

Sistemas de Información Geográfica (SIG) y Teoría de Percolación Aplicados al Estudio de Fenómenos de Propagación en Epidemiología.

Geographical Information Systems (GIS) and Percolation Theory applied to the study of phenomena of propagation in epidemiologic.

Libardo A. Londoño C., Esp., Daniel Horfan A., MSc., Juan E. Arroyave Z. Ing. y Dayro G. Longas A. Ing.
Universidad de San Buenaventura Medellín

libarano@une.net.co, daniel.horfan@usbmed.edu.co, juanes22@une.net.co, dayro_longas@yahoo.es

Recibido para revisión 26 de Marzo de 2007, aceptado 15 de Junio de 2007, versión final 20 de junio de 2007

Resumen— En este artículo se presenta un modelo computacional para el estudio de fenómenos de propagación epidemiológicos mediante la implementación de la Teoría de Percolación y Sistemas de Información Geográfica (SIG). Se calculan factores críticos de la propagación de una epidemia tales como la tasa de contagio y de recuperación por medio de percolación para simular la fluctuación poblacional en un modelo matemático epidemiológico SIR (susceptible – infectado – recuperado) por medio de funciones de análisis espacial y visualización de los patrones de propagación mediante Sistemas de Información Geográfica. Como caso aplicado se toman los datos de una epidemia de asma, en Manhattan New York, del tutorial de ARCGIS® 8.3.

Palabras Clave— Teoría de Percolación, Sistemas de Información Geográfica, Epidemiología.

Abstract— In this article we present the design of a software for modelling the dynamics of propagation phenomenon through percolation. Using GIS you can visualize the dynamics of this phenomenon. As an application of this we used some samples from an asthma case in Manhattan New York, from the ARCGIS(r) 8.3 tutorial; contagious and recovering rates are

calculated and then they are used on the implementation of a SIR (susceptible-infected-recovered) model.

Key words— Percolation Theory, Geographic Information Systems, Epidemiology.

I. INTRODUCCIÓN

EL uso de los Sistemas de Información Geográfica (SIG) en el campo de la salud pública y específicamente en epidemiología es reciente y se encuentran agrupados en la categoría SIG-EPI. Se han implementado para el estudio de la situación de salud en un área geográfica en particular, para generar y analizar hipótesis de investigación, identificar grupos de alto riesgo, planear y programar actividades de monitoreo, evaluación de intervenciones y estudios epidemiológicos ambientales [1].

Según la Organización Panamericana de la Salud (OPS), dentro de los primeros programas computacionales usados para tal fin se encuentran el EpiMap y el SiMap usados básicamente en el almacenamiento de datos y su visualización a través de mapas para el apoyo de vigilancia y monitoreo en salud pública [2], [3], [4], [5].

El uso de los SIG en epidemiología incluye técnicas de análisis espacial (análisis de superficies, análisis de distancias y de proximidad, reclasificación de mapas, álgebra de mapas, geoestadística) por medio de las cuales es posible estudiar patrones de propagación de epidemias para condiciones determinísticas en algunos de los factores críticos de propagación, combinando las geociencias, las ciencias ambientales y la epidemiología. En el estudio de Beyea se aplican técnicas de los SIG a epidemiología ambiental mediante el modelo de exposición geográfica que usa técnicas de modelamiento de polución en el aire para delimitar regiones altamente expuestas a la polución en el tiempo y el

espacio [6]. En el 2001, un estudio de fiebre de dengue en la Guayana francesa de Iracuobo uso los SIG para integrar la información del caso de estudio y visualizar los patrones exhibidos por la relación espacio - tiempo (riesgo relativo) de un foco de transmisión de dengue para datos obtenidos mediante la técnica de análisis del test de Knox que permite detectar agregados espacio temporales [7]. En el 2004, mediante el uso de SIG se determinaron métricas para cuantificar los efectos de un contaminante sobre los individuos expuestos a él usando mapas en los cuales se tenía la información de la ubicación espacial de la población bajo estudio y haciendo un análisis de proximidad a las fuentes de contaminación e implementando técnicas de monitoreo por medio de Sistemas de Posicionamiento Global (GPS); se modeló el nivel de exposición al contaminante para obtener resultados de la incidencia del contaminante sobre la población [8]. En el 2004, se realizó un estudio sobre la propagación espacial de un brote del síndrome respiratorio agudo severo (SARS) en Hong Kong analizando los patrones de propagación de la enfermedad mediante técnicas geoestadísticas implementadas en los SIG. Las superficies de estimación estadísticas obtenidas permitieron a los investigadores determinar los patrones de propagación de la enfermedad y visualizar las regiones críticas de incidencia de la misma [9]. En el 2005, se publicó en la revista de la facultad de Ingeniería de la Universidad de Antioquia un artículo sobre el modelamiento y simulación computacional usando técnicas geoestadísticas, sistemas de información geográfica (SIG) y dinámica de sistemas aplicadas a fenómenos epidemiológicos en el que se estudiaron los principales modelos matemáticos usados en epidemiología (susceptible- infectado-recuperado: SIR, susceptible-infectado-recuperado-susceptible: SIRS, susceptible-infectado-susceptible: SIS) para su integración, espacialización y simulación; con el fin de modelar factores críticos en la propagación de epidemias. Para la simulación se tomaron los datos de una epidemia de asma en el distrito de Manhattan de Nueva York y mediante un análisis geoestadístico se pudieron determinar mapas de los patrones de propagación de la enfermedad y las zonas críticas de incidencia con el fin de aportar información para la toma de decisiones en el control geográfico de la epidemia [10]. En el 2006 la Agencia de Protección Ambiental de los Estados Unidos, hizo un estudio para modelar el nivel de concentración residencial de material particulado (PM) mediante SIG y técnicas geoestadísticas que permitió estimar a partir de algunas estaciones de muestreo la concentración del PM en aquellas zonas en las cuales no se tenía información, con los resultados fue posible modelar la variación de la concentración del PM en el ambiente y establecer controles para minimizar los riesgos sobre la salud poblacional en alguna región de estudio [11].

Actualmente se ha incorporado a la biología y al estudio de las dinámicas sociales, conocimientos teóricos provenientes

de las matemáticas y la física tales como: caos dinámico, fractales, sistemas disipativos y autoorganización; para el análisis de las dinámicas asociadas con fenómenos complejos [12]. En el 2004 se publicó un artículo sobre el modelamiento de la transmisión de enfermedades en el cual se agrupan diferentes técnicas matemáticas y computacionales usadas para la determinación de los patrones de propagación de enfermedades en poblaciones para el control de su transmisión mediante la dinámica de redes en las cuales existen contactos entre sus individuos. Estos modelos van de estructuras determinísticas a estructuras estocásticas en las cuales se estudia el comportamiento de la red mediante la variación de algunos parámetros. Los modelos estudiados incluyen tasas estratificadas de comparación de riesgos, regresiones logísticas y modelos de proporcionalidad aleatoria; para explorar modelos mas robustos usados en análisis epidemiológico [13].

Gastner asocio al estudio de la dinámica de redes el componente espacial asignando a cada nodo de la red una ubicación en el espacio geográfico con lo cual estableció una relación beneficio costo en la comunicación de los diferentes nodos mediante modelos de optimización de Monte Carlo. La implementación de diferentes técnicas computacionales permitió la simulación de dichos modelos a partir de algoritmos que permiten el estudio de la estructura espacial de las redes [14]. Simoes determinó que la propagación de una enfermedad infecciosa está altamente influenciada por la estructura y la dinámica de la red social subyacente (movimiento diario de las personas entre locaciones). Para ello uso un modelo basado en micromundos con agentes (ABM) con dos componentes: un modelo de movimiento y un modelo de infección. En el modelo de movimiento se supone una estructura diaria de movimiento de cuatro tipos: de vecindad, intra región, inter región y aleatorio; cuya geometría se simula mediante la implementación de SIG para estudiar el comportamiento espacial y temporal del fenómeno epidemiológico en diferentes escenarios alternativos y comparar la estructura espacial de la dinámica de la red con la distribución espacial de sus individuos [15].

Como aporte a la discusión planteada, en este artículo se establece una relación entre los SIG y la Teoría de Percolación. Se modelan algunos factores críticos asociados con la dinámica de fenómenos de propagación de epidemias como son la tasa de contagio (TC) y la tasa de recuperación (TR) por medio de un aplicativo computacional que simula un proceso de percolación, los resultados obtenidos ingresan como datos para la simulación de un modelo SIR mediante funciones de análisis espacial y así obtener la visualización de los patrones de propagación de un fenómeno epidemiológico usando SIG. Para la región de estudio se genera una malla en donde cada retícula representa una ubicación espacial y tiene asociada probabilidades p que modelan los valores de TC y TR que favorecen o no la propagación del fenómeno. Para obtener los valores de las probabilidades p se utilizó la

función de generación de números pseudoaleatorios del Visual Basic y para cada conjunto de datos generados se garantizó uniformidad mediante una prueba de forma y la independencia mediante una prueba de corridas [16]. Se decidió explorar la generación de p mediante generadores de variables aleatorias exponenciales, uniformes y gaussianos con el fin de obtener valores de p tales que se ajusten a los patrones de dichos generadores con el fin de poderlos usar en fenómenos en los que se tenga preestablado que siguen dicho patrón. Para la implementación de los generadores de variables aleatorias se usaron los resultados del generador de números pseudoaleatorios y los métodos de la transformada inversa para el caso del exponencial y el uniforme, y el método de la convolución para el caso del gaussiano. El exponencial se modeló mediante la expresión $-\mu_r \ln(1-r)$, en donde μ_r es la media de los números pseudoaleatorios generados y r es un número pseudoaleatorio generado, el uniforme mediante la expresión $r_{\min} + (r_{\max} - r_{\min})r$ en donde r_{\min} y r_{\max} son el mínimo y máximo número pseudoaleatorio generado respectivamente y r es un número pseudoaleatorio generado. El gaussiano se modeló mediante la expresión $\left(\sum_{i=1}^{12} r_i - 6\right) \sigma_r + \mu_r$, en donde σ_r y μ_r son la desviación estándar y media de los números pseudoaleatorios generados y r es un número pseudoaleatorio generado. Como caso de estudio se toman los datos de una epidemia de asma en Manhattan New York del tutorial de ARCGIS® 8.3.

Al final del artículo se detalla una proyección de posibles estudios derivados de los resultados encontrados.

II. MODELAMIENTO DEL PROCESO DE PERCOLACIÓN

La Teoría de Percolación es una teoría matemática con la cual es posible estudiar los patrones que exhibe la dinámica de un sistema interconectado al azar [17]. En una malla reticular de geometría rectangular, cada retícula puede estar ocupada o no y este evento se puede representar en términos probabilísticos mediante una probabilidad p con lo cual se pueden dar las siguientes situaciones:

- Que una retícula en una ubicación i, j esté ocupada con una probabilidad p y sus vecinos estén desocupados con una probabilidad $1-p$. A lo cual se denomina percolación por nodos.
- Que una retícula en una ubicación i, j y sus vecinos estén ocupados aleatoriamente e independientemente de los otros con probabilidad p . A lo cual se denomina percolación de enlace o percolación “random”.

Es posible modelar el comportamiento aleatorio de ocupación de las retículas mediante un algoritmo de recorrido y verificación de ocupación de cada retícula y sus vecinos. Dependiendo del tipo de geometría de la malla, el sistema

evoluciona en el tiempo hasta que en un momento dado es posible pasar de agregaciones aisladas de retículas ocupadas a conglomerados a lo que se denomina umbral de percolación en el cual se forma un cluster infinito de percolación. Para una malla reticular de geometría rectangular, como la usada en este trabajo, el valor de p para el cual se llega al umbral de percolación está cerca de 0.5 y se denomina probabilidad crítica p_c . El cluster infinito de percolación permite representar patrones de propagación de sistemas interconectados aleatoriamente.

La lógica del algoritmo diseñado programado en Visual Basic para modelar la dinámica de los valores de la probabilidad de ocupación de cada celda hasta llegar al umbral de percolación, es la siguiente:

- Se define una malla de retícula cuadrada de $n \times n$ celdas.
- Se selecciona un modelo para la asignación de los valores iniciales de p en la malla. A cada una de las celdas se asigna una probabilidad p de dos maneras: usando un generador de números pseudoaleatorios o por medio de generadores de variables aleatorias uniforme, exponencial o gaussiano cuyo propósito es dar la posibilidad de poder simular fenómenos que tengan esos tipos de distribución.
- Se realiza una búsqueda y verificación de ocupación de cada retícula. En una primera iteración, se recorre la malla buscando las celdas (i, j) cuyos valores de p sean de 0.95 y a sus vecinos en las posiciones $(i-1, j-1)$, $(i-1, j)$, $(i-1, j+1)$, $(i, j-1)$, $(i, j+1)$, $(i+1, j-1)$, $(i+1, j)$, e $(i+1, j+1)$ se asigna una probabilidad de $1-p$. En las siguientes iteraciones, se repite el paso anterior para valores de p entre 0.9 y 0.05 con un decremento de 0.05 hasta que la probabilidad promedio de todas las celdas de la malla convergan al valor de p_c (0.5) valor en el cual se conformaría el cluster infinito de percolación para geometría de celda rectangular.

En las figuras 1, 2 y 3; se muestran los resultados de la ejecución del algoritmo para experimentos en los cuales la asignación de los valores iniciales de p en la malla se hizo por medio de un generador de variables aleatorias exponencial. De la figura 1 a la 2, se puede observar como unas celdas aisladas conforman un conjunto de celdas interconectadas de agregados aislados y luego estos se conectan para conformar un posible cluster infinito de percolación en la figura 3 cuyo valor de probabilidad promedio de las celdas ocupadas es de 0.6 en la iteración 8 ya muy cerca al valor de probabilidad crítica.

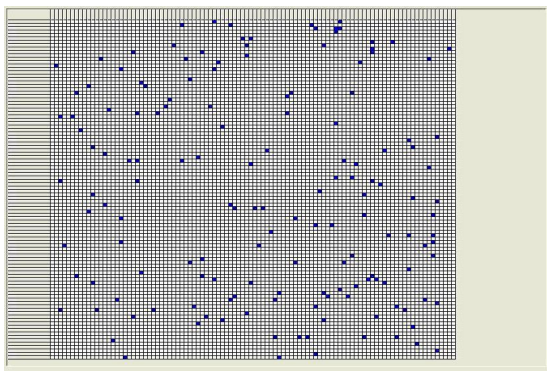


Figura 1. Búsqueda y verificación de ocupación de celdas con valores de $p=0.95$. Las celdas sombreadas son celdas ocupadas que presentan valores de $p = 0.95$ de probabilidad promedio en la iteración 1.

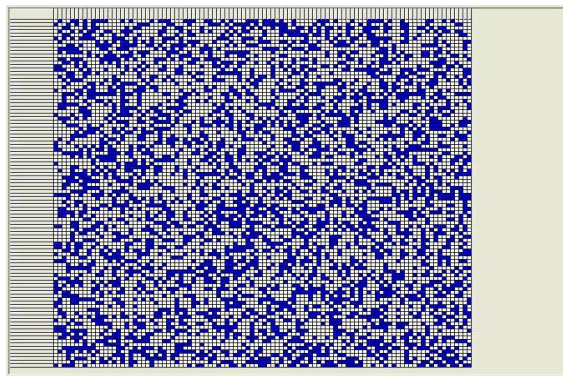


Figura 2. Búsqueda y verificación de ocupación de celdas con valores de $p=0.80$. Las celdas sombreadas son celdas ocupadas que presentan valores de $p = 0.80$ de probabilidad promedio en la iteración 4.

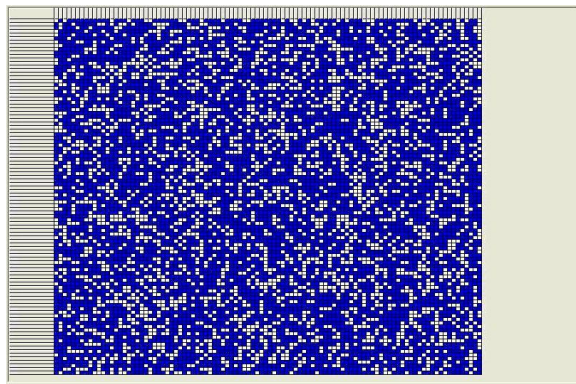


Figura 3. Búsqueda y verificación de ocupación de celdas con valores de $p=0.60$. Las celdas sombreadas son celdas ocupadas que presentan valores de $p = 0.60$ de probabilidad promedio en la iteración 8, cercano al valor de probabilidad crítica.

Los valores de p de las mallas obtenidos en cada una de las diferentes iteraciones son usados posteriormente para representar la variación de la TC y la TR en un modelo SIR y calcular la fluctuación poblacional en la propagación de un fenómeno epidemiológico por medio de SIG.

De manera global en la figura 4 se muestra la secuencia de instrucciones del algoritmo anterior en la cual se selecciona un modelo para la asignación de los valores iniciales de p en

la malla, se realiza una búsqueda y verificación de ocupación de cada retícula, se calcula la dinámica de variación de los valores de p hasta llegar finalmente al valor de p_c en donde se da el umbral crítico de percolación y se obtiene los valores de p en los cuales se da el cluster infinito de percolación.

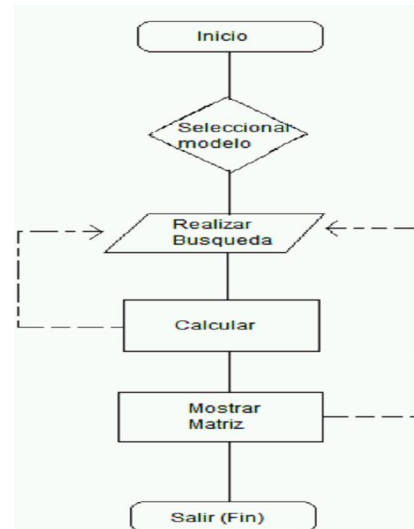


Figura 4. Diagrama de flujo de la aplicación para el cálculo de la malla con los valores de p .

En la figura 5, se muestra la interfaz gráfica de usuario de la aplicación en la cual se tienen las siguientes opciones de cálculo:

Modelo de percolacion Versión 1.3

Pasos para realizar el modelo

- 1) Seleccione la distribución deseada: (dropdown)
- 2) Seleccione el módulo: ☒ Módulo 1
- 3) De clic en el boton habilitado:

4) Obtención de datos:

Porcentaje de Ocupación: 14.9677 %	Probabilidad Promedio de celdas ocupadas: 0.434070816117997
Probabilidad: 0.95	Nro de ejecuciones: 1
Nro de celdas ocupadas: 13471	Suma probabilidades de celdas ocupadas: 19541.1410485108

Progreso del evento: _____

Figura 5. Interfaz gráfica de usuario de la aplicación.

- Un “combo box” que incluye un botón de comando denominado “generar números aleatorios” o un selector de generadores de variables aleatorias exponencial, uniforme o gaussiano, con esta configuración se asignan los valores iniciales a la malla reticular.

- Un botón de selección denominado “módulo 1” para activar la búsqueda inicial de una p dada en la malla, que para la aplicación tiene un valor de 0.95.

- Un botón de comando denominado “búsqueda de p-0.05” mediante el cual se asigna a las ocho celdas vecinas, de aquellas seleccionadas con el proceso anterior, un valor de p igual al p que tenía menos 0.05. con ello se modela la dinámica de un proceso de percolación “random”.

- Un botón de comando llamado “calcular” mediante el cual es posible obtener resúmenes del proceso tales como: valor inicial de p para la búsqueda (0.95), porcentaje y número de celdas ocupadas, probabilidad promedio de celdas ocupadas (con el cual se verifica si se acerca al valor de pc) y el número de iteraciones antes de llegar al umbral crítico de percolación.

- Un botón de comando denominado “mostrar matriz” cuya activación permite visualizar las celdas ocupadas de la malla reticular y la conformación de los clusters de datos.

- Un botón de comando “salir” que finaliza la ejecución de la aplicación.

Una vez realizadas distintas pruebas de validación de la aplicación se estableció un procedimiento con el fin de usar el aplicativo directamente desde una herramienta SIG como el ARCGIS® 8.3 mediante la inserción de un botón de comando en la barra de herramientas. Este procedimiento introduce un avance local en el desarrollo de aplicaciones en ambientes visuales y el uso de herramientas SIG. La secuencia técnica de pasos del procedimiento es:

- Activar el menú contextual de la barra de herramientas del SIG y seleccionar el comando “customize”.

- Seleccionar la pestaña “commands” y de la columna de opciones presentada seleccionar “UIControls” y activar el botón “New UIControl” ubicado en la parte inferior de la ventana para seleccionar la opción de “UIButtonControl” y activar el comando “create” en este punto es posible agregar código (hecho en VB) y ubicar el formulario que se quiere ejecutar (userForm1.show).

- Repetir el primer paso y seleccionar la pestaña “toolbars”, activar el botón de comando “new” con lo cual aparecerá una nueva ventana en donde se puede asignar el nombre al nuevo “toolbar” y seleccionar la dirección de almacenamiento; el nombre asignado por defecto es “Normal.mxt”. Terminado este proceso aparece el nuevo “toolbar”.

- Seleccionar nuevamente la pestaña “commands”, en ella seleccionar “UIControls”, dar un click sostenido sobre el nuevo botón creado y arrastrarlo hasta el toolbar.

Con este procedimiento es posible asignar un nuevo botón de comando a la barra de herramientas del ARCGIS® 8.3, con el cual se activa directamente desde esta herramienta cualquier aplicación desarrollada en el ambiente Visual Basic® y de esta forma usar en conjunto tanto la aplicación como los beneficios del SIG.

III. SIMULACIÓN DEL MODELO SIR USANDO SIG

En los Sistemas de Información Geográfica existen dos modelos de datos fundamentales: el modelo de datos tipo “raster” representando mediante una matriz de celdas en cada una de las cuales se tiene información referenciada, es decir, que brinda una ubicación espacial con base en un sistema de proyección geográfico; e información tabular acerca de los atributos o propiedades de los objetos geográficos bajo estudio; y el modelo de datos tipo “vector” representado mediante una secuencia de nodos y aristas que también informan acerca de los atributos y ubicación espacial de los objetos geográficos. Los valores de p obtenidos en las mallas anteriores se usan para representar las variaciones de TC y TR y obtener varios “rasters” en los cuales cada celda tiene un valor de p ubicado espacialmente lo que permite su uso en el modelamiento de fenómenos de propagación que se comporten como sistemas dinámicos estocásticos (propagación de epidemias, de incendios, dinámicas sociales, entre otros) que se desarrollan en una región geográfica y en los cuales es determinante el poder modelar y simular su patrón de propagación con el propósito de poderlos intervenir.

En los modelos matemáticos tradicionales usados en epidemiología [18], durante un proceso infeccioso y dependiendo del tipo de enfermedad, los individuos pueden pasar por todas o algunas de las siguientes fases:

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

Con base en lo anterior los modelos epidemiológicos matemáticos se clasifican en tres grandes grupos:

- SIR: El modelo susceptible-infectado-removido, relacionado con las enfermedades que confieren inmunidad permanente y un ciclo típico incluye las tres fases.
- SIRS: El modelo susceptible-infectado-removido-susceptible, idéntico al anterior, pero aplicable a casos en que la inmunidad no es permanente y el individuo vuelve a ser susceptible después de un cierto periodo, tal como la gripe.
- SIS: El modelo susceptible-infectado-susceptible; se usan en casos en que la enfermedad no confiere inmunidad y el individuo pasa de estar infectado a susceptible nuevamente, saltando la fase R.

Para modelar el SIR se supone que inicialmente hay un total de habitantes (H_0), un total de sanos (S_0), un total de infectados (I_0) y total de recuperados (R_0). Se denomina a ΔS , ΔI y ΔR como las variaciones de crecimiento o decrecimiento poblacional y se consideran las siguientes restricciones:

- ΔS , ΔI y ΔR están en función de TC y TR.

- TC y TR dependen de múltiples factores varios de ellos de naturaleza aleatoria y se modelarán mediante la teoría de percolación como la variación de una probabilidad p en una malla rectangular y se expresan de manera decimal. En el trabajo de Castro et al de la referencia 15 los valores de TC y TR se toman constantes en toda el área de estudio, en este trabajo se modelan estocásticamente en diferentes posiciones espaciales.
- Se cumple el principio de conservación de masa para las poblaciones, es decir no hay ni muertos ni nacimientos.

$$S_t + R_t + I_t = S_0 + R_0 + I_0 \quad (1)$$

- ΔS es proporcional al producto entre los sanos y los infectados y su constante de proporcionalidad es TC, la cual representa la probabilidad por unidad de tiempo, por habitante y por ubicación geográfica de contraer la enfermedad, por lo tanto:

$$\Delta S = -(TC) * S * I \quad (2)$$

- ΔR es proporcional al número de infectados y su constante de proporcionalidad es TR, la cual mide la probabilidad de recuperación de los infectados por unidad de tiempo, por habitante y por ubicación geográfica; por lo tanto:

$$\Delta R = (TR) * I \quad (3)$$

- ΔI se obtiene de la suma de los nuevos infectados menos los que se recuperan:

$$\Delta I = (TC) * S * I - (TR) * I \quad (4)$$

Si S_t , I_t y R_t son las poblaciones de sanos, infectados y recuperados en un polígono, en un tiempo t ; para un tiempo $t+1$ la fluctuación de dichas poblaciones se puede expresar mediante las siguientes ecuaciones:

$$S_{t+1} = S_t + \Delta S \quad (5)$$

$$I_{t+1} = I_t + \Delta I \quad (6)$$

$$R_{t+1} = R_t + \Delta R \quad (7)$$

Se tomaron los datos de una epidemia de asma, en Manhattan New York, del tutorial de ArcGis® 8.3 de donde se obtienen los datos iniciales para las poblaciones de sanos, infectados y recuperados en formato “raster”. Por medio de

los datos de probabilidades obtenidos mediante percolación se calcularon los valores de TC y TR en cada celda del área de estudio y se almacenan también en formato “raster”.

Con la información anterior y el uso del álgebra de mapas se calculan ΔS , ΔI y ΔR ; para obtener la dinámica de las poblaciones S, R e I en cada iteración $i+1$.

El modelo espacial para realizar los cálculos usa el principio de superposición aritmética para operar los “raster” que contienen la información inicial de las poblaciones y TC y TR, mediante el comando “raster calculator” del toolbox “spatial analyst” del ArcGis® 8.3 y programar las iteraciones sobre las ecuaciones 1 a 7

Con base en el anterior planteamiento conceptual se diseñó un modelo de análisis espacial como se muestra en la figura 6.

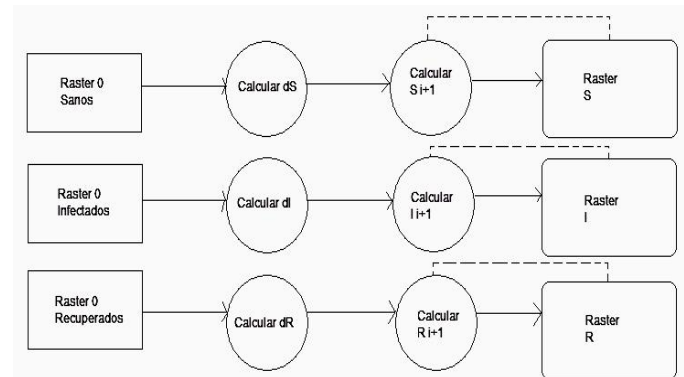


Figura 6. Modelo de Análisis Espacial de la variación poblacional para un SIR.

En las figuras 7, 8 y 9 se muestra la dinámica de la población de infectados para una TC y TR calculadas mediante un “raster” de percolación para una malla reticular cuadrangular inicializada con valores de p obtenido a través de un generador de variables aleatorias exponencial. La tonalidad hacia el negro en la figura indica un mayor valor de infectados en una ubicación espacial específica dentro del área de estudio.

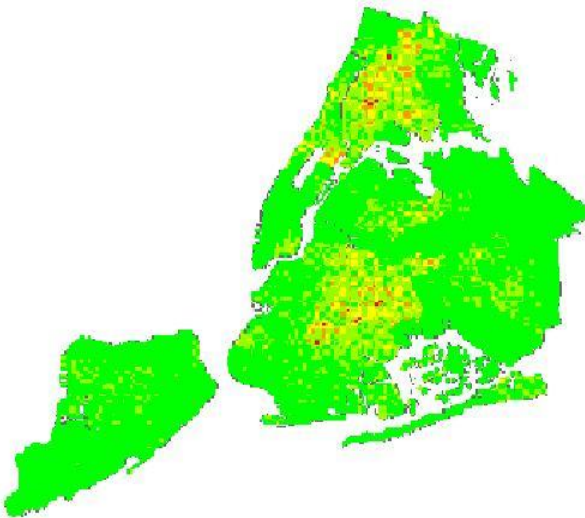


Figura 7. Población de infectados iteración 1 (exponencial).



Figura 8. Población de infectados iteración 3 (exponencial).



Figura 9. Población de infectados iteración 5 (exponencial).

De la iteración 1 a la 3 hay un incremento significativo de infectados en el área de estudio mientras que en la iteración 5 ha disminuido drásticamente para luego desbordar el modelo en la siguiente iteración por incumplimiento del balance masa poblacional (ecuación 1).

En las figuras 10, 11 y 12 se muestra la dinámica de la población de infectados para una TC y TR calculadas mediante un “raster” de percolación para una malla reticular cuadrangular inicializada con valores de p obtenido a través de un generador de variables aleatorias uniforme. La tonalidad hacia el negro en la figura indica un mayor valor de infectados en una ubicación espacial específica dentro del área de estudio.

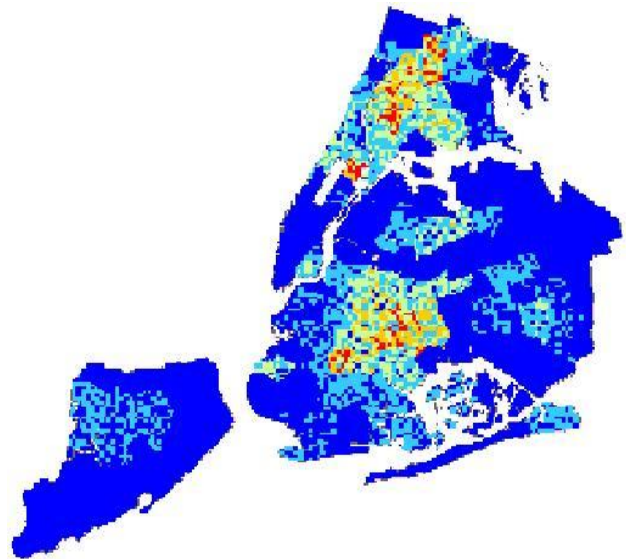


Figura 10. Población de infectados iteración 1 (uniforme).

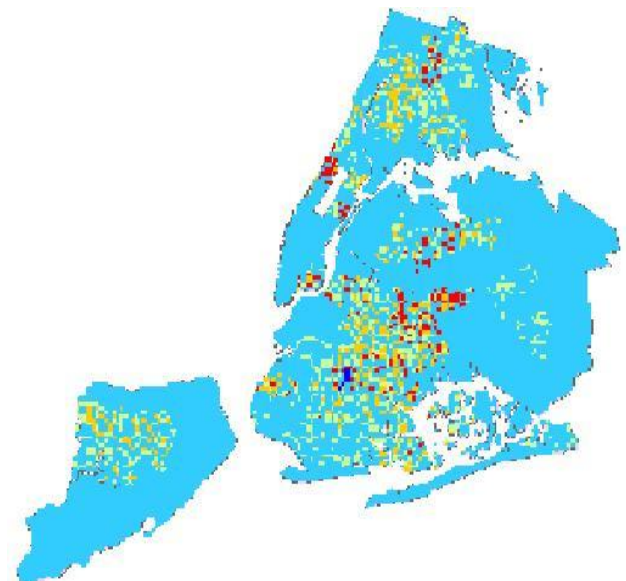


Figura 11. Población de infectados iteración 5 (uniforme).



Figura 12. Población de infectados iteración 8 (uniforme).

De la iteración 1 a la 5 hay un incremento moderado de infectados en el área de estudio mientras que en la iteración 8 ha disminuido drásticamente para luego desbordar el modelo en la siguiente iteración por incumpliendo del balance masa poblacional (ecuación 1). La cantidad final de infectados para el caso del generador uniforme es menor que para el caso del modelo exponencial.

En las figuras 13, 14 y 15 se muestra la dinámica de la población de infectados para una TC y TR calculadas mediante un "raster" de percolación que parte de una malla reticular cuadrangular inicializada con valores de p obtenido a través de un generador de variables aleatorias gaussiano o normal. La tonalidad hacia el negro en la figura indica un mayor valor de infectados en una ubicación espacial específica dentro del área de estudio.

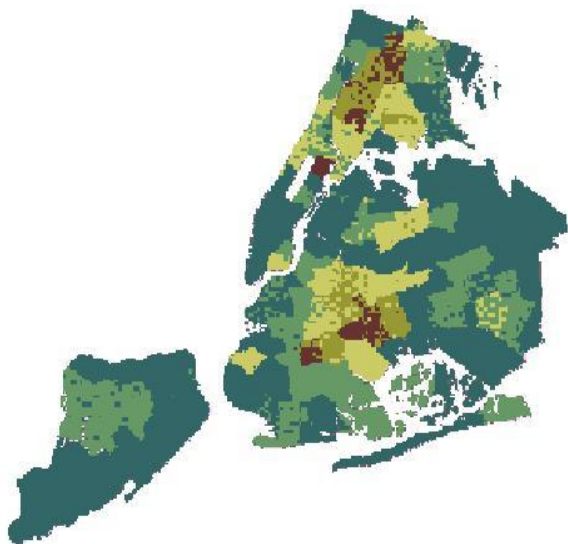


Figura 13. Población de infectados iteración 1 (gaussiano o normal).

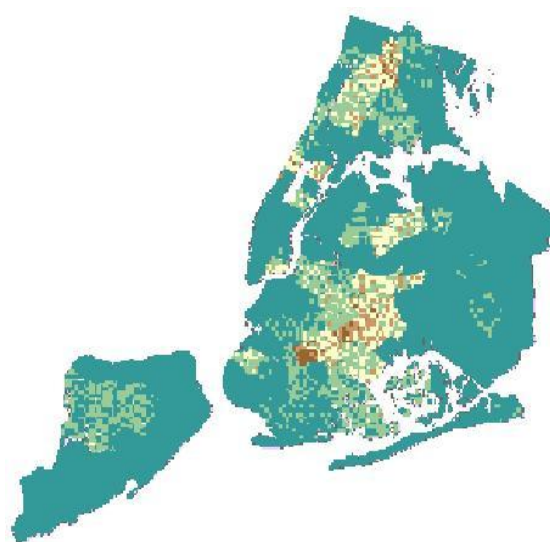


Figura 14. Población de infectados iteración 5 (gaussiano o normal).



Figura 15. Población de infectados iteración 10 (gaussiano o normal).

De la iteración 1 a la 5 hay un incremento significativo de infectados en el área de estudio mientras que en la iteración 10 ha disminuido drásticamente para luego desbordar el modelo en la siguiente iteración por incumpliendo del balance masa poblacional (ecuación 1). La cantidad final de infectados para el caso del generador normal es menor que para el caso de los modelos exponencial y uniforme. En el modelo gaussiano el desbordamiento se obtiene en la iteración 10, en el modelo uniforme en la iteración 8 y para el exponencial en la iteración 5. Cerca de la iteración final los valores de TC y TR están en la vecindad del valor de probabilidad crítica.

IV. CONCLUSIÓN

La dinámica de fenómenos espaciales complejos ha sido abordada desde diferentes técnicas computacionales y

matemáticas, la integración de estos elementos permite modelar algunos componentes del fenómeno que permiten ampliar su conocimiento. En este artículo se hace un aporte a esta discusión mediante la integración de la tecnología de los SIG a la simulación de componentes estocásticos de fenómenos de propagación espaciales y complejos. El diseño de un aplicativo computacional para representar por medio de percolación la variación de parámetros asociados con sistemas dinámicos aleatorios espaciales brinda a la comunidad académica una herramienta cuyos resultados pueden aplicarse en diferentes situaciones y áreas del saber y la versatilidad para obtener resultados desde varios modelos estocásticos (uniforme, exponencial y gaussiano) permite su contextualización en casos en los cuales se tenga predefinido que el componente estocástico de la dinámica del sistema obedezca a alguno de estos tipos de patrones. El hecho de modelar TC y TR con diferentes modelos estocásticos permitió representar la rapidez de la propagación de una epidemia ya que para el caso del modelo gaussiano la fluctuación de las poblaciones fue más tenue que para el caso de los modelos uniformes y exponencial; ello sería de gran ayuda para los investigadores en el tema ya que permitiría establecer parámetros de control de la epidemia al vincular los valores de TC y TR con vectores de propagación y medidas de control.

V. PROYECCIÓN

Se plantea a futuro el desarrollo de los siguientes aspectos:

- Implementar otros modelos estocásticos dentro del aplicativo con el propósito de ampliar el espectro de aplicabilidad del modelo que permitan el desarrollo de experimentos con otros tipos de sistemas dinámicos (sociales, ambientales,...etc.).
- Automatizar dentro de la herramienta SIG las funciones de análisis espacial y el modelo espacial para casos de aplicación específica para simular el fenómeno de propagación en tiempo real.
- Con datos adecuados realizar simulaciones 3D sobre alguna región en particular y la dinámica de la propagación de algún fenómeno de estudio.

REFERENCIAS

- [1] M. Vine, D. Degnan (1998), "Geographic Information Systems," *Journal of Environmental Health*, vol. 61 Issue 3, pp. 7-10, Oct. 98.
- [2] OPS. (1996, Mar), "Uso de los SIG en epidemiología," *Boletín epidemiológico de la Organización Panamericana de la Salud de marzo de 1996*. [Online]. Disponible en: <http://www.rlc.fao.org/prior/segalin/animal/sig/pdf/bs961sig.pdf>.
- [3] OPS. "Análisis Epidemiológico de Datos Tabulados, versión 2.0 para Windows" OPS. Código: EPIDA. Año de publicación: 1998.
- [4] OPS. (2001, Sept), "SIG-EPI: Sistemas de información geográfica en epidemiología y salud pública," *Boletín epidemiológico de la Organización Panamericana de la Salud de septiembre de 2001*. [Online]. Disponible en: http://www.paho.org/spanish/sha/be_v22n3-SIGEpi1.htm. Fecha de consulta, febrero de 2007.
- [5] OPS, "Sistemas de Información Geográfica en Salud," OPS Código: GEO01. Año de publicación: 2002.
- [6] J. Beyea, M. Hatch. (1999), "Geographic exposure modeling: a valuable extension of geographic information systems for use in environmental epidemiology," *Environmental Health Perspectives Supplements*, vol. 107, pp. 181-191, Supplement 1Feb. 1999.
- [7] A. Tran, X. Deparis, L. Polidori, P. Dussart, J. Morvan, P. Rabarison, J. Gardon, F. Remy (2004), "Dengue Spatial and Temporal Patterns, French Guiana, 2001," *Emerging Infectious Diseases*, vol. 10 Issue 4, pp. 615-621, Apr. 2004.
- [8] J. Nuckols, M. Ward, L. Jarup (2004), "Using Geographic Information Systems for Exposure Assessment in Environmental Epidemiology Studies," *Environmental Health Perspectives*, vol. 112 Issue 9, pp. 1007-1015, Jun. 2004.
- [9] P. Lai, C. Wong, A. Hedley, S. Lo, P. Leung, J. Kong, G. Leung (2004), "Understanding the Spatial Clustering of Severe Acute Respiratory Syndrome (SARS) in Hong Kong," *Environmental Health Perspectives*, vol. 112 Issue 15, pp. 550-556, Nov. 2004.
- [10] C. Carlos, L. Londoño, J. Valdés. (2005), "Computational modelling and simulation using geographical information systems (GIS) with system dynamics applied to epidemiological phenomena," *Revista Facultad de Ingeniería Universidad de Antioquia*, vol. 34, pp. 86-100, Sept. 2005.
- [11] L. Duanping; D. Peuquet, D. Yinkang; E. Whitsel, D. Jianwei, R. Smith, L. Hung-Mo, C. Jiu-Chiuan, G. Heiss (2006), "GIS Approaches for the Estimation of Residential-Level Ambient PM Concentrations," *Environmental Health Perspectives*, vol. 114 Issue 9, pp. 1374-1380, Sept. 2006.
- [12] M. Canals, R. Solís. (2005), Geometría de los seres vivos y su importancia en medicina," [Online]. Disponible en: <http://www.scielo.cl/scielo.php?pid=S0034-98872005000900015&script=sci.arttext>.
- [13] J. Koopman (2004), "Modeling Infection Transmission," *Annual Review of Public Health*, vol. 25 Issue 1, pp. 303-326, 2004.
- [14] M. Gastner, M. Newman, "The spatial structure of networks," *European Physical Journal B -- Condensed Matter*, vol. 49 Issue 2, pp. 247-252, Jan. 2006.
- [15] J. Simoes (2005), "Spatial Epidemic Modelling in Social Networks," *AIP Conference Proceedings*, vol. 776 Issue 1, pp. 287-297, 2005.
- [16] M. Azarang, E. Garcia, "Simulación y análisis de modelos estocásticos," editorial Mc Graw Hill México, primera edición en español, pp. 71 – 87, 1996.
- [17] B. Dugnot, A. San Luis, A. Cernea. (2000), "Geometría Fractal," Departamento de Matemáticas Universidad de Oviedo. [Online]. Disponible en: <http://coco.ccu.uniovi.es/geofractal/capitulos/04/04-02.shtm>.
- [18] G. Juarez, S. Navarro (1999), "Epidemiología Matemática," [Online]. Disponible en: <http://64.233.167.104/search?q=cache:v0mm1g8H8BUJ:www.catusesco.upc.es/ads/contagio.doc+Epidemiolog%C3%A0+Matem%C3%A1tica:+Aprendiendo+Modelos+por+Contagio&hl=es>.

Libardo Antonio Londoño Ciro - Esp. Ingeniero de Petróleos, Universidad nacional de Colombia sede Medellín. Especialista en Sistemas de Información Geográfica, Universidad de San Buenaventura, Seccional Medellín., y estudios de Maestría en Ingeniería Civil, Universidad de los Andes, Bogotá. Docente, Facultad de Ingeniería, Universidad de San Buenaventura, Seccional Medellín.

Daniel Horfan Álvarez - MSc. Ingeniero de Petróleos, Universidad nacional de Colombia sede Medellín. Magister en Ingeniería de Sistemas, Universidad Nacional de Colombia sede Medellín. Docente, Facultad de Ingeniería, Universidad de San Buenaventura, Seccional Medellín.

Dayro Giovanni Longas Arenas - Ingeniero de Sistemas, Universidad de San Buenaventura sede Medellín.

Juan Esteban Arroyave Zapata Ingeniero de Sistemas, Universidad de San Buenaventura sede Medellín.

Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín

Facultad de Minas



Escuela de Ingeniería de Sistemas

Misión

La misión de la Escuela de Ingeniería de Sistemas es fomentar y apoyar la generación o la apropiación de conocimiento, la innovación y el desarrollo tecnológico en el área de ingeniería de sistemas e informática sobre una base científica, tecnológica, ética y humanística.



Visión

La formación integral de profesionales desde el punto de vista científico, tecnológico y social que les permita adoptar, aplicar e innovar conocimiento en el campo de los sistemas e informática en sus diferentes aspectos, aportando con su organización, estructuración, gestión, planeación, modelamiento, desarrollo, procesamiento, validación, transferencia y comunicación; para lograr un desempeño profesional, investigativo y académico que contribuya al desarrollo social, económico, científico y tecnológico del país.



Escuela de Ingeniería de Sistemas
Dirección Postal:
Carrera 80 No. 65 - 223 Bloque M8A
Facultad de Minas. Medellín - Colombia
Tel: (574) 4255350 Fax: (574) 4255365
Email: esistema@unalmed.edu.co
<http://pisis.unalmed.edu.co/>

