

$R_0$  Y ALGUNAS GENERALIZACIONES EN  
AUTÓMATAS CELULARES

*Juan Carlos Hernández Gómez*

Verano del 2008



# Índice general

<b>Agradecimientos</b>	v
<b>Introducción</b>	vii
<b>1. Conceptos Preliminares</b>	<b>1</b>
1.1. Sistemas SIS . . . . .	1
1.2. Autómatas Celulares . . . . .	2
1.2.1. Definición . . . . .	2
1.2.2. Retícula . . . . .	3
1.2.3. Tipos de Vecindad . . . . .	3
1.2.4. Tipos de Frontera . . . . .	6
1.2.5. Regla de transición . . . . .	7
1.2.6. Tipos de población . . . . .	7
1.2.7. Puntos estacionarios . . . . .	8
1.2.8. Definición para este trabajo . . . . .	8
<b>2. El Número Reproductivo Básico en Modelos Continuos</b>	<b>9</b>
2.1. Definiciones . . . . .	9
2.2. Ejemplos . . . . .	11
2.3. Conclusiones . . . . .	22
<b>3. Un Modelo SIS</b>	<b>23</b>
3.1. El Modelo . . . . .	23
3.1.1. Regla de transición . . . . .	24
3.2. El modelo de Campo Medio . . . . .	24
3.2.1. Interpretación . . . . .	26

<b>4. Cálculo de <math>R_0</math> poblacional para Autómatas Celulares</b>	<b>29</b>
4.1. Efecto de las vecindades sobre el parámetro $R_0$	35
4.1.1. Vecindades de igual tamaño	35
4.1.2. Vecindades de tamaños diferentes	42
4.2. Efecto frontera en Autómatas Celulares	48
4.3. Ejemplos	53
4.4. Simetría y asimetría de las vecindades	61
4.5. Conclusiones	61
<b>5. <math>R_0</math> individual</b>	<b>63</b>
5.1. Motivación	63
5.1.1. Poblaciones con diferente $R_0$	64
5.2. Definición	67
5.3. Ejemplos	68
5.4. Conclusiones	76
<b>6. <math>R_0^t</math> poblacional y <math>R_0^t</math> y <math>R_0^{tf}</math> individual</b>	<b>79</b>
6.1. $R_0^t$ poblacional	79
6.1.1. Motivación	80
6.1.2. Definición de $R_0^t$ poblacional	80
6.1.3. Ejemplos	82
6.2. $R_0^t$ individual	87
6.2.1. Motivación	87
6.2.2. Definición de $R_0^t$ individual	88
6.2.3. Ejemplos	89
6.3. $R_0^{tf}$ individual	97
6.3.1. Motivación	97
6.3.2. Definición de $R_0^{tf}$ individual	97
6.3.3. Cálculo del Valor Límite del Número de Infectados	106
6.4. Conclusiones	108
<b>7. Conclusiones</b>	<b>111</b>

# Agradecimientos

Gracias Dios por todas las bendiciones que he recibido.

Tengo tanto que agradecer a tantas personas que este espacio me es insuficiente para hacerlo, sin embargo de manera especial quiero agradecer a mi asesor, Dr. Ignacio Barradas Bribiesca por todo el tiempo que me dedicó, por la paciencia que siempre tuvo, pero sobre todo por la amistad sincera con la cual me ha distinguido.

Al Dr. Christopher Kribs Zaleta, por brindarme su apoyo en todo momento.

A mi madre, por su apoyo, consejos y por las palabras de aliento que siempre me han impulsado aun en los momentos más difíciles.

A Alejandro e Hilaria, por inculcarme el deseo de superación y ser el mejor ejemplo de perseverancia.

A mi compañera de vida Rosario, por darme la mayor felicidad de la vida, por luchar hombro a hombro y siempre entender e impulsar mi espíritu hacia los objetivos que me propongo.

A Keira, por venir a darle sentido a mi vida y convertirse en mi razón de vivir.

A mis hermanos (Alejandro, Ana, Raúl, Fernando, Alejandra y Lucero), por darme su apoyo incondicional y por estar conmigo en todo momento.

A mis cuñados (Toño, Marina, Ma. de Jesús, Hector, Lourdes, Ernesto, Paty, Angélica y Mónica), por su apoyo.

A mis sobrinos (Liz, Tania, Jesús, Ámeli, Frida, Fabian, Hector, Abraham, Teresita, Isabel, Alberto y Ma. de Jesús), por su cariño.

A mis sinodales (Dr. Ignacio Barradas Bribiesca, Dr. Christopher Kribs Zaleta, Dr. Rafael Herrera Guzmán, Dr. José Miguel Ponciano Castellanos y Dr. José Geiser Villavicencio Pulido), por el tiempo y esfuerzo dedicado a la lectura de este trabajo y sus valiosos comentarios.

A mis amigos, por arrancarme una sonrisa aun en los momentos más difíciles.

Al personal administrativo e investigadores de CIMAT, por el apoyo que siempre tuve.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT), por la beca que me otorgó durante mis estudios de doctorado, haciendo posible la realización de este proyecto.

A todos ellos, gracias por permitirme hacer realidad un sueño.

*Juan Carlos*

# Introducción

Tradicionalmente los procesos epidemiológicos han sido modelados mediante ecuaciones diferenciales, ya sea ordinarias o parciales[31]. Sin embargo, cuando se modela mediante esta herramienta hay aspectos propios del desarrollo de las enfermedades que no se toman en cuenta. La heterogeneidad de la población o aspectos que tienen que ver con la distribución espacial de los individuos o la modificación de su comportamiento como respuesta al estado del sistema o como función del tiempo, son aspectos poco estudiados con estos modelos. Es por eso que se han buscado nuevas herramientas que permitan modelar este tipo de procesos, incorporando cada vez más características que de otra forma no se podrían estudiar. Otro tipo de modelos que se han empleado para estudiar estos procesos son los llamados modelos estocásticos con estructura espacial. Mediante estos modelos se ha descrito la transmisión de enfermedades infecciosas en una población con distribución espacial explícita. En la actualidad la computadora ha ocupado un lugar en cada actividad humana y la modelación de procesos no ha sido ajena a la incursión de esta herramienta. Actualmente el uso de computadoras como herramientas de modelación es más extendido. El desarrollo de programas de simulación en diferentes áreas del conocimiento ha hecho posible conocer el comportamiento de sistemas complejos que de otra forma sería muy costoso o difícil de verificar. Este tipo de modelos matemáticos han tenido gran auge en los últimos años. Sin embargo, existen características de dichos modelos que aún no se han estudiado de manera exhaustiva.

En este trabajo hacemos el estudio de un proceso epidemiológico modelado mediante autómatas celulares. Los autómatas celulares son un tipo de modelos matemáticos en los cuales la interacción entre los individuos, aun cuando sea muy compleja, puede modelarse de una manera relativamente sencilla. Esto hace de los autómatas celulares una herramienta útil para modelar redes complejas de contactos [18].

Cuando se presenta una enfermedad transmisible en una población de individuos pueden darse dos situaciones: a) la enfermedad podría contagiar a un número reducido de individuos y estos contagiar a otros, recuperándose los primeros, de tal forma que siempre haya un número positivo de infectados, por lo que en este caso diremos que la

enfermedad persiste, y b) si la enfermedad desaparece después de cierto tiempo se dice que el sistema tiende al equilibrio trivial o libre de enfermedad. En cualquier caso, uno de los aspectos más importantes a saber es si dicha enfermedad es capaz de persistir en la población. Actualmente sabemos que esto dependerá del valor de los parámetros propios de la enfermedad y de la población en cuestión.

Como ya hemos mencionado, trabajaremos con un modelo de un proceso epidemiológico empleando autómatas celulares. Mediante este modelo haremos el análisis del desarrollo de enfermedades de transmisión directa (individuo a individuo), que involucre individuos susceptibles (S) e infectados (I).

Cuando se hace el estudio de los sistemas con ecuaciones diferenciales, es de suma importancia encontrar el valor de un parámetro mediante el cual se puede conocer si la infección persistirá en la población o si desaparecerá en algún momento [10] [14] [11] [15] [16]. Dicho parámetro es llamado número reproductivo básico ( $R_0$ ). Como se verá más adelante, existen diferentes definiciones para el parámetro  $R_0$ , sin embargo, en principio podríamos decir que es el número promedio de infecciones secundarias que un individuo infeccioso es capaz de producir durante todo el tiempo que es capaz de transmitir la enfermedad, cuando se introduce en una población virgen (es decir, conformada únicamente por individuos susceptibles).

La pregunta natural que surge al modelar con autómatas celulares es si existe un parámetro equivalente que nos marque diferencias cualitativas en el comportamiento del sistema, es decir, nos preguntamos sobre la existencia de un parámetro en autómatas celulares que nos indique si la enfermedad es capaz de persistir dentro de la población o si desaparecerá por sí misma en algún momento. En este trabajo trataremos de dar respuesta a esta pregunta y daremos una metodología que nos permita calcular dicho parámetro para una amplia familia de sistemas modelados con autómatas celulares.

En el capítulo uno damos algunas definiciones básicas que nos permitan tener un lenguaje común para desarrollar las ideas presentadas en los capítulos posteriores. Se establecen los conceptos básicos y se da una idea general sobre los autómatas celulares.

En el capítulo dos hacemos una revisión de las definiciones dadas por diferentes autores para uno de los parámetros más importantes en modelos epidemiológicos, el número reproductivo básico. Se presentan algunos ejemplos donde se hace el cálculo de dicho parámetro y se hacen observaciones acerca de la falta de correspondencia, en algunos casos, entre el valor obtenido y las definiciones citadas.

En el capítulo tres se presenta un modelo SIS (Susceptible-Infectado-Susceptible), y se hace el análisis del modelo de campo medio correspondiente al modelo que se propone estudiar.

En el capítulo cuatro se presenta la definición del parámetro  $R_0$  poblacional para la primera unidad de tiempo, parámetro que nos permite conocer hacia dónde tiende la



solución del sistema; se hace el estudio de sistemas donde las células tienen como vecindad a un subconjunto de la población, el estudio se divide en dos casos: cuando todas las células tienen el mismo tamaño de vecindad y cuando las células tienen diferente tamaño de vecindad, en ambos casos se llega a una expresión analítica que nos permite calcular el valor del parámetro  $R_0$ . Así mismo, se hace el estudio de sistemas con frontera y se analiza el efecto de diferentes tipos de fronteras sobre el parámetro  $R_0$  poblacional.

En el capítulo cinco se propone la definición de un parámetro que nos permita describir la dinámica de un sistema en el cual la población no es homogénea, el parámetro  $R_0$  individual. La definición de este parámetro nos permite generar lo que llamamos mapas de  $R_0$ 's, los cuales nos indican geográficamente cómo se desarrolla la enfermedad y nos permiten distinguir regiones geográficas con probabilidades de prevalencia de la enfermedad diferentes.

En el capítulo seis se establece la necesidad de definir el parámetro  $R_0$  poblacional, no sólo para la primera unidad de tiempo, en general para cualquier unidad de tiempo, es así que se definen los parámetros  $R_0^t$  poblacional, el cual nos permite analizar poblaciones en las cuales los individuos presentan cambios de comportamiento o variaciones con el tiempo;  $R_0^t$  individual, el cual nos permite estudiar el efecto de heterogeneidades geográficas dentro de la población, o el efecto de la variación de algún parámetro en el tiempo, y sus efectos más allá de la primera unidad de tiempo; y el parámetro  $R_0^{tf}$ , el cual nos permiten estudiar poblaciones que presentan heterogeneidades geográficas y variaciones temporales, permitiéndonos detectarlas en forma inmediata.

El capítulo siete presenta las conclusiones del trabajo.



# Capítulo 1

## Conceptos Preliminares

### 1.1. Sistemas SIS

En este capítulo trataremos de establecer los conceptos básicos que nos permitan desarrollar los temas siguientes con la certidumbre de que el lenguaje es claro para el lector.

La modelación de enfermedades contagiosas es uno de los campos más ricos de la modelación en biología, ya que existen tantas enfermedades, cada una de ellas con características propias, que se necesitaría hacer un modelo para cada una de ellas. Sin embargo, es posible modelar estas enfermedades de una manera más general, para ello se han desarrollado modelos generales que pueden captar las propiedades de un grupo de enfermedades y darnos información acerca de ellas. Así se han desarrollado modelos SI (Susceptible-Infectado), SIS (Susceptible-Infecio-Susceptible), SIR (Susceptible-Infecioso-Recuperado), SIVR (Susceptible-Infectado-Vacunado-Recuperado), etc. En este trabajo estudiaremos un modelo SIS. Mediante el estudio de este modelo podremos conocer el desarrollo de una gran cantidad de enfermedades contagiosas.

Consideremos una población compuesta por dos grupos de individuos: el grupo de individuos susceptibles, el cual está conformado por aquellos individuos que no han sido contagiados aún, pero que son capaces de adquirir la enfermedad al entrar en contacto con los individuos infectados; y el grupo de individuos infectados, aquellos que han adquirido la enfermedad y son capaces de transmitirla a los susceptibles al tener contacto con estos.

Un sistema SIS es aquel que está conformado por individuos susceptibles que pueden resultar infectados y posteriormente regresan a ser susceptibles, es decir, es un sistema que modela enfermedades donde los individuos infectados no adquieren ningún tipo de inmunidad. En el siguiente diagrama se representa el flujo de individuos en un sistema

SIS.

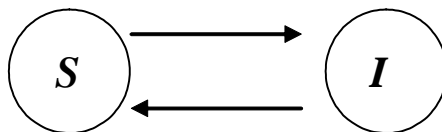


Figura 1.0

Llamaremos contacto exitoso a aquellos contactos entre un susceptible y un infeccioso que tenga como consecuencia el contagio del individuo susceptible. Para que se dé un contacto exitoso se deben cumplir dos condiciones: la primera es que el individuo susceptible tenga contacto con un individuo infeccioso y la segunda es que además éste que es capaz de transmitirle la enfermedad, se la transmita. Si denotamos por  $\eta$  a la probabilidad de que un individuo susceptible tenga contacto con un infeccioso (probabilidad de encuentro), y por  $\beta$  a la probabilidad de que un individuo infeccioso transmita la enfermedad a un susceptible con el que tuvo contacto, entonces la probabilidad de encuentro exitoso ( $P(s \rightarrow i)$ ) estará dada por:

$$P(s \rightarrow i) = \eta\beta \quad (1.0)$$

Este producto de probabilidades puede establecerse de manera explícita como el producto  $\eta\beta$ , o tomarlas como una sola probabilidad digamos  $\beta$ , teniendo en cuenta que en este caso  $\beta$  representa la probabilidad de infección de un individuo susceptible dado que ya se dió el encuentro entre el individuo susceptible y un individuo infeccioso. En nuestro caso haremos uso de la segunda opción, es decir usaremos  $\beta$  como la probabilidad de infección de un individuo susceptible dado que ya se tuvo contacto con un individuo infeccioso.

Una vez que hemos estudiado los sistemas SIS, el siguiente paso es conocer los aspectos importantes de la herramienta que utilizaremos para modelar el sistema SIS.

## 1.2. Autómatas Celulares

### 1.2.1. Definición

Aun cuando el concepto de autómata celular data de la década de los 40's cuando Honrad Zue y Stanislaw Ulam los proponen como métodos de análisis computacional, es

hasta los años 50's cuando John von Neumann les da el sentido de herramientas de simulación. En 1970, John Horton Conway da a conocer el autómata celular que probablemente sea el más conocido, el juego de la vida (life). Al pasar de los años cada vez más se ha visto a los autómatas celulares como una herramienta que permite simular y analizar sistemas dinámicos que por su complejidad no se podrían analizar de otra forma, tales como el flujo errático de un líquido en presencia de obstáculos, el cambio del clima en una región dada o el desarrollo de enfermedades infecciosas dentro de poblaciones no homogéneas o espacialmente explícitas.

Dado que los autómatas celulares han sido empleados en diversas áreas del conocimiento para resolver problemas muy diversos [21] [22] [23] [24] [25] [26] [27] [28] [30], es difícil dar una definición única de éstos, sin embargo, a continuación daremos una definición que consideramos importante.

Lyman Hurd define los autómatas celulares de la siguiente forma:

Un Autómata Celular es un sistema dinámico discreto. Cada punto en una retícula espacial regular, llamada célula, puede tener cualquiera de un número finito de estados. El estado de la célula en la retícula es actualizado de acuerdo con reglas locales. Esto es, el estado de la célula en un tiempo dado depende solamente de su propio estado en el paso previo y del estado de sus vecinos en el paso previo también. El estado de la retícula avanza en pasos discretos de tiempo [1] .

### 1.2.2. Retícula

Los autómatas celulares pueden ser representados como puntos en un espacio  $r - dimensional$ , cada punto dentro del arreglo es llamado célula, las cuales podemos denotar como  $c_{i_1, \dots, i_r}$ . En un Autómata Celular las células se encuentran rodeadas por otras células, frecuentemente estas células conforman arreglos espaciales regulares a los cuales llamaremos retícula. En este trabajo consideraremos autómatas celulares bidimensionales, es decir,  $r = 2$ , compuestos por células cuadradas, de esta forma cada célula queda perfectamente definida con dos subíndices  $(i, j)$ . La célula que ocupa la columna  $i$  y el renglón  $j$  se denominará  $c_{i,j}$ . El arreglo de las células formará una retícula rectangular y cada célula contendrá un individuo.

### 1.2.3. Tipos de Vecindad

Los individuos son unidades que tienen contacto con otros individuos y son capaces de infectarse o recuperarse en algún momento. Aun cuando los individuos no son las células de la retícula, ocupan el lugar de la célula y la interacción entre individuos determina el estado de las células correspondientes. En ocasiones diremos que los individuos interactúan

con sus vecinos o que las células interactúan con otras células, esto aun cuando es un abuso en el lenguaje, queda claro dada la correspondencia entre individuos y células. La célula es el lugar geográfico y el individuo es el que habita la célula.

Dada la célula  $c_{i,j}$ , se define su vecindad  $V_{i,j}$  como el conjunto de células con las cuales interactúa y por lo tanto, a las que les puede transmitir la enfermedad o de quienes puede contagiarse, según sea el caso. La importancia de las vecindades en autómatas celulares se deriva del hecho de que el estado de la célula  $c_{i,j}$  digamos para el tiempo  $t + 1$  está determinado por su estado y el estado de las células de su vecindad al tiempo  $t$ .

En general, una vecindad puede ser cualquier subconjunto de células de la retícula. Existen varios tipos de vecindades para autómatas celulares bidimensionales, en seguida mostraremos algunas clases típicas de vecindad.

Por cercanía geográfica tenemos:

La vecindad von Neumann consiste en las cuatro células más cercanas a la célula en cuestión. En ese caso:

$$V_{i,j} = \{c_{i-1,j}, c_{i+1,j}, c_{i,j-1}, c_{i,j+1}\}.$$

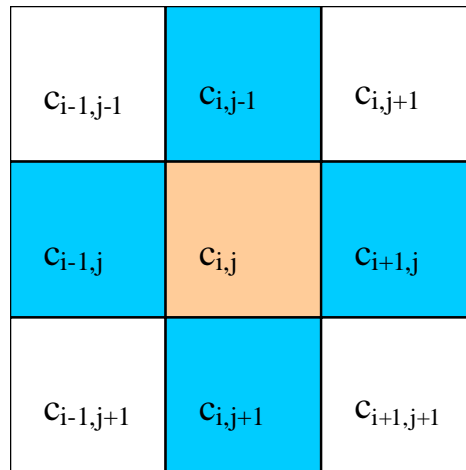


Figura 1.1

La vecindad Moore consiste en las ocho células más cercanas, es decir:

$$V_{i,j} = \{c_{i-1,j-1}, c_{i,j-1}, c_{i+1,j-1}, c_{i-1,j}, c_{i+1,j}, c_{i-1,j+1}, c_{i,j+1}, c_{i+1,j+1}\}.$$

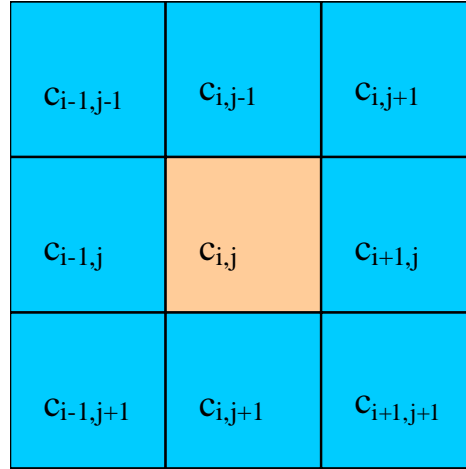


Figura 1.2

La Vecindad de Moore puede ser extendida a más de un anillo, de esta forma podemos hablar de la vecindad 2-Extendida de Moore consistente en las 24 células más cercanas. En general, llamaremos vecindad  $n$  - *Extendida* de Moore al conjunto de las  $(2n + 1)^2 - 1$  células más cercanas.

Diremos que un individuo tiene contacto con sus vecinos cuando este individuo se encuentre en algún momento con el subconjunto de células que conforman su vecindad y como resultado de ese encuentro exista la posibilidad de modificar el estado de la célula que él habita. Para fines de este trabajo, si no se especifica otra cosa, la vecindad de una célula es cualquier subconjunto de células de la retícula con las que el individuo tiene contacto. Por lo tanto, sólo células de su vecindad pueden contagiarlo o puede contagiar.

La única propiedad que se pedirá a toda vecindad es la propiedad reflexiva, esto es: si una célula está en la vecindad de otra, entonces esta última está en la vecindad de la primera. O simbólicamente  $c_{k,l} \in V_{i,j} \Rightarrow c_{i,j} \in V_{k,l}$ . Observe que esta propiedad hace que la transición entre clases de células con diferente tamaño de vecindad sea paulatina, es decir, que se produzcan clases de células cuyo tamaño de vecindad va cambiando paulatinamente al acercarse a una de las clases.

La cardinalidad del conjunto vecindad lo denotaremos como  $|V|$ , y algunas veces nos referiremos a ella como el tamaño de la vecindad.

### 1.2.4. Tipos de Frontera

Los autómatas celulares pueden definirse sobre retículas finitas o infinitas. Un autómata celular con retícula infinita es aquel para el cual el espacio físico no es una limitante para el crecimiento de la población, aunque esto técnicamente se ve limitado por la memoria del computador. Una consideración extra que se tiene al trabajar con retículas finitas, cuando la vecindad se define por cercanía geográfica, es cómo definir la frontera de la misma, es decir, qué debe suceder con aquellas células que se encuentran al borde de la retícula. A la implementación de una o varias consideraciones específicas para dar solución a este problema se le conoce como condición de frontera. Se pueden implementar numerosas condiciones de frontera, en función de lo que el problema real requiera para su modelado. Aun cuando se pueden establecer numerosas condiciones de frontera, en este trabajo sólo trabajaremos con dos condiciones de frontera:

Autómatas celulares con frontera. Se considera que fuera de la retícula no residen células y las células de la frontera ven disminuido su radio de interacción (vecindad).

Autómatas celulares sin frontera. Se considera a la retícula como si sus extremos se tocaran. En una retícula de dimensión 1, esto puede visualizarse en dos dimensiones como una circunferencia.

La implementación de la condición de frontera dependerá del tipo de aplicación.

**Definición 1** *Consideremos una retícula finita donde las vecindades se han definido por cercanía geográfica. Diremos que la retícula tiene frontera cuando el número de vecinos de las células que se encuentran en la frontera se ve disminuido. Por otro lado, diremos que la retícula no tiene frontera (o que es una retícula sin frontera) cuando se han pegado los bordes opuestos de la retícula.*

Obsérvese que el efecto frontera puede influir en gran medida en los resultados del estudio de estos sistemas, pues el número de células que ven disminuida su vecindad depende del tamaño de la retícula. Por ejemplo, si la retícula es de 10x10 cerca del 40 % de las células son frontera, mientras que si la retícula es de 100x100 sólo el 4 % de las células son frontera, esto en el caso de células con vecindades de Moore no extendida. Para el caso de vecindades de Moore  $n - Extendida$  con  $n > 1$  el efecto frontera involucra a un mayor número de células de la retícula.

Otra observación que es importante hacer es que en el caso de una retícula finita bidimensional al pegar los bordes para hacerla sin frontera se tendrá como resultado un toroide en  $\mathbb{R}^3$  sobre el cual se encuentran las células (ver figura 1.3).



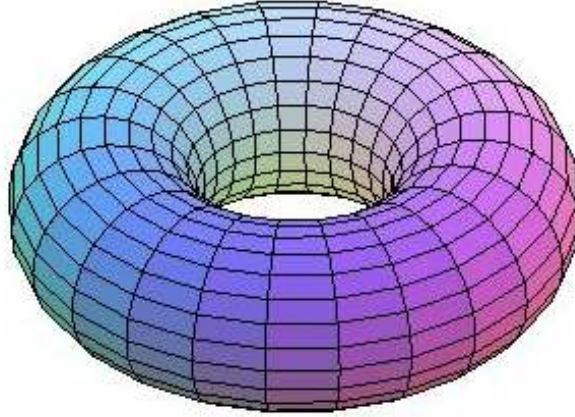


Figura 1.3

### 1.2.5. Regla de transición

Se refiere a las reglas que se aplicarán para establecer el estado de cada una de las células en cada iteración. Básicamente podemos hablar de dos tipos de reglas: determinísticas y estocásticas.

Si denotamos por  $c_{i,j}^t$  al estado de la célula  $c_{i,j}$  al tiempo  $t$  y por  $V_{i,j}^t$  al estado de sus vecinos al tiempo  $t$ , entonces  $c_{i,j}^{t+1}$ , es decir, el estado de la célula al tiempo  $t + 1$  está determinado por su estado y el estado de sus vecinos al tiempo  $t$ . Formalmente, si denotamos con  $S$  al conjunto de estados que puede tener cada célula, que en nuestro caso será  $C = \{0, 1\}$ ,  $c_{i,j}^{t+1} = F [c_{i,j}^t, V_{i,j}^t]$  en este caso a  $F$  se le llama la regla de transición. Esta regla asigna el estado de la célula en cuestión al tiempo  $t$  en función del estado de ella y sus vecinos al tiempo  $t - 1$ , de forma determinística o probabilística. El carácter probabilístico de la regla de transición se refiere a que asigna un estado a las células con cierta probabilidad, es decir, la misma regla aplicada a mismo argumento no necesariamente da el mismo estado. Si la regla de transición es determinística se dice que el autómata celular es determinístico y en el caso de reglas de transición probabilística se dice que es un autómata celular estocástico.

### 1.2.6. Tipos de población

Diremos que una retícula está compuesta por una población homogénea (o que el sistema es homogéneo), cuando el valor de los parámetros del sistema es el mismo para

cada célula  $c_{i,j}$  de la retícula. En caso contrario diremos que la población (o el sistema), es heterogénea o tiene heterogeneidades.

Diremos que un parámetro del sistema tiene variabilidad temporal (o variación con el tiempo), cuando su valor al tiempo  $t$  no es el mismo que al tiempo  $t + 1$  para algún  $t \geq 0$  y para algún subconjunto de células.

### 1.2.7. Puntos estacionarios

Un punto de equilibrio (o punto estacionario), de un sistema de tiempo continuo es un punto  $\bar{x}_0$  tal que en ese punto  $\dot{\bar{x}} = 0$ , y el sistema en ese punto no cambiará de estado. Similarmente, un punto de equilibrio de un sistema discreto  $\bar{x}_{k+1} = f(\bar{x}_k)$  es un punto  $\bar{x}_0$  tal que en ese punto  $\bar{x}_{k+1} - \bar{x}_k = 0$ , es decir, el sistema ya no cambia de estado. En modelos epidemiológicos es de gran importancia el estudio de los puntos de equilibrio del sistema, ya que nos indican el nivel de prevalencia de la enfermedad en la población. Sin embargo, de la estabilidad de uno de esos puntos de equilibrio depende el comportamiento del sistema, el punto de equilibrio trivial o libre de enfermedad. El punto de equilibrio trivial o libre de enfermedad, es un valor de las variables del sistema tal que el número de infectados es igual a cero.

### 1.2.8. Definición para este trabajo

La transmisión de enfermedades en una población no es un proceso determinístico, cuando hablamos de enfermedades que se transmiten por contacto de persona a persona, las cuestiones probabilísticas juegan un papel muy importante. Sabemos que aun cuando un individuo susceptible tenga contacto con un individuo infectado no hay ninguna seguridad que el susceptible se infecte, lo que si hay es una probabilidad mayor que cero de que la infección le sea transmitida. Este simple hecho nos hace considerar que una regla de transición probabilística es una buena elección para poder modelar este tipo de enfermedades. Es por eso que centramos nuestro estudio en la modelación mediante autómatas celulares estocásticos.

**Definición 2** *Un Autómata Celular estocástico bidimensional es una tripleta  $A(C, V, F)$ , donde  $C$  es el espacio de estados,  $V \in \mathbb{Z}^2$  es el conjunto vecindad, y  $F : CXC^{|V|} \rightarrow C$  la regla probabilística de transición.*

## Capítulo 2

# El Número Reproductivo Básico en Modelos Continuos

Aun cuando nuestro trabajo no se centra en el estudio de modelos continuos, en este capítulo haremos un recuento de lo que se ha escrito acerca del número reproductivo básico para modelos continuos, con la finalidad de mostrar algunas inconsistencias que existen en algunos modelos entre las diferentes definiciones verbales que se dan y la expresión que se obtiene al calcularlo y de esta manera evitar caer en las mismas en el momento de definir el número reproductivo básico para la clase de autómatas celulares que estudiaremos.

Uno de los parámetros más estudiados en modelos epidemiológicos continuos es el llamado número reproductivo básico ( $R_0$ ), el cual inicialmente fué denominado tasa reproductiva básica por George Macdonald[15]. Cuando se hace uso de modelos continuos en procesos epidemiológicos, nos encontramos con que existen muchas definiciones del número reproductivo básico. A continuación daremos algunas definiciones y mostraremos algunas particularidades existentes con respecto al número reproductivo básico  $R_0$  en modelos continuos.

### 2.1. Definiciones

1. “ $R_0$  es el número esperado de huéspedes quienes serán infectados después de una generación del parásito por una sola persona infectada que ha sido introducida dentro de una población virgen.” [5] [6].
2. “ $R_0$  es el número de casos secundarios generados por un infeccioso primario durante su periodo completo de infecciosidad en una población de susceptibles.” [7].

3. “ $R_0$  es el número promedio de infecciones secundarias producidas cuando un individuo infeccioso es introducido a una población huésped donde todos son susceptibles” [9].

4. “ $R_0$  es el número esperado de casos secundarios producidos, en una población completa de susceptibles, por un típico individuo infectado durante su periodo completo de infecciosidad.” [10]

5. “El número reproductivo básico  $R_0$  es el número promedio de infecciones secundarias producidas cuando un individuo infectado es introducido en una población virgen.” [11].

6. “ $R_0$  es el número esperado de contactos que un individuo tiene durante su completo periodo de infeccioso, definiendo como un contacto cualquier acto que causará la infección de un susceptible.” [12].

7. “Sea  $\rho$  el número de contactos por unidad de tiempo por individuo,  $\beta$  la probabilidad de transmisión de la infección por contacto, y  $\gamma$  la duración promedio del periodo de infectividad. Entonces el número reproductivo básico puede ser estimado por la siguiente fórmula intuitiva:  $R_0 = \rho\beta\gamma$ . Si  $R_0 > 1$  el sistema tenderá a un equilibrio no trivial, equilibrio endémico, y si  $R_0 < 1$  el sistema tenderá al equilibrio trivial (libre de enfermedad).” [13].

En los modelos epidemiológicos con ecuaciones diferenciales, el número reproductivo básico se calcula por el radio espectral de la matriz de la siguiente generación [16] [14].

Otra forma de calcularlo es mediante el análisis de los valores propios de la matriz jacobiana evaluada en el punto de equilibrio trivial [17] [11] [8].

Aun cuando estas definiciones se refieren a la misma cantidad, el número reproductivo básico, la descripción que se da en cada una de las definiciones difiere de una a otra. Por ejemplo, algunas hacen referencia a infecciones secundarias sin definir si esas incluyen sólo infecciones generadas directamente por el infectado introducido inicialmente (a las cuales llamaremos infecciones secundarias directas), o si también incluyen aquellas generadas por individuos infectados por él (a las cuales nos referiremos como infecciones secundarias indirectas). Algunas definiciones especifican el tiempo en el que dichas infecciones serán contadas, otras no especifican ningún periodo de tiempo.

Cuando trabajamos con modelos continuos podemos analizar el sistema con la condición inicial de un individuo infectado y el resto susceptibles, pero no es posible contar el número exacto de infecciones secundarias que se generan en un determinado tiempo y tampoco es posible diferenciar entre las infecciones que fueron generadas por el individuo inicial (directas), y las generadas por los individuos infectados por éste (indirectas). Sin embargo, podemos obtener algunas aproximaciones del número de infecciones secundarias totales (directas e indirectas), generadas durante un intervalo de tiempo y esperaríamos que  $R_0$  estuviera cercano a dicho valor, al menos cerca del punto de bifurcación ( $R_0 = 1$ ).

Consideremos la clase de individuos infecciosos y consideremos que el tiempo esperado

que un individuo infeccioso permanecerá en esta clase es  $1/c$ , entonces  $I(1/c)$  es el número de individuos infectados presentes después de  $1/c$  unidades de tiempo.  $I(1/c)$  es una aproximación de  $R_0$ , al menos en las cercanías del punto de bifurcación.

Otra cantidad que podríamos comparar con  $R_0$  es  $I_T(1/c) = I(1/c) - 1 + \int_0^{1/c} cI(t) dt$  la cual podemos pensar así:  $I(1/c)$  representa el número de infectados, tanto directos como indirectos, presentes al tiempo  $t = 1/c$ ,  $\int_0^{1/c} cI(t) dt$  es la contabilidad de aquellos individuos que siendo infectados se recuperaron desde el tiempo  $t = 0$  hasta  $t = 1/c$  y a la suma de estas dos cantidades se le resta uno, el cual representa al individuo infectado que originalmente se introdujo a la población. De esta manera  $I_T(1/c)$  es el número total de nuevas infecciones generadas hasta el tiempo  $t = 1/c$ . Es importante hacer notar que este número debe sobreestimar al parámetro  $R_0$ , si tomáramos a  $R_0$  como "el número esperado de infecciones secundarias producidas, en una población de susceptibles, por un individuo infeccioso típico durante su completo periodo de infecciosidad". Esto es porque  $I_T(1/c)$  contabiliza infecciones directas e indirectas, además acumula a los infectados que en ese periodo de tiempo pudieron haberse recuperado y elimina de su contabilidad al infectado inicial.

En esta parte del trabajo reiteradamente nos referiremos al valor de  $\beta$  que hace que  $R_0 = 1$ , es por eso que llamaremos a este valor  $\beta_1$ .

## 2.2. Ejemplos

### Ejemplo 2.0

Consideremos el siguiente modelo:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta SI + cI, \\ \dot{I} &= \beta SI - cI.\end{aligned}\tag{2.0}$$

Con  $\beta \geq 0$ ,  $c > 0$  y  $N = S + I$ .

Este es un modelo SIS (Susceptible-Infectado-Susceptible), los individuos susceptibles se infectan a través del contacto con individuos infectados y un tiempo después vuelven a ser susceptibles,  $\beta$  es la tasa de transmisión de la enfermedad y  $c$  es la tasa de recuperación de los infectados. Este sistema modela aquellas enfermedades que tienen las siguientes características: se adquieren por contacto directo con personas previamente infectadas y no confiere ningún tipo de inmunidad, es decir un infectado puede adquirirla nuevamente una

## 12CAPÍTULO 2. EL NÚMERO REPRODUCTIVO BÁSICO EN MODELOS CONTINUOS

vez que se ha recuperado. Observe que dado que el tamaño de la población es constante, el número de infectados no puede crecer indefinidamente, y de acuerdo con el teorema del umbral se tiene que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_{\infty} < N,$$

al valor  $I_{\infty}$  se le conoce como valor umbral de  $I(t)$ . Una consecuencia de la expresión anterior es que  $I(1/c) < N \quad \forall \beta$ , de donde tenemos que

$$\begin{aligned} I_T(1/c) &= I(1/c) - 1 + \int_0^{1/c} cI(t) dt < N - 1 + \int_0^{1/c} cN dt \\ &= N - 1 + cN \int_0^{1/c} dt = N - 1 + cN \left( \frac{1}{c} \right) = 2N - 1, \end{aligned}$$

es decir, una cota para  $I_T(1/c)$  es  $2N - 1$ . Esto será importante para interpretar las gráficas que presentaremos más adelante.

Retomando el modelo 2.0 tenemos que para este modelo  $R_0$  está dado por:

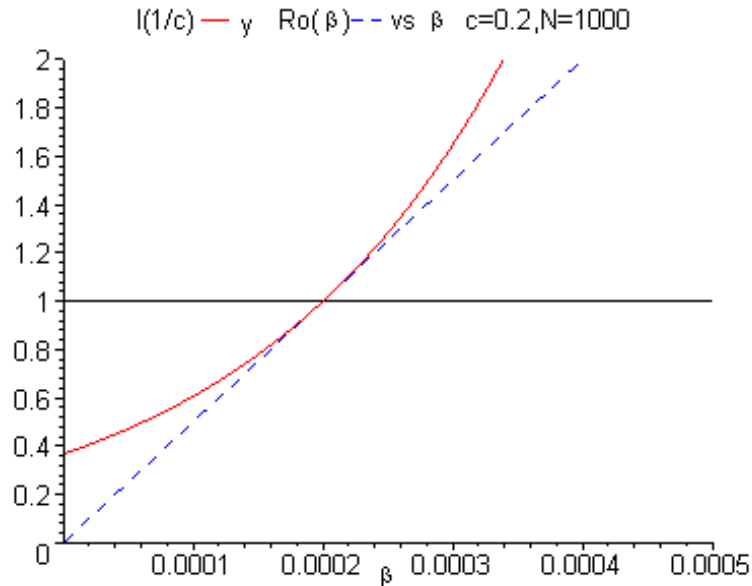
$$R_0 = \frac{\beta N}{c},$$

y  $\beta_1$  por:

$$\beta_1 = \frac{c}{N}.$$

Ahora, estimaremos  $I(1/c)$ , es decir, el número de infectados al tiempo  $1/c$  con la condición inicial de  $N - 1$  individuos susceptibles,  $S(0) = N - 1$  y un individuo infectado  $I(0) = 1$ . Esto describirá la introducción de un único individuo infectado en una población de susceptibles y cómo el número de infectados cambia con el tiempo. Observe que para cualquier valor  $\beta \geq 0$  se tiene que  $I(1/c) \leq I_{\infty}$ .

Tomando los valores  $c = 0,2$  y  $N = 1000$ , tenemos que  $\beta_1 = 0,0002$ . Ahora, si calculamos  $I(1/c)$  para diferentes valores de  $\beta$  y lo comparamos con los correspondientes valores de  $R_0$  obtenemos una gráfica como la siguiente:

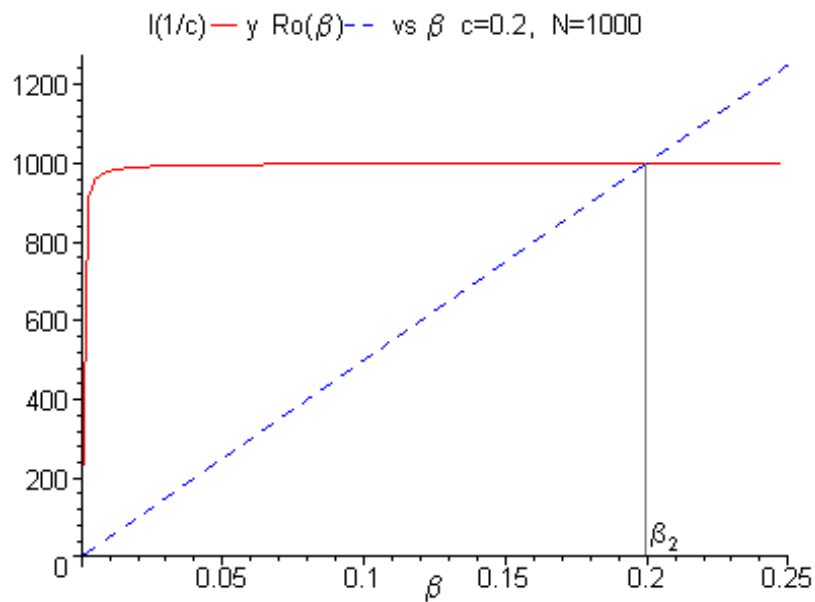


Gráfica 2.0.

En la gráfica 2.0 se muestran las gráficas de  $I(1/c)$ ,  $R_0(\beta)$  y  $R_0 = 1$ . En esta gráfica puede verse que las curvas de  $I(1/c)$  y  $R_0(\beta)$  coinciden en el valor  $\beta = \beta_1$  (después vuelven a intersectarse para  $I(1/c) \approx N$ ), para este modelo podríamos decir que  $R_0$  subestima el número de infecciones secundarias, excepto para valores cercanos a  $R_0 = 1$ . Obsérvese que conforme  $\beta$  crece, la diferencia entre ambas gráficas se va haciendo cada vez más grande hasta que el número de infectados alcanza su valor límite, a partir de ahí la diferencia se acorta y vuelven a intersectarse en un valor de beta que llamaremos  $\beta_2$ , el cual es el valor de  $\beta$  en el cual el valor de  $R_0$  intersecta el valor límite ( $I^\infty$ ) en el número de infectados, pasando a ser ahora  $R_0$  una sobreestimación de  $I(1/c)$ , como se muestra en la siguiente

14CAPÍTULO 2. EL NÚMERO REPRODUCTIVO BÁSICO EN MODELOS CONTINUOS

gráfica:

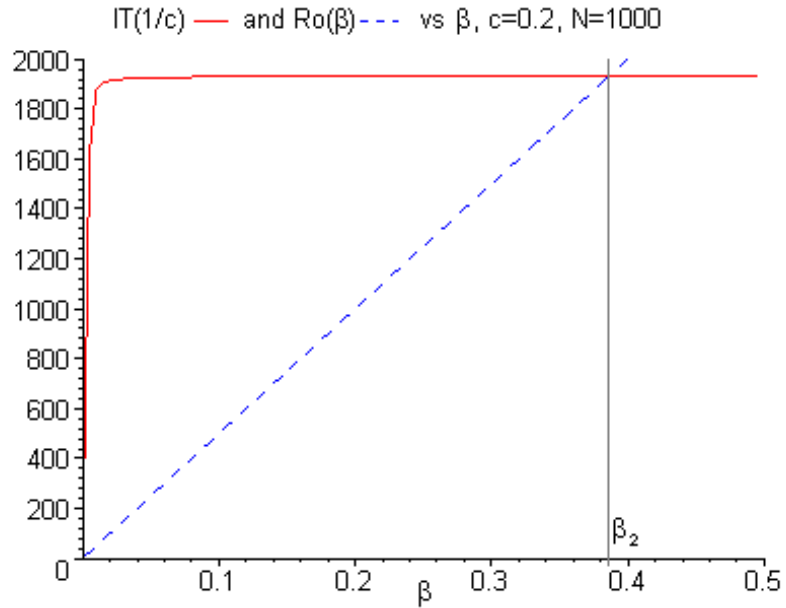


Gráfica 2.1.

Otra comparación que podemos hacer es entre  $R_0$  y el número total de infectados  $I_T(1/c) = I(1/c) - 1 + \int_0^{1/c} cI(t) dt$ . Tomando los mismos valores para los parámetros que

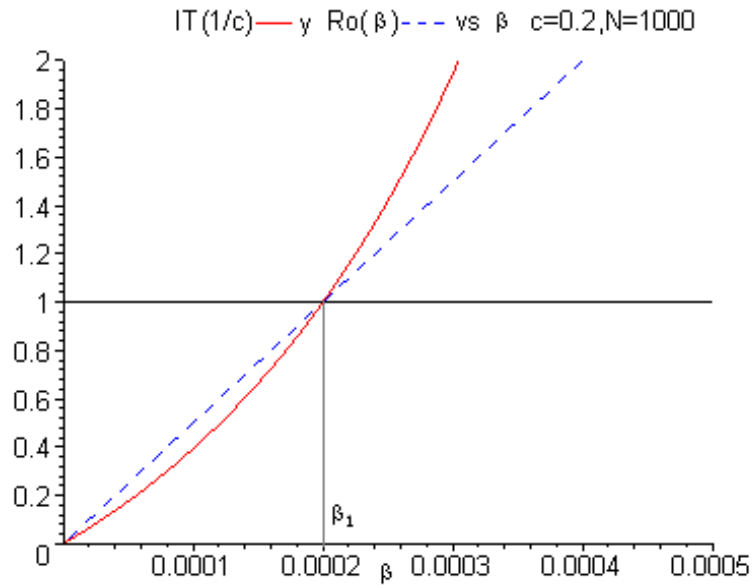


en la gráfica anterior, tenemos lo siguiente:



Gráfica 2.2,

haciendo un acercamiento cerca del origen, podemos observar lo siguiente:



Gráfica 2.3.

Tomando en cuenta que  $I_T(1/c)$  representa el número total de nuevas infecciones en el sistema desde la introducción del individuo infectado ( $t = 0$ ), hasta el tiempo promedio de recuperación del infectado ( $t = 1/c$ ), observamos que  $I_T(1/c)$  sobreestima el valor de  $R_0$  para valores de  $\beta_1 < \beta < \beta_2$ . Mientras que para  $\beta < \beta_1$  lo subestima. Además, el único punto de coincidencia entre las dos gráficas (excepcionalmente el punto de intersección dado en  $\beta = \beta_2$ ), es nuevamente el punto de bifurcación dado en  $R_0 = 1$ .

Para este modelo podemos concluir que el número total de nuevas infecciones para  $\beta_1 < \beta < \beta_2$  sobreestima el valor de  $R_0$  y lo subestima para  $\beta < \beta_1$  y  $\beta > \beta_2$ , y solamente es igual cuando  $\beta = \beta_1$  y  $\beta = \beta_2$ . De esta manera, es inadecuado pensar a  $R_0$  como el número de infecciones secundarias generadas por la introducción de un individuo infeccioso durante todo su periodo de infecciosidad.

### Ejemplo 2.1

Ahora, consideremos el siguiente modelo:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta SI + cI + \beta SI^2, \\ \dot{I} &= \beta SI - cI - \beta SI^2.\end{aligned}\tag{2.1}$$

Con  $\beta \geq 0$ ,  $c > 0$  y  $N = S + I$ .

El término cuadrático es posible que no se haya usado anteriormente para modelar el efecto de alguna enfermedad en particular, pero lo usaremos para mostrar nuevamente la discrepancia entre  $R_0$  y su descripción verbal. Aun cuando, este término cuadrático podría pensarse como un proceso extra de recuperación que se ve fuertemente influenciado por la cantidad de contactos exitosos entre susceptibles e infectados, como podría ser el caso de que los infecciosos tomen acciones para lograr una recuperación más rápida al darse cuenta que la infecciosidad es grande.

Para este modelo tenemos que:

$$R_0 = \frac{\beta N}{c},$$

el valor de bifurcación

$$\beta_1 = \frac{c}{N}.$$

Los puntos de equilibrio son:

$$(S^*, I^*) = (N, 0),$$

y

$$(S^*, I^*) = \left( N - I^*, \frac{\sqrt[2]{\beta}(N+1) \pm \sqrt[2]{4c + \beta(N-1)^2}}{2\beta} \right).$$

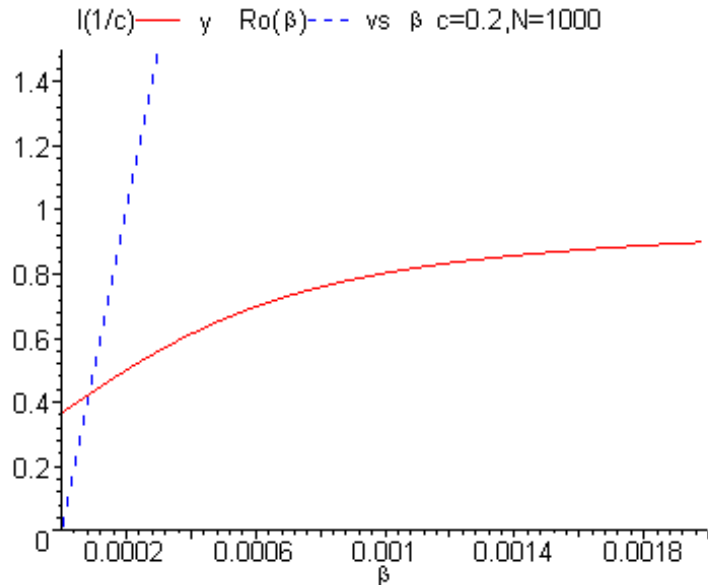
Podemos ver que si  $\beta = 0$ , entonces  $I^* < 1$  y dado que  $I^*(\beta)$  es creciente en una rama y decreciente en la otra y además:

$$\lim_{\beta \rightarrow \infty} \frac{\sqrt[2]{\beta} (N + 1) \pm \sqrt[2]{4c + \beta (N - 1)^2}}{2\beta} = 1,$$

entonces el número de infectados nunca es mayor que uno, sin embargo,  $R_0$  dice otra cosa.

Para ilustrar esto, estimemos  $I(1/c)$  con la condición inicial  $I(0) = 1$ , esto es el número de individuos infectados presentes al tiempo promedio de infecciosidad, cuando el sistema inicia con un único infectado.

Si comparamos  $I(1/c)$  para diferentes valores de  $\beta$  tomando valores para los parámetros  $c = 0,2$ ,  $N = 1000$ , en este caso  $\beta_1 = 0,0002$ , y lo comparamos con los respectivos valores de  $R_0$ , obtenemos la siguiente gráfica:



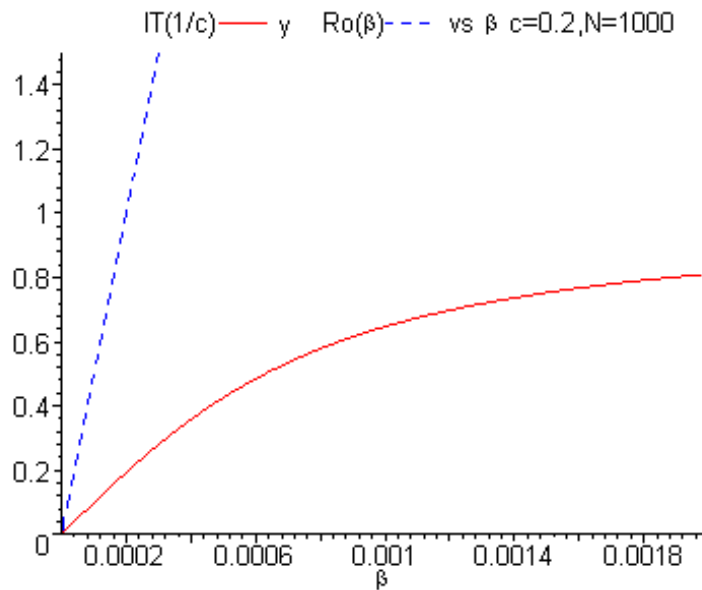
Gráfica 2.4.

Podemos ver que si incorporamos una tasa cuadrática extra de recuperación en el modelo, el número de infectados generados por un individuo infeccioso durante todo su periodo de infecciosidad, es menor que el número predicho por el valor de  $R_0$ . También podemos ver que existe un punto de coincidencia entre las dos gráficas pero, a diferencia del modelo presentado en (2.0), no se da para el valor de  $\beta = \beta_1$ .

Ahora, si hacemos la comparación entre  $I_T(1/c)$  y  $R_0$ , para los mismos valores de los

18CAPÍTULO 2. EL NÚMERO REPRODUCTIVO BÁSICO EN MODELOS CONTINUOS

parámetros, obtenemos la siguiente gráfica:



Gráfica 2.5.

Como podemos ver, el único punto de coincidencia entre las dos gráficas es en el origen.

Con este ejemplo mostramos que existen modelos para los cuales  $R_0$  sobreestima el número total de nuevos infectados generados por un único individuo infeccioso cuando se introduce en una población de susceptibles, durante todo su periodo de infecciosidad. Esto contrasta con el hecho de que  $I_T(1/c)$  es una sobreestimación del parámetro  $R_0$ .

**Ejemplo 2.2**

Ahora, consideremos el siguiente modelo, generalización del anterior. Por el momento no nos detendremos a analizar su interpretación biológica, lo que estudiaremos serán sus propiedades como sistema dinámico.

$$\begin{aligned} \dot{S} &= -\beta SI + cI + \beta^\gamma SI^\alpha, \\ \dot{I} &= \beta SI - cI - \beta^\gamma SI^\alpha. \end{aligned} \tag{2.2}$$

Con  $\beta \geq 0, c > 0, \gamma \geq 0, \alpha \geq 0$  y  $N = S + I$ .

Si calculamos  $R_0$  en la forma clásica, notamos que para cualquier  $\alpha > 1$  y para cualquier valor de  $\gamma$  tenemos que:

$$R_0 = \frac{\beta N}{c},$$

esto significa que  $R_0$  no detecta la presencia de  $\alpha$  o de  $\gamma$ . Ahora si tomamos  $\alpha = 2$  y  $\gamma = 2$ , los puntos de equilibrio de (2.2) son:

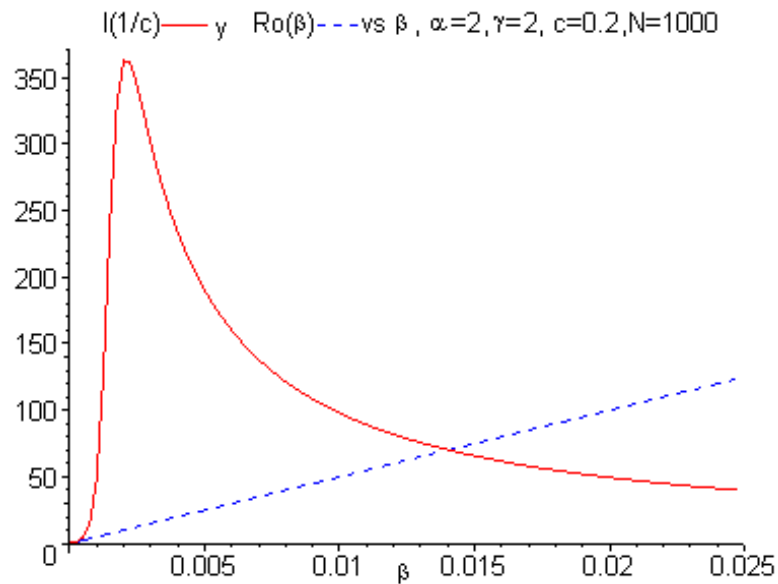
$$(S^*, I^*) = (N, 0), \quad (2.3)$$

y

$$(S^*, I^*) = \left( N - I^*, \frac{(N\beta + 1) \pm \sqrt{(N\beta - 1)^2 + 4c}}{2\beta} \right). \quad (2.4)$$

Observemos que además del equilibrio trivial (2.3) se tienen otros dos equilibrios dados por (2.4), uno de los cuales es estable y el otro inestable.

Tomando los valores para los parámetros  $c = 0,2$  y  $N = 1000$  y haciendo la comparación de  $I(1/c)$  con  $R_0$ , obtenemos la siguiente gráfica:

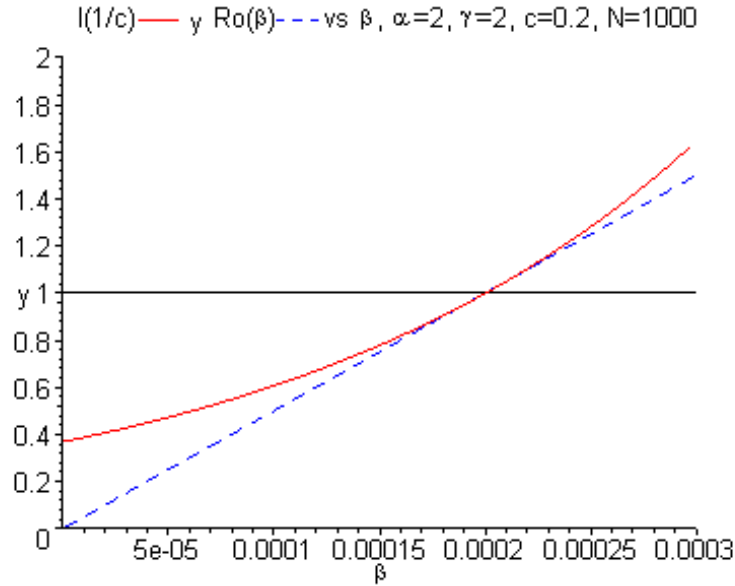


Gráfica 2.6.

En el cual se aprecian dos puntos de intersección entre la gráfica de  $I(1/c)$  y la gráfica de  $R_0$ . Haciendo un acercamiento a la intersección cercana al origen de ambas curvas, se

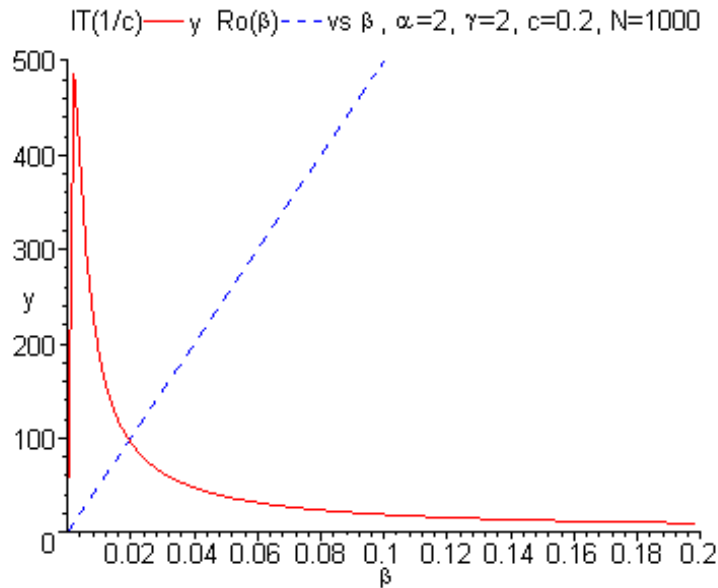
20CAPÍTULO 2. EL NÚMERO REPRODUCTIVO BÁSICO EN MODELOS CONTINUOS

observa lo siguiente:



Gráfica 2.7.

Nuevamente observamos que la gráfica de  $R_0$  es tangente a la curva de  $I(1/c)$  en el valor  $\beta = \beta_1$ . Ahora, comparando  $I_T(1/c)$  contra  $R_0$  para diferentes valores de  $\beta$  obtenemos la siguiente gráfica:

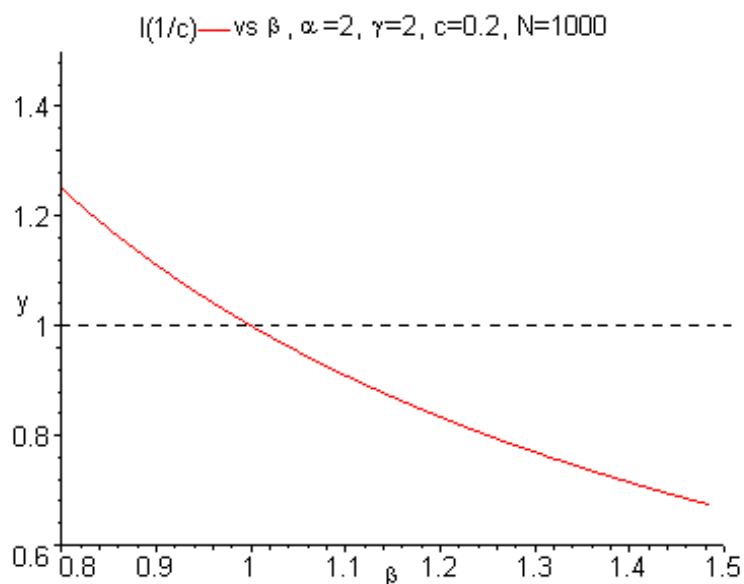


Gráfica 2.8.

Si calculamos el límite del equilibrio no trivial estable del sistema, cuando  $\beta \rightarrow \infty$ , tenemos que:

$$\lim_{\beta \rightarrow \infty} \frac{(N\beta + 1) - \sqrt{(N\beta - 1)^2 + 4c}}{2\beta} = 0.$$

Esto indica que eventualmente en  $\beta$  el número de infectados tenderá a cero y la gráfica se verá así:



Gráfica 2.9.

Es decir, tenemos un modelo para el cual el número de infecciones secundarias no se comporta en forma monótona con respecto al parámetro  $\beta$ , sin embargo la expresión de  $R_0$  si lo hace. Más aún, en este modelo al incrementarse el valor de  $\beta$  el número de infectados decrece hasta llegar a la desaparición de la enfermedad, esto en contraste con la expresión para el parámetro  $R_0$ .

### Ejemplo 2.3

Finalmente consideremos el siguiente modelo propuesto por Christopher M. Kribs-Zaleta y Jorge X. Velasco-Hernández [17]

$$\begin{aligned} \dot{S} &= \mu N - \frac{\beta SI}{N} - (\mu + \phi) S + cI + \theta V, \\ \dot{I} &= \frac{\beta(S + \sigma V)I}{N} - (\mu + c) I, \\ \dot{V} &= \phi S - \frac{\sigma \beta VI}{N} - (\mu + \theta) V. \end{aligned} \tag{2.5}$$

Para este modelo Christopher Kribs-Zaleta y Jorge M. Velasco-Hernández encontraron que hay valores de los parámetros que producen la conocida bifurcación hacia atrás. Este efecto se presenta en ciertos modelos y consiste en la aparición de un punto de equilibrio no trivial estable para valores de  $R_0 < 1$ , es decir, se da la coexistencia de más de un punto de equilibrio estable para  $R_0 < 1$ . Esto significa que el número de infecciones secundarias producidas por un infectado, en una población de susceptibles durante todo su periodo de infecciosidad, puede ser mayor que uno, aun cuando  $R_0$  no lo sea.

### 2.3. Conclusiones

Después de analizar las definiciones verbales que se dan para el número reproductivo básico, de la comparación con las expresiones que se obtienen al calcular dicho parámetro en algunos modelos, y de analizar algunos ejemplos en los cuales se compara  $R_0$  contra  $I(1/c)$  e  $I_T(1/c)$ , podemos concluir lo siguiente:

1. En algunos modelos continuos existe discrepancia entre las definiciones verbales y la expresión correspondiente que se obtiene para el número reproductivo básico.
2. La expresión que se obtiene para el parámetro  $R_0$  en algunos modelos continuos, sólo nos proporciona información del cambio de estabilidad del equilibrio trivial, pero no nos da información de la aparición de otros equilibrios (estables o inestables), antes o después de la pérdida de estabilidad del equilibrio trivial.
3. La expresión para el parámetro  $R_0$  en algunos modelos continuos no nos proporciona información sobre el número de infecciones secundarias (directas e indirectas), que se generan por la introducción al sistema de susceptibles de un individuo infectado.



# Capítulo 3

## Un Modelo SIS

En esta sección estudiaremos un modelo para un sistema SIS y aun cuando podemos pensar que un modelo SIS puede ser muy restrictivo, en los siguientes capítulos veremos que en realidad podemos modelar con él una gran variedad de situaciones que lo hacen muy atractivo desde el punto de vista de la modelación, además de ser un excelente sistema para hacer el estudio mediante autómatas celulares.

### 3.1. El Modelo

Consideremos una malla de  $N$  células distribuidas en un toroide, en el cual cada célula tiene el mismo número de vecinos ( $|V|$ ), más adelante se quita esta restricción. Para fines de este trabajo en cada una de las  $N$  células colocaremos a un único individuo. Un individuo es infeccioso durante todo el tiempo que se encuentre en la clase de infectados. Un individuo infectado (susceptible) al tiempo  $t$ , que cambie su estado a susceptible (infectado), se considerará en esa nueva clase al tiempo  $t + 1$ . Es decir, la actualización no es instantánea ya que se lleva a cabo a la siguiente unidad de tiempo. De esta manera si el sistema inicia al tiempo  $t = 0$  con la condición inicial  $I^0$  individuos infectados y  $S^0 = N - I^0$  individuos susceptibles, entonces en una unidad de tiempo cada individuo infectado tendrá  $|V|$  contactos con otros individuos, es decir, la probabilidad de contacto  $\eta$  es uno si el individuo está en la vecindad del infectado y cero en caso contrario. Si el individuo con el que tiene contacto es susceptible, será capaz de infectarlo con probabilidad  $\beta$ ,  $0 < \beta < 1$ , de esta manera la probabilidad de contacto exitoso será  $\beta$  si el susceptible está en la vecindad del infectado y cero en caso contrario. Así mismo, por cada unidad de tiempo cada individuo infectado se recuperará con probabilidad  $c$ .

### 3.1.1. Regla de transición

Al tiempo  $t$  se tienen  $S^t$  individuos susceptibles e  $I^t$  individuos infecciosos, además  $S^t + I^t = N$  para todo  $t$ , es decir, la población es constante en todo tiempo. Cada célula tiene contacto con las  $N - 1$  restantes, es decir, la vecindad de cada célula son el total de las células de la retícula, excepto ella misma. La probabilidad de infección de un susceptible que tiene contacto con un individuo infecciosos es  $\beta$  (con lo que la probabilidad de encuentro exitoso es simplemente  $\beta$ ). La probabilidad por unidad de tiempo de que un individuo infeccioso se recupere y pase a ser susceptible es  $c$ . Consideremos  $0 \leq \beta \leq 1$  y  $0 \leq c \leq 1$ .

De esta manera si  $c_{i,j}$  representa a la célula localizada en la columna  $i$  y el renglón  $j$ , diremos que  $c_{i,j}^t = 0$  si es susceptible al tiempo  $t$  y  $c_{i,j}^t = 1$  si es infectada al tiempo  $t$ , así tenemos que la regla de transición está dada por:

$$P(c_{i,j}^{t+1} = 1 \mid c_{i,j}^t = 0) = \left(1 - (1 - \beta)^{\lfloor I^t \rfloor}\right), \quad (3.0)$$

y

$$P(c_{i,j}^{t+1} = 0 \mid c_{i,j}^t = 1) = c. \quad (3.1)$$

Donde  $\lfloor I^t \rfloor$  representa el valor numérico de  $I$  al tiempo  $t$ . La condición inicial del sistema será el conjunto de estados que presente la retícula al tiempo  $t = 0$ , y hablaremos del estado del sistema una unidad de tiempo después cuando dejemos actuar la regla de transición desde la condición inicial  $t = 0$  hasta la siguiente unidad de tiempo  $t = 1$ .

Observe que aun cuando la regla de transición no es determinística, el punto de equilibrio trivial es un punto de equilibrio en el sentido estricto de los modelos determinísticos. Es por eso que nuestro estudio se dirige hacia el comportamiento del sistema con respecto al equilibrio trivial.

## 3.2. El modelo de Campo Medio

En esta sección estudiaremos el modelo de campo medio correspondiente al modelo SIS.

Cuando se estudian sistemas dinámicos estocásticos, el modelo de campo medio nos proporciona información de qué esperar de nuestro modelo estocástico, es decir, nos da, en promedio, el resultado que observaremos mediante el sistema estocástico. El modelo de campo medio se obtiene al reemplazar cada una de las variables estocásticas del modelo por el valor esperado de dichas variables y resolver el sistema como si se tratara de un sistema determinístico.

Pensemos en un sistema que consta de  $N$  individuos, y que al tiempo  $t = 0$  hay  $N - 1$  individuos susceptibles y un infectado. Si  $\beta$  es la probabilidad de que un individuo susceptible sea infectado al tener contacto con un individuo infeccioso, entonces la expresión  $1 - (1 - \beta)^I$  es la probabilidad de que un individuo susceptible resulte en infeccioso cuando ha tenido contacto con  $I$  individuos infecciosos.

A partir de las probabilidades (3.0) y (3.1) podemos observar que si al tiempo  $t$  hay en el sistema  $S^t$  susceptibles e  $I^t$  infectados, entonces al tiempo  $t + 1$  el número esperado de individuos susceptibles e infectados está dado por:

$$\begin{aligned} S^{t+1} &= (1 - \beta)^{I^t} [S^t + I^t c] \\ I^{t+1} &= \left(1 - (1 - \beta)^{I^t}\right) S^t + I^t (1 - c). \end{aligned} \quad (3.2)$$

El cual puede ser reescrito como:

$$\begin{aligned} S^{t+1} - S^t &= \left((1 - \beta)^{I^t} - 1\right) S^t + I^t c \\ I^{t+1} - I^t &= \left(1 - (1 - \beta)^{I^t}\right) S^t - I^t c \end{aligned} \quad (3.3)$$

El sistema (3.3) es un sistema de ecuaciones en diferencias para el número esperado de susceptibles e infectados. Al hacer el análisis de este sistema y teniendo en cuenta que  $S^t + I^t = N$  para todo tiempo  $t$ , es decir la población total es constante, tenemos un primer punto de equilibrio:

$$(S^*, I^*) = (N, 0), \quad (3.4)$$

el cual es único si  $\beta = 0$  o  $c = 0$  y además es globalmente estable.

Por otro lado, si  $\beta = 1$  y  $c = 0$ , el único punto de equilibrio es:

$$(S^*, I^*) = (0, N),$$

si  $\beta = 1$  y  $0 < c \leq 1$  no hay puntos de equilibrio en el conjunto de valores para  $S$  e  $I$ .

Sólo nos queda analizar si  $0 < \beta < 1$  y  $0 < c \leq 1$ , en este caso tenemos un segundo punto de equilibrio aparte del (3.4); este segundo punto de equilibrio está dado por:

$$(S^*, I^*) = \left( N - I^*, N = \frac{I^* (1 - \beta)^{I^*} - c - 1}{(1 - \beta)^{I^*} - 1} \right), \quad I^* \in (0, N], 0 < \beta < 1, 0 < c \leq 1. \quad (3.5)$$

Al punto de equilibrio (3.4) se le denomina punto de equilibrio trivial o libre de enfermedad ya que  $I(t) = 0$  para todo  $t$ , y al punto de equilibrio (3.5) se le conoce como punto de equilibrio endémico. Ahora, linealizando el sistema (3.3) en el punto de equilibrio trivial se obtiene la siguiente matriz jacobiana:

$$J = \begin{pmatrix} 0 & N(Ln(1-\beta)) + c \\ 0 & -N(Ln(1-\beta)) - c \end{pmatrix},$$

con valores propios  $\lambda_1 = 0$  y  $\lambda_2 = -N(Ln(1-\beta)) - c$ , de esta manera observamos que:

$$|\lambda_i| < 1, \quad i \in \{1, 2\},$$

sí y sólo si

$$\beta < 1 - e^{-\frac{c}{N}},$$

de donde  $R_0$  queda definido como:

$$R_0 = \frac{\beta}{1 - e^{-\frac{c}{N}}}. \quad (3.6)$$

### 3.2.1. Interpretación

Primero observemos que si  $c$  es la probabilidad por unidad de tiempo de que un individuo infeccioso se recupere, entonces el suceso “recuperación” es un proceso Poisson y podemos definir la variable aleatoria “hasta que ocurra el primer éxito”, donde éxito, en nuestro contexto, significa recuperación.

Sea  $\tau$  el tiempo que un individuo infeccioso permanece en ese estado, entonces  $\tau$  se distribuye geoméricamente con parámetro  $c$  y  $E[\tau] = \frac{1}{c}$ . Ahora, si observamos la expresión  $1 - e^{-\frac{c}{N}}$  podemos verla como la función de distribución de una variable aleatoria exponencial (la cual es la forma continua de la distribución geométrica), evaluada en  $t = \frac{1}{N}$  [ unidades de tiempo. Es decir,  $1 - e^{-\frac{c}{N}}$  es la probabilidad de que el individuo infeccioso no se haya recuperado hasta antes de  $\frac{1}{N}$  [ unidades de tiempo, y esto comparado con  $\beta$  que es la probabilidad de que algún susceptible se infecte en el mismo periodo de tiempo. De esta manera tenemos que  $R_0$  descrito como en la expresión (3.6) puede interpretarse como el equilibrio entre dos probabilidades, por un lado la probabilidad de que un susceptible se infecte en un intervalo de tiempo y por otro lado la probabilidad de que el infectado no se recupere en el mismo intervalo de tiempo. Además, observamos que si

$$\beta > 1 - e^{-\frac{c}{N}},$$

es decir, si  $R_0 > 1$ , entonces la probabilidad de que un susceptible se infecte es mayor que la probabilidad de que el infectado se recupere y esto significa que el sistema tenderá a un valor superior en el número de infectados, es decir, el número de individuos infectados crecerá. Por otro lado, si

$$\beta < 1 - e^{-\frac{c}{N}},$$

es decir, si  $R_0 < 1$ , tenemos que la probabilidad de que el infectado se recupere es mayor que la probabilidad de que un susceptible se infecte y en consecuencia el número de individuos infectados decrecerá. Esto concuerda con la descripción clásica de  $R_0$ .

Esta idea de equilibrio entre la probabilidad de infección y la probabilidades de no recuperación nos da una pista de cómo definir  $R_0$  para autómatas celulares.



## Capítulo 4

# Cálculo de $R_0$ poblacional para Autómatas Celulares

Como se ha visto anteriormente, para modelos continuos existen diferentes definiciones verbales del número reproductivo básico, algunas más precisas que otras, sin embargo, al analizar las expresiones que proponen para dicho parámetro en muchos casos no se tiene lo que se dijo en palabras. En este trabajo trataremos de dar una definición verbal del parámetro  $R_0$  para autómatas celulares, y daremos un método para calcularlo teniendo especial cuidado en que haya una correspondencia entre la definición verbal y la expresión propuesta. Esto lo haremos al considerar el equilibrio entre dos valores esperados: el número esperado de nuevos infectados y el número esperado de recuperados.

Observemos que al menos hay dos maneras diferentes de abordar el problema de calcular el equilibrio entre las esperanzas en el número de nuevos infectados y recuperados.

Una de las formas de abordar este problema es considerando al sistema en su primera unidad de tiempo, es decir observando el comportamiento del arranque del proceso infeccioso. Esto lo hacemos colocando a un individuo infeccioso en una población de susceptibles y dejando actuar la regla de transición del sistema durante una unidad de tiempo, en seguida se detalla dicha construcción.

Consideremos una retícula compuesta por  $N$  individuos, y la condición inicial  $S(0) = N - 1$  e  $I(0) = 1$ . Para evitar los efectos frontera, pensemos que están dispuestos en un arreglo toroidal (posteriormente quitaremos esta restricción y analizaremos el problema para retículas con frontera). Sea  $0 \leq \beta \leq 1$  la probabilidad de que un individuo susceptible sea infectado por cada contacto que tiene con un individuo infeccioso, y sea  $c$  la probabilidad por unidad de tiempo de que el individuo infeccioso se recupere. Si todos los individuos de la retícula tienen como vecinos a los  $N - 1$  restantes, entonces, para la primer unidad de tiempo después de colocar al infeccioso, tenemos que el evento “*contagio*

### 30CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE $R_0$ POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES

de un susceptible” se ha producido  $N - 1$  veces, entonces el número esperado de nuevos infectados es  $\beta(N - 1)$ , por otro lado, el evento “recuperación” se ha realizado una vez en esa unidad de tiempo, por lo que el número esperado de recuperados (los cuales pueden verse como nuevos susceptibles), es  $c$ . De esta manera si

$$\beta(N - 1) > c,$$

es decir, si el número esperado de infecciones por unidad de tiempo es mayor que el número esperado de recuperaciones por unidad de tiempo, entonces al tiempo  $t = 1$  habrá en promedio más infectados que al tiempo  $t = 0$ , es decir, el número promedio de infectados se incrementará y por lo tanto la solución del sistema para esa condición inicial se alejará del punto de equilibrio trivial.

De manera similar, si

$$\beta(N - 1) < c,$$

entonces, significa que al tiempo  $t = 1$  habrá en promedio menos infectados que al tiempo  $t = 0$  y la solución del sistema para esa condición inicial se aproximará al punto de equilibrio trivial.

De esta manera, podríamos definir  $R_0$  como el cociente del número esperado de nuevas infecciones en una unidad de tiempo entre el número esperado de recuperados en la misma unidad de tiempo, es decir:

$$R_0 = \frac{\beta(N - 1)}{c}. \quad (4.0)$$

Definiéndolo así tendríamos que: si  $R_0 > 1$ , entonces el número esperado de infectados crecerá y si  $R_0 < 1$ , el número esperado de infectados decrecerá, aproximándose al equilibrio trivial. Esto concuerda con la idea general de  $R_0$  para sistemas continuos. Además, observemos que  $R_0$  expresado como en (4.0) puede verse como el producto de tres factores: la probabilidad de transmisión de la infección por contacto  $\beta$ , el número de contactos por unidad de tiempo por individuo  $(N - 1)$  y la duración promedio del periodo de infectividad  $\frac{1}{c}$ . El valor del parámetro  $R_0$  visto como el producto de esos tres factores es propuesto en [13]. Es importante notar que como  $R_0$  ha sido calculado para la primera unidad de tiempo, puede pensarse como *la fuerza de arranque de la enfermedad*. Otra observación que podemos hacer es que si  $N$  es suficientemente grande entonces podemos considerar que  $N \approx N - 1$ , entonces si sustituimos  $N$  por  $N - 1$  en la expresión (3.6) y desarrollamos la función exponencial contenida en dicha expresión en su serie de Taylor, hasta su segundo término (hasta el término lineal), tenemos que:

$$\frac{\beta}{1 - e^{-\frac{c}{N}}} \approx \frac{\beta}{1 - \left(1 - \frac{c}{N-1}\right)} = \frac{\beta(N - 1)}{c},$$



es decir, (4.0) corresponde con el término lineal de la expresión (3.6), dicho en otras palabras, la expresión (4.0) es la mejor aproximación lineal de la expresión (3.6), pero si la expresión (4.0) es una aproximación lineal, ¿estaremos perdiendo información importante al linealizar? en los próximos capítulos trataremos de dar respuesta a esa pregunta.

Una segunda propuesta para definir el parámetro  $R_0$  es pensar en que por cada unidad de tiempo se realiza una vez el experimento “*recuperación*” con probabilidad  $c$  y  $(N - 1)$  veces el experimento “*infección*” con probabilidad  $\beta$ , de esta forma la probabilidad de que en una unidad de tiempo al menos un susceptible se infecte está dada por:

$$1 - (1 - \beta)^{N-1} \quad (4.1)$$

entonces, si  $0 < c < 1$ , la probabilidad de que al menos un susceptible se infecte en  $1/c$  unidades de tiempo está dada por:

$$1 - (1 - \beta)^{\frac{N-1}{c}}. \quad (4.2)$$

Similarmente, la probabilidad de que el infectado se recupere no antes de  $1/c$  unidades de tiempo está dada por:

$$1 - (1 - c)^{\frac{1}{c}}. \quad (4.3)$$

Así, tenemos que si:

$$1 - (1 - \beta)^{\frac{N-1}{c}} > 1 - (1 - c)^{\frac{1}{c}}, \quad (4.4)$$

es decir, si la probabilidad de que al menos un susceptible se infecte en el intervalo de tiempo  $[0, 1/c]$ , es mayor a la probabilidad de que el infectado se recupere después de ese intervalo de tiempo, la solución del sistema se alejará de la solución trivial, mientras que si:

$$(1 - (1 - \beta)^{\frac{N-1}{c}}) < 1 - (1 - c)^{\frac{1}{c}}, \quad (4.5)$$

es decir, si la probabilidad de que un susceptible se infecte en el intervalo de tiempo  $[0, 1/c]$ , es menor que la probabilidad de que el infectado se recupere después de  $1/c$  unidades de tiempo, la solución tenderá al equilibrio trivial. Entonces, para este sistema podemos definir  $R_0$  como:

$$R_0 = \frac{1 - (1 - \beta)^{\frac{N-1}{c}}}{1 - (1 - c)^{\frac{1}{c}}}. \quad (4.6)$$

## 32CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE $R_0$ POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES

De esta forma tenemos que si  $R_0 > 1$ , la probabilidad de infección es mayor que la probabilidad de recuperación en  $1/c$  unidades de tiempo, mientras que si  $R_0 < 1$ , la probabilidad de infección es menor que la probabilidad de recuperación en  $1/c$  unidades de tiempo y la solución del sistema con la condición inicial dada tenderá al equilibrio trivial.

Observación 1:

Observemos que al hacer  $R_0 = 1$  en la expresión (4.0) tenemos:

$$\frac{\beta(N-1)}{c} = 1,$$

la cual puede escribirse como:

$$\beta(N-1) + (1-c) = 1. \quad (4.7)$$

La interpretación de esta última expresión en términos de esperanza es como sigue:  $\beta(N-1)$  es el número esperado de nuevos infectados en una unidad de tiempo y  $(1-c)$  es el número esperado de infectados que no se han recuperado después de una unidad de tiempo. De esta manera la expresión (4.7) indica que si se inicia con un infectado y el número esperado de nuevos infectados más el número esperado de infectados no recuperados, para la primer unidad de tiempo suman uno, el sistema estrá en equilibrio. Pero si

$$\beta(N-1) + (1-c) > 1,$$

es decir, si se inicia con un infectado y el número de infectados totales (nuevos infectados más infectados no recuperados), para la primera unidad de tiempo es mayor que uno, la solución del sistema para la condición inicial dada se alejará del equilibrio trivial.

De esta forma, podríamos definir  $R_0$  como el equilibrio entre el número esperado de nuevos infectados y el número esperado de recuperados por unidad de tiempo, en cuyo caso usaríamos la expresión (4.0); o como el equilibrio entre las probabilidades de infección y recuperación después de  $1/c$  unidades de tiempo, en cuyo caso usaríamos la expresión (4.6). Para esta parte del trabajo tomaremos la siguiente:

**Definición 3** Sea  $A(C, V, F)$  un sistema de autómatas celulares con la condición inicial  $S(0) = N-1$ ,  $I(0) = 1$ . Definimos  $R_0$  poblacional como el cociente entre el número esperado de nuevas infecciones entre el número esperado de recuperados al tiempo  $t = 1$  cuando se inicia con un infectado promedio, es decir, que el infectado inicial puede ubicarse en cualquiera de las  $N$  células de la retícula. De tal forma que si  $R_0 > 1$  el sistema con la condición inicial dada se alejará del equilibrio trivial y si  $R_0 < 1$  el sistema tenderá al equilibrio trivial.

Con esta definición de  $R_0$  tratamos de tener una correspondencia entre la definición verbal y la expresión que se propone.

Observemos que con la definición anterior,  $R_0$  es una cantidad que nos indica la razón esperada de cambio entre los nuevos infectados y los recuperados para la primera unidad de tiempo.

A lo largo de este trabajo, hablaremos frecuentemente de la fuerza de arranque del sistema o de la enfermedad, refiriéndonos con esto a la comparación entre el parámetro  $R_0$  en cuestión con respecto al valor uno cuando se estudia el sistema durante la primera unidad de tiempo.

Otra característica importante del parámetro  $R_0$  definido de ésta manera es que al tomarse los valores esperados de infectados y recuperados para la primera unidad de tiempo sólo se contabilizan las infecciones directas, es decir, aquellas generadas únicamente por el infectado inicial.

Hemos hablado de acercarse o alejarse del equilibrio trivial, sin embargo no hemos definido de manera explícita qué significa acercarse o alejarse. Con la finalidad de clarificar el significado de acercarse o alejarse del equilibrio trivial establecemos la siguiente:

**Definición 4** *Sea  $A(C, V, F)$  un sistema de autómatas celulares con la condición inicial  $I(0) = 1^0$  y  $S(0) = N - I^0$ . Decimos que la solución del sistema con la condición inicial dada al tiempo  $t$ , se acerca (o tiende) al equilibrio trivial, cuando al dejar actuar la regla de transición, con la condición inicial dada, durante  $t$  unidades de tiempo, la probabilidad de que  $I(0) > I(t)$  es mayor que la probabilidad de que  $I(0) < I(t)$ . En caso contrario diremos que la solución del sistema con la condición inicial dada se aleja del equilibrio trivial.*

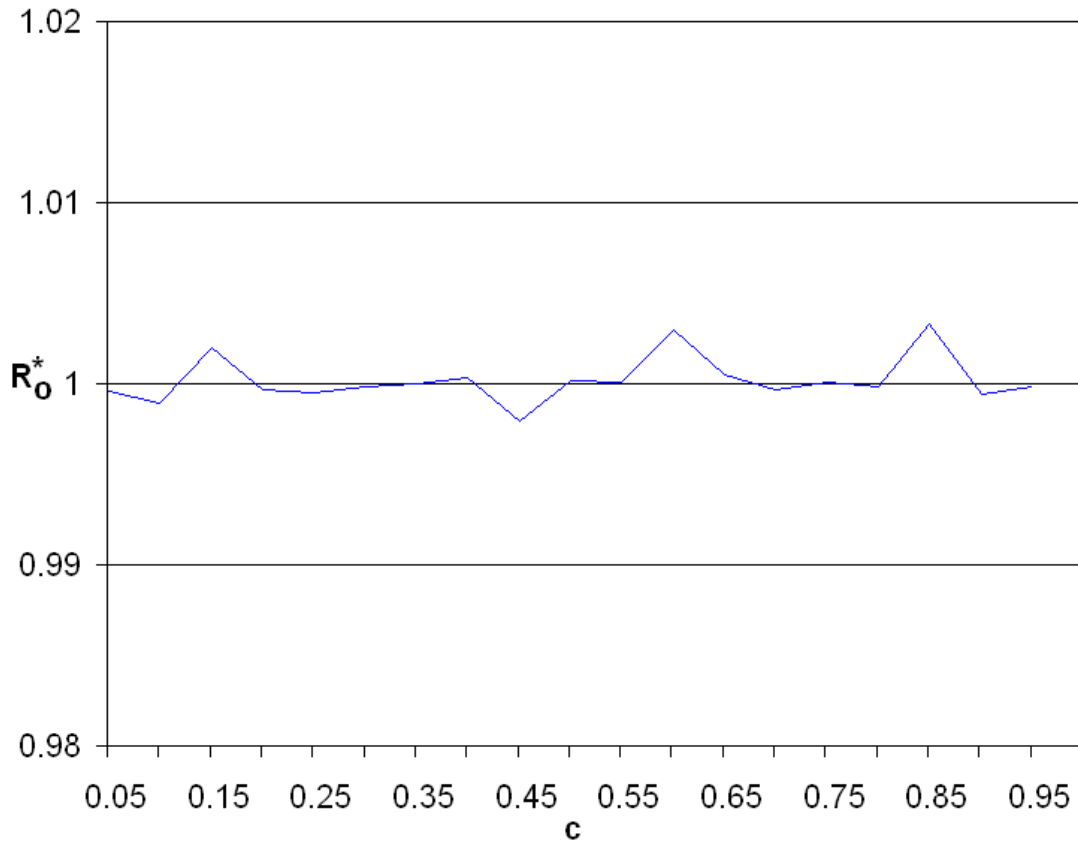
En el siguiente ejemplo obtenemos experimentalmente el valor de  $R_0$  y lo comparamos con el valor teórico obtenido a partir de la expresión (4.0).

#### **Ejemplo 4.1**

Consideremos una retícula rectangular de 50x50 sin frontera, es decir, cerramos sus bordes para conformar un toroide, la probabilidad de infección de un individuo susceptible dado un contacto con un individuo infectado es  $\beta$  y la probabilidad de recuperación de un individuo infectado por unidad de tiempo es  $c$ . Colocamos un individuo infectado en una célula de la retícula elegida de forma aleatoria y un individuo susceptible en cada una de las 2499 células restantes. Dejamos que el individuo infectado interactúe con todos los individuos susceptibles durante una unidad de tiempo. Una vez que el infectado ha tenido contacto con todos los susceptibles contabilizamos el número de individuos infectados (sin contar al infectado inicial), para esa unidad de tiempo. Repetimos el experimento 25,000 veces para que el individuo infectado tenga probabilidad de ocupar cada una de las células

### 34CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE $R_0$ POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES

10 veces en promedio. Calculamos el número promedio de infectados y lo comparamos con la probabilidad de que el individuo infectado se recupere  $c$ . Con esto podemos saber si el sistema se acerca al equilibrio trivial para ese valor de  $\beta$  (cuando el número promedio de individuos infectados es menor que  $c$ ); o si el sistema se aleja del equilibrio trivial (cuando el número promedio de individuos infectados es mayor que  $c$ ). Repetimos el experimento para diferentes valores de  $\beta \in (0, 1)$ . De esta manera encontramos el valor de  $\beta_1$  teórico, el cual es calculado como el promedio entre el máximo valor de  $\beta$  tal que la solución del sistema se acerca al equilibrio trivial y el mínimo valor de  $\beta$  tal que la solución del sistema se aleja del equilibrio trivial, al cual llamaremos  $\beta$  experimental de bifurcación y denotaremos como  $\beta_1^*$ . Al sustituir el valor de  $\beta_1^*$  en la expresión (4.0) obtenemos un valor de  $R_0$  al cual llamaremos  $R_0$  experimental y lo denotaremos como  $R_0^*$ . Si repetimos este experimento para diferentes valores de  $c = 0,05, 0,1, \dots, 0,95$ , y graficamos  $R_0^*$  como función de  $c$ , obtenemos la siguiente gráfica:



Gráfica 4.0.

En esta gráfica podemos observar que aun cuando se realizaron pocas repeticiones del experimento para cada valor del parámetro  $c$ , el valor de  $R_0^*$  está muy próximo a uno, en el momento que el equilibrio trivial pierde su estabilidad. Esto nos indica que es factible calcular  $R_0^*$  con poco gasto de recursos computacionales y con una alta confiabilidad.

## 4.1. Efecto de las vecindades sobre el parámetro $R_0$

En esta sección analizaremos el efecto que se produce sobre el parámetro  $R_0$  cuando la vecindad de las células ya no es el total de células de la retícula, es decir, cuando se limita la vecindad de las células.

Hasta este momento hemos considerado un modelo de autómatas celulares en los cuales cada célula tiene interacción con todas las células restantes, sin embargo, en el mundo real, no es del todo cierto que todos los individuos interactúan con todos los demás individuos. Cuando hablamos de una población, los individuos que la conforman muestran mayores probabilidades de interactuar con ciertos individuos, ya sea por cercanía espacial o por alguna otra razón, en algunos casos la interacción se ve limitada a un cierto grupo que en promedio tiene un tamaño determinado. Un primer intento para estudiar el efecto de las vecindades sobre el parámetro  $R_0$  es considerar que cada célula tiene contacto en promedio con  $|V|$  células. En la siguiente sección nos enfocaremos en estudiar cómo se ve afectado el parámetro  $R_0$  cuando los individuos sólo interactúan con un número determinado de vecinos.

### 4.1.1. Vecindades de igual tamaño

En esta parte del trabajo consideraremos como vecindad de la célula  $c_{i,j}$ , la cual denotaremos como  $V_{i,j}$ , a cualquier subconjunto de células  $c_{k,l}$  ( $k,l \neq (i,j)$ ) de la retícula con las cuales interactúa la célula  $c_{i,j}$ . No nos enfocaremos en algún tipo de vecindad en particular, es decir, no importa si es una vecindad por cercanía geográfica o aleatoria, sólo importará el número de individuos que la conforman y pediremos que las vecindades tengan la propiedad reflexiva.

Uno de los problemas que primero atacaremos es el efecto de vecindades de igual tamaño sobre el parámetro  $R_0$ . Esta primera generalización hecha a nuestro sistema SIS tiene como finalidad empezar el estudio del efecto de las vecindades. Es cierto que en una población real suponer que todos los individuos tienen contacto con el mismo número de vecinos es casi tan restrictivo como suponer que todos tienen contacto con todos. Sin embargo, esta primer generalización nos dará una idea de cómo atacar el problema cuando la población presenta heterogeneidades de algún tipo.

Denotaremos por  $|V_{ij}|$  a la cardinalidad del conjunto  $V_{i,j}$ , donde  $V_{i,j}$  es la vecindad de la célula  $(i, j)$ . Si todas las células tienen vecindades con la misma cardinalidad, prescindiremos de los subíndices y denotaremos con  $|V|$  al número de células que conforman la vecindad.

Observe que para vecindades  $n$ -Extendidas de Moore tenemos que  $|V| = (2n + 1)^2 - 1$ . Por ejemplo, para una vecindad 3 - Extendida de Moore  $|V| = (2 * 3 + 1)^2 - 1 = 48$  vecinos.

**Teorema 5** *Sea  $A(C, V, F)$  un sistema definido en una retícula sin frontera compuesta por  $N$  células, cada una con vecindad de cardinalidad  $|V|$ . Sea  $\beta$  la probabilidad de que dado un encuentro de un susceptible con un infectado, el susceptible se infecte, y sea  $c > 0$  la probabilidad de que un infectado se recupere por unidad de tiempo, entonces, el parámetro  $R_0$  del sistema está dado por:*

$$R_0 = \frac{\beta |V|}{c}. \quad (4.8)$$

**Demostración.** *Para la demostración observemos que el individuo infectado sólo interactúa con  $|V|$  vecinos, entonces para la primera unidad de tiempo el número esperado de nuevos infectados es  $\beta |V|$ , y el número esperado de recuperados para la primera unidad de tiempo es  $c$ , de esta forma el número esperado de infectados para la primera unidad de tiempo está dado por:*

$$\beta |V| + (1 - c), \quad (4.9)$$

*y el parámetro  $R_0$  del sistema está dado por:*

$$R_0 = \frac{\beta |V|}{c}.$$

*Si  $R_0 > 1$ , es decir, si  $\beta |V| > c$ , la solución del sistema con la condición inicial dada se alejará del equilibrio trivial. Por otro lado, si  $R_0 < 1$ , es decir si  $\beta |V| < c$ , la solución del sistema con la condición inicial dada se acercará al equilibrio trivial. ■*

Este teorema nos permite conocer mediante la expresión (4.9), el número esperado de infectados para la primera unidad de tiempo, con la condición inicial  $S(0) = N - 1$  e  $I(0) = 1$ . Obsérvese que a partir de la expresión (4.9) podemos conocer las condiciones necesarias para que en la primera unidad de tiempo el número esperado de infectados sea mayor o menor que uno.

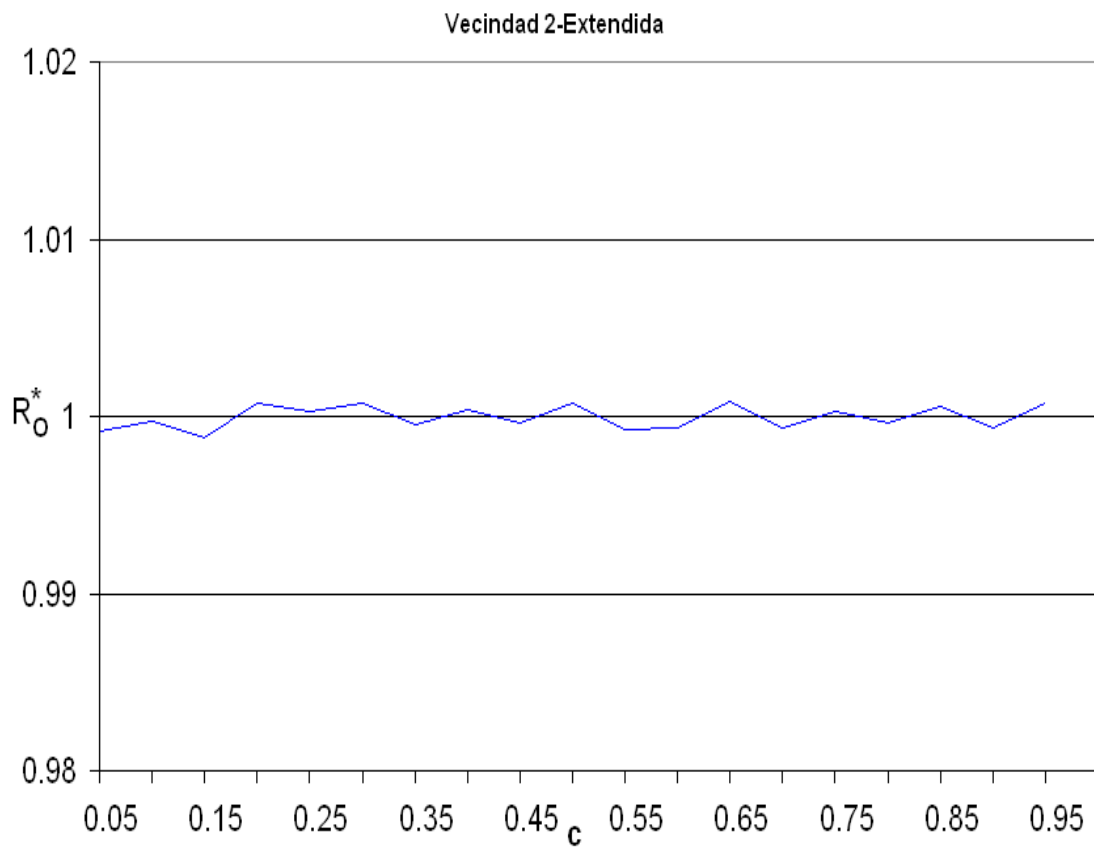
Veamos el siguiente ejemplo para el cual nuevamente obtenemos el valor de  $R_0^*$  (valor experimental de  $R_0$ ), ahora para un sistema en el cual la vecindad de cada célula no es el resto de las células de la retícula.

**Ejemplo 4.2**

Consideramos una retícula sin frontera de  $1000 \times 1000$ , fijamos un tamaño de vecindad  $|V|$ , la probabilidad de infección de un individuo susceptible dado el contacto con un individuo infectado es  $\beta$  y la probabilidad de recuperación de un individuo infectado por unidad de tiempo es  $c$ . Colocamos un individuo infectado en una célula de la retícula elegida en forma aleatoria y un individuo susceptible en cada una de las 999,999 células restantes. Dejamos que el individuo infectado interactúe con cada uno de los individuos susceptibles de su vecindad y por cada contacto establecemos que con una probabilidad  $\beta$  el individuo susceptible se infecte. Una vez que el infectado ha tenido contacto con todos los susceptibles, determinamos que con probabilidad  $c$  el infectado se recupere. Repetimos el experimento 10,000,000 de veces para que el individuo infectado tenga probabilidad de ocupar cada una de las células en promedio 10 veces. Contabilizamos el número de veces en que el número de infectados fue mayor que uno y con eso podemos saber si el sistema se acerca al equilibrio trivial para ese valor de  $\beta$ . Repetimos el experimento para diferentes valores de  $\beta \in (0, 1)$  y determinamos el valor de  $\beta_1^*$  como en el ejemplo anterior. Calculamos el valor de  $R_0^*$  y repetimos el experimento para diferentes valores de  $c = 0,05, 0,1, 0,15, \dots, 0,95$ , y para para diferente tamaño de vecindad. En el eje horizontal se grafica la probabilidad de recuperación  $c$ , y en el eje vertical los correspondientes valores

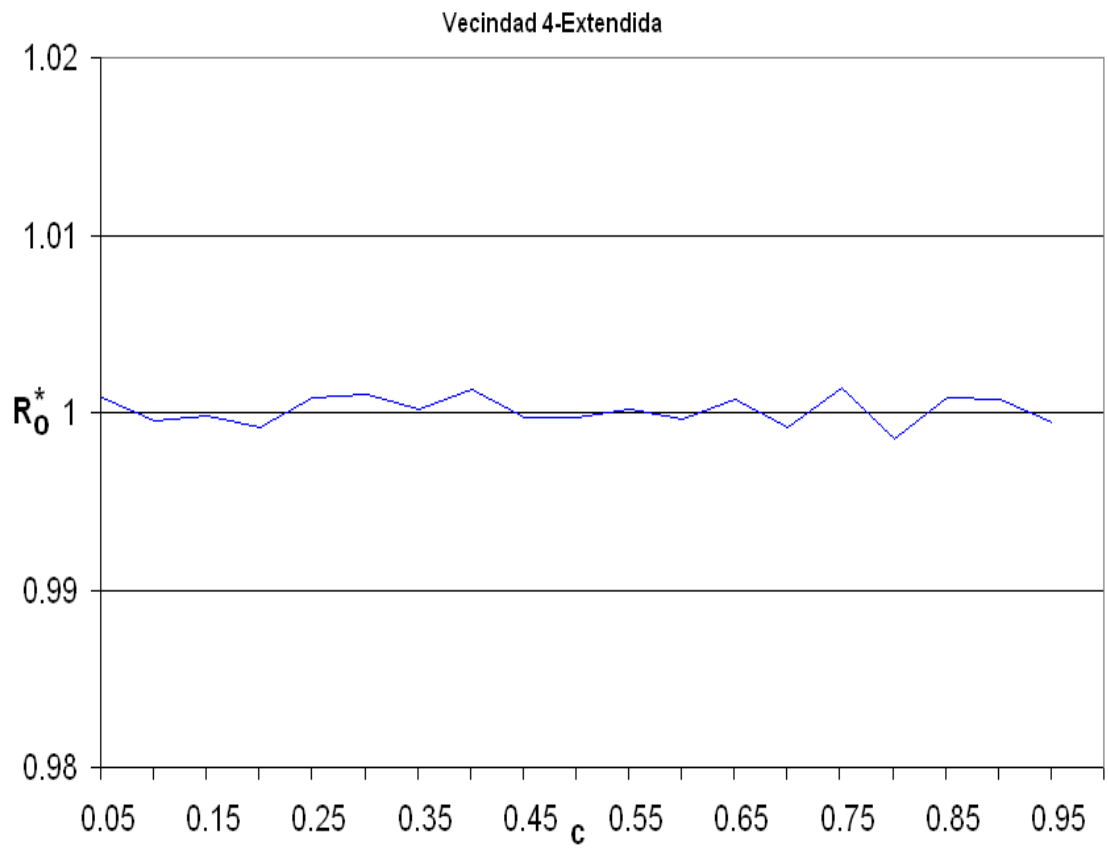
38CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE  $R_0$  POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES

de  $R_0^*$ , una gráfica para diferentes valores de vecindad.



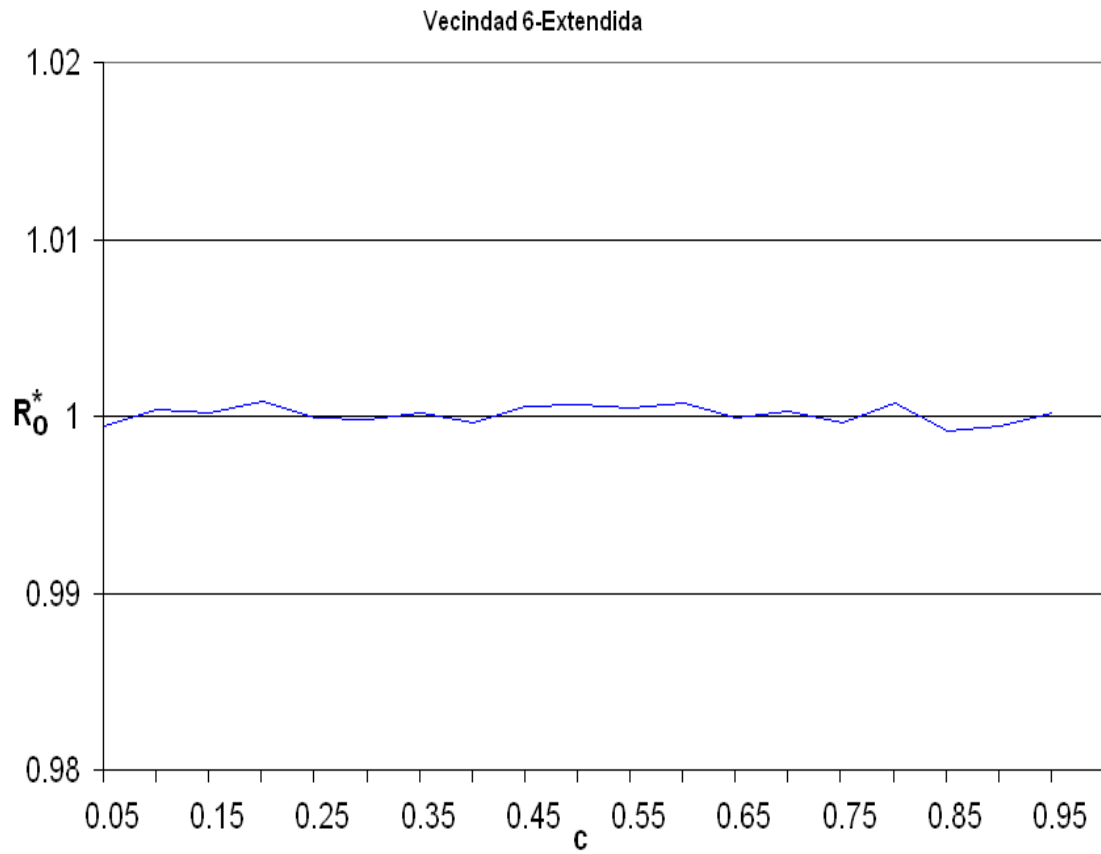
Gráfica 4.1



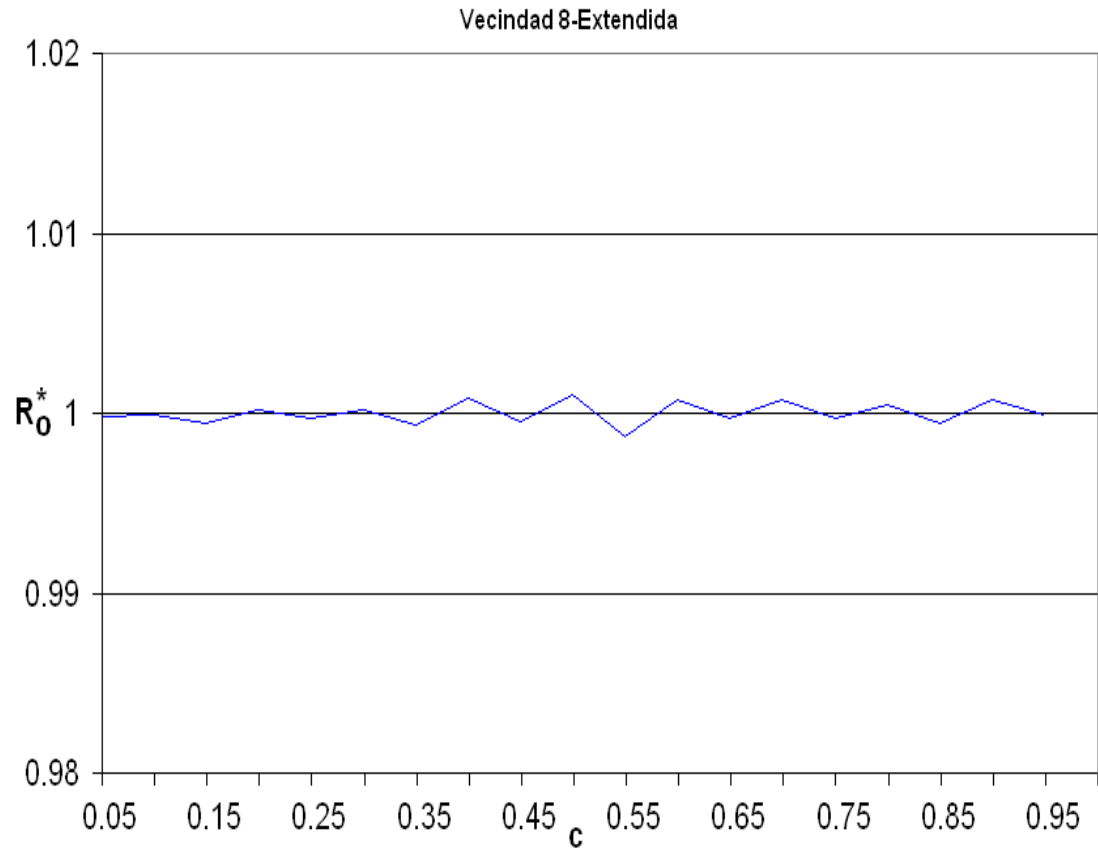


Gráfica 4.2

40CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE  $R_0$  POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES



Gráfica 4.3



Gráfica 4.4.

Como se puede observar en las gráficas anteriores, el valor de  $R_0^*$  es muy próximo a uno para los diferentes valores del parámetro  $c$  y para las diferentes vecindades, además en comparación con la gráfica 4.0 se observa una menor dispersión alrededor del uno debido a que se incrementó el número de repeticiones del experimento. Con esto podemos comprobar que es factible estimar el valor de  $R_0$  experimentalmente, para sistemas en los cuales la vecindad de las células es un subconjunto de la retícula, con poco gasto de recursos computacionales y de manera muy certera.

Hasta ahora tenemos una expresión que nos permite conocer el valor del parámetro  $R_0$  cuando la retícula es homogénea, es decir cuando todos los individuos de la retícula son iguales en cuanto a sus parámetros. El siguiente paso es conocer de qué manera se ve afectado el parámetro  $R_0$  cuando la retícula ya no es homogénea, el primer caso que estudiaremos es cuando no todas las células tienen el mismo número de contactos.

### 4.1.2. Vecindades de tamaños diferentes

Es un hecho que en un grupo de individuos se pueden presentar diferencias en el número de contactos que tienen. Algunos pueden tener más contactos que otros. Por ejemplo, si hablamos de un grupo humano, estas diferencias pueden darse por cuestiones de comportamiento (personas más sociables que otras), por diferencia de edades (podría ser que individuos en cierto rango de edades tengan más contactos por cuestiones escolares o laborales), por diferencias sociales (por ejemplo, individuos que usa el transporte público en el cual interactúan un gran número de individuos contra individuos que se trasladan en auto), etc. Esto nos lleva a preguntarnos ¿cómo se ve afectado el parámetro  $R_0$  cuando se tiene una población cuyos individuos presentan diferencias en el número de contactos? a continuación trataremos de dar respuesta a esta pregunta.

**Teorema 6** *Sea  $A(C, V, F)$  un sistema definido en una retícula sin frontera compuesta por  $N$  células. Sea  $\beta$  la probabilidad de que dado el encuentro de un susceptible con un infectado, el susceptible se infecte, y sea  $c > 0$  la probabilidad por unidad de tiempo de que un infectado se recupere. Si la retícula está conformada por  $S$  clases diferentes de células, cada clase tiene un número determinado de vecinos y cada clase está compuesta por  $m_i$  células, de tal forma que*

$$\sum_{i=1}^S m_i = N,$$

si  $|V_i|$  representa el número de vecinos de la clase  $i$ , entonces el parámetro  $R_0$  del sistema está dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{c} \left( \frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N} \right). \quad (4.10)$$

**Demostración.** *La prueba de este teorema se tiene a partir de observar que si  $\frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N}$  es el número promedio de vecinos de las células, es decir, un individuo infectado tiene contacto en promedio con  $\frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N}$  susceptibles, entonces:*

$$\beta \left( \frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N} \right),$$

es el número esperado de nuevos infectados, y  $c$  es el número esperado de recuperados para la primera unidad de tiempo, por lo que el número esperado de infectados en la primera unidad de tiempo está dado por:

$$\beta \left( \frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N} \right) + (1 - c).$$

De esta forma tenemos que  $R_0$  está dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{c} \left( \frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N} \right).$$

Teniendo que si  $R_0 > 1$ , es decir si:

$$\beta \left( \frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N} \right) > c,$$

la solución del sistema con la condición inicial dada se alejará del equilibrio trivial. Por otro lado, si:

$$\beta \left( \frac{\sum_{i=1}^S |V_i| m_i}{N} \right) < c,$$

la solución del sistema con la condición inicial dada tenderá al equilibrio trivial. ■

**Corolario 7** Sea  $A(C, V, F)$  un sistema definido en una retícula sin frontera compuesta por  $N$  células. Sea  $|V|$  el tamaño de la vecindad de las  $N$  células, y sea  $c > 0$  la probabilidad por unidad de tiempo de que un infectado se recupere. Si la retícula está conformada por  $S$  clases diferentes de células donde cada clase tiene una probabilidad diferente de infectar a un individuo susceptible dado su encuentro y cada clase esta compuesta por  $m_i$  células, de tal forma que

$$\sum_{i=1}^S m_i = N,$$

si  $\beta^i$  representa la probabilidad de la clase  $i$  de infectar a un susceptible dado su encuentro, entonces el parámetro  $R_0$  del sistema está dado por:

$$R_0 = \frac{|V|}{c} \left( \frac{\sum_{i=1}^S \beta^i m_i}{N} \right).$$

**Demostración.** Para probar esto observemos que si definimos  $\beta = \max\{\beta^i \mid i = 1, 2, \dots, S\}$ , entonces cada  $\beta^i$  puede escribirse como

$$\beta^i = \beta a_i \text{ con } 0 < a_i \leq 1$$

y el producto  $|V| \beta^i m_i$  puede escribirse como

$$|V| \beta^i m_i = |V| \beta a_i m_i,$$

definiendo

$$|V_i| = |V| a_i \quad \forall i = 1, 2, \dots, S,$$

y aplicando el teorema anterior tenemos el resultado. ■

En el siguiente ejemplo se trata de ilustrar un caso de una retícula en donde se tienen grupos de células con diferentes vecindades como una aplicación del teorema anterior. Además, se hace la comparación entre el valor del parámetro  $R_0$  obtenido mediante la expresión 4.0 y el valor obtenido numericamente.

### Ejemplo 4.3

En el siguiente ejemplo se tiene una retícula toroidal de 200x100 células, la población se ha dividido en dos clases: La clase uno, en color negro en la figura 4.0, consta de individuos con vecindad 1-Extendida de Moore ( $|V| = 8$ ), y la clase dos, en color blanco, consta de individuos con vecindad 3-Extendida de Moore ( $|V| = 48$ ). Como se comentó en el capítulo 1, la transición entre una clase y la otra no es abrupta, lo cual produce clases intermedias con  $8 < |V| < 48$ . En la figura 4.1 se muestra un mapa de la retícula donde la altura representa el número de vecinos para cada célula. Las clases que se forman de esta manera y el número de vecinos de cada una de ellas se muestra en la tabla 4.0. Colocamos aleatoriamente un individuo infectado en la retícula y susceptibles en las restantes células y dejamos actuar la regla de transición una unidad de tiempo, iniciamos con un valor de  $c = 0,05$  y determinamos el valor de  $R_0^*$  como en los ejemplos anteriores. Repetimos el experimento 200,000 veces para que el infectado tenga oportunidad de ocupar en

promedio 10 veces cada célula de la retícula. Esto lo repetimos para diferentes valores de  $c \in [0,05, 0,95]$ . En la gráfica 4.5 se muestra el valor de  $R_0^*$  para los distintos valores de  $c$ .

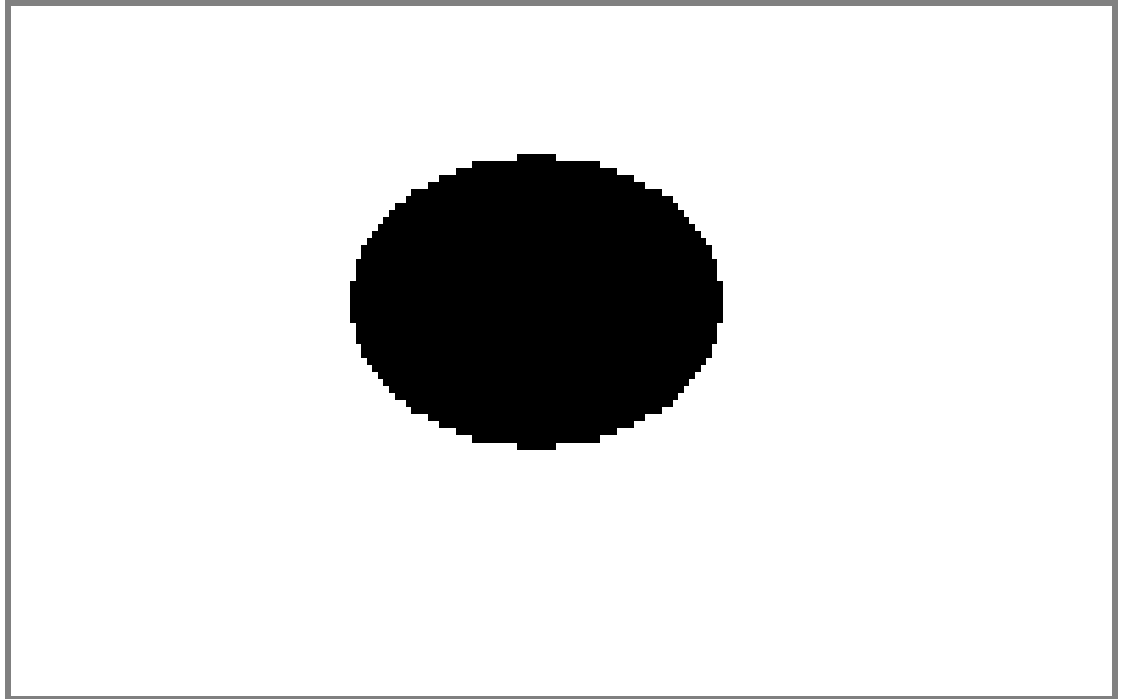


Figura 4.0

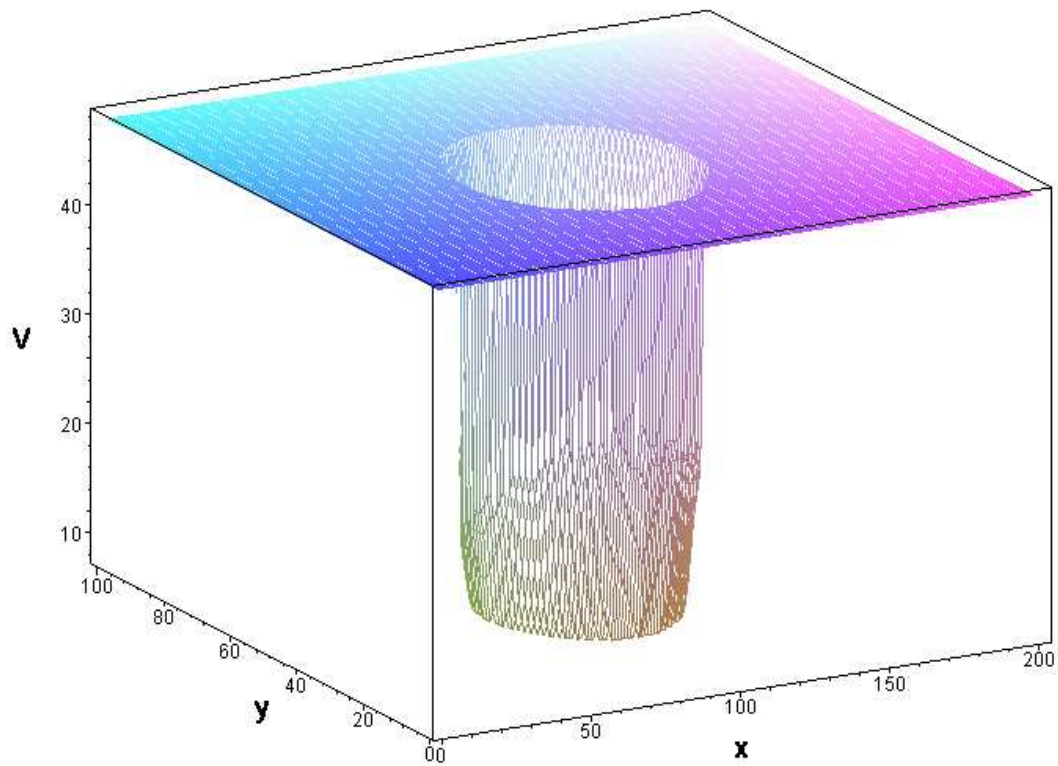
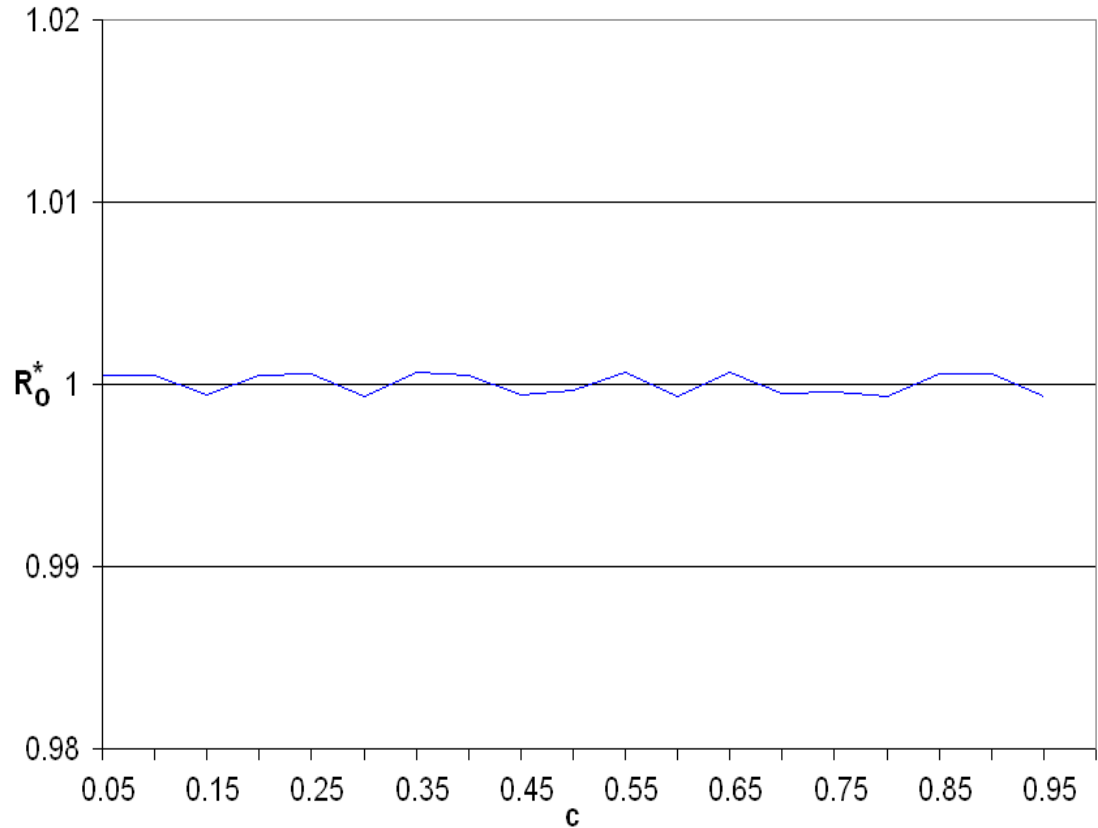


Figura 4.1

$ V_i $	$m_i$	$ V_i $	$m_i$	$ V_i $	$m_i$	$ V_i $	$m_i$
8	14064	19	323	30	390	41	943
9	495	20	220	31	279	42	1260
10	300	21	336	32	640	43	1290
11	451	22	352	33	561	44	792
12	216	23	368	34	476	45	2205
13	273	24	600	35	700	46	1840
14	378	25	250	36	504	47	2820
15	300	26	442	37	629	48	834672
16	352	27	135	38	874		
17	306	28	168	39	702		
18	378	29	116	40	880		

Tabla 4,0





Gráfica 4.5.

Nuevamente podemos observar en esta gráfica que el valor de  $R_0^*$  para los distintos valores de  $c$  está muy cercano a uno, aun cuando el experimento se realizó con 41 clases diferentes de individuos cada clase con un número de vecinos diferente. Lo destacable de esta gráfica es que la variabilidad de  $R_0^*$  con respecto al uno es muy similar a la presentada en las gráficas 4.0 a 4.4, lo cual nos indica que numericamente podemos estimar el valor de  $R_0$  y saber que esa estimación es muy cercana a su valor real para poblaciones cuyos individuos tienen diferente número de vecinos.

El siguiente paso es conocer de que manera el efecto frontera se ve reflejado en el parámetro  $R_0$ , esto lo estudiaremos en la siguiente sección.

## 4.2. Efecto frontera en Autómatas Celulares

Como ya hemos mencionado, cuando se estudia algún sistema mediante el uso de autómatas celulares finitos, uno de los primeros problemas a los que nos enfrentamos es decidir, cómo definir la frontera. También hemos mencionado que en muchos casos se opta por trabajar con sistemas sin frontera, como lo hemos hecho hasta este momento, y de esta manera se eliminan efectos que pudieran influir en nuestros resultados. Sin embargo, el teorema anterior nos da la pauta para saber cómo se ve afectado el parámetro  $R_0$  cuando se trabaja con retículas con frontera.

Supongamos que tenemos una retícula rectangular con frontera, la cual consta de  $I$  columnas y  $J$  renglones, donde  $I \times J = N$  células, cada célula con vecindad  $n - Extendida$  de Moore, y que al menos hay una célula que no ve disminuida su vecindad debido a la frontera, es decir,  $2n + 1 \leq \min \{I, J\}$ . Entonces, se tendrán

$$2 + \frac{n(n+1)}{2},$$

clases diferentes de células. Cada clase difiere en el número de vecinos, así por ejemplo existe una clase de células que tienen vecindad completa, sin embargo las células cercanas a la frontera ven disminuida su vecindad en función de la cercanía a dicha frontera.

Esto puede ser explicado de mejor manera en el siguiente ejemplo.

### Ejemplo 4.4

Tomemos una retícula cuadrada de  $1000 \times 1000$  con frontera, y células con vecindades  $2 - Extendidas$  de Moore, siendo  $\beta$  la probabilidad de que dado un encuentro de un susceptible con un infectado, el susceptible se infecte, y siendo  $c > 0$  la probabilidad de que un infectado se recupere por unidad de tiempo. Se tiene que de 1,000,000 de células del sistema, 992016 tienen su vecindad completa, es decir, tienen 24 vecinos cada célula; 3984 tienen 19 vecinos (es decir, su vecindad se ve reducida en 5 vecinos); 4 tienen 15 vecinos (su vecindad se ve reducida en 9 vecinos); 3984 tienen 14 vecinos (su vecindad se ve reducida en 10 vecinos); 8 tienen 11 vecinos (su vecindad se ve reducida en 13 vecinos); y 4 tienen 8 vecinos (su vecindad se ve reducida en 16 vecinos). En este caso  $n = 2$  y tenemos un sistema compuesto por:

$$2 + \frac{2(2+1)}{2} = 6$$

clases diferentes de células, cada una de estas 6 clases con su correspondiente número de

vecinos, es decir:

$i$	$ V_i $	$m_i$
1	24	992016
2	19	3984
3	15	4
4	14	3984
5	11	8
6	8	4

Tabla 4,1

y el parámetro  $R_0$ , está dado por:

$$\frac{\beta}{c} \left( \frac{\sum |V_i| m_i}{N} \right) = \frac{\beta}{c} \left( \frac{23940036}{1000000} \right) = \frac{\beta}{c} \left( \frac{5985009}{250000} \right).$$

Este resultado lo podemos generalizar en el siguiente teorema.

**Teorema 8** *Sea  $A(C, V, F)$  un sistema definido en una retícula rectangular con frontera compuesta por  $N$  células. La retícula conformada por  $I$  columnas y  $J$  renglones, con  $IXJ = N$ . Consideremos que cada célula tiene vecindad  $n$  – Extendida de Moore. Sea  $\beta$  la probabilidad de que dado un encuentro de un susceptible con un infectado, el susceptible se infecte, y sea  $c > 0$  la probabilidad de que un infectado se recupere por unidad de tiempo, entonces el parámetro  $R_0$  del sistema está dado por:*

$$R_0 = \frac{\beta}{c} \left( \left[ (2n+1)^2 - 1 \right] - n(n+1) \left[ \frac{2n+1}{I} + \frac{2n+1}{J} + \frac{n(n+1)}{IJ} \right] \right). \quad (4.11)$$

**Demostración.** *Para probar este teorema clasifiquemos las células de la retícula de acuerdo con la posición que tienen dentro de la misma ya que la posición que tienen en la retícula nos dará la pauta para calcular el número de vecinos que tienen. La primera clase formada por aquellas que tienen su número de vecinos completos. La segunda clase aquellas que han visto reducida su vecindad en  $k(2n+1)$  vecinos con  $k = 1, 2, \dots, n$ , en esta clase tenemos aquellas que han visto reducido su número de vecinos debido a que uno de sus lados llega a la frontera de la retícula. La tercera clase conformada por aquellas que se encuentran sobre la diagonal, en esta clase tenemos aquellas que han visto reducido sus vecinos en dos de sus lados en forma idéntica, y la cuarta y última clase todas las demás. Observemos que hay*

$$m_1 = (I - 2n)(J - 2n)$$

50CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE  $R_0$  POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES

células de la primera clase, es decir aquellas que tienen su vecindad completa, cada una con

$$|V_1| = (2n + 1)^2 - 1$$

células como vecinos. Entonces, para esta primera clase tenemos que el producto de  $|V_1| m_1$  está dado por:

$$|V_1| m_1 = (I - 2n)(J - 2n) [(2n + 1)^2 - 1]$$

De la segunda clase tenemos que hay  $n$  subclases, las que han visto reducida su vecindad en  $(2n + 1)$  vecinos, las que han visto reducida su vecindad en  $2(2n + 1)$  vecinos, etc., hasta las que han visto reducida su vecindad en  $n(2n + 1)$  vecinos. Cada subclase compuesta por

$$m_2 = 2(I - 2n) + 2(J - 2n)$$

células, y cada célula de la subclase  $k$  tiene como vecinos

$$|V_2| = |V_1| - k(2n + 1) = (2n + 1)^2 - 1 - k(2n + 1)$$

células. Es decir,  $|V_1|$  es el número de células si tuviera vecindad completa, menos  $k(2n + 1)$ , que es el número de células en las que ha visto reducida su vecindad con  $k = 1, 2, \dots, n$ . De esta segunda clase tenemos un total de

$$\begin{aligned} |V_2| m_2 &= \sum_{k=1}^n [2(I - 2n) + 2(J - 2n)] [(2n + 1)^2 - 1 - k(2n + 1)] \\ &= [2(I - 2n) + 2(J - 2n)] \sum_{k=1}^n [(2n + 1)^2 - 1 - k(2n + 1)] \\ &= n(I + J - 4n)(6n^2 + 5n - 1) \end{aligned}$$

células. De la tercera clase tenemos que existen  $n$  subclases, cada subclase compuesta por 4 células, una por cada esquina de la retícula. Cada célula de la subclase  $k$  tiene como vecinos

$$|V_3| = |V_1| - 2k(2n + 1) + k^2 = (2n + 1)^2 - 1 - 2k(2n + 1) + k^2$$

células. De esta tercera clase tenemos un total de

$$\begin{aligned} |V_3| m_3 &= \sum_{k=1}^n 4 [(2n + 1)^2 - 1 - 2k(2n + 1) + k^2] \\ &= \frac{2n(n + 1)(14n - 5)}{3} \end{aligned}$$

células. De la cuarta clase tenemos

$$\frac{n(n-1)}{2}$$

subclases, cada una de ellas con 8 células, cada célula de la subclase tiene como vecinos

$$\begin{aligned} |V_4| &= |V_1| - k(2n+1) - r(2n+1) + kr \\ &= (2n+1)^2 - 1 - (2n+1)(k+r) + kr \\ \text{donde } k &= 1, 2, \dots, n, \quad r = 1, \dots, k-1. \end{aligned}$$

células. De esta cuarta clase tenemos un total de

$$\begin{aligned} |V_4| m_4 &= \sum_{k=1}^n \sum_{r=1}^{k-1} 8 [(2n+1)^2 - 1 - (2n+1)(k+r) + kr] \\ &= \frac{n(n+1)(n-1)(27n-10)}{3} \end{aligned}$$

células. De esta manera tenemos en total

$$\begin{aligned} \sum_{i=1}^4 |V_i| m_i &= (I-2n)(J-2n) [(2n+1)^2 - 1] + n(I+J-4n)(6n^2+5n-1) \\ &\quad + \frac{2n(n+1)(14n-5)}{3} + \frac{n(n+1)(n-1)(27n-10)}{3} \\ &= n(n+1) [n^2 - n(2(I+J)-1) + I(4J-1) - J] \end{aligned}$$

células. Entonces el número esperado de vecinos es

$$\frac{\sum_{i=1}^4 |V_i| m_i}{N} = \frac{n(n+1) [n^2 - n(2(I+J)-1) + I(4J-1) - J]}{IJ},$$

y de acuerdo con el teorema anterior, el parámetro  $R_0$  está dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{c} \left( [(2n+1)^2 - 1] - n(n+1) \left[ \frac{2n+1}{I} + \frac{2n+1}{J} + \frac{n(n+1)}{IJ} \right] \right).$$

■

Hasta ahora sólo hemos hablado de la frontera de una retícula y su impacto sobre el parámetro  $R_0$ . Sin embargo, una vez que hemos entendido que la frontera de un ecosistema incidirá en el valor del parámetro  $R_0$  de igual manera que lo hace una disminución del

tamaño de la vecindad de las células, podemos extender nuestro concepto de frontera. Una frontera dentro de una retícula no sólo debe ser entendida como los límites del ecosistema. En realidad existen otro tipo de fronteras que pudieran tener mayor importancia sobre la dinámica del mismo. Éstas pueden pensarse como fronteras al interior del ecosistema.

Una frontera al interior es cualquier obstáculo que limite la vecindad de algún subconjunto de células. Las fronteras al interior pueden interpretarse como barreras físicas dentro del sistema, tales como ríos o montañas que se encuentran en el ecosistema, o regiones no habitadas dentro del hábitat de los individuos (véase ejemplo 4.6).

Al contar con un resultado que nos indique de qué manera se ve afectado el parámetro  $R_0$  al reducir el tamaño de vecindad de algún o algunos subconjuntos de células, en realidad contamos con un resultado que nos permite conocer el efecto de un gran número de situaciones del sistema. Por ejemplo, pensemos que tenemos una población con individuos que presentan diferencias en su comportamiento, unos más sociables que otros. Esto podríamos pensarlo como individuos con diferente número de vecinos (véase ejemplos 4.3, 4.4 y 4.5). Otro ejemplo sería un ecosistema formado por individuos que presentan algún tipo de resistencia a la enfermedad que se propaga. Podría pensarse como individuos cuya probabilidad de infección dado un encuentro con un infeccioso ( $\beta$ ), es menor que la del resto de la población. Esta situación puede reformularse como individuos con el número de vecinos reducido.

De esta manera, valores reducido o aumentados de  $\beta$  pueden ser pensados como decrementos o incrementos en el número de vecinos (véase corolario 8, y ejemplos 4.7 y 4.8) con la salvedad de que el número de vecinos tiene cambios discretos y la variación en  $\beta$  es continua. Observe que si asignamos a cada individuo la probabilidad de transmitir la enfermedad dado el contacto de un susceptible con un infeccioso  $\beta$ , ésta puede pensarse de dos formas: la primera es pensar  $\beta$  como la probabilidad de que cuando el individuo es infeccioso y tiene contacto con un susceptible, sea capaz de transmitir la enfermedad; la segunda es pensar que  $\beta$  es la probabilidad de que si el individuo es susceptible, el encuentro con un individuo infectado dé como resultado que el susceptible se infecte. Por lo tanto, individuos con comportamiento diferente, individuos con algún grado de inmunidad, individuos separados por barreras físicas, o inclusive con diferentes niveles de reacción ante una enfermedad, pueden ser pensados como individuos que han visto modificada su vecindad de interacción, y de esta manera, con el resultado del teorema 7 podemos conocer en qué medida se ve afectado el parámetro  $R_0$  poblacional. Sin embargo, hay otro efecto mucho más importante que podría producirse al tener individuos con vecindades diferentes, algún efecto regional, con implicaciones mayores sobre la dinámica del sistema.

Una división interna podría partir al sistema en dos y, aun cuando el parámetro  $R_0$  del sistema tuviera cierto valor, cada una de las partes del sistema podría tener un comportamiento cualitativamente distinto. Lo que es más, podría darse el caso que cada parte

del sistema se comporte como un sistema propio cualitativamente diferente, cada uno con su parámetro  $R_0$ , tal vez uno mayor que uno y el otro menor que uno, aun cuando el parámetro del sistema completo fuera mayor o menor que uno (véase ejemplo 5.0 y 5.1).

### 4.3. Ejemplos

#### Ejemplo 4.5

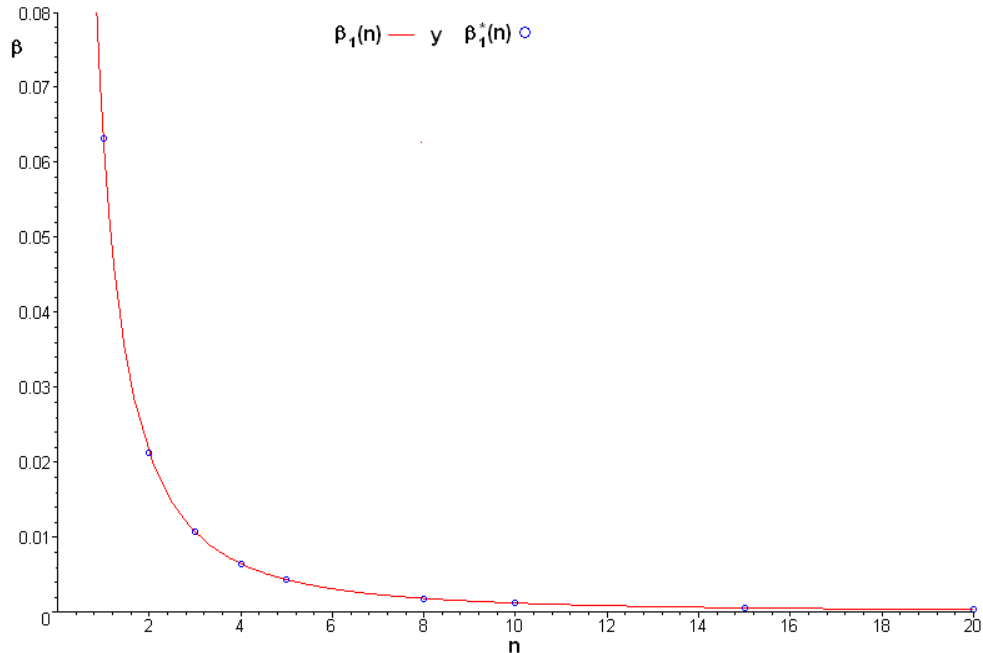
Para este ejemplo tomamos una retícula rectangular de 200x100 con frontera, fijamos la probabilidad de recuperación por unidad de tiempo  $c = 0,5$ , y calculamos el valor de  $\beta_1^*$  para vecindades  $n - Extendidas$  de Moore con  $n = 1, 2, 4, 8, 10, 15, 20$ . Los resultados se presentan en la siguiente tabla:

$n$	$\beta_1^*$
1	0,0632101734
2	0,0212301673
3	0,0106837591
4	0,0064703729
5	0,0043439837
8	0,0018518642
10	0,0012331829
15	0,0005881023
20	0,0003494012

Tabla 4,2

Ahora, si graficamos  $\beta_1(n)$  (esto se hace tomando  $R_0 = 1$  y  $c = 0,5$  en la expresión (4.11)

y despejando  $\beta$ ), y  $\beta_1^*$  como función de  $n$  tenemos la siguiente gráfica:



Gráfica 4.6

En esta gráfica podemos ver que existe una buena correspondencia entre el valor teórico del parámetro  $\beta$  y el valor experimental  $\beta_1^*$ , para diferentes vecindades del tipo Moore.

**Ejemplo 4.6**

Consideremos una retícula de 200x100 sin frontera compuesta por células con vecindad 3 – *Extendida* de Moore y con la siguiente configuración:

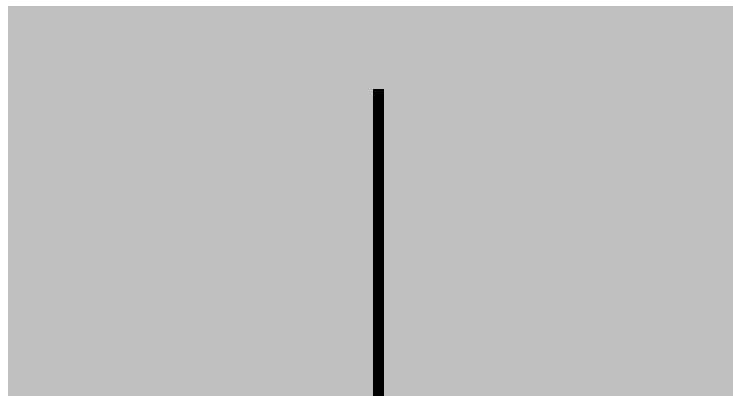


Figura 4.2



al centro de la retícula se tiene una barrera con un ancho de tres células y longitud de 80 células. De aquí se tiene que de las 19760 células que conforman la retícula, 19226 tienen su vecindad completa, es decir, 48 vecinos; 148 ven reducida su vecindad en 7 vecinos, es decir, tienen 41 vecinos; 148 ven reducida su vecindad en 14 vecinos, es decir tienen 42 vecinos, etc. Los resultados se presentan en la siguiente tabla:

$ V_i $	$m_i$	$ V_i $	$m_i$
48	19226	40	4
47	4	39	10
46	8	38	4
45	14	36	8
44	8	34	148
43	4	33	4
42	18	30	4
41	148	27	148

Tabla 4,3,

de acuerdo con el teorema 7 tenemos que  $R_0$  está dado por:

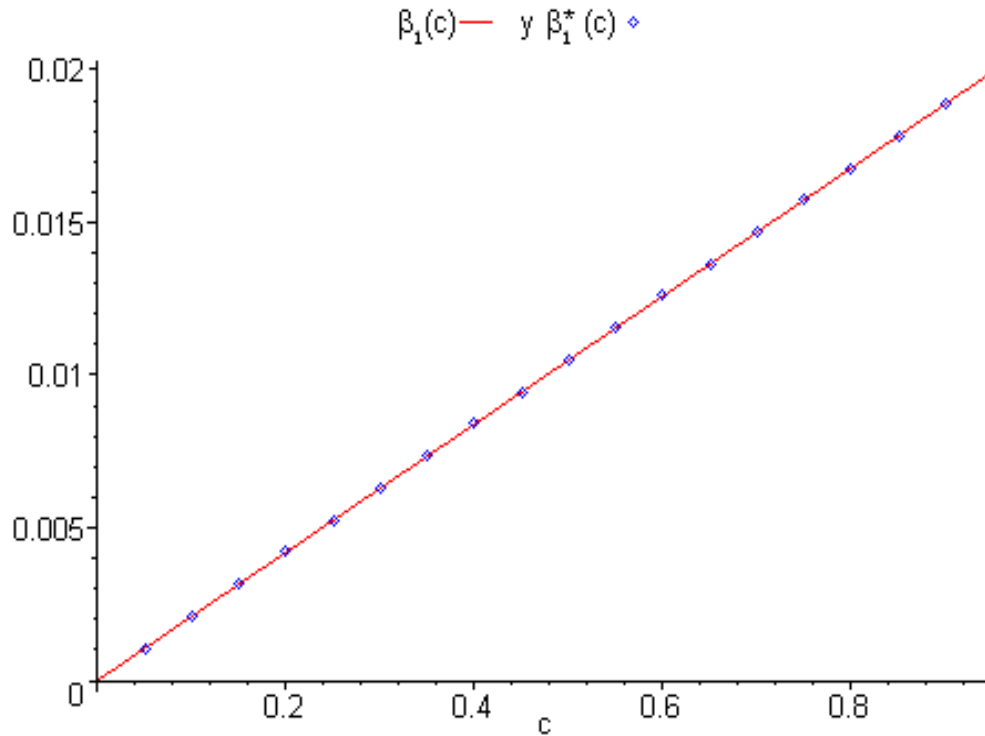
$$R_0 = \frac{\beta}{c} \left( \frac{941652}{19760} \right),$$

de aquí tenemos que  $\beta_1$  (valor de  $\beta$  tal que  $R_0 = 1$ ), está dado por:

$$\beta_1 = \left( \frac{19760}{941652} \right) c \tag{4.12}$$

Ahora, con la configuración de la figura 4.2 dejamos actuar la regla de transición una unidad de tiempo colocando al individuo infectado en forma aleatoria en la retícula, repetimos el experimento para permitir que el infectado ocupe cada célula en promedio 10 veces y hacemos variar  $\beta$ . De esta manera determinamos el valor de  $\beta_1^*$  para los diferentes valores de  $c$ . Si graficamos estos valores de  $\beta_1^*$  junto con la gráfica de la expresión 4.12,

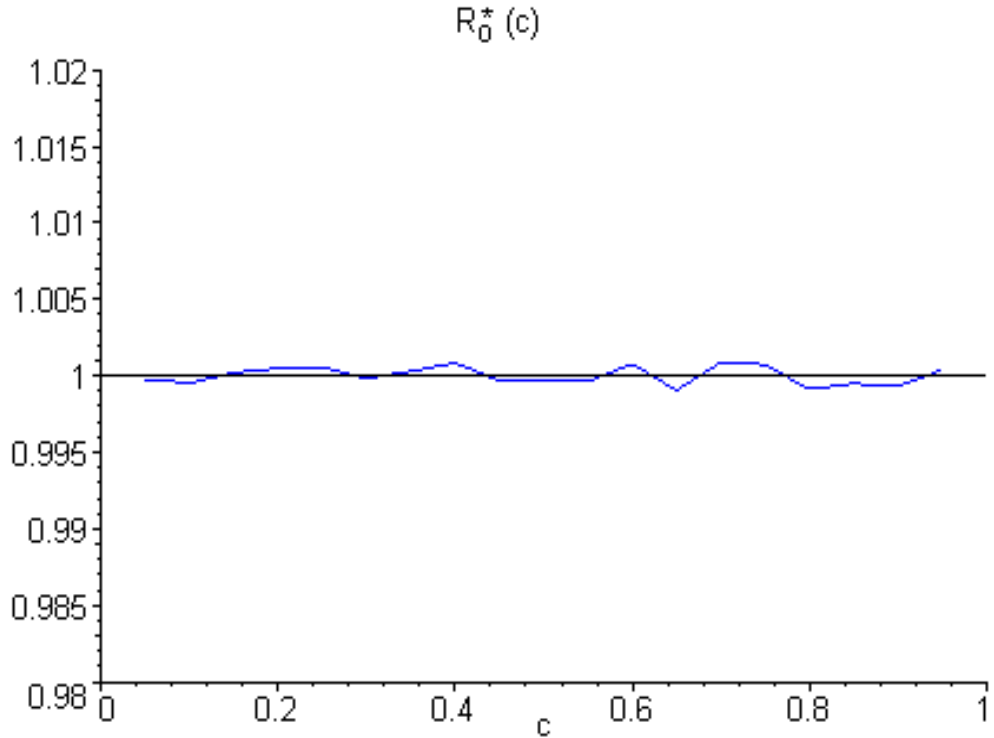
obtenemos lo siguiente:



Gráfica 4.7.

En esta gráfica podemos observar nuevamente que con un número relativamente pequeño de repeticiones del proceso aleatorio, podemos tener un buen ajuste a la curva descrita por la expresión 4.12, esto muestra la factibilidad de calcular numéricamente el valor de  $\beta_1$  aun para sistemas heterogéneos en el número de vecinos. Con la finalidad de tener una idea más clara en cuanto a los valores de  $\beta_1^*$  encontrados, procedemos a calcular

$R_0^*$  para los diferentes valores de  $c$ , los cuales se presentan en la siguiente gráfica.



Gráfica 4.8.

Nuevamente encontramos que podemos calcular numericamente el valor de  $R_0$  con un gasto computacional relativamente bajo.

En seguida veremos otro ejemplo donde se consideran dos clases de individuos dentro de una población

#### **Ejemplo 4.7**

Primero consideremos una retícula sin frontera de  $200 \times 100$  cuya población está compuesta por dos clases de individuos, cada clase se diferencia por el número de vecinos. La primera clase compuesta por células con vecindad 1 – *Extendida* de Moore (en color gris oscuro en la figura 4.3), y la segunda clase con vecindad 3 – *Extendida* de Moore (en

color gris claro en la figura 4.3).

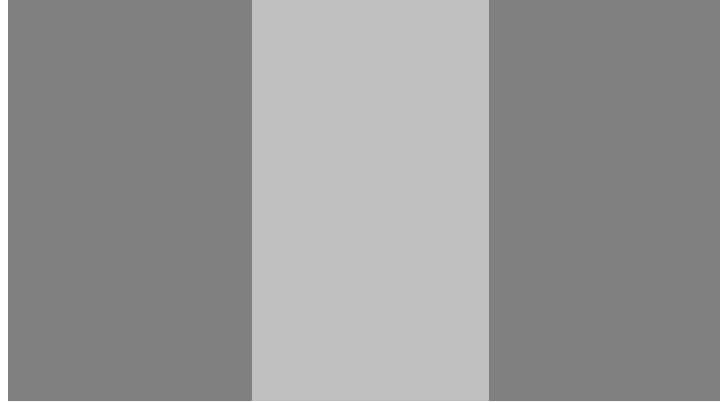


Figura 4.3

Como la transición entre las dos clases no es abrupta, es decir, el número de vecinos de las células cercanas a la frontera entre las dos clases se va modificando paulatinamente conforme nos acercamos a la otra clase, entonces se forman clases cuyo número de vecinos está entre 8 y 48. Los datos se presentan en la tabla 4.3.

$ V_i $	$m_i$	$ V_i $	$m_i$
8	12703	30	1
9	2	32	2
10	6	34	2
11	95	35	1
12	98	36	2
13	3	37	1
14	97	38	96
15	2	40	189
16	189	41	2
18	96	42	97
19	1	43	3
20	2	44	98
21	1	45	95
22	2	46	6
24	2	47	2
26	1	48	6103

Tabla 4,3

de acuerdo con el teorema 7 tenemos que  $\beta_1$  está dado por:

$$\beta_1 = \frac{Nc}{\sum_{i=1}^s |V_i| m_i}. \quad (4.13)$$

Si fijamos  $c = 0,4$ , entonces  $\beta_1$  resulta ser:

$$\begin{aligned} \beta_1 &= \frac{20000 * 0,4}{428000} \\ &= 0,018691589. \end{aligned}$$

En seguida procedemos a calcular el valor del parámetro  $\beta_1$  experimental ( $\beta_1^*$ ), como en los ejemplos anteriores. Encontrando que dicho valor es:

$$\beta_1^* = 0,01870129,$$

lo cual es consistente con el valor encontrado mediante la expresión 4.13.

Con la finalidad de ilustrar de qué manera un cambio en el tamaño de la vecindad puede verse como un cambio en el valor de  $\beta$  veámos el siguiente ejemplo:

#### **Ejemplo 4.8**

Consideremos la misma retícula del ejemplo 4.7, con la configuración descrita en la figura 4.3, y tomemos a todos los individuos con vecindad 3 – *Extendida* de Moore, hagamos la siguiente asignación de probabilidades de infección en función del número de vecinos que se les asignó en la tabla 4.3:

$$\beta^i = \beta f_i,$$

donde

$$f_i = \frac{|V_i|}{|V|} \text{ con } i = 1, 2, \dots, k \text{ y } k \text{ el número de clases.}$$

con la restricción de  $0 < \beta < 1$  y  $|V_i| < \frac{|V|}{\beta} \forall i = 1, 2, \dots, k$ , esto a fin de que  $0 < \beta_i < 1$ . A la cantidad  $f_i$  le llamaremos factor de corrección. En nuestro caso  $|V| = 48$  y la tabla 4.3

60CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE  $R_0$  POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES

queda transformada de la siguiente manera:

$ V_i $	$m_i$	$f_i$	$ V_i $	$m_i$	$f_i$
8	12703	$\frac{1}{6}$	30	1	$\frac{5}{8}$
9	2	$\frac{3}{16}$	32	2	$\frac{2}{3}$
10	6	$\frac{5}{24}$	34	2	$\frac{17}{24}$
11	95	$\frac{11}{48}$	35	1	$\frac{35}{48}$
12	98	$\frac{1}{4}$	36	2	$\frac{3}{4}$
13	3	$\frac{13}{48}$	37	1	$\frac{37}{48}$
14	97	$\frac{7}{24}$	38	96	$\frac{19}{24}$
15	2	$\frac{5}{16}$	40	189	$\frac{5}{6}$
16	189	$\frac{1}{3}$	41	2	$\frac{41}{48}$
18	96	$\frac{3}{8}$	42	97	$\frac{7}{8}$
19	1	$\frac{19}{48}$	43	3	$\frac{43}{48}$
20	2	$\frac{5}{12}$	44	98	$\frac{11}{12}$
21	1	$\frac{16}{7}$	45	95	$\frac{15}{16}$
22	2	$\frac{11}{24}$	46	6	$\frac{23}{24}$
24	2	$\frac{1}{2}$	47	2	$\frac{47}{48}$
26	1	$\frac{13}{24}$	48	6103	1

Tabla 4.4.

De esta forma la retícula queda conformada por células con vecindad 3 – *Extendida* de Moore dispuestas en clases que se diferencian por tener diferente probabilidad ( $\beta$ ), de transmitir la enfermedad cuando son infecciosos y tienen contacto con un individuo susceptible. Esto podría corresponder a individuos con diferente grado de respuesta a la enfermedad, por ejemplo debido a diferencias en su alimentación o a la adopción de medidas para contrarrestar la propagación de la enfermedad (cambio de comportamiento una vez que es infectado), por ejemplo uso de cubrebocas, evitar el contacto cercano, evitar saludar de mano, etc. Ahora, colocamos al individuo infectado en una célula de la retícula elegida aleatoriamente y dejamos actuar la regla de transición una unidad de tiempo. Repetimos el experimento para que el individuo infectado tenga probabilidad de ocupar cada célula de la retícula en promedio diez veces y calculamos el valor de  $\beta_1^*$  para  $c = 0,4$ . De esta manera obtenemos

$$\beta_1^* = 0,01865331.$$

Este valor de  $\beta_1^*$  concuerda con el valor encontrado mediante la expresión 4.13. Como se ha mencionado en párrafos anteriores, también es posible encontrar una correspondencia

entre cambios en  $\beta$  mediante cambios en el tamaño de la vecindad, sin embargo hay que tomar en cuenta que un cambio en  $\beta$  no siempre corresponde a un cambio en el tamaño de vecindad dado que el tamaño de vecindad cambia en forma discreta.

## 4.4. Simetría y asimetría de las vecindades

En esta sección trataremos el efecto que producen vecindades con diferentes asimetrías sobre el parámetro  $R_0$ .

Los resultados que hemos obtenido hasta ahora no han involucrado alguna estructura en particular de la vecindad, sólo en el caso del efecto frontera hemos restringido nuestro estudio a vecindades de Moore, pero esto sólo ha sido para poder llegar a fórmulas cerradas y no como condiciones restrictivas de nuestros resultados. De hecho, el teorema 7 establece el efecto de tener vecindades de diferente tamaño sin la necesidad de fijar de qué tipo de vecindad se habla. Este resultado puede aplicarse a cualquier tipo de vecindad con la propiedad reflexiva, entendiendo como vecindad cualquier subconjunto de células con las cuales interactúa el individuo. Entonces, ¿qué efecto provocará sobre el parámetro  $R_0$  el hecho de tener vecindades con ciertas geometrías o asimetrías? Cuantitativamente y partiendo de que el parámetro  $R_0$  lo hemos definido para la primera unidad de tiempo no tendrían ningún efecto, sin embargo, cualitativamente el efecto sí es claro. Una asimetría en las vecindades no cumpliría con la propiedad reflexiva y provocaría una direccionalidad en la dispersión de la enfermedad, esto no tendría ninguna importancia si sólo nos interesa medir efectos para la primera unidad de tiempo, pero si estamos interesados en conocer la dinámica de la enfermedad más allá de la primera unidad de tiempo esa asimetría podría ser la diferencia entre tener un brote epidémico o que la enfermedad desaparezca. Nos enfrentamos a un fenómeno el cual no es captado por el parámetro  $R_0$  poblacional definido como hasta ahora. En el capítulo seis desarrollamos una herramienta que nos permite estudiar este problema y en el ejemplo 6.6 del capítulo seis se presenta un caso donde las asimetrías en las vecindades son relevantes.

## 4.5. Conclusiones

En este capítulo definimos el parámetro  $R_0$  poblacional para autómatas celulares el cual es una cantidad mediante la cual podemos conocer el comportamiento promedio del sistema en la primera unidad de tiempo. Además, damos una expresión y una metodología para calcularlo. Es importante hacer notar que la expresión que damos para este parámetro tiene una correspondencia clara con la definición verbal de la misma, así mismo, dicha

## 62 *CAPÍTULO 4. CÁLCULO DE $R_0$ POBLACIONAL PARA AUTÓMATAS CELULARES*

definición concuerda con la definición que se da para este parámetro en sistemas continuos, en el sentido de ser un parámetro que proporciona información acerca de la estabilidad del equilibrio trivial. Este parámetro nos permite estudiar la dinámica promedio de sistemas durante la primera unidad de tiempo, de tal forma que si la población es heterogénea, promedia los parámetros de las células y nos proporciona información de la fuerza de arranque del sistema, es decir, de la fuerza de la infección durante la primera unidad de tiempo.



# Capítulo 5

## $R_0$ individual

En el capítulo anterior se definió un parámetro para autómatas celulares que, al igual que el parámetro  $R_0$  de modelos continuos, nos brinda información acerca del cambio de estabilidad del equilibrio trivial, sin embargo, en muchos casos no es suficiente saber si la enfermedad presentará un brote epidémico al colocar un individuo infectado promedio. Las particularidades geográficas y el lugar donde se coloca al infectado inicial pueden hacer la diferencia para que se presente un brote epidémico o no. En este capítulo definimos el parámetro  $R_0$  individual como una medida de la fuerza de arranque de la enfermedad en cada célula de la retícula, como veremos más adelante, este parámetro nos dará una imagen clara de lo que sucedería si el individuo infectado inicial se encuentra en un lugar específico.

### 5.1. Motivación

Hasta ahora hemos definido el parámetro  $R_0$  poblacional para autómatas celulares de tal forma que hay una correspondencia entre la definición verbal y la expresión que se encuentra para calcularlo, sin embargo, aún quedan algunos aspectos de los sistemas con autómatas celulares que no son capturados por dicho parámetro. Esto nos lleva a replantear nuestro problema y tratar de definir una nueva cantidad que nos indique de manera más precisa si al colocar un infeccioso en un lugar particular de la población, éste será capaz de provocar un brote epidémico. En el capítulo 4, cuando se habla del efecto de las vecindades sobre el parámetro  $R_0$ , se plantea la pregunta de si el parámetro  $R_0$  poblacional es un buen indicador de la dinámica del sistema. Hemos definido un parámetro para un sistema SIS modelado con autómatas celulares el cual captura la dinámica de la población en promedio, es decir, captura la dinámica promedio de la población. Sin

embargo, cuando el sistema consta de una población no homogénea el parámetro no detecta la diferente dinámica que pudiera llevarse a cabo en cada una de las clases de la población. Por ejemplo, supongamos que se tiene una población compuesta por dos clases de individuos, individuos que de alguna manera han desarrollado cierto tipo de inmunidad parcial a una cierta enfermedad (por ejemplo, individuos que han recibido una vacuna que reduce la probabilidad de infección contra la enfermedad), e individuos que no presentan ningún tipo de inmunidad; y supongamos que cada clase de individuos ocupa una región geográfica determinada. Si un individuo infectado llega a una u otra clase de la población, el efecto será diferente, sin embargo el parámetro  $R_0$  poblacional al promediar los parámetros individuales podría no detectar la diferencia entre que el individuo infectado inicial se encuentre en una u otra clase. Es por eso que hemos visto la necesidad de definir un parámetro local que no sólo nos indique si en promedio la enfermedad prenderá o no, además que sea capaz de indicarnos cuándo una enfermedad podría generar un brote epidémico en una población al iniciar la enfermedad en un lugar específico. En la siguiente sección veremos de manera más clara y mediante ejemplos la necesidad de definir dicho parámetro.

### 5.1.1. Poblaciones con diferente $R_0$

En esta sección trataremos el caso de un sistema formado por poblaciones no homogéneas, es decir poblaciones cuyos individuos difieren en el número de vecinos o en algún otro parámetro.

Aun cuando en la sección de *vecindades con diferente tamaño* se habló del efecto que se produce sobre el parámetro  $R_0$  cuando se tienen diversas poblaciones dentro de un mismo sistema, en esta sección destacaremos la importancia de definir otro parámetro que capture de una manera más eficiente la dinámica de estos y otros sistemas.

Una observación importante es el hecho de que cuando se habla de poblaciones con  $R_0$  diferente, en realidad se está hablando de una gran variedad de situaciones que pudieran llevar a esa diferencia entre el parámetro  $R_0$  de cada población. Por ejemplo, y como ya se ha mencionado anteriormente, podríamos estar frente a dos poblaciones que difieren en el número de vecinos; pero también podría tratarse de poblaciones con diferente nivel educativo, lo cual podría traducirse en diferentes medidas preventivas ante una enfermedad o en la forma en la que se manejan los casos de individuos infectados; incluso poblaciones con niveles económicos diferentes o razas diferentes, que se vean reflejados en el estado de su sistema inmunológico y por lo tanto en la probabilidad de contraer la enfermedad, o podría tratarse de individuos vacunados y no vacunados. Es por eso que hacer el estudio en general de poblaciones con  $R_0$  diferente nos brinda una herramienta poderosa para tratar situaciones particulares.

A manera de motivación tomemos los siguientes ejemplos:

**Ejemplo 5.0**

Sea  $A(C, V, F)$  un sistema definido en una retícula sin frontera compuesta por  $N$  células. Sea  $\beta(t)$  la probabilidad de que dado un encuentro de un individuo susceptible con un individuo infectado, el susceptible se infecte y sea  $c > 0$  la probabilidad de que un infectado se recupere por unidad de tiempo. La retícula conformada por 2 clases diferentes de células. Siendo  $m_1$  células de la clase uno con vecindad  $|V_1|$ , y  $m_2$  células de la clase dos con vecindad  $|V_2|$ , entonces, de acuerdo con el teorema 7, el parámetro  $R_0$  para ese sistema está dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{c} \left( \frac{|V_1| m_1 + |V_2| m_2}{N} \right). \quad (5.0)$$

Esto es, si tenemos 2 clases de células, cada clase con diferente número de vecinos, el parámetro  $R_0$  poblacional se obtiene de hacer un promedio ponderado para el número de vecinos de ambas clases. Ahora, pensemos cada clase como un sistema independiente, en este caso tendríamos un sistema compuesto por  $m_1$  células, cada una con  $|V_1|$  vecinos. De acuerdo con el teorema 6 tenemos que el parámetro  $R_0$  para ese sistema estaría dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{c} |V_1|. \quad (5.1)$$

Para el otro sistema compuesto por  $m_2$  células, cada una con  $|V_2|$  vecinos, el parámetro  $R_0$  estaría dado por:

$$R_0 = \frac{\beta}{c} |V_2|.$$

Observemos que si tomamos  $c$  como un múltiplo par de  $\beta$  para que  $|V_1|$  y  $|V_2|$  sean enteros, y definimos

$$\begin{aligned} |V_1| &= \frac{3c}{2\beta}, \\ |V_2| &= \frac{1c}{2\beta}, \\ m_1 &= \frac{1}{3}N, \\ m_2 &= \frac{2}{3}N, \end{aligned}$$

de acuerdo con la expresión (5.0) el parámetro  $R_0$  del sistema completo es:

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{\beta}{c} \left( \frac{\left(\frac{3c}{2\beta}\right) \left(\frac{1}{3}N\right) + \left(\frac{1c}{2\beta}\right) \left(\frac{2}{3}N\right)}{N} \right) \\ &= \frac{1}{2} + \frac{1}{3} = \frac{5}{6} < 1. \end{aligned}$$

Ahora, para el sistema compuesto por  $m_1$  células, de acuerdo con la expresión (5.1) tenemos que el parámetro  $R_0$  es:

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{\beta}{c} \left( \frac{3c}{2\beta} \right) \\ &= \frac{3}{2} > 1, \end{aligned}$$

y para el sistema compuesto por  $m_2$  células tenemos que el parámetro  $R_0$  está dado por:

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{\beta}{c} \left( \frac{1c}{2\beta} \right) \\ &= \frac{1}{2} < 1. \end{aligned}$$

De esta forma, tenemos un sistema compuesto por dos clases diferentes de células, cada clase difiere en el número de vecinos que tiene, y al hacer el cálculo del parámetro  $R_0$  poblacional para ese sistema encontramos que  $R_0 < 1$ , es decir, no esperaríamos que en promedio el sistema presente un brote epidémico, sin embargo, al tomar cada una de las clases como una población propia encontramos  $R_0 > 1$  para una de las clases, lo cual indica que en esa clase tomada como población es muy probable que se presente un brote epidémico, aun cuando en la otra clase se tiene que  $R_0 < 1$ . ¿Podría suceder que al tener el sistema completo, compuesto por dos clases de individuos, la enfermedad se pueda establecer en una de las clases aun cuando se tenga que  $R_0 < 1$  para el sistema? En el siguiente ejemplo se muestra que sí es posible que se presente tal situación.

### **Ejemplo 5.1**

Consideremos una retícula de 200x100 compuesta por dos clases que difieren en el número de vecinos, de forma idéntica a la del ejemplo 4.7 con la disposición descrita en la figura 4.3 y los mismos tipos de vecindad. La primera clase con vecindad 1 – *Extendida* de Moore (en color gris oscuro en la figura 4.3), y la segunda clase con vecindad 3 – *Extendida* de Moore (en color gris claro en la figura 4.3). Fijamos la probabilidad de recuperación por unidad de tiempo  $c = 0,4$  y colocamos a un individuo infectado en una célula de

la primer clase (en una de las que tiene 8 vecinos), calculamos  $\beta_1^*$  como se ha hecho anteriormente, repetimos el experimento 127,000 veces (para que sea equivalente a las 10 veces en promedio en que cada célula con 8 vecinos tiene al infectado) y observamos que el valor de  $\beta_1^*$  así calculado es:

$$\beta_1^* = 0,04976383,$$

observe que este valor es muy superior al valor de  $\beta_1^* = 0,01870129$  encontrado mediante la expresión 4.13. Esto muestra que para los individuos con vecindad 1-*Extendida* de Moore, es necesario que la probabilidad de infección  $\beta$  sea mayor a la probabilidad encontrada mediante la expresión 4.13 para que la enfermedad se mantenga. De hecho, si pensamos a las células con vecindad 1-*Extendida* de Moore como una población, de acuerdo con el teorema 6 y tomando  $\beta = 0,01870129$  tenemos que  $R_0 \approx 0,3740$ , es decir,  $R_0 < 1$ . Lo cual nos indica que en este sector de la población lo más probable es que no haya brote epidémico.

Por otro lado, si colocamos ahora al individuo infectado en una célula con vecindad 3-*Extendida* de Moore y repetimos el experimento obtenemos que:

$$\beta_1^* = 8,2746542 \times 10^{-3}$$

el cual es un valor muy inferior al valor de  $\beta_1^* = 0,01870129$ . El valor de  $R_0$  poblacional para este sector de la población tomando  $\beta = 0,01870129$  y de acuerdo con el teorema 6 es  $R_0 \approx 2,24$ , lo cual nos indica que en este sector de la población lo más probable es que haya un brote epidémico.

Estos ejemplos nos muestran que el parámetro  $R_0$  poblacional definido como hasta ahora, no percibe ciertas particularidades de la población que podrían ser importante. Esto nuevamente nos hace preguntarnos sobre la capacidad del parámetro  $R_0$  poblacional para determinar la prevalencia o no de un proceso infeccioso dentro de una población.

Con el propósito de resolver este problema y después de estudiar diferentes formas de solución hemos llegado a la conclusión de que el parámetro  $R_0$  puede definirse en forma individual, esto es, definir el parámetro  $R_0$  para cada individuo de la población. En la siguiente sección proponemos una definición para el parámetro  $R_0$  individual.

## 5.2. Definición

**Definición 9** Sea  $A(C, V, F)$  un sistema de autómatas celulares sobre una retícula rectangular de  $I$  columnas y  $J$  renglones, en la cual colocamos un infectado en la posición  $(i, j)$  al tiempo  $t = 0$ , y  $N - 1$  susceptibles en las restantes posiciones. Definimos al parámetro  $R_0$  individual, al cuál denotaremos por  $R_{0(i,j)}$  como el cociente entre el número

esperado de nuevas infecciones provocadas por un infectado colocado en la posición  $(i, j)$  de la retícula, entre el número esperado de recuperados al tiempo  $t = 1$ . De tal forma que si  $R_{0(i,j)} > 1$  el sistema con la condición inicial dada se alejará del equilibrio trivial y si  $R_{0(i,j)} < 1$  el sistema tenderá al equilibrio trivial.

Con esta definición tenemos que el parámetro  $R_{0(i,j)}$  está dado por:

$$R_{0(i,j)} = \frac{\beta_{i,j}}{c_{i,j}} |V_{i,j}|, \quad i, j \in \mathbb{N}, i \leq I, j \leq J$$

donde  $|V_{i,j}|$  es la cardinalidad del conjunto vecindad de la célula con posición  $(i, j)$ ,  $\beta_{i,j}$  es la probabilidad de la célula en la posición  $(i, j)$  de infectar dado el encuentro con un susceptible cuando ésta sea infecciosa, y  $c_{i,j}$  es la probabilidad por unidad de tiempo de recuperarse cuando sea infecciosa.

Con esta definición tenemos que dada una retícula, al obtener los valores de  $R_{0(i,j)}$  para cada  $(i, j)$  se tiene un mapa de  $R_0$ 's el cual nos indica en qué regiones de la retícula podría haber un brote epidémico si se inicia con un infectado en una posición en particular.

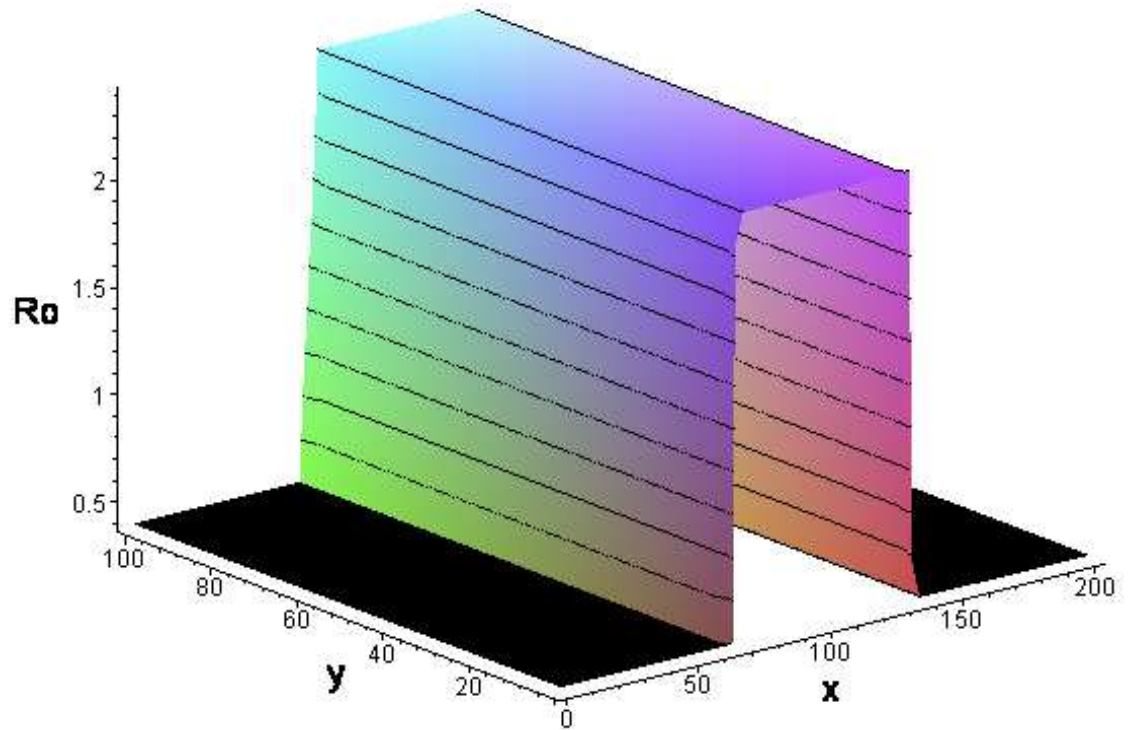
### 5.3. Ejemplos

En el siguiente ejemplo se toma la configuración descrita en el ejemplo anterior y se procede a la elaboración de los mapas de  $R_0$ 's.

#### Ejemplo 5.2

Para el ejemplo 5.1 con  $\beta = 0,02$  y  $c = 0,4$ , tenemos que el mapa de  $R_0$ 's se ve como

sigue:



Gráfica 5.0

claramente podemos ver que de acuerdo con este mapa de  $R_0$ 's existen regiones dentro de la retícula donde la probabilidad de que una epidemia se establezca es alta, sin embargo también existen regiones donde esa probabilidad es muy baja.

En el siguiente ejemplo se muestra el mapa de  $R_0$ 's que se obtiene al dejar actuar la regla de transición una unidad de tiempo en un sistema modelado con autómatas celulares.

### Ejemplo 5.3

Para este ejemplo partimos de una retícula sin frontera de 300x300 la cual fué dividida en dos secciones idénticas (como se muestra en la figura 5.0), cada sección es habitada por un tipo de individuos que difieren en el número de vecinos. Al tiempo  $t = 0$  se colocó un individuo infectado en la posición  $(i, j)$  y se calculó su  $R_{0(i,j)}$  experimental, se repitió para cada célula y se graficaron los valores de  $R_{0(i,j)}$  obtenidos. Una de las poblaciones (en color gris claro en la figura 5.0), con vecindad 3 – *Extendida* de Moore y la otra (en color gris oscuro), con vecindad 8 – *Extendida* de Moore. Para este ejemplo se tomaron

los siguientes valores para los parámetros:  $\beta = 0,001$  y  $c = 0,2$ .

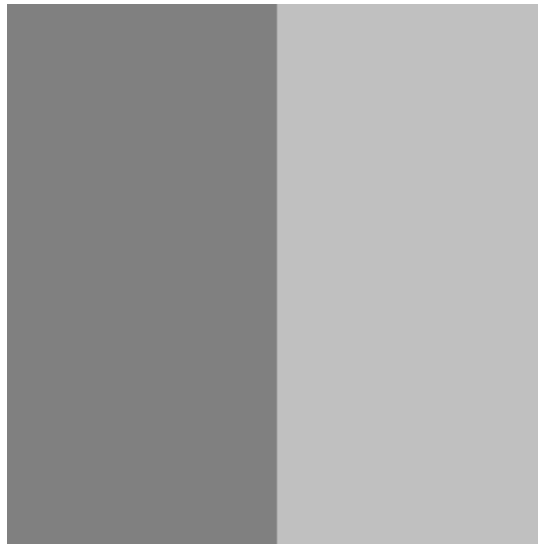
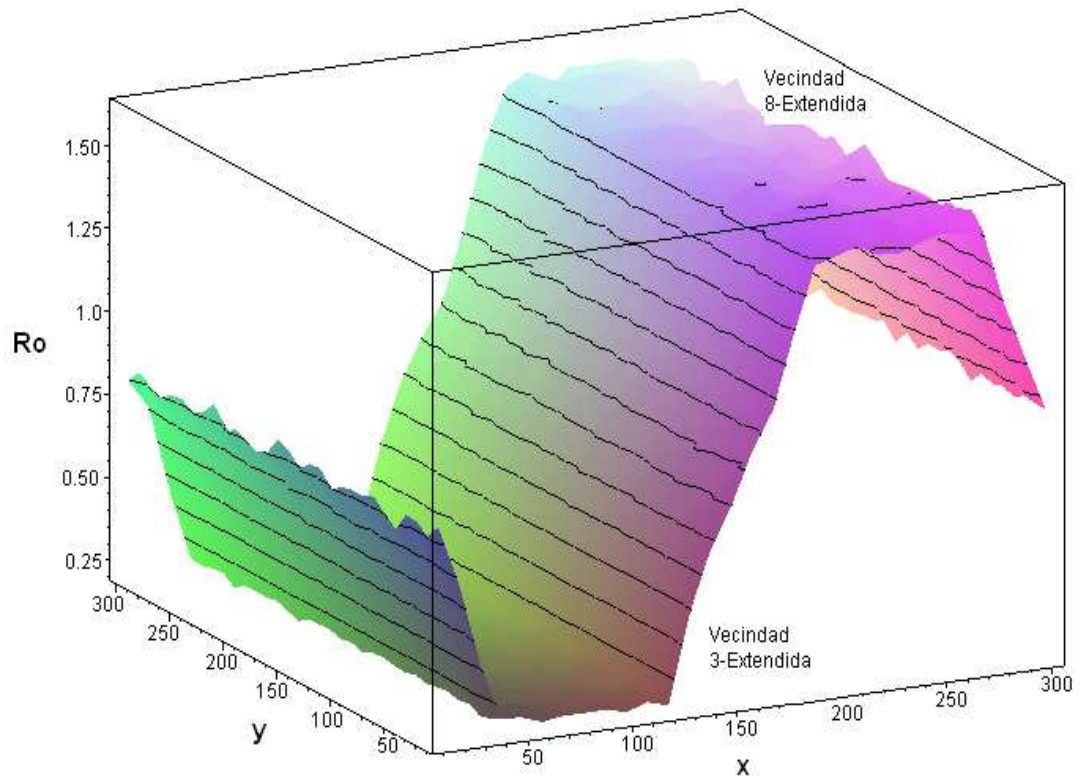


Figura 5.0

La transición del tamaño de la vecindad entre las dos poblaciones se realizó de manera gradual, es decir, no se realizó un cambio abrupto entre las dos poblaciones. En la siguiente gráfica se presenta el valor de  $R_{0(i,j)}$  para cada célula de la retícula.





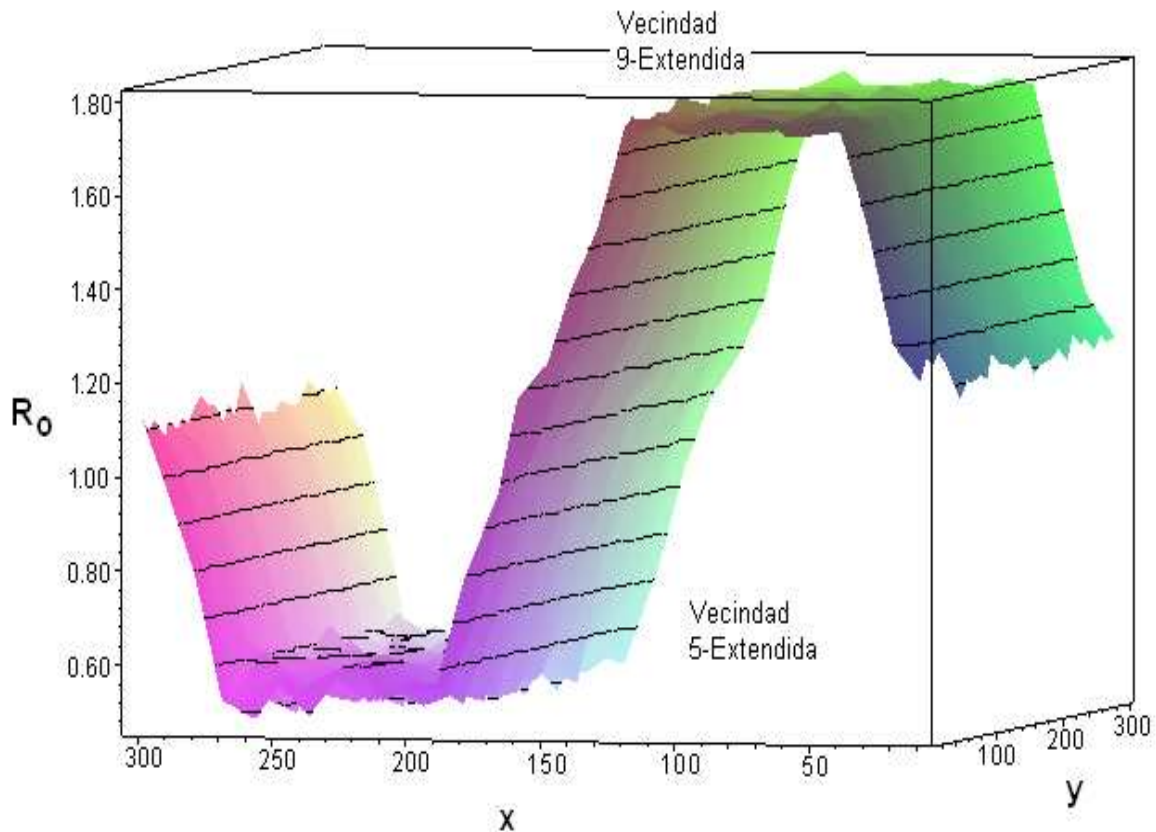
Gráfica 5.1.

Con este mapa geográfico de  $R_0$ 's podemos observar que si colocamos un individuo infectado en la población con vecindad 8-Extendida es muy probable que se produzca un brote epidémico, mientras que si es colocado en la población con vecindad 3-Extendida la probabilidad es mucho menor. Al calcular el parámetro  $R_0$  poblacional mediante el teorema 7 y tomando en cuenta las clases intermedias (con  $48 < |V| < 288$ ), tenemos que el valor del parámetro  $R_0$  poblacional es  $R_0 = 0,834$ . Es decir, si consideramos el promedio de los parámetros poblacionales, el valor del parámetro  $R_0$  nos indicaría que no hay brote epidémico, sin embargo el valor del parámetro  $R_0$  individual nos dice otra cosa. De hecho, si contabilizamos las células de la retícula para la cuales  $R_{0(i,j)} > 1$ , tenemos que para el 41 % de las células de la retícula  $R_{0(i,j)} > 1$ , entonces podemos asociar una probabilidad a la condición  $R_{0(i,j)} > 1$ . Podemos decir que en este ejemplo  $R_{0(i,j)} > 1$  con una probabilidad de 0.41, refiriéndonos con ésto a que si se repite el experimento un

número suficiente de veces,  $R_{0(i,j)} > 1$  en el 41 % de los casos. Pero más aún, podríamos decir que si el experimento se repite sólo una vez, la probabilidad de que se presente un brote epidémico en esa población es del 41 %. Esto nos da una idea más clara del comportamiento del sistema, ahora podemos hacer alusión a qué fracción de la población es más vulnerable a la enfermedad. Podríamos preguntarnos sobre la posibilidad de que el parámetro  $R_0$  poblacional siga siendo menor que uno, pero en más del 50 % de las células tengamos que  $R_{0(i,j)}$  es mayor que uno. En el ejemplo 5.5 se muestra este caso.

#### Ejemplo 5.4

Con la finalidad de destacar la importancia que tiene asociar una probabilidad al hecho de que  $R_0$  sea mayor (o menor), que uno, repetámos el mismo experimento del ejemplo anterior con los mismos valores de  $\beta$  y  $c$ , pero ahora considerando poblaciones con vecindades 9 – *Extendida* y 5 – *Extendida* de Moore, los resultados se presentan en la siguiente gráfica:



Gráfica 5.2.

Al calcular el valor del parámetro  $R_0$  poblacional mediante el teorema 7 encontramos que  $R_0 = 1,213$  lo cual indicaría que se presentaría un brote epidémico, sin embargo, al calcular la proporción de la población para la cual  $R_0 > 1$ , tenemos que  $R_0 > 1$  con una probabilidad de 0.62. Es decir, la probabilidad de que se presente un brote epidémico en esta población es del 62%. En el ejemplo 5.6 se muestra el caso en el que  $R_0$  poblacional es mayor que uno y sin embargo  $R_{0(i,j)}$  es menor que uno en más del 50% de las células.

**Ejemplo 5.5**

Consideremos una retícula de 200x100 sin frontera con la configuración que se muestra en la figura 5.1:

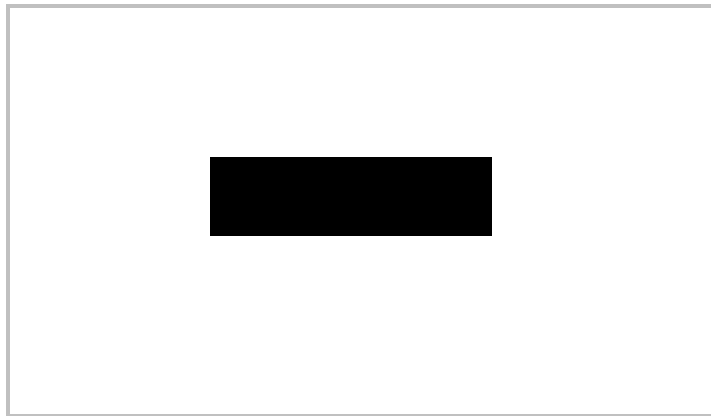


Figura 5.1

En la figura 5.1 se presenta una configuración que consta de dos clases de células, ambas clases con tamaño de vecindad  $|V| = 8$  (no necesariamente vecindad de Moore) y probabilidad de recuperación por unidad de tiempo  $c = 0,4$ , una de las clases compuesta por 18000 individuos con probabilidad de infectar dado el encuentro con un susceptible  $\beta = 0,055$  (en color blanco en la figura 5.1), y la otra clase compuesta por 2000 individuos con  $\beta = 1 \times 10^{-6}$  (en color negro en la figura 5.1). Aplicando el corolario 8 tenemos que el  $R_0$  poblacional está dado por:

$$R_0 = \frac{|V|}{c} \left( \frac{\sum_{i=1}^S \beta_i m_i}{N} \right),$$

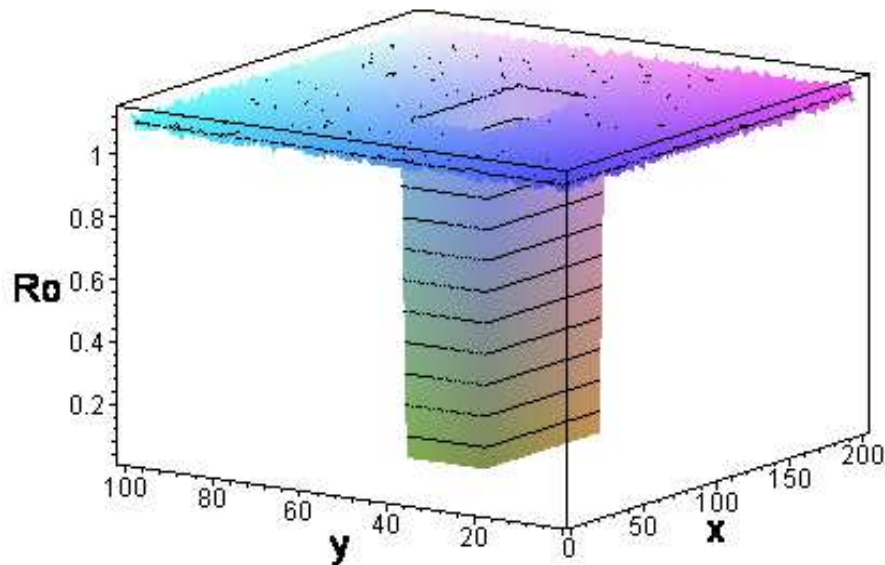
que en nuestro caso resulta ser:

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{8}{0,4} \left( \frac{(18000 * 0,055 + 2000 * 1 \times 10^{-6})}{20000} \right) \\ &= 0,990002, \end{aligned}$$

observamos que el valor de  $R_0$  poblacional es menor que uno, lo que nos llevaría a pensar que no se presentará brote epidémico, sin embargo observemos que el valor de  $R_{0(i,j)}$  para los individuos de la población con  $\beta = 0,055$ , los cuales representan el 90 % de la población total, es:

$$\begin{aligned} R_{0(i,j)} &= \frac{0,055}{0,4} 8 \\ &= 1,1 \end{aligned}$$

Tomando la configuración de la figura 5.3 y dejando actuar una unidad de tiempo la regla de transición, obtenemos el siguiente mapa de  $R_0$ 's :



Gráfica 5.3.

Este ejemplo nos muestra que aun cuando el valor del parámetro  $R_0$  poblacional es menor que uno, existen escenarios en los que el valor del parámetro  $R_0$  individual ( $R_{0(i,j)}$ ) es mayor que uno en un 90 % de las células. Dicho en otras palabras,  $R_{0(i,j)}$  es mayor que uno con una probabilidad del 90 % lo cual nos indica que con una probabilidad del 90 % se puede presentar un brote epidémico aun cuando el parámetro  $R_0$  poblacional no lo detecte. Con este ejemplo queremos hacer notar la importancia de calcular  $R_{0(i,j)}$ , así como de asignar una probabilidad al hecho de que  $R_{0(i,j)}$  sea mayor o menor que uno.

En el siguiente ejemplo mostramos que también se puede dar el caso contrario, es decir, una población con dos clases, una clase formada por unos pocos individuos cuyo parámetro

$R_{0(i,j)}$  es mayor que uno y una clase, que conforma la mayoría, con  $R_{0(i,j)}$  menor que uno, y sin embargo el valor del parámetro  $R_0$  poblacional resulta ser mayor que uno.

### Ejemplo 5.6

Consideremos el mismo tipo de retícula y el mismo tipo de configuración que los del ejemplo anterior, ahora cada célula con vecindad de tamaño  $|V| = 288$ , no necesariamente vecindad de Moore. La probabilidad de recuperación  $c = 0,35$ . Las 18000 células en color blanco, con probabilidad de transmitir la enfermedad por contacto con un susceptible  $\beta = 4.17 \times 10^{-4}$  y las 2000 células restantes, en color negro, con  $\beta = 0.015$ . Con estas condiciones calculamos el valor del parámetro  $R_0$  poblacional mediante el corolario 8 y obtenemos:

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{288}{0,35} \left( \frac{(18000 * 0,000417 + 2000 * 0,015)}{20000} \right) \\ &= 1,543104. \end{aligned}$$

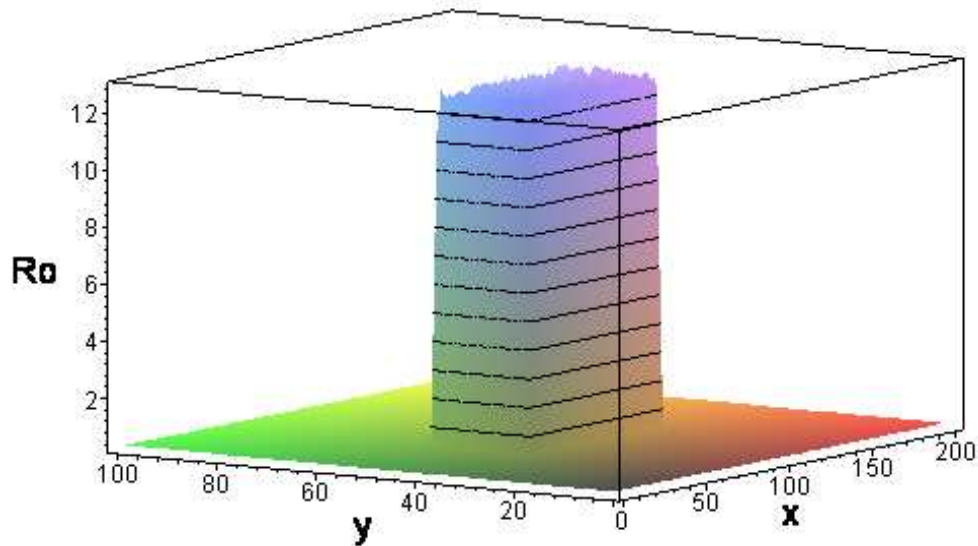
Ahora, calculemos el valor de  $R_0$  para los individuos con  $\beta = 4.17 \times 10^{-4}$ , los cuales representan al 90% de la población

$$\begin{aligned} R_0 &= \frac{288 (0,000417)}{0,35} \\ &= 0,343131429. \end{aligned}$$

Es decir el 90% de la población tiene un valor de  $R_0$  menor que uno y sin embargo el valor de  $R_0$  poblacional es mayor que uno.

Tomando la configuración de la figura 5.1 con los valores de  $\beta = 4.17 \times 10^{-4}$  para una de las poblaciones y  $\beta = 0.015$  para la otra población y el valor de  $c = 0,35$  dejamos actuar

la regla de transición una unidad de tiempo para obtener el siguiente mapa de  $R_0$ 's :



Gráfica 5.4.

En este ejemplo quisimos mostrar un caso en el que  $R_0$  sea menor que uno en el 90 % de las células que conforman la retícula, y sin embargo el valor de  $R_0$  poblacional es mayor que uno. Es decir, mientras el valor del parámetro  $R_0$  poblacional nos indica que se presentará un brote epidémico, esto sólo se presenta si el infectado inicial pertenece a una clase de células las cuales sólo representan el 10 % de la población. Dicho en otras palabras, la probabilidad de que se presente un brote epidémico en esta población es del 10 %.

Con estos ejemplos hemos mostrado que mediante el parámetro  $R_{0(i,j)}$  podemos analizar con mayor precisión características de poblaciones no homogéneas que el parámetro  $R_0$  poblacional no detecta. Es decir, el parámetro  $R_{0(i,j)}$  es una herramienta más fina que nos permite distinguir de una mejor manera las diferencias que se presentan en poblaciones no homogéneas.

## 5.4. Conclusiones

En este capítulo definimos el parámetro  $R_0$  individual como una cantidad que nos proporciona información local acerca del comportamiento del sistema. El parámetro  $R_0$  individual nos permite distinguir regiones con comportamientos distintos del sistema

cuando la población es heterogénea. A diferencia del parámetro  $R_0$  poblacional, del cual hablamos en el capítulo anterior, que nos proporciona información del comportamiento promedio del sistema, el parámetro  $R_0$  individual nos define de manera precisa lo que se esperaría del sistema si el infectado inicial se colocara en una célula en particular. El parámetro  $R_0$  individual hace posible distinguir regiones de la retícula donde la enfermedad tiene diferentes probabilidades de establecerse, y con esto elaborar mapas geográficos de  $R_0$ 's. Es importante señalar que al contar con estos mapas de  $R_0$ 's se pueden tomar medidas de control de la enfermedad dirigidas a lugares específicos y de esta manera hacer más efectivas dichas medidas.

En el siguiente capítulo abordaremos el caso de poblaciones en las cuales uno, o varios, de sus parámetros presenta variaciones en el tiempo. Esto hace que los parámetros hasta ahora definidos ( $R_0$  poblacional y  $R_{0(i,j)}$  individual), no capturen la dinámica de esos sistemas haciendo necesario definir otro tipo de herramientas que nos permitan estudiar estos sistemas, proporcionándonos información de los mismos no sólo para la primera unidad de tiempo.





# Capítulo 6

## $R_0^t$ poblacional y, $R_0^t$ y $R_0^{tf}$ individual

En el capítulo anterior hicimos notar particularidades de algunos sistemas que hacen que el parámetro  $R_0$  poblacional pudiera no ser la mejor herramienta que nos permita diferenciar si el sistema presenta, o no, un brote epidémico. También vimos que mediante la definición del parámetro  $R_0$  individual tenemos una herramienta que puede detectar algunos efectos provocados por la heterogeneidades en los sistemas. Sin embargo, existen otro tipo de particularidades que aún el parámetro  $R_0$  individual no puede detectar. En este capítulo estudiaremos algunos sistemas con características, que no son detectados por el parámetro  $R_0$  poblacional, ni por el parámetro  $R_0$  individual. Esto hará necesario definir herramientas más fina que capturen ese tipo de particularidades de estos sistemas y nos permita conocer la dinámica del mismo. De esta forma, definiremos tres parámetros, cada uno de los cuales nos permitirá estudiar diferentes tipos de sistemas.

### 6.1. $R_0^t$ poblacional

Algunas inquietudes que surgen después de la lectura de los capítulos anteriores son: ¿por qué tomar sólo la primera unidad de tiempo para calcular el parámetro  $R_0$  en autómatas celulares?, ¿es posible que el parámetro  $R_0$  individual desestime efectos que no se presentan en la primer unidad de tiempo? En realidad hemos definido los parámetros  $R_0$  poblacional e individual para la primera unidad de tiempo como una medida de la “*fuera de arranque*” de la enfermedad a nivel general y local, respectivamente. Sin embargo, requerimos de una herramienta que capture la dinámica de los sistemas más allá de la primera unidad de tiempo, como quedó de manifiesto en el capítulo 4, cuando se habló de vecindades asimétricas y se vió la limitación que presenta el parámetro  $R_0$  poblacional para detectar efectos que no se presenten en la primera unidad de tiempo.

### 6.1.1. Motivación

Hasta ahora, hemos definido dos parámetros para autómatas celulares que nos permiten conocer la fuerza de arranque de los sistemas, sin embargo podría darse el caso de poblaciones que presenten variabilidad con el tiempo u otros efectos, como veremos más adelante, esta variabilidad o efectos no son captados por los parámetros definidos hasta ahora. Podríamos pensar, por ejemplo, en una población que reacciona ante la presencia de un brote epidémico reduciendo su vecindad de interacción (y por lo tanto reduciendo el valor del parámetro  $R_0$  poblacional); o, por ejemplo pensemos en una población de tamaño constante donde se presenta el brote de alguna enfermedad contagiosa que produce inmunidad en los individuos recuperados, sistema SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado). Estos efectos no se detectarán en la primera unidad de tiempo (véase ejemplo 6.1).

### 6.1.2. Definición de $R_0^t$ poblacional

Nuestro propósito es definir una cantidad que nos proporcione información de la evolución en el tiempo del sistema cuando iniciamos con un infectado promedio. Una forma de definir esta cantidad es comparando el flujo promedio de entrada a la clase de infectados contra el flujo promedio de salida de la clase de infectados, desde el arranque del sistema hasta el tiempo  $t$ . De esta manera damos la siguiente definición.

**Definición 10** Sea  $A(C, V, F)$  un sistema de autómatas celulares con la condición inicial  $S(0) = N - 1$  e  $I(0) = 1$ , colocando al infectado inicial en cualquiera de las células de la retícula. Definimos el parámetro  $R_0^t$  poblacional como el cociente entre el flujo promedio total de entrada de individuos a la clase  $I$  entre el flujo promedio total de salida de individuos de la clase  $I$ , desde el arranque del sistema hasta el tiempo  $t$ .

Obsérvese que el parámetro  $R_0^t$  poblacional contabiliza tanto las infecciones directas (producidas por el infectado inicial) como las indirectas (producidas por cualquier otro infectado). Otra observación es que si  $t = 1$ , el parámetro  $R_0^t$  poblacional coincide con el parámetro  $R_0$  poblacional definido en el capítulo 4.

Con la finalidad de encontrar una expresión analítica lo más general posible para el cálculo del parámetro  $R_0^t$  poblacional en poblaciones homogéneas, consideremos lo siguiente:

Partimos de un sistema compuesto por  $N$  individuos, al tiempo  $t = 0$  se tienen  $I(0) = I^0$  individuos infectados y  $S(0) = S^0$  individuos susceptibles, supongamos que la probabilidad de que un individuo infectado transmita la enfermedad dado que tuvo contacto con un susceptible ( $\beta$ ), es función del tiempo, lo cual denotaremos como  $\beta(t = k) = \beta^k$  para  $k \geq 0$ , y supongamos que la probabilidad por unidad de tiempo de que

un individuo infectado se recupere ( $c$ ), también es función del tiempo, lo cual denotaremos como  $c(t = k) = c^k$  para  $k \geq 0$ . Pero tanto  $\beta^k$  como  $c^k$  son los mismos para cada célula de la retícula al tiempo  $t$ , es decir, la población es homogénea para cada  $t$ . Si en una unidad de tiempo cada individuo tiene contacto con los  $N - 1$  restantes, entonces el número de susceptibles e infectados totales al tiempo  $k$  está dado por

$$\begin{aligned} S^k &= (1 - \beta^{k-1})^{I^{k-1}} [S^{k-1} + I^{k-1}c^{k-1}] \\ I^k &= \left[ 1 - (1 - \beta^{k-1})^{I^{k-1}} \right] S^{k-1} + I^{k-1} (1 - c^{k-1}). \end{aligned}$$

Donde  $]I^{k-1}[$  es el valor numérico de  $I$  al tiempo  $k - 1$ .

Observemos que

$$\left[ 1 - (1 - \beta^{k-1})^{I^{k-1}} \right] S^{k-1}$$

puede verse como el flujo de entrada de nuevos individuos a la clase  $I$  al tiempo  $k$ . Similarmen-

$$I^{k-1}c^{k-1}$$

te puede verse como el flujo de salida de infectados de la clase  $I$  al tiempo  $k$ . Ahora, como deseamos comparar los flujos acumulados hasta el tiempo  $t$ , entonces tenemos la siguiente expresión para el cálculo de  $R_0^t$  poblacional.

$$R_0^t = \frac{\sum_{k=1}^t \left[ 1 - (1 - \beta^{k-1})^{I^{k-1}} \right] S^{k-1}}{\sum_{k=1}^t I^{k-1}c^{k-1}}. \quad (6.0)$$

Es claro que si el flujo total de entrada de nuevos individuos a la clase  $I$  es mayor que el flujo total de salida, es decir si  $R_0^t > 1$ , para algún tiempo  $t$ , entonces el número de infectados se ha incrementando desde el arranque del sistema ( $t = 0$ ), hasta el tiempo  $t$ , y el sistema se estará alejando del equilibrio trivial. Similarmente, si el flujo total de entrada a la clase  $I$  es menor que el flujo total de salida de la clase  $I$  para algún tiempo  $t$ , es decir si  $R_0^t < 1$ , entonces el número de infectados ha decrecido desde el arranque del sistema ( $t = 0$ ), hasta el tiempo  $t$ , y el sistema se estará aproximando al equilibrio trivial.

Es importante resaltar que la expresión 6.0 sólo es válida bajo el supuesto de que cada célula de la retícula tiene contacto con el resto de las células. En el caso de que no sea así, es decir, si la vecindad de algún subconjunto de células no es el resto de las células de la retícula, es muy complicado obtener una expresión que nos permita calcular el valor del

parámetro  $R_0^t$  poblacional en forma analítica. Sin embargo, mediante el uso de autómatas celulares sólo hay que llevar la contabilidad de infectados y recuperados, lo que hace que numéricamente sea relativamente sencillo hacer su cálculo.

La ventaja de contar con una herramienta que nos proporcione información de cómo se han dado los flujos promedio de entrada a la clase  $I$  con respecto a los flujos promedio de salida de la misma clase desde el arranque del sistema hasta el tiempo  $t$ , es que nos permite evaluar el crecimiento o decrecimiento de la clase  $I$  con respecto al tiempo y, de esta manera, tener una idea más general del comportamiento del sistema.

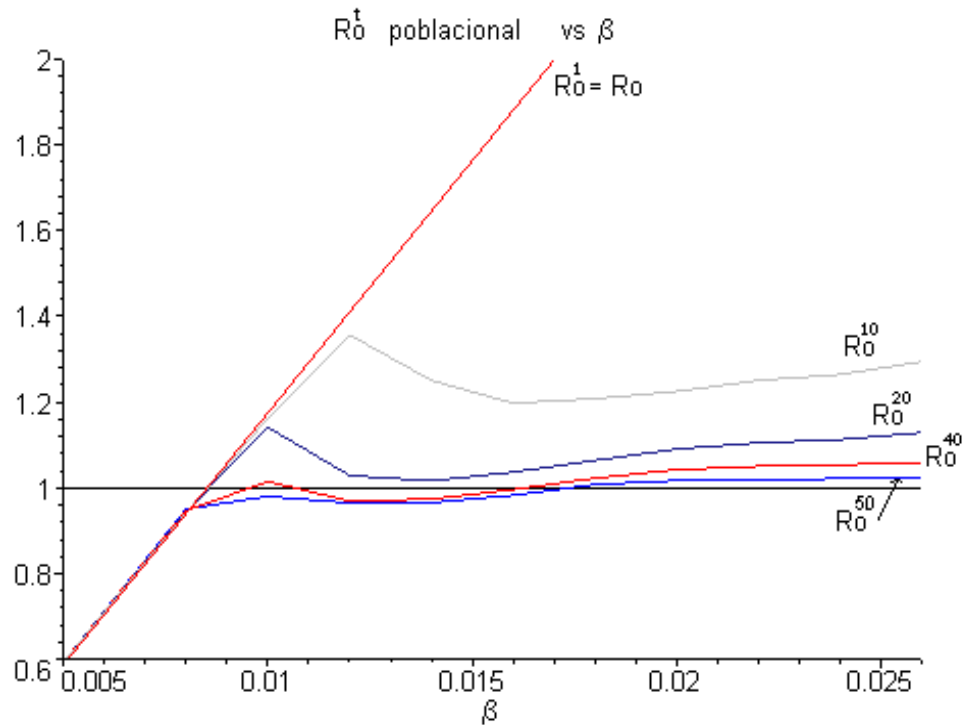
En seguida veremos algunos ejemplos que nos permiten comparar la información que nos proporciona cada una de las cantidades (parámetros), hasta ahora definidas.

### 6.1.3. Ejemplos

#### Ejemplo 6.0

Consideremos una retícula sin frontera de  $100 \times 50$  con la condición inicial  $S^0 = N - 1$  e  $I^0 = 1$ , cada célula de la retícula con vecindad  $|V| = 48$  no necesariamente vecindad de Moore, en el momento que el número de infectados es igual o mayor al 1% de la población total, se emite una alerta y todos los individuos reducen su vecindad a la mitad. Consideremos que la probabilidad de recuperación por unidad de tiempo es  $c = 0,4$ . Colocamos al individuo infectado en forma aleatoria dentro de la retícula y repetimos el experimento 50000 veces, dejando actuar la regla de transición 50 unidades de tiempo. Esto lo repetimos para diferentes valores de  $\beta$ . En la siguiente figura se presentan las gráficas de interpolación de los valores obtenidos de  $R_0^t$  poblacional para diferentes valores

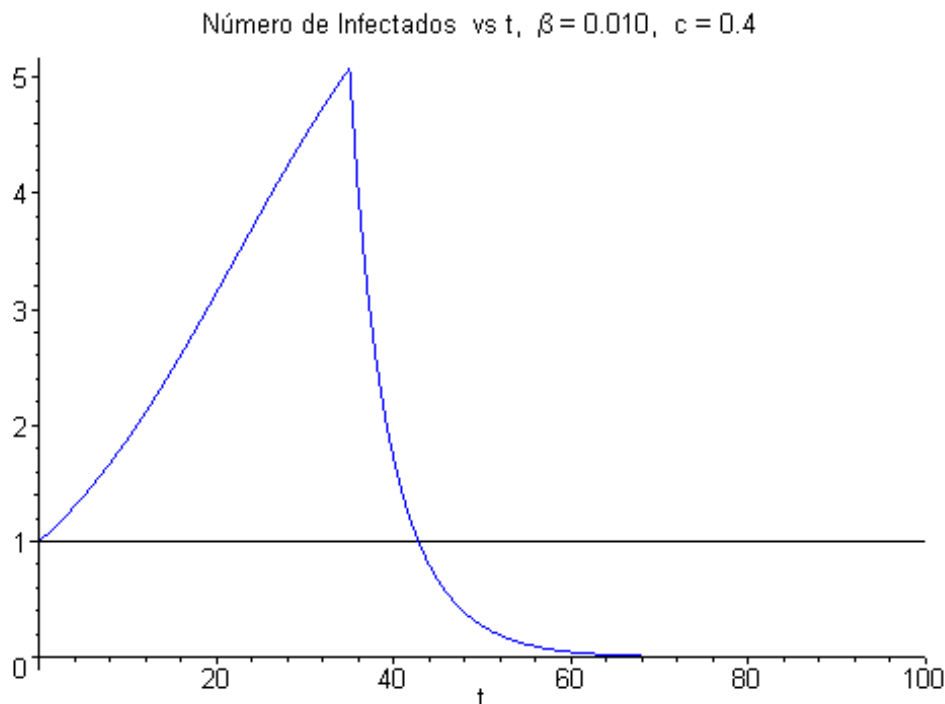
de  $\beta$ .



Gráfica 6.0

En esta gráfica podemos observar que tanto el parámetro  $R_0$  poblacional como  $R_0^t$  poblacional con  $t \leq 40$  indican que para  $\beta = 0,01$  se presenta un brote epidémico, en realidad ese brote tiene poca duración, ya que podemos observar que  $R_0^{50} < 1$  para  $\beta = 0,01$  y en general para ese valor de  $\beta$ ,  $R_0^t < 1$  si  $t \geq 42$ . Esta última afirmación la hacemos al analizar la siguiente gráfica donde presentamos el número de infectados como función del

tiempo para  $\beta = 0,01$ .



Gráfica 6.1

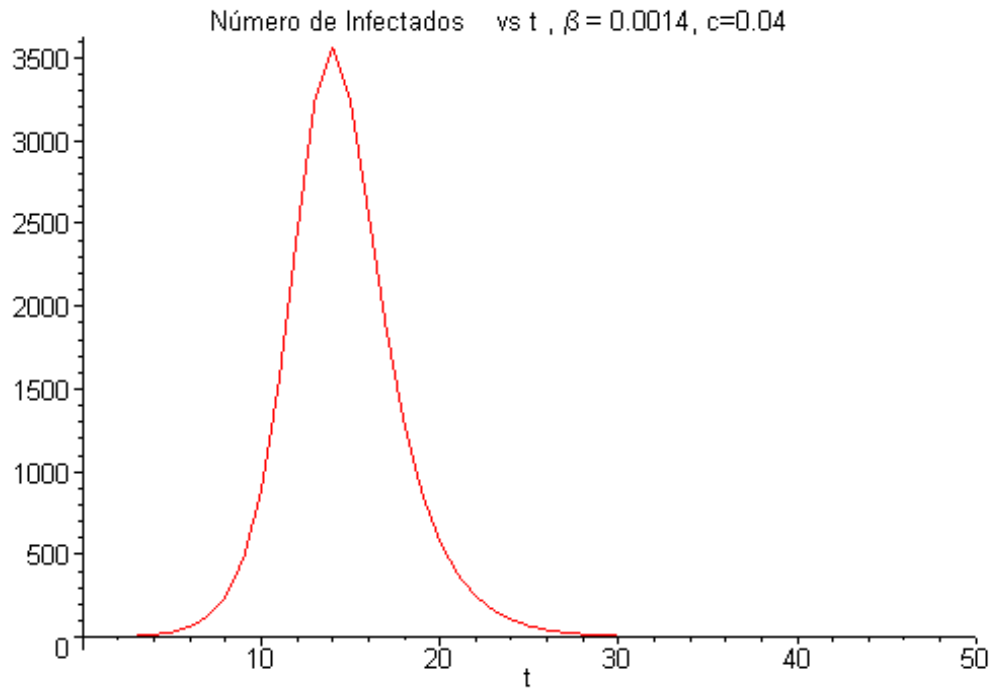
En esta gráfica podemos observar que para el valor de  $\beta = 0,01$ , el número de infectados crece durante cierto tiempo, para después decrecer e irse a cero. De esta manera, lo que en un principio parecía ser un brote epidémico se observa que finalmente se convierte en la extinción de la enfermedad. En este ejemplo podemos ver la importancia de contar con una herramienta que nos permita ver más allá de la primera unidad de tiempo del sistema, con la finalidad de hacer afirmaciones más precisas sobre el comportamiento del mismo.

En el siguiente ejemplo mostramos otra situación donde nuevamente queda de manifiesto que los parámetros definidos para la primera unidad de tiempo no siempre son la mejor herramienta para el análisis de algunos sistemas.

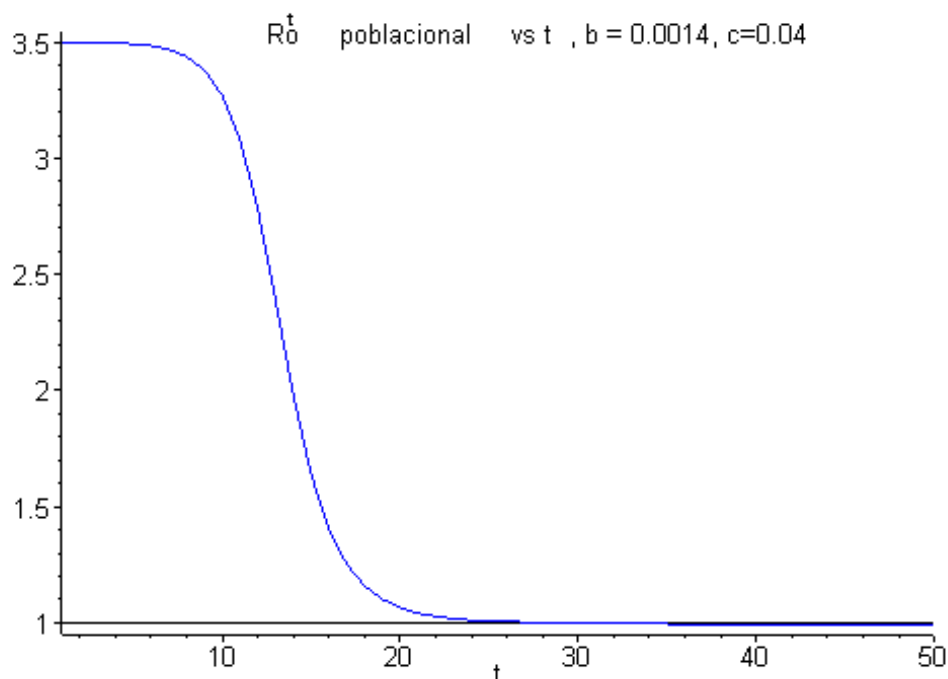
### **Ejemplo 6.1 (Un Sistema SIR)**

Considere una retícula sin frontera de  $100 \times 100$  con la condición inicial  $S^0 = N - 1$  e  $I^0 = 1$ , cada célula de la retícula tiene contacto con las  $N - 1$  células restantes, la probabilidad de infección de un susceptible dado que tuvo contacto con un infectado  $\beta = 0,0014$ , y la probabilidad de recuperación por unidad de tiempo  $c = 0,04$ . Los individuos recuperados adquieren inmunidad a la enfermedad, es decir, no vuelven a ser susceptibles. Se coloca un individuo infectado en forma aleatoria dentro de la retícula y se deja actuar la

regla de transición 50 unidades de tiempo, se repite el experimento 100,000 veces para que el infectado inicial ocupe cada célula en promedio diez veces. Los resultados se presentan en las siguientes gráficas:



Gráfica 6.2



Gráfica 6.3

En la gráfica 6.2 se observa que el número de infectados crece inicialmente, sin embargo después de un tiempo este número comienza a decrecer, tendiendo a cero. En la gráfica 6.3 observamos que el valor del parámetro  $R_0^t$  comienza siendo mayor que uno, sin embargo va decreciendo conforme  $t$  crece, hasta que aproximadamente en  $t = 35$  pasa de ser mayor que uno a menor que uno. En este ejemplo analizamos un sistema para el cual el parámetro  $R_0^t$  poblacional para  $t < 35$  nos indica que se presentará un brote epidémico, sin embargo para  $t > 35$  nos indica que no hay brote epidémico y que la solución del sistema con la condición inicial dada tiende al equilibrio trivial. Este efecto se explica al observar que los infectados que se recuperan no regresan al sistema, es decir no vuelven a ser susceptibles, así al incrementarse el número de infectados también aumenta el número de recuperados y el número de susceptibles decrece, habiendo cada vez menos susceptibles por infectar. De esta manera, llega el momento en que son tan pocos los susceptibles que el número de nuevos infectados comienza a decrecer produciéndose así cada vez un menor número de infectados, hasta el punto que los infectados se extinguen y el sistema tiende a un equilibrio trivial.

Mediante estos ejemplos ilustramos dos situaciones donde queda de manifiesto la im-



portancia de contar con una herramienta que nos dé información del sistema más allá de la primera unidad de tiempo.

En las siguientes secciones se desarrollan dos herramientas más que nos permitirán analizar sistemas con poblaciones no homogéneas y poblaciones con variaciones en el tiempo.

## 6.2. $R_0^t$ individual

En el capítulo anterior se definió el parámetro  $R_0$  individual para la primera unidad de tiempo ( $R_{0(i,j)}$ ), a partir de observar la necesidad de contar con una herramienta más fina que nos permitiera detectar el efecto de las heterogeneidades dentro de la población. Además, se observaron casos para los cuales el parámetro  $R_0$  poblacional, debido a que es un parámetro que promedia los parámetros de la población, no detecta heterogeneidades poblacionales. En esta sección analizamos la necesidad de definir el parámetro  $R_0^t$  individual y damos ejemplos donde se hace evidente su importancia.

### 6.2.1. Motivación

En esta sección nos damos a la tarea de definir el parámetro  $R_0^t$  individual, el cual puede darnos información precisa del desarrollo del sistema a través del tiempo cuando la infección se inicia en un lugar específico dentro de la retícula, esto es particularmente útil cuando se tratan de estudiar poblaciones con algún tipo de heterogeneidad o poblaciones que presentan algún tipo de variación en algunos de sus parámetros con respecto al tiempo, como se verá más adelante.

El siguiente ejemplo tiene como finalidad hacer evidente una situación en la cual el parámetro  $R_{0(i,j)}$  podría darnos información que no refleja el comportamiento del sistema a largo plazo.

#### **Ejemplo 6.2**

Consideremos una retícula sin frontera de  $100 \times 50$  formada por dos clases de individuos, los individuos de la clase uno (en color negro en la figura 6.0), con probabilidad de infectar  $\beta = \beta$  e individuos de la clase dos (en color gris en la figura 6.0), con probabilidad  $\beta = 2\beta$ , esto hace que vistas como dos poblaciones diferentes el valor de su parámetro  $R_0$  sea diferente. Supongamos que ambas poblaciones tienen vecindad  $1 - \textit{Extendida}$  de Moore y probabilidad de recuperación  $c$ .

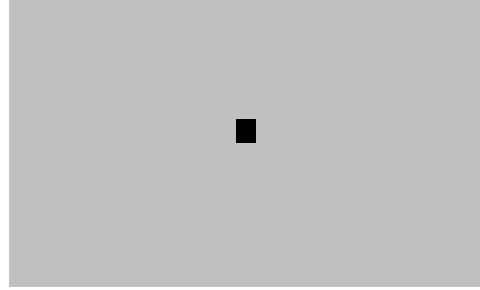


Figura 6.0

La clase uno, en color negro, consta de un único individuo con  $\beta = \beta'$ , y el resto de las células de la clase dos con  $\beta = 2\beta'$ . Se inicia con un individuo infeccioso colocado en la célula negra. Calculamos el valor de  $R_0$  para cada una de las clases. Así, para la clase uno tenemos que:

$$R_0 = \frac{8\beta'}{c}, \quad (6.1)$$

y para la clase dos

$$R_0 = \frac{16\beta'}{c}. \quad (6.2)$$

Es claro que si iniciamos con un individuo infectado cuyo parámetro  $R_0$  está dado por la expresión (6.1), y dejamos actuar la regla de transición una unidad de tiempo, la probabilidad de infectar a un susceptible es la mitad de la probabilidad que tiene cualquiera de sus vecinos de infectar a un susceptible. Es decir, como  $R_{0(i,j)} < 1$  para el infectado inicial, es poco probable que éste infecte a algún individuo de su vecindad, pero si llegara a suceder esto, el número de infectados crecerá rápidamente debido a que  $R_{0(i,j)} > 1$  para cualquiera de sus vecinos. Este ejemplo hace evidente nuevamente que definir  $R_0$  para la primera unidad de tiempo, en algunos casos podría desestimar aspectos importantes del sistema. Por otro lado, si calculamos  $R_0^t$  poblacional para este ejemplo, al promediar los parámetros de los individuos, ese promedio será muy cercano al valor de los parámetros de la segunda clase, es decir, este parámetro ignorará el efecto que pudiera producir el único individuo de la clase uno. Es por esto que proponemos la definición del parámetro  $R_0^t$  individual definido para dos o más unidades de tiempo. Esto lo hacemos en la siguiente definición.

### 6.2.2. Definición de $R_0^t$ individual

Queremos definir un parámetro que nos proporcione información del comportamiento de sistemas para tiempos mayores que uno, aun cuando estos sistemas presenten hetero-

geneidades, cuando se inicia con un individuo infectado en la posición  $(i, j)$  de la retícula. Deseamos que dicho parámetro nos indique si se está presentando una acumulación de individuos en la clase de infectados (es decir, si han entrado más de los que han salido), o si, por el contrario, se está presentando una reducción en los mismos. Mediante el uso de autómatas celulares es fácil implementar un mecanismo que nos contabilice el número de infecciones nuevas y recuperaciones para cada unidad de tiempo y de una manera sencilla llevar memoria de esas cantidades con la finalidad de poder compararlas en un cierto instante. Observando lo anterior, damos la siguiente definición.

**Definición 11** *Sea  $A(C, V, F)$  un sistema de autómatas celulares con la condición inicial  $S(0) = N - 1$  e  $I(0) = 1$  en la posición  $(i, j)$  de la retícula. Definimos el parámetro  $R_0^t$  individual como el cociente entre el flujo total de entrada de individuos a la clase  $I$  entre el flujo total de salida de individuos de la clase  $I$ , desde el arranque del sistema hasta el tiempo  $t$ .*

Obsérvese que a diferencia del parámetro  $R_{0(i,j)}$  definido en el capítulo anterior, en este caso, aun cuando el parámetro  $R_0^t$  individual también está ligado a la posición del infectado inicial, no usamos subíndices, esto con la finalidad de no complicar más la notación. Sin embargo, haremos referencia a la posición del infectado inicial dentro de la retícula y haremos referencia de que se trata del parámetro  $R_0^t$  individual.

De esta forma, y de acuerdo con la definición anterior, el parámetro  $R_0^t$  individual estaría contabilizando no sólo las infecciones directas (las que produce el infectado inicial), sino también las infecciones indirectas producidas por aquellos susceptibles que se infectaron alguna unidad de tiempo posterior.

Una observación importante es que si tomamos la condición inicial  $I^0 = 1$  en la posición  $(i, j)$  y  $S^0 = N - 1$ , entonces  $R_0^1$  calculado mediante la expresión 6.2 coincide con la expresión del parámetro  $R_{0(i,j)}$  individual, descrito en el capítulo anterior.

A continuación presentaremos algunos ejemplos que ilustran la importancia del parámetro  $R_0^t$  individual.

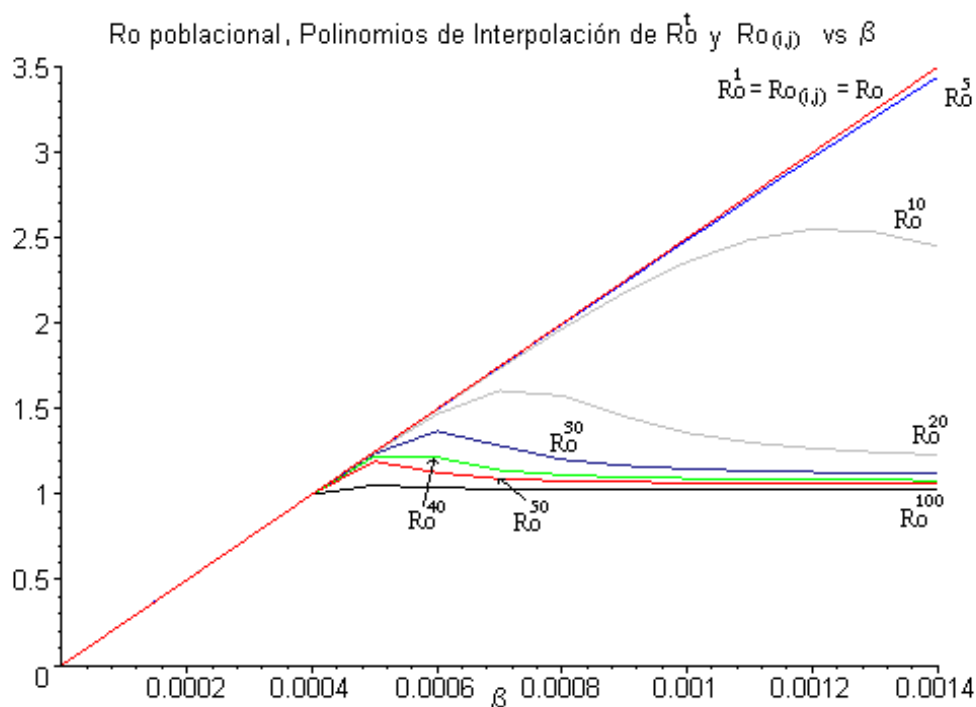
### 6.2.3. Ejemplos

En este primer ejemplo mostramos un sistema homogéneo al cual se le calculan los valores de los parámetros  $R_0$  poblacional y  $R_0^t$  individual para diferentes valores de  $\beta$  y diferentes valores de  $t$  (en el caso de  $R_0^t$ ), y se comparan los valores obtenidos.

#### Ejemplo 6.3

Consideremos una retícula sin frontera de 50x20 en la que la población es homogénea en todo tiempo (esto permite colocar al individuo inicial en cualquier posición de la retícula

sin afectar el resultado), y cada individuo tiene contacto con los  $N - 1$  restantes. Tomemos  $c = 0,4$  y  $\beta$  constante para todo  $t$ , dejemos actuar la regla de transición  $t$  unidades de tiempo. Repetimos el experimento 10000 veces para cada valor de  $\beta$ , lo que nos genera para cada valor de  $t$  una serie de puntos que cambian con respecto a  $\beta$ . Si interpolamos dichos puntos mediante polinomios usando el método de mínimos cuadrados, obtenemos las gráficas que se presentan a continuación.



Gráfica 6.4

Al analizar la gráfica anterior podemos observar varias cosas: 1. Como se había comentado anteriormente, el valor de  $R_0^1$  individual coincide con el valor  $R_{0(i,j)}$  para cada valor de  $\beta$  analizado y, como la población es homogénea, también coincide con el valor de  $R_0$  poblacional, además  $R_0^t$  poblacional coincide con el valor de  $R_0^t$  individual en cada valor de  $t$ ; 2. Si calculamos el valor de  $\beta_1$  para este sistema observamos que  $R_0^t$  individual tiene un comportamiento lineal para  $\beta < \beta_1$  (en este caso  $\beta_1 = 0,0004$ ) y  $R_0^t = 1$  en  $\beta = \beta_1$  para todo  $t$ ; 3. Para valores de  $\beta > \beta_1$  tanto  $R_0^t$  individual como  $R_0$  poblacional son mayores que uno, mientras que si  $\beta < \beta_1$  ambos son menores que uno. Es decir, en poblaciones homogéneas sin variabilidad temporal tanto  $R_0^t$  individual como  $R_0$  poblacional nos indican si la solución del sistema con la condición inicial dada se aleja o se acerca al equilibrio trivial; y 4. Puede observarse que  $R_0^t$  individual tiende a uno cada vez con mayor rapidéz

al incrementarse  $t$ , lo que nos da una medida de la velocidad con la que el sistema alcanza su nivel de equilibrio.

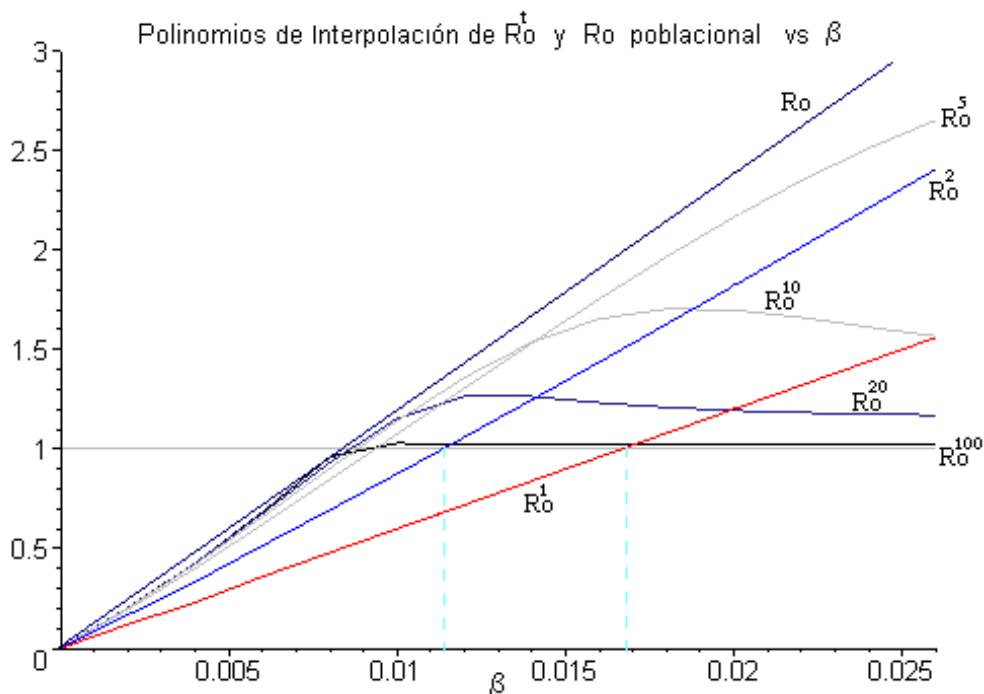
En el ejemplo anterior se ha mostrado un sistema para el cual se graficaron los valores de  $R_0^t$  individual para diferentes valores de  $\beta$  y se comparó con la gráfica de  $R_{0(i,j)}$  y  $R_0$  poblacional, observándose que para  $\beta > \beta_1$ , tanto  $R_0^t$  como  $R_{0(i,j)}$  y  $R_0$  poblacional son mayores que uno, en este ejemplo se observa que  $R_0^1$  sobreestima a  $R_0^t$  para  $t > 1$ , sin embargo, como se verá en el siguiente ejemplo esto no siempre es así.

#### Ejemplo 6.4

Retomemos el ejemplo que motivó esta sección (ejemplo 6.2), y hagamos su planteamiento de la siguiente manera:

Consideremos una población que consta de  $N$  individuos, divididos en dos clases. Los individuos de la primera clase, de los cuales hay  $N - 1$ , con vecindad de tamaño  $|V_1|$ , y los individuos de la segunda clase, de los cuales sólo hay sólo uno, con vecindad de tamaño  $|V_2|$ . Además, supongamos que  $|V_1|$  es tal que  $|V_2| = \frac{|V_1|}{2}$  es entero y colocamos al infectado inicial en la segunda clase, es decir con una vecindad de la mitad de tamaño que el resto de los individuos. Para este ejemplo partimos de una retícula de  $100 \times 100$ , es decir  $N = 10000$ , tomamos  $|V_1| = 48$ ,  $c = 0,4$  para todo  $t$ , dejamos actuar la regla de transición  $t$  unidades de tiempo y calculamos  $R_0^t$  individual en forma numérica para diferentes valores de  $\beta$  ( $\beta$  constante para todo  $t$ ), y para diferentes valores de  $t$ . A partir de los resultados obtenidos numericamente se encontraron los polinomios interpolantes. En las siguiente figura se muestran las gráficas de los polinomios de interpolación correspondientes a cada

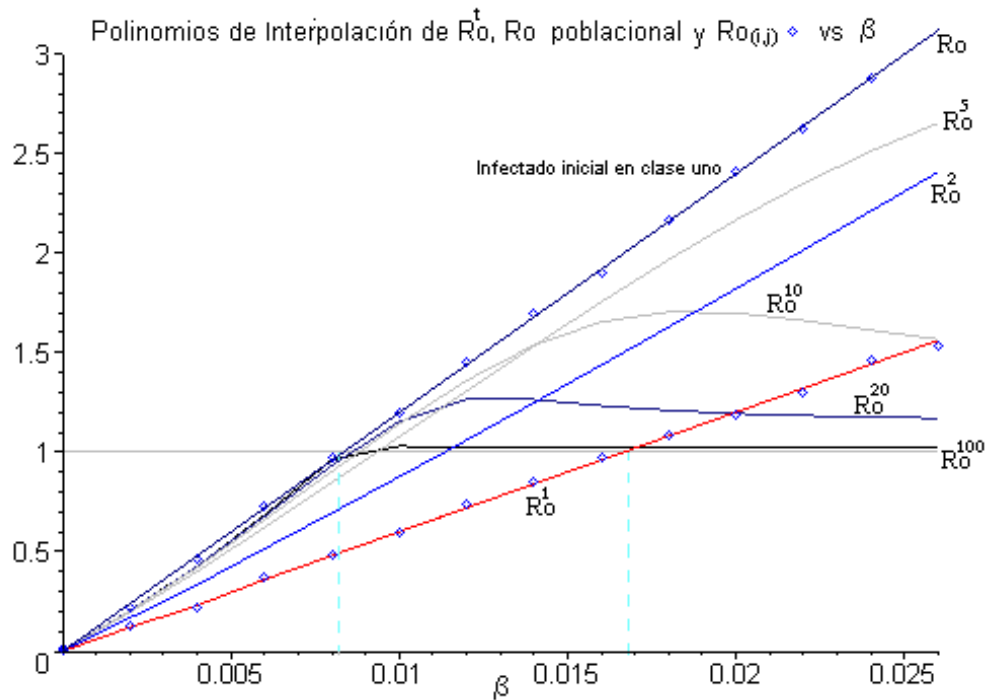
$R_0^t$  individual.



Gráfica 6.5

Observemos que en este ejemplo estamos tratando una población heterogénea, es decir uno de los parámetros no es el mismo para toda la población, por lo que aun cuando  $R_0^1 = 1$  para  $\beta = \frac{1}{60}$ , se puede ver que en general  $R_0^t \neq 1$  para dicho valor de  $\beta$  cuando  $t > 1$ . Además, puede observarse que si tomamos un valor de  $\beta$  mayor que 0,012 y menor que 0,016, el valor de los parámetros  $R_0^1$  individual y el valor de  $R_{0(i,j)}$  son menores que uno, lo que nos indicaría que no hay brote epidémico en esa población, sin embargo, los valores de  $R_0^2$ ,  $R_0^5$ ,  $R_0^{10}$ ,  $R_0^{20}$  y  $R_0^{100}$  individuales y el del  $R_0$  poblacional son mayores que uno, es decir, la enfermedad empieza a propagarse con poca fuerza durante la primera unidad de tiempo, sin embargo toma mayor fuerza después de esa primera unidad de tiempo. En este ejemplo hemos mostrado la importancia de conocer el valor de  $R_0^t$  individual para  $t > 1$ . Además, hemos visto un caso en el que, para ciertos valores de los parámetros, aun cuando el valor del parámetro  $R_0^1$  individual indica que no se presentará brote epidémico, la realidad es que sí se presenta. Podríamos preguntarnos ¿qué nos diría el mapa de  $R_0$ 's en este ejemplo? Es claro que si el infectado inicial es colocado en la segunda clase, el valor de  $R_{0(i,j)}$  para esta célula coincide con el valor de  $R_0^1$ , como se ha mencionado; sin embargo, si el infectado inicial es colocado en la segunda clase, la gráfica de  $R_{0(i,j)}$  estaría

muy cercana al valor de  $R_0$  poblacional, ya que la influencia de la célula con vecindad de tamaño 24 es casi despreciable. Con respecto al valor de  $R_0^t$  poblacional podríamos decir que para la primera unidad de tiempo coincide con el valor de  $R_0$  poblacional y como el valor promedio de los parámetros del sistema es invariable con el tiempo, las gráficas de  $R_0^t$  poblacional toman el valor de uno para el mismo valor de  $\beta$  que lo hace  $R_0$  poblacional, y sólo van a presentar cambio en la velocidad con la que tienden a uno. Con la finalidad de observar cómo se compara  $R_{0(i,j)}$  con  $R_0^t$  individual si el infectado inicial se coloca en la clase uno, se presenta la siguiente gráfica, en la cual se muestran los mismos polinomios interpolantes que en la gráfica anterior pero adicionalmente se grafican los valores de  $R_{0(i,j)}$  para los casos en que el infectado inicial es colocado en la clase uno y para el caso en que el infectado inicial es colocado en la clase dos. Estas dos últimas gráficas se presentan punteadas.



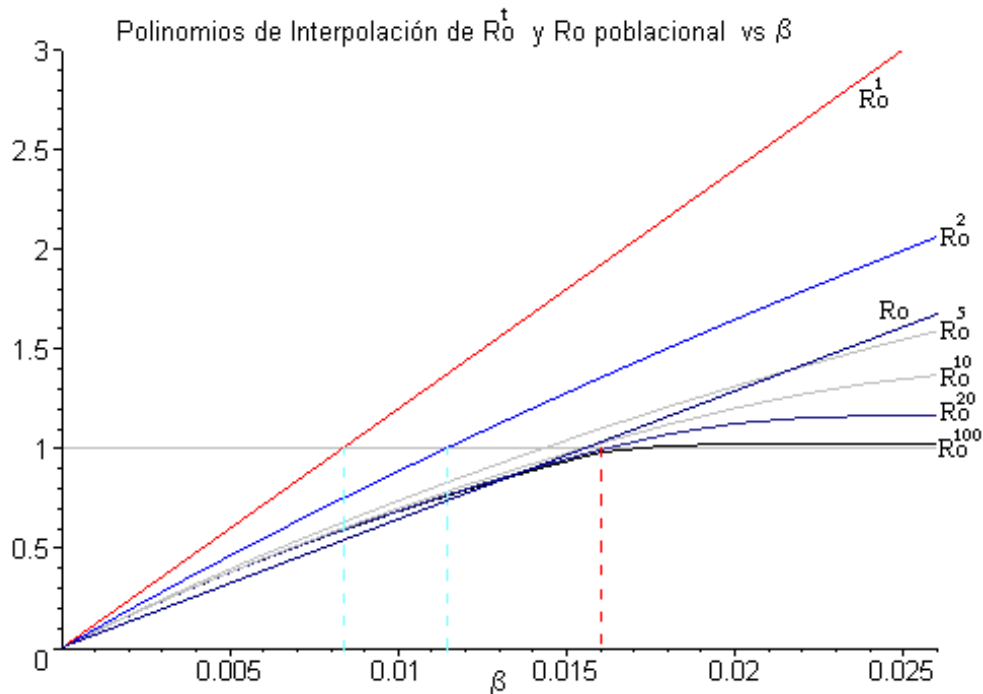
Gráfica 6.6

En esta gráfica podemos ver que si el infectado inicial es colocado en la clase uno para  $0,009 \leq \beta \leq 0,016$  el valor de  $R_{0(i,j)}$  es mayor que uno con una probabilidad de 0.999, y sólo para  $\beta > 0,017$ ,  $R_{0(i,j)}$  es mayor que uno con probabilidad uno, es decir el sistema se aleja del equilibrio trivial. Sin embargo, como se vió anteriormente, esto ocurre para valores de  $\beta > 0,012$ , sólo que hay que esperarse más de una unidad de tiempo.

De igual manera podríamos pensar en un ejemplo para el cual el parámetro  $R_0^1$  individual sea mayor que uno, y sin embargo, para  $t > 1$ ,  $R_0^t$  individual sea menor que uno, es decir la solución del sistema tienda al equilibrio trivial. En el siguiente ejemplo se muestra esta situación.

### Ejemplo 6.5

Si repetimos el experimento pero ahora invirtiendo el tamaño de las vecindades, es decir ahora el infectado inicial tiene una vecindad de tamaño 48 y todos los demás tienen vecindad de tamaño 25, con los mismos valores de los parámetros que el ejemplo anterior, obtenemos la siguiente gráfica para los polinomios de interpolación.



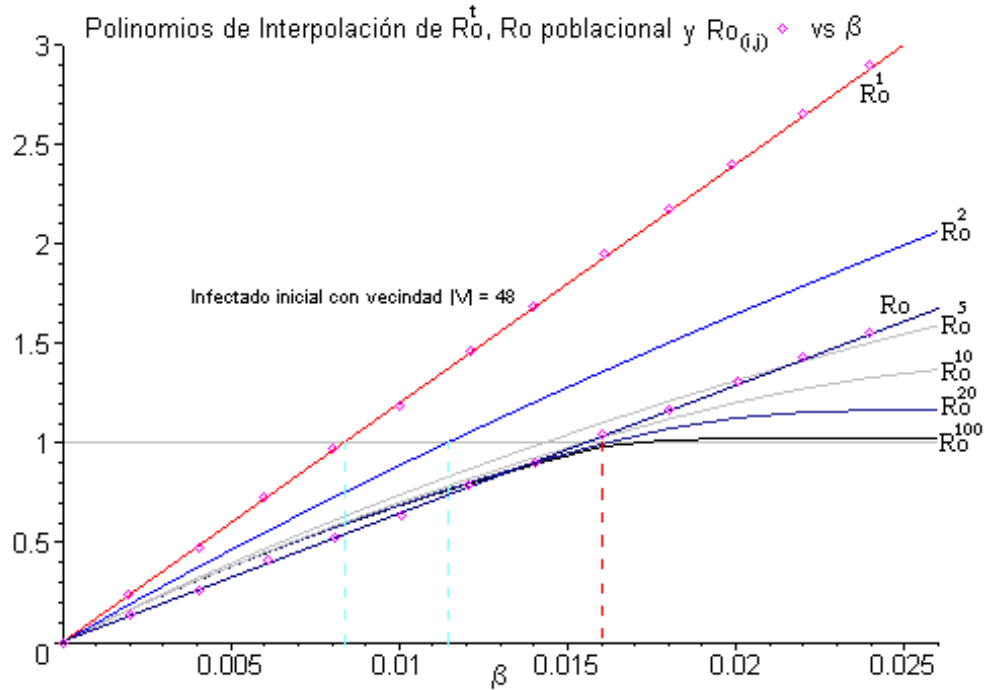
Gráfica 6.7

En esta gráfica podemos ver que para valores de  $\beta$  digamos entre 0.009 y 0.011 el valor del parámetro  $R_0^1$  individual (y por lo tanto el valor del parámetro  $R_{0(i,j)}$  también) es mayor que uno, lo que nos llevaría a pensar que se presentará un brote epidémico de la enfermedad. Sin embargo, al observar los valores de  $R_0^t$  con  $t > 2$  podemos ver que dichos valores son menores que uno, es decir basta esperarse 2 unidades de tiempo para ver que la solución del sistema con la condición inicial dada tenderá al equilibrio trivial.

Nuevamente, si hacemos la comparación de las gráficas anteriores con los valores de

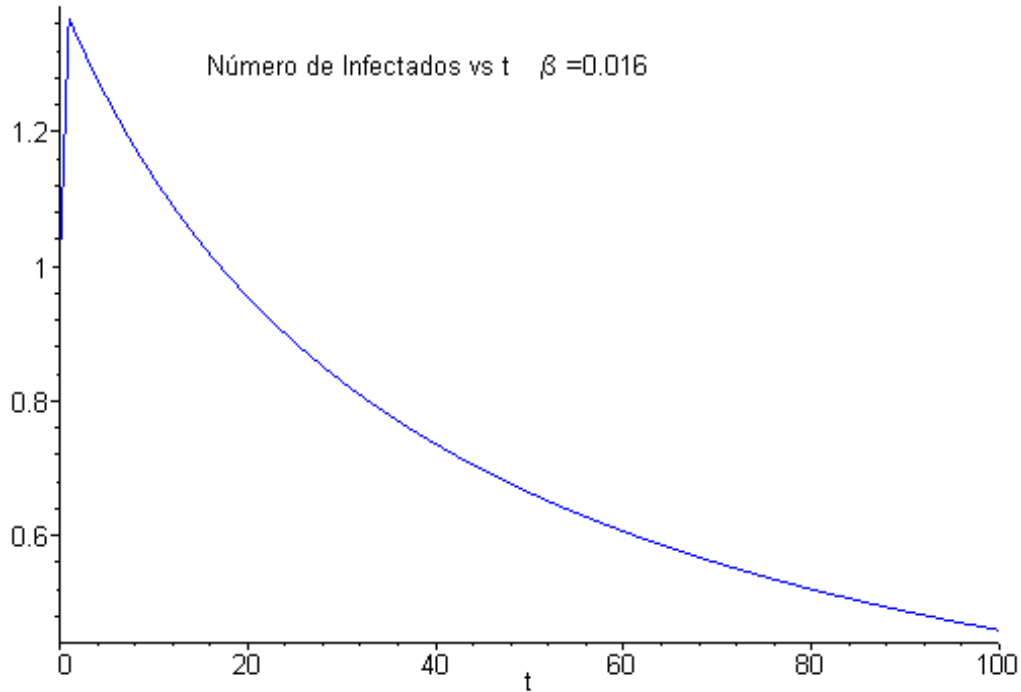


$R_{0(i,j)}$  obtenemos lo siguiente:



En las gráficas 6.7 y 6.8 podemos observar que para  $\beta = 0,016$ , los valores de  $R_0$  poblacional (que en este caso vuelve a coincidir con el valor de  $R_0^t$  poblacional para todo  $t$ ),  $R_{0(i,j)}$  para ambas poblaciones y  $R_0^t$  individual para  $t < 20$  son mayores que uno, sin embargo el valor de  $R_0^{100}$  es menor que uno. Esto nos lleva a pensar que aun cuando los parámetros  $R_0$  poblacional,  $R_0^t$  poblacional,  $R_{0(i,j)}$  para ambas poblaciones y  $R_0^t$  individual para  $t < 20$  nos indican que se presentará un brote epidémico, en realidad se observa que no es así. Para apoyar esta última afirmación observemos la gráfica del número de infectados

como función del tiempo para  $\beta = 0,016$ .



Gráfica 6.9

Como podemos observar en la gráfica 6.9, el número de infectados inicialmente crece, sin embargo al pasar el tiempo decrece y dicho número tiende a cero. Con esto queremos mostrar que puede haber poblaciones con particularidades que hacen que se tenga que estudiar el sistema más allá de la primera unidad de tiempo, es por eso la importancia de contar con una herramienta que tome en cuenta la dinámica del sistema más allá del arranque del mismo.

De los ejemplos 6.4 y 6.5 podemos concluir que en algunas ocasiones no basta con conocer el valor del parámetro  $R_0$  poblacional o la velocidad de arranque del sistema, lo que es más, podría darse el caso de que ni el parámetro  $R_0^t$  poblacional nos proporcione la información que nos proporciona el parámetro  $R_0^t$  individual. En ciertos casos, donde se tiene una población heterogénea, el valor de los parámetros  $R_0^t$  individuales con  $t > 1$  podrían propocionarnos mayor información sobre el comportamiento del sistema.

### 6.3. $R_0^{tf}$ individual

En el capítulo 3 se definió el parámetro  $R_0$  poblacional para autómatas celulares y se observó que este parámetro es una medida de la velocidad promedio de arranque del sistema, siguiendo con la misma idea, en esta sección se define el parámetro  $R_0^{tf}$ , el cual puede ser descrito como la velocidad de arranque del sistema al tiempo  $t$ , si se inicia con las condiciones iniciales que el sistema presenta al tiempo  $t - 1$ . Mediante el parámetro  $R_0^{tf}$  podremos estudiar efectos que se presenten en algún momento durante el desarrollo del sistema, como se verá más adelante.

#### 6.3.1. Motivación

En la sección anterior se definió el parámetro  $R_0^t$  individual el cual lleva la cuenta de los flujos de entrada y salida a la clase  $I$  desde el arranque del sistema hasta el tiempo  $t$ , podríamos hacernos las siguientes preguntas ¿de alguna manera el parámetro  $R_0^t$  individual podría estar perdiendo información importante al acumular los flujos? ¿los cambios que se presentan en la dinámica del sistema podrían ser amortiguados por esta acumulación de flujos que hace  $R_0^t$  individual? En esta sección tratamos de dar respuesta a esta y otras preguntas mediante la definición y cálculo del parámetro  $R_0^{tf}$  individual que se presenta a continuación.

#### 6.3.2. Definición de $R_0^{tf}$ individual

Otra comparación que podría ser útil es la que se da entre el flujo de entrada y el flujo de salida de la clase  $I$  en la última unidad de tiempo cuando se inicia con un infectado en la posición  $(i, j)$ . Dicha comparación entre los dos flujos nos proporcionaría información sobre el desempeño del sistema en la última unidad de tiempo. Mediante esta comparación podríamos conocer el comportamiento final del sistema. En seguida se presenta la definición de dicha cantidad.

**Definición 12** *Sea  $A(C, V, F)$  un sistema de autómatas celulares con la condición inicial  $S(0) = N - 1$  e  $I(0) = 1$  en la posición  $(i, j)$ . Definimos el parámetro  $R_0^{tf}$  individual como el cociente entre el flujo de entrada de individuos a la clase  $I$  entre el flujo de salida de individuos de la clase  $I$  durante la unidad de tiempo  $t - 1$ .*

Partiendo de la definición anterior y bajo los supuestos de que cada célula tiene contacto con las  $N - 1$  células restantes,  $\beta(t) = \beta^t$  y  $c(t) = c^t$ , además, tanto  $\beta$  como  $c$  son

constantes para cada célula de la retícula al tiempo  $t$ , tenemos que una expresión para dicho parámetro es:

$$R_0^{tf} = \frac{\left[1 - (1 - \beta^{t-1})\right]^{I^{t-1}} S^{t-1}}{I^{t-1} c^{t-1}}. \quad (6.3)$$

$R_0^{tf}$  individual definido de esa manera puede verse como el cociente del flujo de entrada de nuevos individuos a la clase  $I$  entre el flujo de salida de infectados de la clase  $I$  durante la última unidad de tiempo cuando se inicia con un infectado en la posición  $(i, j)$ . Es claro que si el flujo de entrada de nuevos individuos a la clase  $I$  es mayor que el flujo de salida al tiempo  $t-1$ , es decir si  $R_0^{tf} > 1$ , para algún tiempo  $t$ , entonces el número de infectados será creciente para la última unidad de tiempo, y el sistema se estará alejando del equilibrio trivial en esa unidad de tiempo. Similarmente, si el flujo de entrada a la clase  $I$  es menor que el flujo de salida de la clase  $I$  al tiempo  $t-1$ , es decir si  $R_0^{tf} < 1$ , entonces el número de infectados estará decreciendo durante la última unidad de tiempo y el sistema se estará aproximando al equilibrio trivial en esa unidad de tiempo. Esto hace que el parámetro  $R_0^{tf}$  sea una herramienta que nos permita conocer si el número de infectados ha crecido ( $R_0^{tf} > 1$ ), o si ha decrecido ( $R_0^{tf} < 1$ ), en la última unidad de tiempo, haciendo de este parámetro una medida “instantánea” del comportamiento del sistema.

Nuevamente observamos que si la vecindad de las células no es el resto de las células de la retícula para todo tiempo, es difícil dar una expresión cerrada que nos permita calcular analíticamente el valor del parámetro  $R_0^{tf}$ , sin embargo, en ese caso, es posible hacer el cálculo numérico partiendo de la definición.

En seguida se presentan algunos ejemplos que ilustran lo expuesto en esta sección y nos permiten hacer una comparación entre los resultados que arroja cada uno de los parámetros estudiados hasta ahora.

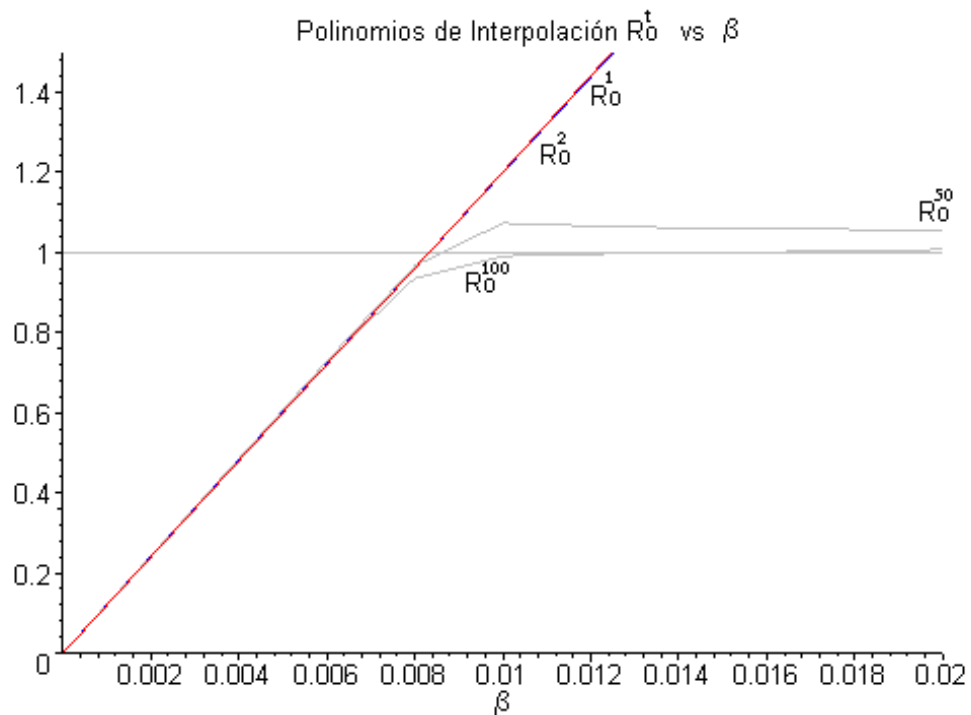
## Ejemplos

El siguiente ejemplo tiene como finalidad mostrar el tipo de información que se puede obtener a partir de los valores del parámetro  $R_0^{tf}$  en comparación con la información que se obtiene a partir del parámetro  $R_0^t$  individual para el caso de una población con vecindades asimétricas.

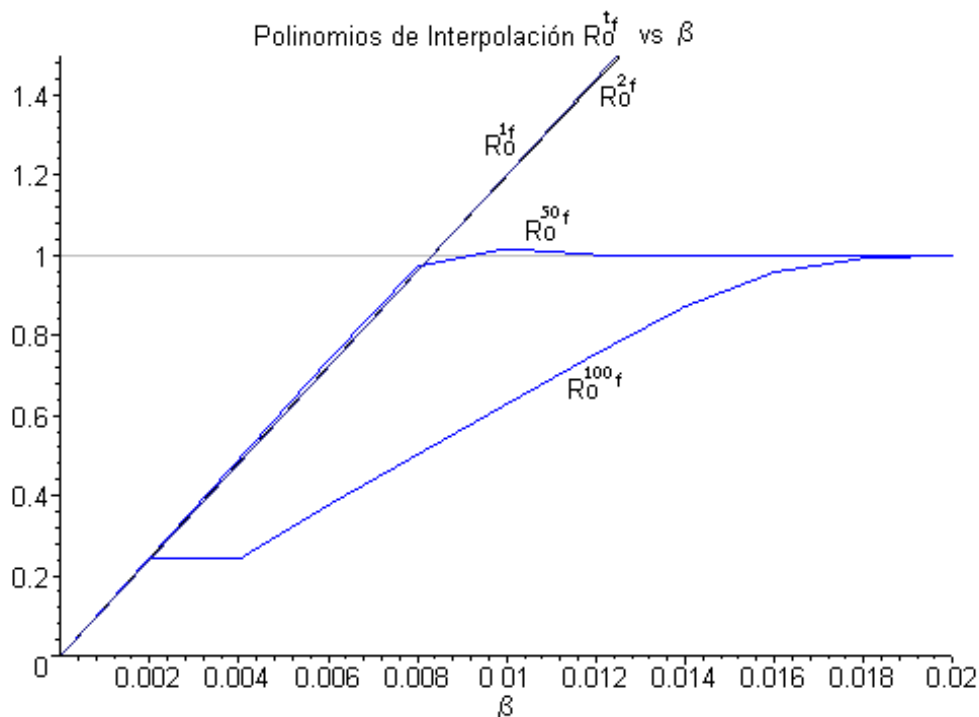
### Ejemplo 6.6

En este ejemplo retomaremos una pregunta que quedó pendiente en el capítulo cuatro. ¿Qué pasa cuando la población tiene vecindades asimétricas? y otra pregunta que surge es ¿hay algún parámetro que capture ese efecto? El objetivo de este ejemplo es ilustrar en qué casos el parámetro  $R_0^{tf}$  presenta ventajas sobre los demás parámetros.

Para estudiar esto, consideremos una retícula con frontera de  $500 \times 1$  para la cual la vecindad de cada célula consiste en las 20 células que se encuentran a su derecha. Esto hace que la vecindad no tenga la propiedad reflexiva. La probabilidad de que un individuo infeccioso infecte a un susceptible una vez que se ha dado su encuentro ( $\beta$ ) es constante con respecto al tiempo e igual para cada célula; y la probabilidad por unidad de tiempo de que un individuo se recupere,  $c = 0,4$ , es también constante e igual para cada célula. Colocamos a un individuo infectado en la posición  $(i, j)$ . Obsérvese que dado que la población es homogénea, en realidad no importa donde coloquemos al infectado inicial. Dejamos actuar la regla de transición y registramos los valores de  $R_0^{tf}$  y  $R_0^t$  individual para diferentes tiempos y diferentes valores de  $\beta$ . En las siguientes gráficas se presentan los polinomios de interpolación obtenidos a partir de los resultados numéricos.



Gráfica 6.10

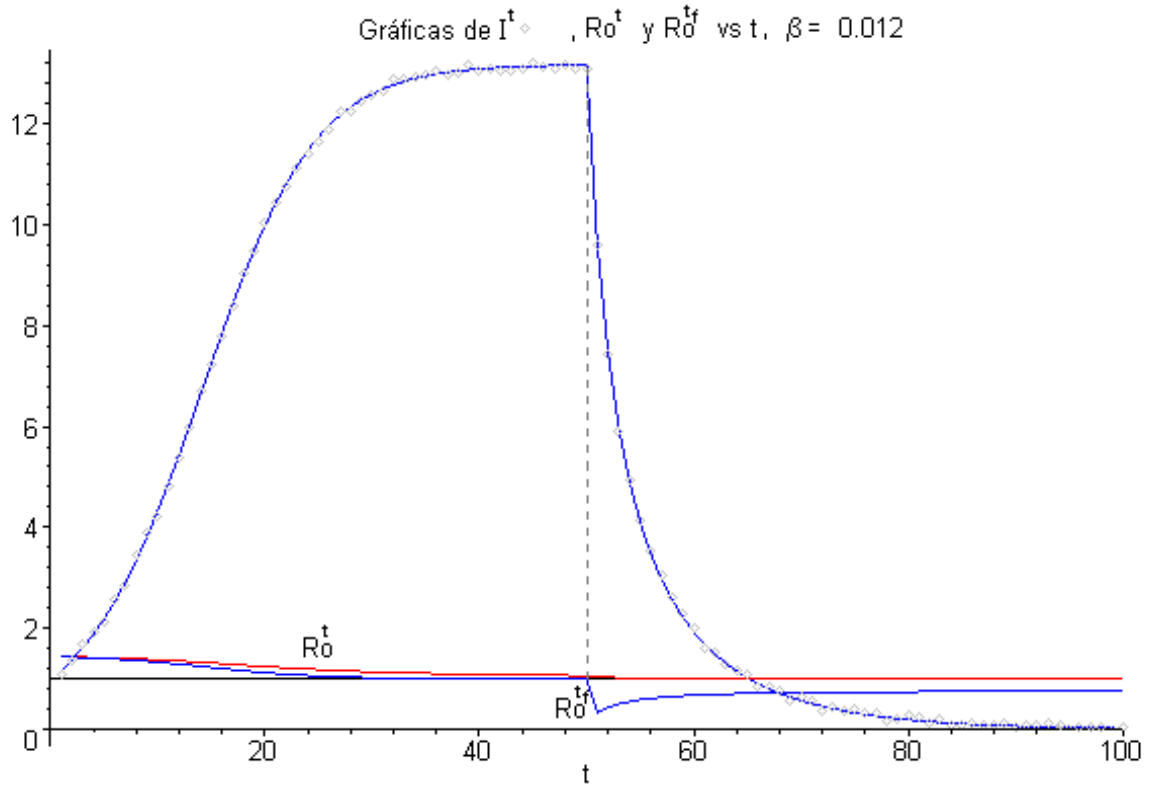


Gráfica 6.11

Al hacer la comparación entre la gráfica 6.10 y 6.11 podemos notar que hay diferencias significativas entre los valores de  $R_0^t$  individual y los de  $R_0^{t_f}$  individual para una misma  $\beta$ , esas diferencias son más notorias al comparar la gráfica del parámetro  $R_0^{100}$  contra el parámetro  $R_0^{100_f}$ , digamos para  $0,002 < \beta < 0,016$ . En ese rango de  $\beta$  la gráfica de  $R_0^{100}$  es muy parecida a la de  $R_0^{50}$  o incluso a la de  $R_0^1$ , sin embargo los valores de  $R_0^{100_f}$  son muy diferentes.

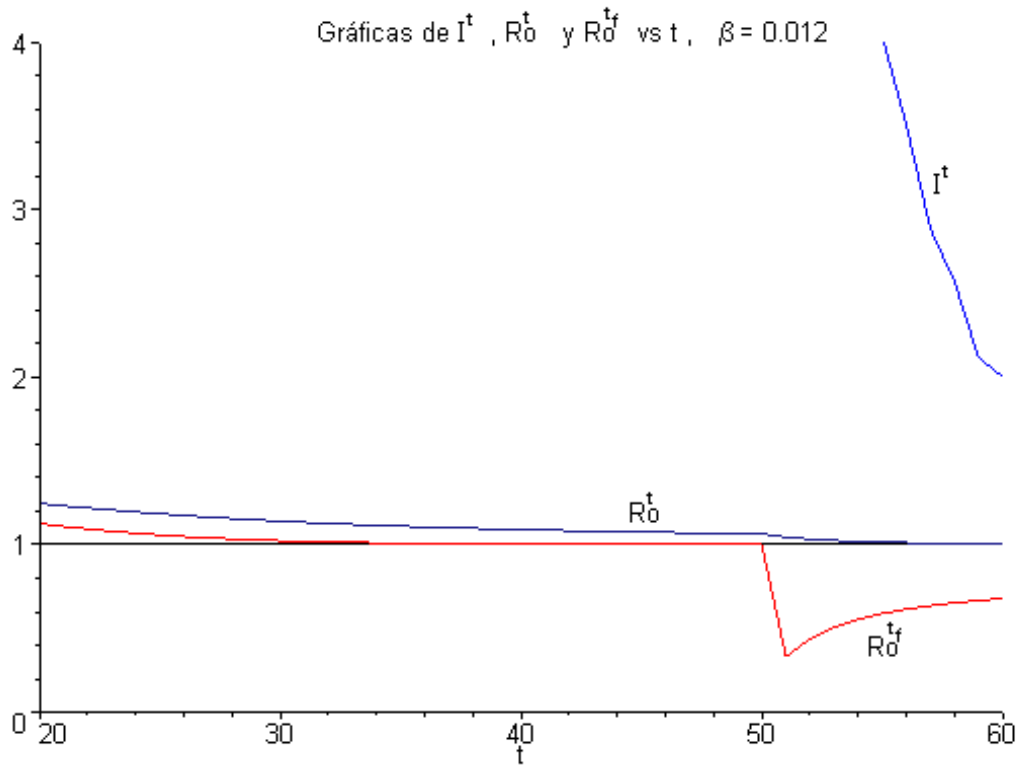
Observe que para este ejemplo tanto el valor del parámetro  $R_0$  poblacional como el valor del parámetro  $R_0$  individual, es decir  $R_{0(i,j)}$  coinciden con el valor del parámetro  $R_0^1$ . Esto debido a lo siguiente:  $R_0$  poblacional coincide con el valor de  $R_0^1$  poblacional por construcción; por otro lado,  $R_{0(i,j)}$  coincide con  $R_0^1$  poblacional porque en este ejemplo todas las células son iguales, es decir, se trata de una población homogénea.

Con la finalidad de hacer una comparación entre  $R_0^{t_f}$  y  $R_0^t$  individual para  $0 < t \leq 100$  tomamos un valor de  $\beta$  fijo, y graficamos simultáneamente el número de infectados  $I$ , el valor del parámetro  $R_0^{t_f}$  y el valor del parámetro  $R_0^t$  individual para  $0 < t \leq 100$ , con  $\beta = 0,012$ .



En esta gráfica podemos observar que aun cuando  $R_0^{tf}$  individual y  $R_0^t$  individual tienen el mismo valor en  $t = 1$ , sus gráficas en general son distintas. Observe que al incrementarse el número de infectados tanto  $R_0^{tf}$  como  $R_0^t$  individual son mayores que uno, lo cual es claro si recordamos que ambos parámetros comparan los flujos de entrada y de salida de la clase  $I$ . Sin embargo, se observa que al reducirse la velocidad de crecimiento del número de infectados  $R_0^{tf}$  lo detecta más rápidamente y su valor decrece más rápido de lo que lo hace  $R_0^t$ . Para  $t > 50$  se observa un decremento brusco en el número de infectados al cual  $R_0^{tf}$  responde casi instantáneamente y su valor se vuelve menor que uno, por otro lado  $R_0^t$  individual tarda en reflejar ese cambio en el crecimiento de los infectados e inclusive sigue siendo mayor que uno mucho tiempo después de que se inicia el decrecimiento en el número de infectados (de hecho  $R_0^t$  individual será mayor que uno hasta que el número de infectados regrese a ser uno). Nuevamente al frenarse la caída en el número de infectados se observa que  $R_0^{tf}$  lo refleja presentando un crecimiento, mientras que  $R_0^t$  aún es mayor que uno. El hecho de que una vez que el número de infectados es menor que uno y tanto

$R_0^{Tf}$  como  $R_0^t$  individual son menores que uno nos indica que el sistema tenderá al equilibrio trivial. Esta dinámica que se ha descrito se aprecia mejor en la siguiente gráfica, la cual es una ampliación de la zona de interés.



Gráfica 6.13

Por cierto, el hecho de que el número de infectados presente un comportamiento como el mostrado en la figura 6.12 se debe a lo siguiente: En la primera unidad de tiempo del sistema se tiene un infectado que es capaz de infectar a 20 susceptibles, si no infecta a ninguno y no se recupera para la siguiente unidad de tiempo seguirá teniendo los mismos 20 susceptibles por infectar, pero si llega a infectar a alguno y no se recupera, para la siguiente unidad de tiempo tendrá 19 susceptibles por infectar, algunos de los cuales comparte con el recién infectado, por lo que la probabilidad de que se infecte cualquiera de esos susceptibles comunes se incrementa, por otro lado, el individuo recién infectado tendrá adicionalmente susceptibles que sólo él puede infectar. Si se elige  $\beta$  lo suficientemente grande como para que haya más infectados que recuperados, al continuar el proceso cada vez habrá más susceptibles por infectar y el número de infectados presentará un crecimiento explosivo, al modelarse esto sobre una retícula con frontera llegará el momento en que la vecindad de



los últimos infectados decrecerá y ahora cada vez habrá menos susceptibles por infectar y los infectados iniciales se recuperarán y no podrán ser infectados nuevamente, es decir el número de infectados decrecerá cada vez más, de tal forma que para ciertos valores de los parámetros se puede lograr la desaparición de la enfermedad, como en este ejemplo.

En el siguiente ejemplo, aun cuando pudiera parecer demasiado artificial, se presenta un sistema para el cual uno de sus parámetros es función del tiempo, esto con la única finalidad de nuevamente comparar el valor del parámetro  $R_0^t$  con el valor de  $R_0^{tf}$  en una situación dada.

### Ejemplo 6.7

Consideramos una retícula de 50x20 sin frontera en la cual la el tamaño de la vecindad es función del tiempo de acuerdo con la siguiente regla:

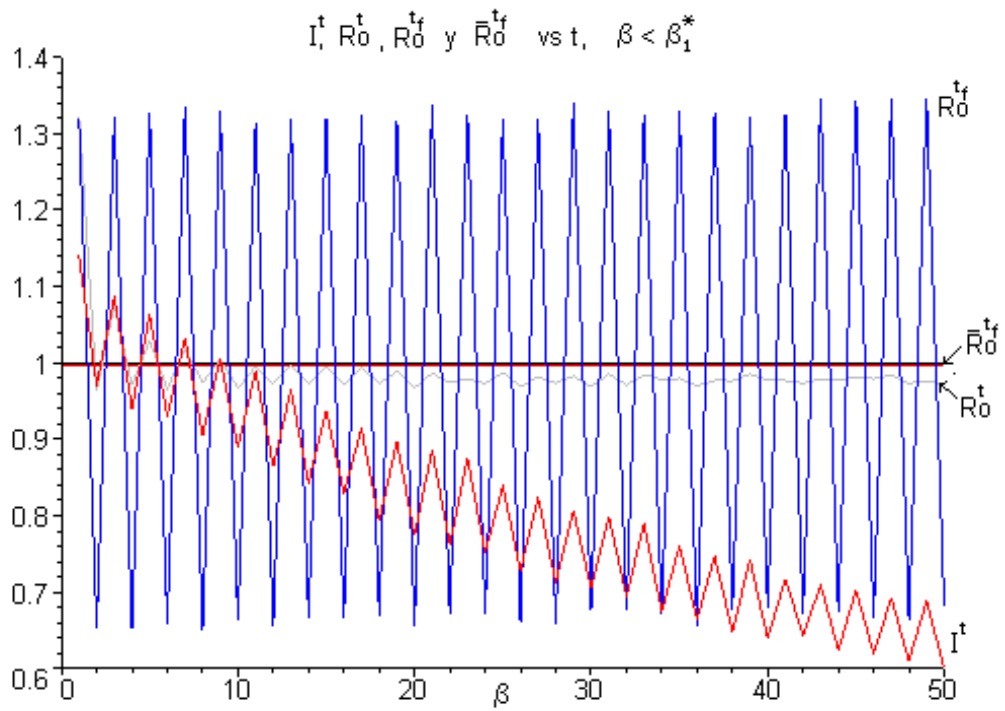
$$|V_t| = \begin{cases} |V_1| & \text{si } t \text{ es impar} \\ |V_2| & \text{si } t \text{ es par} \end{cases} \text{ para } t > 0 .$$

Tomamos una población homogénea con probabilidad de recuperación por unidad de tiempo  $c = 0,2$  y tamaños de vecindad  $|V_1| = 48$  y  $|V_2| = 24$ , y la condición inicial  $I^0 = 1$  y  $S^0 = N - 1$ , dejamos actuar la regla de transición 50 unidades de tiempo y calculamos  $R_0^t$  y  $R_0^{tf}$  para  $0 < t \leq 50$ . El experimento se repitió 10,000 veces y se promediaron los resultados. Observamos que en este ejemplo la variación en el número de vecinos se da con respecto al tiempo, por los que estamos interesados en conocer la variación de los parámetros  $R_0^t$  individual y  $R_0^{tf}$  con respecto al tiempo, para un valor de  $\beta$  fijo. En la primer gráfica se presentan los valores de  $R_0^t$  individual,  $R_0^{tf}$ , el número promedio de infectados al tiempo  $t$  y el valor promedio de  $R_0^{tf}$ , el cuál se distingue en la gráfica como  $\overline{R_0^{tf}}$ , esto se hace para  $\beta < \beta_1^*$ . En la segunda gráfica se presenta lo mismo sólo que para

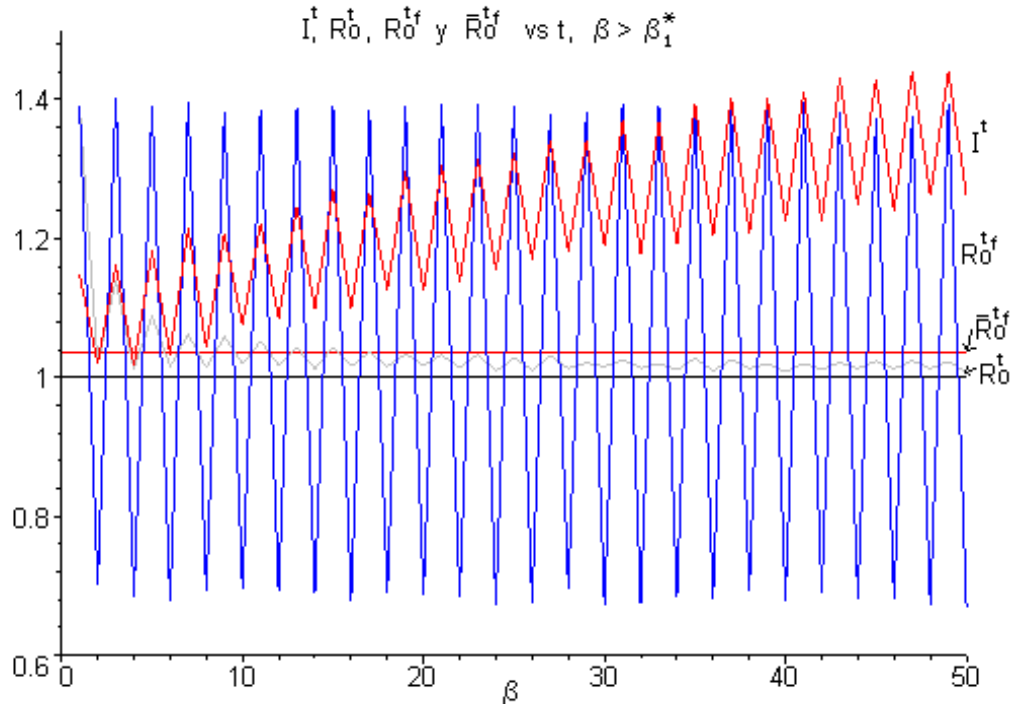
---

<sup>1</sup>Note que en este caso no podemos determinar algebraicamente el valor de  $\beta$  para el cual el equilibrio trivial del sistema presenta un cambio de estabilidad porque el sistema no es homogéneo. Es por eso que se hace la comparación con el valor experiemetal de  $\beta_1$ , es decir, con  $\beta_1^*$ .

$$\beta > \beta_1^*.$$



Gráfica 6.14



Gráfica 6.15.

Como puede verse, en la gráfica 6.14 para  $\beta < \beta_1^*$ , es decir para un valor de  $\beta$  para el cual el equilibrio trivial es estable, el número de infectados con respecto al tiempo ( $I^t$ ), aun cuando presenta oscilaciones, se ve que tiende al equilibrio trivial; por otro lado  $R_0^{tf}$  presenta oscilaciones, pasando de valores mayores que uno a valores menores que uno para todo  $t$ ; finalmente,  $R_0^t$  individual aun cuando presenta oscilaciones e inicia siendo mayor que uno, conforme pasa el tiempo oscila alrededor de un valor menor que uno. Es decir  $R_0^t$  individual parece describir de mejor manera el comportamiento del sistema. Sin embargo, el promedio de  $R_0^{tf}$  ( $\bar{R}_0^{tf}$  en la gráfica), también está por debajo de uno, por lo que en este caso tanto  $R_0^t$  individual como  $R_0^{tf}$  (mediante su promedio  $\bar{R}_0^{tf}$ ), nos describen de buena manera el comportamiento del sistema.

Ahora, en la gráfica 6.15 se observa que para  $\beta > \beta_1^*$ , es decir para un valor de  $\beta$  para el cual el equilibrio trivial es inestable, el número de infectados presenta oscilaciones pero también se observa una tendencia a incrementarse,  $R_0^{tf}$  sigue pasando de valores mayores que uno a valores menores que uno para todo  $t$ , mientras que  $R_0^t$  individual oscila alrededor de un valor mayor que uno, conforme pasa el tiempo. Sin embargo, vemos nuevamente que  $\bar{R}_0^{tf}$  también es un buen indicador de la dinámica del sistema.

En la siguiente sección veremos que mediante la expresión 6.3 podemos encontrar el

valor límite en el número de infectados (y por lo tanto de susceptibles).

### 6.3.3. Cálculo del Valor Límite del Número de Infectados

Como mencionamos al inicio de este trabajo, cuando se hace el estudio de sistemas epidemiológicos determinísticos mediante modelos continuos, una de las tareas más importantes es encontrar los puntos de equilibrio, o puntos estacionarios, los cuales son valores del número de susceptibles e infectados (en el caso de sistemas SIS), que al alcanzarse ya no cambian con el tiempo. Sin embargo, en nuestro caso estamos trabajando con un modelo estocástico, por lo que el concepto de punto de equilibrio o punto estacionario no es claro.

Podemos pensar a  $I^\infty$  como un punto semi-estacionario del sistema si al tomar  $I < I^\infty$  la probabilidad de que  $I$  crezca al dejar actuar la regla de transición es mayor que la probabilidad de que  $I$  decrezca, y al tomar  $I > I^\infty$  la probabilidad de que  $I$  decrezca al dejar actuar la regla de transición es mayor que la probabilidad de que  $I$  crezca. De esta manera  $I^\infty$  puede ser pensado como:

$$I^\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} I^t.$$

Similarmente, podemos pensar en el valor de  $R_0^{\infty f}$  como

$$R_0^{\infty f} = \lim_{t \rightarrow \infty} R_0^{tf}.$$

Mediante la expresión 6.3 podemos calcular  $R_0^{\infty f}$

$$\begin{aligned} R_0^{\infty f} &= \lim_{t \rightarrow \infty} R_0^{tf} & (6.4) \\ &= \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{\left[1 - (1 - \beta)^{I^{t-1}}\right] I^{t-1}}{I^{t-1} c} \\ &= \frac{\left[1 - (1 - \beta)^{I^\infty}\right] (N - I^\infty)}{I^\infty c} \end{aligned}$$

Obsérvese que en el caso de que el sistema tienda a algún valor límite,  $I^\infty$  representaría el valor límite en el número de infectados  $I^t$ .

Ahora, si hacemos  $R_0^{\infty f} = 1$ , en la expresión 6.4, obtenemos una fórmula que nos permite calcular los valores límite del sistema como función de  $\beta$ , como se muestra en el ejemplo 6.1. Con esto vemos que el parámetro  $R_0^{tf}$  además de darnos información acerca de la estabilidad del equilibrio trivial, nos permite conocer los valores límite del sistema.

**Ejemplo**

En el siguiente ejemplo presentamos un sistema para el cual se hace el cálculo analítico de los valores límite para número de infectados y se compara con lo obtenido numéricamente.

**Ejemplo 6.8**

En primer lugar encontraremos el valor límite para el número de infectados como función de  $\beta$ , en un sistema con  $N = 1000$  y  $c = 0,4$ . Para esto procedemos de la siguiente manera:

Partimos de la expresión 6.3 y tomamos el límite cuando  $t \rightarrow \infty$  tenemos:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R_0^t = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{\left[1 - (1 - \beta)^{I^{t-1}}\right] S^{t-1}}{I^{t-1}c}$$

ahora dado que

$$S^t = N - I^t \quad \forall t,$$

si tomamos  $R_0^\infty = 1$  tenemos:

$$\frac{\left[1 - (1 - \beta)^{I^\infty}\right] (N - I^\infty)}{I^\infty c} = 1,$$

ahora, sustituyendo  $N = 1000$  y  $c = 0,4$  tenemos:

$$\frac{\left[1 - (1 - \beta)^{I^\infty}\right] (1000 - I^\infty)}{I^\infty (0,4)} = 1. \quad (6.5)$$

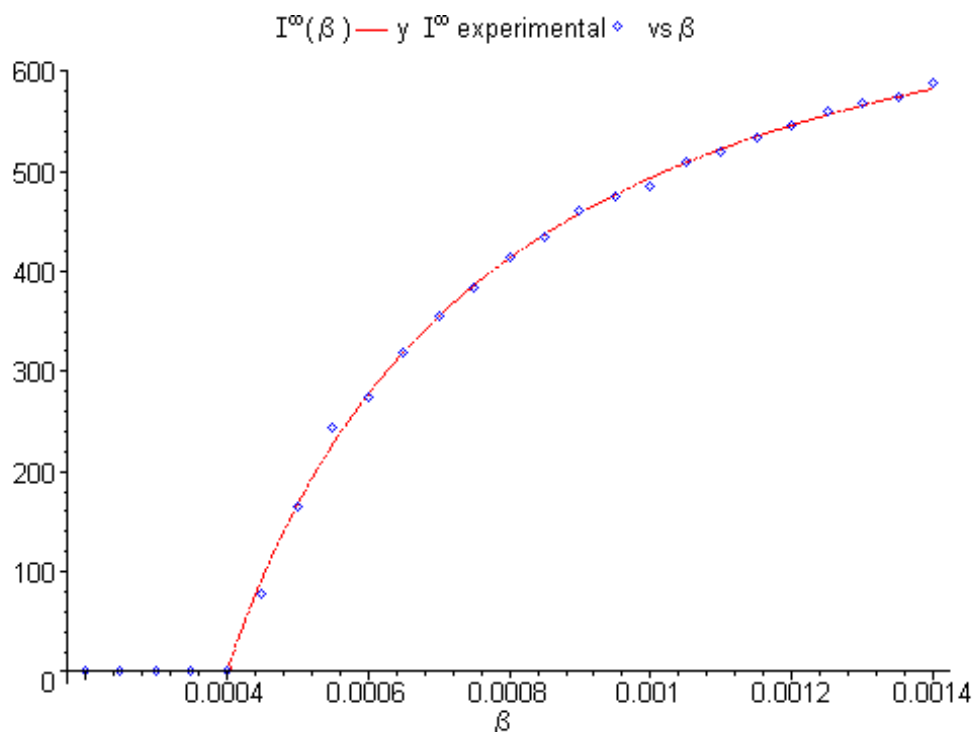
Ahora procederemos a calcular el valor límite del número de infectados en forma numérica. Para esto, tomemos una retícula de 50x20 sin frontera en la cual cada individuo de la retícula tiene contacto con las  $N - 1$  restantes, dejamos actuar la regla de transición un número suficiente de veces <sup>2</sup> con  $c = 0,4$ . Repetimos esto para diferentes valores de  $\beta$  y calculamos el valor promedio.

Una vez que hemos obtenido los valores experimentales para el valor límite en el número de infectados los graficamos sobre la gráfica que se obtiene al graficar la ecuación 6.5 como

---

<sup>2</sup>En realidad lo que se hace es dejar actuar la regla de transición hasta que se vea cierta "estabilidad" en los valores de  $I$ . Esta pseudoestabilidad se estima al coleccionar en un vector de tamaño  $n$  (elegido por el usuario), los últimos valores de  $I$  y hacerles una prueba de normalidad con una varianza (denominada error), dada por el usuario. Tomando como  $I^\infty$  (al cual le llamaremos  $I^\infty$  experimental), la media de los  $n$  valores de  $I$ .

función de  $\beta$ . En la gráfica siguiente se muestran simultáneamente los valores obtenidos numéricamente y la curva que se obtiene al resolver la ecuación 6.5.



Gráfica 6.16.

Como puede verse en esta gráfica, los valores experimentales de  $I^\infty$  son una muy buena aproximación a los valores de equilibrio de  $I$  para los diferentes valores de  $\beta$ . Además, nuevamente queda de manifiesto que es posible obtener una buena aproximación a los valores obtenidos en forma analítica, mediante el uso de autómatas celulares, empleando para ello pocos recursos computacionales.

## 6.4. Conclusiones

En este capítulo definimos tres parámetros que nos dan información acerca del cambio de estabilidad del equilibrio trivial. En primer lugar definimos el parámetro  $R_0^t$  poblacional como una generalización del parámetro  $R_0$  poblacional definido en el capítulo cuatro. El parámetro  $R_0^t$  poblacional es una herramienta que nos permite estudiar sistemas en los cuales las características de los individuos cambian en algún momento, esto hace que este parámetro nos permita estudiar poblaciones tanto homogéneas como heterogéneas donde

uno o varios de los parámetros de un subconjunto de la población, o de la población total, se modifican, ya sea como respuesta a la dinámica del sistema, como función del tiempo o como función del estado del sistema mismo. Si la clase que modifica su comportamiento tiene suficiente peso dentro de la población total, esta modificación es captada por el parámetro  $R_0^t$  poblacional. Sin embargo, cambios repentinos en los flujos de entrada o salida de la clase de infectados no son detectados en forma instantánea. En el caso de sistemas para los cuales la variación de sus parámetros se presenta en un subconjunto de la población que no tiene suficiente peso o en el caso de poblaciones heterogéneas donde se quiere conocer el desarrollo del sistema al iniciarse la infección en una región determinada, el parámetro  $R_0^t$  individual nos permite comparar la dinámica de los flujos de entrada y salida de la clase de infectados desde el arranque mismo del sistema hasta el tiempo  $t$ . El parámetro  $R_0^{t_f}$  nos proporciona información del sistema en la última unidad de tiempo, esto hace que este parámetro nos indique casi de forma inmediata los cambios presentados en los flujos de entrada y salida de la clase de infectados. Si el sistema presenta gran variabilidad en el tiempo, pero sobre todo, si esa variabilidad es abrupta, el parámetro  $R_0^{t_f}$  es una herramienta adecuada, si lo que deseamos es percatarnos de los cambios en el momento que se presentan. Como se ha visto cada uno de estos parámetros nos brinda diferente tipo de información acerca de los sistemas.





# Capítulo 7

## Conclusiones

En este trabajo definimos un parámetro, para una familia de sistemas modelados con autómatas celulares, que como el número reproductivo básico definido en sistemas continuos, nos proporciona información acerca del comportamiento del sistema y nos permite conocer las condiciones sobre los parámetros del sistema que se deben satisfacer para que se presente, o no, un brote epidémico.

Definimos el parámetro  $R_0$  poblacional, el cuál compara el número esperado de nuevos infectados con el número esperado de infectados que se recuperan durante la primera unidad de tiempo. Esto nos da una medida de la fuerza promedio que tiene la enfermedad durante la primera unidad de tiempo, si la población es homogénea y ninguno de sus parámetros presenta variabilidad con respecto al tiempo. El parámetro  $R_0$  poblacional hace una buena descripción de la dinámica del sistema permitiéndonos saber cuándo el sistema se aproxima o se aleja del equilibrio trivial.

Para poblaciones heterogéneas que no presentan variabilidad con respecto al tiempo, no basta con la definición de un parámetro poblacional, ya que las heterogeneidades pueden hacer que bajo ciertas circunstancias la enfermedad tenga comportamiento diferente en regiones diferentes de la población. Esto plantea la necesidad de definir el parámetro  $R_0$  en forma local. Se plantea la necesidad y se define el parámetro  $R_0$  individual, al cual le llamamos  $R_{0(i,j)}$  haciendo alusión a la posición del infectado inicial dentro de la retícula. Mediante este parámetro se generan lo que llamamos mapas de  $R_0$ 's que se generan al colocar el valor del parámetro  $R_{0(i,j)}$  en el lugar correspondiente dentro de la retícula. Estos mapas de  $R_0$ 's nos sirven para conocer las regiones dentro de la retícula donde se presentan comportamientos distintos en cuanto a la dinámica de la enfermedad. De esta manera podemos distinguir regiones de alta probabilidad de presencia de la enfermedad de regiones de baja probabilidad y conocer cuál será la dinámica más probable de la enfermedad cuando el proceso se inicia en una región particular de la población, es decir

cuando colocamos al individuo infectado inicial en un lugar en particular. Es de gran importancia conocer en qué regiones de la población hay mayor probabilidad de que la enfermedad se establezca, ya que este conocimiento puede darnos la pauta para efectuar medidas de control específicas a esas regiones. Adicionalmente, planteamos la necesidad de hablar no sólo de si el valor del parámetro  $R_0$  es mayor o menor que uno, sino de asignarle una probabilidad de que así sea. Es decir, de adicionar al valor del parámetro  $R_0$  la proporción de la población donde se cumple dicho valor.

Hay efectos que surgen de la heterogeneidad de la población o de la variabilidad en el tiempo, que no se hacen evidentes en la primera unidad de tiempo, por lo que en muchos casos el parámetro  $R_0$  individual no es capaz de capturar. Esto hace que se plantee la necesidad de definir el parámetro  $R_0$  no sólo para la primera unidad de tiempo, sino para cualquier tiempo. Definimos el parámetro  $R_0^t$  poblacional, como el cociente entre el flujo promedio de entrada a la clase de infectados entre el flujo promedio de salida de la clase de infectados que se da desde el arranque del sistema (es decir, desde la primera unidad de tiempo del sistema), hasta el tiempo  $t$ . Con la definición del parámetro  $R_0^t$  poblacional podemos analizar una amplia familia de sistemas para las cuales una clase con suficiente peso dentro de la población presenta variabilidad en el tiempo y dicha población puede ser homogéneas o no.

Si tenemos poblaciones para las cuales se desea estudiar el efecto de que producen heterogeneidades geográficas o variaciones en el tiempo en clases con poco peso dentro de la población, el parámetro  $R_0^t$  individual es una herramienta que generaliza al parámetro  $R_{0(i,j)}$  para tiempos más allá de la primera unidad. Visto de esta forma, el parámetro  $R_0^t$  individual nos da información del mantenimiento o no, de la fuerza que presentó la enfermedad durante su primera unidad de tiempo, cuando el infectado inicial se coloca en un lugar específico de la retícula.

Si el sistema presenta variabilidad repentina de sus parámetros, el parámetro  $R_0^{t_f}$  nos proporciona información de los flujos de entrada y salida de la clase de infectados en la última unidad de tiempo, esto hace que si se presenta un cambio repentino en las características de los individuos, ya sea por variabilidad en el tiempo o por heterogeneidad geográfica, este parámetro lo detecta instantáneamente. Este parámetro puede verse como la velocidad de arranque del sistema a distintas unidades de tiempo y con la condición inicial que el sistema tiene una unidad de tiempo atrás.

Con estas definiciones tenemos un grupo de herramientas que nos permiten estudiar una gran familia de autómatas celulares.

# Bibliografía

- [1] Wolfram Stephen, Statistical Mechanics of Cellular Automata, *Reviews of Modern Physics* 55 (July 1983), pp. 601-644.
- [2] Wolfram Stephen, *A New Kind of Science*. Champaign, IL: Wolfram Media, 2002.
- [3] Wolfram Stephen, *Cellular Automata and Complexity, Collected Papers, 1994*, ISBN 0-201-62716-7.
- [4] Wolfram Stephen, Computation Theory of Cellular Automata, *Communications in Mathematical Physics*, 96 (November 1984), pp. 15-57 .
- [5] Anderson RM, May RM (1991), *Infectious diseases of humans*. Oxford: Oxford University Press. 757 p.
- [6] K. Dietz (1993), The estimation of the basic reproductive number for infectious diseases. *Stat Methods Med Res* 2:23-41.
- [7] G. Chowell, C.E. Ammon, N.W. Hegartner, J.M. Hyman, Estimation of the reproductive number of the Spanish flu epidemic in Geneva, Switzerland, *Vaccine* Volume 24, Issues 44-46 (10 november 2006), pp. 6747-6750.
- [8] G. Chowell, N.W. Hengartner, C. Castillo-Chavez, P.W. Fenimore, J.M. Hyman, The basic reproductive number of Ebola and the effects of public health measures: the cases of Congo and Uganda, *Journal of Theoretical Biology*, 229 (2004), pp. 119-126.
- [9] K. Dietz, Transmission and control of arbovirus diseases, in *Epidemiology*, K. L. Cooke, ed., SIAM, Philadelphia (1975), pp. 104-121.
- [10] O. Diekmann, J.A.P. Heesterbeek, and J.A.J. Metz, On the definition and the computation of the basic reproductive ratio  $R_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations, *J. Math. Biol.*, 28 (1990), pp. 365-382.

- [11] John Guardiola, Antonia Veccio, The basic reproductive number for infections dynamics models and the global stability of stationary points, IAC Rap. Tec. 269/03 (2003).
- [12] Carlos M. Hernández-Suárez, A Markov Approach to Calculate  $R_0$  in Stochastic Epidemic Models, J. Theor. Biol., 215 (2002), pp. 83-93.
- [13] James M. Hyman, Jia Li, An Intuitive Formulation for the Reproductive Number for the Spread of Diseases in Heterogeneous Populations, Mathematical Biosciences 167 (2000), pp. 65-86.
- [14] James M. Hyman, Jia Li, The reproductive number for an HIV model with differential infectivity and staged progression, Linear Algebra and its Applications, 398 (2005), pp. 101-116.
- [15] Macdonald G, The analysis of equilibrium in malaria, Trop. Dis. Bull, 49 (1952), pp. 813-29.
- [16] P. van den Driessche, James Watmough, Reproduction Number and Sub-Threshold Endemic Equilibria for Compartmental Models of Diseases Transmission, Mathematical Biosciences 180 (2002), pp. 29-48.
- [17] Christopher M. Kribs-Zaleta, Jorge X. Velasco-Hernández, A simple vaccination model with multiple endemic states, Mathematical Biosciences 164 (2000), pp. 183-201.
- [18] Armin R. Mikler, Sangeeta Venkatachalam, Kaja Abbas, Modeling Infectious Diseases Using Global Stochastic Cellular Automata, Journal of Biological Systems vol.13 issue 4 (December 2005), pp. 421-438.
- [19] Tosio Kitagawa, Cell Space Approaches in biomathematics, Mathematical Biosciences 19 (1974), pp. 27-71.
- [20] B. Cipra, What's happening in the Mathematical Sciences, vols. 3 y 5, American Mathematical Society, EU, 1996, 2002
- [21] Olu Lafe, Cellular Automata Transforms: Theory and Applications in Multimedia Compression, Encryption and Modeling, Kluwer Academic Pub, 2000, ISBN-10: 0792378571.

- [22] Edward Rietman, *Exploring the Geometry of Nature: Computer Modeling of Chaos, Fractals, Cellular Automata, and Neural Networks*, Windcrest, 1989, ISBN-10: 0830691375.
- [23] Max Garzon, *Models of Massive Parallelism: Analysis of Cellular Automata and Neural Networks*, Springer, 1995, ISBN-10: 3540561498.
- [24] Adami, C. *Artificial Life*. Cambridge, MA: MIT Press, 1998.
- [25] Buchi, J. R. and Siefkes, D. (Eds.). *Finite Automata, Their Algebras and Grammars: Towards a Theory of Formal Expressions*. New York: Springer-Verlag, 1989.
- [26] Burks, A. W. (Ed.). *Essays on Cellular Automata*. Urbana-Champaign, IL: University of Illinois Press, 1970.
- [27] Gutowitz, H. (Ed.). *Cellular Automata: Theory and Experiment*. Cambridge, MA: MIT Press, 1991.
- [28] Levy, S. *Artificial Life: A Report from the Frontier Where Computers Meet Biology*. New York: Vintage, 1993.
- [29] Hopcroft, J. E. and Ullman, J. D. *Introduction to Automata Theory, Languages, and Computation*. Reading, MA: Addison Wesley, 1979.
- [30] Andreas Deutsch, Sabine Dormann, *Cellular Automaton Modeling of Biological Pattern Formation, Characterization, Applications and Analysis*, Birkhäuser, 2005, ISBN 0-8176-4281-1, 331pp.
- [31] W.O. Kermack, A.G. McKendrick, A Contribution to The Mathematical Theory of Epidemics, *Proceedings of the Royal Society of London, Series A*, Vol. 115, No. 772. (Aug. 1, 1927), pp. 700-721.