 50%. Es decir, se llevará una vida con restricciones considerables ante la presencia del COVID-19.

Se plantea que las condiciones anteriores provoquen que 1 infectado pueda generar 3 casos más de COVID-19, por lo que los valores que se manejan son:

Tasa Transmisión (β) = 0.2142 Tasa Recuperación (v) = 0.0714 Tasa Reproducción (R_0) = 0.2142/0.0714 = 3 $N = 9,209,944$ $I = 3$ $R = 0$

Gráfico:

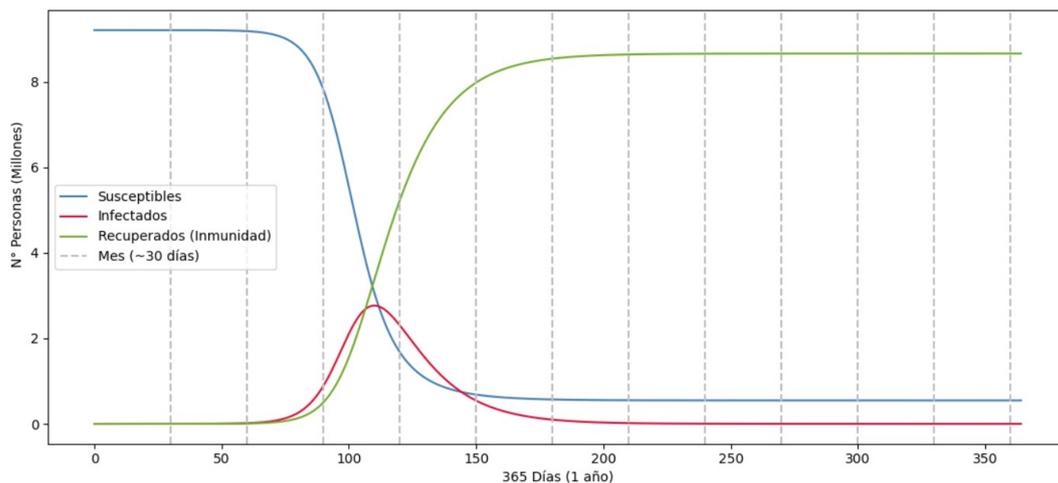


Figura 22: Caso 01 - Simulación 02 (Vista 365 días).

En el acercamiento a la gráfica, es hasta el 8vo mes cuando los números se estabilizan, y toda la población pasará a estar en el grupo de Recuperados. Además, destaca la disminución considerable en el punto máximo de infectados (a comparación de la *Simulación 1*), el cual será de aproximadamente 2.7 millones de habitantes en la Ciudad de México, a los 110 días que inicio la investigación.

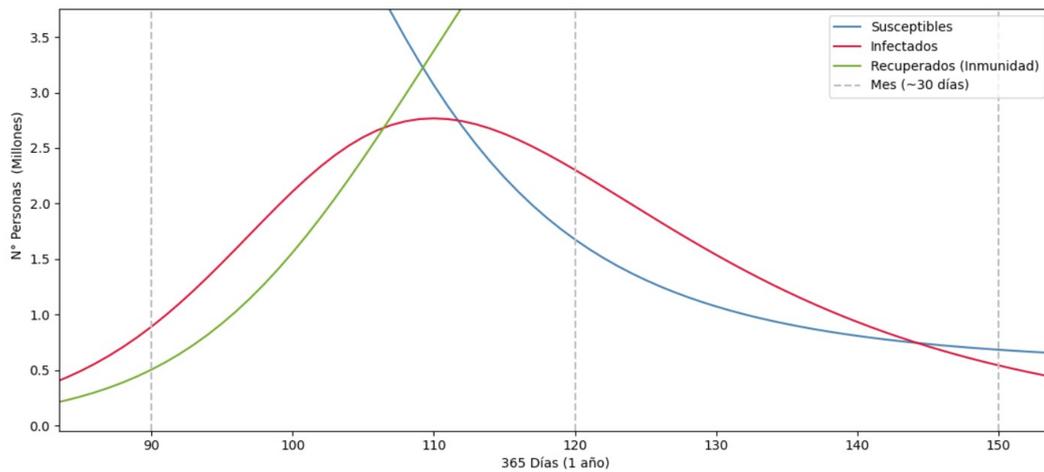


Figura 23: Caso 01 - Simulación 02 (Vista 150 días).

Simulación 3

Medidas sanitarias estrictas: Dentro de esta simulación, existirán requerimientos obligatorios que le exijan a la ciudadanía sobre el uso de cubre-bocas y lavado de manos frecuente, se establecerá una orden de cuarentena de 5 días a la semana y los establecimientos como restaurantes, parques de diversiones, cines y plazas comerciales operarán al 35%. Es decir, se llevará una vida con altas restricciones ante la presencia del COVID-19.

Las condiciones anteriores provocarían que 1 infectado pueda generar 2 casos más de COVID-19, por lo que los valores que se manejan son:

Tasa Transmisión (β) = 0.1428
 Tasa Recuperación (v) = 0.0714
Tasa Reproducción (R_0) = 0.1428/0.0714 = 2
 $N = 9,209,944$
 $I = 3$
 $R = 0$

Gráfico:

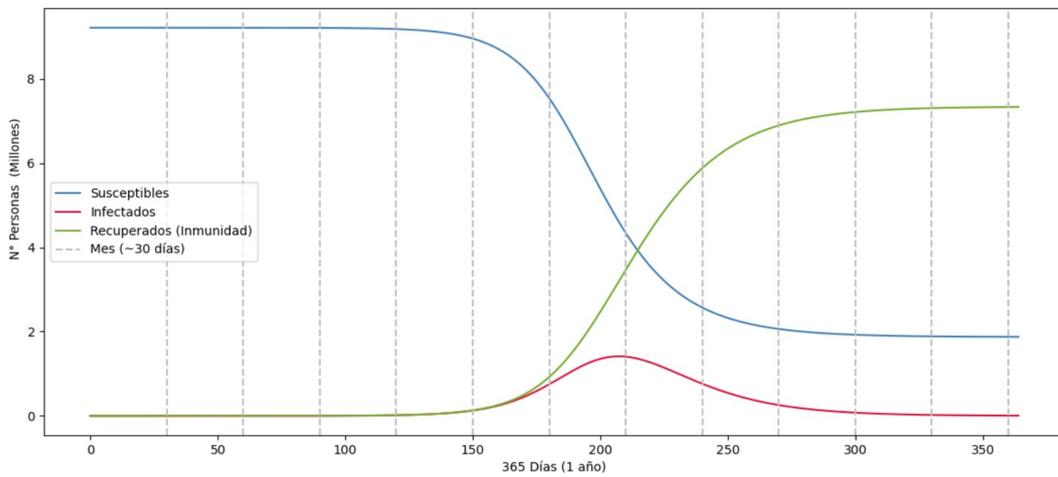


Figura 24: Caso 01 - Simulación 03 (Vista 365 días).

Analizando la gráfica, concluimos que tomará más de 12 meses para que toda la población se infecte. Y se observa que el punto máximo de infectados en esta última simulación será de aproximadamente 1.4 millones de habitantes en la Ciudad de México a los 206 días (poco menos de 7 meses) que inicio la investigación.

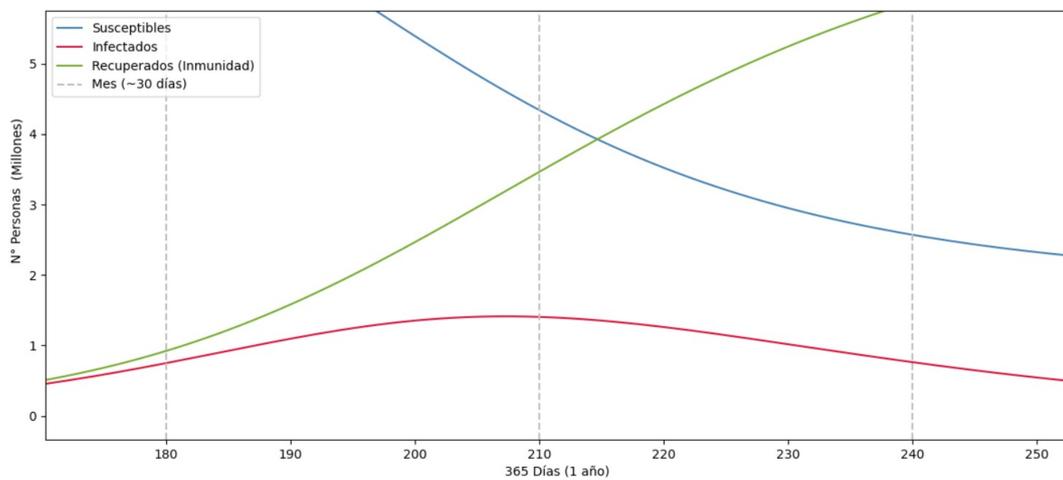


Figura 25: Caso 01 - Simulación 03 (Vista 250 días).

6.2.4. Resultados

Después de realizar las simulaciones se obtuvieron los siguientes datos:

Simulación	Promedio de nuevos casos que producirá un infectado (R_0)	Punto máximo de infectados
1	6 casos	4.9 millones
2	3 casos	2.7 millones
3	2 casos	1.4 millones

La *Simulación 1* es el claro ejemplo de que manejar una pandemia como la del virus COVID-19 sin la implementación de medidas sanitarias, podría traer como resultado algo catastrófico. Debido a que tener 4.9 millones de habitantes infectados representaría tener al 53.20% de la población enferma al mismo tiempo. Ahora, si se aplican medidas sanitarias regulares, como lo es el caso de la *Simulación 2*, obtenemos una baja bastante significativa en el punto máximo de infectados, la cual sería de 2.7 millones, equivalente al 29.32% de la población. De esta manera, se observa que al poner restricciones sanitarias dentro de la población, el número de contagios que una persona infectada puede generar, disminuye drásticamente.

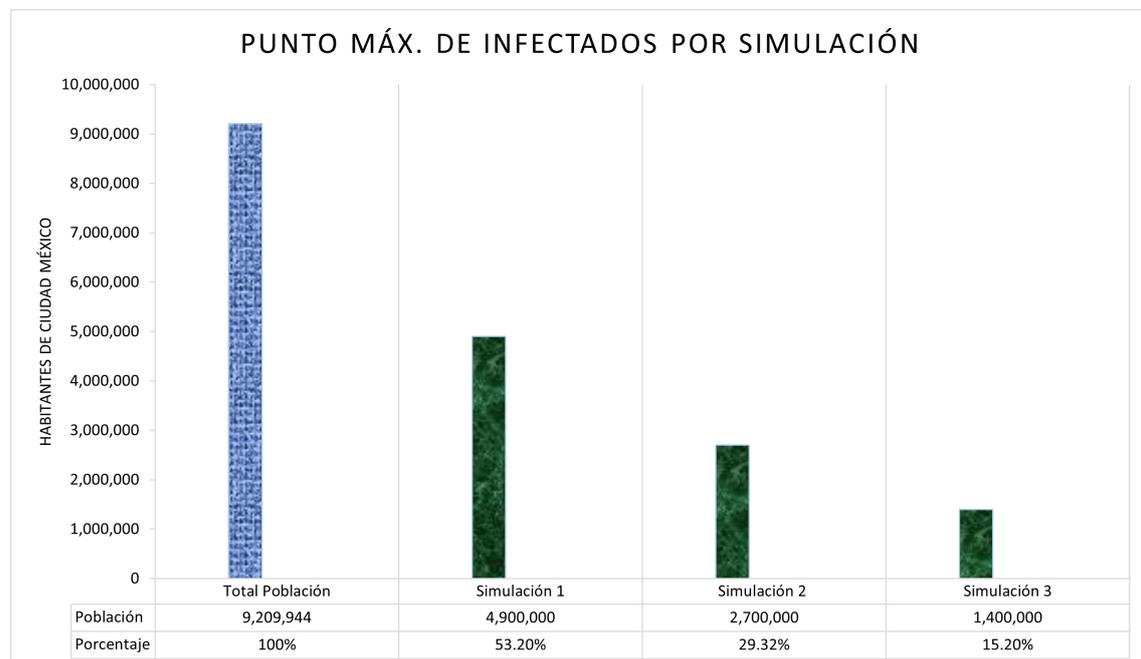


Figura 26

Si comparamos la *Simulación 1* y *Simulación 2*, existe una diferencia del 23.89 % en el punto máximo de infectados, que significa 2.2 millones de habitantes. Esto puede ser traducido como: ahorrar gastos médicos, no saturar el servicio que las instalaciones hospitalarias de la Ciudad de México puedan brindar, y se podría contar con más recursos dentro de los mismos.

Finalmente en la *Simulación 3*, al aplicar medidas sanitarias totales, el punto máximo de infectados será de 1.4 millones de habitantes, lo cual permite tener un mejor control de la pandemia. Incluso el cuerpo médico se puede repartir de mejor manera sin que existan problemas de falta de personal. Y a comparación de la *Simulación 1* se ha podido obtener una baja en el punto máximo de contagiados del 38 %, que representa 3.5 millones de habitantes. Por lo que se concluye que entre más medidas sanitarias se implementen, y exista cooperación de la población de la Ciudad de México, la tasa de transmisión del virus disminuirá, así como el número de casos nuevos que un infectado podría generar.

6.3. Segundo Caso de Análisis - 02

Para este segundo caso se simulará la evolución de la influenza estacional 2022-2023 en la *Ciudad de México* con dos condiciones climáticas distintas. De igual manera, **la duración de la simulación será de 12 meses.**

6.3.1. Descripción de la población que se analiza

Se realizará una comparativa de cómo los distintos factores climáticos que presenta la *Ciudad de México* pueden alterar la tasa de transmisión de la enfermedad (influenza), así como el impacto que tendrá la enfermedad dentro de la población.

Se continuarán tomando los datos presentados por INEGI (2020), por lo que se considera una población de 9,209,944 habitantes.

En cuanto a la tasa de recuperación de la influenza, la Organización Mundial de la Salud (2023), menciona que en caso de contraer la enfermedad, el periodo de recuperación es de una semana (7 días) para que los síntomas desaparezcan sin necesidad de atención médica (caso que se contemplará), y se pueda considerar como “recuperado” de haber contraído la enfermedad.

Finalmente, con base en el *Informe Semanal de Vigilancia Epidemiológica* presentado por la Subsecretaría de Prevención y Promoción de la Salud (2023) en la temporada de influenza estacional 2022-2023, se confirmaron 954 casos positivos de influenza en la *Ciudad de México*.

6.3.2. Proceso de recolección y preparación de los datos de la población

La modelación de los datos de la población se plantea de la siguiente manera, para ser utilizados en el programa de simulaciones computacionales del modelo SIR:

Ciudad de México

- $N = 9,209,944$ habitantes.
- $I = 954$ infectados inicialmente.
- $R = 0$ recuperados al iniciar el estudio.
- La tasa de recuperación (v) de la enfermedad será de 7 días, es decir:

$$v = 1/7$$

$$v = 0.142$$

6.3.3. Aplicación del modelo SIR

Simulación 1

Condiciones Frías: La Ciudad de México puede alcanzar temperaturas mínimas de hasta 5°C (INEGI, s.f), lo cual representaría un clima frío. Esto aumenta la tasa de transmisión de la enfermedad, ya que en los climas templados y fríos, es cuando generalmente se presenta la influenza y los casos tienden a aumentar considerablemente.

Se inicia planteando que las condiciones anteriores provocarían que 1 infectado pueda generar 1.8 casos más de influenza, por lo que los valores que se manejan son:

<p>Tasa Transmisión (β) = 0.2556 Tasa Recuperación (v) = 0.142 Tasa Reproducción (R_0) = 0.2556/0.142 = 1.8 $N = 9,209,944$ $I = 954$ $R = 0$</p>
--

Gráfico:

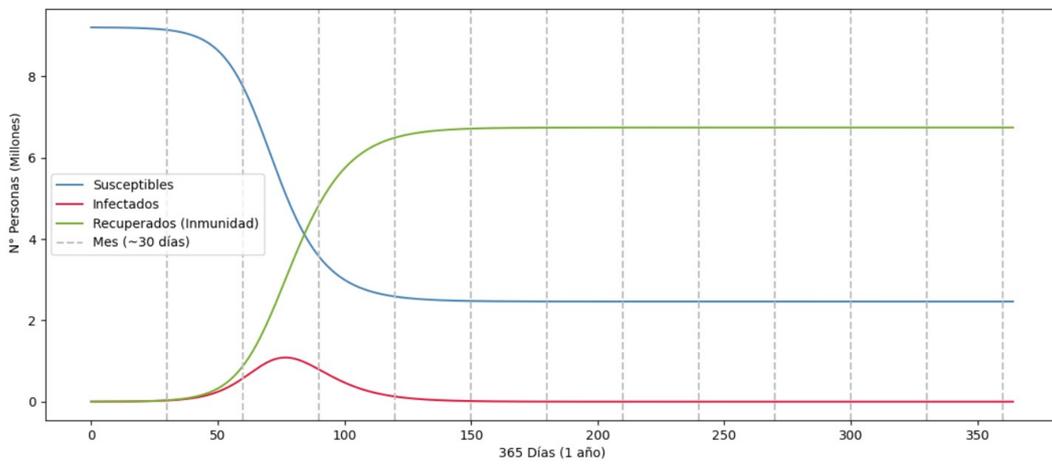


Figura 27: Caso 02 - Simulación 01 (Vista 365 días).

Incluso cuando la tasa de recuperación suele ser rápida, se obtiene un resultado de aproximadamente 1.1 millones de habitantes como punto máximo de contagiados en el día 76 de haber comenzado el estudio.

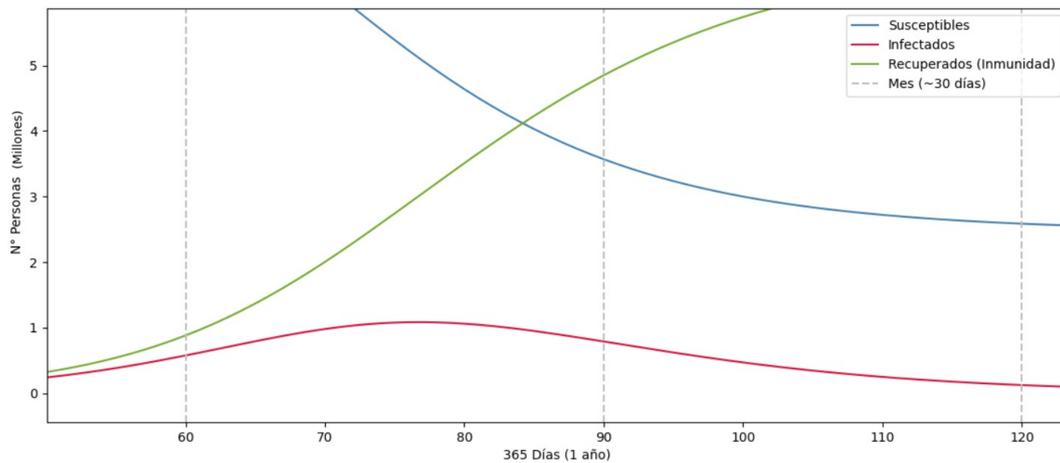


Figura 28: Caso 02 - Simulación 01 (Vista 120 días).

Además, se observa que la intersección entre el grupo de recuperados y susceptibles será a los 84 días con 4.1 millones de habitantes.

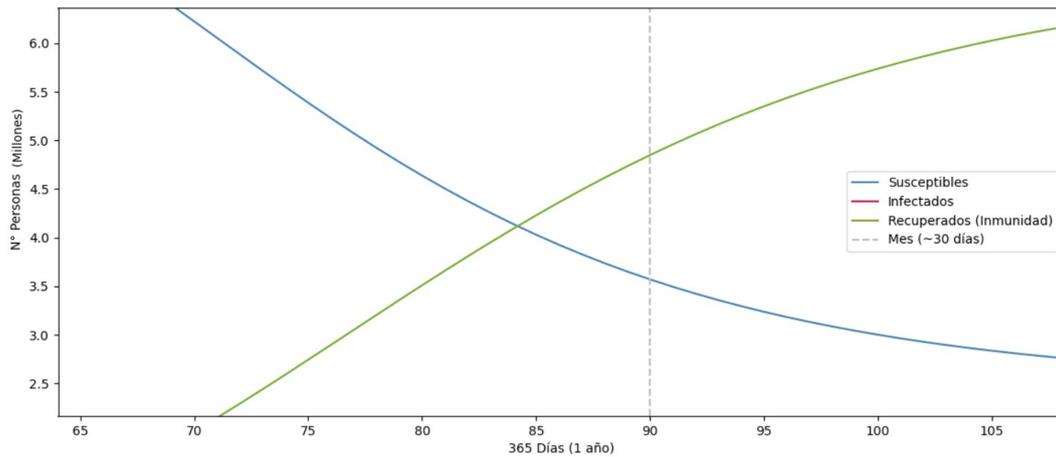


Figura 29: Caso 02 - Simulación 01 (Vista 105 días).

Simulación 2

Condiciones Cálidas: La temperatura promedio es de 25°C (INEGI, s.f), un clima bastante cálido. Estas condiciones climáticas logran alterar el valor de la tasa de transmisión de la enfermedad, por lo que se plantea que el tener un clima más cálido actúa en beneficio de reducir la tasa de transmisión de la influenza en cierto porcentaje.

Ahora, las condiciones anteriores provocarán que 1 infectado pueda generar 1.4 casos más de influenza, por lo que los valores que se manejan son:

<p>Tasa Transmisión (β) = 0.1988 Tasa Recuperación (v) = 0.142 Tasa Reproducción (R_0) = 0.1988/0.142 = 1.4 $N = 9,209,944$ $I = 954$ $R = 0$</p>
--

Gráfico:

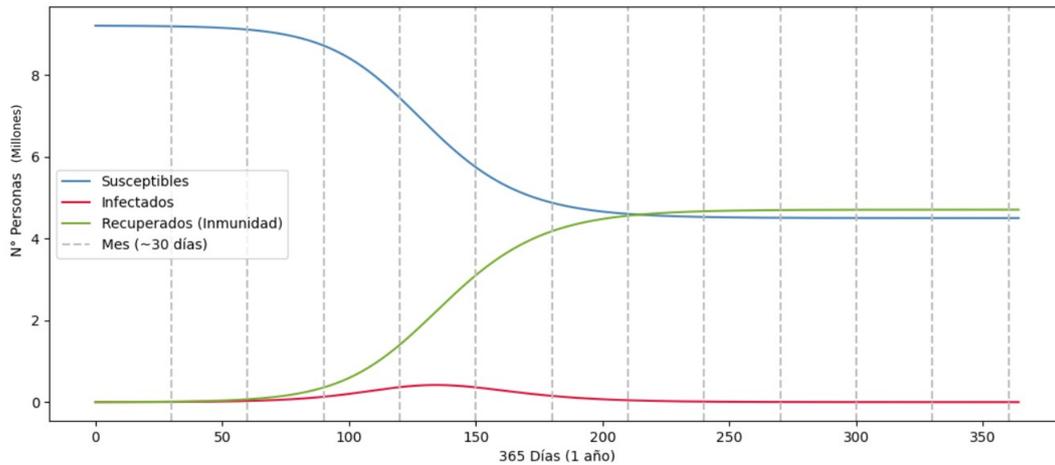


Figura 30: Caso 02 - Simulación 02 (Vista 365 días).

Los datos que muestra la gráfica son menos agresivos que *Simulación 1*, y es debido a que la tasa de transmisión es aún más baja y la recuperación más rápida. El punto máximo de contagiados será aproximadamente de 410 mil habitantes en el día 135 de haber comenzado el estudio.

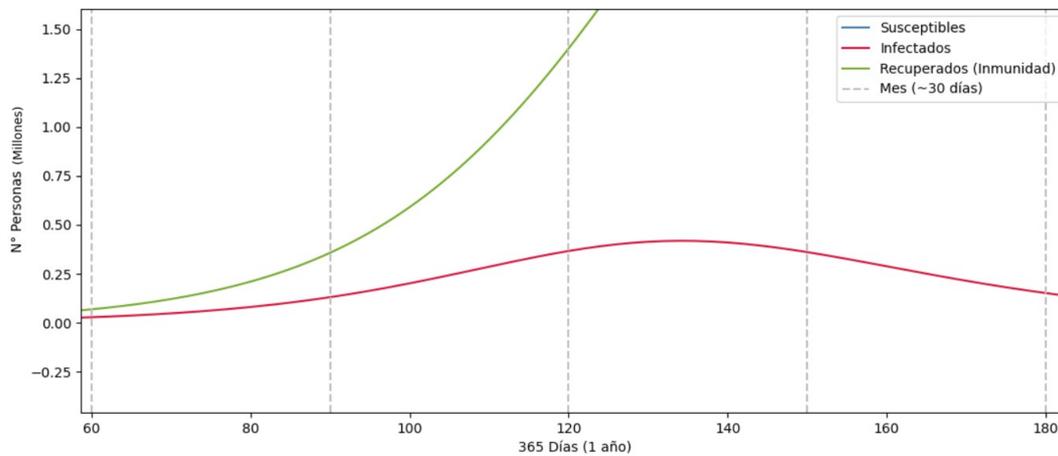


Figura 31: Caso 02 - Simulación 02 (Vista 180 días).

Incluso se observa que la intersección entre el grupo de recuperados y susceptibles será a los 214 días, con 4.5 millones de habitantes.

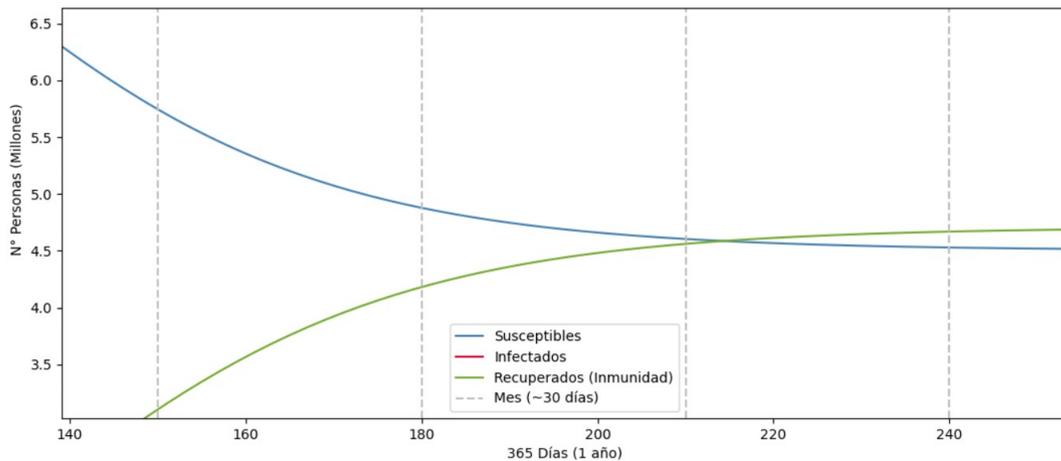


Figura 32: Caso 02 - Simulación 02 (Vista 240 días).

6.3.4. Resultados

Después de realizar las simulaciones se obtuvieron los siguientes datos:

Simulación	Promedio de nuevos casos que producirá un infectado (R_0)	Punto máximo de infectados
1	1.8 casos	1.1 millones
2	1.4 casos	410 mil

Tomando como base las condiciones climáticas y valores de la *Simulación 2*, se observa que al presentarse una reducción en la temperatura dentro la ciudad, como lo es en el caso de la *Simulación 1*, existe un aumento de la tasa de transmisión de la influenza en un 28%.

La diferencia que existe en el punto máximo de habitantes infectados de influenza entre ambas simulaciones es de 690 mil. Entrando en mayor detalle, el ritmo de habitantes infectados por día, estableciendo como parámetros del día 1 (inicio del estudio) al 76 (punto máximo de infectados) dentro de la *Simulación 1*, es de 14,473.68 habitantes. Mientras que considerando los mismos parámetros para la *Simulación 2*, del día 1 al 135, el promedio de infectados por día es de 3,037.4. Se puede analizar visualmente el ritmo de crecimiento de ambas simulaciones en la siguiente gráfica:

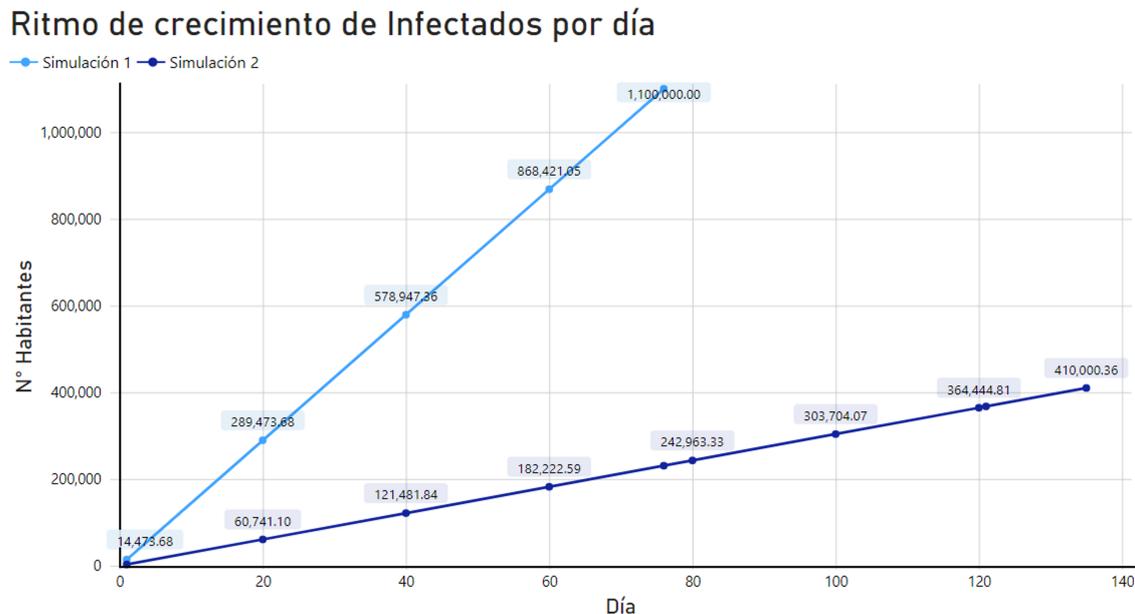


Figura 33

Finalmente, se concluye que los factores climáticos de la región analizada pueden alterar las condiciones en las que se propaga un virus o enfermedad. Incluso cuando se empleen las mejores medidas sanitarias, como lo puede ser: el abrigarse adecuadamente, usar cubre-bocas o tomar medicamento. Las condiciones naturales de la región están fuera del control humano.

7. ¿México es un país capaz de afrontar cualquier tipo de pandemias y epidemias?

7.1. Pandemias y epidemias que ha vivido el país a lo largo de su historia.

La llegada de los españoles a México marcó un antes y un después en la historia del país. Sin embargo, no fue lo que dio origen a las diversas enfermedades y epidemias que han azotado el territorio mexicano desde sus inicios. Las diversas culturas que habitaban el territorio, ya lidiaban con algunas pestes y enfermedades (aunque, en ese entonces, no eran catalogadas como *epidemias* y *pandemias* formalmente).

De acuerdo al Códice Chimalpopoca, en el año 1450, se presentaron cambios climatológicos que provocaron fuertes fríos y nevadas en los territorios de Tenochtitlan y Texcoco. Dichos cambios ocasionaron que se registraran diversos casos de enfermedad por vías respiratorias (en personas de edad mayor, en particular) al contraer una especie de gripe o influenza, que se denominó como **catarro pestilencial**. Y aunque muchos indígenas creían que las enfermedades provenían de los castigos y maldiciones que enviaban los dioses en quienes creían, las verdaderas causas provenían de la falta y escasez de recursos debido a los fuertes climas. Finalmente, el catarro pestilencial tuvo una alta tasa de mortalidad y se mantuvo por 5 años, es decir, hasta 1455 (Weber et al., 2022).

El desarrollo y propagación de las epidemias en el territorio se vio potencializado con la llegada de los españoles. Debido a que muchas de las enfermedades y virus que existían en el viejo continente, fueron traídas por los peninsulares. Además, el impacto de dichas enfermedades fue alto, ya que no eran conocidas por los diversos pueblos indígenas. Conforme se avanza en el tiempo, se pueden encontrar diversas pandemias y epidemias en las que el país ha tenido que ser participe y espectador de las consecuencias de dichos eventos epidemiológicos:

Viruela: En el año 1520, llegó a Veracruz, Pánfilo de Narváez junto con sus tropas. Dentro de su tripulación se encontraban soldados y esclavos negros, y es en este último grupo, donde había enfermos que portaban la enfermedad de la viruela. Es así como el virus se propagó entre la población con consecuencias graves (Franco et al., 2004). Y, a pesar de que no hay un conocimiento sobre el número de fallecimientos a causa de la viruela, Alfonso Viesca, historiador de la UNAM, se concentró en como la enfermedad se propagó entre la población de la gran Tenochtitlan y Tlatelolco, para proporcionar un cálculo aproximado de 300 mil habitantes en ambos territorios. Se calcula que el 50 % murió debido a la epidemia, es decir, un total de 150 mil personas fallecidas (Secretaría de Cultura, 2021).

Sarampión: Esta fue otra de las grandes epidemias que surgió a causa de las enfermedades que provenían de Europa. Tuvo su origen en el año 1532 aproximadamente, y empezó a causar un gran impacto dentro de la población indígena, al aparecer en forma de *machas negras* en el cuerpo. Sin embargo, esta enfermedad ha permanecido en el país y sobre todo, en el mundo, desde el momento en el que surgió. En cuanto a cifras, se estima que entre los años de 1922 a 1974 se han presentado un total de 468,638 fallecimientos dentro del país mexicano, debido al sarampión (Carrada, 1979/2014). Al día de hoy, dicha enfermedad se ha transformado en lo que se puede denominar como una "pandemia controlada", ya que no ha desaparecido por completo la enfermedad en el mundo, pero existen medicamentos

y medidas de prevención para poder manejar adecuadamente la situación.

Influenza A (H1N1): Durante el año 2009, en México se presentó una alza en el número de enfermos y fallecimientos debido a neumonía grave. Lo anterior se asoció con el cambio de estaciones. Sin embargo, fue hasta que, en Estados Unidos (que también era uno de los países que se veía afectado por la misma situación), el Centro para el Control y Prevención de Enfermedades (CDC) encontró una nueva cepa de virus denominada: **A (H1N1)**. Esto fue el comienzo de lo que se transformó en una epidemia que se expandió a través de todos los continentes del mundo, dando como resultado que la Organización Mundial de la Salud (OMS) estableciera un estado de pandemia. Finalmente, la letalidad de la enfermedad se vio representada que por cada 100 enfermos confirmados, hubo 2 fallecimientos (Fajardo et al., 2009).

COVID-19: Como se ha mencionado durante la investigación, es la pandemia más reciente que ha vivido la humanidad y la cual ha dejado un gran porcentaje de fallecimientos en los países del mundo (donde México no ha sido la excepción). Originalmente se relacionó el origen del virus con el consumo de platillos de animales exóticos (murciélago), en un mercado de Wuhan, China. Y aunque muchas veces se presentaba como un cuadro de gripe simple, también existían casos de insuficiencia respiratoria aguda grave (García y Villasís, 2020), como consecuencia de su elevada tasa de trasmisión, la cual era por vía aérea. Finalmente, el virus se fue esparciendo poco a poco alrededor del mundo hasta llegar a México, donde el Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías (CONAHCYT, 2020), presentó las cifras de lo que significó la pandemia del COVID-19 en México: entre 2020 a 2023: hubo 334,336 defunciones y 7, 633,355 casos confirmados en la población.

7.2. Modelos epidemiológicos implementados en México

En México se han implementado una variedad de modelos epidemiológicos, en los cuales el objetivo siempre ha sido poder crear un escenario (lo más apegado a la realidad) para observar como se comporta una epidemia dentro de una población en particular, beneficiando la toma de decisiones. Es por ello, que se han mencionado dos modelos que destacaron en el estudio del comportamiento de pandemias y epidemias en México, por parte de Aliseda (2020):

Modelo SIR:

Anteriormente, se le ha dedicado todo un capítulo completo a este modelo, el cual ha sido muy popular dentro del campo de la epidemiología computacional,

ya que al aplicarlo se divide a la población en tres grupos diferentes: Susceptibles, Infectados y Recuperados. El modelo está diseñado por un sistema de 3 ecuaciones diferenciales no lineales, donde el objetivo es observar el cambio de estado de las personas de un grupo a otro. Incluso el Departamento de Salud Pública (DSP) de la Facultad de Medicina (UNAM) utilizó el modelo SIR para modelar el comportamiento de la epidemia COVID-19 en México.

El modelo AMMA:

El gobierno de México ha hecho uso de este modelo desarrollado por investigadores pertenecientes al CIMAT-CONAHCYT y al Instituto de Matemáticas de la UNAM. Se caracteriza por centrarse en el ámbito hospitalario, es decir, analiza los casos confirmados, defunciones y demanda hospitalaria (necesidad de camas en piso “normal” y en cuidado intensivo) de forma diaria, para poder predecir si habrá un aumento o disminución en el número de enfermos.

El modelo se basa en 2 ejes principales:

- Estructura de grupos (SEIRD): Susceptibles, Expuestos, Infectados, Recuperados y Defunciones.
- Inferencia Bayesiana.

Ahora, existe un tercer modelo desarrollado por la Dirección General de Gobierno Electrónico de la Agencia Digital de Innovación Pública. El cual se describe a continuación, con base en la información del sitio web del Gobierno de la Ciudad de México (2021):

Modelo epidemiológico del Gobierno de la Ciudad de México:

Este modelo surgió como base para la toma de decisiones de la Jefatura del Gobierno y del Comité Metropolitano de Salud. El modelo permitía visualizar un estimado de la capacidad hospitalaria de intubación para la población enferma. Además, brindaba un reporte diario para analizar si el estatus actual de los hospitales se ajustaba a las estimaciones de enfermos esperados, y así estar listos para atender a la población de la mejor manera.

En la parte matemática, el modelo utiliza ecuaciones diferenciales deterministas, y el modo en que divide a la población es la siguiente:

- SEIR: Susceptibles, Expuestos, Infectados y Recuperados.

Después de algunos cambios y modificaciones en el modelo, el flujo que se manejaba se podía visualizar de la siguiente manera:

- S=Susceptibles, E=Expuestos, I=Infectados R=Recuperados, L=Contagiados sintomáticos leves, G=Contagiados sintomáticos graves, H=Hospitalizados, ICU=Unidad de Terapia Intensiva y M=Muerto

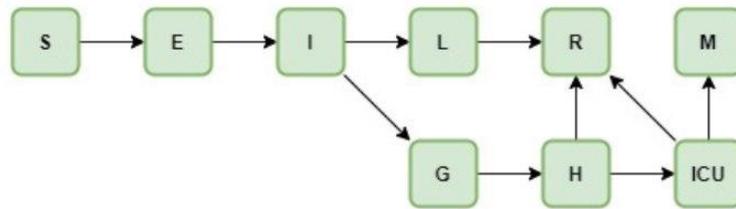


Figura 34: Flujo de transición entre estados.
Fuente: (Gobierno de la Ciudad de México, 2021).

7.3. Entrevista a experto en el campo

En esta sección de la investigación, se realizó una entrevista al Dr. Carlos Alejandro Díaz Tufinio, quien se ha encargado de desarrollar investigaciones y de tener una amplia experiencia en el campo biofarmacéutico. Además de tener un rol actual como docente.

Dentro de la formación académica del Dr. Carlos Díaz se encuentra:

- Licenciatura en Ingeniería en Biotecnología (Biotecnología Médica y Farmacología). Tecnológico de Monterrey, CDMX (2011).
- Maestro en Ciencias Bioquímicas por el Instituto de Fisiología Celular, UNAM (2013).
- Especialización en Estadística Aplicada por el Instituto de Matemáticas Aplicadas (IIMAS), UNAM (2016).
- Doctor en Ciencias en Investigación Clínica Experimental en Salud (Farmacología Clínica), UNAM (2020).

Mientras que en su trayectoria profesional podemos destacar:

- Consultor bioestadístico en el Centro de Investigación Farmacológica (CIF), perteneciente al Instituto Nacional de Cancerología (INCan) (2020).
- Jefe de Unidad Farmacocinética-Bioestadística en Axis Clinicals Latina (Análisis farmacocinético y bioestadístico) (2012).

Finalmente, en la parte de reconocimientos y premios encontramos entre muchos otros:

- Reconocimiento de *Experto Técnico en Biocomparabilidad*. COFEPRIS (2014).
- Embajador educacional estadístico de la American Statistical Association (ASA) (2012).
- Premio *CANIFARMA 2019*. En la categoría de *Investigación Clínica* (2019).

La preparación tanto académica como profesional del Dr. Carlos Díaz lo hizo el candidato perfecto para poder debatir sobre el tema de la actual investigación: epidemiología computacional. Y fue gracias a sus comentarios y conocimientos, que se adquirió una manera diferente para entender el panorama epidemiológico que hoy en día vive el país mexicano.

A continuación, se resumen algunos temas importantes de la entrevista:

Obtención de los datos para comenzar un estudio:

El Dr. Carlos Díaz, menciona que, para iniciar un estudio, ya sea científico, epidemiológico, etc., es esencial partir de una buena planeación, de esta manera se logrará tener un proyecto con un objetivo bien establecido. Por lo que, en el diseño de estudios clínicos, la planeación inicia al definir el tema central, como por ejemplo, obtener información farmacológica que brinda la aplicación de una vacuna contra el virus del COVID.

Avanzando en la entrevista se comentó que otro de los pasos importantes dentro de una planeación, esta en definir el grupo de personas sobre el cual se realizará la investigación. Ahora, al estar trabajando en el ámbito clínico, existen ciertos parámetros y regulaciones esenciales para llevar a cabo estudios clínicos. Desde mantener y respetar la privacidad de la información con la que se trabaja, es decir, la manera en cómo se hace uso de los datos personales de los pacientes, historiales clínicos, e incluso revelar parte de las enfermedades que una persona haya contraído. Sin embargo, en el ámbito epidemiológico, muchas veces las personas se convierten en un número solamente, ya que lo único que se busca representar es información por grupos. Por ejemplo, el grupo de contagiados al día de hoy es de 350 personas, hoy se registraron 19 casos nuevos de pacientes que adquirieron tal virus, etc.

Las dos caras de la tecnología:

Dentro de la entrevista se abordó como es que la tecnología que existe hoy en día se transforma en la voz de miles de personas al darles la oportunidad de opinar sobre los diversos eventos de las pandemias y epidemias. Y esto es debido a que muchas de las apps y software que se pueden encontrar hoy en día en la web les permiten a las personas generar análisis con sus propias metodologías e interpretación de los datos. Lo cual puede beneficiar al campo científico, haciendo que las personas se interesen más en conocer cómo se compone una investigación clínica al grado de llegar a crear un modelo computación epidemiológico para predecir el comportamiento de una pandemia. Pero no todo parece ser bueno, ya que la computadora se ha vuelto tan poderosa, a tal grado que las personas incluso pueden generar sus propios modelos epidemiológicos, aunque muchos de ellos claramente carecen de una aprobación oficial por algún instituto, o incluso la matemática del modelo no sea la correcta. Sin embargo, esta falta de aprobación no ha sido un impedimento para que, a través de redes sociales o cualquier canal de comunicación, las personas compartan sus resultados y estudios. Lo cual ha llevado a un sin fin de canales donde la gente puede encontrar información sobre el tema.

La situación tecnológica de México hoy en día con respecto a las epidemias y pandemias:

El Dr. Carlos Díaz, destacó dos puntos importantes para abarcar este tema: la forma en cómo se hace la recolección de los datos y el proceso de análisis de los mismos.

En cuanto a la recolección de los datos mencionó que hay mucha oportunidad en el país, debido a que muchos de los sistemas de salud aún funcionan con expedientes físicos o muchos de los conteos que se realizan se hacen de forma manual, por ejemplo. Esto conlleva a que existan diversos errores en la recolección de información y esta sea deficiente. Mientras que en el proceso de análisis, menciona que México cuenta con un gran nivel de procesamiento de datos, y mucho se debe a la preparación de los investigadores computacionales, personal del área de salud y personal del campo farmacéutico. Por último, menciona que México trabaja a la par y comparte conocimientos con los demás países del mundo para seguir creciendo en el ámbito de salud.

Observaciones sobre el modelo computacional SIR:

El modelo computacional SIR elaborado para esta investigación le fue presentado al Dr. Carlos Díaz para conocer sus comentarios y opiniones. Las cuales comienzan por el hecho de que es interesante poder modelar los datos para generar visuales que sean dinámicos y entendibles sobre un periodo de tiempo. Y sobre todo que se pueden realizar el número de simulaciones que se deseen, además de que se pueden ir manipulando los datos en cada ejecución para obtener diversos resultados.

Menciona también, que el objetivo de estos modelos es poder conocer el "*Qué hubiera pasado si...?*" de los eventos epidemiológicos. De igual manera, remarca que una de las ventajas de los modelos es que tienen un gran trasfondo científico, es decir, al estar basados en ecuaciones diferenciales, permiten que hayan explicaciones de como se obtuvieron los resultados.

Finalmente, mostró intriga por saber si al hacer una comparativa con datos reales y aplicando el modelo, realmente se obtendrán los mismos resultados que se le han presentado a la población a través de los diversos medios de comunicación. Aunque explica que esta comprobación probablemente no se conozca hasta mucho tiempo después. Y termina enfatizando que todos los modelos están susceptibles a errores, ya que existen casos donde el modelo se apega a las reglas, pero habrá otros momentos donde no será así. Por lo que, en conclusión, este modelo es muy útil para poder conocer un panorama futuro estimado de cómo se comportaría alguna pandemia, pero los datos con los que hay que trabajar se deberán seleccionar cuidadosamente.

Para conocer más, consultar la entrevista completa con el Dr. Carlos Díaz sobre *Epidemiología Computacional* en los anexos.

8. Conclusiones y trabajo a futuro

8.1. Conclusiones

Después del recorrido teórico sobre el avance tecnológico en el campo de la epidemiología, podemos concluir lo siguiente:

Se consiguió mostrar la importancia que ha adquirido en los últimos años la disciplina de la *Epidemiología Computacional* a través del estudio de los modelos epidemiológicos computacionales, que al ser implementados en diversos programas y softwares, pueden coadyuvar al análisis médico de las poblaciones que se ven

afectadas por alguna enfermedad, generando un enfoque más certero de las acciones que se puedan llevar a cabo en determinado lugar y tiempo para prevenir la propagación anticipada o letal de la misma. Además, estas aproximaciones tienen la ventaja de que se pueden realizar las veces que sean necesarias hasta encontrar un resultado óptimo, sin la necesidad de experimentar con un virus en tiempo real. De ahí la importancia de conocer cuál es la tecnología y los modelos epidemiológicos adecuados para combatir o controlar el fenómeno que se está estudiando.

Por otro lado, gracias a la implementación del programa computacional del modelo SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados) se logró entender el proceso que conlleva una investigación. Ya que permitió conocer a detalle los pasos para la obtención y manipulación de los datos, incluso es importante saber cómo es que los factores y las condiciones hipotéticas que se establecen para realizar las simulaciones computacionales, pueden influir en el resultado que se obtendrá. Lo anterior, fue un proceso que permitió reflexionar sobre las carencias y necesidades que se poseen dentro de los sistemas de salud y tecnológicos, para poder identificar las áreas a mejorar, y así brindar mejores servicios a la población de una ciudad, estado o país.

Otro punto importante, fue que se logró informar a la comunidad a través de los temas que se abordaron durante la entrevista con el Dr. Carlos Díaz; el cómo se llevan a cabo las investigaciones epidemiológicas dentro del país, se mostraron los grandes beneficios que trae el combinar el campo de la tecnología con el de la salud para generar herramientas que ayuden a enfrentar todo tipo de enfermedades y, sobre todo, se hizo énfasis en que el campo de la *Epidemiología* no debe ser un tema tabú, sino que es una disciplina de la que todos deberíamos conocer un poco más.

Finalmente, como resultado de esta investigación se observó que los eventos recientes de la pandemia del COVID-19, pueden significar el inicio de una evolución tecnológica en el campo epidemiológico que colabore de forma interdisciplinaria con: la medicina, la estadística, la biología, la probabilidad, etc. Eliminando barreras entre disciplinas para el crecimiento de la ciencia en pro de la humanidad, y mirar desde una óptica más compleja los problemas; aunque falta mucho para entrar en un ámbito más allá del número estadístico. Se necesitaría trabajar con una ética de mirar al otro como ser humano, más allá de un dato; siendo lo interdisciplinario una ayuda para interpretar desde una *ética estadística*.

8.2. Trabajo a futuro

Una vez concluidas las actividades de este proyecto, se dejan abiertas las siguientes opciones de trabajo a futuro que permiten darle continuidad a este proyecto.

Inicialmente, se puede dar continuación al proyecto si se realiza la implementación de algún otro modelo epidemiológico en un programa computacional, siguiendo las metodologías de recolección y análisis de datos, establecidos en este proyecto. Incluso, la etapa de diseño e implementación se pueden llevar a cabo desde un enfoque distinto, por ejemplo, poblaciones más grandes (continentes) o reducidas (escuelas).

Otra sugerencia es la comparación de modelos computacionales antiguos con los nuevos modelos que han surgido en los últimos años. Se plantearán las ventajas y desventajas de cada uno de ellos, a través de simulaciones realizadas en programas computacionales, y al final se analizarán los resultados obtenidos para ver cuáles son más confiables y exactos.

Finalmente, se plantea la creación de un modelo epidemiológico que cumpla con los requisitos establecidos por las organizaciones de salud y que pueda ser implementado en un programa computacional para poder realizar simulaciones computacionales, y así, poder encontrar soluciones.

9. Anexos

- **Código computacional del modelo SIR**

Consultarse aquí: [LINK](#)

- **Video explicativo sobre el modelo computacional SIR**

Consultarse aquí: [LINK](#)

- **Video informativo sobre Epidemiología Computacional**

Consultarse en:

- **Entrevista con el Dr. Carlos Díaz sobre Epidemiología Computacional**

Consultarse aquí: [LINK](#)

- **Infografías sobre los distintos apartados de la investigación**

Consultarse aquí: [LINK](#)

Referencias

- [1] Aliseda, A. (2020). Modelos Epidemiológicos y COVID-19. Instituto de Investigaciones Filosóficas, UNAM, 1.
- [2] Álvarez, C., Andrade, E. & Gauthier, V. (2015). Modelos epidemiológicos en redes: una presentación introductoria. *Boletín de Matemáticas*, 22(1), 21–37. <https://revistas.unal.edu.co/index.php/bolma/article/view/51844>
- [3] Beaglehole, R., Bonita, R., & Kjellström, T. (2003). *Epidemiología básica (Reimpresión)* [Scielo]. (Obra original publicada 1994).
- [4] Benedictow, O. (2011). *La Peste Negra, 1346-1353: La historia completa*. Ediciones AKAL.
- [5] Bianco, M., Cruz, P., Fraquelli, A., & Gache, A. (2020). Modelo epidemiológico SIR: Una aplicación de las ecuaciones diferenciales al SARS-CoV2(Covid-19). *Revista de Investigación en Modelos Matemáticos Aplicados a la Gestión y la Economía - CMA*. (1).
- [6] Carrada, T. (2014). Datos para la epidemiología del sarampión en la República Mexicana. *Investigación preliminar (Reimpresión)*. *Salud Pública De México*, 21(5), 497_519. (Obra original publicada 1979). Recuperado a partir de <https://saludpublica.mx/index.php/spm/article/view/888>
- [7] Cerda L, Jaime, & Valdivia C, Gonzalo. (2007). John Snow, la epidemia de cólera y el nacimiento de la epidemiología moderna. *Revista chilena de infectología*, 24(4), 331-334. <https://dx.doi.org/10.4067/S0716-10182007000400014>
- [8] Cervantes, R., & Chaparro, P. (2021). Transformaciones en los hábitos de comunicación y sociabilidad a través del incremento del uso de redes sociodigitales en tiempos de pandemia. *Ámbitos. Revista Internacional De Comunicación*, (52), 37–51. <https://doi.org/10.12795/Ambitos.2021.i52.03>
- [9] Chumpitaz, R., & Ghezzi, L. (2013). Prevalencia e incidencia de caries a partir de vigilancia epidemiológica realizada a escolares en Chiclayo, Peru. KIRU. <https://core.ac.uk/download/268149284.pdf>
- [10] CONAHCYT (2020). Gráfica de casos confirmados. <https://datos.covid-19.conacyt.mx>
- [11] Cook, N. (2003). ¿Una primera epidemia americana de viruela en 1493?. *Revista de Indias*, LXIII, 9-64.

- [12] Del Brío, M., & Serrano, C. (1995). Fundamentos de redes neuronales artificiales: hardware y software. Scire: Representación Y organización Del Conocimiento, 1(1), 103–125. <https://doi.org/10.54886/scire.v1i1.1036>
- [13] Duarte, J., & Fernández, F. (2005). La simulación por computador en investigación y desarrollo. Tecnura, 8(16), 106-114.
- [14] Fajardo, A. (2017). Medición en epidemiología: prevalencia, incidencia, riesgo, medidas de impacto. Revista Alergia México, 64(1), 109-120. <https://doi.org/10.29262/ram.v64i1.252>
- [15] Fajardo, G., Hernández, F., Santacruz, J., Rodríguez, J., Lamy, P., Arbolea, H., Gutiérrez, R., Manuell, G. & Córdova, J. (2009). Perfil epidemiológico de la mortalidad por influenza humana A (H1N1) en México. Salud Pública De México, 51(5), 361-671. Recuperado a partir de <https://saludpublica.mx/index.php/spm/article/view/6924>
- [16] Franco, C., Lammoglia, L., & Santos, J. (2004). Perspectiva histórica de la viruela en México: aparición, eliminación y riesgo de reaparición por bioterrorismo. Gaceta médica de México, 140(3), 321-327. Recuperado en 29 de diciembre de 2023, de http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0016-38132004000300013&lng=es&tlng=es.
- [17] Freer, E., & Chavarría, J. (1992). El desarrollo de la computación y su influencia en la medicina. Revista costarricense de Ciencias Médicas, 13(1,2), 59-70.
- [18] García, A. (2014). Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas. [Trabajo de fin de grado de matemáticas]. Universidad de Cantabria.
- [19] García, C., & Villasís, M. (2020). COVID-19: marca un antes y después en México, ¿punto y aparte?, ¿punto y seguido?. Revista mexicana de pediatría, 87(2), 43-45. Epub 13 de septiembre de 2021. <https://doi.org/10.35366/94166>
- [20] García, J. & Sánchez, L. (2022). Aplicación de dispositivos digitales para vigilar, enfrentar y controlar la pandemia de COVID-19 en 2020. Oxímora. Revista Internacional De Ética Y Política, (20), 117–140. <https://doi.org/10.1344/oxi.2022.i20.37072>
- [21] García, L. (2017). Modelos matemáticos compartimentales en epidemiología [Epidemiología matemática]. Repositorio institucional de la Universidad de La Laguna.

- [22] Gobierno de México (2023). Anuario de Morbilidad 1984-2022. gob.mx. <https://epidemiologia.salud.gob.mx/anuario/html/glosario.html:~:text=Es%20una%20medida%20estadística%20usada,de%20morbilidad%2C%20mortalidad%20y%20natalidad>.
- [23] Gobierno de la Ciudad de México. (2021). Reporte epidemiológico COVID19 de la Ciudad de México. <https://modelo.covid19.cdmx.gob.mx>
- [24] González, H. (2021). Pandemias en la historia: la peste negra y la gripe española, covid-19 y crisis capitalista. Chakiñan, Revista De Ciencias Sociales Y Humanidades, (14), 130–145. <https://doi.org/10.37135/chk.002.14.09>
- [25] Haindl, A. (2010). La Peste Negra. Arqueología, historia y viajes sobre el mundo medieval, 35, 56-69.
- [26] Hernández, M., Garrido, F., & López, S. (2000). Desarrollo histórico de la epidemiología: su formación como disciplina científica . Salud Pública de México, 42(2).
- [27] IBM. ¿Qué es la supercomputación?. IBM Site. (s.f.). <https://www.ibm.com/mx-es/topics/supercomputing>
- [28] INEGI (2020). Censo de Población y Vivienda 2020. <https://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/df/poblacion/>
- [29] INEGI (s.f). Clima - Distrito Federal. <https://cuentame.inegi.org.mx/monografias/informacion/df/territorio/clima.aspx?tema=me&e=09>
- [30] Kermack, W.O. y McKendrick (1972). 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. Vol. 115, N0. 772, pp. 700-721.
- [31] Larrea, F. (2007). La viruela: ¿ha muerto?. Revista del Instituto Nacional de Higiene Rafael Rangel, 38(1), 34-38.
- [32] Llanos, G., (2005). Jonhn Snow, La Epidemiología y el Cólera. Colombia Médica, 36(3), 139.
- [33] López, M. & Cardona, A. (2020). La peste negra: el enemigo incorpóreo. Medicina. 42, 2 (jul. 2020), 196–210.
- [34] Marqués, M. (2011). Bases de datos. Publicacions de la Universitat Jaume I.

- [35] Marathe, M., & Vullikanti, A. (2013). Computational Epidemiology. *Communications of the ACM*, 56., 88-96. [10.1145/2483852.2483871](https://doi.org/10.1145/2483852.2483871).
- [36] Martín, V. (2020). Una breve introducción al modelo SIR aplicado al caso del COVID-19 en España. *ICEI Papers COVID*, 19, 12.
- [37] Montesinos, O. & Hernández, C. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud Pública de México*, 49(3), 218-226.
- [38] Montiel, J., Hernández, E., & López, J. (2012). Computación móvil. *Ingeniare. Revista chilena de ingeniería*, 20(3), 282-283. <https://dx.doi.org/10.4067/S0718-33052012000300001>
- [39] Moreno, A., López, S., & Corcho, A. (2007). Principales medidas en epidemiología. *Revista Cubana de Higiene y Epidemiología*, 45(1), 337-348.
- [40] Organización Mundial de la Salud (2023). Gripe (estacional). [https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/influenza-\(seasonal\)](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/influenza-(seasonal))
- [41] Organización Panamericana De La Salud (2002). Módulos de principios de epidemiología para el control de enfermedades (MOPECE): Unidad 2: Salud y enfermedad en la población (Castillo, C., Mujica, O., Loyola E., & Canela J., Eds.; 2.a ed.). <https://www3.paho.org/col/dmdocuments/MOPECE2.pdf>
- [42] Osorio, E., Malpartida, J., Ávila, H., & Valenzuela, A. (2021). Aplicaciones móviles: incorporación en procesos de enseñanza en tiempos de covid-19. *Revista Venezolana de Gerencia*, 26(93), 65-77.
- [43] Pareja, R. (2011). Epidemiología. Escuela de Enfermería. Ministerio de Salud F.C.M. U.N.Cuyo. http://sistemas.fcm.uncu.edu.ar/enf-epidemiologia/Epidemiologia_2011.pdf
- [44] Pita, S., Pértega, S., & Valdés, F. (2004). Medidas de frecuencia de enfermedad. *Cadernos de atención primaria*, (11), 101-105.
- [45] Planas, M., Rodríguez, T., & Lecha, M. (2004). La importancia de los datos. *Nutrición Hospitalaria*, 19(1), 11-13.
- [46] Pliego, E. (2011). Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas [Tesis Licenciatura]. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.
- [47] Portal Académico CCH (2022). Población. <https://e1.portalacademico.cch.unam.mx/alumno/biologia2/unidad2/estructuraEcosistema/poblacion>

- [48] Pozos, R., Jiménez, R., & Temoltzi, R. (2019). Modelos estocásticos en epidemiología. *Pädi Boletín Científico de Ciencias Básicas e Ingenierías del ICBI*, 12, 95-101.
- [49] Pita, S., Pértega, S., & Valdés, F. (2004). Medidas de frecuencia de enfermedad. *Cadernos de atención primaria*, (11), 101-105.
- [50] Pulido, E., Escobar, Ó., & Núñez, J. (2019). Base de datos. Grupo Editorial Patria.
- [51] Rodríguez, R. (2015). La reinención de la epidemiología a la luz de las nuevas tecnologías. *Revista Ciencias de la Salud*, 13(2), 283-291. <https://doi.org/10.12804/revsalud13.02.2015.13>
- [52] Sánchez, G., (2021). Epidemias y pandemias, una aproximación histórica. *Acta Médica Colombiana*, 46(3), 3-10. <https://doi.org/10.7440/res64.2018.03>
- [53] Secretaría de Cultura. (2021, 3 marzo). La epidemia de viruela negra, un aliado silencioso e infalible en la caída de Tenochtitlan y Tlatelolco. Gobierno México Secretaría de Cultura. <https://www.gob.mx/cultura/prensa/la-epidemia-de-viruela-negra-un-aliado-silencioso-e-infalible-en-la-caida-de-tenochtitlan-y-tlatelolco>
- [54] Secretaría de Salud (2021). Lineamiento estandarizado para la vigilancia epidemiológica y por laboratorio de la enfermedad respiratoria viral. https://coronavirus.gob.mx/wp-content/uploads/2021/02/Lineamiento_VE_y_Lab_Enf_Viral_Ene-2021_290121.pdf
- [55] Subsecretaría de Prevención y Promoción de la Salud (2023). Informe Semanal de Vigilancia Epidemiológica. https://www.gob.mx/cms/uploads/attachment/file/789589/INFLUENZA_OVR_SE01_2023.pdf
- [56] Seoane, M., Arriasecq, I., & Greca, I. (2015). Simulaciones computacionales: un análisis fenomenográfico. *Revista De Enseñanza De La Física*, 27(2), 289–296.
- [57] Snow, J. (1855). *On the mode of communication of cholera* (2.a ed.). London: John Churchill, New Burlington Street.
- [58] Weber, N., Bazán, G., Cruz, L., & Ángeles, A. (2022). Aspectos relevantes de las epidemias y pandemias en México: desde la perspectiva del derecho sanitario. *Revista de la Facultad de Medicina (México)*, 65(4), 40-46. Epub 08 de agosto de 2022. <https://doi.org/10.22201/fm.24484865e.2022.65.4.06>

- [59] Wilches, J. & Castillo, M. (2020). Aproximación matemática del modelo epidemiológico SIR para la comprensión de las medidas de contención contra la Covid-19. *Revista Española de Salud Pública*. 94.
- [60] Woodhams, S. (2021). COVID-19 Digital Rights Tracker. TOP10VPN. <https://bit.ly/3sb38tZ>