



Casa abierta al tiempo

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA
UNIDAD IZTAPALAPA
DIVISIÓN DE CIENCIAS BÁSICAS E INGENIERÍA**

**“UN ANÁLISIS DE CORRELACIONES ESPACIALES ENTRE
NODOS EN UNA RED CON DINÁMICA LOCAL”**

TESIS QUE PRESENTA:

ISRAEL BADILLO MARTÍNEZ

MATRÍCULA:

2153806030

PARA OBTENER EL GRADO DE:

**MAESTRO EN CIENCIAS (MATEMÁTICAS APLICADAS E
INDUSTRIALES)**

DIRECTOR: DR. JOSÉ HÉCTOR MORALES BÁRCENAS

JURADO:

PRESIDENTE: DR. PABLO PADILLA LONGORIA *Pablo Padilla L.*

SECRETARIO: DR. JOSÉ GUADALUPE REYES VICTORIA

VOCAL: DR. JOSÉ HÉCTOR MORALES BÁRCENAS

Iztapalapa, Ciudad de México, noviembre 2019.

A mi hija Aranza, a mi esposa Beatriz, a mi tia Socorro, a mis padres.

Agradecimientos

A mi esposa por su cariño, apoyo y comprensión, a mis padres por siempre alentarme a continuar estudiado, a mis hermanos por su apoyo en momentos difíciles, a mi tía Socorro que me abrió las puertas de su casa y ha estado conmigo en todo el camino de mi formación, a mi asesor el Dr. José Hector Morales Bárcenas por dedicarme su valioso tiempo, enseñarme a ver las cosas de una manera diferente, a mis sinodales el Dr. Pablo Padilla Longoria y el Dr. José Guadalupe Reyes Victoria por sus valiosos comentarios que ayudaron a mejorar el presente trabajo, a todos mis amigos: Ricardo, Genaro, Roberto, Flor, Ángel, Rosa, Lore, Aurora que se convirtieron en parte de mi familia, al CONACyT por el apoyo económico brindado, a la UAM-I por abrirme las puertas a un mundo maravilloso de conocimiento y a todas aquellas personas que contribuyeron directa o indirectamente a la realización de este proyecto.

Resumen

La teoría o ciencia de redes surgió hace casi veinte años como un nuevo campo para caracterizar sistemas complejos que interactúan, como la internet, las redes biológicas, sociales, etcétera [3]. Por otra parte, ésta teoría es por su propia naturaleza multidisciplinaria. A medida que se obtienen nuevos conocimientos y datos de los diferentes tipos de redes, surgen retos tanto para las matemáticas, como para la física.

La aplicación del conocimiento matemático en la biología no es nuevo y, a cambio, ha tenido una influencia notable sobre la misma matemática, la cual se ha inspirado en los fenómenos biológicos generando nuevos campos de estudio. Quizás no podríamos afirmar lo mismo para la biología, que es donde encontramos barreras para que, en la práctica, se adopte otra actitud respecto a las matemáticas. No obstante, la inclusión del lenguaje matemático se ha dado poco a poco conforme se acumula evidencia de la necesidad de describir, por ejemplo, grandes conjuntos de datos en la biología o establecer de forma analítica y abstracta relaciones entre variables que, de otra forma, llevaría mucho tiempo lograr descubrir sólo de manera experimental.

IV

Sin duda la estadística es, de las ciencias matemáticas, la que más ha nutrido las metodologías en las ciencias experimentales, pero estamos viviendo un momento en la historia de las ciencias en las que las herramientas de la física y las matemáticas están mostrando su utilidad en el momento de obtener nuevo conocimiento. Una de estas áreas que mejor podría tener mejor soporte teórico es la epidemiología, en la cual se estudia, desde el punto de vista médico y biológico, la distribución y los factores de riesgo de las enfermedades. Vamos a ejemplificar nuestra metodología partiendo de un ejemplo de esta ciencia.

Inicialmente presentamos un modelo epidemiológico genérico pero sencillo. El sistema evoluciona tanto en el tiempo como en el espacio, pero de forma discreta en éste último. Consideramos, por tanto, una región geográfica dividida en tres subregiones, en donde en cada una de ellas la dinámica poblacional es distinta pero relacionada con las otras dos. En concreto, supondremos que en cada subregión aparece un brote epidémico con una dinámica descrita por el modelo SI (susceptibles-infecciosos). El modelo completo lo estudiaremos, hasta donde sea posible, como un sistema dinámico discreto y con herramientas de teoría de señales.

Índice general

Índice de figuras	VIII
Índice de cuadros	XVII
1. Introducción	1
2. Modelos matemáticos discretos	5
2.1. Sistemas de ecuaciones discretas	6
2.1.1. Modelo presa-predador	6
2.1.2. Modelo parásito-hospedero	8
2.2. Modelos epidemiológicos discretos	11
2.2.1. Conceptos biológicos	11
2.2.2. Número reproductivo básico.	13
2.2.3. Sistema SIS	14
2.2.4. Sistema SI discreto con población constante	16
2.2.5. Número reproductor básico del sistema SI	19
2.2.6. Puntos fijos	20

2.2.7. Estabilidad de los puntos fijos	22
3. Introducción a los modelos en redes	29
3.1. Redes y grafos	29
3.1.1. Algunas definiciones	30
3.1.2. Grado, grado promedio y distribución del grado	31
3.1.3. Matriz de adyacencia	33
3.1.4. Geometría y topología de red	34
3.1.5. Caminos y distancias	35
3.1.6. La trayectoria más corta	36
3.1.7. Diámetro de la red	36
3.1.8. Longitud de trayectoria media	36
3.1.9. Conexiones	37
3.1.10. Tipos de redes	37
3.1.11. Red dirigida para tres nodos	41
3.1.11.1. Número de combinaciones posibles.	41
3.2. Análisis de series de tiempo	43
3.2.1. Medidas de dependencia: autocorrelación y correlación cruzada	45
3.2.2. Estacionalidad de series de tiempo	48
3.2.3. Estimación de la correlación	52
4. Formulación general del modelo	55
4.1. Planteamiento del modelo	56
5. Modelo SI montado sobre un grafo de 3 nodos	64
5.1. Tasas de transmisión deterministas	65

5.1.1. Grafo no dirigido	65
5.1.1.1. Poblaciones iniciales iguales	67
5.1.1.2. Algunas conclusiones.	103
5.1.1.3. Conclusiones	111
5.1.1.4. Poblaciones iniciales distintas.	111
5.2. Tasas de transmisión estocásticas	116
5.2.1. Hipótesis	117
5.2.2. Casos estudiados	118
5.2.2.1. Todos los nodos están conectados.	118
5.2.2.2. La información fluye en un solo sentido.	123
5.2.2.3. El nodo uno y el nodo tres están desconectados.	129
6. Conclusiones	136
Bibliografía	144

Índice de figuras

2.1. Integación numérica del modelo Lotka-Volterra, con condiciones iniciales $x_0 = 10$, $y_0 = 5$ y parámetros $\alpha = 0.07$, $\beta = 0.01$, $\gamma = 0.07$ y $\delta = 0.01$	8
2.2. Integración numérica del modelo parásito-hospedero estocástico, con condiciones iniciales $H_0 = 50$, $P_0 = 10$ y parámetros $\alpha = 1.05$, $\beta = 3$ y $\gamma = 0.005$	11
2.3. Esquema de compartimentos para el modelo SIS con dinámica vital.	15
2.4. Gráficas obtenidas integrando numéricamente el modelo de SIS, con condiciones iniciales $S_0 = 15$, $I_0 = 25$ y parámetros $\lambda = 0.7$, $\beta = 0.1$ y $\mu = 0.2$	16
2.5. Esquema de compartimentos para el modelo SI con dinámica vital.	17
2.6. Resultados obtenidos para el modelo (2.16).	26
2.7. Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 1.2$, ($\beta = 0.6$, $\mu = 0.5$).	26

2.8. Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones
 iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 0.83$, ($\beta = 0.5$, $\mu = 0.6$). 27

2.9. Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones
 iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 2$, ($\beta = 0.6$, $\mu = 0.3$). 27

2.10. Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones
 iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 2.3$, ($\beta = 0.7$, $\mu = 0.3$). 28

3.1. Distintos tipos de redes [5]. 41

4.1. Representación de la dinámica global con un modelo SI en
 cada nodo. 57

5.1. Representación de la dinámica global cuando montamos el mo-
 delo **SI** en un grafo no dirigido de tres nodos. 65

5.2. Gráficas obtenidas para el modelo simplificado con condiciones
 iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu_i = 0.7$,
 $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$ 80

5.3. Gráficas obtenidas para el modelo simplificado con condiciones
 iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.7$, $\mu_i = 0.3$,
 $i = 1, 2, 3$, $R_0^G > 1$ 81

5.4. Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de trans-
 misión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$,
 y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu_i = 0.8$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$ 82

5.5. Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de
 transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$,
 $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu_i = 0.8$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$. . . 83

- 5.6. Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu = 0.8$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$ 84
- 5.7. Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 = 0.8$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$ 86
- 5.8. Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 = 0.8$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$ 87
- 5.9. Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 = 0.8$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$ 88
- 5.10. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos cuando $n = 10,000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, 1 / 2)$, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 \in (0.31, 1)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$ 89

- 5.11. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los infecciosos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 \in (0.31, 1), \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_7 = 0.7$ 90

- 5.12. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos e infecciosos cuando $n = 10000$ de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 \in (0.31, 1), \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_7 = 0.7$ 92

- 5.13. Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7$ 94

- 5.14. Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7$ 95

- 5.15. Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.3$ 97

- 5.16. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.1, 0.7)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$ 99
- 5.17. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los infecciosos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.1, 0.7)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$ 100
- 5.18. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos e infecciosos cuando $n = 10000$ de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.1, 0.7)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$ 102
- 5.19. Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.6$, $\mu_2 = 0.3$, $\beta_3 = 0.7$, $\mu_3 = 0.5$ 104
- 5.20. Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.6$, $\mu_2 = 0.3$, $\beta_3 = 0.7$, $\mu_3 = 0.5$ 105

- 5.21. Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.6, \mu_2 = 0.3, \beta_3 = 0.7, \mu_3 = 0.5$ 106

- 5.22. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8, \mu_1 \in (0, 0.8), \beta_2 = 0.5, \mu_2 = 0.4, \beta_3 = 0.7, \mu_7 = 0.2$ 108

- 5.23. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los infecciosos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8, \mu_1 \in (0, 0.8), \beta_2 = 0.6, \mu_2 = 0.3, \beta_3 = 0.7, \mu_7 = 0.5$ 109

- 5.24. Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos e infecciosos cuando $n = 2500$ de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8, \mu_1 \in (0.1, 0.7), \beta_2 = 0.5, \mu_2 = 0.4, \beta_3 = 0.7, \mu_7 = 0.2$ 110

- 5.25. Gráficas para las poblaciones locales, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000, I_0^1 = 50, S_0^2 = 3000, I_0^2 = 150, S_0^3 = 600, I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7, 113$

5.26. Gráficas para las poblaciones locales de sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000, I_0^1 = 50, S_0^2 = 3000, I_0^2 = 150, S_0^3 = 600, I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7,$ 114

5.27. Gráficas para las poblaciones locales de infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000, I_0^1 = 50, S_0^2 = 3000, I_0^2 = 150, S_0^3 = 600, I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7,$ 115

5.28. Gráficas para las poblaciones globales de sanos e infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000, I_0^1 = 50, S_0^2 = 3000, I_0^2 = 150, S_0^3 = 600, I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7,$ 116

5.29. Representación del caso en el que todos los nodos están conectados en términos de un grafo. 118

5.30. Promedio de sanos, infecciosos y poblaciones por nodos, de un total 100 realizaciones, con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15), i, j = 1, 2, 3.$ 119

5.31. Funciones de correlación entre los sanos con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.4, \mu_2 = 0.5, \beta_3 = 0.2, \mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15), i, j = 1, 2, 3.$ 121

5.32. Funciones de correlación entre los infecciosos condiciones ini-
 ciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$,
 $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j =$
 $1, 2, 3$ 122

5.33. Funciones de correlación entre las poblaciones locales con con-
 diciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros
 $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y
 $\alpha_{ij} \sim P(15)$ 123

5.34. Representación en términos de un grafo cuando la informa-
 ción fluye en un solo sentido, considerando que las tasas de
 transmisión son las mismas. 124

5.35. Promedio de las poblaciones locales cuando la información flu-
 ye en un solo sentido de un total 100 realizaciones, con con-
 diciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros
 $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y
 $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$ 125

5.36. Funciones de correlación entre los sanos con condiciones ini-
 ciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$,
 $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j =$
 $1, 2, 3$ 127

5.37. Funciones de correlación entre los infecciosos, cuando la infor-
 mación fluye en un solo sentido, condiciones iniciales $S_0^i = 100$,
 $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$,
 $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$ 128

- 5.38. Funciones de correlación entre las poblaciones locales, cuando la información fluye en un sólo sentido, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$. . . 129
- 5.39. Representación del caso cuando tenemos flujo de información de ida y vuelta entre los nodos pero dos de ellos están completamente desconectados. 130
- 5.40. Promedio de las poblaciones locales, sanos e infecciosos para el sistema con un nodo desconectado, de un total 100 realizaciones, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$ con $i, j = 1, 2, 3$ 131
- 5.41. Funciones de correlación entre los sanos para un sistema con un nodo desconectado, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$ 133
- 5.42. Funciones de correlación entre los infecciosos para el sistema con un nodo desconectado, condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$ 134
- 5.43. Funciones de correlación entre las poblaciones locales para un sistema con un nodo desconectado, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$ 135

Índice de cuadros

3.1. Representación de los posibles casos para una red dirigida de tres nodos.	44
5.1. Parámetros para el sistema libre de enfermedad con poblaciones iniciales iguales.	85
5.2. Parámetros para el sistema con un nodo infectado, con poblaciones iniciales iguales.	93
5.3. Parámetros para el sistema completamente infectado con poblaciones iniciales iguales.	103
5.4. Parámetros para un sistema con un nodo infectado y poblaciones iniciales distintas.	112
5.5. Poblaciones iniciales distintas.	112
5.6. Parámetros para el sistema con un nodo infectado, con poblaciones iniciales iguales y tasas de transmisión estocásticas . . .	117
5.7. Poblaciones iniciales para el sistema con un nodo infectado y tasas de transmisión estocásticas.	117

1

Introducción

¿En qué consiste el proceso de modelación? Un modelo matemático es una síntesis de la realidad (en este caso realidad biológica) que nos ayuda a entenderla. Se trata de traducir aspectos de la naturaleza al lenguaje matemático. Si logramos, por ejemplo, traducir a relaciones matemáticas los mecanismos subyacentes de transmisión de enfermedades en una población, dispondremos de una valiosísima herramienta para comprender y controlar dichos procesos. El problema es lograr una traducción adecuada y realista, que encierre todos los elementos clave del sistema. Este es el paso crucial que requiere altas dosis de imaginación, intuición y conocimientos biológicos. Además, como es habitual en la ciencia, necesitamos un inagotable proceso de ensayo-error, hasta dar con el modelo más adecuado. Inevitablemente, esta procedimiento lleva a una simplificación. Un modelo que pretenda ser tan complejo como el mundo real es una utopía. Además, englobaría tan-

tas variables y ecuaciones que sería intratable incluso para las computadoras más potentes. Es más práctico trabajar con modelos sencillos, sin un grado de complicación mayor que el necesario para englobar todos los factores de importancia vital.

En la literatura encontramos múltiples formas para proponer un modelo matemático. Entre las principales tenemos: Modelos estadísticos, modelos en ecuaciones diferenciales, probabilísticos, ecuaciones en diferencias y más recientemente los modelos en redes. En este trabajo presentamos tres tipos de modelos para un mismo problema. Nos centramos en los modelos de *ecuaciones en diferencias* por la simplicidad computacional, su maleabilidad y, sobre todo, por lo adecuado para describir la dinámica determinista que sigue un fenómeno dado. Por otro lado, introducimos modelos *probabilísticos* y *estocásticos*, ya que describen apropiadamente la aleatoriedad de los fenómenos, y nos ayudan a tener una idea más precisa del comportamiento de un sistema complejo bajo perturbaciones. Y, por último, los modelos basados en la *teoría de redes*, que es una de las teorías más completa y al mismo tiempo elegante, que nos permite comprender un fenómeno a partir de describir los diferentes estados por los que transita el sistema, que sirve de modelo del fenómeno en cuestión, y nos permite cuantificar la forma en que estos estados se acoplan; además esta teoría poseen una amplia variedad de aplicaciones [4]. Al integrar estos tres tipos de modelos buscamos un modelo general para identificar y tratar problemas complicados que se dan en muchas aplicaciones, que van desde la física hasta las ciencias sociales.

Entre la enorme colección de modelos con la que se cuenta actualmente

en epidemiología matemática [21, 13], decidimos trabajar con el sistema en ecuaciones en diferencias conocido como sistema SI, porque es uno de los más adecuados, de acuerdo con las inquietudes que se nos presentaron, así como por su simplicidad computacional, además estamos seguros que es una buena base para comenzar a entender mecanismos complejos [12]. Para los modelos probabilísticos utilizamos la distribución de Poisson, ya que se especializa en la probabilidad de ocurrencia de sucesos con probabilidades muy pequeñas, o eventos “raros”. En cuanto al modelo en teoría de redes comenzamos con una red de tres nodos. En el segundo capítulo hacemos una revisión de algunos modelos en ecuaciones. En el tercer capítulo planteamos los modelos *presa-predador*, *parásito-hospedero*, SIS y SI. El modelo SI será “montado” en cada nodo de la red. También estudiamos los temas clave de la biología para plantear el modelos de acuerdo a las exigencias del problema. En el cuarto capítulo revisamos brevemente la teoría de redes, algunas definiciones principales, la topología de la red, la matriz de adyacencia, los distintos tipos de redes, etc. Ahí calculamos los parámetros topológicos de un red dirigida de tres nodos. También revisamos la teoría necesaria para el análisis de series de tiempo: medidas de dependencia, estacionalidad de series de tiempo y estimación de la correlación, ya que una forma de cuantificar el impacto de la dinámica de un nodo en los otros es analizar los gráficos de correlación que se obtienen. En el quinto capítulo planteamos el modelo completo, es decir montamos en una red o grafo de tres nodos el modelo SI y los estudiamos con detenimiento en dos formas: como un modelo determinista (los parámetros son fijos y la población sólo se mezclan entre nodos, pero permanece constante en el tiempo) y como modelo estocástico (las tasas de transmisión

entre los nodos siguen una distribución de probabilidad). Obtendremos varias observaciones computacionales y algunas analíticas. Lo anterior nos arroja luz sobre continuar con el trabajo en varias direcciones. Finalmente, en el capítulo 6 presentamos las conclusiones del trabajo.

2

Modelos matemáticos discretos

El empleo de las ecuaciones en diferencias es adecuado como modelos de una realidad discreta (datos), además de ser fáciles de plantear con una interpretación biológica directa. A fin de elaborar este capítulo, fueron varias las obras consultadas y están listadas en la bibliografía [11, 2, 15, 22, 7, 8, 9, 6, 12, 16, 21, 18, 13]. Son usados en la modelación de fenómenos en diversas disciplinas como la genética, epidemiología, ecología, fisiología, redes neuronales, psicología, ingeniería, física, química, ciencias sociales entre otras. Su maleabilidad computacional y su simplicidad matemática, son fuertes atractivos para los especialistas de muchas disciplinas, entre ellas las mencionadas anteriormente [14]. De este modo, tras plantear el modelo preliminar, vamos analizar algunos aspectos numéricos del mismo. En este capítulo nos concentramos en la modelación matemática de sistemas biológicos. En la Sección 2 planteamos varios modelos matemáticos discretos también inspirados en la

biología.

La Sección 3 es una introducción de los modelos SI y SIS. Detallamos al modelo SIS, ya que este es el que utilizaremos para montarlo en la red.

2.1. Sistemas de ecuaciones discretas

Los retos que nos presentan las múltiples aplicaciones, los abordamos mediante la adaptación de una colección de modelos a distintas situaciones. Como hemos mencionado con anterioridad, nos enfocamos en los sistemas de ecuaciones en diferencias.

2.1.1. Modelo presa-predador

El modelo *presa-predador* o *Lotka-Volterra* es uno de los modelos más estudiados desde la modelación matemática, el cual consiste en una descripción y explicación de la interacción entre dos especies, una predadora y otra presa. En la literatura, se inicia el estudio de este sistema de forma continua pero, en el caso de un conteo temporal discreto de muestras es más apropiado emplear una versión discreta del modelo [12]. Las hipótesis sobre las que se basa el modelo son las siguientes

- El ecosistema está aislado.
- La población de las presas en ausencia de predadores crece exponencialmente (la velocidad de reproducción es proporcional al número de individuos).

- Las presas sólo mueren cuando son cazadas por el predador.
- La población de predadores, en ausencia de presas, decrece de manera exponencial.
- Las presas decrecen de forma proporcional al número de encuentros posibles entre éstas y los predadores.
- Los predadores se ven beneficiados de manera proporcional al número de encuentros con las presas.

Bajo estas consideraciones obtenemos el modelo Lotka-Volterra discreto

$$\begin{aligned}x_{n+1} &= x_n + \alpha x_n - \beta x_n y_n, \\y_{n+1} &= y_n - \gamma y_n + \delta x_n y_n,\end{aligned}\tag{2.1}$$

donde x_n es el número de presas al tiempo n y y_n es número de predadores al tiempo n , con $n = 0, 1, 2, \dots$. Los parámetros son constantes y representan

- α la tasa de crecimiento de las presas.
- β la tasa de éxito del predador al cazar.
- γ la tasa de crecimiento de los predadores.
- δ la tasa de éxito y aprovechamiento del recurso del predador.

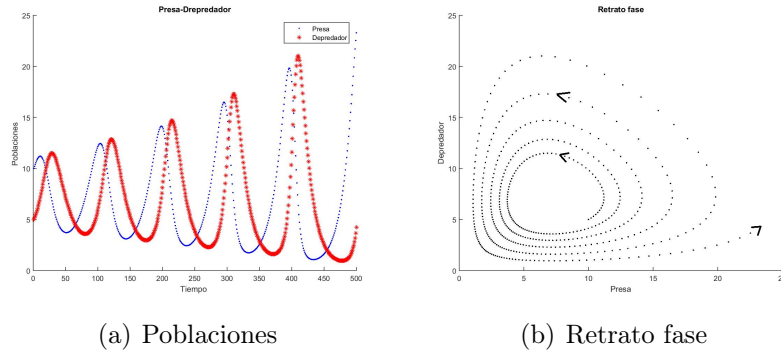


Figura 2.1: Integación numérica del modelo Lotka-Volterra, con condiciones iniciales $x_0 = 10$, $y_0 = 5$ y parámetros $\alpha = 0.07$, $\beta = 0.01$, $\gamma = 0.07$ y $\delta = 0.01$.

2.1.2. Modelo parásito-hospedero

Este modelo se refiere a la interacción entre un insecto *parasitoide* y un *hospedero*. El parásito ocupa los huevos de otro insecto para desarrollar su progenie. Así, una vez infectado el huevo del hospedero, el desarrollo de las larvas del parásito lleva a la destrucción de éste. Dada la estacionalidad, que suele caracterizar a los ciclos biológicos de estos organismos, es más factible establecer un modelo discreto [12]. La forma general del modelo puede expresarse como sigue

$$\begin{aligned} H_{n+1} &= \alpha H_n f(H_n, P_n), \\ P_{n+1} &= \beta H_n [1 - f(H_n, P_n)], \end{aligned} \tag{2.2}$$

donde

- H_n es la población del hospedero al tiempo n .

- P_n es la población del parásito al tiempo n .
- α es la tasa de crecimiento per cápita de la población de los hospederos.
- β es la eficiencia de conversión de los hospederos en nuevos parásitos.
- $f(H_n, P_n)$ es la fracción de hospederos que no han sido parasitados, en la generación n .

Tenemos, por tanto, que

$$f(H_n, P_n)H_n = \text{número de hospederos no parasitados.}$$

$$[1 - f(H_n, P_n)] H_n = \text{número de hospederos parasitados.}$$

Falta especificar la forma funcional de $f(H_n, P_n)$. Supongamos que los encuentros entre los hospederos y los parásitos ocurren de manera aleatoria y que son independientes (esto último significa que un parásito no distingue entre los hospederos que ya fueron parasitados y los que no). Por la *ley de acción de masas* [16], tenemos que el número de encuentros es proporcional al producto $H_n P_n$; es decir, $\gamma H_n P_n$, donde γ es la constante de proporcionalidad. Dicha constante representa la búsqueda eficiente de los parásitos. El número de encuentros por hospedero es, por tanto,

$$\delta = \frac{\gamma H_n P_n}{H_n} = \gamma P_n. \quad (2.3)$$

Por supuesto, no todos los hospederos experimentan los mismos encuentros, de hecho algunos experimentan más que otros. Sea

$$p(i) = \text{probabilidad de que un hospedero experimente } i \text{ encuentros.} \quad (2.4)$$

Dado que suponemos que los encuentros se dan de una manera aleatoria e independiente, se dice que los eventos siguen un *Proceso de Poisson*. Así entonces, introducimos a la *distribución de Poisson* para $p(i)$ con intensidad δ . En particular tenemos que

$$p(i) = \frac{\delta^i e^{-\delta}}{i!}. \quad (2.5)$$

Recordemos que definimos $f(H_n, P_n)$ como la fracción de hospederos no parasitados, por lo que, en término de la distribución de Poisson, tenemos que

$$f(H_n, P_n) = p(0) = \frac{\delta^0 e^{-\delta}}{0!} = e^{-\delta} = e^{-\gamma P_n}. \quad (2.6)$$

Por lo que substituyendo la Ecuación (2.6) en la Ecuación (2.2) obtenemos

$$\begin{aligned} H_{n+1} &= \alpha H_n e^{-\gamma P_n}, \\ P_{n+1} &= \beta H_n [1 - e^{-\gamma P_n}]. \end{aligned} \quad (2.7)$$

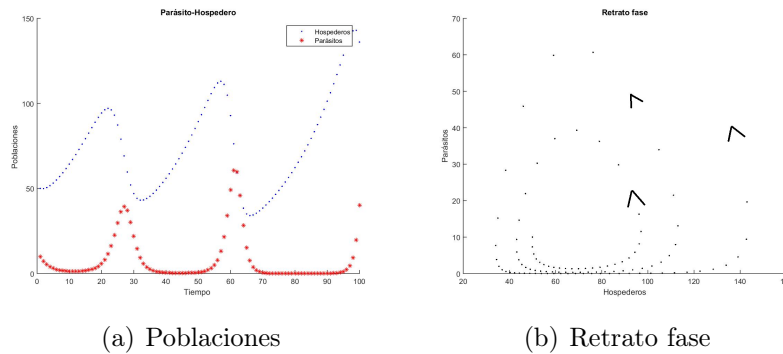


Figura 2.2: Integración numérica del modelo parásito-hospedero estocástico, con condiciones iniciales $H_0 = 50$, $P_0 = 10$ y parámetros $\alpha = 1.05$, $\beta = 3$ y $\gamma = 0.005$.

2.2. Modelos epidemiológicos discretos

Los modelos epidemiológicos han sido adaptados y mejorados con el paso del tiempo. En esta sección describiremos dos de estos modelos que han sido de gran utilidad para comprender de forma sencilla a los fenómenos epidemiológicos.

2.2.1. Conceptos biológicos

El conocimiento biológico del problema juega un papel fundamental para definir al modelo matemático, ya que nos permite hacer suposiciones apegadas a la realidad de forma simple, resaltando los aspectos más importantes. Uno de los problemas prototipo, que más se estudia en la biología matemática, es la interacción susceptible-infectioso, el cual consiste de un modelo matemático que determina la dispersión de algunas enfermedades.

Específicamente, sabemos que las enfermedades causadas por virus o bacterias se pueden transmitir por contacto físico, ya sea directo o indirecto. El virus necesita a un nuevo individuo para continuar con la infección provocando un nuevo contagio [13].

Definición 2.1. Tasa de contacto: *Número de veces que un individuo infeccioso entra en contacto con otros individuos por unidad de tiempo.*

Consideraremos que la tasa de contacto, φ , es proporcional al número total de individuos. Esta tasa describe dos puntos importantes

- La manera como los individuos están interaccionando entre ellos.
- La capacidad del virus para infectar.

La intensidad de la infección dependerá de varios factores: tiempo, espacio, interacción entre los individuos, diversidad genética, entre otros tantos. Para nuestro estudio, consideraremos la tasa de infección más simple. Supongamos que la probabilidad de infección por contacto sea β_0 , el término $\varphi\beta_0$ es la capacidad que tiene un individuo infeccioso para infectar a otros individuos. Sabiendo que este individuo no puede infectar a otros que no sean susceptibles, por lo tanto la capacidad esta dada por

$$\frac{\beta_0\varphi S}{T},$$

que es la llamada *razón de infección*. Así, la cantidad de nuevos individuos

infecciosos al tiempo n está dada por

$$\frac{\beta_0 \varphi S(n) I(n)}{T(n)},$$

y se llamada *incidencia de la enfermedad*, que representa la transición de los individuos del estado susceptible al estado infeccioso. Cuando la tasa de contacto es constante, es decir $\varphi = k$, la incidencia está dada por

$$\frac{\beta S(n) I(n)}{T(n)}, \quad (2.8)$$

donde $\beta = \beta_0 k$ se llamada *incidencia estándar*.

2.2.2. Número reproductivo básico.

El número reproductivo básico R_0 de una enfermedad se define como sigue:

Definición 2.2. *Número promedio de infecciones secundarias causadas por un infeccioso, durante el periodo donde puede transmitir la infección en una comunidad donde todos son susceptibles.*

R_0 es el parámetro de mayor importancia en epidemiología matemática ya que, con él, se puede conocer el desarrollo de la enfermedad. Si $R_0 < 1$, en promedio se producen menos de un caso infeccioso en una comunidad donde todos son susceptibles, por lo tanto la enfermedad no progresará. Si por el contrario, $R_0 > 1$, se produce en promedio más de un infeccioso secundario y habrá un brote epidémico o la enfermedad permanecerá de forma endémica.

R_0 es una combinación de parámetros epidemiológicos y demográficos, y la forma que adopte dependerá de la enfermedad en cuestión. Definimos el valor de R_0 de la siguiente forma:

$$R_0 = \sum_{n=0}^{\infty} b_n F_n, \quad (2.9)$$

donde F_n es la probabilidad de que un nuevo infeccioso lo continúe siendo hasta un tiempo n , y b_n es el número medio de nuevos infecciosos producidos por un individuo infectado por unidad de tiempo, si éste permanece infeccioso por un tiempo n .

2.2.3. Sistema SIS

En esta subsección presentamos el modelo SIS con dinámica vital. Dicho modelo es utilizado cuando la recuperación no le confiere inmunidad a un individuo. En este caso, un individuo que pasa de la clase susceptible S a la clase de los infecciosos I , retorna posteriormente a la clase susceptible S cuando se recupere de la infección. Consideremos las siguientes hipótesis

1. Todos los individuos nacen susceptibles. Esta condición refleja que no hay una transmisión de anticuerpos de la madre al feto.
2. El tamaño de la población es constante. La tasa de natalidad es igual a la tasa de mortalidad; denotada por μ con la condición de que $0 < \mu < 1$ así, el número de individuos que mueren en las clases S e I en el periodo n y $n+1$ es, respectivamente, μS y μI . Además, nacen un número igual de susceptibles en el mismo período.

3. Los infecciosos se recuperan y vuelven a ser susceptibles a una tasa β .
4. Los susceptibles pasan a ser infecciosos con una tasa λ .
5. Las interacciones entre individuos se supone como una mezcla completa y homogénea.
6. La enfermedad se da en un ambiente cerrado. No existe inmigración, emigración.

En términos de compartimentos, el sistema SIS está representado en la Figura 2.3.

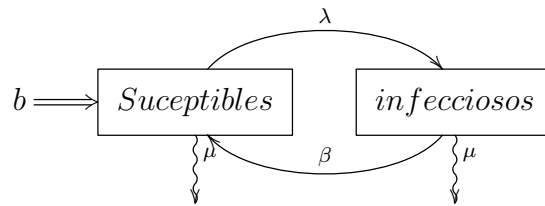


Figura 2.3: Esquema de compartimentos para el modelo SIS con dinámica vital.

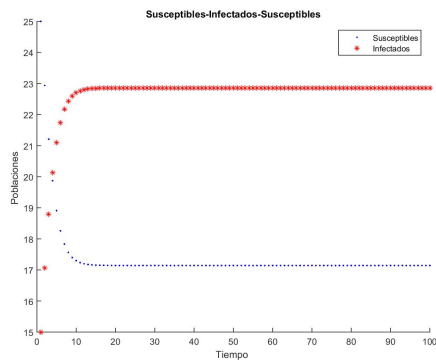
Bajo las hipótesis establecidas podemos formular el modelo SIS con el siguiente sistema de ecuaciones en diferencias

$$S_{n+1} = S_n(1 - \mu) + \mu T_n - \frac{\lambda S_n I_n}{T_n} + \beta I_n, \quad (2.10)$$

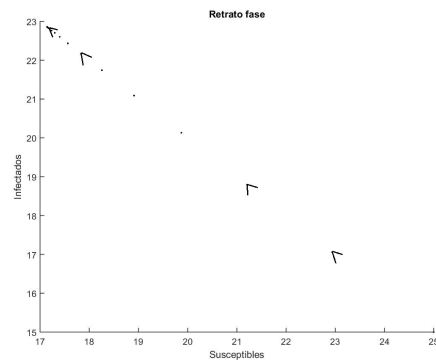
$$I_{n+1} = I_n + \frac{\lambda S_n I_n}{T_n} - I_n(\mu + \beta), \quad (2.11)$$

donde

- T_n es la población total al tiempo n .
- S_n es el número de susceptibles al tiempo n .
- μ es la tasa de natalidad y mortalidad ($0 < \mu < 1$).
- λ es la tasa de transmisión (proporcional al contacto entre individuos) ($0 < \lambda < 1$).
- β es la tasa de recuperación de los infecciosos ($0 < \beta < 1$).



(a) Poblaciones.



(b) Retrato fase.

Figura 2.4: Gráficas obtenidas integrando numéricamente el modelo de SIS, con condiciones iniciales $S_0 = 15$, $I_0 = 25$ y parámetros $\lambda = 0.7$, $\beta = 0.1$ y $\mu = 0.2$.

2.2.4. Sistema SI discreto con población constante

En esta subsección describimos un modelo simple dividido en dos poblaciones: susceptibles e infectados, este modelo se denomina SI y lo utili-

zaremos para estudiar la dinámica de una red dirigida con tres nodos. Consideremos las siguientes hipótesis

1. Todos los individuos nacen susceptibles. Esta condición refleja que no hay una transmisión de anticuerpos entre madre y el hijo.
2. El tamaño de la población es constante; es decir, la tasa de natalidad es igual a la tasa de mortalidad y la denotamos por μ , con la condición de que $0 < \mu < 1$. Por lo tanto, el número de individuos que mueren en las clases S e I en el periodo n y $n + 1$ es μS y μI , respectivamente nacen un número igual de susceptibles en el mismo período.
3. No existe recuperación de los infecciosos; es decir, no regresan a ser susceptibles.
4. Las interacciones entre individuos se da como nates, como una mezcál completa y homogénea.
5. La enfermedad se da en un ambiente cerrado; es decir, no existe inmigración o emigración.

Un esquema en compartimentos esta representado en la Figura 2.5.

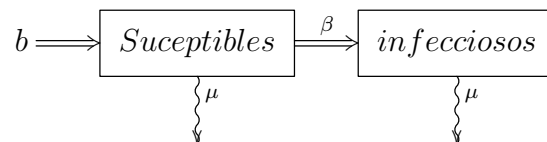


Figura 2.5: Esquema de compartimentos para el modelo SI con dinámica vital.

De este modo, y de acuerdo con las hipótesis arriba mencionadas, establecemos el modelo de epidemia en tiempo discreto de la siguiente forma:

$$S_{n+1} = S_n + \mu T_n - \frac{\beta S_n I_n}{T_n} - \mu S_n, \quad (2.12)$$

$$I_{n+1} = I_n + \frac{\beta S_n I_n}{T_n} - \mu I_n, \quad (2.13)$$

donde

- T_n es la población total al tiempo n .
- S_n es el número de susceptibles al tiempo n .
- μ es la tasa de natalidad (y mortalidad) tal que $0 < \mu < 1$.
- β es la tasa de transmisión (proporcional al contacto entre individuos), tal que $0 < \beta < 1$.

A partir de este modelo tenemos lo siguiente

Proposición 2.1. *La población total del modelo SI se mantiene constante.*

Demostración. Sabemos que en el sistema, Ecuaciones 2.12 y 2.13, la tasa de natalidad es igual a la tasa de mortalidad μ . Si sumamos ambas ecuaciones obtendremos

$$T_{n+1} = S_{n+1} + I_{n+1} = S_n + \mu T_n - \mu S_n + I_n - \mu I_n = T_n.$$

Así, la población total se mantendrá constante y se denotará por T . \square

2.2.5. Número reproductor básico del sistema SI

Al estudiar modelos descritos por estados, cobra importancia la variación de cada uno de tales estados en el tiempo. El flujo de nuevos infecciosos está relacionado con las densidades de la población sana e infecciosa, que representa el número de contactos entre ambas poblaciones. Por lo tanto, la fracción $\beta S_n I_n / T_n$, representa el flujo de contagios entre individuos sanos e infecciosos por unidad de tiempo; siendo $0 < \beta < 1$ la tasa de contactos adecuados (es decir, un contacto suficiente para la transmisión) por unidad de tiempo. Por otro lado, los individuos infecciosos permanecerán con la enfermedad durante un periodo determinado hasta que mueran. El flujo de paso del estado infeccioso al estado de muerte es μI , tal que $0 < \mu < 1$, lo cual representa la tasa de individuos infecciosos que mueren por unidad de tiempo. Sea I_n el número de infecciosos al tiempo n que fueron infecciosos al tiempo 0. Por lo tanto, tenemos que

$$I_{n+1} = I_n - \mu I_n = I_n(1 - \mu),$$

cuya solución, en diferencias, está dada por

$$I_n = (1 - \mu)^n I_0, \tag{2.14}$$

la cual que corresponde al número de individuos que quedan en el estado I_n , después de n unidades de tiempo, con población inicial I_0 . En consecuencia, la

proporción de infecciosos que permanecen al tiempo n es $1 - \mu$. Para calcular el número reproductor básico, R_0 , utilizamos la expresión (2.9), asignando valores numéricos a las funciones b_n y F_n . La función b_n representa el número medio de infecciosos producidos por un individuo infeccioso por unidad de tiempo, si éste permanece en dicho estado por un tiempo n . Debido a que los nuevos infecciosos provienen del flujo $\beta S_n/T_n$, tenemos que $b_n = \beta S_n/T_n = \beta$ ya que, al principio de la infección, toda la población es susceptible; es decir, $S_n = T_n$. La función F_n representa la probabilidad de que un nuevo infeccioso continúe dicho estado hasta el tiempo n . Debido a que el único flujo de salida del estado infeccioso es μI y, dada la Ecuación (2.14), tenemos que $F_n = (1 - \mu)^n$. De esta forma concluimos que

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu} \quad (2.15)$$

2.2.6. Puntos fijos

Dado que la población T_n , de modelo (2.12) y (2.13), permanece constante a través del tiempo, la denotaremos por T , entonces es conveniente considerar las fracciones $x_n = S_n/T$ y $y_n = I_n/T$ como un escalamiento de las variables originales. Por lo tanto, estudiaremos el sistema equivalente en las variables x e y , de tal forma que

$$\begin{aligned} x_{n+1} &= x_n(1 - \mu) + \mu - \beta x_n y_n, \\ y_{n+1} &= y_n(1 - \mu) + \beta x_n y_n. \end{aligned} \quad (2.16)$$

Los puntos fijos del sistema (2.16), en las variables x y y , son soluciones que no dependen del tiempo. Esta situación puede ser obtenida cuando consideramos $x_{n+1} = x_n$ y $y_{n+1} = y_n$, precisamente porque éstas últimas representan la discretización de la primer derivada igualada a cero. Por lo tanto, en el continuo, si (x, y) es un punto fijo del sistema (2.16), se debe de cumplir:

$$\mu(1 - x) - \beta xy = 0, \quad (2.17)$$

$$(\beta x - \mu)y = 0. \quad (2.18)$$

De donde tenemos la siguiente

Proposición 2.2. *Si $R_0 < 1$, el sistema (2.16) admite un único punto fijo llamado libre de enfermedad dado por $E_0 = (1, 0)$. En caso contrario, el sistema admite dos puntos de fijos, el libre de enfermedad E_0 y el punto fijo endémico dado por*

$$E_1 = \left(\frac{1}{R_0}, \frac{R_0 - 1}{R_0} \right)$$

Demostración. Del sistema de Ecuaciones (2.17) y (2.18), tenemos que $y = 0$ o $x = \mu/\beta$. Si $y = 0$, no tenemos infecciosos y $x = 1$, por lo tanto tenemos el punto fijo $E_0 = (1, 0)$. En caso contrario, cuando $x = \mu/\beta$, sustituyendo en la primera ecuación del sistema (2.17) y (2.18) tenemos $y = 1 - \mu/\beta$, sabiendo que $R_0 = \beta/\mu$, obtenemos el segundo punto fijo,

$$E_1 = \left(\frac{1}{R_0}, \frac{R_0 - 1}{R_0} \right) \quad (2.19)$$

Observemos que, cuando $R_0 > 1$, tenemos un valor positivo para un número

positivo de infecciosos, por lo tanto existe un segundo punto de equilibrio E_1 , en caso contrario sólo tenemos el punto fijo E_0 , por lo tanto la enfermedad acaba desapareciendo. \square

2.2.7. Estabilidad de los puntos fijos

El sistema (2.16) tiene los puntos fijos E_0 y E_1 . El análisis de los puntos fijos lo realizaremos a partir de la matriz jacobiana de este sistema (véase [14],[17]). Reescribimos al sistema de la siguiente forma

$$\begin{aligned} f(x, y) &= x(1 - \mu) + \mu - \beta xy, \\ g(x, y) &= y(1 - \mu) + \beta xy, \end{aligned}$$

entonces tenemos que

$$J(x, y) = \begin{pmatrix} D_x f & D_y f \\ D_x g & D_y g \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 - (\mu + \beta y) & -\beta x \\ \beta y & 1 - \mu + \beta x \end{pmatrix}.$$

Sabemos que un punto fijo, de un sistema de ecuaciones en diferencias, es estable si todos los valores propios de la matriz jacobiana tienen módulo menor a uno. A continuación analizaremos la estabilidad de los puntos fijos E_0 y E_1 , en función del número reproductivo básico.

Proposición 2.3. *El punto fijo E_0 sera estable si $R_0 < 1$ e inestable si $R_0 > 1$.*

Demostración. Para analizar la estabilidad de $E_0 = (1,0)$ usaremos el poli-

nomio característico de la matriz jacobiana evaluada en este punto, la cual esa dada por:

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

Así, el polinomio característico es

$$P_{J(1,0)}(\lambda) = (1 - \mu - \lambda)(1 + \beta - \mu - \lambda),$$

obteniendo los siguiente valores propios:

$$\lambda_1 = 1 - \mu,$$

$$\lambda_2 = 1 + \beta - \mu,$$

El punto fijo $(1,0)$ será estable si, $|\lambda_1| < 1$ y $|\lambda_2| < 1$. Analizando los autovalores λ_1 y λ_2 , para $R_0 < 1$, encontramos que $|\lambda_1| < 1$, ya que $\lambda_1 = 1 - \mu$ y $0 < \mu < 1$, para el autovalor λ_2 . Entonces, tenemos que demostrar que

$$|1 + \beta - \mu| < 1.$$

Para ello, multiplicando la expresión por $1/\mu$, y obtenemos

$$\left| \frac{1}{\mu} + \frac{\beta}{\mu} - 1 \right| < \frac{1}{\mu},$$

como $R_0 = \beta/\mu < 1$, se cumple la desigualdad y tenemos el resultado deseado.

En el caso $R_0 > 1$, el valor propio λ_1 sigue teniendo módulo menor que 1, pero el valor propio λ_2 tiene módulo mayor a uno, por lo tanto el punto fijo $E_0 = (1,0)$, es inestable. \square

Proposición 2.4. *Si $R_0 > 1$, entonces el punto fijo E_1 sera localmente estable.*

Demostración. Para analizar la estabilidad del punto fijo

$$E_1 = \left(\frac{1}{R_0}, \frac{R_0 - 1}{R_0} \right),$$

calculamos el polinomio característico de $J(E_1)$,

$$P_{J(E_1)}(\lambda) = \lambda^2 + (\beta - 2)\lambda + (1 - \beta + \mu\beta - \mu^2).$$

Ahora bien, para demostrar que los valores propios de este polinomio característico tienen módulo menor que 1, utilizaremos el criterio de Jury [20]. Consideremos $\alpha_1 = \beta - 2$, $\alpha_2 = 1 - \beta + \mu\beta - \mu^2$, y probaremos las siguientes desigualdades

- $1 + \alpha_1 + \alpha_2 > 0$,
- $1 - \alpha_1 + \alpha_2 > 0$,
- $1 - \alpha_2 > 0$.

La primera desigualdad es verdadera, ya que si sustituimos α_1 y α_2 y simplificando obtendremos

$$\mu(\beta - \mu) > 0,$$

ya que $R_0 > 1$. Para la segunda desigualdad tenemos que

$$4 - 2\beta + \mu(\beta - mu) > 0,$$

pues $R_0 > 1$ y $0 < \beta < 1$. Para la tercera desigualdad después de sustituir el punto α_2 tenemos:

$$\beta(1 - \mu) + \mu^2$$

y, sabiendo que $0 < \mu < 1$, se sigue la desigualdad deseada. Por lo tanto, $|\lambda_{1,2}| < 1$ y E_1 es un punto fijo localmente estable. \square

Una vez producida la infección, se buscará mantener ésta por debajo de un umbral K ; es decir, se cumplirá que

$$\frac{R_0 - 1}{R_0} < K, \quad (2.20)$$

o bien,

$$R_0 < \frac{1}{1 - K}. \quad (2.21)$$

Por ejemplo, si se requiere que la población de los enfermos no sobrepase a los sanos, se debe cumplir que $R_0 < 2$. El análisis del modelo (2.16), (2.17) y (2.18) nos produce los resultados desplegados en la Figura 2.6. En las gráficas de la 2.2.7 a la 2.2.7, mostramos algunas simulaciones numéricas del sistema de ecuaciones en diferencias (2.16).

Reproductividad básica	Punto de equilibrio	Punto de equilibrio
R_0	E_0 trivial	E_1 no trivial
$R_0 < 1$	Estable	\nexists
$R_0 > 1$	Inestable	Estable

Figura 2.6: Resultados obtenidos para el modelo (2.16).

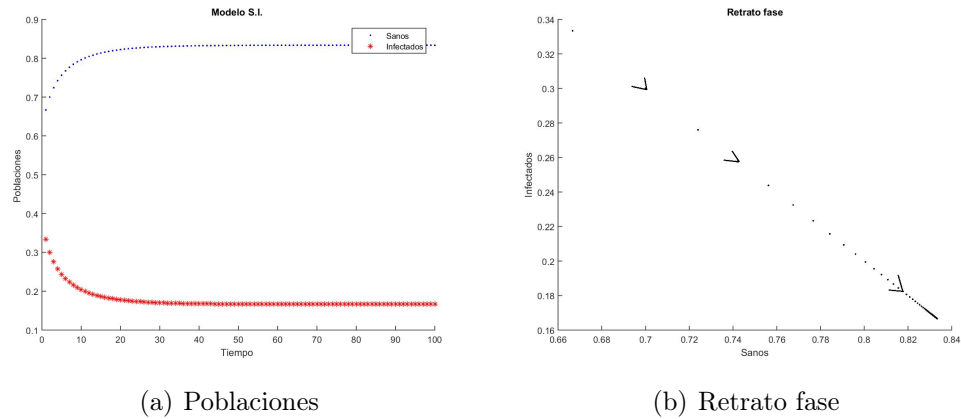
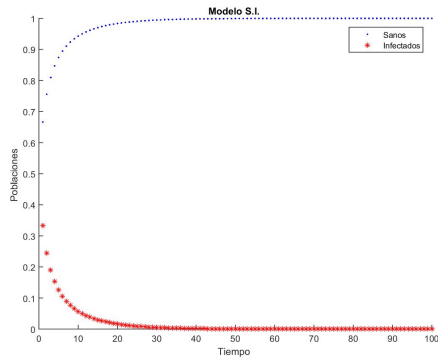
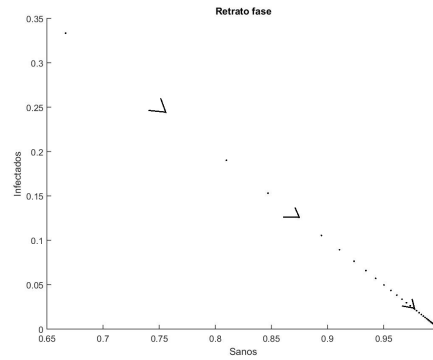


Figura 2.7: Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 1.2$, ($\beta = 0.6$, $\mu = 0.5$).

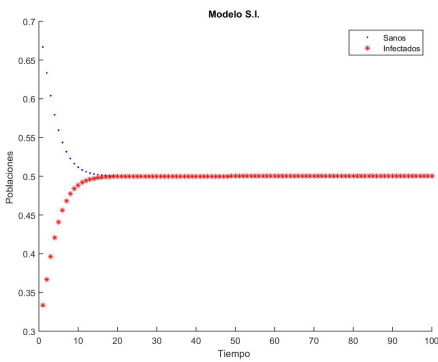


(a) Poblaciones

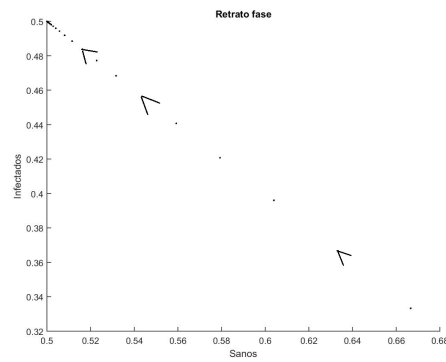


(b) Retrato fase

Figura 2.8: Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 0.83$, ($\beta = 0.5$, $\mu = 0.6$).

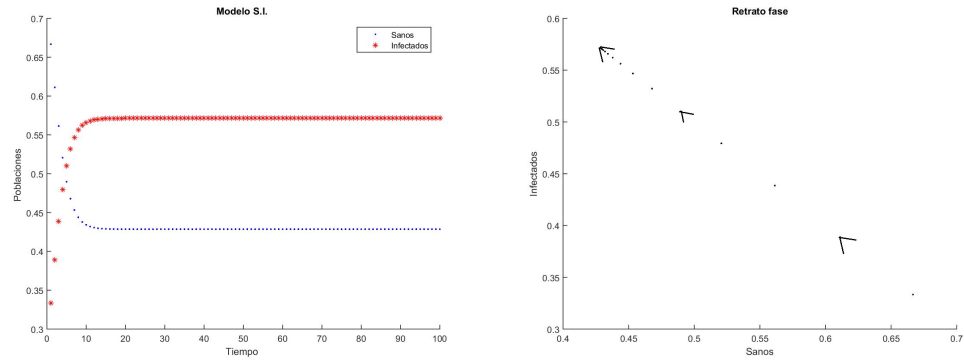


(a) Poblaciones



(b) Retrato fase

Figura 2.9: Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 2$, ($\beta = 0.6$, $\mu = 0.3$).



(a) Poblaciones

(b) Retrato fase

Figura 2.10: Gráficas obtenidas para el modelo (2.16), con las condiciones iniciales $S_0 = 100$, $I_0 = 50$ y $R_0 = 2.3$, ($\beta = 0.7$, $\mu = 0.3$).

3

Introducción a los modelos en redes

En este capítulo presentaremos una pequeña introducción a la teoría de redes y análisis de señales. Además, introduciremos la terminología que vamos a usar de ahora en adelante.

3.1. Redes y grafos

La teoría de redes surgió hace casi 23 años como un nuevo campo para caracterizar los sistemas complejos que interactúan, como el Internet, las redes biológicas de la célula y las redes sociales. Inicialmente, la perspectiva de la física, en particular el enfoque de la física estadística, ha dominado el campo de la teoría de redes [5]. Este punto de vista ha desempeñado un papel

fundamental para caracterizar las propiedades universales de la estructura de redes complejas.

La necesidad de caracterizar sistemas complejos, extraer información relevante de ellos y comprender cómo los procesos dinámicos se ven afectados por la estructura de la red, nunca ha sido más importante que en siglo XXI, cuando vivimos una explosión del “Big Data” en las ciencias sociales, información y tecnologías de la comunicación y en la biología [5].

Para entender las muchas formas en que las redes pueden afectar las propiedades de un sistema, necesitamos familiarizarnos con la teoría de grafos. En este capítulo se introduce la representación de una red como un grafo así como las características elementales de las redes. Introduciremos un formalismo y lenguaje de teoría de grafos que serán utilizados a lo largo del presente trabajo.

3.1.1. Algunas definiciones

Si queremos entender un sistema complejo, primero necesitamos saber cómo sus componentes interactúan entre si. Una red es un catálogo de los componentes de un sistema denominados nodos o vértices y las interacciones directas entre ellos, llamadas enlaces o bordes. La representación en forma de red ofrece un lenguaje común para estudiar sistemas que pueden diferir mucho en naturaleza, aspecto o alcance.

Definición 3.1. Número de nodos. *Representa el número de componentes del sistema. Con frecuencia llamaremos N al tamaño de la red. Para distinguir*

los nodos, los etiquetaremos con $i = 1, 2, \dots, N$.

Definición 3.2. *Una red es llamada direccionada, si todos los enlaces en ella son direccionados. Una red es no direccionada si todos sus enlaces son no direccionados.*

Definición 3.3. *Una red es llamada mixta si tiene enlaces direccionados y no direccionados.*

Definición 3.4. *Número de enlaces, que denotamos por L , representa el número total de las interacciones entre los nodos. Los enlaces pueden ser direccionados o no direccionados.*

Las elecciones que hacemos, cuando representamos un sistema como una red, determinarán nuestra capacidad de utilizar el conocimiento que nos ofrece la ciencia de la red con éxito, para resolver un problema particular. Por ejemplo la forma en que definimos los vínculos entre dos individuos dicta la naturaleza de las preguntas que podemos explorar.

3.1.2. Grado, grado promedio y distribución del grado

Definición 3.5. *El grado de un nodo es el número de enlaces que tiene con otros nodos.*

Nosotros denotaremos con k_i el grado del nodo i -ésimo en la red. En una red no direccionada el número total de enlaces, L , puede ser expresado como

la suma de los grados de todos los nodos:

$$L = \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N k_i. \quad (3.1)$$

Donde el factor $1/2$ corrige el hecho de que en la suma (3.1) cada enlace es contado dos veces.

Definición 3.6. *El grado promedio de una red no direccionada se define como:*

$$\langle k \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i = \frac{2L}{N}. \quad (3.2)$$

En las redes direccionadas distinguimos entre *grado entrante*, k_i^{in} , que representa el número de enlaces que llegan al nodo i , y *grado saliente*, k_i^{out} , que representa el número de enlaces que salen del nodo i hacia otros nodos. Finalmente, el grado total k_t está dado por

$$k_t = k_i^{in} + k_i^{out}. \quad (3.3)$$

El número total de enlaces en una red no direccionada es

$$L = \sum_{i=1}^N k_i^{in} = \sum_{i=1}^N k_i^{out}. \quad (3.4)$$

El factor $1/2$ visto en (3.1) aquí está ausente, ya que para las redes direccionadas las dos sumas cuentan separadamente los grados saliente y entrante

respectivamente. El grado promedio de una red dirigida es

$$\langle k^{in} \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i^{in} = \langle k^{out} \rangle = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N k_i^{out} = \frac{L}{N}. \quad (3.5)$$

3.1.3. Matriz de adyacencia

Una descripción completa de una red nos obliga a realizar un seguimiento de sus enlaces. La forma más sencilla de lograr esto es proporcionar una lista completa de ellos. Con fines matemáticos, representamos una red a través de su matriz de adyacencia. La matriz de adyacencia de una red dirigida de N nodos tiene N filas y N columnas siendo sus elementos:

$$\begin{aligned} A_{ij} &= 1 && \text{si hay un enlace que va del nodo } j \text{ al nodo } i, \\ A_{ij} &= 0 && \text{si los nodos } i \text{ y } j \text{ no están conectados entre sí.} \end{aligned}$$

La matriz de adyacencia para una red no dirigida tiene dos entradas para cada enlace, por lo tanto la matriz de adyacencia para una red no dirigida es simétrica; es decir, $A_{ij} = A_{ji}$. Por otro lado, el grado k_i del nodo i puede obtenerse de los elementos de la matriz de adyacencia (ver [3]). Para una red no dirigida el grado de un nodo es la suma sobre las filas o columnas de la matriz,

$$k_i = \sum_{j=1}^N A_{ji} = \sum_{i=1}^N A_{ji}. \quad (3.6)$$

Para una red direccionada la suma sobre los renglones y las columnas de la matriz de adyacencia proporcionan los grados entrantes y salientes, respecti-

vamente,

$$k_i^{in} = \sum_{j=1}^N A_{ij}, \quad k_i^{out} = \sum_{j=1}^N A_{ji}. \quad (3.7)$$

Dado que en una red no dirigida el número de enlaces salientes es igual al número de enlaces entrantes, tenemos,

$$2L = \sum_{i=1}^N k_i^{in} = \sum_{i=1}^N k_i^{out} = \sum_{ij} A_{ij}. \quad (3.8)$$

3.1.4. Geometría y topología de red

La atención se ha dirigido recientemente a la caracterización geométrica y topológica de las redes. En este campo, el interés de la investigación científica ha seguido cuatro direcciones principales: La caracterización de la hiperbolicidad de las redes, la formulación de la geometría de red emergente, la caracterización de la geometría del cerebro y la topología de red.

Caracterización de la hiperbolicidad de las redes: la caracterización de la hiperbolicidad de la curvatura de las redes es un problema matemático fundamental abordado por distintos matemáticos que proporcionan diferentes definiciones alternativas. Excepto por la curvatura combinatoria de los grafos planos, no existe un consenso establecido sobre la definición de curvatura más apropiada para las estructuras de red. A pesar de este hecho, se utilizan varios enfoques para caracterizar la geometría, la complejidad y la hiperbolicidad de las redes. Una forma de lograr esto es medir la hiperbolicidad δ de Gromov [19], otras formas incluyen incrustar la red en espacios hiperbólicos, o en general en una geometría de Riemann.

Geometría emergente de redes: el campo de la geometría emergente tiene como objetivo generar redes con geometría oculta sin usar ninguna información del espacio subyacente.

Geometría cerebral: la geometría cerebral es fundamental para comprender el cerebro. Se cree que la modularidad juega un papel de especial importancia, junto con la propiedad del mundo pequeño, al generar una fase dinámica de sincronización frustrada, donde la sincronización se mantiene pero no es estacionaria.

Topología de redes: el análisis topológico, permite extraer información de conjuntos de datos de red que no es posible extraer utilizando otras técnicas menos recientes de la teoría de redes. El análisis topológico de procesos dinámicos como la propagación epidémica puede revelar la topología subyacente de la red sobre la cual se produce la propagación.

3.1.5. Caminos y distancias

La distancia física juega un papel clave en la determinación de las interacciones entre los componentes de los sistemas. Por ejemplo, la distancia entre átomos en un cristal o entre dos galaxias determina las fuerzas que actúan entre ellos. En las redes, la distancia física se reemplaza por longitud de trayectoria.

Definición 3.7. *Una trayectoria es una ruta que recorre los enlaces de la red.*

Definición 3.8. *La longitud de una trayectoria, representa el número de enlaces que la trayectoria contiene.*

3.1.6. La trayectoria más corta

La trayectoria más corta entre los nodos i y j es la trayectoria con el mínimo número de enlaces. La trayectoria más corta a menudo es llamada la distancia entre los nodos i y j . Se denota por d_{ij} , o simplemente por d . Podemos tener múltiples trayectorias cortas para la misma longitud d entre un par de nodos. Las trayectorias más cortas nunca contienen lazos o se intersecan ellas mismas.

En una red no direccionada $d_{ij} = d_{ji}$, es decir la distancia entre el nodo i y el nodo j es la misma que la distancia entre el nodo j y el nodo i . En una red direccionada a menudo $d_{ij} \neq d_{ji}$ además, en una red direccionada la existencia de una trayectoria del nodo i al nodo j , no garantiza la existencia de una trayectoria del nodo j al nodo i .

3.1.7. Diámetro de la red

El diámetro de una red, denotado por d_{max} , es la máxima trayectoria mas corta en la red, en otras palabras es la mayor distancia registrada entre cualquier par de nodos.

3.1.8. Longitud de trayectoria media

La longitud de trayectoria media, denotada por $\langle d \rangle$, es la distancia media entre todos los pares de nodos en la red. Para una red direccionada de N

nodos, tenemos

$$\langle d \rangle = \frac{1}{N(N-1)} \sum_{i,j=1, i \neq j}^N d_{ij} \quad (3.9)$$

3.1.9. Conexiones

Definición 3.9. *En una red no direccionada los nodos i y j están conectados si existe una trayectoria entre ellos. Están desconectados si no existe una trayectoria entre ellos, en este caso se tiene que $d_{ij} = \infty$.*

Definición 3.10. *Una red es conectada si cualquier par de nodos en la red estan conectados.*

Definición 3.11. *Una red es desconectada si existe al menos un par de nodos desconectados.*

Mientras que para una red pequeña una inspección visual es suficiente para decidir si la red es conectada o desconectada, para una red con millones de nodos es una pregunta difícil de contestar. Herramientas matemáticas y algorítmicas pueden ayudarnos a identificar los componentes conectados de una red.

3.1.10. Tipos de redes

El objetivo de esta subsección es definir algunas redes y ver sus principales características.

- *Redes aleatorias:* Una red aleatoria es una red en la cual cada par de

nodos está conectado con probabilidad p . Características.

- La distancia entre los nodos es corta.
- Hay presencia de un gran componente de conectividad.
- La presencia o ausencia de una arista particular es una variable aleatoria X con una distribución de probabilidad (uniforme, exponencial, etc.).

Ejemplos.

- Una persona con gripe en un aeropuerto, donde la probabilidad de contagiar a otra persona es la misma para todas aquellas personas que entran en contacto con ella, es una red aleatoria con una distribución uniforme.
- Publicación de artículos científicos: hay pocas personas que publican muchos artículos anuales y muchas publican pocos. En este caso la variable aleatoria sigue una distribución de Poisson.
- *Red regular.* Una red regular es aquella en la que todos los nodos tienen el mismo grado k ; dicha red se denomina k -regular. Casos especiales.
 - *Completa:* Es una red en la cual, cada par de nodos están unidos por una arista.
 - *Red de retículo:* Es una red regular en la que podemos definir una

noción de distancia, que no necesariamente coincide con la noción de distancia definida anteriormente. La característica principal de un retículo es que la vecindad de un nodo corresponde a los nodos adyacentes según la distancia espacial.

Ejemplos.

- Alumnos en un internado.
- Un monasterio de clausura, donde los monjes se conocen todos entre ellos y no tienen contacto con otras personas del mundo exterior.
- *Red de mundo pequeño*: Es una red que esta basada en una red de retículo, pero cada nodo se reconecta a otro nodo aleatorio o se le añaden aristas con probabilidad p . Una particularidad de este tipo de red es que, a diferencia de una red de retículo, un nodo puede conectarse a nodos espacialmente lejanos, lo cual acorta la distancia entre nodos.

Ejemplos.

- Una cárcel. Si consideramos que los presos sólo se comunican con las personas de su mismo patio, los guardias y las personas de su mismo patio, los guardias y los visitantes serán las conexiones con las personas de otros patios y del mundo exterior.
- *Redes multicapa*: Son aquellas que están formadas por varias redes que interaccionan entre si.

Casos especiales.

- *Multiplexada*: Es una red formada por el mismo conjunto de nodos, que interactúan a través de diferentes redes. Por ejemplo, un conjunto de personas que interactúan a través de diferentes medios de comunicación.
- *Red de redes*: Están formadas por redes que interactúan entre sí, pero que están formadas por diferentes tipos de nodos. Por ejemplo, el internet, la red eléctrica.
- *Redes libres de escala*. Este tipo de redes se generan añadiendo nodos a una red que llamaremos *red semilla*. Cada uno de los nodos que se le añaden se conecta a los existentes con una probabilidad proporcional al número de conexiones que estos tengan,

$$p = \frac{k_i}{\sum_j k_j},$$

donde k_j es el grado del nodo j ; es decir, si un nodo tienen muchos vecinos, el nuevo nodo tendrá mayor probabilidad de conectarse con él.

Ejemplos.

- *Redes sociales*: una persona que conoce a mucha gente, tienen mayor probabilidad conocer más individuos que una persona que es más aislada [5].

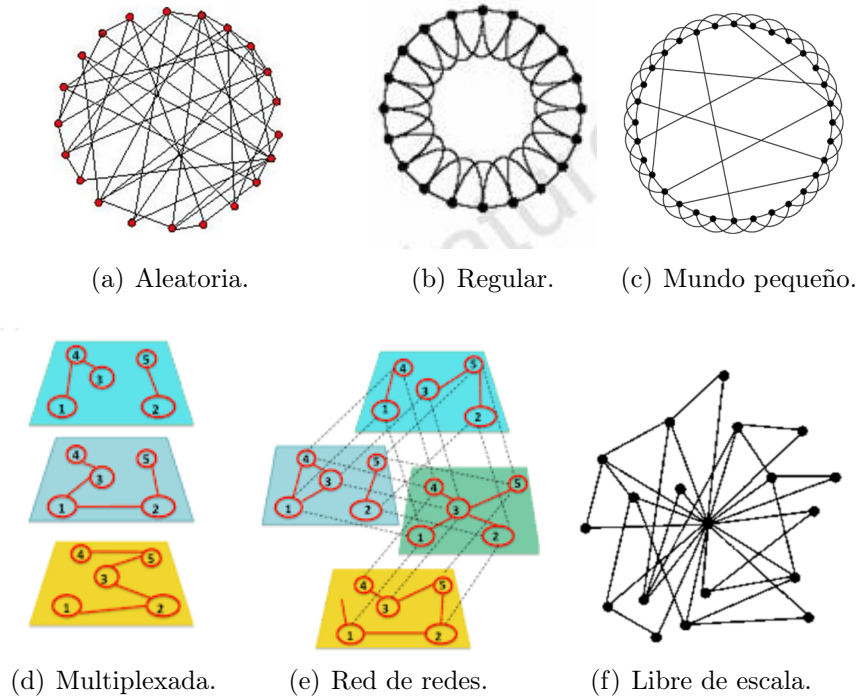


Figura 3.1: Distintos tipos de redes [5].

3.1.11. Red dirigida para tres nodos

El modelo que deseamos estudiar es una red dirigida de tres nodos. Hay múltiples combinaciones de como se conectan los nodos, por lo que la primer tarea consiste clasificar los tipos de conexiones que se presentan. De esta manera, podemos contabilizar un poco más de trecientos casos a considerar.

3.1.11.1. Número de combinaciones posibles.

Para calcular el número de combinaciones posibles para una red dirigida de tres nodos, consideramos las siguientes combinaciones.

- Ningún cero hay en la matriz de adyacencia, es decir todos los nodos estan conectados y tienen un lazo, obteniendo $\binom{9}{0} = 1$.
- Hay un cero en la matriz de adyacencia, $\binom{9}{1} = 9$.
- hay dos ceros en la matriz de adyacencia, $\binom{9}{2} = 36$.
- Hay tres ceros en la matriz de adyacencia, $\binom{9}{3} = 84$.
- Hay cuatro ceros en la matriz de adyacencia, $\binom{9}{4} = 126$.
- Hay cinco ceros en la matriz de adyacencia, $\binom{9}{5} = 126$.
- Hay seis ceros en la matriz de adyacencia, $\binom{9}{6} = 84$.

Obtuvimos un total de 466 formas posibles de conexiones para trabajar con esta red. Hay estructuras de la red que dejamos a un lado, como son

- Todas aquellas donde la fila completa de la matriz de adyacencia, consta solo de ceros.
- Donde no tenemos bucles es decir la diagonal de la matriz de adyacencia consta solo de ceros.

Bajo estas consideraciones, contemplamos 325 forma posibles de conexión. Ahora bien, clasificamos las posibles formas de la red de tal modo que, sólo tomamos un representante de un conjunto de grafos isomorfos, y obtenemos la siguiente clasificación:

No. de ceros	Matriz de adyacencia			
1	$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$		
2	$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 3 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$
3	$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$	$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$

3.2. Análisis de series de tiempo

Introducción

Una gran cantidad de información acerca de las características de múltiples fenómenos, es comúnmente recopilada con fines de análisis, para posteriormente llevar a cabo la planeación y toma de decisiones. Entre las múltiples disciplinas científicas que recurren a este método están: la economía, ciencias sociales, epidemiología, medicina, etcétera. Al registro metódico de la me-

No de ceros	Matriz de Adyacencia
4	$\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$
5	$\begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 0 & 0 & 1 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$
6	$\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \\ 1 & 0 & 0 \end{pmatrix}$ $\begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$

Cuadro 3.1: Representación de los posibles casos para una red dirigida de tres nodos.

dición de una observación numérica, efectuada a intervalos de tiempo fijos, se conoce como *serie de tiempo*. En esta sección consultamos las siguientes obras [1, 25, 24, 10, 23, 27]. El objetivo principal del análisis de series de tiempo, es desarrollar modelos matemáticos que proporcionan descripciones plausibles para los datos de una muestra, para proporcionar una configuración estadística que describe el carácter de los datos que aparentemente fluctúan de forma aleatoria a lo largo del tiempo.

Definición 3.12. *Una serie de tiempo es una colección de variables aleatorias indexadas de acuerdo con el orden en que se obtienen en el tiempo.*

Esta es la definición de proceso estocástico, los valores observados de un proceso estocástico se conoce como una realización. Se usara el término serie de tiempo ya sea que nos estamos refiriendo al proceso o a una realización en particular y no haremos ninguna distinción notoria entre los dos conceptos.

3.2.1. Medidas de dependencia: autocorrelación y correlación cruzada

Una descripción completa de una serie de tiempo, observada como una colección de variables aleatorias en puntos de enteros arbitrarios t_1, t_2, \dots, t_n para cualquier entero positivo n , es proporcionado por la función de distribución conjunta, evaluada como la probabilidad de que los valores de la serie sean conjuntamente menores que las constantes c_1, c_2, \dots, c_n , i.e.,

$$F(c_1, c_2, \dots, c_n) = P(x_{t_1} \leq c_1, x_{t_2} \leq c_2, \dots, x_{t_n} \leq c_n). \quad (3.10)$$

Desafortunadamente, la función de distribución multidimensional no se puede obtener fácilmente, aunque la función de distribución multidimensional describe los datos completamente, es una herramienta difícil de manejar para mostrar y analizar datos de series de tiempo. La función de distribución (3.10) debe evaluarse como una función de n argumentos, por lo tanto, cualquier trazado de las correspondientes funciones de densidad multivariable es virtualmente imposible. Las funciones de distribución unidimensional

$$F_t(x) = P\{x_t \leq x\}$$

y la correspondiente función de densidad unidimensional

$$f_t(x) = \frac{\partial F_t(x)}{\partial x},$$

cuando existen, en ocasiones son informativos para determinar si una determinada coordenada de la serie temporal tiene una función de densidad conocida.

Definición 3.13. *La función media es definida como*

$$\mu_{xt} = E(x_t) = \int_{-\infty}^{\infty} x f_t(x) dx, \quad (3.11)$$

siempre que exista, donde E denota el operador de valor esperado habitual. Algo importante que notar sobre μ_t , es que es un promedio teórico para la serie en un punto de tiempo particular, donde la media se toma sobre todos los posibles eventos que podrían haber producido x_t

La falta de independencia entre dos valores adyacentes x_s y x_t puede evaluarse numéricamente, como en las estadísticas clásicas, usando las nociones de covarianza y correlación. Suponiendo que dos valores en los puntos de tiempo s y t , son variables aleatorias distribuidas conjuntamente con la función de distribución $F(x_s, x_t)$, conduce a una expresión de la probabilidad de que dos puntos en la serie sean menores a iguales a los valores especificados.

Definición 3.14. *La función de autocovarianza se define como el producto de segundo momento*

$$\gamma_x(s, t) = E [(x_s - \mu_s)(x_t - \mu_t)], \quad \forall s, t \in \mathbb{Z}. \quad (3.12)$$

La autocovarianza mide la dependencia lineal entre dos puntos de la misma serie observados en diferentes tiempos. Las series muy uniformes exhiben funciones de autocovarianza que permanecen grandes incluso cuando las t y s están muy separadas, mientras que las series discontinuas tienden a tener funciones de autocovarianza que son casi nulas para las separaciones grandes. De la estadística clásica tenemos que si $\gamma_x(s, t) = 0$, x_s y x_t no están relacionados linealmente, pero puede existir algún tipo de dependencia entre ellas. En la estadística clásica, es conveniente que la medida de asociación este entre -1 y 1, esto nos conduce a la siguiente definición.

Definición 3.15. *La función de autocorrelación (ACF) se define como*

$$\rho(s, t) = \frac{\gamma(s, t)}{\sqrt{\gamma(s, s)\gamma(t, t)}}. \quad (3.13)$$

La ACF mide la dependencia lineal de la serie en el tiempo t , es decir predice x_t usando solo x_s . Si podemos predecir x_t perfectamente usando sólo a x_s a través de la relación $x_t = \beta_0 + \beta_1 x_s$, entonces la correlación será 1 si $\beta_1 > 0$, y -1 si cuando $\beta_1 < 0$. Por lo tanto, tenemos una medida aproximada de la capacidad de predecir la serie al tiempo t desde el valor del tiempo s . En ocasiones, nos gustaría medir la predictibilidad de una serie y_t en términos de la serie x_s . Suponiendo que ambas series tienen varianzas finitas, tenemos

Definición 3.16. *La función de covarianza cruzada, entre dos series x_t y y_t es*

$$\gamma_{xy}(s, t) = E[(x_s - \mu_{x_s})(y_t - \mu_{y_t})]. \quad (3.14)$$

Una versión escalonada de la función de correlación cruzada (CCF) es

Definición 3.17. *La función de correlación cruzada (CCF):*

$$\rho_{xy}(s, t) = \frac{\gamma_{xy}(s, t)}{\sqrt{\gamma_x(s, s)\gamma_y(t, t)}}. \quad (3.15)$$

En las definiciones anteriores, las funciones de autocovarianza y covarianza cruzada pueden cambiar a medida que uno se mueve a lo largo del tiempo, ya que dependen de s y t .

3.2.2. Estacionalidad de series de tiempo

En las definiciones anteriores la funciones de media y autocovarianza son completamente generales. A pesar de que no hemos hecho suposiciones

especiales sobre el comportamiento de las series de tiempo, no es descabellado pensar que puede existir una cierta regularidad en el comportamiento de las series temporales a través de tiempo.

Definición 3.18. *Una serie de tiempo estrictamente estacionaria, es aquella para la cual el comportamiento probabilístico de cada conjunto de valores*

$$\{x_{t_1}, x_{t_2}, \dots, x_{t_k}\},$$

es idéntico al conjunto de valores

$$\{x_{t_1+h}, x_{t_2+h}, \dots, x_{t_k+h}\},$$

tal que,

$$P\{x_{t_1} \leq c_1, \dots, x_{t_k} \leq c_k\} = P\{x_{t_1+h} \leq c_1, \dots, x_{t_k+h} \leq c_k\}, \quad (3.16)$$

para todo $k = 1, 2, \dots$, para todos los tiempos t_1, t_2, \dots, t_k , para todos los números c_1, c_2, \dots, c_k y todos los desplazamientos de tiempo $h = 0, \pm 1, \pm 2, \dots$

Si una serie de tiempo es estrictamente estacionaria, entonces todas las funciones de distribución multivariable para subconjuntos de variables deben ser iguales al conjunto desplazado para todos los valores del parámetro de cambio h . La versión de estacionalidad in (3.16) es muy fuerte para muchas aplicaciones. Además, es difícil evaluar la estacionalidad estricta a partir de un único conjunto de datos. En lugar de imponer condiciones a todas las distribuciones posibles de una serie temporal, usaremos una versión más leve

que impone condiciones sólo en los dos primeros momentos de la serie.

Definición 3.19. *Una serie de tiempo x_t , es débilmente estacionaria si es un proceso de varianza finita tal que*

- I *La función media, μ_t , es constante y no depende del tiempo.*
- II *La función covarianza, $\gamma(s, t)$ depende de s y t solamente a través de la diferencia $|s - t|$*

De ahora en adelante, usaremos el término estacionario para significar estacionalidad débil; si un proceso es estacionario en sentido estricto, utilizaremos el término estrictamente estacionario.

Dado que la función media, $E(x_t) = \mu_t$, de un proceso estacionario no depende del tiempo, podemos escribir

$$\mu_t = \mu = cte. \quad (3.17)$$

Además, debido a la función de covarianza de una serie temporal estacionaria, $\gamma(s, t)$, depende de s y t sólo a través de su diferencia $|s - t|$, podemos simplificar la notación. Sea $s = t + h$, donde h representa el cambio de tiempo o retraso, entonces

$$\begin{aligned} \gamma(t + h, t) &= E [(x_{t+h} - \mu)(x_t - \mu)] \\ &= E [(x_h - \mu)(x_0 - \mu)] \\ &= \gamma(h, 0) \end{aligned} \quad (3.18)$$

no depende del tiempo; hemos supuesto que $\text{var}(x_t) = \gamma(0, 0) < \infty$.

Definición 3.20. *La función de autocovarianza para una serie de tiempo estacionaria es*

$$\gamma(h) = E[(x_{t+h} - \mu)(x_t - \mu)] \quad (3.19)$$

Definición 3.21. *La función de autocorrelación (ACF) de una serie de tiempo estacionaria es*

$$\rho(h) = \frac{\gamma(t+h, t)}{\sqrt{\gamma(t+h, t+h)\gamma(t, t)}} \quad (3.20)$$

La función de autocovarianza para un proceso estacionario tiene varias propiedades útiles:

- Si $h = 0$, $\gamma(0) = E[(x_t - \mu)^2]$, la cual es la varianza de la serie de tiempo.
- Por la desigualdad de Cauchy-Schwarz tenemos $|\gamma(h)| \leq \gamma(0)$.
- La función de autocovarianza para un proceso estacionario es simétrica respecto al origen, $\gamma(h) = \gamma(-h)$ para toda h .

Definición 3.22. *Dos series de tiempo x_t, y_t , son llamadas conjuntamente estacionarias si son estacionarias y la función de covarianza cruzada*

$$\gamma_{xy}(h) = E[(x_{t+h} - \mu_x)(y_t - \mu_y)] \quad (3.21)$$

es función solamente de la longitud de h .

Definición 3.23. La función de correlación cruzada (CCF) de dos procesos conjuntamente estacionarios es definida como

$$\rho_{xy}(h) = \frac{\gamma_{xy}(h)}{\sqrt{\gamma_x(0)\gamma_y(0)}} \quad (3.22)$$

3.2.3. Estimación de la correlación

Aunque las funciones de autocorrelación teórica y correlación cruzada son útiles para describir las propiedades de ciertos modelos hipotéticos, la mayoría de los análisis deben realizarse utilizando datos muestreados. Esta limitación significa que los puntos muestreados x_1, x_2, \dots, x_n sólo están disponibles para estimar las funciones de media, autocovarianza y autocorrelación. Desde el punto de vista de las estadísticas clásicas, esto plantea un problema ya que normalmente no tendremos copias idénticamente distribuidas de x_t disponibles para estimar las funciones de covarianza y correlación. Sin embargo, en la situación habitual de una sola realización, la asunción de la estacionalidad se vuelve crítica. De alguna manera, debemos usar promedios sobre esta realización única para estimar las medias de población y las funciones de covarianza.

Como consecuencia, si una serie de tiempo es estacionaria, la función media, μ_t es una constante y puede ser estimada por la media de la muestra

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{t=1}^n x_t. \quad (3.23)$$

La función de autocovarianza teórica se estima mediante la función de autocovariación de la muestra definida de la siguiente manera.

Definición 3.24. *La función de autocovariación de la muestra es definida como*

$$\hat{\gamma}(h) = n^{-1} \sum_{t=1}^{n-h} (x_{t+h} - \bar{x})(x_t - \bar{x}). \quad (3.24)$$

con $\hat{\gamma}(-h) = \hat{\gamma}(h)$, para $h = 1, 2, \dots, n - 1$.

La suma (3.24) solo esta definida sobre un rango restringido ya que no podemos tener $t + h > n$.

Definición 3.25. *La función de autocorrelación para la muestra se define como*

$$\hat{\rho}(h) = \frac{\hat{\gamma}(h)}{\hat{\gamma}(0)} \quad (3.25)$$

Definición 3.26. *El estimador para la función de covarianza cruzada, $\gamma_{x,y}(h)$ esta dado por*

$$\hat{\gamma}_{xy}(h) = n^{-1} \sum_{t=1}^{n-h} (x_{t+h} - \bar{x})(y_t - \bar{y}), \quad (3.26)$$

donde $\hat{\gamma}_{xy}(-h) = \hat{\gamma}_{xy}(h)$.

Definición 3.27. *La función de correlación cruzada de la muestra es*

$$\hat{\rho}(h) = \frac{\hat{\gamma}_{xy}(h)}{\sqrt{\hat{\gamma}_x(0)\hat{\gamma}_y(0)}} \quad (3.27)$$

La función de correlación cruzada de la muestra se puede examinar grá-

ficamente como la función de $lag(h)$, para buscar relaciones iniciales o rezagadas en los datos.

4

Formulación general del modelo

Introducción

Los modelos clásicos fallan a la hora de tratar de explicar la diseminación de enfermedades en una región en donde las poblaciones están separadas por barreras naturales, en la teoría clásica de la epidemiología se estudian modelos en una región cerrada, las ecuaciones diferenciales parciales nos ayudan a entender como avanza una enfermedad en un a región, pero el inconveniente es que consideran a las poblaciones uniformemente distribuidas. En el presente trabajo proponemos un modelo, en el cual hacemos uso de la epidemiología matemática clásica, teoría de redes y series temporales para el estudio de estos fenómenos. En el modelo que proponemos estudiamos la dinámica global del sistema pero considerando que las poblaciones tienen su propia dinámica.

4.1. Planteamiento del modelo

En esta sección construiremos un modelo simple, que consta de tres nodos. Consideremos las siguientes hipótesis

1. En cada nodo se considera que la dinámica local es dictada por el sistema de ecuaciones en diferencias SI discreto. Ésta condición refleja que las poblaciones en estudio tienen una dinámica parecida (ésta la puerta abierta para explorar otras opciones donde la dinámica local no tiene por que ser la misma en todos los nodos).
2. El tamaño de la población total se mantiene constante a través del tiempo.
3. Las interacciones entre los nodos se da de manera homogénea.
4. El estudio de la enfermedad se da en un ambiente cerrado, no hay inmigración o emigración.
5. Las tasas de migración de sanos α_{ij} y enfermos entre los nodos es la misma.
6. La suma de las tasas de migración cumple que $\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^N \alpha_{ij} \leq 1$.
7. El grafo en el que se montaron las dinámicas locales es un grafo dirigido, es decir la dirección del flujo de la información es importante.
8. Sólo consideramos grafos que cumple con la propiedad $\sum_{i=1}^N \alpha_{ji} = 1$.

Estamos quitando todos aquellos casos donde no hay población que se quede a contribuir con la dinámica local en algún nodo.

De acuerdo con las hipótesis de arriba podemos construir el modelo final, el cual consistirá en la relación de tres sistemas de ecuaciones en diferencias con un grafo dirigido. Un esquema de compartimentos esta representado en la siguiente figura

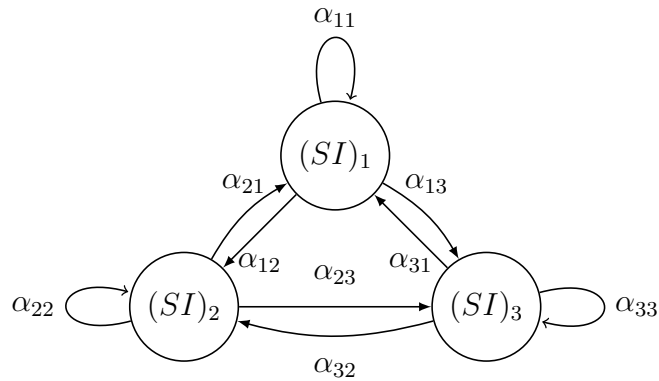


Figura 4.1: Representación de la dinámica global con un modelo SI en cada nodo.

De este modo, y de acuerdo con la hipótesis de arriba, establecemos el

modelo de epidemia en tiempo discreto de la siguiente forma:

$$S_{n+1}^i = \left(1 - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) \left[S_n^i (1 - \mu_i) + \mu_i T_n^i - \beta_i \frac{S_n^i I_n^i}{T_n^i} \right] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} S_n^j$$

$$I_{n+1}^i = \left(1 - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) \left[I_n^i (1 - \mu_i) + \beta_i \frac{S_n^i I_n^i}{T_n^i} \right] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} I_n^j,$$

$$i = 1, 2, 3,$$

(4.1)

donde

- T_n^i es la población total del nodo i al tiempo n .
- S_n^i es la población de susceptibles en el nodo i , al tiempo n .
- I_n^i es la población de infecciosos en el nodo i , al tiempo n .
- μ_i es la tasa de natalidad y mortalidad del nodo i , $0 < \mu_i < 1$.
- β_i es la tasa de transmisión del nodo i (proporcional al contacto entre individuos) $0 < \beta_i < 1$.
- α_{ji} es la fracción de la población del nodo j que emigra a la población del nodo i . Siguen una distribución de Poisson con parámetro λ .
- α_{ii} es la fracción de la población del nodo i que se queda a contribuir con la dinámica local.

- α_{ij} es la fracción de la población del nodo i que emigra al nodo j . Sigue una distribución de Poisson con parámetro λ .

De lo anterior, se desprende la siguiente

Proposición 4.1. *La población total del sistema (4.1) se mantiene constante.*

Demostración. Como en el sistema (4.1) la tasa de natalidad y la tasa de mortalidad en el nodo i es la misma. Sumando todas las ecuaciones tenemos:

$$\begin{aligned}
P_{n+1}^T &= \sum_{i=1}^3 (S_{n+1}^i + I_{n+1}^i) \\
&= \sum_{i=1}^3 \left\{ \alpha_{ii} [(S_n^i + I_n^i)(1 - \mu_i) + \mu_i T_n^i] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} (S_n^j + I_n^j) \right\} \\
&= \sum_{i=1}^3 \left[\alpha_{ii} T_n^i + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} T_n^j \right] \\
&= \sum_{i=1}^3 \left(\alpha_{ii} + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) T_n^i \\
&= \sum_{i=1}^3 T_n^i = P_n^T
\end{aligned}$$

dado que $\alpha_{ii} + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} = 1, \forall i = 1, 2, 3$. Por lo tanto la población total se mantendrá constante y se denotara por P_t . \square

Proposición 4.2. *Las poblaciones locales dependen sólo de las tasas de transmisión y las poblaciones iniciales.*

Demostración. Sea T_{n+1}^i la población del nodo i al tiempo $n + 1$, entonces

$$\begin{aligned}
T_{n+1}^i &= S_{n+1}^i + I_{n+1}^i \\
&= \left(1 - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) \left[(1 - \mu_i) S_n^i + \mu_i (S_n^i + I_n^i) - \beta \frac{S_n^i I_n^i}{S_n^i + I_n^i} \right] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} S_n^j \\
&\quad + \left(1 - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) \left[(1 - \mu_i) I_n^i + \beta \frac{S_n^i I_n^i}{S_n^i + I_n^i} \right] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} I_n^j \\
&= \left(1 - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) (S_n^i + I_n^i) + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} (S_n^j + I_n^j) \\
&= \left(1 - \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ij} \right) T_n^i + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha_{ji} T_n^j
\end{aligned}$$

Las poblaciones locales siguen el sistema de ecuaciones en diferencias

$$\begin{pmatrix} T_{n+1}^1 \\ T_{n+1}^2 \\ T_{n+1}^3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 - (\alpha_{12} + \alpha_{13}) & \alpha_{21} & \alpha_{31} \\ \alpha_{12} & 1 - (\alpha_{21} + \alpha_{23}) & \alpha_{32} \\ \alpha_{13} & \alpha_{23} & 1 - (\alpha_{31} + \alpha_{32}) \end{pmatrix} \begin{pmatrix} T_n^1 \\ T_n^2 \\ T_n^3 \end{pmatrix}$$

El cual tiene por solución

$$\begin{pmatrix} T_{n+1}^1 \\ T_{n+1}^2 \\ T_{n+1}^3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 - (\alpha_{12} + \alpha_{13}) & \alpha_{21} & \alpha_{31} \\ \alpha_{12} & 1 - (\alpha_{21} + \alpha_{23}) & \alpha_{32} \\ \alpha_{13} & \alpha_{23} & 1 - (\alpha_{31} + \alpha_{32}) \end{pmatrix}^n \begin{pmatrix} T_0^1 \\ T_0^2 \\ T_0^3 \end{pmatrix}$$

por lo tanto las poblaciones locales sólo depende de las tasas de transmisión y de las poblaciones iniciales. \square

Corolario 4.1. *Si las tasas de transmisión son iguales entonces la poblaciones locales al tiempo $n + 1$ son*

$$\begin{pmatrix} T_{n+1}^1 \\ T_{n+1}^2 \\ T_{n+1}^3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{T_0^1 + T_0^2 + T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n (2T_0^1 - T_0^2 - T_0^3)}{3} \\ \frac{T_0^1 + T_0^2 + T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n (2T_0^2 - T_0^1 - T_0^3)}{3} \\ \frac{T_0^1 + T_0^2 + T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n (2T_0^3 - T_0^2 - T_0^1)}{3} \end{pmatrix} \quad (4.2)$$

Demostración. Si las tasas de transmisión son iguales, el sistema tiene por solución

$$T_{n+1} = A^n T_0$$

donde

$$T_{n+1} = \begin{pmatrix} T_{n+1}^1 \\ T_{n+1}^2 \\ T_{n+1}^3 \end{pmatrix}, A = \begin{pmatrix} 1 - 2\alpha & \alpha & \alpha \\ \alpha & 1 - 2\alpha & \alpha \\ \alpha & \alpha & 1 - 2\alpha \end{pmatrix}, T_0 = \begin{pmatrix} T_0^1 \\ T_0^2 \\ T_0^3 \end{pmatrix}$$

la matriz A es diagonalizable por lo tanto existe una matriz C tal que $A = CDC^{-1}$ donde, C es la matriz cuyas columnas corresponde a los vectores

proprios asociados a A y D es una matriz diagonal cuyos elementos son los valores propios de A por lo tanto

$$A^n = \begin{pmatrix} 1 & -1 & -1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1^n & 0 & 0 \\ 0 & (1-3\alpha)^n & 0 \\ 0 & 0 & (1-3\alpha)^n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{3} & \frac{1}{3} & \frac{1}{3} \\ -\frac{1}{3} & -\frac{1}{3} & \frac{2}{3} \\ -\frac{1}{3} & \frac{2}{3} & -\frac{1}{3} \end{pmatrix}$$

así

$$\begin{pmatrix} T_{n+1}^1 \\ T_{n+1}^2 \\ T_{n+1}^3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 1 & -1 & -1 \\ 1 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} 1^n & 0 & 0 \\ 0 & (1-3\alpha)^n & 0 \\ 0 & 0 & (1-3\alpha)^n \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \frac{1}{3} & \frac{1}{3} & \frac{1}{3} \\ -\frac{1}{3} & -\frac{1}{3} & \frac{2}{3} \\ -\frac{1}{3} & \frac{2}{3} & -\frac{1}{3} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} T_0^1 \\ T_0^2 \\ T_0^3 \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} \frac{T_0^1+T_0^2+T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n(2T_0^1-T_0^2-T_0^3)}{3} \\ \frac{T_0^1+T_0^2+T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n(2T_0^2-T_0^1-T_0^3)}{3} \\ \frac{T_0^1+T_0^2+T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n(2T_0^3-T_0^1-T_0^2)}{3} \end{pmatrix}$$

□

Corolario 4.2. *Si las tasas de transmisión son iguales entonces las poblaciones locales convergen al promedio de las poblaciones iniciales.*

Demostración. Consideremos la sucesión $(1-3\alpha)^n$, como $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ entonces

$$\lim_{n \rightarrow \infty} (1-3\alpha)^n = 0$$

Por el corolario 4.1 tenemos que las poblaciones al tiempo $n + 1$ son

$$\begin{pmatrix} T_{n+1}^1 \\ T_{n+1}^2 \\ T_{n+1}^3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \frac{T_0^1 + T_0^2 + T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n (2T_0^1 - T_0^2 - T_0^3)}{3} \\ \frac{T_0^1 + T_0^2 + T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n (2T_0^2 - T_0^1 - T_0^3)}{3} \\ \frac{T_0^1 + T_0^2 + T_0^3}{3} + \frac{(1-3\alpha)^n (2T_0^3 - T_0^2 - T_0^1)}{3} \end{pmatrix}$$

de este modo las poblaciones al tiempo $n + 1$ convergen al promedio de las poblaciones locales iniciales, más aún si $\alpha \in (0, \frac{1}{3})$, entonces converge de manera suave y si $\alpha \in (\frac{1}{3}, \frac{1}{2})$ entonces converge de manera oscilatoria. \square

Corolario 4.3. *Si las poblaciones iniciales son iguales para cada nodo, es decir $T_0^1 = T_0^2 = T_0^3$ y las tasas de transmisión son iguales, es decir $\alpha_{i,j} = \alpha_{j,i}, \forall i, j = 1, 2, 3$ entonces las poblaciones locales se mantienen constantes.*

5

Modelo SI montado sobre un grafo de 3 nodos

Introducción

En este capítulo hacemos un estudio del modelo *SI* montado en un grafo de tres nodos. En la primera sección mostramos los resultados de estudiar al modelo general cuando las tasas de transmisión son deterministas, mostrando varias formas del modelo al variar parámetros, los cuales son los mas importantes de acuerdo a lo observado en el trabajo. En la segunda sección consideramos que las tasas de transmisión siguen una distribución de Poisson con tasa λ_i ($\alpha_{i,j} \sim P(\lambda_i)$) y la forma en la que analizamos esta variación es con la teoría de señales, en particular con los diagramas de correlación cruzados.

5.1. Tasas de transmisión deterministas

En esta sección, estudiaremos el modelo (2.11), montado en un grafo 3 nodos con las tasas de transmisión deterministas considerando el caso cuando el grafo es no dirigido.

5.1.1. Grafo no dirigido

Por la definición de grafo no dirigido tenemos que la emigración de individuos entre los nodos no tiene una orientación. Un esquema de compartimentos para esta situación se representa en la siguiente figura.

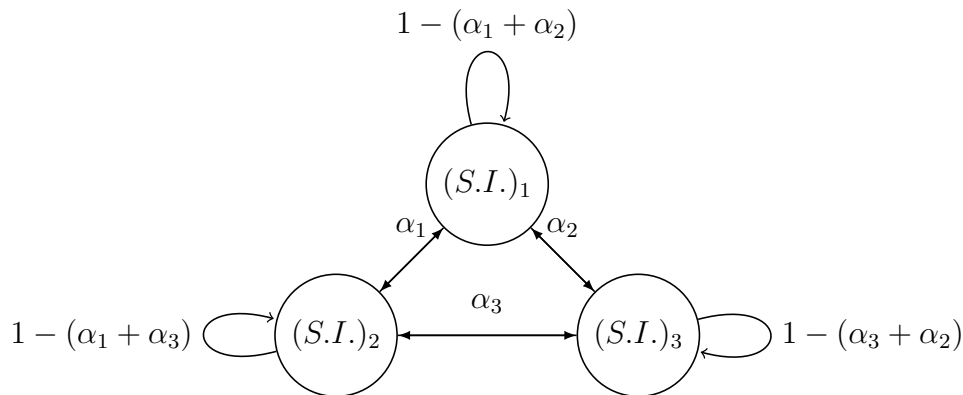


Figura 5.1: Representación de la dinámica global cuando montamos el modelo **SI** en un grafo no dirigido de tres nodos.

Como estamos en un grafo no dirigido, la información que fluye entre los nodos conectados es la misma, por lo tanto tenemos la simplificación $\alpha_{ij} = \alpha_{ji}$ así, las tasas de transmisión descritas en la Figura 5.1 son

- $\alpha_{12} = \alpha_{21} = \alpha_1$.

$$\blacksquare \alpha_{23} = \alpha_{32} = \alpha_2.$$

$$\blacksquare \alpha_{13} = \alpha_{31} = \alpha_3.$$

De este modo, establecemos el modelo de epidemia en tiempo discreto de la siguiente forma:

$$\begin{aligned} S_{n+1}^1 &= (1 - (\alpha_1 + \alpha_2)) \left[S_n^1(1 - \mu_1) + \mu_1 T_n^1 - \beta_1 \frac{S_n^1 I_n^1}{T_n^1} \right] + \alpha_2 S_n^3 + \alpha_1 S_n^2 \\ I_{n+1}^1 &= (1 - (\alpha_1 + \alpha_2)) \left[I_n^1(1 - \mu_1) + \beta_1 \frac{S_n^1 I_n^1}{T_n^1} \right] + \alpha_2 I_n^3 + \alpha_1 I_n^2 \\ S_{n+1}^2 &= (1 - (\alpha_1 + \alpha_3)) \left[S_n^2(1 - \mu_2) + \mu_2 T_n^2 - \beta_2 \frac{S_n^2 I_n^2}{T_n^2} \right] + \alpha_1 S_n^1 + \alpha_3 S_n^3 \\ I_{n+1}^2 &= (1 - (\alpha_1 + \alpha_3)) \left[I_n^2(1 - \mu_2) + \beta_2 \frac{S_n^2 I_n^2}{T_n^2} \right] + \alpha_1 I_n^1 + \alpha_3 I_n^3 \\ S_{n+1}^3 &= (1 - (\alpha_2 + \alpha_3)) \left[S_n^3(1 - \mu_3) + \mu_3 T_n^3 - \beta_3 \frac{S_n^3 I_n^3}{T_n^3} \right] + \alpha_3 S_n^2 + \alpha_2 S_n^1 \\ I_{n+1}^3 &= (1 - (\alpha_2 + \alpha_3)) \left[I_n^3(1 - \mu_3) + \beta_3 \frac{S_n^3 I_n^3}{T_n^3} \right] + \alpha_3 I_n^2 + \alpha_2 I_n^1, \end{aligned} \tag{5.1}$$

donde

- T_n^i es la población total del nodo i al tiempo n .
- S_n^i es la población de susceptibles en el nodo i , al tiempo n .
- I_n^i : Población de infecciosos en el nodo i , al tiempo n .
- μ_i es la tasa de natalidad y mortalidad del nodo i , $0 < \mu_i < 1$.
- β_i es la tasa de transmisión del nodo i (Proporcional al contacto entre

individuos) $0 < \beta_i < 1$.

- α_i es la tasa de migración entre nodos con $i = 1, 2, 3$.
- $1 - (\alpha_1 + \alpha_2)$ es la fracción de la población del nodo 1 que se queda a contribuir con la dinámica local.
- $1 - (\alpha_1 + \alpha_3)$ es la fracción de la población del nodo 2 que se queda a contribuir con la dinámica local.
- $1 - (\alpha_2 + \alpha_3)$ es la fracción de la población del nodo 3 que se queda a contribuir con la dinámica local.

5.1.1.1. Poblaciones iniciales iguales

Las poblaciones iniciales juegan un papel crucial para entender la dinámica local de cada nodo. El caso más simple a considerar es cuando las poblaciones iniciales son iguales en cada nodo. Por el corolario 4.3, las poblaciones locales se mantendrán constantes y la dinámica será dictada sólo por las tasas de transmisión entre nodos y los parámetros internos, y dado que el número de parámetros es alto consideramos sólo dos casos.

- *Parámetros internos iguales.* Cuando nos referimos a que los parámetros internos son iguales, estamos considerando que se cumplen las condiciones $\mu_1 = \mu_2 = \mu_3$ y $\beta_1 = \beta_2 = \beta_3$. Tenemos dos casos a considerar
 - El sistema esta libre de enfermedad $\left(\frac{\beta_i}{\mu_i}\right) < 1$ para $i = 1, 2, 3$.

- El sistema esta completamente infectado $\left(\frac{\beta_i}{\mu_i}\right) > 1$ para $i = 1, 2, 3$.
- *Parámetros internos distintos.* Cuando nos referimos a que los parámetros internos son distintos, estamos considerando que se cumplen las condiciones $\mu_i \neq \mu_j$ y $\beta_i \neq \beta_j$ si $i \neq j$. Dado el número tan alto de casos a considerar, y por la naturaleza no lineal del modelo sólo hicimos un análisis numérico de los siguientes casos

- El sistema esta libre de enfermedad, $\left(\frac{\beta_i}{\mu_i}\right) < 1$ para $i = 1, 2, 3$.
- Algun nodo esta infectado $\left(\frac{\beta_i}{\mu_i}\right) > 1$ para algún $i = 1, 2, 3$.
- El sistema esta completamente infectado, $\left(\frac{\beta_i}{\mu_i}\right) > 1$ para $i = 1, 2, 3$.

Parámetros internos iguales. Sólo para este caso particular, pudimos hacer un análisis más profundo con las herramientas que la teoría de sistemas dinámicos discretos nos ofrece. Encontramos el R_0 del sistema global en términos de los parámetros internos, los puntos fijos se exhiben y su estabilidad es descrita.

Por ser el modelo más simple que planteamos lo llamaremos *modelo simplificado* el cual se rige por las siguientes hipótesis.

1. Los parámetros para cada nodo son iguales, las tasas de contagio, nacimiento, muerte, y las condiciones iniciales serán las mismas para cada nodo, $\beta_i, \mu_i, S_0^i, I_0^i$ serán iguales $\forall i = 1, 2, 3$.

2. Las tasas de migración entre nodos se mantendrán iguales, es decir $\alpha_{i,j}$, $\forall i, j = 1, 2, 3$ y se denotaran por α .
3. Las poblaciones iniciales son iguales, por el corolario (4.1) tenemos que $T_n^1 = T_n^2 = T_n^3$ y la denotaremos por T .

Con las hipótesis descritas arriba tenemos el modelo:

$$\begin{aligned}
 S_{n+1}^i &= (1 - 2\alpha) \left[S_n^i(1 - \mu) + \mu T - \beta \frac{S_n^i I_n^i}{T} \right] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha S_n^j \\
 I_{n+1}^i &= (1 - 2\alpha) \left[I_n^i(1 - \mu) + \beta \frac{S_n^i I_n^i}{T} \right] + \sum_{\substack{j=1 \\ j \neq i}}^3 \alpha I_n^j
 \end{aligned} \tag{5.2}$$

$$i = 1, 2, 3$$

Proposición 5.1. *El R_0 global denotado por R_0^G , es*

$$R_0^G = \frac{\beta}{\mu} \tag{5.3}$$

Demostración. Para calcular el R_0 global utilizamos la definición 2.9. El número total de infecciosos al tiempo n es

$$\begin{aligned}
 I_{n+1}^T &= \sum_{i=1}^3 I_n^i (1 - (1 - 2\alpha)\mu) \\
 &= (1 - (1 - 2\alpha)\mu) I_n^T
 \end{aligned} \tag{5.4}$$

esta ecuación en diferencias tiene como resultado

$$I_n^T = (1 - (1 - 2\alpha)\mu)^n I_0^T \quad (5.5)$$

por lo tanto $F_n = (1 - (1 - 2\alpha)\mu)^n$.

Por otro lado tenemos que el número promedio producido por un infectado por nodo es $(1 - 2\alpha)\beta_i \frac{S_n^i}{T_n^i}$ por lo tanto el número promedio de infecciosos producidos es $b_n = (1 - 2\alpha)\beta$ así

$$R_0^G = \sum_{n=0}^{\infty} (1 - (1 - 2\alpha)\mu)^n (1 - 2\alpha)\beta = \frac{\beta}{\mu} \quad (5.6)$$

□

Puntos fijos

Proposición 5.2. *Si $R_0^G < 1$ el sistema (5.2) admite un único punto fijo llamado libre de enfermedad dado por: $E_0 = (T, 0, T, 0, T, 0)$. En caso contrario el sistema admite dos puntos de fijos, el punto fijo libre de enfermedad E_0 y el punto fijo endémico dado por:*

$$E_1 = \left(\frac{T}{R_0^G}, \frac{T(R_0^G - 1)}{R_0^G}, \frac{T}{R_0^G}, \frac{T(R_0^G - 1)}{R_0^G}, \frac{T}{R_0^G}, \frac{T(R_0^G - 1)}{R_0^G} \right)$$

El *modelo simplificado* tiene la forma

$$\begin{aligned}
S_{n+1}^1 &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S_n^1 + T\mu - \beta \frac{S_n^1 I_n^1}{T} \right] + \alpha(S_n^2 + S_n^3) \\
S_{n+1}^2 &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S_n^2 + T\mu - \beta \frac{S_n^2 I_n^2}{T} \right] + \alpha(S_n^1 + S_n^3) \\
S_{n+1}^3 &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S_n^3 + T\mu - \beta \frac{S_n^3 I_n^3}{T} \right] + \alpha(S_n^2 + S_n^1) \\
I_{n+1}^1 &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I_n^1 + \beta \frac{S_n^1 I_n^1}{T} \right] + \alpha(I_n^2 + I_n^3) \\
I_{n+1}^2 &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I_n^2 + \beta \frac{S_n^2 I_n^2}{T} \right] + \alpha(I_n^1 + I_n^3) \\
I_{n+1}^3 &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I_n^3 + \beta \frac{S_n^3 I_n^3}{T} \right] + \alpha(I_n^2 + I_n^1)
\end{aligned} \tag{5.7}$$

Demostración. Para calcular los puntos fijos debemos resolver el sistema

$$\begin{aligned}
(1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S^1 + T\mu - \beta \frac{S^1 I^1}{T} \right] + \alpha(S^2 + S^3) &= S^1 \\
(1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S^2 + T\mu - \beta \frac{S^2 I^2}{T} \right] + \alpha(S^1 + S^3) &= S^2 \\
(1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S^3 + T\mu - \beta \frac{S^3 I^3}{T} \right] + \alpha(S^2 + S^1) &= S^3 \\
(1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I^1 + \beta \frac{S^1 I^1}{T} \right] + \alpha(I^2 + I^3) &= I^1 \\
(1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I^2 + \beta \frac{S^2 I^2}{T} \right] + \alpha(I^1 + I^3) &= I^2 \\
(1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I^3 + \beta \frac{S^3 I^3}{T} \right] + \alpha(I^2 + I^1) &= I^3
\end{aligned} \tag{5.8}$$

o bien

$$\begin{aligned}
(1 - 2\alpha) \left[T\mu - \beta \frac{S^1 I^1}{T} \right] + S^1(2\alpha\mu - (2\alpha + \mu)) + \alpha(S^2 + S^3) &= 0 \\
(1 - 2\alpha) \left[T\mu - \beta \frac{S^2 I^2}{T} \right] + S^2(2\alpha\mu - (2\alpha + \mu)) + \alpha(S^1 + S^3) &= 0 \\
(1 - 2\alpha) \left[T\mu - \beta \frac{S^3 I^3}{T} \right] + S^3(2\alpha\mu - (2\alpha + \mu)) + \alpha(S^1 + S^2) &= 0 \\
I^1 \left[2\alpha\mu - (2\alpha + \mu) + (1 - 2\alpha) \frac{\beta S^1}{T} \right] + \alpha(I^2 + I^3) &= 0 \\
I^2 \left[2\alpha\mu - (2\alpha + \mu) + (1 - 2\alpha) \frac{\beta S^2}{T} \right] + \alpha(I^1 + I^3) &= 0 \\
I^3 \left[2\alpha\mu - (2\alpha + \mu) + (1 - 2\alpha) \frac{\beta S^3}{T} \right] + \alpha(I^1 + I^2) &= 0
\end{aligned} \tag{5.9}$$

De las ultimas tres ecuaciones tenemos que si $I^1 = I^2 = I^3 = 0$, entonces $S^1 = S^2 = S^3 = T$, por lo tanto el punto fijo es

$$E_0 = (T, 0, T, 0, T, 0) \tag{5.10}$$

Para que exista el otro punto fijo se necesita que $I^1 = I^2 = I^3$ y $S^1 = S^2 = S^3$ así que el sistema se simplifica a un sistema de dos ecuaciones con dos variables, sea $I^i = I$, $S^i = S$, $\forall i = 1, 2, 3$, tenemos

$$\begin{aligned}
(1 - 2\alpha) \left[T\mu - \beta \frac{SI}{T} - S\mu \right] &= 0 \\
I(1 - 2\alpha) \left[-\mu + \frac{\beta S}{T} \right] &= 0
\end{aligned} \tag{5.11}$$

por lo tanto, el otro punto fijo es

$$E_1 = \left(\frac{T}{R_0^G}, \frac{T(R_0^G - 1)}{R_0^G}, \frac{T}{R_0^G}, \frac{T(R_0^G - 1)}{R_0^G}, \frac{T}{R_0^G}, \frac{T(R_0^G - 1)}{R_0^G} \right) \quad (5.12)$$

□

Estabilidad de los puntos fijos. Con la ayuda de la matriz jacobiana analizaremos la estabilidad de los puntos (5.10) y (5.12) sean

$$\begin{aligned} f_1(S^1, I^1, S^2, I^2, S^3, I^3) &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S^1 + \mu T - \beta \frac{S^1 I^1}{T} \right] + \alpha(S^2 + S^3) \\ g_1(S^1, I^1, S^2, I^2, S^3, I^3) &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I^1 + \beta \frac{S^1 I^1}{T} \right] + \alpha(I^2 + I^3) \\ f_2(S^1, I^1, S^2, I^2, S^3, I^3) &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S^2 + \mu T - \beta \frac{S^2 I^2}{T} \right] + \alpha(S^1 + S^3) \\ g_2(S^1, I^1, S^2, I^2, S^3, I^3) &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I^2 + \beta \frac{S^2 I^2}{T} \right] + \alpha(I^1 + I^3) \\ f_3(S^1, I^1, S^2, I^2, S^3, I^3) &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)S^3 + \mu T - \beta \frac{S^3 I^3}{T} \right] + \alpha(S^2 + S^1) \\ g_3(S^1, I^1, S^2, I^2, S^3, I^3) &= (1 - 2\alpha) \left[(1 - \mu)I^3 + \beta \frac{S^3 I^3}{T} \right] + \alpha(I^2 + I^1) \end{aligned} \quad (5.13)$$

la matriz jacobiana es

$$J = \begin{pmatrix} D_{S^1}f_1 & D_{I^1}f_1 & D_{S^2}f_1 & D_{I^2}f_1 & D_{S^3}f_1 & D_{I^3}f_1 \\ D_{S^1}g_1 & D_{I^1}g_1 & D_{S^2}g_1 & D_{I^2}g_1 & D_{S^3}g_1 & D_{I^3}g_1 \\ D_{S^1}f_2 & D_{I^1}f_2 & D_{S^2}f_2 & D_{I^2}f_2 & D_{S^3}f_2 & D_{I^3}f_2 \\ D_{S^1}g_2 & D_{I^1}g_2 & D_{S^2}g_2 & D_{I^2}g_2 & D_{S^3}g_2 & D_{I^3}g_2 \\ D_{S^1}f_3 & D_{I^1}f_3 & D_{S^2}f_3 & D_{I^2}f_3 & D_{S^3}f_3 & D_{I^3}f_3 \\ D_{S^1}g_3 & D_{I^1}g_3 & D_{S^2}g_3 & D_{I^2}g_3 & D_{S^3}g_3 & D_{I^3}g_3 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} a_{11} & b_{11} & \alpha & 0 & \alpha & 0 \\ a_{21} & b_{21} & 0 & \alpha & 0 & \alpha \\ \alpha & 0 & a_{12} & b_{12} & \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & a_{22} & b_{22} & 0 & \alpha \\ \alpha & 0 & \alpha & 0 & a_{13} & b_{13} \\ 0 & \alpha & 0 & \alpha & a_{23} & b_{23} \end{pmatrix} \quad (5.14)$$

donde

$$\begin{aligned} a_{11} &= (1 - 2\alpha)(1 - \mu - \frac{\beta I^1}{T}) & b_{11} &= -(1 - 2\alpha)\frac{\beta S^1}{T} \\ a_{21} &= (1 - 2\alpha)\frac{\beta I^1}{T} & b_{21} &= (1 - 2\alpha)(1 - \mu + \frac{\beta S^1}{T}) \\ a_{12} &= (1 - 2\alpha)(1 - \mu - \frac{\beta I^2}{T}) & b_{12} &= -(1 - 2\alpha)\frac{\beta S^2}{T} \\ a_{22} &= (1 - 2\alpha)\frac{\beta I^2}{T} & b_{22} &= (1 - 2\alpha)(1 - \mu + \frac{\beta S^2}{T}) \\ a_{13} &= (1 - 2\alpha)(1 - \mu - \frac{\beta I^3}{T}) & b_{13} &= -(1 - 2\alpha)\frac{\beta S^3}{T} \\ a_{23} &= (1 - 2\alpha)\frac{\beta I^3}{T} & b_{23} &= (1 - 2\alpha)(1 - \mu + \frac{\beta S^3}{T}) \end{aligned}$$

Proposición 5.3. *El punto E_0 sera estable si $R_0^G < 1$ y será inestable si $R_0^G > 1$*

Demostración. Para analizar la estabilidad de E_0 , utilizaremos la matriz ja-

cobiana evaluada en dicho punto.

$$J(E_0) = \begin{pmatrix} a & b & \alpha & 0 & \alpha & 0 \\ 0 & c & 0 & \alpha & 0 & \alpha \\ \alpha & 0 & a & b & \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & 0 & c & 0 & \alpha \\ \alpha & 0 & \alpha & 0 & a & b \\ 0 & \alpha & 0 & \alpha & 0 & c \end{pmatrix} \quad (5.15)$$

donde

$$a = (1 - 2\alpha)(1 - \mu)$$

$$b = -(1 - 2\alpha)\beta$$

$$c = (1 - 2\alpha)(1 - \mu + \beta)$$

con la ayuda del software “Maple” se obtuvieron los siguientes valores propios

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= 2\alpha\mu - \mu + 1 \\ \lambda_2 &= -2\alpha\beta + 2\alpha\mu + \beta - \mu + 1 \\ \lambda_3 &= 2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1 \\ \lambda_4 &= -2\alpha\beta + 2\alpha\mu - 3\alpha + \beta - \mu + 1 \\ \lambda_5 &= 2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1 \\ \lambda_6 &= -2\alpha\beta + 2\alpha\mu - 3\alpha + \beta - \mu + 1 \end{aligned} \quad (5.16)$$

El punto E_0 será estable si todos los valores propios tienen modulo menor

que 1, es decir

$$|\lambda_i| < 1 \quad \forall i = 1, \dots, 6$$

para λ_1 , tenemos que

$$\begin{aligned} 0 < (1 - 2\alpha)\mu < 1, \quad \text{ya que } \alpha \in \left(0, \frac{1}{2}\right) \text{ y } \mu \in (0, 1) \\ \Rightarrow -1 < (2\alpha - 1)\mu < 0 \\ \Rightarrow -2 < (2\alpha - 1)\mu < 0 \\ \Rightarrow -1 < (2\alpha - 1)\mu + 1 < 1 \\ \therefore |2\alpha\mu - \mu + 1| < 1 \end{aligned}$$

Para λ_2 , tenemos que

$$\begin{aligned} \beta < \mu \\ \Rightarrow \beta - \mu < 0 \\ \Rightarrow -1 < \beta - \mu < 0, \quad \beta \in (0, 1), \quad \mu \in (0, 1) \\ \Rightarrow -1 < (\beta - \mu)(1 - 2\alpha) < 0 \\ \Rightarrow -2 < (\beta - \mu)(1 - 2\alpha) < 0 \\ \Rightarrow -1 < (\beta - \mu)(1 - 2\alpha) + 1 < 1 \\ \therefore | -2\alpha\beta + 2\alpha\mu + \beta - \mu + 1 | < 1 \end{aligned}$$

Para λ_3 , consideramos la función

$$f(x, y) = x(2y - 1) - 3y + 1,$$

donde $x \in (0, 1)$ y $y \in (0, 1/2)$, la cual alcanza su máximo en $(x, y) = (0, 0)$, $f(0, 0) = 1$ y su mínimo en $(x, y) = (0, 1/2)$, $f(0, 1/2) = -1/2$; por lo tanto

$$|2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1| < 1.$$

Para λ_4 , tenemos que $|\lambda_3| < 1$, por lo que

$$-1 < 2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1 < 1,$$

$$-1 < 2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1 + \beta(1 - 2\alpha) < 1, \quad \text{ya que } \beta < \mu,$$

$$\therefore | -2\alpha\beta + 2\alpha\mu - 3\alpha + \beta - \mu + 1 | < 1,$$

como $\lambda_5 = \lambda_3$ y $\lambda_6 = \lambda_4$, tenemos que el punto E_0 será estable sí

$$R_0^G = \frac{\beta}{\mu} < 1. \quad (5.17)$$

Para ver que es inestable, observemos que el valor propio $\lambda_2 = -2\alpha\beta + 2\alpha\mu + \beta - \mu + 1$, el cual tendrá valor absoluto mayor que 1 si $(\beta - \mu)(1 - 2\alpha) > 0$, lo cual se cumple puesto que $\beta > \mu$ y $\alpha \in (0, 1/2)$. \square

Proposición 5.4. *Si $R_0^G > 1$, el punto E_1 , será estable.*

Demostración. Para analizar la estabilidad del punto E_1 , utilizamos la matriz

jacobiana

$$J(E_1) = \begin{pmatrix} w & x & \alpha & 0 & \alpha & 0 \\ y & z & 0 & \alpha & 0 & \alpha \\ \alpha & 0 & w & x & \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & y & z & 0 & \alpha \\ \alpha & 0 & \alpha & 0 & w & x \\ 0 & \alpha & 0 & \alpha & y & z \end{pmatrix} \quad (5.18)$$

$$w = (1 - 2\alpha)(1 - \beta)$$

donde $x = -\mu(1 - 2\alpha)$

$$y = (1 - 2\alpha)(\beta - \mu)$$

$$z = 1 - 2\alpha$$

con la ayuda del software “Maple”, se obtuvieron los siguientes valores propios

$$\lambda_1 = 2\alpha\mu - \mu + 1$$

$$\lambda_2 = 2\alpha\beta - 2\alpha\mu - \beta + \mu + 1$$

$$\lambda_3 = 2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1$$

$$\lambda_4 = 2\alpha\beta - 2\alpha\mu - 3\alpha - \beta + \mu + 1$$

$$\lambda_5 = 2\alpha\mu - 3\alpha - \mu + 1$$

$$\lambda_6 = 2\alpha\beta - 2\alpha\mu - 3\alpha - \beta + \mu + 1$$

(5.19)

como los valore propios λ_1 y λ_3 se repiten en los dos casos solo resta analizar

los valore propios λ_2 y λ_4 . Para λ_2 tenemos que

$$\begin{aligned} & -1 < \mu - \beta < 0 \\ \Rightarrow & -1 < (\mu - \beta)(1 - 2\alpha) < 0, \\ \Rightarrow & -2 < (\mu - \beta)(1 - 2\alpha) < 0, \\ \Rightarrow & -1 < (\mu - \beta)(1 - 2\alpha) + 1 < 1, \\ \therefore & |\lambda_2| < 1. \end{aligned}$$

Para λ_4 , consideramos la función

$$f(x, y) = x(1 - 2y) - 3y + 1 \quad \text{donde } x \in (-1, 0), \quad y \in (0, 1/2).$$

La cual alcanza su máximo en $(x, y) = (0, 0)$, $f(0, 0) = 1$ y su mínimo en $(x, y) = (0, \frac{1}{2})$, $f(0, 1/2) = -1/2$, por lo tanto

$$|2\alpha\beta - 2\alpha\mu - 3\alpha - \beta + \mu + 1| < 1$$

como $\lambda_3 = \lambda_5$ y $\lambda_4 = \lambda_6$, tenemos que el punto E_1 será estable si

$$R_0^G = \frac{\beta}{\mu} > 1 \tag{5.20}$$

□

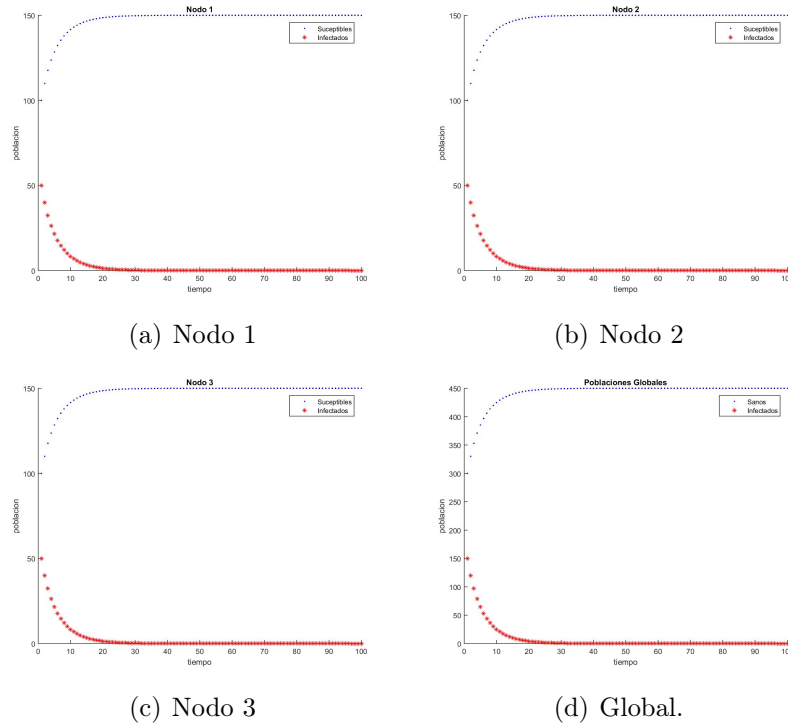
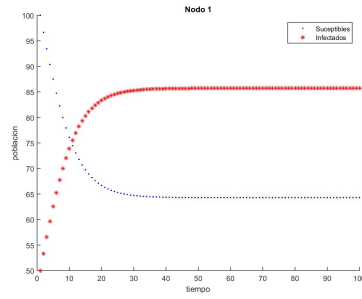
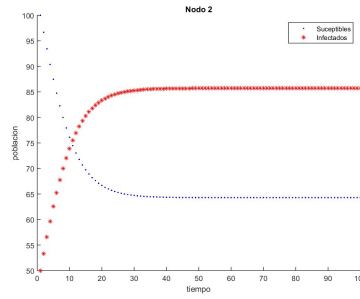


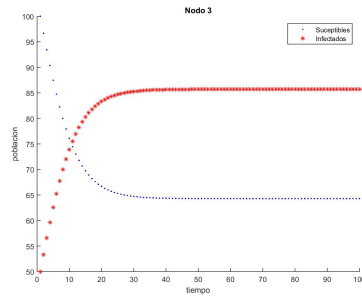
Figura 5.2: Gráficas obtenidas para el modelo simplificado con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu_i = 0.7$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$.



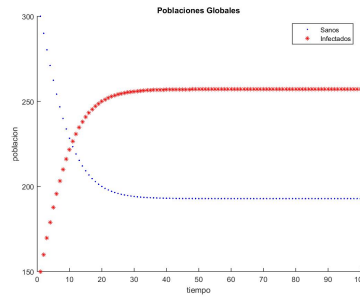
(a) Nodo 1



(b) Nodo 2

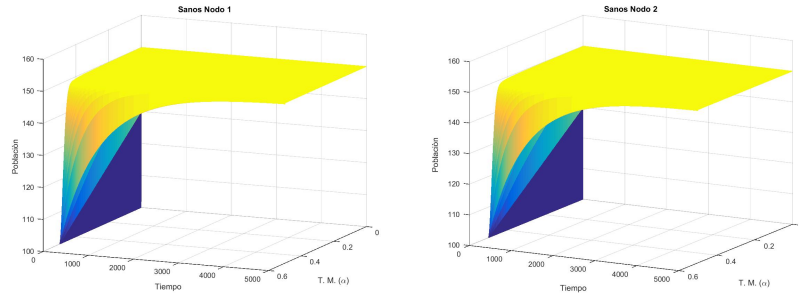


(c) Nodo 3



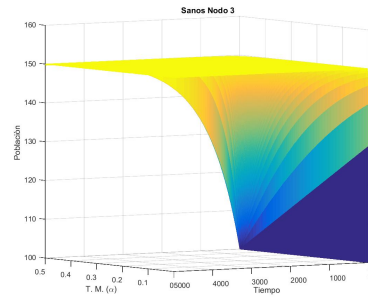
(d) Global.

Figura 5.3: Gráficas obtenidas para el modelo simplificado con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.7$, $\mu_i = 0.3$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G > 1$



(a) Nodo 1

(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.4: Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu_i = 0.8$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$

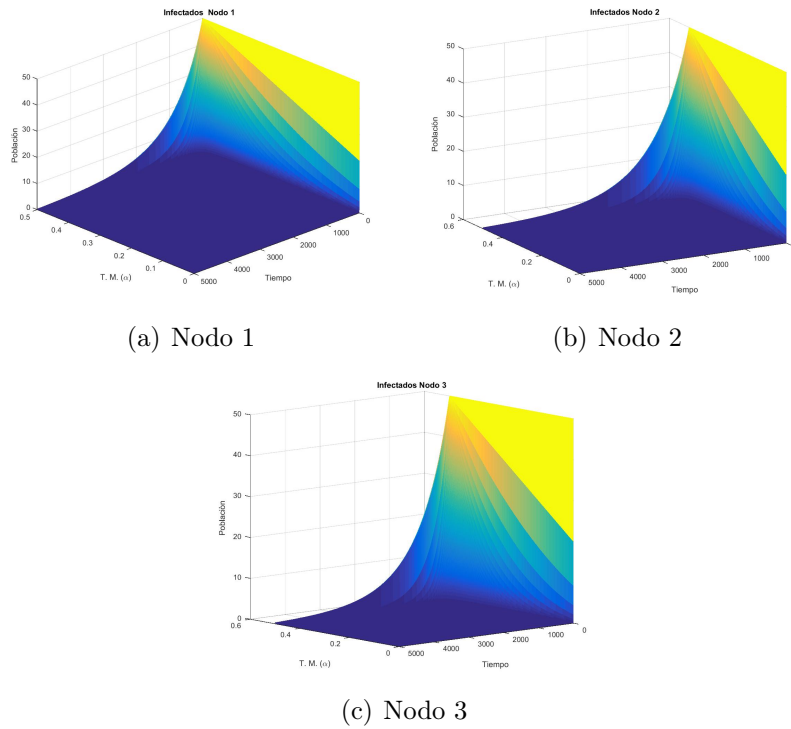


Figura 5.5: Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu_i = 0.8$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$

En las figuras 5.4 y 5.5, podemos apreciar como impacta la variación del parámetro α , en las poblaciones tanto de los individuos sanos como de los infecciosos. A mayor tasa de transmisión mas lentamente se llega al estado de equilibrio.

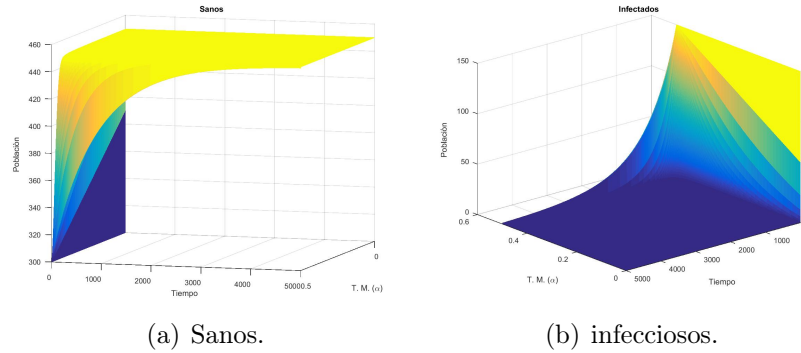


Figura 5.6: Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, y parámetros $\beta_i = 0.3$, $\mu = 0.8$, $i = 1, 2, 3$, $R_0^G < 1$

El impacto la variación de las tasas de trasmisión no solo se refleja en las poblaciones locales, también podemos ver un impacto significativo en las poblaciones globales tanto de sanos como de infecciosos. En la figura 5.6 podemos apreciar las poblaciones globales de sanos e infecciosos, las tasas de transmisión impactan directamente en la velocidad a la que se llega al estado de equilibrio.

Basados en el análisis hecho y en las gráficas mostradas podemos concluir lo siguiente en cuanto al modelo simplificado.

- La dinámica global se comporta como la dinámica local.
- Al variar las tasas de transmisión, siempre y cuando sean las mismas para cada nodo, afecta la velocidad a la que se llega a los puntos equilibrio.

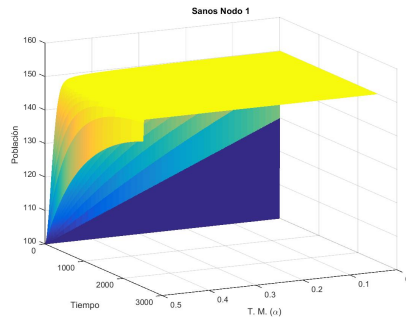
- Las tasas de transmisión no afectan la cantidad de puntos fijos que se tiene.
- El $R_0^G = \beta/\mu$ fue relativamente fácil de encontrar analíticamente.

Parámetros internos distintos. Aun bajo la hipótesis de que las poblaciones locales sean iguales, las variaciones siempre estarán presentes. Con esta idea en mente proponemos un modelo en donde damos un paso mas a la realidad al considerar que los parámetros internos son distintos. Los caso mas significativos son: *sistema libre de enfermedad*, *sistema con un nodo infectado* y *sistema completamente infectado*.

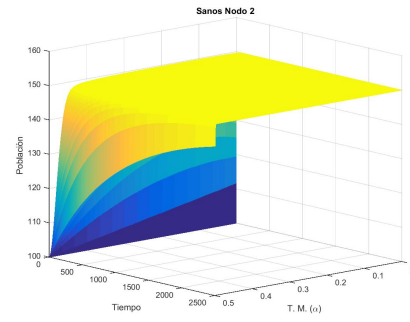
Sistema libre de enfermedad. Para el sistema libre de enfermedad consideraremos los siguientes parámetros

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$\beta_1 = 0.3$	$\beta_2 = 0.4$	$\beta_3 = 0.2$
$\mu_1 = 0.8$	$\mu = 0.5$	$\mu_3 = 0.7$

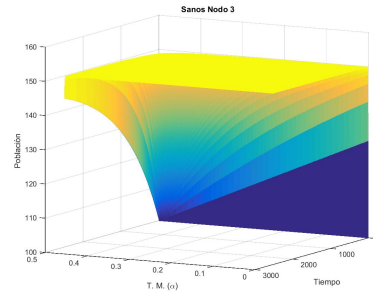
Cuadro 5.1: Parámetros para el sistema libre de enfermedad con poblaciones iniciales iguales.



(a) Nodo 1



(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.7: Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 = 0.8$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

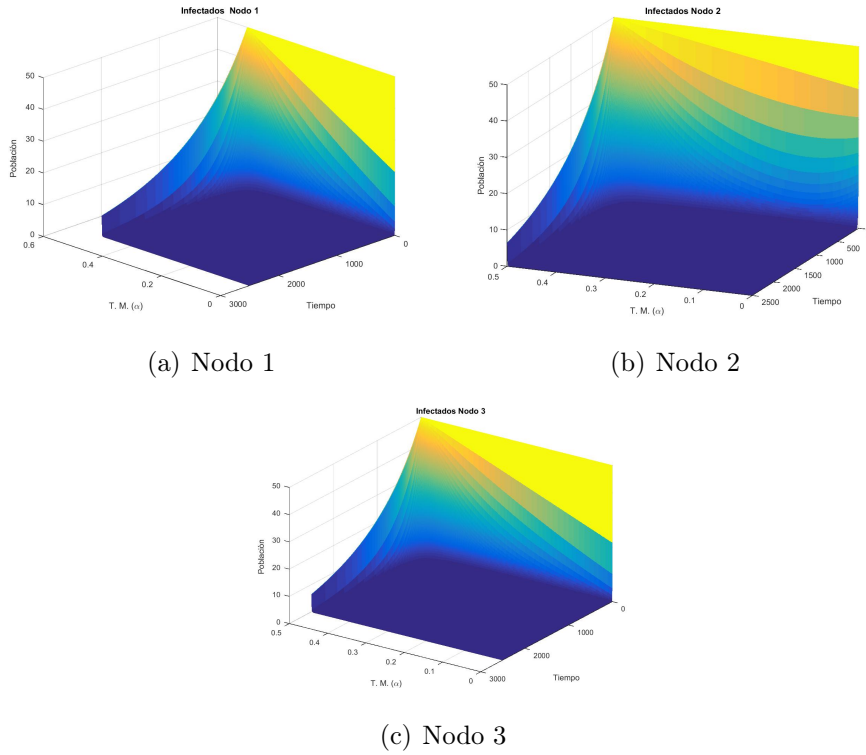


Figura 5.8: Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 = 0.8$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

En las figuras 5.7 y 5.8 mostramos las poblaciones locales de sanos e infecciosos respectivamente, en ellas podemos observar que tenemos un punto fijo único y que este no se ve afectado por las tasas de transmisión, la forma en la que se llega al estado de equilibrio es suave. El parámetro α afecta a la velocidad con la que se llega al estado de equilibrio. La enfermedad tiende a desaparecer y las poblaciones locales al final del proceso constan de solo individuos sanos.

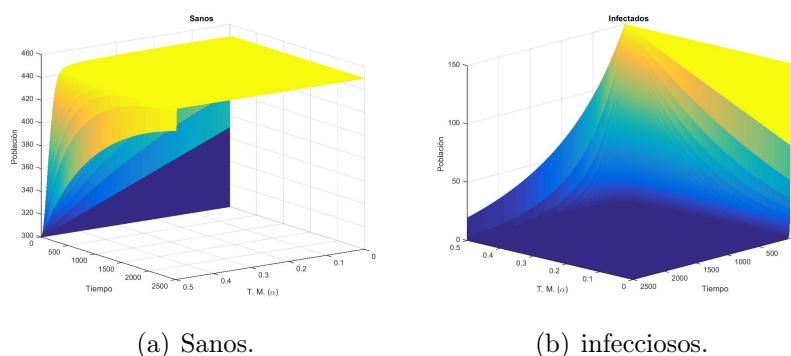
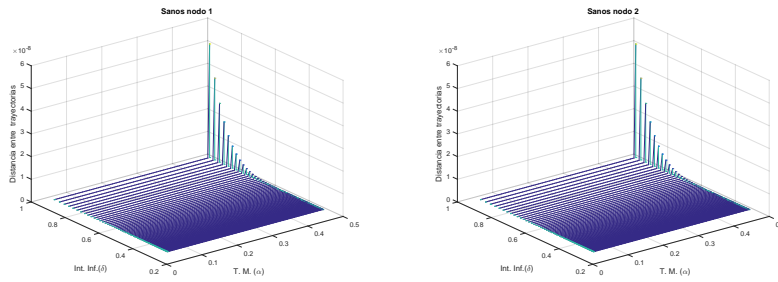


Figura 5.9: Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 = 0.8$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

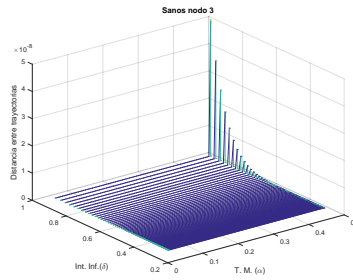
En la figura 5.9 mostramos las gráficas de las poblaciones globales de sanos e infecciosos. La dinámica del sistema SI esta muy marcada en la dinámica global. Se tiene un sólo estado de equilibrio, la forma de llegada a dicho estado es suave. La velocidad es en único factor que se ve afectado por las tasas de transmisión. Al final del proceso se tendrá que las población de sanos prevalece, mientras que la población de infecciosos desaparece.

Con la finalidad de reforzar la hipótesis de que solo tenemos un punto de equilibrio mostramos las siguientes gráficas, en las cuales se observa la distancia entre las trayectorias obtenidas al variar la intensidad de la enfermedad en el nodo 1 ($\delta = \beta_1/\mu_1$), pretendemos observar si la intensidad de la enfermedad repercute en la forma en que evoluciona la infección. Dado que no fue posible hacerlo de forma analítica, nos apoyamos en el análisis numérico para hacer y reforzar ciertas conjeturas.



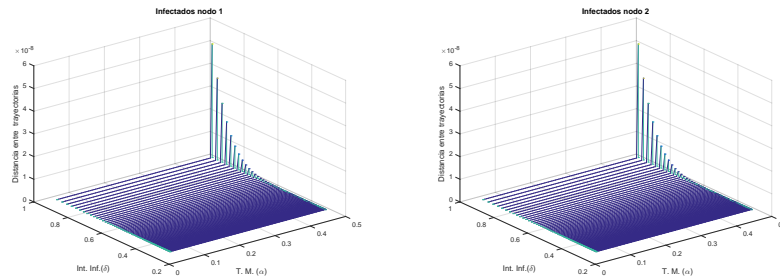
(a) Nodo 1

(b) Nodo 2



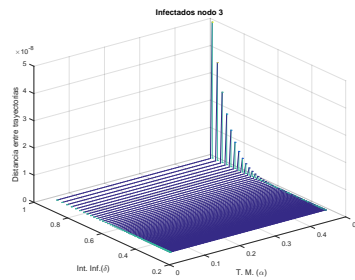
(c) Nodo 3

Figura 5.10: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos cuando $n = 10,000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, 1 / 2)$, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.3$, $\mu_1 \in (0.31, 1)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$.



(a) Nodo 1

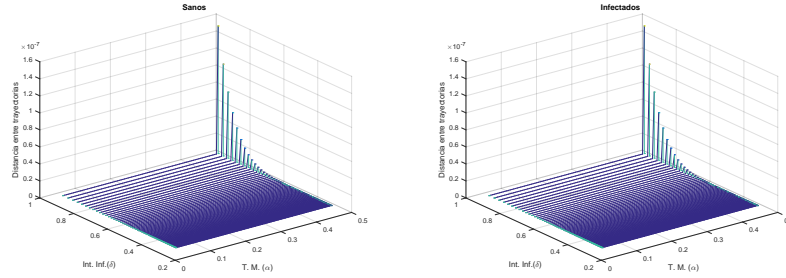
(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.11: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los infecciosos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.31, 1)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$.

En la figura 5.10 mostramos las gráficas de las distancias entre las trayectorias de las poblaciones sanos, mientras que en la figura 5.11 se muestra las distancias entre las trayectorias de infecciosos, ambas son locales y tomamos el valor absoluto entre las trayectorias cuando $n=10,000$. En ellas podemos observar que al variar la intensidad de la enfermedad δ y las tasas de transmisión, la distancia entre las trayectorias se mantiene muy cercana al cero, también observamos que dichas distancia crecen cuando las tasas de transmisión y la intensidad de la enfermedad son muy cercanas a su limite superior pero no sobrepasan más allá del orden de 6×10^{-8} unidades, lo cual refuerza nuestra hipótesis, más no la demuestra del todo ya que numéricamente no podemos ver que sucede cuando el tiempo tiende a infinito.



(a) Sanos.

(b) infecciosos.

Figura 5.12: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos e infecciosos cuando $n = 10000$ de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = (0.31, 1)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

En la figura 5.12, se muestran las gráficas de las distancias entre las trayectorias de las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global. Se tomo la distancia cuando $n=10000$. En ellas mostramos como al variar el parámetro δ y las tasas de transmisión, la distancia entre las trayectorias de las poblaciones globales tanto de sanos como de infecciosos, se mantienen cerca del cero. También se observa que cuando la intensidad de la enfermedad como la tasa de transmisión se acercan a su limite superior, se aprecian saltos pero estos no rebasan, mas allá del orden de 1.6×10^{-8} .

A pesar de que no se pudo realizar un análisis teórico más profundo, podemos dar las siguientes conclusiones.

- Sólo se tiene un estado de equilibrio $(T, 0, T, 0, T, 0)$ para la dinámica local.
- Sólo se tiene un estado de equilibrio para la dinámica global $(P_t, 0)$.
- El impacto que tienen las tasas de transmisión (α) , se ve reflejado en la velocidad a la que se llega al estado de equilibrio, entre más grande sea la velocidad disminuye.
- La forma en la que se llega al estado de equilibrio es suave
- La dinámica global no cambia en lo absoluto, al parecer se comporta como si estuviéramos en un sistema SI local.

Sistema con un nodo infectado. Consideraremos que los parámetros internos son los siguientes:

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$\beta_1 = 0.7$	$\beta_2 = 0.4$	$\beta_3 = 0.2$
$\mu_1 = 0.1$	$\mu_2 = 0.5$	$\mu_3 = 0.7$

Cuadro 5.2: Parámetros para el sistema con un nodo infectado, con poblaciones iniciales iguales.

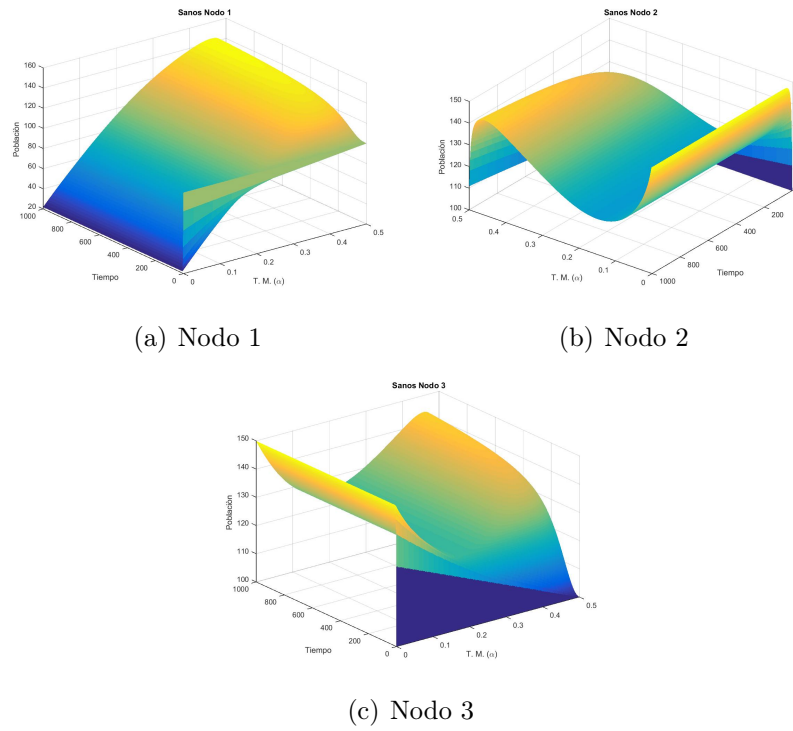


Figura 5.13: Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

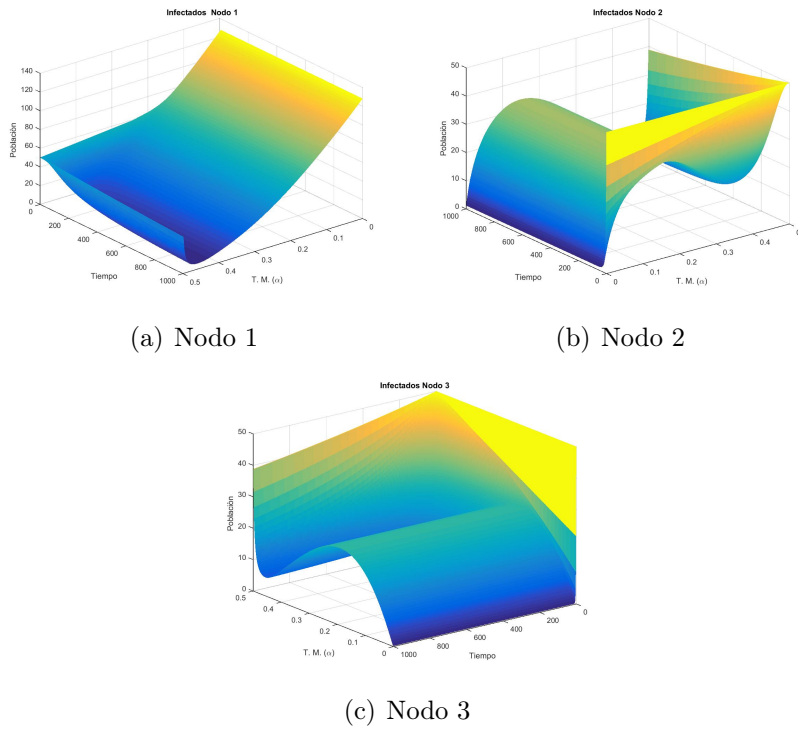
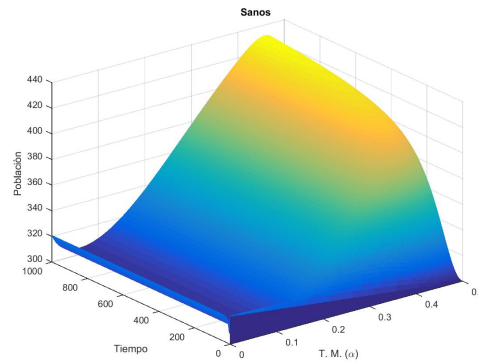


Figura 5.14: Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

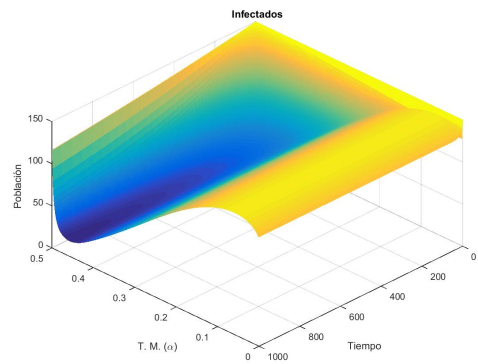
En las figuras 5.13 y 5.14, mostramos las poblaciones de sanos e infecciosos respectivamente para los nodos 1, 2, 3 ordenados de izquierda a derecha. Tenemos una infección en el nodo 1, observamos que para este nodo, si las tasas de transmisión son pequeñas la población de sanos disminuye mientras que la de infecciosos crece. Existe un mínimo local para los infecciosos y un máximo local para los sanos si α está en el intervalo $(0.4, 0.5)$. Si tomamos el extremo superior del intervalo donde está definido α observamos que hay un repunte en la enfermedad, por lo tanto una disminución en el número de

individuos sanos.

En caso del nodo dos observamos que el impacto que tiene la variación de las tasas de transmisión es muy marcado. Si tomamos un tiempo t_0 fijo, observamos que conforme α crece la población de individuos sanos decrece hasta alcanzar un mínimo local, una vez alcanzado este mínimo la población vuelve a crecer hasta alcanzar un máximo local y después vuelve a disminuir de nuevo. De igual manera se observa que se tiene un máximo y un mínimo absoluto, los cuales se dan en el extremos inferior y superior del intervalo $(0, \frac{1}{2})$ respectivamente. En contra parte la población de individuos infecciosos crece cuando las tasas de transmisión crecen hasta alcanzar un máximo, posteriormente decrece hasta llegar a un mínimo y por último vuelve a crecer hasta alcanzar un máximo absoluto. Para el nodo 3 tenemos una situación muy similar a la del nodo 2. La variación del parámetro que representa las tasas de transmisión tiene un fuerte impacto en la dinámica local, ahora las poblaciones no tienden a un único punto de equilibrio, lo que nos hace sospechar que los puntos de equilibrio están en función de las tasas de transmisión. Otro punto a observar es este aspecto de crecimiento y decrecimiento de las poblaciones tanto de infecciosos como de sanos, el cual se ve mas reflejado en el nodo 2 y nodo 3, en ellos a pesar de que la infección tiende a desaparecer si consideramos solo la dinámica local, una vez estando en contacto, esta infecta a la población sana, y no solo eso, se queda de manera endémica en los dos nodos. Es muy interesante ver como un cambio tan pequeño, como el insertar una infección en un nodo repercute de manera muy significativa en la dinámica local de los otros dos. La infección no tiende a desaparecer nunca en ninguno de los nodos.



(a) Sanos.



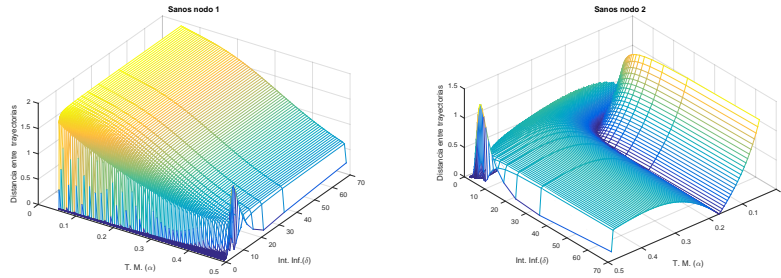
(b) infecciosos.

Figura 5.15: Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.3$.

En la figura 5.15 mostramos las poblaciones globales de los individuos que participan en la dinámica. En la parte (a) podemos ver la población global de individuos no infecciosos, y en la parte (b) la población de individuos infecciosos. En estas gráficas observamos como es el impacto que tiene el hecho de que en algún nodo exista una infección permanente, en este caso

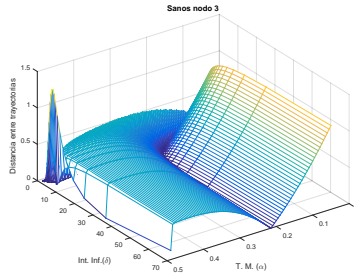
es el nodo 1. Las tasas de transmisión también impactan significativamente en la dinámica global, a pesar que aun estamos considerando que las poblaciones locales son iguales hay un cambio muy marcado en cuanto a los casos estudiados anteriormente. Si el parámetro α es muy pequeño la población de individuos sanos sufre un deceso muy marcado al principio de la simulación, pero al pasar el tiempo se recupera, mientras que la población de los individuos infecciosos tiene un incremento considerable. Conforme crece dicho parámetro la población de individuos no infecciosos se recupera paulatinamente, y la población de infecciosos decrece hasta alcanzar un mínimo y vuelve a crecer. Otro aspecto a resaltar es el de los estados de equilibrio, estos al parecer se ven afectados tanto por las tasas de transmisión como por la infección que hay en el nodo 1 mostrando que ahora no solo se tiene un estado de equilibrio, nos hace sospechar que se tendrá uno por cada α .

En las siguientes gráficas, mostramos las distancias entre las trayectorias al final de la simulación, cuando esta consta de 10,000 unidades de tiempo, tanto para las poblaciones locales como las globales de sanos e infecciosos.



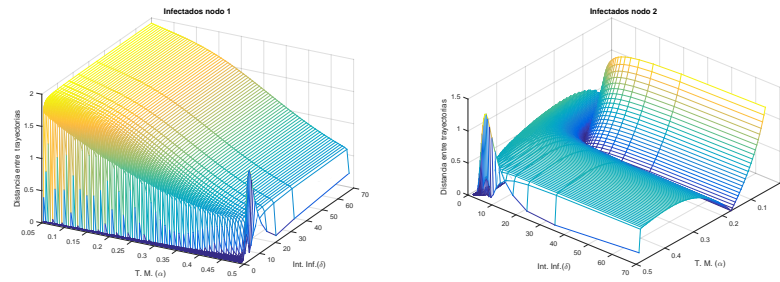
(a) Nodo 1

(b) Nodo 2



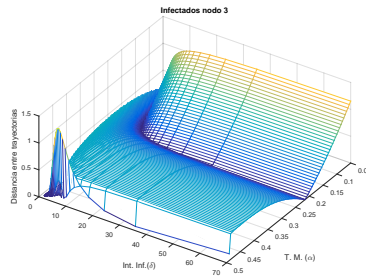
(c) Nodo 3

Figura 5.16: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.1, 0.7)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$.



(a) Nodo 1

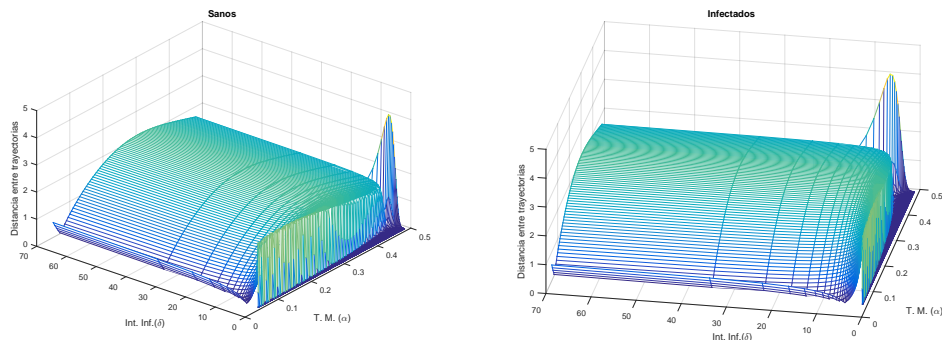
(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.17: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los infecciosos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.1, 0.7)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

En las figuras 5.16 y 5.17 mostramos las distancias entre las trayectorias de sanos e infecciosos respectivamente de las poblaciones locales. Para el nodo 1 podemos ver que las distancias entre trayectorias se ven afectadas, tanto por las tasas de transmisión como por la intensidad de la enfermedad. Se observa que cuando la intensidad de la enfermedad está en el intervalo comprendido entre el 1 y 10 existen oscilaciones, en las cuales la amplitud se va incrementando conforme crece α . Después de que la intensidad de la enfermedad rebasa 10, se observa un decaimiento suave conforme α crece y si variamos la intensidad de la enfermedad, al parecer la distancia entre las trayectorias no muestra un cambio considerable. Tanto para el nodo 2 como el nodo 3 al parecer la dinámica de la evolución de la distancia entre las trayectorias es muy similar. Podemos ver de nuevo que cuando la intensidad de la enfermedad esta comprendida entre 0 y 10, y si la tasas de transmisión están cercanas a su punto máximo existe una oscilación. Conforme el parámetro α crece las distancias entre las trayectorias decrece. La intensidad de la enfermedad también es un parámetro que impacta significativamente, al variar éste, se observa que cambia el lugar donde se toca el cero. Luego de que las distancias entre las trayectorias tocan el cero, comienzan a crecer de nuevo. Con esto podemos concluir que no tenemos un punto fijo único, para las poblaciones involucradas en las dinámicas locales, este varía conforme movemos este par de parámetros y la dinámica para la distancia entre las trayectorias es muy similar para la población local de sanos e infecciosos.



(a) Sanos.

(b) infecciosos.

Figura 5.18: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos e infecciosos cuando $n = 10000$ de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 \in (0.1, 0.7)$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_7 = 0.7$.

En la figura 5.18, mostramos la distancia entre las trayectorias de las poblaciones globales de sanos e infecciosos. En ellas podemos ver que la dinámica para las dos poblaciones es muy similar. Conforme crece la tasa de migración entre los nodos la distancia se incrementa y después comienza a disminuir para volver a crecer nuevamente. La intensidad de la enfermedad al parecer no impacta significativamente mas allá del intervalo $(1,10)$, en cual observamos la oscilación antes mencionada.

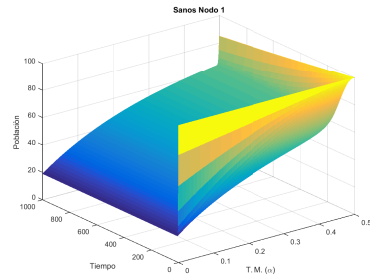
5.1.1.2. Algunas conclusiones.

- El sistema no tiene un punto fijo único, este depende tanto de las tasas de migración entre los nodos, como de la intensidad de la enfermedad introducida.
- Al introducir una infección en algún nodo, esta contagia a todo el sistema, este responderá en función de las tasas de migración y de la intensidad de la infección.
- Observamos que se tienen un máximo y un mínimo local, así como un máximo y un mínimo global.
- La dinámica del modelo SI ya no está presente tanto en la dinámica local como en la global.

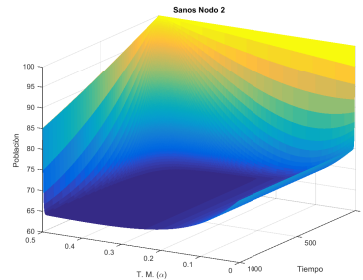
Sistema completamente infectado. En este sistema estamos considerando que tenemos una infección en cada nodo y los parámetros internos son los siguientes

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$\beta_1 = 0.8$	$\beta_2 = 0.6$	$\beta_3 = 0.7$
$\mu_1 = 0.1$	$\mu_2 = 0.3$	$\mu_3 = 0.5$

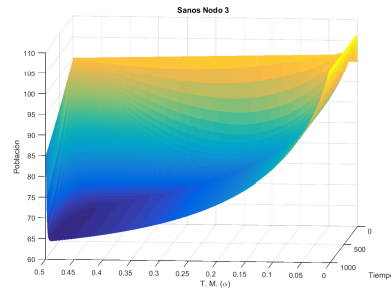
Cuadro 5.3: Parámetros para el sistema completamente infectado con poblaciones iniciales iguales.



(a) Nodo 1

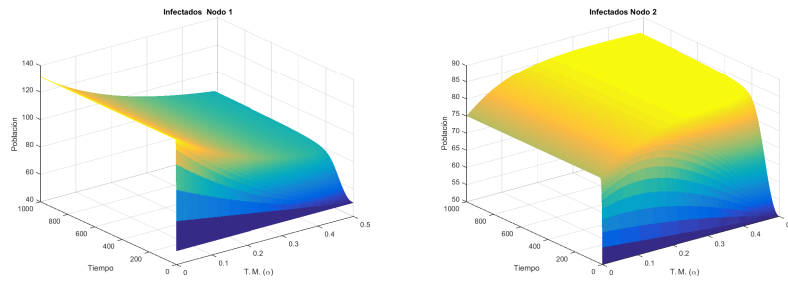


(b) Nodo 2



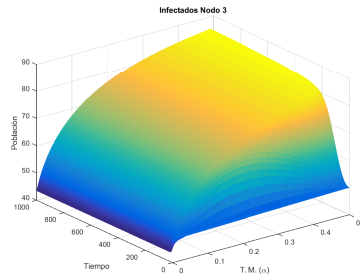
(c) Nodo 3

Figura 5.19: Gráficas obtenidas para los sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.6$, $\mu_2 = 0.3$, $\beta_3 = 0.7$, $\mu_3 = 0.5$.



(a) Nodo 1

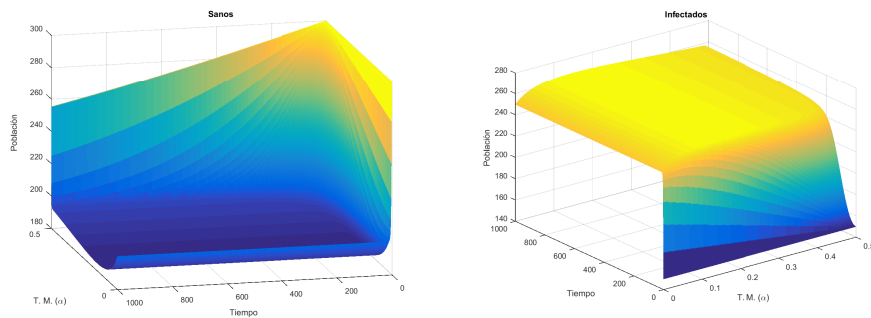
(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.20: Gráficas obtenidas para los infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.6$, $\mu_2 = 0.3$, $\beta_3 = 0.7$, $\mu_3 = 0.5$.

En las Figuras 5.19 y 5.20, se muestran las gráficas obtenidas para las poblaciones locales de sanos e infecciosos respectivamente. En ellas podemos observar como la infección avanza por el sistema, presentando una posible tendencia hacia un punto para cada α . Las poblaciones locales de sanos tienden a descender muy rápido cuando las tasas de transmisión son pequeñas, en cambio si nos acercamos a el extremo final donde están definidas esta, la forma en la que decaen es muy lenta. Al parecer no hay oscilaciones ni otra dinámica extraña, lo cual nos indica que se llega al punto fijo de forma suave.

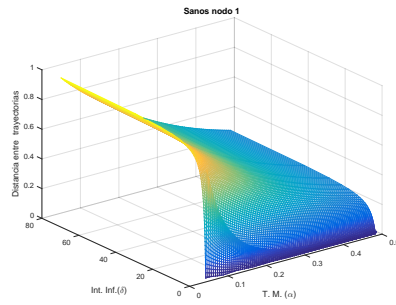


(a) Sanos.

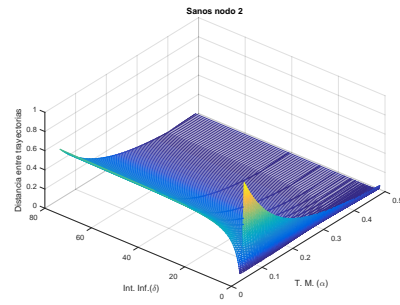
(b) infecciosos.

Figura 5.21: Gráficas obtenidas para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8, \mu_1 = 0.1, \beta_2 = 0.6, \mu_2 = 0.3, \beta_3 = 0.7, \mu_3 = 0.5$.

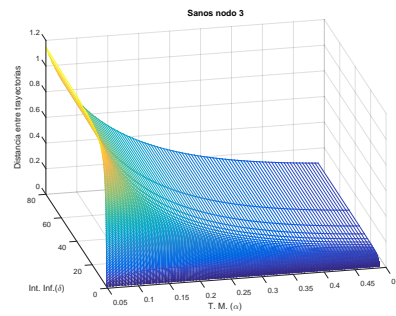
En la figura 5.21 mostramos las poblaciones de sanos e infecciosos de manera global al variar las tasas de transmisión, iniciando con una infección en cada nodo. En ellas podemos observar que al mover el parámetro que representa las tasas de transmisión no se llega a un estado de equilibrio único.



(a) Nodo 1

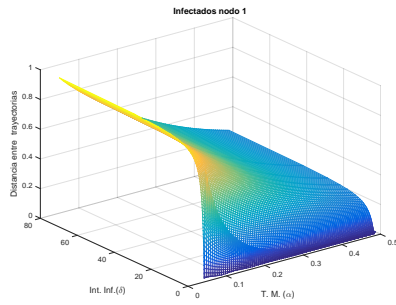


(b) Nodo 2

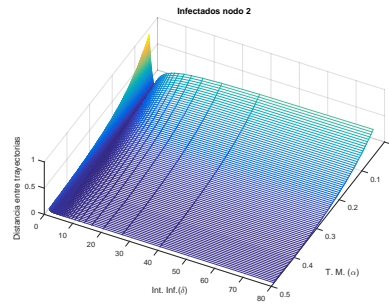


(c) Nodo 3

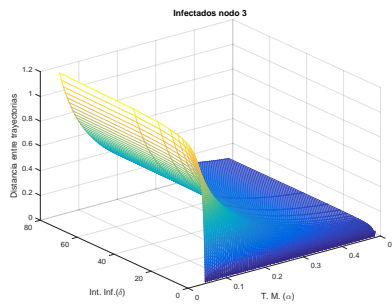
Figura 5.22: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8$, $\mu_1 \in (0, 0.8)$, $\beta_2 = 0.5$, $\mu_2 = 0.4$, $\beta_3 = 0.7$, $\mu_3 = 0.2$



(a) Nodo 1



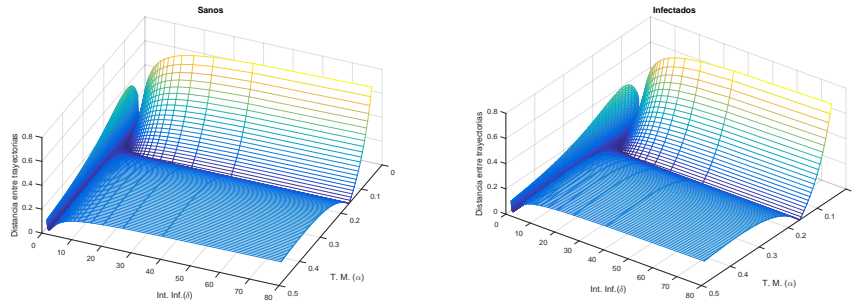
(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.23: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los infecciosos cuando $n = 10000$, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8$, $\mu_1 \in (0, 0.8)$, $\beta_2 = 0.6$, $\mu_2 = 0.3$, $\beta_3 = 0.7$, $\mu_7 = 0.5$

En las figuras 5.22 y 5.22 mostramos las distancia entre trayectorias para las poblaciones de sanos e infecciosos respectivamente al variar la tasa de infección descrita anteriormente en el nodo 1, para las poblaciones locales. En ellas se puede observar que nunca se llega a un estado de equilibrio al variar alguno de los parámetros que están involucrados, los cuales son las tasas de migración y la intensidad de infección en el nodo 1 . Este aspecto es muy importante, ya que en la dinámica local para un nodo sin conexión con los otros, si se tenía una infección, sólo teníamos un punto fijo único.



(a) Sanos.

(b) infecciosos.

Figura 5.24: Gráficas obtenidas para las distancias entre las trayectorias de los sanos e infecciosos cuando $n = 2500$ de manera global, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$ con condiciones iniciales $S_0^i = 100, I_0^i = 50, i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.8, \mu_1 = (0.1, 0.7), \beta_2 = 0.5, \mu_2 = 0.4, \beta_3 = 0.7, \mu_7 = 0.2$

En la figura 5.24 mostramos las gráficas de las trayectorias para las poblaciones de los sanos e infecciosos de manera global, en ellas se puede observar que tampoco se alcanza un estado de equilibrio único, éste dependerá de la intensidad de la infección en el nodo donde se tenga la infección. Otro factor que también impacta de manera muy significativa en los estados de equilibrio es la tasa de migración entre los nodos.

5.1.1.3. Conclusiones

- No se llega a un estado de equilibrio único, tanto para las poblaciones locales como las globales, dichos estados de equilibrio dependerán de las tasas de migración, si sólo variamos este parámetro.
- Una vez variando el parámetro que nos representa la intensidad de la infección en algún nodo, se puede apreciar que determina como son los estados de equilibrio.
- La dinámica del sistema SI se ve muy mermada tanto en lo local como en lo global.

5.1.1.4. Poblaciones iniciales distintas.

Una hipótesis muy frecuente al plantear modelos matemáticos sobre la dinámica de poblaciones, es considerar que las poblaciones son constantes. Si bien en nuestro modelo la población total cumple con esta condición, las poblaciones locales no tienen porqué seguirla. Por el corolario 4.2 tenemos que las poblaciones locales convergen al promedio de las poblaciones iniciales, mas

aún se convergerá de manera suave si $\alpha \in (0, \frac{1}{3}]$ y de manera oscilatoria si $\alpha \in (\frac{1}{3}, \frac{1}{2})$. Basados en este hecho solo vamos a mostrar un caso particular para ilustrar este hecho. Los parámetros internos para tal fin son los siguientes:

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$\beta_1 = 0.7$	$\beta_2 = 0.4$	$\beta_3 = 0.2$
$\mu_1 = 0.1$	$\mu_2 = 0.5$	$\mu_3 = 0.4$

Cuadro 5.4: Parámetros para un sistema con un nodo infectado y poblaciones iniciales distintas.

Con estos parámetros estamos considerando que el sistema tiene un nodo infectado y que los otros dos están libres de enfermedad, pero que sus parámetros internos no tienen por que ser iguales. Dado el alto número de parámetros con los que contamos, consideraremos que las poblaciones de sanos e infecciosos iniciales, están relacionadas de forma lineal, es decir:

$$I_0^j = 0.05S_0^j, \quad j = 1, 2, 3;$$

es decir, la población local de individuos infecciosos es el 5% de la población de individuos sanos en el nodo j y representa menos del 5% de la población local total en cada nodo. Con base en la suposición anterior consideraremos que las poblaciones locales iniciales son las siguientes

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$S_0^1 = 1000$	$S_0^2 = 3000$	$S_0^3 = 600$
$I_0^1 = 50$	$I_0^2 = 150$	$I_0^3 = 30$

Cuadro 5.5: Poblaciones iniciales distintas.

Por el corolario 4.2, tenemos que $T_0^i \rightarrow 1610$ para $i = 1, 2, 3$ cuando $n \rightarrow \infty$. Al verse afectadas las poblaciones locales, es claro que también se verán afectadas las poblaciones de sanos e infecciosos por el planteamiento del modelo SI en cada nodo y heredaran el carácter oscilatorio o suave, según sea el caso.

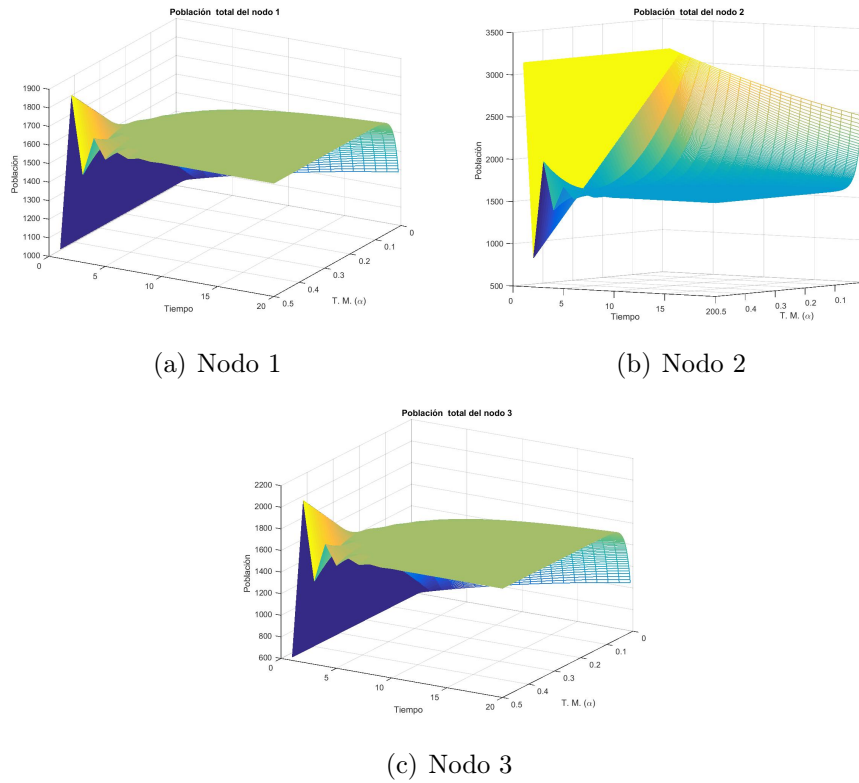


Figura 5.25: Gráficas para las poblaciones locales, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000$, $I_0^1 = 50$, $S_0^2 = 3000$, $I_0^2 = 150$, $S_0^3 = 600$, $I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

En la figura 5.25 podemos observar como cambian las poblaciones locales a través del tiempo al considerar que las poblaciones iniciales son distintas y

variando las tasas de transmisión entre nodos. El carácter oscilatorio descrito en el corolario 4.22 esta presente cuando $\alpha \in (\frac{1}{3}, \frac{1}{2}]$, en otro caso esta ausente.

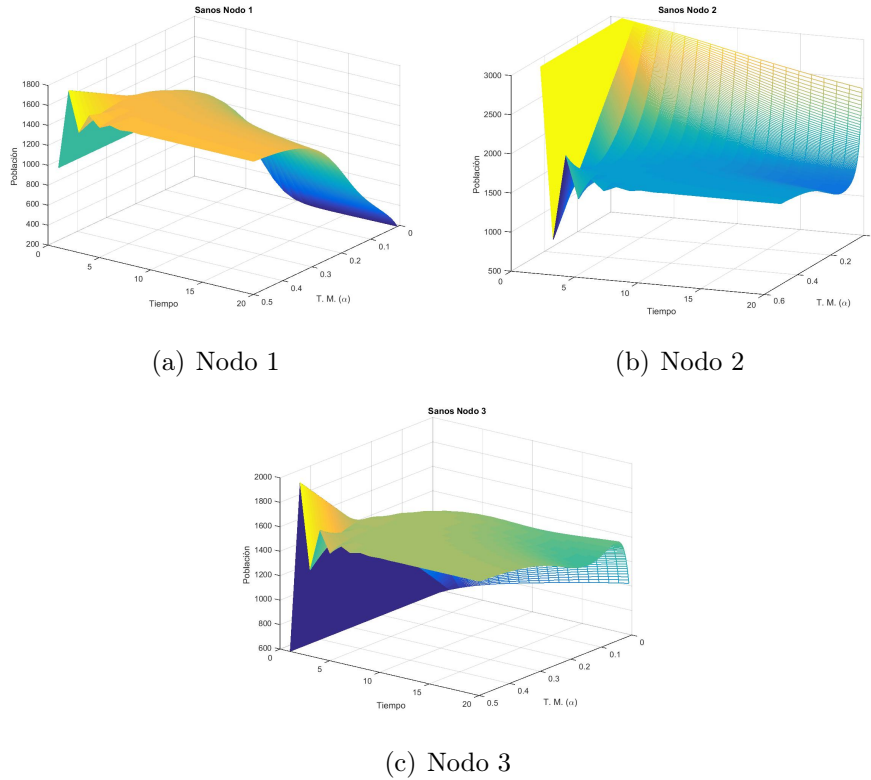


Figura 5.26: Gráficas para las poblaciones locales de sanos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000$, $I_0^1 = 50$, $S_0^2 = 3000$, $I_0^2 = 150$, $S_0^3 = 600$, $I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, .

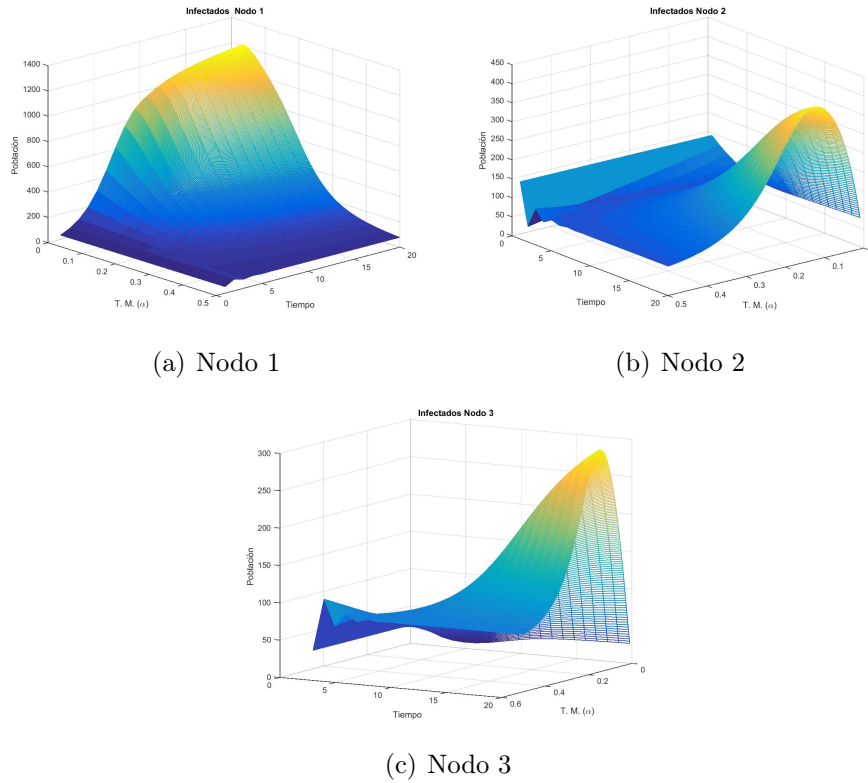


Figura 5.27: Gráficas para las poblaciones locales de infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000$, $I_0^1 = 50$, $S_0^2 = 3000$, $I_0^2 = 150$, $S_0^3 = 600$, $I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$.

En las figuras 5.26 y 5.27, mostramos las poblaciones de sanos e infecciosos respectivamente. En ella se puede observar que se hereda el carácter oscilatorio mostrado en las poblaciones locales. Dado que los sistemas locales están en función de las poblaciones en cada nodo es de esperar que el impacto de variar las poblaciones permee hasta las poblaciones de sanos e infecciosos en cada nodo.

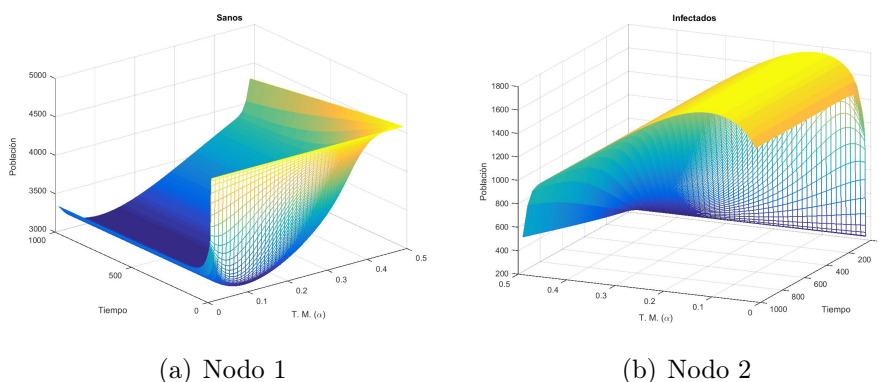


Figura 5.28: Gráficas para las poblaciones globales de sanos e infecciosos, al variar las tasas de transmisión $\alpha \in (0, \frac{1}{2})$, con condiciones iniciales $S_0^1 = 1000$, $I_0^1 = 50$, $S_0^2 = 3000$, $I_0^2 = 150$, $S_0^3 = 600$, $I_0^3 = 30$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, .

En la figura 5.28, se muestran las gráficas para las poblaciones de sanos e infecciosos respectivamente. En ellas podemos observar que no se ven afectadas por la variación de las poblaciones iniciales locales.

5.2. Tasas de transmisión estocásticas

En esta sección nos enfocaremos en la posibilidad de que las tasas de transmisión entre nodos sigan un comportamiento estocástico. Supondremos que éstas siguen una distribución de Poisson con parámetro λ , ($\alpha_{i,j} \sim P(\lambda)$). También abordaremos la situación cuando el grafo es no dirigido, con esto queremos ver como impacta la topología del grafo en el sistema global y en la poblaciones locales. A pesar de que estamos montando el modelo **SI** en una red relativamente pequeña, tenemos alrededor de 446 formas para considerar el grafo dirigido, por esta razón solo consideraremos 3 casos, los cuales

consideramos que valen la pena ser estudiarlos.

5.2.1. Hipótesis

1. Las tasas de transmisión siguen una distribución de Poisson con intensidad λ , $\alpha_{i,j} \sim P(\lambda) \forall i, j = 1, 2, 3$.
2. En todos ellos vamos a considerar que tenemos una infección en el nodo 1 y los otros dos están libres de enfermedad al inicio. Los parámetros internos con los que trabajaremos en esta sección son los siguientes:

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$\beta_1 = 0.7$	$\beta_2 = 0.4$	$\beta_3 = 0.2$
$\mu_1 = 0.1$	$\mu_2 = 0.5$	$\mu_3 = 0.7$

Cuadro 5.6: Parámetros para el sistema con un nodo infectado, con poblaciones iniciales iguales y tasas de transmisión estocásticas

3. Las poblaciones iniciales serán iguales al inicio de la infección. Con esto en mente las poblaciones iniciales son:

Nodo 1	Nodo 2	Nodo 3
$S_0^1 = 1000$	$S_0^1 = 1000$	$S_0^1 = 1000$
$I_0^2 = 200$	$I_0^2 = 200$	$I_0^2 = 200$

Cuadro 5.7: Poblaciones iniciales para el sistema con un nodo infectado y tasas de transmisión estocásticas.

5.2.2. Casos estudiados

5.2.2.1. Todos los nodos están conectados.

En este apartado, estudiaremos el caso cuando todos los nodos están conectados, esto se da en muchas situaciones de la vida real, por ejemplo las personas que se desplazan en la zona metropolitana del valle de México. Los municipios aledaños siguen su propia dinámica y una cierta zona de la ciudad de México tiene la suya pero hay personas que se desplazan hacia estos municipios con algún propósito, es decir la información fluye de ida y vuelta el todo el sistema.

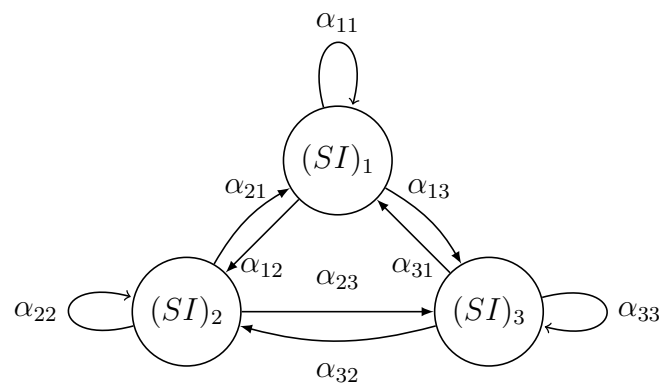


Figura 5.29: Representación del caso en el que todos los nodos están conectados en términos de un grafo.

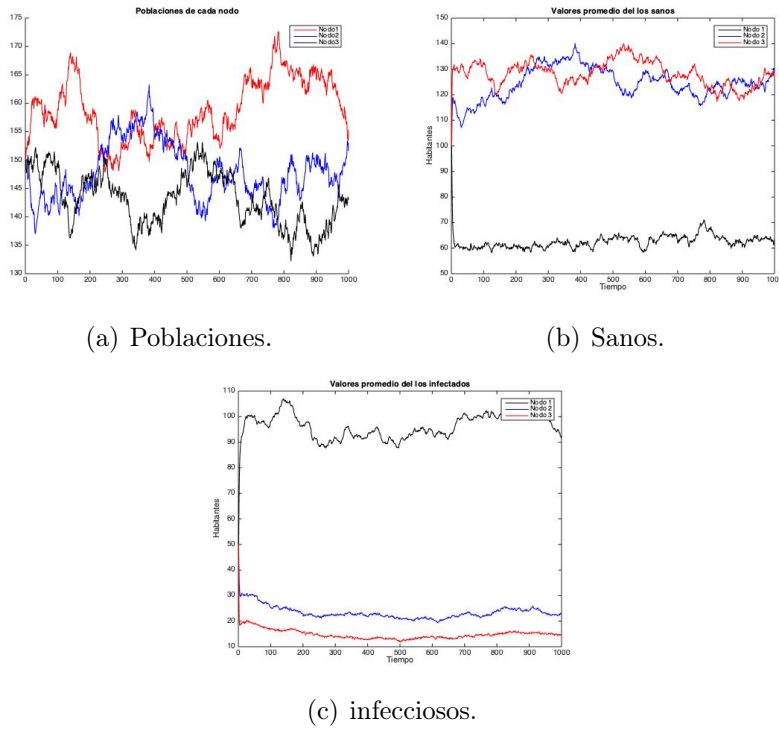


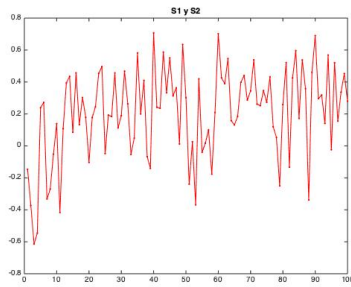
Figura 5.30: Promedio de sanos, infecciosos y poblaciones por nodos, de un total 100 realizaciones, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.

En la Figura 5.30 mostramos las trayectorias que representan los promedios para cien ensayos del evento. Al introducir el componente aleatorio en la simulación observamos que tan sensible es el sistema a pequeñas perturbaciones, dicha sensibilidad esta muy marcada en las poblaciones locales y con ellas la repercusión en la dinámica local. Al introducir una infección en el nodo 1 podemos observar que está presente en toda la simulación sin importar que dos nodos estén sin ella al principio.

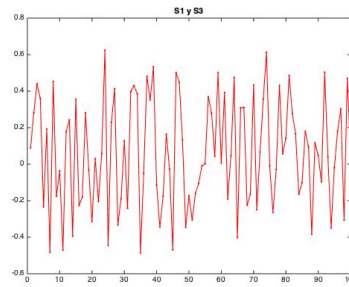
En la subfigura (a) están representados los promedios de las trayectorias que siguen las poblaciones locales. En ellas podemos ver que el comportamiento es completamente distinto al presentado en los casos cuando las tasas de transmisión eran deterministas, se rompe por completo el comportamiento que se tenía. Ahora las poblaciones iniciales no se mantienen constantes a través del tiempo, esto es por que dichas trayectorias son muy sensibles al impacto que tienen las tasas de transmisión. La población del nodo 1, que es donde está la infección se mantiene por encima siempre de la población del nodo 3 y las poblaciones del nodo 2 y tres al parecer exhiben un comportamiento tipo presa depredador entre ellas.

En la subfigura (b) se muestran los promedios de las trayectorias que siguen los sanos. Los nodos 2 y 3 al parecer oscilan entre ellos como un sistema presa-predador. Con una infección en el nodo 1, el promedio de la población de individuos sanos decae de manera muy significativa hasta llegar a estacionarse en un conjunto de individuos muy cercano a 60 individuos. Para el nodo 2 y 3 la historia es distinta, si bien hay una reducción de sanos, estos se ven muy poco mermados por la infección.

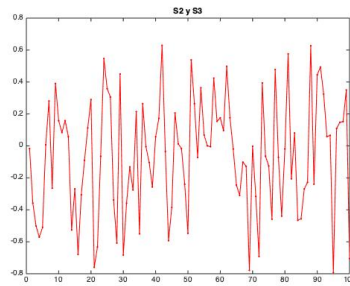
En la subfigura (c) se muestran los promedios de infecciosos, al contrario de las poblaciones de sanos, en éstos no hay oscilación para el nodo 2 y 3, pero se mantienen muy cerca uno del otro, si bien ambas poblaciones oscilan, no hay cruces entre ellas, la población del nodo 2 siempre se mantiene por encima de la del nodo 3, como hay una infección en el nodo 1 y todos los nodos están conectados, éste contagia de manera significativa a los nodos 2 y 3 manteniendo la infección en todo el sistema.



(a) Nodo 1



(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.31: Funciones de correlación entre los sanos con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.

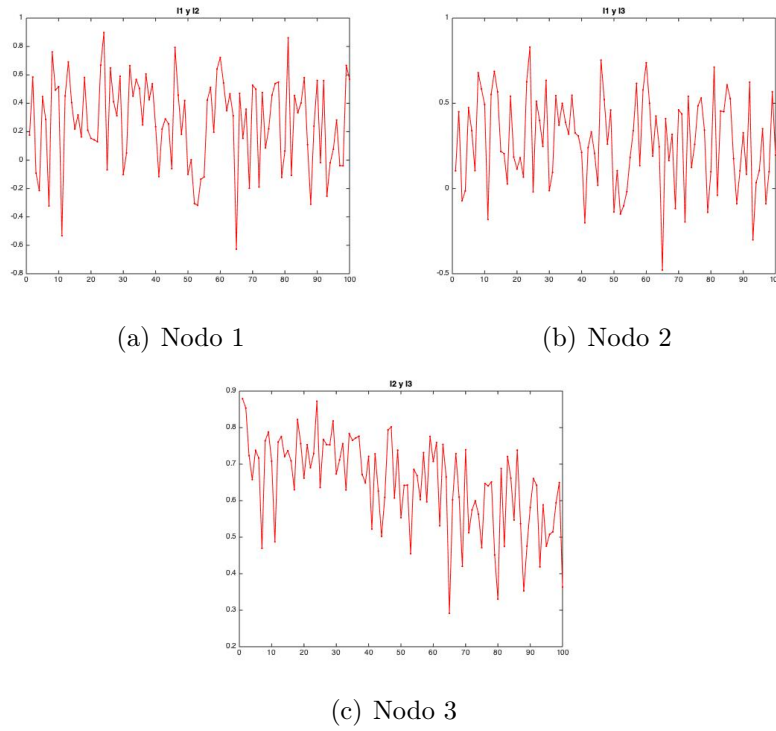


Figura 5.32: Funciones de correlación entre los infecciosos condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.

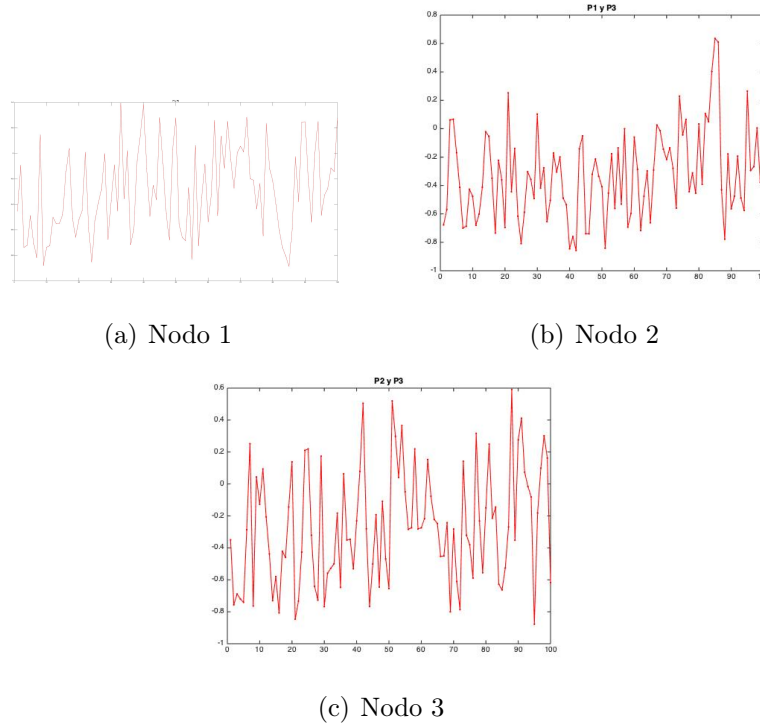


Figura 5.33: Funciones de correlación entre las poblaciones locales con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$.

5.2.2.2. La información fluye en un solo sentido.

Este caso, visto en el mismo contexto de epidemias, nos serviría para estudiar como es que una colonia de individuos es infectada. Un individuo en una colonia de animales puede salir a buscar una fuente de alimento, en este lugar habrá individuos de otras colonias, con los que establece una dinámica, (competencia por alimento, depreciación, etc.), posteriormente buscar otra fuente de alimento o una fuente de agua en la cual puede entablar otra dinámica y al final regresar a su colonia sin la necesidad regresar por el

mismo camino que tomó en un principio.

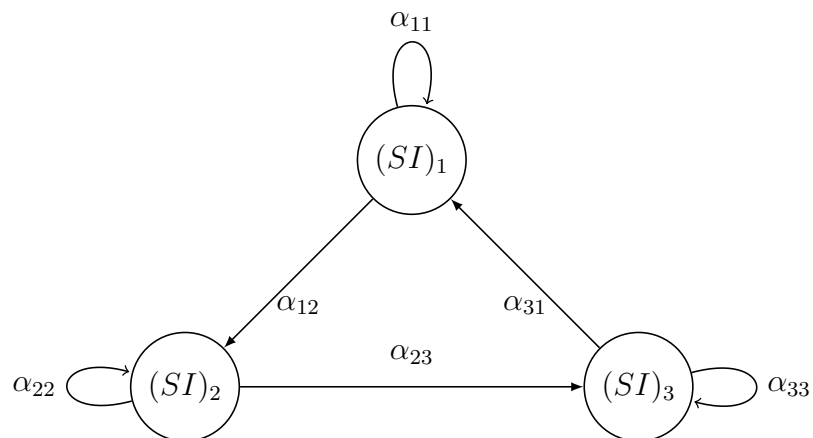


Figura 5.34: Representación en términos de un grafo cuando la información fluye en un solo sentido, considerando que las tasas de transmisión son las mismas.

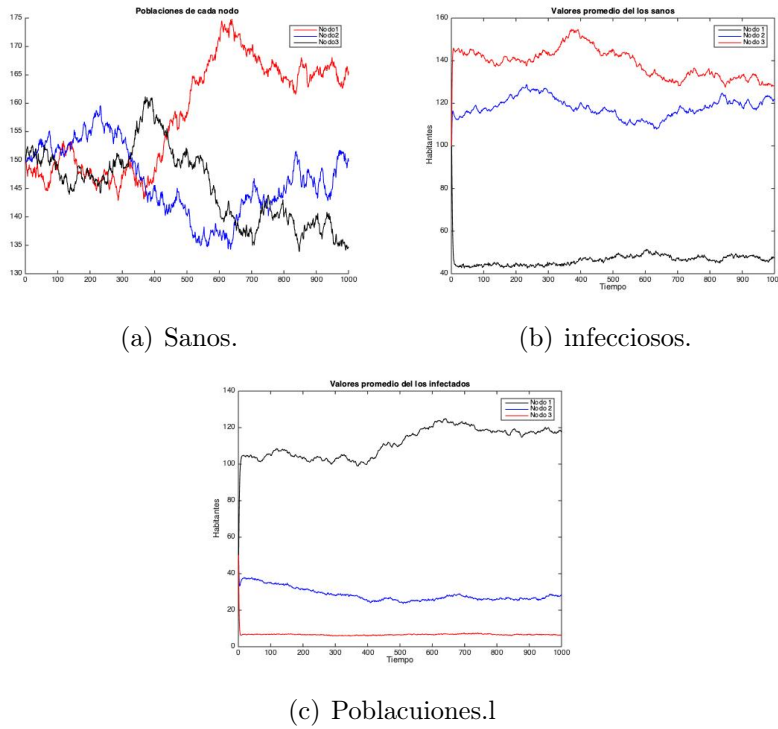


Figura 5.35: Promedio de las poblaciones locales cuando la información fluye en un solo sentido de un total 100 realizaciones, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.

En las figura 5.35 mostramos las trayectorias que representan los promedios para cien ensayos evento cuando la información fluye en un solo sentido. El componente aleatorio sigue exhibiendo la sensibilidad del sistema, la cual se observa mas en las poblaciones locales y con ello el impacto en la dinámica local.

En la subfigura (a) se observa los promedios de las trayectorias que siguen las poblaciones locales. En ella se observa como al principio de la simulación

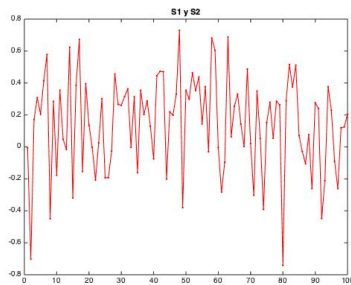
las tres poblaciones oscilan entre ellas pero en algún momento, estas comienzan a separarse quedando por encima de todas la del nodo 1, mientras las del nodo 2 y 3 tienden a decrecer pero siguiendo una dinámica muy parecida al un modelo tipo presa-predador entre ellas.

En la subfigura (b) mostramos como evolucionan los promedios de las poblaciones sanas por nodo. Podemos observar que los sanos del nodo dos y tres ya no oscilan entre ellos, al menos no antes de que el tiempo llegue a 1000 unidades, pero al parecer se acercan mucho entre ellas al final de la simulación que realizamos. Otro aspecto a rescatar de esta variante del modelo es que la población de individuos susceptibles del nodo 1 cae por debajo de la mostrada en la variante anterior.

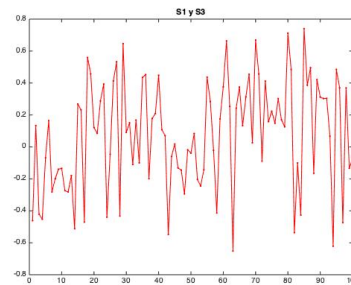
En la subfigura (c) esta representado el promedio de las poblaciones de individuos infecciosos. Para el nodo uno tenemos que los infecciosos tienden a crecer alejándose bastante de la condición inicial que se tenía al principio de la simulación, el nodo dos muestra un comportamiento, en el cual se observa un decaimiento de los infecciosos, pero este es muy tenue, ya que no baja mas allá de treinta individuos y comenzamos con 50 en cada nodo, el comportamiento que mas vale la pena observar es el mostrado por la población de infecciosos del nodo tres, esta al parecer es muy estable y tiende a estacionarse alrededor de diez individuos.

Con las descripciones anteriores podemos concluir la infección permanecerá en todo el sistema, también que las poblaciones del nodo dos y tres se ven afectadas de manera distinta en comparación con la variante anterior,

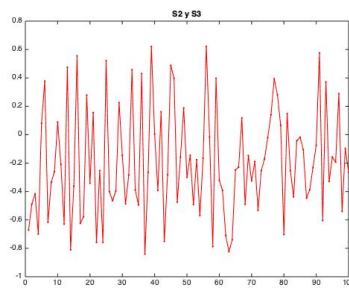
donde los nodos 2 y tres recibían un impacto muy parecido.



(a) Nodo 1 y Nodo 2.

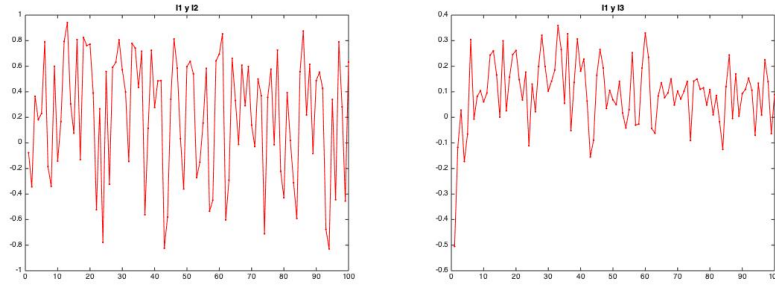


(b) Nodo 1 y Nodo 3.



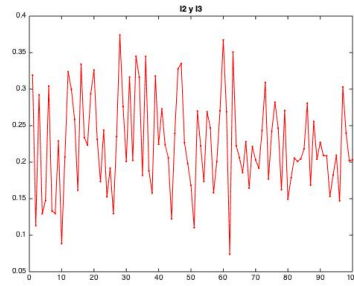
(c) Nodo 2 y Nodo 3.

Figura 5.36: Funciones de correlación entre los sanos con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.



(a) Nodo 1 y Nodo 2.

(b) Nodo 1 y Nodo 3.



(c) Nodo 2 y Nodo 3.

Figura 5.37: Funciones de correlación entre los infecciosos, cuando la información fluye en un solo sentido, condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.

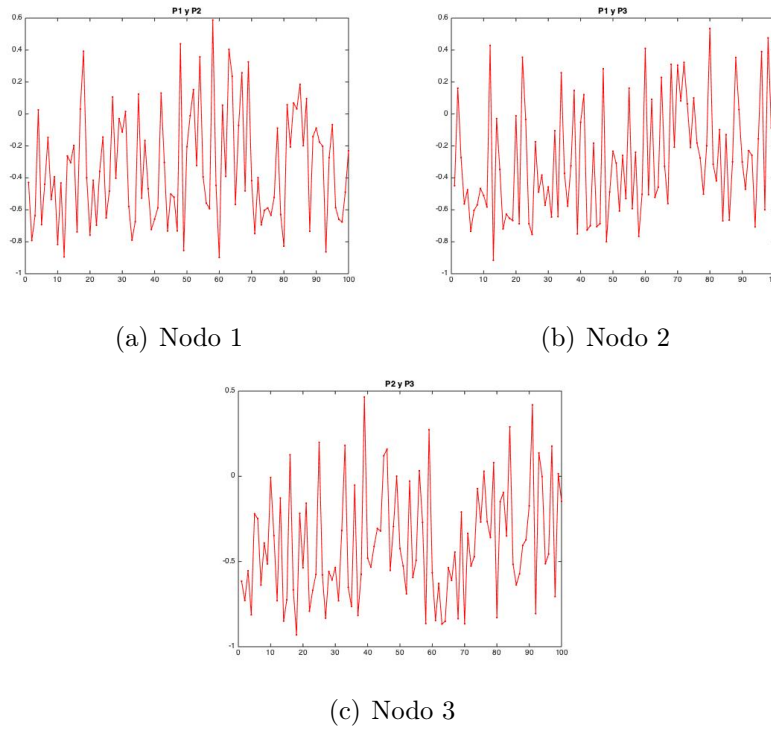


Figura 5.38: Funciones de correlación entre las poblaciones locales, cuando la información fluye en un sólo sentido, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$

5.2.2.3. El nodo uno y el nodo tres están desconectados.

Para cerrar esta sección consideraremos el caso cuando la información fluye de ida y vuelta entre nodos pero en los cuales dos están completamente desconectados. Este caso nos podría ayudar a estudiar poblaciones de individuos, tienen en común una necesidad que satisfacer, en una cierta región geográfica y luego regresan a sus respectivos lugares de origen. En nuestro caso seguiremos suponiendo el nodo 1 tiene una infección, entre el nodo uno

y dos, al igual que entre el nodo dos y tres la información fluye de ida y vuelta, pero entre el ndo uno y el nodo tres el flujo de la información es nulo.

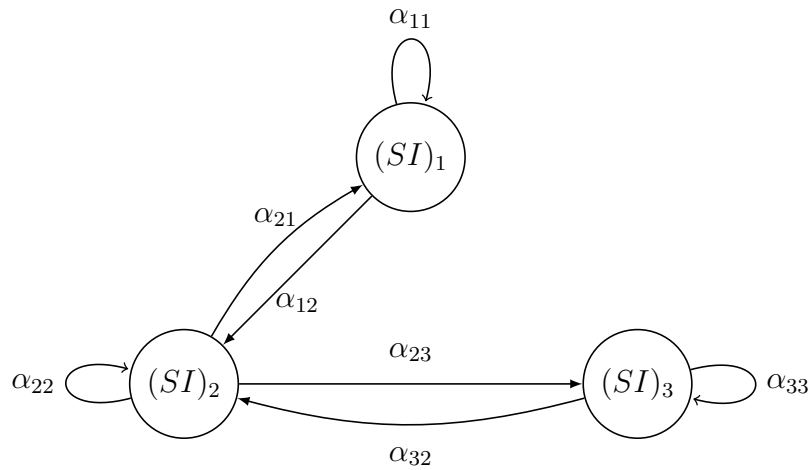
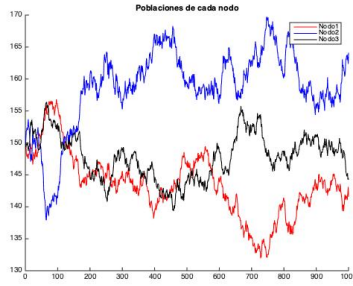
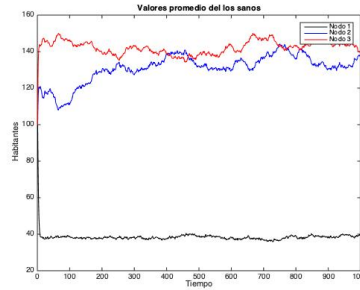


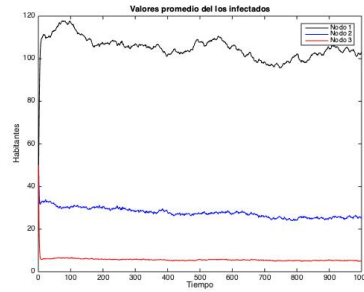
Figura 5.39: Representación del caso cuando tenemos flujo de información de ida y vuelta entre los nodos pero dos de ellos están completamente desconectados.



(a) Poblaciones locales.



(b) Sanos.



(c) infecciosos.

Figura 5.40: Promedio de las poblaciones locales, sanos e infecciosos para el sistema con un nodo desconectado, de un total 100 realizaciones, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$ con $i, j = 1, 2, 3$.

En las Figuras 5.40 mostramos las trayectorias que representan los promedios para cien ensayos evento cuando la información fluye de ida y vuelta entre los nodos: uno y dos, dos y tres. Desconectados los nodos uno y tres. El componente aleatorio sigue exhibiendo la sensibilidad del sistema como en los casos anteriores evidenciando dicha condición con las poblaciones locales.

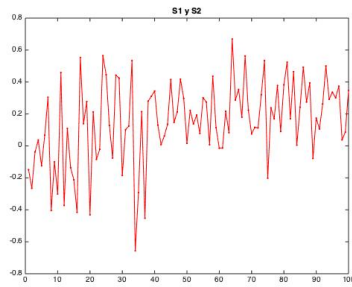
En la subfigura (a) mostramos resultados obtenidos para las poblaciones locales cuando desconectamos el nodo uno y el nodo tres, estas se ven impac-

tadas fuertemente al considerar que las tasas de transmisión son estocástica, a diferencia de las gráficas mostradas anteriormente la población del nodo dos es la que mas se beneficia, mientras que las poblaciones del nodo dos y tres decrecen.

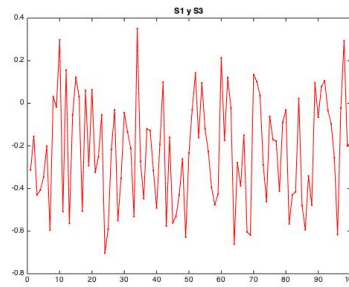
En la subfigura (b) mostramos los resultados para los sanos, en ellas podemos ver que las poblaciones del nodo dos y tres están muy cercanas entre si en toda la simulación, mientras que la del nodo uno disminuye significativamente estacionándose alrededor de cuarenta individuos, manteniéndose bastante estable en comparación con la de los otros nodos si tomamos en cuenta el factor aleatorio con el que estamos trabajando.

Por ultimo, en la subfigura (c) están los resultados para los infecciosos, podemos ver que la estabilidad se invierte para los infecciosos, al aparecer ahora las poblaciones que son mas estables o que no muestran tanta variación a lo largo del tiempo corresponden a los nodos dos y tres.

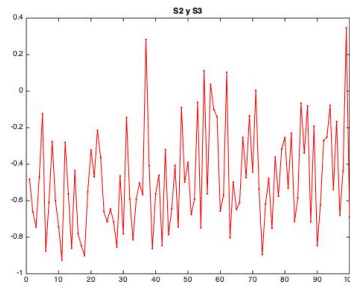
En general podemos ver que aunque aparentemente a lo largo de la simulación los nodos uno y tres están desconectados, esto no es cierto del todo, el impacto que tienen la infección del nodo uno en el nodo tres es muy marcada ya que este se contamina y permanece así en toda la simulación.



(a) Nodo 1

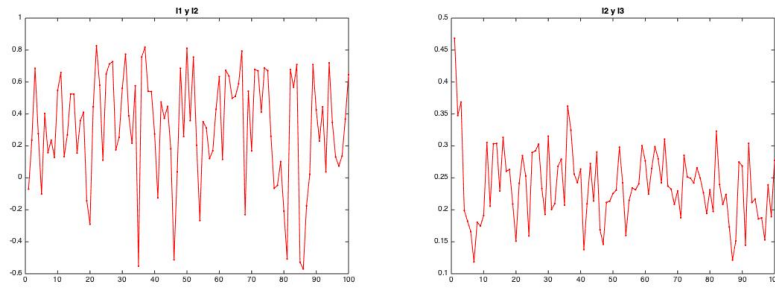


(b) Nodo 2



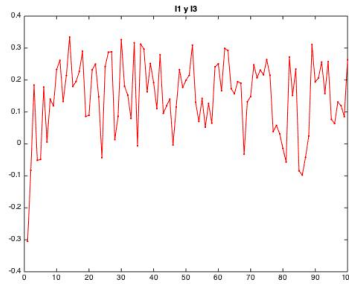
(c) Nodo 3

Figura 5.41: Funciones de correlación entre los sanos para un sistema con un nodo desconectado, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$, y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.



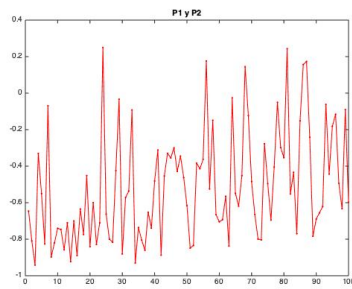
(a) Nodo 1

(b) Nodo 2

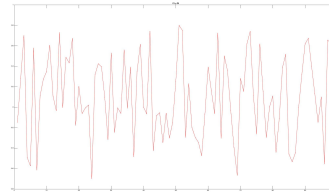


(c) Nodo 3

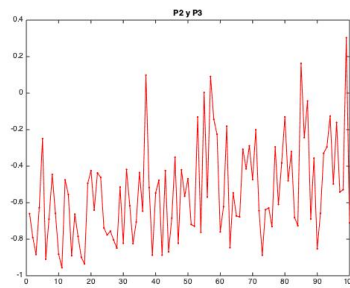
Figura 5.42: Funciones de correlación entre los infecciosos para el sistema con un nodo desconectado, condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$, $i, j = 1, 2, 3$.



(a) Nodo 1



(b) Nodo 2



(c) Nodo 3

Figura 5.43: Funciones de correlación entre las poblaciones locales para un sistema con un nodo desconectado, con condiciones iniciales $S_0^i = 100$, $I_0^i = 50$, $i = 1, 2, 3$ y parámetros $\beta_1 = 0.7$, $\mu_1 = 0.1$, $\beta_2 = 0.4$, $\mu_2 = 0.5$, $\beta_3 = 0.2$, $\mu_3 = 0.7$. y $\alpha_{ij} \sim P(15)$

6

Conclusiones

El objetivo principal de nuestra tesis fue estudiar tanto la dinámica global como la local en un sistema, el cual se encuentra dividido en tres subregiones, donde ellas están conectadas y cada una sigue su propia dinámica. Las conclusiones que mostramos están organizadas de acuerdo al capítulo que se obtuvieron.

En el capítulo dos estudiamos los modelos matemáticos discretos con la finalidad de tener una colección que nos permitiera elegir el más adecuado a nuestras inquietudes. Los modelos que estudiamos son los siguientes:

- *Presa-Depredador*. Como el nombre lo indica, este modelo nos permite entender como es la interacción entre dos especies, donde una devora a la otra en un ambiente cerrado. Damos las hipótesis que se requiere para plantearlo y mostramos un ejemplo hipotético para un par de

especies, mostrando como evolucionan sus poblaciones en el tiempo y retrato fase del sistema.

- *Parásito-Hospedero*. Éste se refiere a la interacción entre un insecto parasitoide y un hospedero, donde el parásito ocupa los huevos de otro insecto para desarrollar su progenie. Damos la forma general del modelo y planteamos el sistema de ecuaciones en diferencias que representa dicha interacción, mostrando las gráficas para un caso particular así como el retrato fase. A pesar que éste par de modelos son muy estudiados y pueden ocuparse para describir muchos fenómenos de interacción entre especies, nuestro objetivo fue solo presentarlos ya que nuestra atención se centro en los modelos epidemiológicos discretos.
- *Modelos epidemiológicos discretos*. De ellos damos la descripción de todos los parámetros que se requieren para ser planteados, los conocimientos biológicos involucrados y los diagramas en términos de compartimentos para su mayor entendimiento. De la amplia gama que tenemos en la actualidad solo describimos un par de ellos:
 - *Susceptibles-infecciosos-Susceptibles*. Es un modelo muy utilizado cuando se estudia la dispersión de una enfermedad donde los individuos no se les confiere inmunidad al recuperarse, como es el caso de la gripe. Para este sistema damos las hipótesis que se necesitan, un esquema de compartimentos y el sistema de ecuaciones en diferencias que describe la interacción de individuos involucrados, así como las gráficas de las poblaciones y un retrato fase como

ilustración del modelo.

- *Susceptibles-infecciosos*. Es un caso particular de los modelos epidemiológicos en el cual los individuos infecciosos nunca se recuperan de la infección, como el caso del SIDA. Decidimos montar el modelo SI en la red ya que se adapta a muchas situaciones biológicas que eran de nuestro interés, por lo cual se hizo un análisis más profundo: demostramos que la población total se mantiene constante, mostramos el número reproductor básico de la infección, exhibimos los puntos fijos del sistema y describimos la estabilidad de estos.

En el capítulo tres comenzamos introduciendo los modelos en redes resaltando el vínculo que existe entre el concepto de red y grafo. Una vez dejando claro dicha relación, estudiamos los conceptos básicos de la teoría de grafos como los son: grado, grado promedio, distribución del grado, matriz de adyacencia, geometría y topología del grafo, caminos y distancias. En cuanto a las redes se estudiaron: diámetro de una red, conexiones, longitud de trayectoria media y tipos de redes. Para cerrar la primera sección hicimos una clasificación en términos de la matriz de adyacencia para los posibles casos que podíamos considerar en una red dirigida de tres nodos contabilizando todos los casos posibles.

En la segunda sección introducimos el concepto de series de tiempo, las medidas de autocorrelación y correlación cruzada, estacionalidad y la estimación de la correlación, esto con la finalidad de tener las herramientas

necesarias para el análisis de los modelos cuando las tasas de transmisión son estocásticas.

En el capítulo cuatro planteamos en modelo en forma general describiendo claramente cuales son las hipótesis consideradas, los parámetros involucrados, el sistema de ecuaciones discretas montado en cada nodo y el tipo de red utilizada. Para un mejor entendimiento del modelo mostramos una representación gráfica y concluimos con un sistema de seis ecuaciones en diferencias. Dicho modelo se puede generalizar a un número N de nodos como se exhibe.

Demostramos analíticamente que la población global del sistema se mantiene constante a través del tiempo siempre y cuando se cumpla con las condiciones establecidas. Otro aspecto importante que demostramos es que las poblaciones locales dependen sólo de las tasas de transmisión y las poblaciones iniciales dejando afuera los aspectos internos del modelo SI.

Bajo la hipótesis donde las tasas de transmisión entre los nodos son iguales mostramos el valor de las poblaciones locales a cualquier tiempo n en términos de las poblaciones iniciales y dichas tasas, mas aun demostramos que estas convergerán al promedio de las poblaciones iniciales.

En el capítulo cinco montamos el sistema SI en un grafo de tres nodos considerando dos casos: las tasas de transmisión están fijas, es decir son determinísticas. Las tasas de transmisión son variables y siguen una cierta distribución de probabilidad, es decir son estocásticas.

1. *Tasas de transmisión deterministas.* En ésta sección estudiamos el sistema completo considerando un grafo no dirigido completamente conectado. Dado que las poblaciones locales son cruciales para entender la dinámica local como la global, consideramos los casos:

- Cada nodo comenzara con la misma cantidad de individuos en la simulación.
- Las poblaciones al inicio de la simulación son distintas en cada nodo.

En ambos casos consideraremos las siguientes hipótesis:

- El sistema está libre de enfermedad,
- El sistema está completamente infectado,

este par de casos los estudiamos cuando tenemos parámetros internos iguales. Es decir las tasas de nacimiento y muerte al igual que las tasas de transmisión de la enfermedad son iguales para cada nodo. El otro caso que consideramos es cuando los parámetros internos son distintos, supusimos que las tasas de nacimiento y muerte al igual que las de transmisión de la enfermedad son distintas para cada nodo donde el sistema podría tomar los siguientes estados.

- El sistema esta libre de enfermedad.
- Algún nodo esta infectado.

- El sistema esta completamente infectado.

Sólo cuando los parámetros internos son iguales nos fue posible hacer un análisis más profundo. Con las herramientas que la teoría de sistemas dinámicos discretos nos ofrece, encontramos el número de reproducción básico global en términos de los parámetros internos, logramos calcular los puntos fijos de forma analítica y su estabilidad fue descrita. Un factor muy importante en la dinámica global, son las tasas de transmisión entre nodos por tal motivo presentamos los resultados de la simulación representados en gráficas tridimensionales las cuales tienen por ejes que representan al plano, las tasas de transmisión entre nodos y el tiempo y por el eje z , las poblaciones de individuos. En este caso hipotético observamos que, tanto el sistema global como local se comportan como un sistema SI.

Cuando consideramos que los parámetros internos son distintos, ya no fue posible encontrar los puntos de equilibrio, pero si hacer un análisis numérico de posibles situaciones. Obtuvimos las gráficas tridimensionales, donde variamos las tasas de transmisión y el tiempo obteniendo la evolución de las poblaciones estudiadas (sanos e infecciosos) de manera global y local. Un parámetro que resulto sumamente importante fue la intensidad de la enfermedad, ya que éste repercute en la forma y el numero de puntos fijos del sistema.

Sistema libre de enfermedad. Con la ayuda de las gráficas descritas anteriormente, podemos concluir que se tiene un solo punto fijo y que

estos no dependerán de los parámetros internos, siempre y cuando el sistema permanezca libre de enfermedad.

Sistema con un nodo infectado. Apoyándonos en las gráficas, éste sistema no converge a un punto fijo único, es más estos dependerán de la intensidad de la enfermedad en el nodo infectado, así como de las tasas de transmisión. Otro aspecto que es importante rescatar, es que la enfermedad prevalecerá en el sistema con solo un nodo infectado, por ultimo la dinámica del sistema SI desaparece del comportamiento local y global.

Sistema completamente infectado. El ultimo caso que consideramos es cuando tenemos una infección en cada nodo, en éste ejemplo tampoco se llega a un estado de equilibrio único, dependerá de las tasas de transmisión entre nodos y la intensidad de enfermedad. La dinámica del sistema SI se ve muy mermada tanto en lo local como en lo global.

Para cerrar esta sección consideramos el caso cuando las poblaciones iniciales no son iguales para todos los nodos, dado que se demostró que cuando las tasas de transmisión son iguales las poblaciones tenderán al promedio de las iniciales. El aspecto mas rescatable es como convergen a dicho promedio. Dependerá de las tasas de transmisión, éstas decidirán si se llega de manera suave o de manera oscilatoria.

2. *Tasas de transmisión estocásticas.* La ultima variante que consideramos es cuando las tasas de transmisión son estocásticas, pero todas tienen la misma intensidad.

La topología del grafo juega un papel fundamental para la comprensión del fenómeno, por ello nos dimos a la tarea de considerar tres grafos distintos.

- *Todos los nodos están conectados y la información fluye de ida y vuelta.*
- *La información fluye en un solo sentido y todos los nodos están conectados.*
- *El nodo uno y el nodo tres están completamente desconectados, mientras la información fluye de ida y vuelta entre el nodo 1 y 2 así como entre el 2 y 3.*

Para las tres variantes obtuvimos los promedios de las trayectorias para: *sanos, infecciosos y poblaciones locales*, para un experimento de 100 realizaciones y 1,000 unidades de tiempo. Una medida para cuantificar si están relacionados los sanos, infecciosos y poblaciones locales son los diagramas de correlación cruzada. Mostramos los diagramas de correlación cruzada, para las combinaciones de los nodos: *uno y dos*, *uno y tres*, *dos y tres* sólo para: sanos, infectados y poblaciones locales para cada combinación. Con la ayuda de estas herramientas exhibimos la sensibilidad de las poblaciones locales al considerar el caso estocástico, ya que aunque comenzábamos con la misma cantidad de individuos en cada nodo, estas se comportaban de una manera muy distinta a la exhibida anteriormente.

Bibliografía

- [1] ABARBANEL, H. *Analysis of observed chaotic data*. Springer Science & Business Media, 2012.
- [2] ALLMAN, E. S., AND RHODES, J. A. *Mathematical models in biology: an introduction*. Cambridge University Press, 2004.
- [3] BARABÁSI, A.-L. *Linked: The new science of networks*, 2003.
- [4] BARABÁSI, A.-L., AND PÓSFAL, M. *Network science*. Cambridge University Press, Cambridge, 2016.
- [5] BIANCONI, G. Interdisciplinary and physics challenges of network theory. *EPL (Europhysics Letters)* 111, 5 (2015), 56001.
- [6] BRAUER, F., CASTILLO-CHAVEZ, C., AND CASTILLO-CHAVEZ, C. *Mathematical models in population biology and epidemiology*, vol. 1. Springer, 2012.
- [7] BRITTON, N. F. *Essential mathematical biology*. Springer Science &

- Business Media, 2012.
- [8] CAPASSO, V., AND CAPASSO, V. *Mathematical structures of epidemic systems*, vol. 88. Springer, 1993.
- [9] CASTILLO-CHAVEZ, C., AND YAKUBU, A.-A. Discrete-time sis models with complex dynamics. *Nonlinear Analysis, Theory, Methods and Applications* 47, 7 (2001), 4753–4762.
- [10] CHATFIELD, C. *The analysis of time series: an introduction*. CRC press, 2016.
- [11] DE BARROS, A. M. R. Modelos matemáticos de equações diferenciais ordinárias aplicados à epidemiologia. *Revista de Ciências Exatas e Tecnologia* 2, 2 (2015), 62–67.
- [12] DE VRIES, G., HILLEN, T., LEWIS, M., SCHÖNFISCH, B., ET AL. *A Course in Mathematical Biology: Quantitative Modeling with Mathematical and Computational Methods*, vol. 12. SIAM, 2006.
- [13] DIEKMANN, O., AND HEESTERBEEK, J. A. P. *Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases*. Wiley, 2000.
- [14] ELAYDI, S. N. *Discrete chaos: with applications in science and engineering*. CRC Press, 2007.
- [15] FARKAS, M. *Dynamical models in biology*. Academic press, 2001.

- [16] FRIEDMAN, A., AND KAO, C.-Y. *Mathematical modeling of biological processes*. Springer, 2014.
- [17] GALOR, O. *Discrete dynamical systems*. Springer Science & Business Media, 2007.
- [18] GILAT, A. *Matlab: Una introducción con ejemplos prácticos*. Reverté, 2006.
- [19] GROMOV, M. Hyperbolic groups. In *Essays in group theory*. Springer, 1987, pp. 75–263.
- [20] JURY, E. A simplified stability criterion for linear discrete systems. *Proceedings of the IRE* 50, 6 (1962), 1493–1500.
- [21] KEELING, M. J., AND ROHANI, P. *Modeling infectious diseases in humans and animals*. Princeton University Press, 2011.
- [22] MURRAY, J. D. *Mathematical biology. II spatial models and biomedical applications {Interdisciplinary Applied Mathematics V. 18}*. Springer-Verlag New York Incorporated, 2001.
- [23] PRADO, R., AND WEST, M. *Time series: modeling, computation, and inference*. CRC Press, 2010.
- [24] PRIESTLEY, M. B. *Spectral analysis and time series*, vol. 1. Academic press London, 1981.

- [25] RINCÓN, L. *Curso intermedio de probabilidad*. UNAM, Facultad de Ciencias, 2007.
- [26] SABETI, M. Modelo epidêmico discreto sir com estrutura etária e aplicação de vacinação em pulsos e constante.
- [27] SHUMWAY, R. H., AND STOFFER, D. S. Time series analysis and its applications. *Studies In Informatics And Control* 9, 4 (2000), 375–376.



Casa abierta al tiempo

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA METROPOLITANA

ACTA DE EXAMEN DE GRADO

No. 00191

Matrícula: 2153806030

UN ANÁLISIS DE CORRELACIONES
ESPACIALES ENTRE NODOS EN
UNA RED CON DINÁMICA LOCAL.

En la Ciudad de México, se presentaron a las 11:00 horas del día 15 del mes de noviembre del año 2019 en la Unidad Iztapalapa de la Universidad Autónoma Metropolitana, los suscritos miembros del jurado:

DR. PABLO PADILLA LONGORIA
DR. JOSE HECTOR MORALES BARCENAS
DR. JOSE GUADALUPE REYES VICTORIA



ISRAEL BADILLO MARTINEZ
ALUMNO

Bajo la Presidencia del primero y con carácter de Secretario el último, se reunieron para proceder al Examen de Grado cuya denominación aparece al margen, para la obtención del grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS (MATEMÁTICAS APLICADAS E INDUSTRIALES)

DE: ISRAEL BADILLO MARTINEZ

y de acuerdo con el artículo 78 fracción III del Reglamento de Estudios Superiores de la Universidad Autónoma Metropolitana, los miembros del jurado resolvieron:

Aprobar

Acto continuo, el presidente del jurado comunicó al interesado el resultado de la evaluación y, en caso aprobatorio, le fue tomada la protesta.

REVISÓ

MTRA. ROSALIA SERRANO DE LA PAZ
DIRECTORA DE SISTEMAS ESCOLARES

DIRECTOR DE LA DIVISIÓN DE CBI

DR. JESUS ALBERTO OCHOA TAPIA

PRESIDENTE

DR. PABLO PADILLA LONGORIA

VOCAL

DR. JOSE HECTOR MORALES BARCENAS

SECRETARIO

DR. JOSE GUADALUPE REYES VICTORIA