

UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS
FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES
CARRERA DE INFORMÁTICA



TESIS DE GRADO

**“MODELO PROPAGACIÓN DE UN AGENTE PORTADOR
EN ESTUDIO BAJO UN MODELO MATEMÁTICO”**

Tesis de Grado para obtener el Título de Licenciatura en Informática

Mención Ingeniería de Sistemas Informáticos

POSTULANTE: VIRGINIA MAMANI CARI

TUTOR METODOLÓGICO: Ph. D. JAVIER REYES PACHECO

ASESOR: Lic. JHONNY FELIPEZ ANDRADE

LA PAZ – BOLIVIA

2020



**UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS
FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES
CARRERA DE INFORMÁTICA**



LA CARRERA DE INFORMÁTICA DE LA FACULTAD DE CIENCIAS PURAS Y NATURALES PERTENECIENTE A LA UNIVERSIDAD MAYOR DE SAN ANDRÉS AUTORIZA EL USO DE LA INFORMACIÓN CONTENIDA EN ESTE DOCUMENTO SI LOS PROPÓSITOS SON EstrictAMENTE ACADÉMICOS.

LICENCIA DE USO

El usuario está autorizado a:

- a) visualizar el documento mediante el uso de un ordenador o dispositivo móvil.
- b) copiar, almacenar o imprimir si ha de ser de uso exclusivamente personal y privado.
- c) copiar textualmente parte(s) de su contenido mencionando la fuente y/o haciendo la referencia correspondiente respetando normas de redacción e investigación.

El usuario no puede publicar, distribuir o realizar emisión o exhibición alguna de este material, sin la autorización correspondiente.

TODOS LOS DERECHOS RESERVADOS. EL USO NO AUTORIZADO DE LOS CONTENIDOS PUBLICADOS EN ESTE SITIO DERIVARA EN EL INICIO DE ACCIONES LEGALES CONTEMPLADOS EN LA LEY DE DERECHOS DE AUTOR

DEDICATORIA

El presente proyecto de tesis va dedicado a mi madre Nativia Quisbert Cari, quien además de ser un gran ejemplo de vida, es lo que me incentiva y apoya en todo momento, durante todo mi proceso de formación dentro y fuera de la universidad.

AGRADECIMIENTOS

A DIOS por darme la vida y bendecirme con la oportunidad de estar y cumplir con una meta más de mi vida.

A mi madre, nada de esto hubiera sido posible sin el apoyo de mi madre a quien agradezco por su paciencia y apoyo incondicional en todo momento.

A mi tutor metodológico, PH. D. JAVIER REYES PACHECO, por su apoyo y orientación en el proceso de elaboración de la presente tesis.

A mi asesor Lic. JHONNY FELIPEZ ANDRADE quien se ganó toda mi admiración y lealtad, por su orientación, su persistencia, en todo el proceso de la elaboración de tesis.

INDICE GENERAL

1 CAPÍTULO I MARCO REFERENCIAL.	
1.1 INTRODUCCIÓN.....	1
1.2 ANTECEDENTES.	2
1.3 PROBLEMÁTICA.....	5
1.3.1 PROBLEMA CENTRAL.	6
1.3.2 PROBLEMAS SECUNDARIOS.....	6
1.4 DEFINICIÓN DE LOS OBJETIVOS.....	6
1.4.1 OBJETIVO GENERAL.....	6
1.4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.....	6
1.5 HIPÓTESIS.....	7
1.5.1 OPERACIONALIZACIÓN DE VARIABLES.....	7
1.6 JUSTIFICACIÓN.....	7
1.6.1 JUSTIFICACIÓN ECONÓMICA.....	7
1.6.2 JUSTIFICACIÓN SOCIAL.	8
1.6.3 JUSTIFICACIÓN CIENTÍFICA.....	8
1.7 ALCANCES Y LÍMITES.....	8
1.7.1 ALCANCES.	8
1.7.2 LÍMITES.....	9
1.8 APORTES.....	10
1.8.1 PRÁCTICO.....	10
1.8.2 TEÓRICO.	10
1.9 METODOLOGÍA.....	10

2 CAPÍTULO II MARCO TEÓRICO.	
2.1 INTRODUCCIÓN.....	12
2.2 EL ARTE DEL MODELADO.	12
2.2.1 FORMULACIÓN DE MODELOS.....	14
2.2.2 CONSTRUCCIÓN DEL MODELO.....	15
2.2.3 MODELO KDD.....	17
2.3 DESCRIPCIÓN GENERAL.....	18
2.4 TIPOS DE MODELOS MATEMÁTICOS EN EPIDEMIAS.....	20
2.5 PRINCIPALES MODELOS.....	20
2.6 MODELO CLÁSICO DE KERMACK Y MCKENDRICK.	21
2.7 HIPÓTESIS DEL MODELO SIR.	22
2.7.1 ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS DEL MODELO.	23
2.7.2 ANÁLISIS CUALITATIVO DEL MODELO.	24
2.8 MODELO SIRS.	29
2.8.1 HIPÓTESIS DEL MODELO.....	29
2.8.2 ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS DEL MODELO.	29
2.9 IMPORTANCIA MATEMÁTICA EN EPIDEMIOLOGÍA.....	31
3 CAPÍTULO III MARCO APLICATIVO.	
3.1 INTRODUCCIÓN.....	33
3.2 ETAPAS DE SIMULACIÓN.	35
3.2.1 DATOS INICIALES.	35
3.2.1.1 ZONIFICACIÓN DEL ÁREA DE ESTUDIO.....	39
3.2.2 ALMACÉN DE DATOS.	46

3.2.2.1 ESTIMACIONES.....	46
3.3 ANÁLISIS MATEMÁTICO DEL CICLO GONOTRÓFICO.	48
3.3.1 MODELO PARA EL CICLO GONOTRÓFICO.	49
3.4 DATOS SELECCIONADOS Y CONSIDERACIONES.....	52
3.4.1 CONSIDERACIONES Y LIMITANCIAS.	52
3.5 CONCATENACIÓN DE DOS SEGMENTOS ADYACENTES.....	55
3.6 CONCATENACIÓN DE TRES SEGMENTOS.....	56
3.7 APLICACIÓN MÓVIL.	57
3.7.1 ANÁLISIS DE LA PARTE MATEMÁTICA.....	59
3.7.2 ESTADÍSTICAS MODELO.....	60
4 CAPÍTULO IV PRUEBA DE HIPÓTESIS.	
4.1 INTRODUCCIÓN.....	61
4.2 PRUEBA DE HIPÓTESIS.....	61
4.2.1 CONCATENACIÓN DE TRES SEGMENTOS ADYACENTES.	62
5 CAPÍTULO V CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.	
5.1 INTRODUCCIÓN.....	75
5.2 CONCLUSIÓN.....	75
5.3 RECOMENDACIONES.	76
6 BIBLIOGRAFÍA.	77
7 ANEXOS.	80

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.1 Epidemia de la viruela que afecto a los aztecas.	3
Figura 1.2 Fase de investigación.	11
Figura 2.1 Concepción del Sistema.	13
Figura 2.2 Enfoque del Modelo.	15
Figura 2.3 Fases de Análisis.	16
Figura 2.4 Fase del modelo.	18
Figura 2.5 Anderson Gray M. 1876- 1943.	21
Figura 2.6 Esquema del modelo SIR.	23
Figura 2.7 Trayectorias del plano Fase.	28
Figura 2.8 Esquema del modelo SIRS.	30
Figura 3.1 Visión general de procesos KDD.	33
Figura 3.2 Recursos Forestales de Bolivia.	36
Figura 3.3 Distribución forestal de Bolivia.	37
Figura 3.4 Descripción actual de focos de incendios que acabaron con el área forestal en Bolivia.	38
Figura 3.5 Zonificación de áreas.	41
Figura 3.6 Áreas de riesgo, zonificación.	42
Figura 3.7 Segmentos de estudio, zonificación.	44
Figura 3.8 Polígonos de estudio, zonificación.	45
Figura 3.9 Ciclo Gonotrófico.	49
Figura 3.10 Casos confirmados en Bolivia.	52
Figura 3.11 Área de estudio dos segmentos.	55
Figura 3.12 Área de estudio tres segmentos.	56
Figura 3.13 Pantalla de registro único.	57
Figura 3.14 Pantalla de inicio.	57
Figura 3.15 Pantalla de presentación con módulos.	58
Figura 3.16 Zonificación de áreas según riesgo que presente.	59

Figura 3.17 Se muestra ya el análisis del diagnóstico con relación al tiempo que es lo que se propuso en el presente trabajo. Y en la otra captura se ve ya el análisis referencial con relación a sexo, hora y demás.....	60
Figura 4.1 Zonificación del área.....	62
Figura 4.2 Área de estudio dos segmentos.	63
Figura 4.3 Comportamiento del modelo planteado.	67
Figura 4.4 Programa nacional de Dengue.	68
Figura 4.5 Programa nacional de Dengue.	68
Figura 4.6 Reporte casos Dengue la paz.....	69
Figura 4.7 Comportamiento del valor F.	70
Figura 4.8 Comportamiento de datos con relación al tiempo.....	71

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 2.1 Tipos de enfermedades según transmisión.	19
Tabla 3.1 Descripción del modelo y las fases que se usan en la aplicación.	34
Tabla 3.2 Tipos de suelo y rangos típicos del departamento de la Paz.	39
Tabla 3.3 Coeficientes para el modelo de maduración.	50
Tabla 3.4 Número de casos confirmados de dengue.	51
Tabla 3.5 Datos poblacionales de la ciudad de La Paz.	54
Tabla 4.1 Tabla de valores de casos con relación al tiempo.	64
Tabla 4.2 Análisis de ecuación lineal.	64
Tabla 4.3 Tabla donde se obtiene el coeficiente de correlación.	65
Tabla 4.4 Datos donde vemos el comportamiento de los casos.	66
Tabla 4.5 Reporte de la cuidada de La Paz.	69
Tabla 4.6 Capacidad predictiva de la propagación temporal.	70

RESUMEN

Hasta el momento, gran parte del desarrollo de modelos epidemiológicos se ha centrado principalmente en el uso de modelos compartimentales. Estos modelos se basan en una representación del sistema bajo estudio en términos de un conjunto de ecuaciones diferenciales ordinarias acopladas, las cuales representan las poblaciones involucradas en el sistema. Estos tienen limitaciones como las hipótesis de homogeneidad de contactos, comportamiento y distribución, entre otros. El comportamiento de los individuos está definido para cada uno de ellos. Esto permite una gran flexibilidad, haciéndolos especialmente útiles en problemas donde la red de contactos es muy importante, ya que los individuos son considerados como entidades simples que interactúan de forma dinámica en espacios multidimensionales. Son sistemas dinámicos formados por un número finito de elementos que interactúan en un medio discreto. La dinámica de los individuos es descrita por funciones dinámicas y el estado de cada individuo es determinado por un conjunto de reglas locales. La instauración de tratamientos y las respuestas a brotes. Sólo mediante el estudio de los determinantes de la distribución y dinámica de enfermedades se logrará contar con el conocimiento necesario para mitigar y controlar el impacto que éstas pueden tener sobre la salud. El comportamiento de estas unidades está constituido por tres bloques principales: el comportamiento individual, el comportamiento social y el comportamiento epidemiológico. Finalmente, el comportamiento epidemiológico que es resultado del estado de salud del individuo, es el tercer factor que determina el comportamiento global. El marco propuesto resulta entonces muy atractivo para modelar diferentes tipos de epidemias en donde el comportamiento de los individuos, sus relaciones y su entorno juegan un rol crucial. La construcción del comportamiento de los agentes a partir de tres bloques otorga al modelo una amplia gama de aplicaciones.

Palabras clave: Simulación, Estudio Epidemiológico, Sistemas de Información Geográficos, Comportamiento de individuos, Erosión.

ABSTRACT

So far, much of the development of epidemiological models has focused primarily on the use of compartmental models. These models are based on a representation of the system under study in terms of a set of coupled ordinary differential equations, which represent the populations involved in the system. These have limitations such as the hypothesis of homogeneity of contacts, behavior and distribution, among others. The behavior of individuals is defined for each of them. This allows great flexibility, making them especially useful in problems where the network of contacts is very important, since individuals are considered as simple entities that interact dynamically in multidimensional spaces. They are dynamic systems formed by a finite number of elements that interact in a discrete medium. The dynamics of individuals is described by dynamic functions and the state of each individual is determined by a set of local rules. The establishment of treatments and responses to outbreaks. Only by studying the determinants of the distribution and dynamics of diseases will it be possible to have the necessary knowledge to mitigate and control the impact that these can have on health. The behavior of these units is made up of three main blocks: individual behavior, social behavior and epidemiological behavior. Finally, the epidemiological behavior that is the result of the individual's state of health is the third factor that determines global behavior. The proposed framework is therefore very attractive to model different types of epidemics where the behavior of individuals, their relationships and their environment play a crucial role. The construction of agent behavior from three blocks gives the model a wide range of applications.

Keywords: Simulation, Epidemiological Study, Geographic Information Systems, Behavior of individuals, Erosion.

1 CAPÍTULO I MARCO REFERENCIAL.

1.1 INTRODUCCIÓN.

Bolivia es un país que se ha destacado por poseer una gran diversidad ecológica y étnica, sin embargo, también se ha destacado por descuidar el tema de la salud. Por ejemplo, en el sector rural se ha dejado el tema de la prevención de lado. Otro punto es el cambio climático en Bolivia, es un factor preocupante para la población, hasta la fecha ha sido causante de grandes pérdidas materiales e inmateriales por medio de inundaciones y sequías. Pero, además de estos fenómenos climáticos, el cambio en el clima es causante de la propagación de diversas enfermedades y plagas que afectan a la salud de la población, generando un posible brote epidémico¹.

La epidemiología es una disciplina científica que estudia la distribución, frecuencia, determinantes, relaciones, predicciones y control de los factores relacionados con la salud y enfermedad en poblaciones humanas y animales.

En este trabajo el propósito es estudiar el proceso de propagación de epidemias en el espacio y tiempo, desde una perspectiva que incorpora como base teórica los conceptos fundamentales de los sistemas complejos y aparentemente caóticos, de comportamiento supuestamente impredecible. Procura utilizar modelizaciones matemáticas para analizar, explicar y comprender estos hechos, apelando especialmente a los fenómenos de umbral, aplicándolos a la predicción de la propagación espacio-temporal de enfermedades transmisibles en el hombre.

Para ello debe entenderse que se parte de una concepción de la ciencia como la herramienta para el conocimiento de los fenómenos naturales, en el sentido de que cuando el especialista reduce la propagación de una epidemia a un resultado que puede predecir, está haciendo uso de la matemática.

¹ Concepto epidemiológico de población, las poblaciones incluyen individuos aislados, se necesita al menos dos individuos.

Las matemáticas son el único instrumento que nos permite formular con precisión los fenómenos naturales. Si se observa con atención la naturaleza, se pueden reconocer las mismas formas con diferentes presentaciones.

Por lo que se plantea un modelo de propagación que consta de tres partes: Uso del suelo basado en la geolocalización y zonificación del área, Ciclo Lisogénico o ciclo gonotrófico del Agente y la distancia. Cada uno de estos factores tiene una función asociada y depende de los factores climatológicos. El Uso del Suelo representa las condiciones geográficas de las regiones de Bolivia y depende de la temperatura, la precipitación, la altura, deforestación y ello sea por quema o erosión del suelo. El ciclo liso génico² del vector representa las cuatro etapas por las que atraviesa el vector en su desarrollo biológico. Por último, se toma en cuenta la distancia máxima que recorre el vector.

Después de plantear el modelo se realiza el proceso de simulación de la propagación de dicho efecto, en base a la información geográfica para aplicarlos sobre la región de Bolivia. Las operaciones y los procedimientos se aplican por departamentos, y los intervalos de tiempo se dividen por estaciones, abarcando las gestiones del 2015 y 2018.

1.2 ANTECEDENTES.

A lo largo de la historia de la humanidad, el hombre ha sufrido el azote de diversas enfermedades las cuales se extendieron rápidamente produciendo epidemias y pandemias dejando a su paso un gran número de muertos. Estas epidemias y pandemias eran conocidas en la antigüedad como plagas o pestes, debido a la creencia de que representaban un castigo divino.

Las primeras referencias de plagas se encuentran en escritos sagrados, una clara alusión a ello es el libro del Éxodo donde se describen las plagas que Moisés trajo sobre Egipto. Una

² Ciclo de liso génico, es la etapa de reproducción del agente, presenta dos fases.

vez que Hipócrates (459 - 377 a.C.) sentó las bases de las ciencias médicas, las plagas dejaron de ser consideradas un castigo divino, pues en su ensayo sobre aire, aguas y lugares.

En el año 550 D.C. Inglaterra sufrió de una gran plaga llamada "Pestisava" o "Pestilencia amarilla", que debió haber sido una epidemia de hepatitis la cual volvió aparecer en el año 664 D.C. y luego volvió a resurgir de época en época. Se creía que Inglaterra por ser una isla era menos propensa a ser afectada por una epidemia, pero el hecho de que los barcos atracaran en sus puertos los hacía igual de propensos a sufrir de alguna epidemia.

La derrota de millones de aztecas por Cortés puede explicarse, en parte, por la epidemia de viruela que devastó a los aztecas pero que tuvo poco efecto en los españoles (figura 1.1), esto debido a que los aztecas no tenían inmunidad natural ante esta enfermedad a diferencia de los españoles, lo cual propició la pronta caída del imperio de Tenochtitlan, pues de 1519 a 1530 la población se redujo de 30 millones.

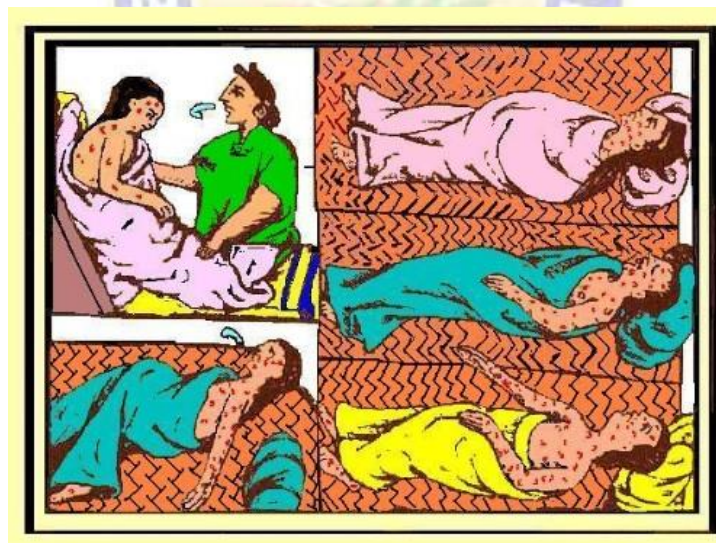


Figura 1.1 Epidemia de la viruela que afectó a los aztecas.
Fuente: Organización Mundial de la Salud, 1990.

En el año 1990, el Ministerio de Previsión Social y Salud Pública mediante el Departamento Nacional de Vectores de la Dirección Nacional de Epidemiología elaboró un informe del “Programa Nacional de Control de Fiebre Amarilla y Aedes Aegypti”.

El mismo se encuentra en la biblioteca de la Organización Mundial de la Salud (OMS) Bolivia.

En mayo de 2003, se presentó en la Facultad de Ciencias de la Pontificia Universidad Javeriana en Bogotá, el estudio de “Estudio de la longevidad y el ciclo gonotrófico del Aedes Aegypti, cepa Girardot en condiciones de laboratorio”.

Investigaciones similares.

Tesis para optar el título de Maestría en ingeniería de automatización industrial, **“MODELAMIENTO Y SIMULACIÓN DE LA DINÁMICA EPIDEMIOLÓGICA DE LA MALARIA PARA LA EVALUACIÓN DE ESTRATEGIAS DE CONTROL DE LOS VECTORES.”** Por Andrés Alberto Ramírez Duque, Colombia, Facultad de Ingeniería de la Universidad Nacional de Colombia 2011, dónde el objetivo es:

Describir el comportamiento de la malaria tras la introducción de una población de vectores genéticamente³ manipulados incapaces de transmitir el parásito. El modelo está constituido por dos secciones principales, la primera sección corresponde a la dinámica generada por la reproducción sexual entre tres poblaciones.

La segunda sección describe el efecto de la interacción de las tres poblaciones de vectores sobre el comportamiento de la epidemia.

Tesis para optar el título de Maestría, **“MODELOS DE PROPAGACIÓN DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS.”** Por Fred Brauer, Universidad Autónoma de Occidente de Cali 2014, dónde el objetivo es:

³ Genéticamente, la GENÉTICA es la rama de la ciencia que estudia como las características de los organismos vivos (morfológicas, fisiológicas, bioquímicas, o conductuales que generan ese comportamiento) se generan se expresan y se transmiten.

El trabajo es una colección informal de notas en las que se muestran técnicas utilizadas en el análisis matemático de modelos epidemiológicos a nivel poblacional. Es a través de la modelación de procesos biológicos que la epidemiología teórica recibe su mayor aporte.

Si bien estamos convencidos que en los siguientes capítulos se presentaran suficientes modelos interesantes para atraer e inspirar a la ciencia, cabe mencionar, que el principal objetivo de estas notas es el de motivar e interesar a estudiantes e investigadores de las Ciencias Biológicas en el uso generalizado de modelos matemáticos, como herramientas poderosas y útiles en el estudio de procesos epidemiológicos que combinado con la tecnología se obtienen resultados muy interesantes. Así el presente trabajo tiene como un plus el análisis del cambio climático haciendo la combinación del análisis cualitativo, cuantitativo y tecnología con relación a cambios climáticos para así generar nuevos rumbos de la investigación.

1.3 PROBLEMÁTICA.

El Estado Plurinacional de Bolivia como miembro de la Organización Mundial de la Salud (OMS) adoptó el RSI esto es Reglamento Sanitario internacional, el Ministerio de Salud creó el Centro Nacional de Enlace en la gestión 2007, para su funcionamiento en la gestión 2011.

Siendo esta la instancia nacional oficial para la comunicación, recepción y emisión de notificaciones sobre los eventos de riesgo a la salud pública y la implementación de capacidades básicas de Vigilancia y Respuesta en el marco del RSI (2005), junto a las instancias sanitarias departamentales (SEDES) y locales (Gerencias de Red).

La implementación del RSI en Bolivia fortalece el sistema sanitario, contribuyendo a la reducción de situaciones de riesgo o daño para la salud que puedan originar una emergencia de salud pública de importancia nacional (ESPIN) o internacional (ESP II).

Siendo que se tiene convenios a nivel organizaciones mundiales de salud, Bolivia no tiene la capacidad de implementar tales acuerdos y manejarlos de manera apropiada bajo normas internacionales, por todo esto provocó grandes dificultades al momento de manejar

situaciones de riesgo. Ni la toma de acciones preventivas ni correctivas ya que no se tiene información almacenada ni tratamiento de ellos.

1.3.1 PROBLEMA CENTRAL.

La falta de un modelo de propagación de un agente portador, en estudio bajo un análisis matemático, impide crear planes de prevención.

1.3.2 PROBLEMAS SECUNDARIOS.

- No se tiene el control del vector en estudio instalado en los sectores del país, por lo que ocurre un riesgo de que se propague de forma exponencial.
- No se cuenta con la información confiable de la situación futura del vector dentro del país.
- Un control sobre la adaptación del vector en una determinada región sujeta a los cambios climáticos, deforestaciones entre otros factores que sufre la naturaleza.
- No se cuenta con estudios de la dinámica del comportamiento poblacional del vector en Bolivia.
- No se cuenta con información en tiempo real. Para su tratamiento.
- No se cuenta con un estudio de las zonas geográficas con relación al clima en Bolivia.

1.4 DEFINICIÓN DE LOS OBJETIVOS.

1.4.1 OBJETIVO GENERAL.

Desarrollar un modelo de propagación de un agente portador, en estudio bajo un modelo matemático y sistemas de información geográficos.

1.4.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS.

- Recopilar información de la temperatura y la precipitación de la entidad encargada dentro del país.

- Elaborar un prototipo en base al modelo matemático que muestren la dinámica de la población del vector en función a variables.
- Obtener información de las regiones donde se registró la presencia del vector.
- Elaborar mapas donde se muestre el cambio climático histórico y actual para Bolivia.

1.5 HIPÓTESIS.

El uso del análisis matemático y tecnología de georreferenciación, permite al modelo predecir el comportamiento de la población del vector en función al cambio climático en Bolivia.

1.5.1 OPERACIONALIZACIÓN DE VARIABLES.

En base a la hipótesis planteada se pueden identificar las siguientes variables.

Variable independiente, la metodología de análisis matemático en función al cambio climático.

Variable dependiente, pronosticar la propagación del vector bajo un análisis de datos almacenados en regiones de Bolivia.

1.6 JUSTIFICACIÓN.

1.6.1 JUSTIFICACIÓN ECONÓMICA.

El proceso planteado tiene como ventaja, el ahorro de recursos económicos con un bajo costo de implementación de la aplicación y realizar una consulta y obtener datos e información sobre el comportamiento del vector en estudio, así misma información del suelo con relación a los cambios climáticos.

Siendo que la tecnología en la actualidad y particularidad tienden de no necesitar un medio físico costoso y ostentoso en tamaño para funcionar, eso fundamentalmente es una gran ventaja. Por lo que el modelo traerá beneficios de ahorro, tiempo y espacio, porque este software le permitirá al usuario general usarla a cualquier hora y lugar. Gracias a la portabilidad la podrán usar en lugares donde uno se encuentre.

1.6.2 JUSTIFICACIÓN SOCIAL.

Coadyuvar y brindar información a la sociedad sobre este tipo de eventos no controlados, y generar así una educación sobre alertas tempranas sobre eventos de esta naturaleza.

Se sustenta socialmente en el hecho de que será de mucha ayuda para organizaciones gubernamentales y no gubernamentales, que requieren conocer un futuro cercano a este tipo de enfermedades y su comportamiento. Así tener una cultura para este tipo de fenómenos biológicos y sus consecuencias.

La población de Bolivia se beneficia con la información precisa de los sectores donde debe tener una mayor precaución, brindándoles una mayor seguridad, y reducir el riesgo y desconocimiento sobre estas enfermedades con relación a los brotes naturales.

1.6.3 JUSTIFICACIÓN CIENTÍFICA.

Este trabajo se constituye en un aporte transversal y un instrumento que aportará al conocimiento científico lo que nos permite analizar y enmarcar los patrones que fueron tomados en estudio. Por lo que se aborda diferentes áreas de estudio, entre las que podemos mencionar las matemáticas, ya que primeramente se plantea un análisis matemático que represente el comportamiento del vector en función a factores climáticos.

Por otro lado, se incursiona en el área de simulación, lo que permitirán aplicar el modelo matemático en las regiones de Bolivia.

1.7 ALCANCES Y LÍMITES.

1.7.1 ALCANCES.

- La presente investigación se enmarca en el análisis matemático de propagación para mejorar el análisis lo cual se maneja la información de forma segura dentro los parámetros establecidos;

- El proceso de simulación está destinado a analizar la propagación del agente causal en Bolivia, con una expansión geográfica de todo el territorio boliviano, para esto se utilizan los mapas geográficos del país como elementos de entrada;
- Analizar y ver el comportamiento de los datos con relación al tiempo;
- Por la naturaleza y la complejidad de la tecnología será evaluada en un área limitada y controlada, para nuestro trabajo será la ciudad de La Paz;

1.7.2 LÍMITES.

El agente es transmisor de varias enfermedades endémicas, lamentablemente no se cuenta con datos confiables de los casos registrados de todas las enfermedades que transmite. Incluso en la zona donde vive el agente. En el presente trabajo solo se toma en cuenta los datos de los casos confirmados.

Otro factor que no se toma en cuenta es el transporte motorizado y aéreo, esto debido a que se requiere de un estudio vial, y un tratamiento de datos diferente dentro de los sistemas de información geográficos. En la actualidad no se cuenta con un mapa preciso del transporte automotor para el área rural y algunos sectores del área urbana.

El modelo está basado en factores climáticos, como la precipitación y la temperatura, por lo que se produce una alta dependencia de los datos pronosticados, deforestación y erosión del suelo.

Es importante señalar que, si los datos pronosticados no se llegaran a cumplir, influiría de manera negativa en el modelo. En el proceso de simulación se utiliza una frontera cerrada, es decir, no se toman en cuenta las condiciones ni características de los países vecinos, debido a que no se cuenta con datos disponibles y confiables de los países fronterizos.

1.8 APORTES.

1.8.1 PRÁCTICO.

En el presente trabajo se realiza el proceso de simulación de la propagación del vector, con base en factores climáticos y datos de los casos confirmados de las enfermedades del vector, mostrando los resultados en mapas geográficos del territorio de Bolivia.

Se recolectó información actualizada y confiable de los datos climatológicos de Bolivia. También se recolectaron datos actualizados, los mismos son tratados en base a modelos matemáticos. La información mencionada anteriormente es procesada empleando herramientas de sistemas de información geográficos, a su vez estos son utilizados y combinados con las ciencias informáticas. Los resultados se visualizan en mapas departamentales de Bolivia, de forma que sean fácilmente comprensibles para la población y las instituciones correspondientes.

1.8.2 TEÓRICO.

La presente investigación tendrá como logro impulsar el estudio y prevención sobre las enfermedades que tiendan a ser epidémicas por su rápida expansión, siendo que el modelo matemático de propagación está diseñado para ello, teniendo los datos científicos y el procedimiento para realizar el trabajo.

Para el apoyo y generación de datos de información y conocimiento útil, que sirva a la toma de decisiones. Por sobre todo a la investigación de temas medioambientales, apoyado por las nuevas tecnologías de la información y la comunicación.

1.9 METODOLOGÍA.

La metodología a aplicarse en el desarrollo del presente trabajo de tesis es el método científico, deductivo que es camino de la observación, la interpretación y la comparación que sigue la ciencia para encontrarse a sí misma o mejorarse.

Como método general se utilizará el inductivo-deductivo.

Ahora el método a usar de desarrollo es KDD Descubrimiento de Conocimiento en base de datos (Knowledge Discovery in databases).

Esta metodología tiene una etapa mediante la cual se localiza la información en un gran grupo de datos para producir conocimiento. **El objetivo principal de esta metodología es automatizar el procesamiento de los datos, permitiendo a los usuarios dedicar más tiempo a las tareas de análisis.** (Kagan, 1994) ver figura 1.2

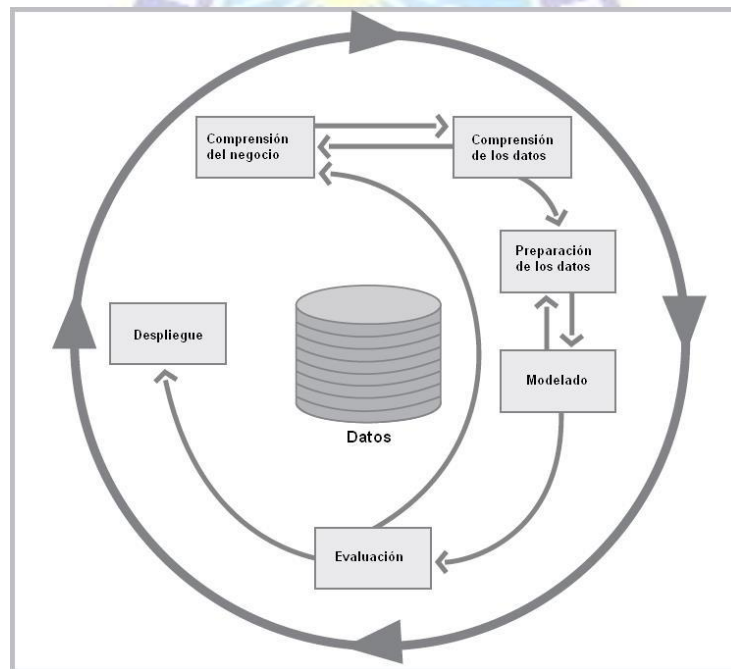


Figura 1.2 Fase de investigación.
Fuente: Kagan, 1994.

2 CAPÍTULO II MARCO TEÓRICO.

2.1 INTRODUCCIÓN.

Éste capítulo tiene por objetivo construir el marco teórico, conceptual sobre el cual se sustentara la investigación, al ser estudio de carácter transversal es necesario conocer los elementos conceptuales sobre el cual se sustenta la investigación tanto en el área natural, lo que es análisis de tierras, ciclo de incubación de formación del agente causal y las herramientas tecnológicas que actualmente son o pueden ser utilizadas, todo esto tratando siempre de relacionar al campo de la dinámica de sistemas con la finalidad de construir un modelo predictivo adecuado el cual posibilite y minimice errores y maximice los beneficios en el área de predicción de propagación en un punto determinado.

2.2 EL ARTE DEL MODELADO.

Es el proceso mediante el cual se deduce un modelo de sistema en un área de estudio, puede describirse mejor como un arte intuitivo. Cualquier conjunto de reglas, el desarrollar modelos tiene una utilidad máxima y solamente puede servir como una estructura o planteamiento sugerido. El arte de la modelación consiste en habilidad para analizar un problema, resumir sus características esenciales, seleccionar y modificar las suposiciones básicas que caracterizan al sistema y luego enriquecer y valorar el modelo hasta obtener una aproximación útil. (Gonzales,1995)

En general uno puede simplificar, si se hace lo siguiente. Mientras que el enriquecimiento implica exactamente lo contrario:

- Convertir las variables en constantes.
- Elimina o combinar variables.
- Suponer linealidad.
- Agregar suposiciones más potentes y restricciones.
- Restringir los límites del sistema.

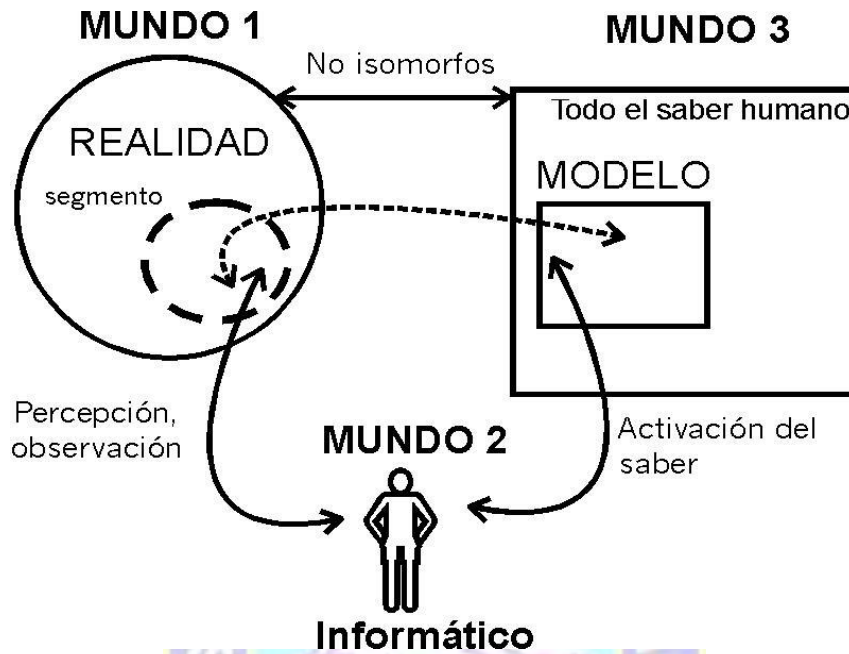


Figura 2.1 Concepción del Sistema.
Fuente: Gonzales, 1995.

La naturaleza evolutiva de la construcción de modelos es inevitable y deseable, por lo tanto, no debemos pensar en un proyecto como el diseño de un solo gran modelo. Conforme se logran los objetivos y se resuelven los problemas, se identifican nuevos problemas o se desea mayor realismo, lo cual conduce a las revisiones del modelo y a mejores soluciones.

Esto implica un análisis de inferencia el cual nos permitirá analizar los datos por conjuntos. Este proceso de empezar con un modelo simple y luego hacerlo más elaborado y enriquecido también tiene implicaciones positivas para el proceso de implementación.

Debido a que la simulación se interesa en las soluciones de problemas del mundo real, debemos asegurarnos que el resultado final describe gráficamente la situación verdadera. No existe una justificación que sea factible para la preparación de un modelo de simulación, si este no se usa o no es utilizable para la toma de decisiones.

Por lo tanto, debemos establecer algunos criterios, que cualquier modelo debe cumplir. Un modelo de simulación de ser:

- Fácil de entender por parte del usuario.
- Dirigido a metas u objetivos.
- Sensato que nos proporcione respuestas lógicas.
- Fácil de encontrar y manipular por parte del usuario, es decir debe ser sencillo comunicarse con el modelo.
- Completo, a lo que se refiere a situaciones importantes.
- Adaptable, que utilice un sencillo procedimiento para modificar y actualizar el modelo.
- Evolutivo de tal forma que debe ser sencillo al principio y adquirir complejidad durante el proceso de acuerdo con el usuario. (Morris,1998)

2.2.1 FORMULACIÓN DE MODELOS.

Cada estudio implica recopilar datos, la recopilación de datos por lo general se interpreta como recopilación de números, pero dicha recopilación es solo un aspecto de la recopilación de los datos.

El analista debe preocuparse por los datos referentes a las entradas y salidas del sistema que se estudia, así como la información acerca de los componentes del sistema y sus interconexiones o relaciones entre ellas.

Por lo que se interesa en la recopilación de datos cuantitativos y cualitativos, y debe decidir qué datos se necesitan, si son de importancia. Si los datos existentes son válidos para sus propósitos y como se debe recopilar esta información.

El diseño de un modelo de simulación estocástico siempre implica una selección acerca si se deben usar los datos empíricos directamente en el modelo o se debe emplear la probabilidad teórica o las distribuciones de frecuencia. (Méndez, 2012)

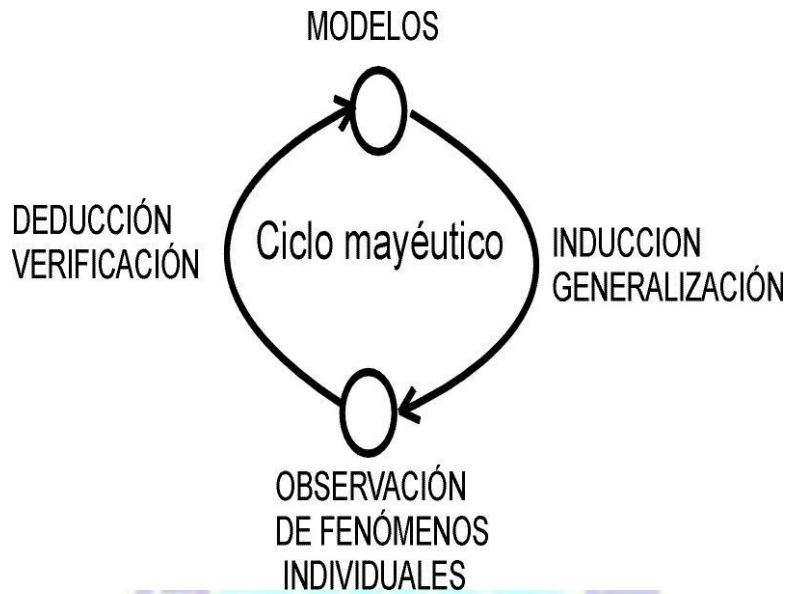


Figura 2.2 Enfoque del Modelo.
Fuente: Richardson y Pugh, 1981.

2.2.2 CONSTRUCCIÓN DEL MODELO.

La construcción de un modelo es un proceso en el cual se debe convertir la información, el conocimiento del sistema en un modelo, para tal objetivo debemos realizar tareas fundamentales:

- Especificar los componentes que se incluirán en el modelo.
- Especificar los parámetros y variables asociados con los componentes.
- Especificar las relaciones funcionales entre los componentes, parámetros y variables.
- Formulación fase importante el cual nos proporcionara la estructura preliminar.

Todo el proceso del diseño del modelo, de su validación, diseño de experimentos y obtención de conclusiones en base a los experimentos resultantes está estrechamente liga al propósito específico del modelo. Nadie puede construir un modelo, sin tener en mente una meta experimental explícita. El modelo debe tener una estructura más o menos abierta, de modo que las preguntas adicionales, que surgen a consecuencia de los primeros resultados

experimentales podrían contestarse después. Después de definir la meta o propósito para la cual se construye el modelo, primero se debe definir los componentes pertinentes, este proceso incluye la especificación de todos los componentes del sistema que contribuyen a la efectividad o ineficiencia de su operación. Una vez que se especifica una lista completa de los componentes se deben seleccionar aquellos que se incluirán en el modelo, estos son más fáciles de realizar, debido a que en esta etapa el desarrollo del modelo no siempre queda claro si es o no significativo para el objetivo general. Una de las preguntas clave que se debe contestar es si un componente en particular debe considerarse como parte del modelo o parte del medio. Ver figura 2.3 (Hannon y Ruth,1999)



Figura 2.3 Fases de Análisis.
Fuente: Hannon y Ruth,1999.

Después de especificar los elementos, las reglas y uniones lógicas, es necesario probar el modelo en forma exhaustiva. Esta prueba se puede realizar de manera parcial con una versión simplificada de la simulación, una vez verificado que se reciba cada dato de la fuente apropiada y que cada resultado sea aceptable para el siguiente sub modelo. También deben probarse los componentes individuales del modelo para verificar que su desempeño interno sea razonable congruente con la realidad y debe hacerse hincapié en que, al igual que cualquier modelo de simulación no tiene que ser una representación exacta del sistema real.

Cuando no se puede predecir con exactitud el comportamiento de un elemento, dado el estado del sistema, es mejor generar observaciones aleatorias de las distribuciones probabilísticas, que usar promedios para simular el funcionamiento de este elemento. Una pregunta que puede surgir al elegir las distribuciones probabilísticas para el modelo es si debe utilizarse las distribuciones de frecuencia da datos históricos por segmentos, así buscar la distribución teórica que mejor se ajuste a estos datos para ellos se maneja el modelo de Gutemberg-Richter y la distribución de Poisson. (Lomnitz, 1996)

2.2.3 MODELO KDD.

Se mencionó en el capítulo anterior se usará el modelo KDD siendo que se ajusta más a las necesidades del trabajo. KDD Proceso de Extracción de Conocimiento, está principalmente relacionado con el proceso de descubrimiento conocido como Knowledge Discovery in Databases (KDD), que se refiere al proceso no-trivial de descubrir el conocimiento e información potencialmente útil y dentro de los datos contenido en algún repositorio de información, no es un proceso automático, es un proceso iterativo que exhaustivamente explora volúmenes muy grandes de datos para determinar relaciones. Es un proceso que extrae información de calidad que puede usarse para dibujar conclusiones basadas en relaciones o modelos dentro de los datos. La siguiente figura ilustra las etapas del proceso KDD siendo este que se divide en 5 etapas para lograr su objetivo.

KDD Knowledge Discovery from Databases

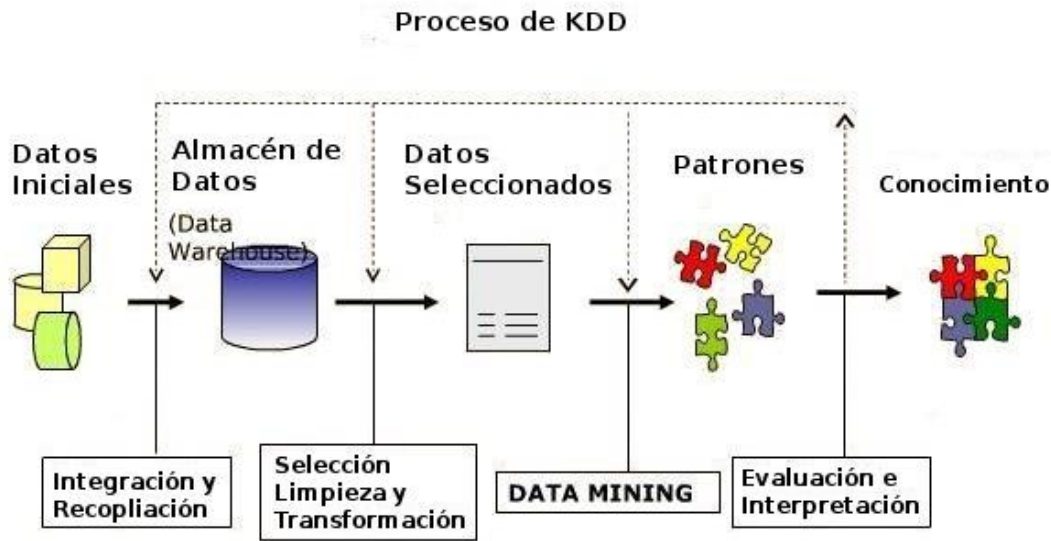


Figura 2.4 Fase del modelo.
Fuente: kamber, 2001.

2.3 DESCRIPCIÓN GENERAL.

Existen diferentes factores dentro de una enfermedad que nos hacen no poder estudiar todas de la misma forma, como son. **El modo de transmisión, los agentes infecciosos, la población afectada y los estados por los que puede pasar un individuo.**

- **El modo de transmisión**, algunas se transmiten de persona a persona, como es el caso del SIDA. Otras se transmiten a través del medio ambiente. Como el cólera. Un tercer grupo se transmiten mediante agentes (normalmente insectos) que son infectados por humanos e infectan a otros humanos, como la malaria.
- **Los agentes infecciosos**, que son microorganismos capaces de producir una infección o una enfermedad infecciosa, influyen en los diferentes estados por los que pasa, podemos observarlo en la tabla 2.1.

- **La población afectada**, depende de las características de la población:
 - a) Si no se tiene en cuenta el cambio en el número de la población, es decir, si hay inmigración, emigración, muertes y nacimientos, o si sí se tiene en cuenta.
 - b) Del estado de la enfermedad.
 - c) De los posibles factores que afectan según la edad o el sexo, por ejemplo.
- **Los estados por los que puede pasar un individuo**, los posibles estados son:

TIPO DE CONTAGIO	DESCRIPCIÓN			
Agente/vía	De persona a persona (o seres de la misma especie)	A través de agua y alimentos	normalmente insectos contagiados anterior por otras personas, a personas	De agentes, ya sean animales, o plantas, a personas.
Virus	Herpes, VIH, gripe		Dengue, fiebre amarilla	Rabia, Hantavirus
Bacteria	Tuberculosis, Meningitis	Cólera, fiebre tifoidea.	Lyme	Antrax
Proteasoma	Sífilis		Malaria	
Priones	Kurv			Creutzfeldt
Gusanos		Dracunculiasis	Filariasis	Triquinosis

Tabla 2.1 Tipos de enfermedades según transmisión.
Fuente: Organización de Salud, 1990.

- **Susceptibles (S)**, Individuos sanos y que pueden contraer la enfermedad.
- **Expuestos (E)**, individuos infectados pero que no pueden contagiar la enfermedad.
- **Infectados (I)**, individuos infectados y que pueden contagiar a otros.
- **Resistentes (R)**, individuos resistentes a la enfermedad, normalmente lo han superado o han sido vacunados.
- **Portadores (M)**, individuos que portan la enfermedad, pero puede que no la padezcan nunca.

2.4 TIPOS DE MODELOS MATEMÁTICOS EN EPIDEMIAS.

Hay dos tipos de modelos:

- **Modelos estocásticos**, son modelos matemáticos, que aparecieron a comienzos del siglo XX, donde al menos una variable es tomada como un dato al azar y las relaciones entre variables se toman por medio de funciones probabilísticas. (una misma entrada puede producir diversos estados y salidas, de manera impredecible.)
- **Modelos determinísticos**, son modelos matemáticos, que aparecieron a finales del siglo XIX, donde las mismas entradas producirán invariablemente las mismas salidas, no contemplándose la existencia del azar. (las mismas entradas producen siempre el mismo estado y las mismas salidas.)

En las epidemias, para el caso determinístico la población queda determinada por un valor único, mientras que en el caso estocástico la población puede variar desde 0 individuos hasta N, esto influye en el resultado, ya que, en un modelo determinístico, un solo sujeto causa una epidemia generalizada, mientras que, en el otro caso, es muy probable que solo un individuo infectado provoque que la enfermedad se extinga.

2.5 PRINCIPALES MODELOS.

Tenemos que distinguir entre epidemia y endemia a la hora de hacer los modelos, ya que uno de los factores a estudiar es si la epidemia será o no endemia.

- Epidemia. Prevalece únicamente un determinado tiempo o bajo unas determinadas circunstancias.
- Endemia. Prevalece durante mucho tiempo.

Para saber si una epidemia será o no endémica definimos el siguiente indicador:

- R_0 es el número básico de reproducción definido como el número medio de infecciones secundarias que ocurren cuando un individuo infeccioso es producido en una población susceptible. Es decir, cuantos individuos va afectar directamente el

paciente cero. La cantidad R_o es de gran importancia en epidemiología, ya que indica si la infección se va a extender. Es la clave para entender por qué los programas de vacunación funcionan. Definimos el valor R_o :

$$R_o = \int_0^{\infty} b(a)F(a)da \quad (2.1)$$

Donde $F(a)$ es la probabilidad de que un nuevo infectado continúe infectado hasta el tiempo a y $b(a)$ es el número medio de nuevos infectados producidos por un individuo infectado por la unidad de tiempo si este permanece infectado por un tiempo a . La probabilidad de que un nuevo infectado continúe infectando se calcula mediante la fórmula.

$$F(a) = e^{-\int_0^a p(t)dt} \quad (2.2)$$

Donde $p(t)$ representa la proporción de individuos infecciosos que se recuperan o mueren.

2.6 MODELO CLÁSICO DE KERMACK Y MCKENDRICK.

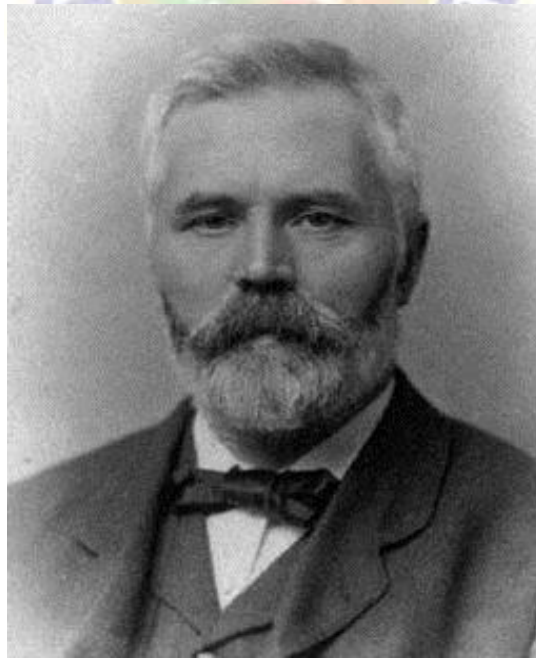


Figura 2.5 Anderson Gray M. 1876- 1943.
Fuente: Kermack, 2005.

En esta sección se analizará el modelo clásico de Kermack y Mc Kendrick, modelo tipo SIR, para eso dividiremos a la población de individuos atacados por el virus en tres clases. Comenzaremos por la clase S que corresponde al grupo de individuos susceptibles a una enfermedad transmisible. Estas personas no tienen inmunidad contra el agente infeccioso por lo que podrán infectarse si se exponen.

La segunda clase que denotaremos por I representa el grupo de individuos infectados, las cuales son capaces de transmitir la enfermedad a las personas susceptibles con las que entran en contacto. Por último, la clase R representa a los individuos recuperados de la infección, es decir, aquellos individuos que tienen o han tenido la infección y que se convierten en inmunes a la enfermedad y como consecuencia estos individuos no afectan a la dinámica de la transmisión de la enfermedad cuando entran en contacto con otras personas.

2.7 HIPÓTESIS DEL MODELO SIR.

El modelo que se presenta tiene como base las siguientes suposiciones:

- La población que se considerara en este modelo es constante y su tamaño es igual a N , es decir, se consideraran las mismas tasas de nacimiento y muerte durante el proceso de propagación de la enfermedad, pues el tiempo de duración de una epidemia es corto.
- No se tomarán en cuenta las inmigraciones y emigraciones de la población, es decir, la población será considerada cerrada.
- La población esta homogéneamente mezclada. El proceso de transmisión de la enfermedad está regido por la ley de acción de masas.
- El periodo de latencia desde el momento de la exposición hasta aquel en que el individuo comienza a ser infeccioso es lo suficientemente pequeño como para no tomarlo en cuenta.
- Los individuos infecciosos abandonaran su clase a una tasa constante para pertenecer a la clase de recuperados.

2.7.1 ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS DEL MODELO.

De acuerdo a las suposiciones anteriores se darán las ecuaciones diferenciales que modelan una epidemia, en base a la división que se hizo de la población total N , en Susceptible (S), Infecciosos (I) y Recuperados (R), como se observa en la figura 2.6 que representa la transición entre las clases. Como se mencionó en la sección anterior la ley de acción de masas, menciona que el número de personas susceptibles que pasan a convertirse en infecciosas, es proporcional al producto del número de individuos susceptibles por infecciosos, es decir, que la tasa de pérdida de personas susceptibles es βSI , así obtenemos la primera ecuación que describe a los individuos susceptibles.

$$S'(t) = -\beta SI \quad (2.3)$$

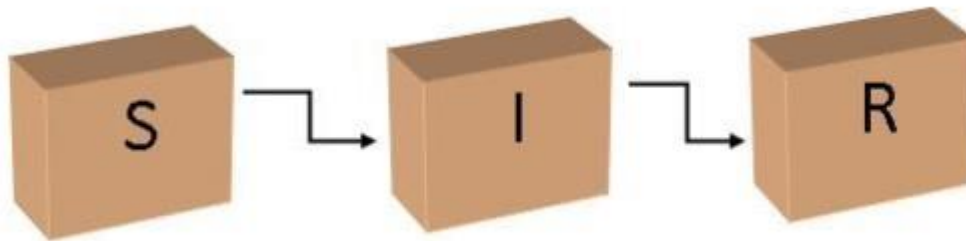


Figura 2.6 Esquema del modelo SIR.
Fuente: Kermack, 2005.

El signo negativo indica la pérdida de individuos susceptibles.

βSI También indica la tasa de ganancia de individuos infecciosos por la ley de acción de masas, y γ representa la tasa de ganancias de individuos recuperados, es decir, γI indica la salida de la clase infecciosa, así obtenemos la ecuación diferencial para los infectados.

$$I'(t) = \beta SI - \gamma I \quad (2.4)$$

Y la ecuación que describe a los recuperados es,

$$R'(t) = \gamma I \quad (2.5)$$

Pues indica la salida de la clase infecciosa con una tasa γ positiva.

Como la población total N se dividió en Susceptible, Infecciosos y Recuperados, tenemos que $N = S + I + R$.

De todo lo anterior obtenemos el siguiente sistema de ecuaciones al cual se le conoce como modelo clásico de Kermack McKendrick.

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta SI, & S(0) = S_0, \\ I'(t) = \beta SI - \gamma I, & I(0) = I_0, \\ R'(t) = \gamma I, & R(0) = R_0, \end{cases} \quad (2.6)$$

Donde S_0 , I_0 y R_0 son las condiciones iniciales todas positivas y si suponemos que $R_0 = 0$ estamos diciendo que al inicio del proceso de difusión de la enfermedad, solo hay individuos susceptibles e infecciosos, es decir, $N = S_0 + I_0$ y β y γ son constantes positivas, que representan la tasa de interacción de susceptibles e infecciosos y la tasa de individuos recuperados de la infección.

De igual manera como se hizo en la sección anterior se hará un análisis cualitativo del modelo debido a la no linealidad de dicho sistema de ecuaciones.

2.7.2 ANÁLISIS CUALITATIVO DEL MODELO.

Comenzaremos el análisis de este modelo suponiendo que podemos calcular a la clase recuperada R en cualquier intervalo de tiempo mediante la ecuación $R(t) = N - S(t) - I(t)$, así solo consideraremos las dos primeras ecuaciones del sistema 2.6, ya que la tercera ecuación se deduce de las dos primeras, es decir, consideramos el sistema de ecuaciones:

$$S'(t) = -\beta SI \quad 2.7$$

$$I'(t) = \beta SI - \gamma I$$

Observemos que este nuevo sistema de ecuaciones es un caso particular del sistema de ecuaciones 2.8, el modelo Lotka - Volterra. Si en el sistema de ecuaciones 2.8 suponemos que los parámetros $\alpha = 0$ y $\gamma = \beta$ se tiene el modelo clásico de Kermack y McKendrick expresado en el sistema de ecuaciones 2.7.

De igual manera debido a la no linealidad de este nuevo sistema no podemos resolverlo de manera analítica, así que realizaremos un análisis cualitativo de este nuevo sistema.

$$\begin{cases} h'(t) = (\alpha - \gamma v(t))h(t), & h(t_0) = h_0, \\ v'(t) = (\beta h(t) - \gamma)v(t), & v(t_0) = v_0, \end{cases} \quad (2.8)$$

Donde $h(t_0) = h_0$ y $v(t_0) = v_0$ definen el estado inicial de las poblaciones de hospederos y virus respectivamente, α y γ son los parámetros que representan la razón de cambio de ambas poblaciones en ausencia de hospederos y virus respectivamente, es decir, las tasas de nacimiento y muerte para hospederos y virus. γ y α son las tasas de interacción entre hospederos y virus; γ es la tasa de infección del hospedero y β es la tasa de crecimiento del virus por la interacción entre ellos respectivamente.

Debido a la no linealidad del sistema de ecuaciones 2.8, en las siguientes subsecciones se hará un análisis cualitativo de este modelo y veremos sus limitaciones para describir una epidemia.

Lo que nos interesa saber de este modelo es que, si conocemos los parámetros, μ y β las condiciones iniciales S_0 e I_0 , cuando la infección se propagara a la población, y sobre todo conocer el comportamiento de la epidemia, es decir, el probable curso que tendrá y cuando comenzara a declinar el brote epidémico.

Para saber si habrá un brote epidémico haremos el siguiente análisis:

Caso 1. Si $I' > 0$ en el tiempo t_0 , entonces $I'(0) = I_0(\beta S_0 - \gamma) > 0$ si $S_0 > \frac{\gamma}{\beta}$, por tanto el número de infecciones aumentara y habrá una epidemia. Entonces para algún $t > 0$, existirá un brote epidémico si $I(t) > I_0$, como se mencionó anteriormente $I_0 > 0$.

Caso 2. Si $I' < 0$ en el tiempo t_0 , entonces $I'(0) = I_0(\beta S_0 - \gamma) < 0$ si $S_0 < \frac{\gamma}{\beta}$, por tanto no habrá una epidemia, pues podemos observar de la primer ecuación que $S' < 0$ para cualquier instante de tiempo t , por tanto $S'(t) \leq S_0$, para cualquier $t \geq 0$. Si consideramos inicialmente la condición $S_0 < \frac{\gamma}{\beta}$, siempre se cumplirá que $I'(t) = I(\beta S - \gamma) \leq 0$, entonces $I_0 \geq I(t)$, para cualquier $t \geq 0$.

Del caso 1 podemos obtener el siguiente resultado

Si $I' > 0$ en el tiempo t_0 , entonces $I'(0) = I_0(\beta S - \gamma) > 0$, y por las condiciones iniciales sabemos que $I_0 > 0$, así $I'(0) = I_0(\beta S - \gamma) > 0$ si, $\beta S - \gamma$, es decir, si $\frac{\beta S_0}{\gamma} > 1$ de lo cual obtenemos que sí.

$$\frac{\beta S_0}{\gamma} > 1, \quad (2.9)$$

Entonces habrá un brote epidémico.

De la misma manera del caso 2, obtenemos que

Si $I' < 0$ en el tiempo t_0 , entonces $I'(0) = I_0(\beta S_0 - \gamma) < 0$, y por las condiciones iniciales sabemos que $I_0 > 0$, así $I'(0) = I_0(\beta S_0 - \gamma) < 0$ si, $(\beta S_0 - \gamma) < 0$, lo cual implica que $\beta S_0 < \gamma$ es decir que $\frac{\beta S_0}{\gamma} < 1$, entonces tenemos que sí.

$$\frac{\beta S_0}{\gamma} < 1, \quad (2.10)$$

No habrá un brote epidémico.

Denotaremos a este cociente por R_0 así:

$$R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma} \quad (2.11)$$

Y lo llamaremos número reproductivo básico de la infección, del cual solo se mencionará por ahora que es el número de infecciones secundarias producidas por una infección primaria en una población totalmente susceptible. El siguiente capítulo está dedicado al estudio de este y otros parámetros importantes. El número reproductivo básico es un parámetro importante para estudiar la dinámica de una epidemia o una enfermedad que está bajo control por la vacunación, pues para reducir la tasa de reproducción de una epidemia se debe de reducir el número de individuos susceptibles R_0 y la vacunación es un método para conseguirlo.

En una población donde no existen individuos infecciosos consideraremos a $R_0 = N$. El periodo de permanencia de la clase infecciosa es $\frac{1}{\gamma}$, el cual se obtiene al hacer el siguiente análisis.

Consideraremos a los individuos que estaban infectados al mismo tiempo y denotaremos al número de individuos que siguen infectados en el tiempo t como $x(t)$, y además consideramos que los individuos infecciosos abandonan su clase para pasar a la clase de recuperados a una razón γ , entonces tenemos que:

$$x'(t) = -\gamma x(t) \quad (2.12)$$

Así obtenemos que la solución general de la ecuación anterior es $x(t) = ke^{-\gamma t}$, donde la constante K se obtiene a partir de las condiciones iniciales $x(0)$. Entonces $e^{-\gamma t}$ denota la proporción de individuos expuestos a la enfermedad que inmediatamente pasarán a ser infecciosos en el tiempo t y que seguirán siendo infecciosos en el instante de tiempo $t_0 + t$; tal que $t \in [0, \infty)$. Por tanto, la duración del período de infección se distribuye de manera exponencial con una media o esperanza $R_0 \int_0^\infty t\gamma e^{-\gamma t} dt = \frac{1}{\gamma}$, que es el periodo de permanencia de la clase infecciosa.

Para $I \neq 0$, las soluciones del sistema de ecuaciones 2.7, se obtienen a partir de lo siguiente:

$$\frac{dI}{dS} = -1 + \frac{\gamma}{\beta S} \quad (2.13)$$

El cual resolvemos por el método de separación de variables, así tenemos que.

$$I = -S + \frac{\gamma}{\beta} \ln S + K \quad (2.14)$$

Donde k es una consonante de integración que se obtiene de las condiciones iniciales S_0 y I_0 , así tenemos que las curvas solución del plano fase (S, I), están determinadas por:

$$p(S, I) = I + S - \frac{\gamma}{\beta} \ln S = K \quad (2.15)$$

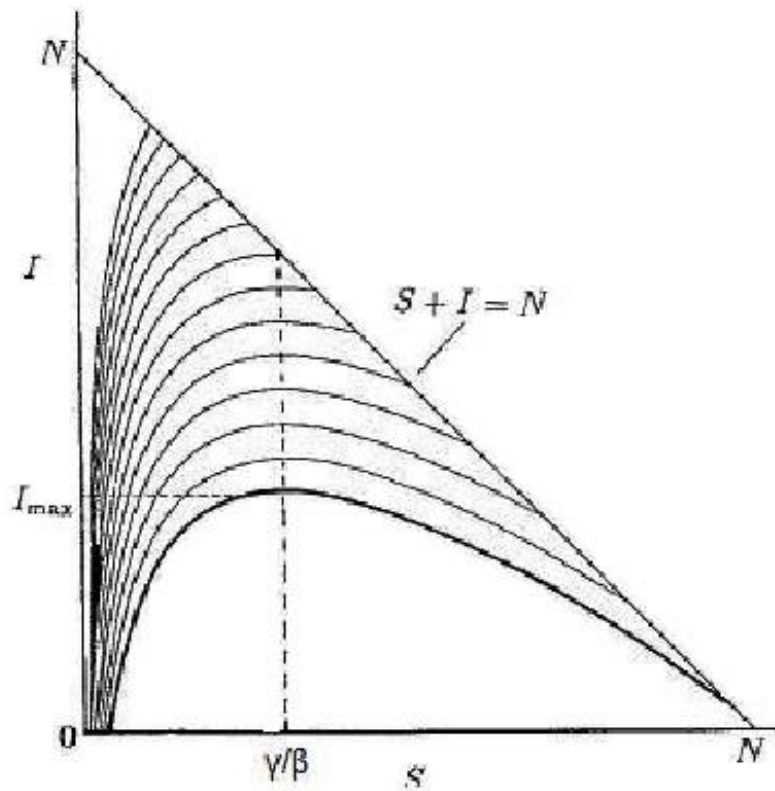


Figura 2.7 Trayectorias del plano Fase.
Fuente: Kermack, 2005.

2.8 MODELO SIRS.

En esta sección se hará un análisis de un modelo epidemiológico más general conocido como modelo del tipo SIRS. Al igual que en la sección anterior se clasificará a la población en tres clases Susceptibles, Infecciosos y Recuperados. Este tipo de modelos permite introducir una pérdida de la inmunidad que hace que los individuos recuperados pasen a ser susceptibles nuevamente.

2.8.1 HIPÓTESIS DEL MODELO.

El modelo que se presenta a continuación hace las siguientes suposiciones que en su mayoría son las mismas hipótesis del modelo SIR.

- El tamaño de la población que se considerara en este modelo es contante y de tamaño igual a N .
- La población se considera cerrada, es decir, no se toman en cuenta las inmigraciones y emigraciones.
- El proceso de transmisión de la enfermedad está regido por la ley de acción de masas el cual se mencionó.
- Los individuos infecciosos abandonaran su clase a una tasa constante, para pasar a pertenecer a la clase R .
- Los individuos recuperados pueden pasar a pertenecer a la clase S , de individuos susceptible con una tasa de proporcionalidad α .

2.8.2 ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS DEL MODELO.

Teniendo en cuenta las suposiciones anteriores y en base a la figura 2.7 que representa la transición entre las tres clases de individuos, se construyen las ecuaciones diferenciales que modelan a una epidemia SIRS, de la manera siguiente:

En la sección anterior se habló sobre la ley de acción de masas la cual menciona que el número de personas susceptibles que pasan a ser infecciosas es proporcional al producto del

número de individuos susceptibles por infecciosos, es decir, βSI , y los individuos recuperados que pasan a ser susceptibles nuevamente se expresan mediante

αR , por tanto, tenemos que la ecuación que representa a la clase de susceptibles es:

$$S'(t) = -\beta SI + \alpha R \quad (2.16)$$

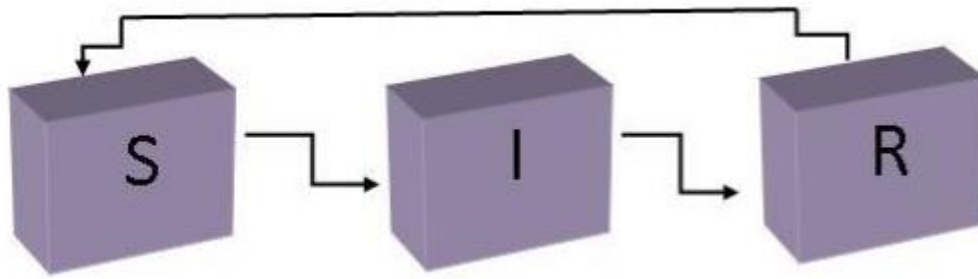


Figura 2.8 Esquema del modelo SIRS.
Fuente: Kermack, 2005.

El signo menos representa la pérdida de individuos susceptibles y el signo + representa la ganancia a partir de los recuperados.

La ecuación diferencial para la clase de los infecciosos es:

$$I'(t) = \beta SI - \gamma I \quad (2.17)$$

Pues βSI indica la ganancia de individuos infecciosos γ y I indica la salida de la clase infecciosa. Y la ecuación que representa a los individuos recuperados es:

$$R'(t) = \gamma I - \alpha R \quad (2.18)$$

Donde γ representa la tasa de ganancias de individuos recuperados y αR representa la salida de la clase recuperada.

Así obtenemos el siguiente sistema de ecuaciones para el modelo tipo SIRS con inmunidad temporal:

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta SI + \alpha R, & S(0) = S_0 \\ I'(t) = \beta SI - \gamma I, & I(0) = I_0 \\ R'(t) = \gamma I - \alpha R, & R(0) = R_0 \end{cases} \quad (2.19)$$

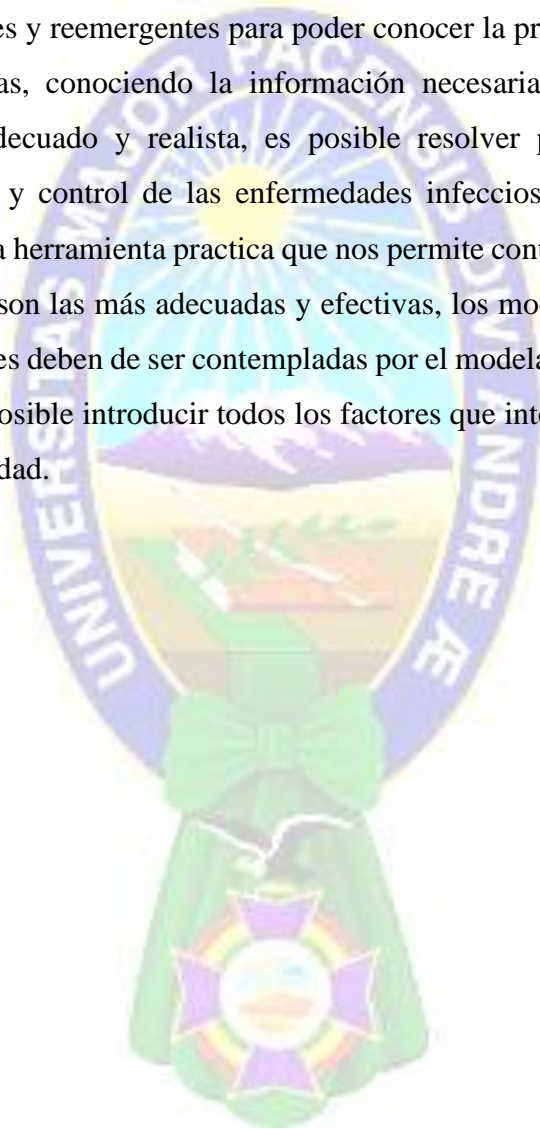
2.9 IMPORTANCIA MATEMÁTICA EN EPIDEMIOLOGÍA.

Las epidemias mencionadas en las secciones anteriores muestran el impacto que las enfermedades tienen sobre la demografía de la población humana como consecuencia de las muertes que ocasionan las enfermedades causadas por microorganismos, principalmente bacterias, virus, parásitos y hongos. Es por ello que la modelación se ha vuelto una herramienta muy importante en el estudio de la propagación de las infecciones, pues la forma en cómo se transmiten las enfermedades de una población a otra es un proceso algo complejo ya que depende de muchos factores sociales, económicos, ambientales, por mencionar algunos y por tanto resulta complicado entender la dinámica de la propagación de una enfermedad sin la estructura de un modelo matemático. Los modelos matemáticos pueden ser usados para las estimaciones del número de individuos que deben de ser vacunados y los tiempos en los cuales se debe generar un programa óptimo de vacunación o la aplicación de períodos de cuarentenas a la población para erradicar controlar una epidemia, es decir, políticas de salud para erradicar algunas enfermedades, así también como el tiempo de transmisión, evolución de la epidemia, resistencias adquiridas a la infección (inmunidad) y sobre todo y quizá lo más importante el predecir el comportamiento o el curso de una epidemia dentro de una población.

Un claro ejemplo de ello son los modelos matemáticos de Hethcote y Yorke en 1984 los cuales compararon los procedimientos para el control de la gonorrea en la población estadounidense. Longini, Ackerman y Elveback en 1978 con la ayuda de un modelo matemático decidieron que grupos de edad deberán vacunarse primero para minimizar el riesgo de muerte en una epidemia de influenza.

Quizá una de las preocupaciones más importantes consiste en que a diario millones de personas cruzan las fronteras de los países lo cual aumenta la probabilidad de que exista

alguna epidemia o pandemia; la invasión de los ecosistemas, el calentamiento global, la degradación del medio ambiente pueden propiciar oportunidades para las enfermedades infecciosas existentes y nuevas. Es por ello la importancia de la modelación matemática en epidemiología que se ha convertido en una herramienta indispensable en el estudio de enfermedades emergentes y reemergentes para poder conocer la propagación y el control de enfermedades infecciosas, conociendo la información necesaria y detallada para poder construir un modelo adecuado y realista, es posible resolver problemas de detección, prevención, tratamiento y control de las enfermedades infecciosas. Aunque los modelos matemáticos son la única herramienta practica que nos permite contestar preguntas acerca de qué medidas de control son las más adecuadas y efectivas, los modelos matemáticos tienen sus limitaciones las cuales deben de ser contempladas por el modelador. Pues en los modelos epidemiológicos no es posible introducir todos los factores que intervienen en el proceso de difusión de una enfermedad.



3 CAPÍTULO III MARCO APLICATIVO

3.1 INTRODUCCIÓN.

En este capítulo se establece el modelo referente a este trabajo de investigación, es completamente necesario tener claro los puntos de interés ya mencionados en el apartado I, es decir en este caso es poder determinar las ondas invariantes de propagación. Para determinar el nivel de contagio del agente portador para ello se pondrán en práctica distintos métodos, técnicas y herramientas que se han seleccionado anteriormente para lograr los objetivos del presente de investigación. Como se mencionó, este trabajo de investigación usará como guía el proceso de KDD (Knowledge Discovery in Database) que coadyuvará a alcanzar los objetivos y poder demostrar la hipótesis. El proceso KDD es el que prácticamente brinda los lineamientos y los pasos a seguir, pues cada una de las fases posee pasos y procedimientos que se deberán seguir. Figura 3.1 permitirá comprender de mejor manera.

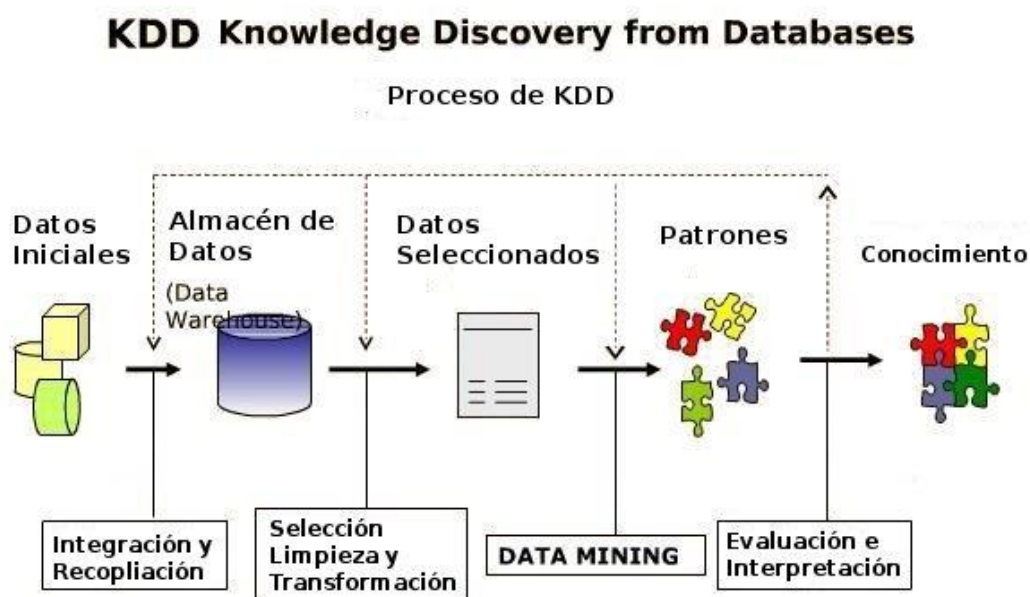


Figura 3.1 Visión general de procesos KDD.
Fuente: Brachman y Anand, 1996.

En la tabla 3.1 se muestra una descripción del modelo a usar.

DESCRIPCIÓN DEL MODELO KDD		
PROCESO KDD	MODELO	APLICACIÓN
Datos	Determinar la fuente de datos que por su utilidad pueden ser utilizados en la investigación.	Datos iniciales bajo zonificación del área de estudio.
Selección de datos	Del conjunto de datos obtenidos de la fuente de información, se debe determinar y seleccionar cuales son de utilidad los cuales serán utilizados.	
Datos seleccionados	El conjunto de datos seleccionados estará formado por datos que poseen las características más relevantes y útiles.	Almacenamiento de datos para su estimación.
Pre procesamiento	A partir de los datos seleccionados, estos vienen a ser representaciones invariables del modelo.	
Datos procesados	En este punto ya cuenta con un archivo, se carga estos datos con el fin de realizar el filtro para luego aplicar las técnicas.	Datos seleccionados.
Trasformación	Etapa donde se realiza la transformación y realización de los datos, mediante filtros.	Patrones en el modelo aplicado.
Datos transformados	Como resultado se tiene un cuadro selectivo de datos y proceder a buscar patrones de interés.	
Modelos y/o patrones	En esta fase se pueden observar ya los modelos y los patrones obtenidos.	
Interpretación y evaluación	En esta fase se realiza la interpretación de los resultados de manera objetiva y no así subjetiva.	Conocimiento.

Tabla 3.1 Descripción del modelo y las fases que se usan en la aplicación.
Fuente: Brachman y Anand, 1996.

3.2 ETAPAS DE SIMULACIÓN.

3.2.1 DATOS INICIALES.

Se mencionó al inicio del capítulo III y capítulo II que el modelo KDD es fuertemente rico en el almacenamiento de los datos y trabajar con ellos para una mejor probabilidad, lo que llevo a la obtención de datos reales y cuidadosamente analizados acorde al tiempo de referencia y fuente.

Lo cual nos llevó a contar y revisar el catálogo de información de años 2011 al 2015 del SEDES de Bolivia, siendo que existe un departamento de epidemiología para el control de estos efectos, el cual es alimentado por los puntos de atención en los diferentes lugares de atención al público.

También el documento de análisis de la entidad de INE Instituto Nacional de Estadística. El cual proporcione información, datos, como edades, sexo, crecimiento poblacional, tasas de nacimiento, tasas de muertes, población actual, que este último es importante para realizar un análisis.

Esto da a conocer que existen movimientos de los agentes que podrían generar una epidemia en cualquier momento y lugar.

Así teniendo un estudio de epidemiología por etapas generando estacionarias y otras ya establecidas en un determinado tiempo.

Para tal hecho de análisis y proyección se realizó el estudio de cada evento individual y la separación de ellos por su magnitud según siendo que estos están asociadas a la deforestación y otros efectos naturales que vienen a ser el plus del modelo planteado.

En la figura 3.2 se muestra lo mencionado, y figura 3.3. Mostrando focos de calor por la quema más conocida como la chacra del área forestal. Ver figura 3.4

A continuación, mostramos las áreas de recursos forestales de Bolivia actuales información que nos delimita el área de estudio siendo que no existe peligro en estas áreas. Ver figura 3.2

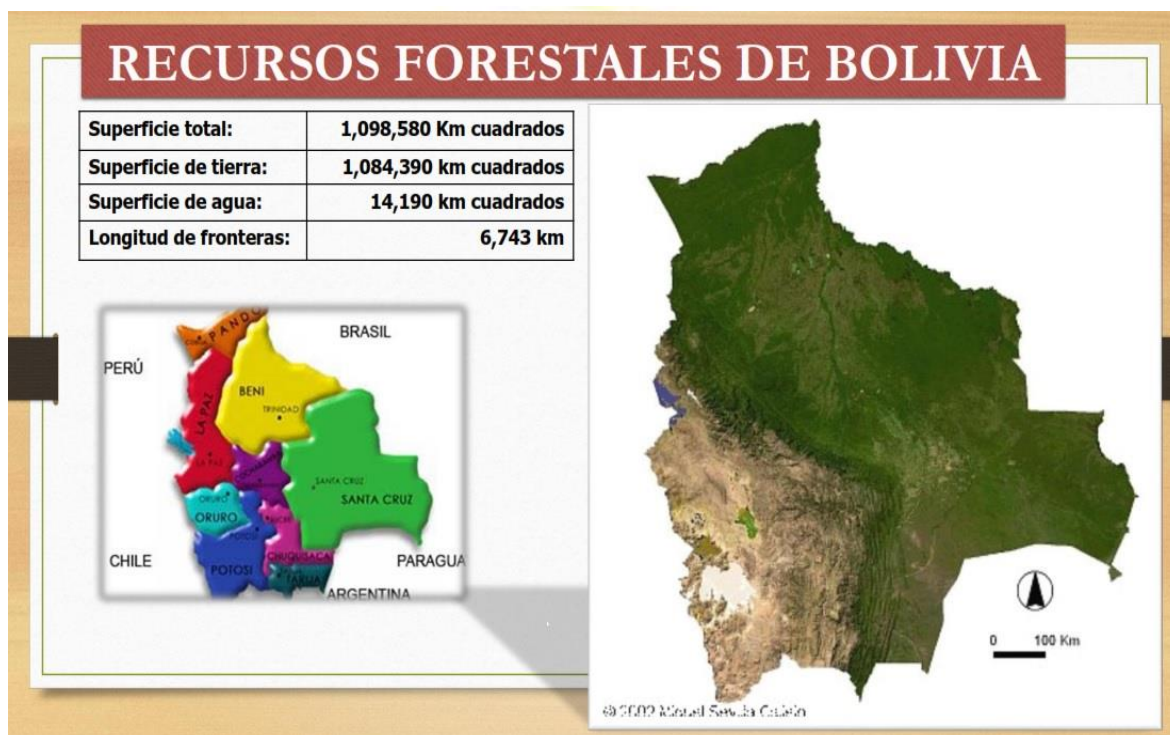


Figura 3.2 Recursos Forestales de Bolivia.
Fuente: Elaboración Propia.

Ahora en la figura 3.3 vemos la distribución forestal.

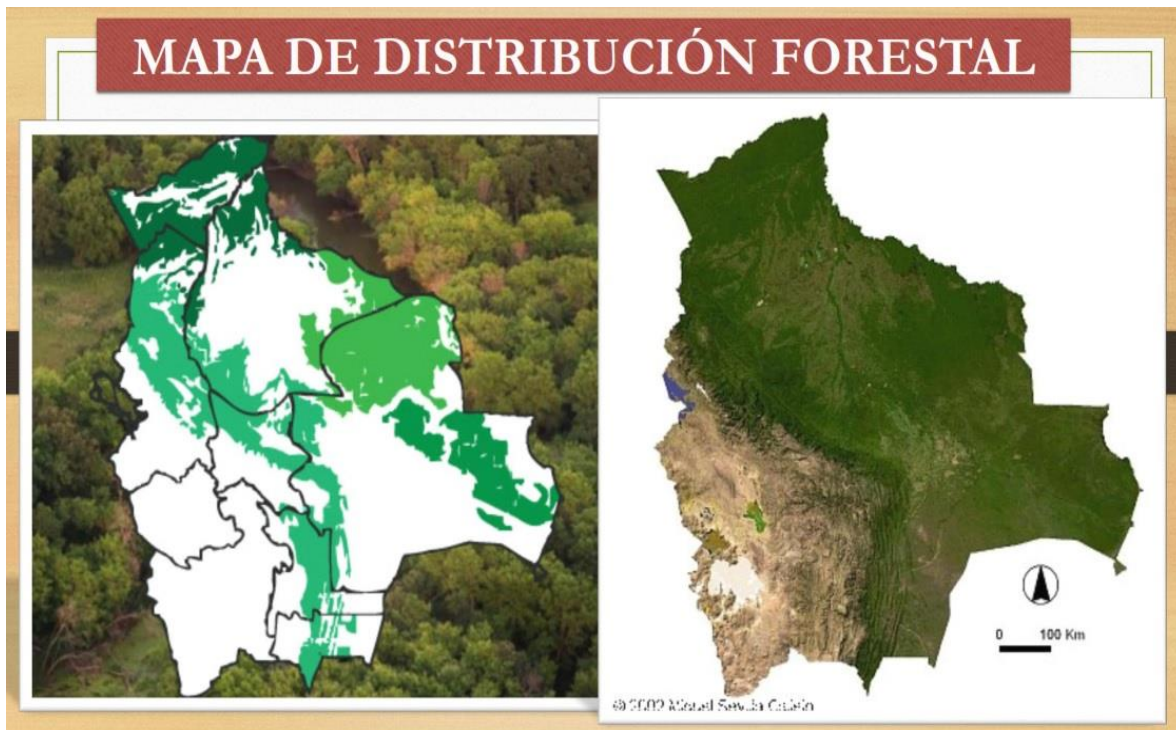


Figura 3.3 Distribución forestal de Bolivia.
Fuente: Elaboración Propia.

Ahora como bien se mencionó los efectos naturales como quema inconsciente de la naturaleza genera una migración de animales y con ellos alguna enfermedad desconocida. Como también los vientos y otros fenómenos naturales que se deben considerar para el estudio de epidemiología.

Por ellos mostramos el efecto de focos de calor los cuales arrasan con el área forestal. Ver figura 3.4

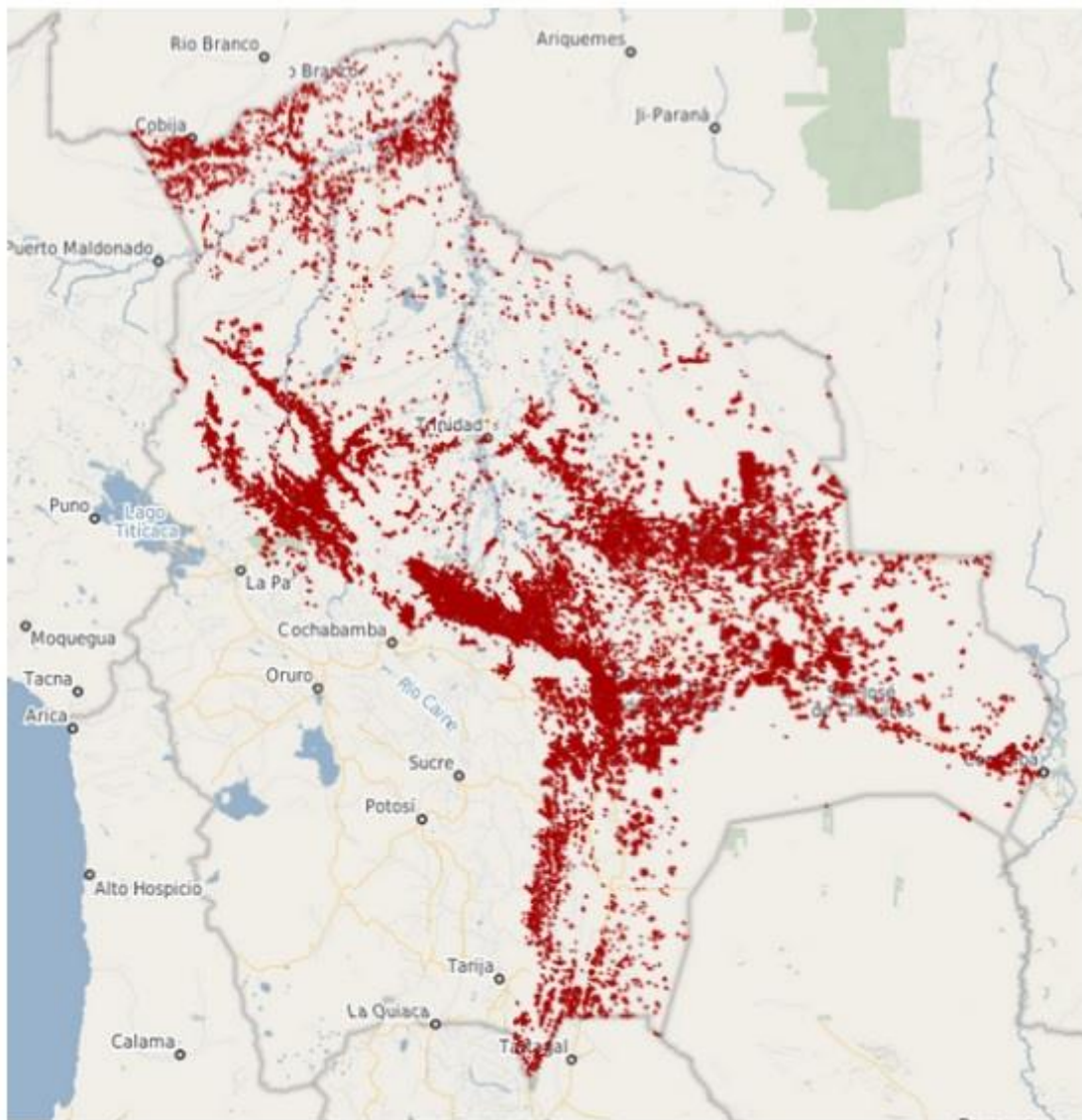


Figura 3.4 Descripción actual de focos de incendios que acabaron con el área forestal en Bolivia.
Fuente: Instituto Geográfico Militar, 2019.

3.2.1.1 ZONIFICACIÓN DEL ÁREA DE ESTUDIO.

En el pasado, se ha estudiado la propagación por el método probabilística tomando en cuenta los parámetros que se rigen en resultados netamente numéricos en base a los datos obtenidos, siendo así que no se da mucha importancia a variables exógenas los cuales ya se mencionó. En el modelo presentado se hizo un estudio tomando en cuenta varios mapas tanto de forestación y estudio de suelo, entre otros, para caracterizar zonas propensas a contagios que permitan el cálculo del riesgo. En la siguiente tabla mostramos un estudio del departamento de la paz donde se realiza la zonificación por tipo de suelo más el ph, realizada por la carrera de ciencias químicas.

Datos Referenciales		
Regiones físicas	Características del suelo	
	pH	Mat (%)
Cordillera occidental	6-8	0-1
Cordillera oriental		
-Alta montaña	5-6	2-4
-Altoandino (Yungas)	4-6	8-15
-Altoandino (Altiplano)	6-7	2-4
-Vertiente oriental (Bosq. nub.)	3.5-4.5	Mucha hojarasca
-Vertiente oriental (Yungas)	4-6	1-4
-Valles interandinos	6-8	1-2
Altiplano		
-Altiplano norte	5-7	2-4
-Altiplano sur	5-8	1-2
Sub andino	3-5	1-2
Llanura beniana	4-5	2-4
Ondulado amazónico	4-5	1-2

Tabla 3.2 Tipos de suelo y rangos típicos del departamento de la Paz.
Fuente: Scielo, 2015.

De esta tabla se toman los valores acordes a el modelo planteado y análisis de zonas por tipo de suelo donde, para nuestro modelo el valor de A estará entre los rangos 2-4 para nosotros vendría a ser $A=0.666$ la media de los valores, B estaría entre 1-2 por ello vendría a ser 0.5.

Estos valores son el plus del análisis y propuesta del modelo, ya que sin ellos se tendría solamente un modelo estadístico netamente numérico ya que como se mencionó no se trató de esa forma el análisis así haciendo una combinación de análisis matemático y uso de la georreferenciación con una zonificación, a ello sumado la tecnología así obteniendo un modelo capaz de modelar en tiempo real para la toma de decisiones.

Los catálogos obtenidos y utilizados para caracterizar estas zonas con historial epidemiológico y con una mezcla de la variación con relación a los efectos naturales, cabe recalcar estos podrían ser zonas lluviosas, zonas de deforestación, zonas ligeramente inaccesibles y distaban mucho de ser catálogos completos en el intervalo de magnitudes consideradas en ingeniería.

También en este capítulo se ha establecido una variable exógena, la cual está analizada sobre la estructura de la superficie terrestre vale decir la consistencia y propiedades que conforman la tierra siendo que este varía según la región que se encuentra como ya se mencionó.

Claramente esto afecta de manera significativa siendo una variable importante en este trabajo de estudio. En la figura 3.5 se observa el mapa con la distribución general de bosques y áreas forestales con relación a su ubicación y acceso.

Para luego con estos datos obtener el mapa de zonificación con las variables mencionadas de Bolivia propuesto en este trabajo con las variables que veremos en adelante, en el cual se divide el país en 4 secciones. Ver figura 3.6

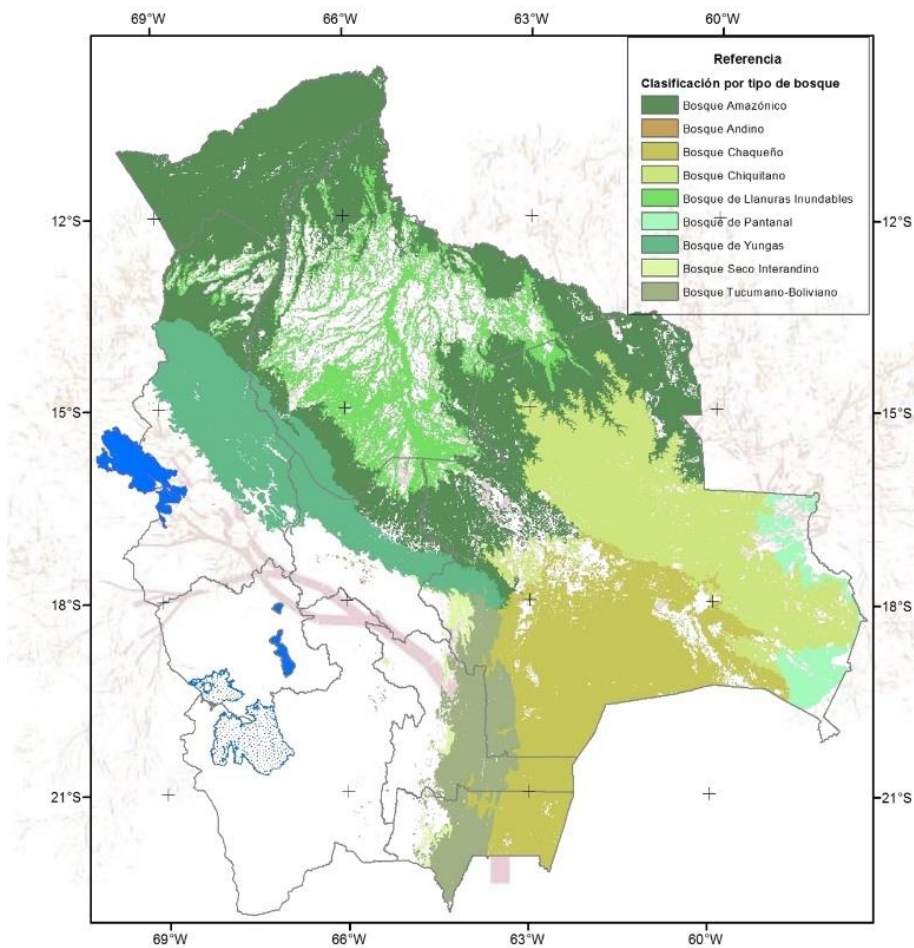


Figura 3.5 Zonificación de áreas.
Fuente: Elaboración Propia.

Dónde la zona A y zona B son aquellas donde no se tienen registros históricos de algún virus que tienda a un agente epidémico registrado, cabe recalcar registrado, siendo que la zona donde sea detectada está muy ligada a la zona natural inaccesible por el hombre y donde las aceleraciones de cambios climatológicos se esperan menores al 10% de riesgo. De la figura 3.6

Podemos observar las zonas de riesgo por la constitución del suelo y antecedentes históricos sobre enfermedades, y la deforestación siendo que este último es el factor que se pondrá más

atención en nuestro estudio entre otros factores de los que se analizó y se obtuvo la figura 3.6. Los niveles de deforestación y de aceleración a la degradación natural a causa de los cambios climáticos propios de las zonas B y C están acotados por los valores correspondientes de C y D, los desastres naturales grandes.

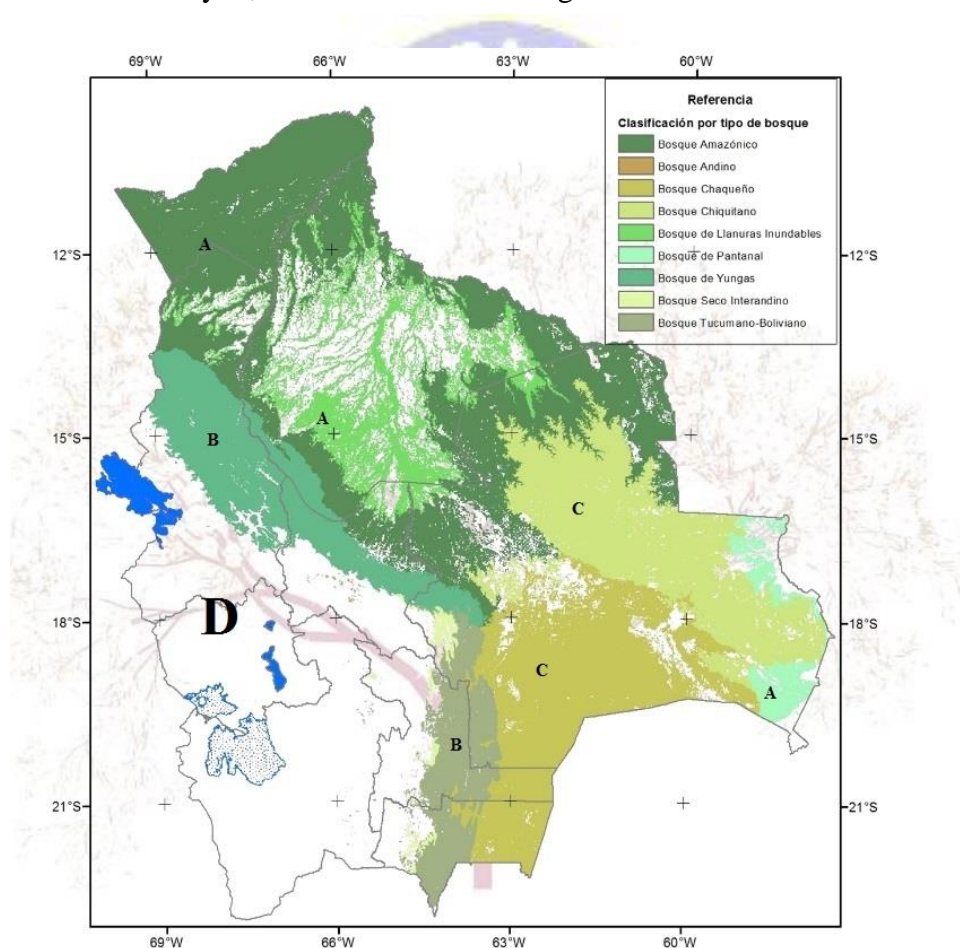


Figura 3.6 Áreas de riesgo, zonificación.
Fuente: Elaboración Propia.

Por lo que se ha establecido una discusión de la variabilidad del valor que se maneja en cuanto al área de forestación tanto en escala local como regional.

Siendo que estos cambios de área forestal a un área no forestal nos darán la fragilidad, que nos indicará que en la zona de estudio está muy probable a un contagio masivo siendo que la probabilidad sea mayor, siendo que este valor se debe actualizar constantemente.

Regionalización de deforestación de Bolivia con fines de riesgo naturales, donde se vio lo poco que se toma en cuenta la importancia de la variabilidad de este valor con el tiempo.

Por lo que se ha establecido, direccionado el trabajo de investigación al análisis del valor, del cambio climático.

La figura 3.7 presenta una regionalización teniendo como base el valor en estudio, también una zonificación de área de terreno para ello tomaremos el perímetro de 3 kilómetro en el cual se da una mejor perspectiva acerca de una epidemiología presente en nuestro país, debido a que este parámetro muestra las diferentes características de las regiones definidas.

Producto de este análisis de regionalización, Se estima los tiempos de recurrencia para eventos de en las regiones, con el objetivo de aportar una estimación de la peligrosidad en cada zona.

Esta regionalización no es única, sin embargo, proporciona una zonificación coherente y sistematizada que combina la mayor parte de los datos y características generales de los datos históricos y presente del país. Se analizó por segmento y todos los datos para tener un historial en imagen de regionalización con los valores exógenos y variables establecidos.

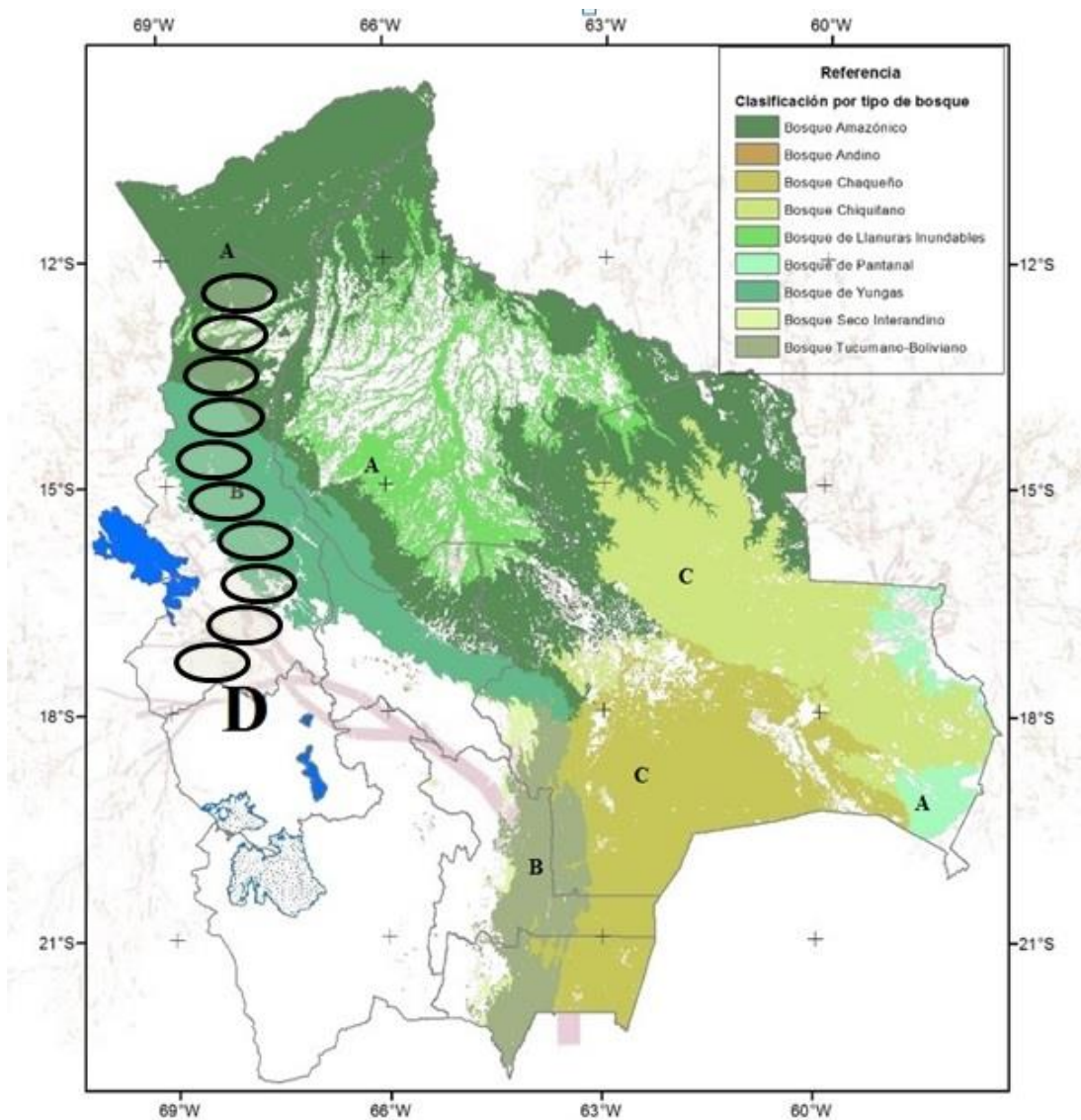


Figura 3.7 Segmentos de estudio, zonificación.
Fuente: Elaboración Propia.

Las dimensiones de los polígonos han sido elegidas considerándolas como un límite inferior de longitud con el potencial suficiente para causar daños significativos. Este límite será el punto de inicio para realizar las simulaciones de ocurrencia de eventos entre zonas adyacentes y posteriormente estimar la probabilidad de que ocurra una o más concatenaciones de rupturas o efectos. Que consiste en una serie de tiempo de ocurrencias con una distribución

de probabilidad. Es decir, la ocurrencia de un evento con en dos polígonos adyacentes al mismo tiempo, equivalente a un efecto de 1 kilómetro para luego tomar más polígonos de estudio y obtener mayor probabilidad. Véase figura 3.8

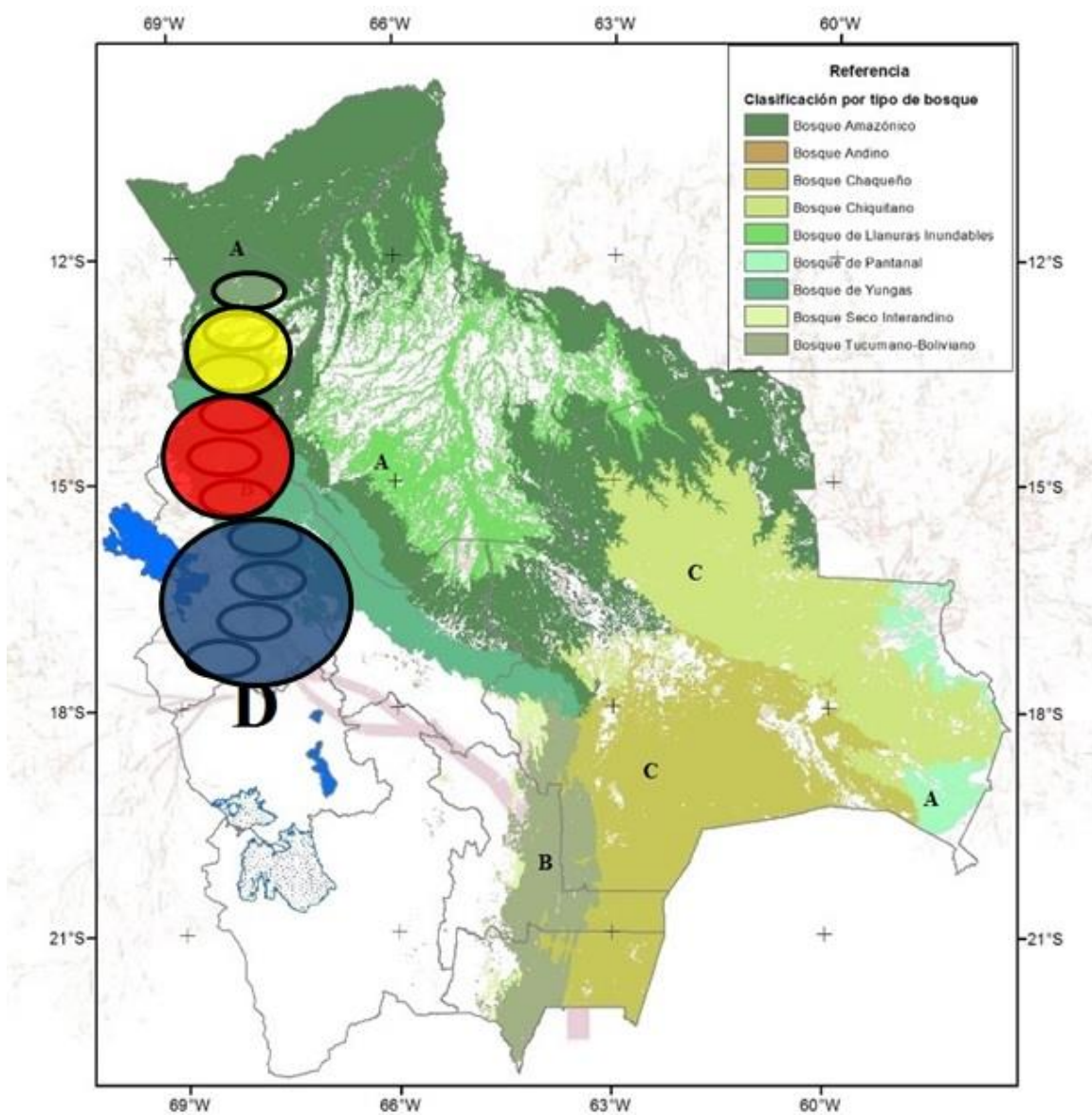


Figura 3.8 Polígonos de estudio, zonificación.
Fuente: Elaboración Propia.

3.2.2 ALMACÉN DE DATOS.

Acá trabajaremos con los datos recabados de las diferentes instancias a las cuales se solicitó, siendo esta información muy importante para el modelo y aplicarlo con datos reales, se procedió al filtrado de toda la información vale decir que se seleccionó por sectores y edades esto nos servirá para el límite de área, tener así una idea clara del modelo propuesto.

Después se procede al cálculo y análisis de las tres cantidades umbrales R_0 , σ y R .

3.2.2.1 ESTIMACIONES.

En este capítulo se hablará de las tres cantidades umbrales; número reproductivo básico denotado comúnmente por R_0 , número de contactos denotado por σ y número de reemplazos que es denotado por R , donde se explicará que son estas cantidades y su importancia.

También se calcularán estas cantidades en modelos simples epidemiológicos y endémicos.

La importancia de estas cantidades umbrales es que en base al conocimiento que tengamos de cada una de ellas se puede tener un control en una epidemia o alguna enfermedad.

Entenderemos por umbrales a los valores críticos de estas cantidades; número reproductivo básico, número de contactos y el número de reemplazos, los cuales deben de ser rebasados para que ocurra un brote epidémico o una enfermedad.

3.2.2.1.1 NÚMERO REPRODUCTIVO BÁSICO R_0 .

El número reproductivo básico o tasa reproductiva básica de la infección es el número promedio de infecciones secundarias producidas por un individuo durante su período infeccioso en una zona determinada totalmente susceptible.

En el capítulo anterior se definió a R_0 para modelos SIR y SIRS como:

$$R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma}$$

Así el valor de R_0 dependerá de las características epidemiológicas de la enfermedad reflejada en los parámetros, y de la población total N . Por tanto, entonces R_0 toma un valor constante.

La importancia de este parámetro radica en que en base a él podemos decir si existirá un brote epidémico como se vio en el capítulo anterior al hacer un análisis cualitativo de modelos SIR y SIRS, observamos que sí.

$$R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma} > 1$$

Habrà un brote epidémico, y si

$$R_0 = \frac{\beta S_0}{\gamma} < 1$$

No habrá un brote epidémico. En la práctica el número reproductivo básico se calcula en base a las estadísticas, es decir, en base a los datos arrojados durante el desarrollo de una epidemia y no mediante el desarrollo analítico de una ecuación diferencial.

3.2.2.1.2 NÚMERO DE CONTACTOS σ .

El número de contactos denotado por σ se define como el número promedio de contactos adecuados de una infección típica durante el periodo infeccioso.

Entenderemos por contacto adecuado a aquel contacto que es suficiente para la transmisión entre un individuo infeccioso y un individuo susceptible.

Como vimos en el capítulo anterior el número de contactos para el modelo clásico de Kermack McKendrick es $\sigma = \frac{\beta}{\gamma}$.

Por lo tanto, en base a esta ecuación tenemos que.

$$\sigma = \frac{\beta}{\gamma} = \frac{\ln(\frac{S_0}{S_\infty})}{N - S_\infty}$$

$$\sigma = 1,002$$

3.2.2.1.3 NÚMERO DE REEMPLAZOS R.

El número de reemplazos denotado por R se define como el número promedio de casos secundarios producidos por un individuo infeccioso durante todo el periodo de contagiosidad o periodo infeccioso.

Podemos obtener el número de reemplazos en una epidemia mediante el producto de números de contactos por el número de individuos susceptibles en el instante de tiempo t,

$$R = \sigma S(t)$$

En el instante de tiempo $t = 0$, como se mencionó en el capítulo anterior el número reproductivo básico es igual al número de reemplazos pues.

$$R = \frac{\beta}{\gamma} S_o = R_o$$

$$R=0,5$$

Donde S_o es el número de individuos susceptibles en el instante inicial.

Para el presente trabajo analizamos y tomamos datos del agente dengue por ello damos su análisis respectivo de ciclo y casos confirmados en Bolivia, en el modelado.

3.3 ANÁLISIS MATEMÁTICO DEL CICLO GONOTRÓFICO.

El modelo planteado se vio con la necesidad de analizar esta parte que trata del ciclo gonotrófico del agente fundamentales en la propagación del vector Aedes Aegypti: el ciclo gonotrófico, el uso del suelo y la distancia, también se debe considerar el error, debido a que no se están trabajando con datos exactos, se debe asumir que existirá un error en el

planteamiento del modelo. Cada una de las variables mencionadas anteriormente tiene una función propia, las mismas se detallan en los puntos siguientes. En la Figura 3.9 se muestra un esquema de la estructura del modelo matemático, donde se puede apreciar los diferentes factores que influyen en las distintas variables que se tomaron en cuenta en el modelo de análisis del ciclo gonotrófico del agente causal.

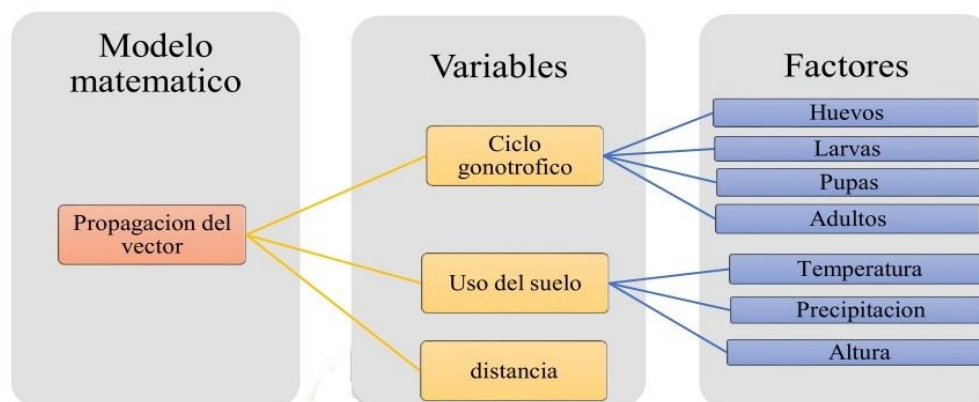


Figura 3.9 Ciclo Gonotrófico.
Fuente: Elaboración propia.

3.3.1 MODELO PARA EL CICLO GONOTRÓFICO.

Existen muchas formas de representar matemáticamente el ciclo gonotrófico del vector AE. Se ha visto por conveniente plantear ecuaciones diferenciales como base para representar el modelo. Como se ha visto anteriormente, el vector AE atraviesa por cuatro etapas: huevo (H), larva (L), pupa (P) y adulto (A). Cada etapa tiene un tratamiento diferente por lo que es conveniente plantear ecuaciones por separado para cada una, es por esta razón, que se elaboró un sistema de cuatro ecuaciones diferenciales, las mismas representan el inicio del modelo. Se tomó como base la Ecuación 1 que se enuncia en el capítulo anterior, en el mismo podemos observar de forma simple el comportamiento de las etapas del ciclo de vida del vector. Dónde: γ es el coeficiente gonotrófico, μ es la tasa de mortalidad de cada uno de los estados, h , l y p son las tasas de desarrollo de huevos, larvas y pupas respectivamente. En la primera ecuación se

tiene el coeficiente gonotrófico multiplicado por el número de hembras adultas, esto representa el número de huevos que se ovipositaron en un determinado tiempo, a este valor se le resta el coeficiente de muertes multiplicado por el número de huevos y además se le resta la tasa de desarrollo de los huevos. El proceso se repite para las dos ecuaciones siguientes. En la última ecuación no se toma en cuenta el coeficiente de desarrollo debido a que es el último estado del vector, es decir, no existe una etapa posterior. El sistema de la Ecuación. Muestra de forma simple el comportamiento de las etapas del vector, pero en un ambiente cerrado, es decir, no toma en cuenta factores externos que podrían influir en el desarrollo del ciclo de vida. Es por esta razón que se debe proceder a la identificación de los factores que influyen en el ciclo de vida del vector. Como se vio en el anterior capítulo existen varios parámetros que dependen de la temperatura, entre los más importantes, se encuentran la mortalidad de los estados larvales, pupas y adultos y el ciclo gonotrófico. En la siguiente ecuación se utiliza para realizar el cálculo de las tasas de mortalidad de larvas (ml) y pupas (mp).

$$mp = ml = 0,01 + 0,9725e^{\left(-\frac{(T-278)}{2,7035}\right)}$$

La Tabla 3.2. El término representa la temperatura cuando la mitad de las enzimas son activadas con la temperatura T medida en grados Kelvin. El modelo es de mucha importancia debido a que utiliza las entalpías y permite variar los parámetros en función a la temperatura.

Ciclo de desarrollo					
Detalle	$R_D(T)$	$R_D(298^{\circ} K)$	ΔH_A	ΔH_H	$T_{\frac{1}{2}}$
Eclosión de huevos	Hrl	0,24	10789	100000	14184
Desarrollo de larvas	Lrp	0,2088	26018	55990	304,6
Desarrollo pupal	Para	0,384	14931	-472379	148
Ciclo gonotrófico	Ovr	0,372	15725	175681	447,2

Tabla 3.3 Coeficientes para el modelo de maduración.

Fuente: Focks, 1993.

A continuación, vemos la Tabla 3.4, donde se denota los casos confirmados e incidencias de dengue en Bolivia por gestiones, estos datos que fueron obtenidos de los reportes del ministerio de salud los cuales fueron seleccionados, solo datos requeridos.

Detalle de casos en Bolivia de Dengue			
Nº	AÑO	CASOS	INCIDENCIA
1	2005	628	1,76
2	2006	603	1,69
3	2007	2.295	6,45
4	2008	2.277	6,4
5	2009	7.792	21,89
6	2010	1.166	3,28
7	2011	8.142	22,87
8	2012	6.709	18,84
9	2013	3.044	8,55
10	2014	3.469	9,74
11	2015	2.432	6,83
12	2016	4.413	12,4
13	2017	917	2,58
14	2018	352	0,99

Tabla 3.4 Número de casos confirmados de dengue.
Fuente: Elaboración Propia.

En la Figura 3.10 se muestra de manera gráfica el número de casos positivos del dengue, el zika y el chikungunya en los diferentes departamentos de Bolivia, del grafico se identifica que Beni es el departamento que presenta un mayor número de Casos, además es importante destacar que el departamento de Potosí es el único que no ha registrado ningún caso de estas tres enfermedades.

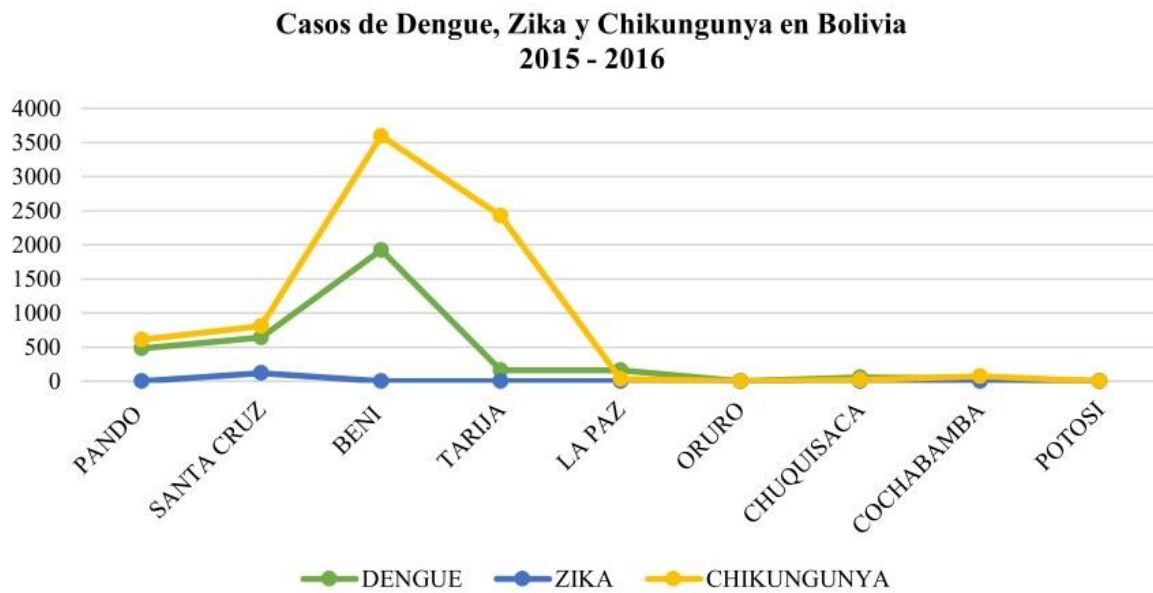


Figura 3.10 Casos confirmados en Bolivia.
Fuente: Elaboración Propia.

3.4 DATOS SELECCIONADOS Y CONSIDERACIONES.

Se mencionó en puntos anteriores que se tiene como dato referencial el canal endémico del agente causal en este caso práctico es el virus del dengue, para saber dónde y cuándo hubo un punto de inflexión también se obtendrá información por zonas ya segmentadas en cuanto a población y centros de salud para tener un límite superior. Con todos los datos mencionados y el análisis matemático se podrá determinar y simular el comportamiento de dicho modelo planteado.

3.4.1 CONSIDERACIONES Y LIMITANCIAS.

En las consideraciones se tendrá presente el número de población ya que este es una variable que definirá límite superior el tiempo que el agente se extienda a la población en su totalidad si no se toma acciones correctivas y preventivas.

Otra consideración es el ciclo gonotrófico de portador, ya que nos interesa el tiempo de contagio y cantidad de portadores. Por lo que tenemos los datos seleccionados por provincia y centros de salud de la ciudad de La Paz, mostrando continuación.

Cabe recalcar que la tabla 3.5 nos muestra un resumen de información de INE y SEDES la Paz, esta información por sección, por gestión y poblacional será usada en toda la simulación ya que por cada punto de brote se analiza el paciente cero y N, donde N es el total de población a estudio y una posible expansión rápida del agente causal, en nuestra N total poblacional, se entenderá que esto varía según el punto donde se haya reportado el brote del agente en estudio.

Siendo $N = I + S + R$, es una variable que requiere los datos que se encuentran en la tabla 3.5.

Datos Referenciales								
N	Dato	Provincia	Lugar	2011	2012	2013	2014	2015
1	Población general	Dpto. La Paz	La Paz	2.881.532	2.719.344	2.719.344	2.887.075	2.822.090
2	Población general	Iturralde rural	Rural	16.609	18.073	18.073	19.204	18.769
3	Población general	Iturralde	Ixiamas	8.467	9.362	9.362	9.953	9.668
4	Población general	Iturralde rural	San buenaventura	8.142	8.711	8.711	9.251	9.101
5	Población general	Franz Tamayo - Apolo bamba		67.448	68.774	68.774	73.071	70.852
6	Población general	Franz Tamayo	Apolo	14.064	20.308	20.308	21.584	21.281
7	Población general	Franz Tamayo	Pelechuco	5.541	6.780	6.780	7.210	6.980

8	Población general	Saavedra	Curva	3.008	3.285	3.285	3.486	3.497
9	Población general	Saavedra	JJ. Pérez	10.029	13.023	13.023	13.831	13.340
10	Población general	Camacho	Rural	62.582	54.072	54.072	57.426	54.428
11	Población general	Camacho	Moco moco	14.774	15.665	15.665	16.641	16.012
12	Población general	Camacho	Puerto acosta	16.075	11.290	11.290	15.496	11.274
13	Población general	Camacho	Puerto Carabuco	19.129	14.589	14.589	11.988	14.527
14	Población general	Camacho	Escoma	6.736	7.186	7.186	7.628	7.250
15	Población general	Camacho	Humanata	5.868	5.342	5.342	5.673	5.365
16	Población general	Muñecas	Aucapata	4.106	5.495	5.495	5.838	5.677
17	Población general	Muñecas	Ayata	12.298	8.410	8.410	8.934	8.603
18	Población general	Muñecas	Chuma	18.402	11.473	11.473	12.188	11.474
19	Población general	Larecaja	Combaya	2.467	3.731	3.731	3.964	3.891
20	Población general	Larecaja	Quiabaya	2.898	2.684	2.684	2.851	2.709
21	Población general	Larecaja	Sorata	21.414	23.512	23.512	24.973	24.670
22	Población general	Larecaja	Tacoma	5.555	8.182	8.182	8.697	8.546
23	Población general	Larecaja	Guanay	11.594	14.788	14.788	15.715	15.446
24	Población general	Larecaja	Mapiri	9.688	13.891	13.891	14.765	14.418
25	Población general	Larecaja	Teoponte	7.150	9.349	9.349	9.936	9.754
26	Población general	Larecaja	Tipuani	6.242	9.985	9.985	10.609	10.266
27	Población general	Omasuyos	Larecaja andina	131.055	122.743	122.743	130.330	126.085
28	Población general	Omasuyos	Achacachi	62.496	46.058	46.058	48.894	47.009
29	Población general	Omasuyos	Ancoraimes	16.795	13.136	13.136	13.946	13.191
30	Población general	Omasuyos	Chua Cocani	-	5.003	5.003	5.313	4.878

Tabla 3.5 Datos poblacionales de la ciudad de La Paz.

Fuente: Elaboración propia

3.5 CONCATENACIÓN DE DOS SEGMENTOS ADYACENTES.

Los resultados informaran sobre la probabilidad de que ocurra uno o más eventos desde el paciente cero, en un determinado tiempo; es decir, la concatenación de dos eventos adyacentes. Para todos los casos, existe estabilidad de la probabilidad en el tiempo, siendo que nos interesa el comportamiento en menor proporción.

En la figura 3.11 se muestra en el mapa los segmentos de estudio en la zona geográfica.

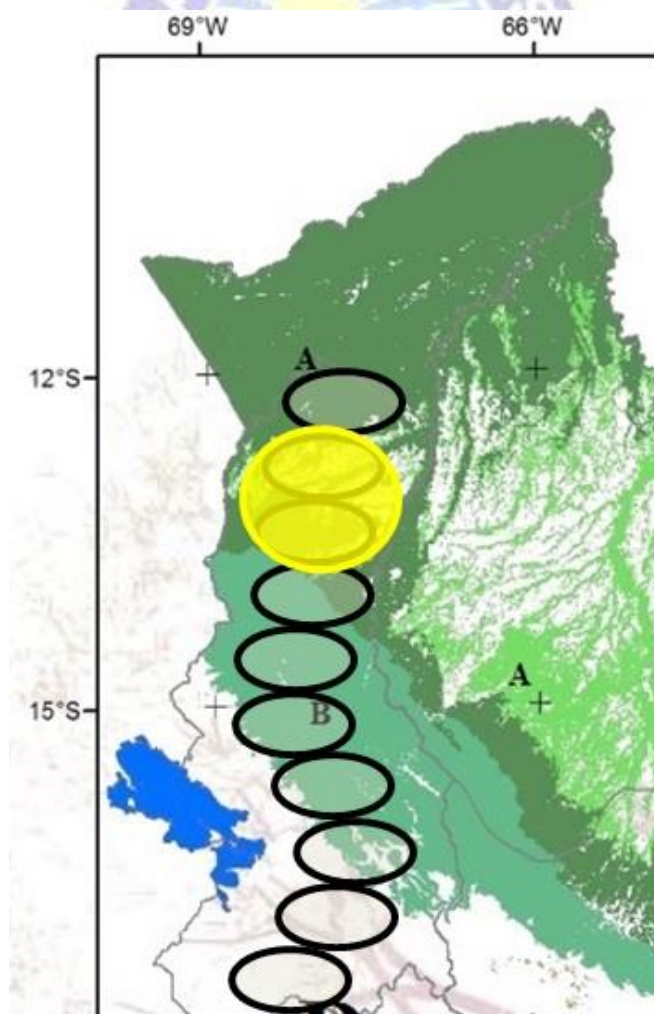


Figura 3.11 Área de estudio dos segmentos.
Fuente: Elaboración Propia.

3.6 CONCATENACIÓN DE TRES SEGMENTOS.

A partir de este punto, solo se muestra las probabilidades y tiempo Inter evento de, para tolerancias de 1 semana, ya que para tolerancias menores los datos son tan bajos que pueden considerarse probabilidades más no acercadas para el caso de estudio.

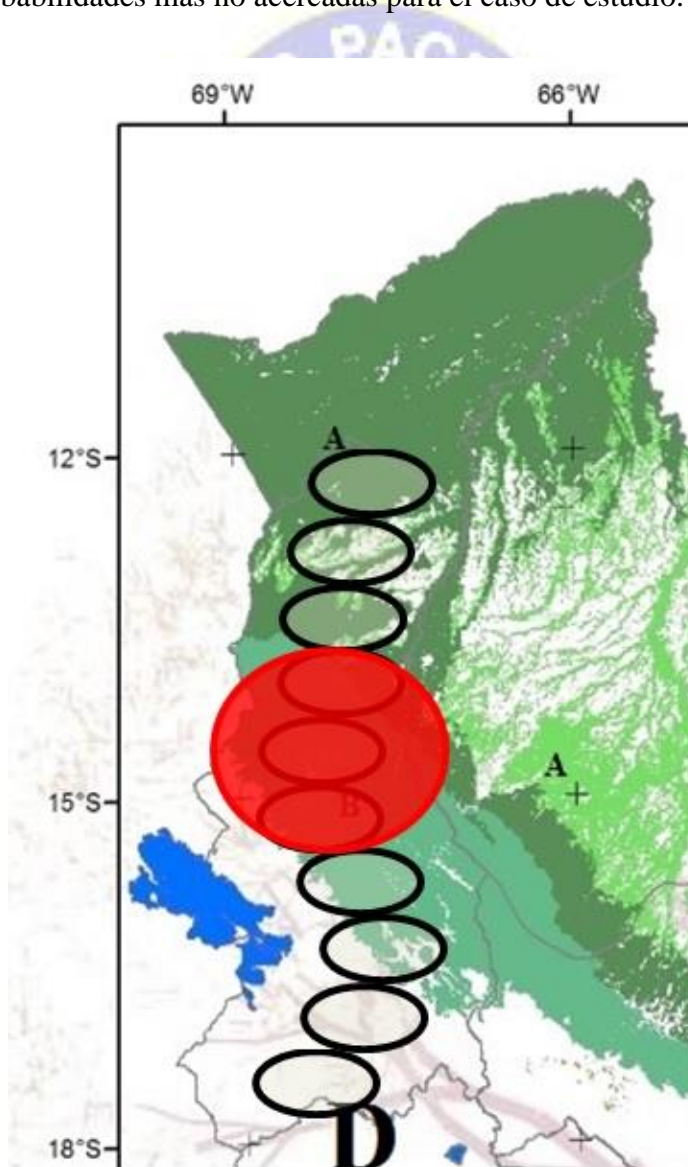


Figura 3.12 Área de estudio tres segmentos.
Fuente: Elaboración Propia.

3.7 APLICACIÓN MÓVIL.

La aplicación tiene ventanas robustas y de fácil acceso y dentro de ello se maneja los datos recolectados y la función matemática propuesta.

En primera instancia se tiene un control de usuarios, para ello se debe registrar cada usuario así poder ingresar para las demás funciones, esto, vale decir es control de manejo de usuarios ya que el modelo reflejado en la aplicación para móvil va dirigido para un área de salud no así en general. Ver figura 3.13, figura 3.14

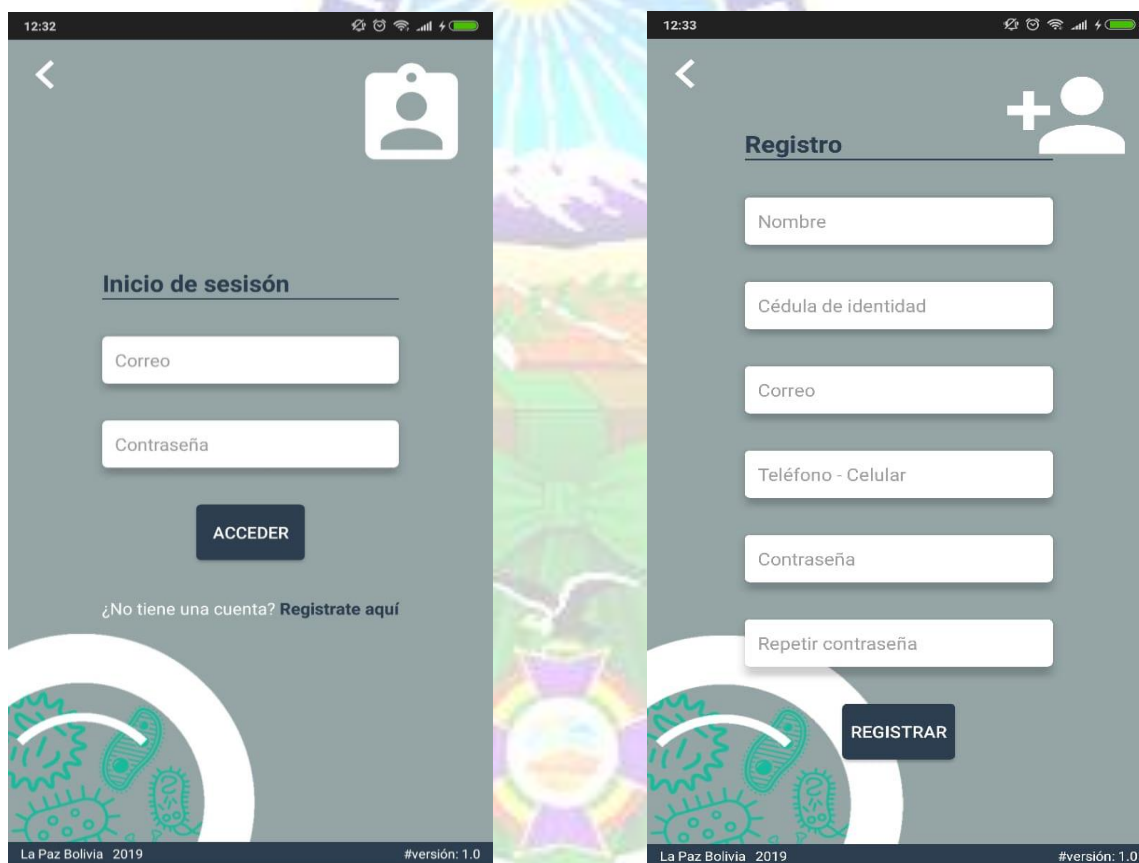


Figura 3.14 Pantalla de registro único.
Fuente: Elaboración Propia.

Ahora observamos los módulos con que se cuenta en la aplicación, estos ya fueron analizados y luego su maqueta para facilitar al personal su manejo sencillo y robusto, por ello se tiene opciones de mapa, análisis, registros de cada paciente y perfil del usuario en uso.

Es muy importante aclarar que se debe tener en cuenta que la aplicación debe ser de fácil manejo y robusto, por robusto se entenderá que se haya simplificado lo más óptimo los requerimientos de usuarios tanto como del modelo en si planteado, cada uno de los módulos se estará aclarando en los puntos a continuación.

Por el momento se muestra los módulos ya mencionados. Ver figura 3.15



Figura 3.15 Pantalla de presentación con módulos.
Fuente: Elaboración propia.

3.7.1 ANÁLISIS DE LA PARTE MATEMÁTICA.

Ahora observamos la zonificación que se habló en capítulos anteriores para así poder aplicar la matemática con el modelo SIR. Ver figura 3.16

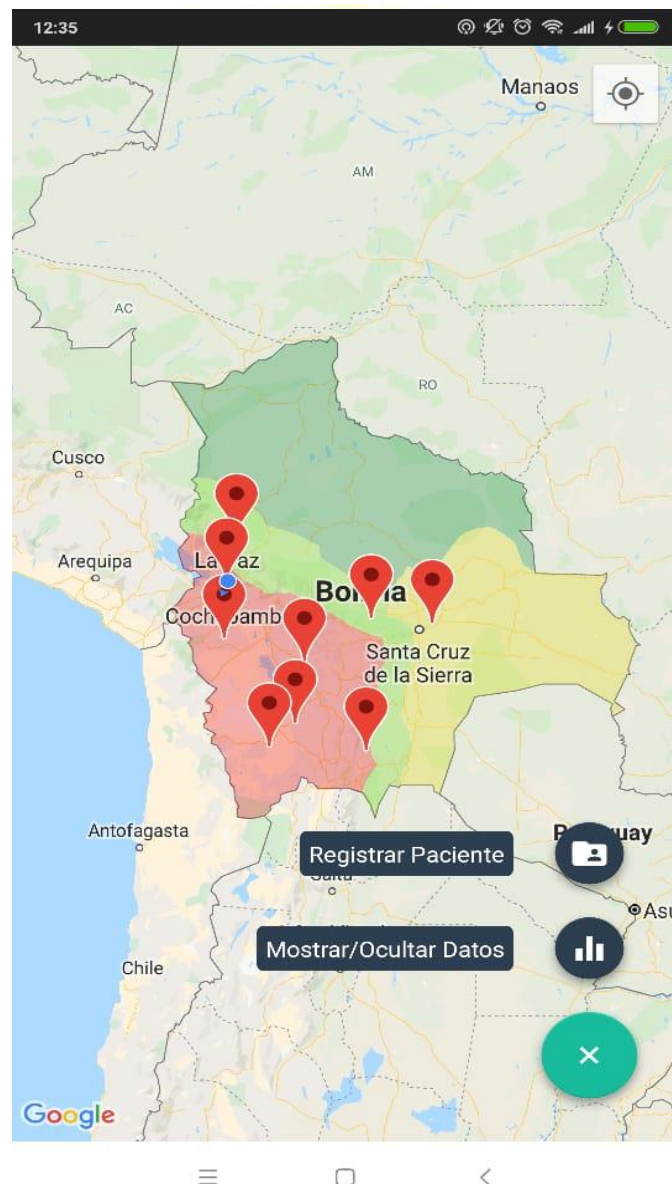
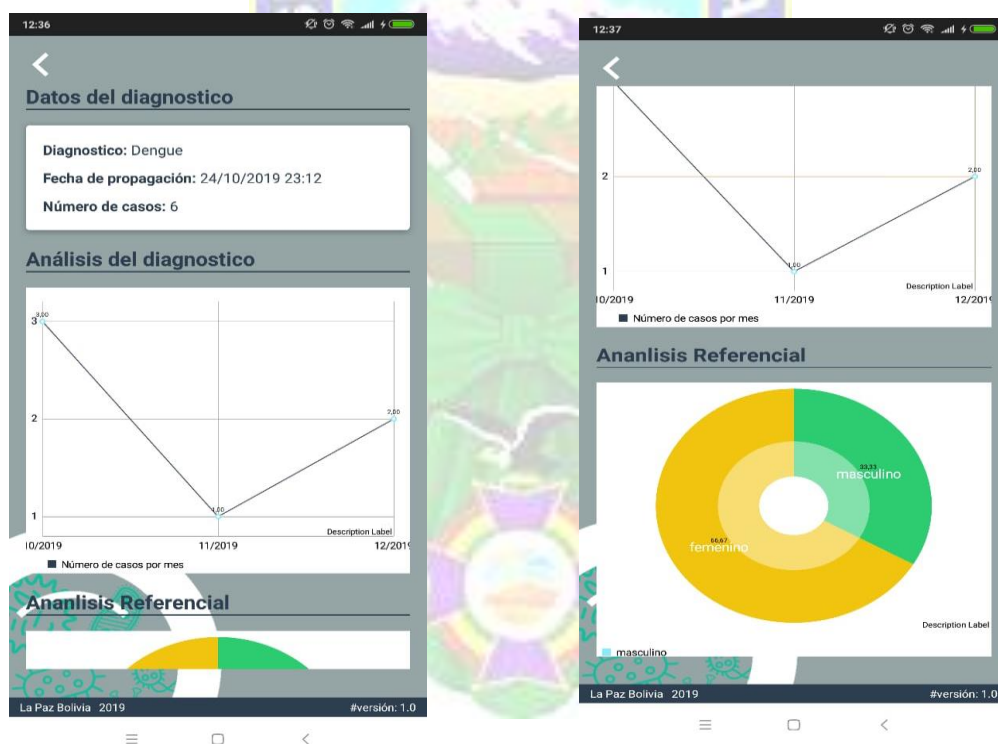


Figura 3.16 Zonificación de áreas según riesgo que presente.
Fuente: Elaboración Propia.

3.7.2 ESTADÍSTICAS MODELO.

El modelo actúa sobre la información ingresada, almacenada en la base de datos, vale decir en el sistema para luego su tratamiento que consiste en tres secciones, los susceptibles, infectados y recuperados para ello la matemática se trabaja por separado para luego analizar e interpretar los resultados, los cuales se plasmaran en un sistema de coordenadas que nos mostrara el comportamiento y riesgo alguno de cada información introducida.

Ahora vemos ya el análisis de los datos según el modelo planteado nos muestra, para ello hace uso del método grafico de sistemas de coordenadas y tortas para luego su interpretación como se muestra en las figuras 3.18 y 3.19. Una vez analizado se toman las decisiones para así tener planes de epidemiologia como se analizó en el trabajo presente.



4 CAPÍTULO IV PRUEBA DE HIPÓTESIS.

4.1 INTRODUCCIÓN.

A continuación, en el capítulo se tiene como objetivo probar la hipótesis planteada en el capítulo I, así encontrar la evolución del presente trabajo. Lo cual se realizó por segmentos para ver su movimiento. Primero por segmentos básicos de dos para luego tomar tres segmentos así tener mayor información como se verá a continuación. Caso práctico dengue.

4.2 PRUEBA DE HIPÓTESIS.

Se realizará la evolución respectiva de la hipótesis planteada al inicio del presente trabajo del modelo de propagación epidemiológica basado en modelos matemáticos. Siendo que la hipótesis se enmarca en que se entenderá no la cantidad de casos, sino los casos con relación al tiempo, por ello el uso de modelos matemáticos y la tecnología de geofensas.

Para el desarrollo de la prueba de hipótesis se sigue los siguientes pasos. Analizar por segmentos cabe decir:

- Como primer paso se analizará la correlación de las variables a y b.
- Tomar dos segmentos de estudio para su respectiva prueba y análisis, esto nos proporcionara un comportamiento de los datos según el tiempo, el cual nos proporcionara una desviación en base al tiempo para ver el comportamiento en tiempo y espacio.
- Tomar cuatro segmentos de estudio esto nos proporciona resultados más concretos siendo la cantidad de eventos es mayor y más extenso el terreno de estudio.
- En cada uno de los casos se realizará un análisis y localizado en un mapa para ver su comportamiento.

Adicionalmente, se realizó un mapeo para determinar zonas de riesgo y seguras, claramente estas zonas son áreas forestales que restan el riesgo de contagio. El modelo SIR nos muestra

funciones matemáticas para el comportamiento de cada elemento, como ser contagio, sanos, recuperados.

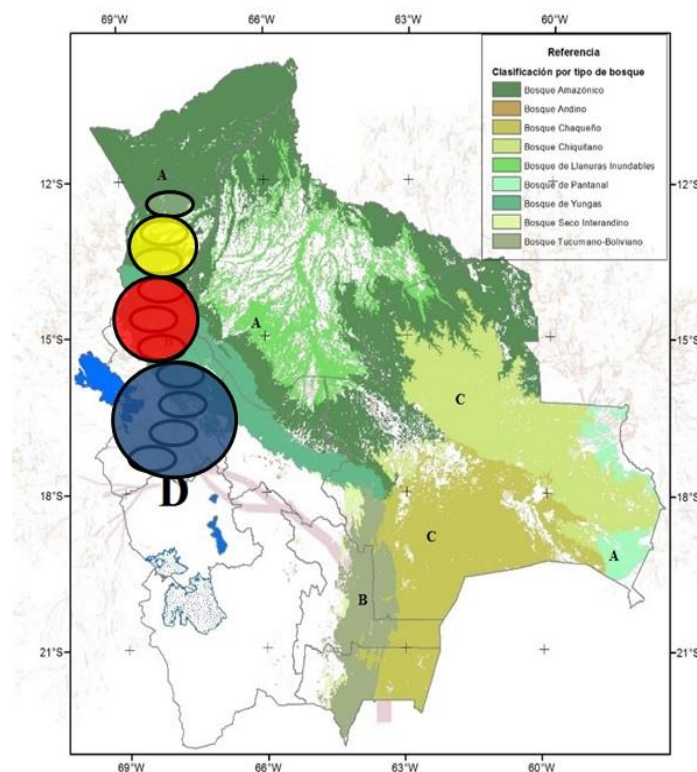


Figura 4.1 Zonificación del área.
Fuente: Elaboración propia.

4.2.1 CONCATENACIÓN DE TRES SEGMENTOS ADYACENTES.

Los resultados informan sobre la probabilidad de que ocurra uno o más contagios en un determinado tiempo; es decir, la concatenación de tres rupturas adyacentes. Para todos los casos, existe una estabilidad de la probabilidad en el tiempo, como también del tiempo Inter evento, aunque en menor proporción.

En la figura 4.4 se presentan los resultados de esta simulación. Acá podemos notar que el segmento de estudio es mucho más grande ya que se tomó tres áreas en uno solo para su mejor estudio en cuanto a su expansión.

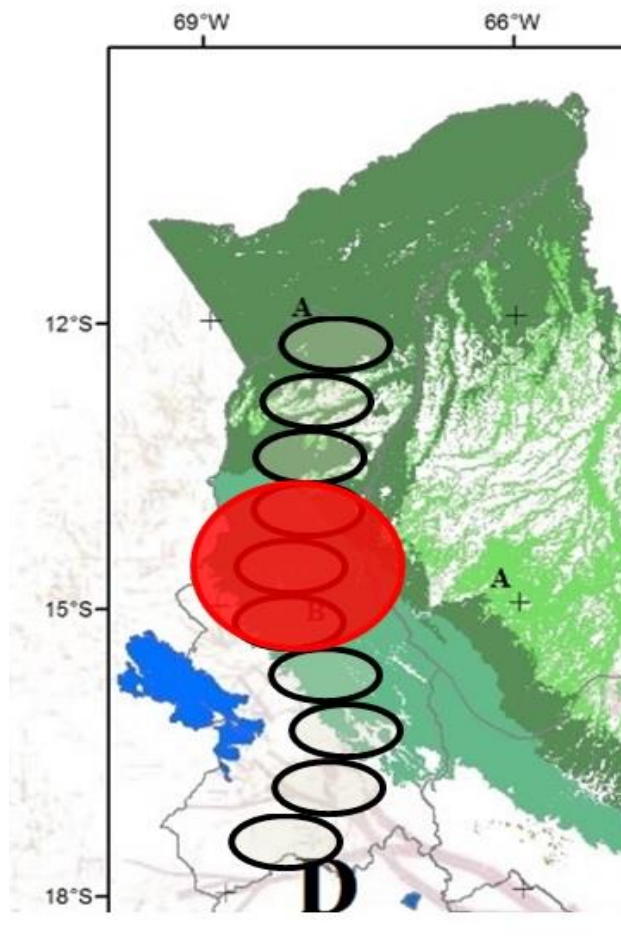


Figura 4.2 Área de estudio dos segmentos.
Fuente: Elaboración Propia.

Se tomó datos de la provincia Franz Tamayo sección Apolo, Saavedra sección Curva, Larecaja sección Combaya y Muñecas sección Aucapata, con datos poblacionales de la gestión 2015, mostrados en la tabla 3.5.

Con una población de 34.346 esto siendo la población general de cada sección. A continuación, se muestra la tabla con datos aleatorios tomados para la simulación del modelo, siendo que se tomó semana de control y número de pacientes contagiados por Dengue que es caso de estudio.

Datos		
Semana	CASOS	CONTAGIOS
43	1	16
44	2	17
45	3	36
46	4	32
47	5	18
48	6	34
49	7	33
50	8	27
51	9	13
52	10	14

Tabla 4.1 Tabla de valores de casos con relación al tiempo.

Fuente: Elaboración Propia.

Ahora obtenemos los resultados de los valores u y v .

Tabla de análisis de correlación de datos			
U	V		
Casos	Contagios	Datos1	Datos2
1	16	256	16
2	17	289	34
3	36	1296	108
4	32	1024	128
5	18	324	90
6	34	1156	204
7	33	1089	231
8	27	729	216
9	13	169	117
10	14	196	140

Tabla 4.2 Análisis de ecuación lineal.

Fuente: Elaboración propia.

En la tabla 4.6 tenemos las operaciones para determinar la correlación de las variables u , v , donde:

$$\text{Dato 1} = v^2$$

$$\text{Dato 2} = u * v.$$

Esto para el ajuste lineal de los valores obtenidos. Para luego necesitamos la sumatoria $\sum u$, $\sum v$, $\sum v^2$, $\sum vu$, donde los valores son:

$$\sum u = 55, \sum v = 240, \sum v^2 = 6528, \sum vu = 1284$$

Entonces tenemos $\alpha = \frac{n \sum vy - \sum v \sum u}{n \sum v^2 - (\sum v)^2}$

$$\alpha = \frac{10(1284) - (55)(240)}{10(6528) - (240)^2}$$

$$\alpha = -0.046875$$

Luego $\beta = \frac{\sum u - \alpha \sum v}{n}$

$$\beta = \frac{55 - (-0.046875)(240)}{10}$$

$$\beta = 6.625$$

Ahora con los datos obtenidos hacemos el cálculo. Para ello hacemos uso de la tabla 4.6

Datos para hallar el coeficiente						
casos	Contagios	Dato1	Dato 2	Dato 3	Dato 4	Dato 5
1	16	-8	-4.5	64	20.25	36
2	17	-7	-3.5	49	12.25	24.5
3	36	12	-2.5	144	6.25	-30
4	32	8	-1.5	64	2.25	-12
5	18	-6	-0.5	36	0.25	3
6	34	10	0.5	100	0.25	5
7	33	9	1.5	81	2.25	13.5
9	13	-11	3.5	121	6.25	7.5
10	14	-10	4.5	100	12.25	-38.5

Tabla 4.3 Tabla donde se obtiene el coeficiente de correlación.

Fuente: Elaboración propia.

Donde la columna casos viene a ser los pacientes en este caso son 15 pacientes y con la hora de llegar correspondientes a cada uno, después vemos:

$$\text{Dato 1} = u - \bar{u}$$

$$\text{Dato 2} = v - \bar{v}$$

$$\text{Dato 3} = \text{dato1}^2$$

$$\text{Dato 4} = \text{dato2}^2$$

$$\text{Dato 5} = \text{dato 1} * \text{dato 2}.$$

Ahora vemos el comportamiento. Para ello tomamos los datos de la tabla 4.8, donde aplicamos el valor de la zonificación en este caso para tres segmentos es el valor $B = 0.5$, donde este dato es la media, entre el rango 2-4 de la tabla 3.2 del sector altiplano norte, y así observar el comportamiento de los datos en los dos casos.

Ahora vemos el comportamiento. observemos los datos.

Tabla de resultados			
casos	tiempo hora	Dato 6	Dato 7
1	16	36	18
2	17	24.5	12.25
3	36	-30	-15
4	32	-12	-6
5	18	3	1.5
6	34	5	2.5
7	33	13.5	6.75
8	13	7.5	3.75
9	14	-38.5	-19.25
10	16	36	-22.5

Tabla 4.4 Datos donde vemos el comportamiento de los casos.
Fuente: Elaboración propia.

La tabla 4.8 se obtiene de la tabla 4.7 las columnas los casos y el tiempo hora de contagio son tomados, donde:

Datos 6 = datos5 (de tabla 4.7)

Datos 7 = datos6 * 0.5

El dato 6 es el cálculo para ver el comportamiento de los datos y ver los picos. A esta columna de dato 6 se multiplica el valor B, así para ver el cambio que genera en el comportamiento de los datos notando que hay un ajuste ligeramente considerable para su estudio. Su grafica nos muestra el comportamiento de sus datos. De la columna de dato7



Figura 4.3 Comportamiento del modelo planteado.
Fuente: Elaboración propia.

A continuación, denotaremos resultados de la Dirección General de Servicios de Salud – Unidad de Epidemiología.

Casos con firmados de dengue por departamento y semana epidemiológica, cabe recalcar que los datos son semana de contagiados confirmados según su calendario epidemiológico de

fecha 18 de octubre hasta 26 de diciembre que son 10 semanas calendario, contados de semana 43 hasta semana 52. Esto nos da entender que se maneja por un calendario de semana y así verificar los reportes mensuales que hacen. No es en tiempo real para ello se plantea el modelo en estudio.

Ahora vemos los reportes que se mencionó:

Departamento	Gestión 2019												1 - 52
	1 - 42	43	44	45	46	47	48	49	50	51	52		
Beni	936	26	26	9	20	32	29	52	63	55	28	1.276	
Cochabamba	524	61	58	###	40	88	100	65	74	66	11	1.198	
Chuquisaca	7	0	0	0	0	0	1	0	0	1	4	13	
La Paz	1.104	16	17	36	32	18	34	33	27	13	14	1.344	
Pando	500	27	24	26	11	24	28	34	40	52	25	791	
Santa Cruz	416	2	2	2	6	17	20	58	80	90	34	727	
Tarija	1.478	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1.479	
Area Endémica de Bolivia	4.965	132	127	184	109	179	212	242	284	277	117	6.828	

Figura 4.4 Programa nacional de Dengue.
Fuente: Unidad de epidemiología Ministerio de Salud.

<p>Hasta la semana epidemiológica 52 de la gestión 2019 se reportaron 6,394 casos de Dengue a nivel nacional, de los cuales: 1.478 fueron en el departamento de Tarija [23%], 1.317 en La Paz [21%], 1,196 en el Beni [19%], 1,086 en Cochabamba [17%], 714 en Pando [11%], 595 en Santa Cruz [9%] y 8 en Chuquisaca [0,1%] .</p>
<p>Se han notificado 23 decesos atribuidos a Dengue: 14 en el departamento de La Paz (60,9%), 5 en el Beni (21,7%), 2 en Tarija (10%), 1 en Pando 4,3%, 1 en Cochabamba 4,3% y 2 en Tarija 8,7%.</p>

Figura 4.5 Programa nacional de Dengue.
Fuente: Unidad de epidemiología Ministerio de Salud.

La Paz		
Semana	N.º	contagios
43	1	16
44	2	17
45	3	36
46	4	32
47	5	18
48	6	34
49	7	33
50	8	27
51	9	13
52	10	14

Tabla 4.5 Reporte de la ciudad de La Paz.
Fuente: SEDES La Paz.

Su grafica viene a ser:

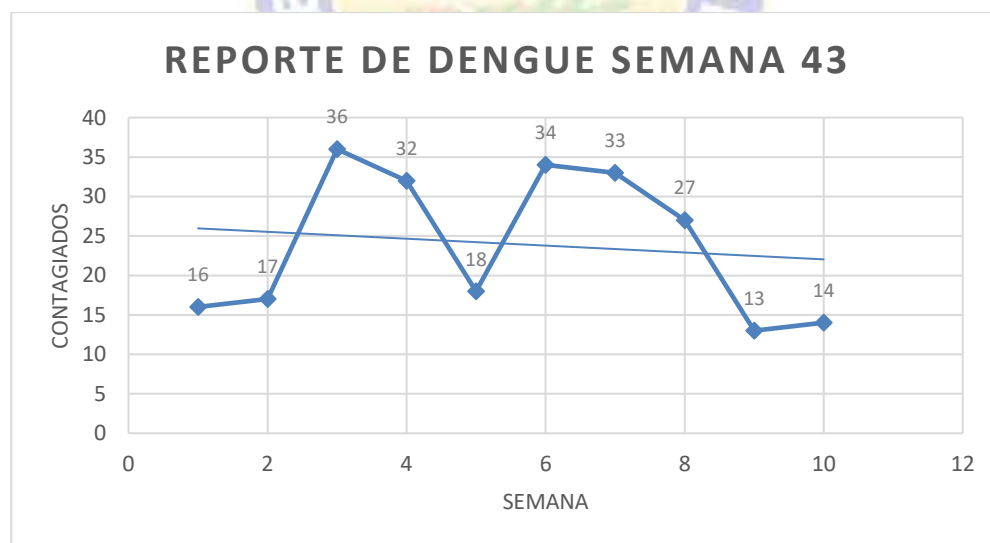


Figura 4.6 Reporte casos Dengue la paz.
Fuente: Ministerio de Salud.

A continuación, denotaremos resultados de la tesis PREDICTIBILIDAD DE LA PROPAGACIÓN ESPACIAL Y TEMPORAL DE LA EPIDEMIA DE INFLUENZA A

H1N1 EN ARGENTINA, maestrante Eduardo José Cuestas, donde muestra resultados bajo su análisis matemático el cual realizaremos una comparación del comportamiento de datos. Para ello observemos la tabla 4.9.

Tabla de Resultados							
Día	Pendiente	Intercepción	Tp	IC 95%	R ²	F	P
10	0,9766	0,2436	40,7	34,5-46,9	1,000	-	-
15	0,9633	0,2633	41,3	33,7-48,8	0,800	04,22	0,288
20	0,9474	0,3200	41,9	33,1-50,6	0,787	07,40	0,113
25	0,9406	0,3504	42,2	32,4-52,0	0,810	12,80	0,037
30	0,9365	0,3728	42,3	31,6-53,0	0,825	18,88	0,012
50	0,9344	0,3883	42,4	28,5-56,3	0,848	27,92	0,003

Tabla 4.6 Capacidad predictiva de la propagación temporal.

Fuente: Cuestas, 2013.

De la cual vemos la gráfica con el valor F, donde F es el valor de la distribución de probabilidad. El valor que se analizará.

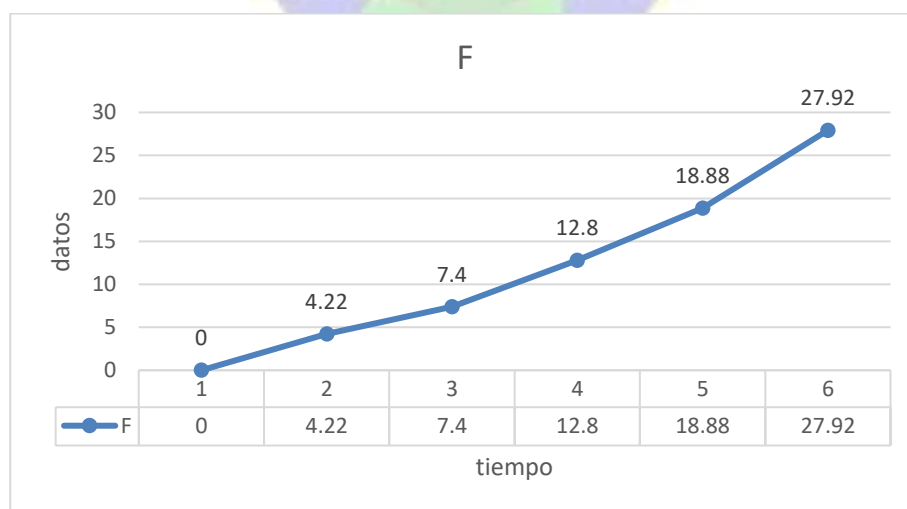


Figura 4.7 Comportamiento del valor F.

Fuente: Elaboración Propia.

Con estos datos llegamos a una comparación de los resultados para con ello observamos el comportamiento de los datos en ambos casos vemos un ajuste ligeramente bueno en el modelo planteado a diferencia de los resultados mostrados en la tabla 4.9.

Como se observa en la siguiente figura.

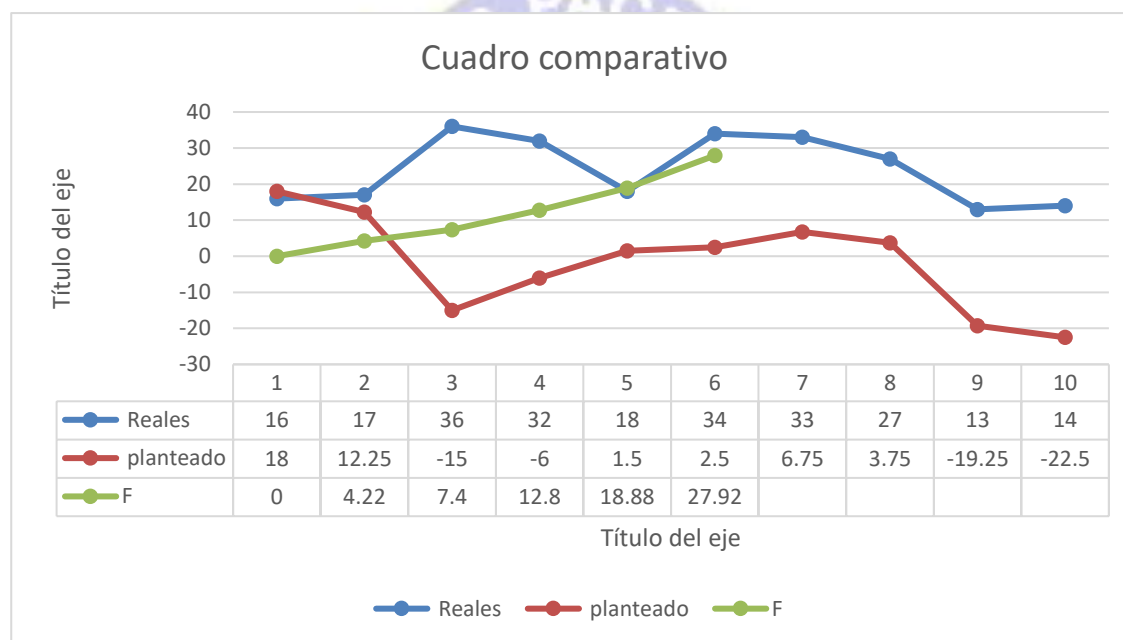


Figura 4.8 Comportamiento de datos con relación al tiempo.

Fuente: Elaboración propia.

Observamos en la figura tres series, una serie es donde se obtiene datos reales del centro epidemiológico con una curva tal cual se manejó y se obtuvieron los datos de color azul y de color naranja es una serie donde se aplica el modelo planteado y su comportamiento, por ultimo tenemos los datos de la tesis de cuevas con su comportamiento de color verde, donde se denota en la figura una flexibilización de los picos, hay más control de movimiento, cabe recalcar que no se evitó el contagio solo se controló en el modelo planteado con relación a los otros datos.

Ahora procedemos a realizar los cálculos para hallar la correlación de los datos. Para estos resultados se requiere los valores de la media y sumatorias de las columnas todo ello se encuentra a continuación con las fórmulas pertinentes.

Ahora obtenemos la media de las variables y, x.

$$\sum x = 55, \sum y = 240$$

$$\bar{x} = \frac{\sum x}{n} = \frac{55}{10} = 5.5$$

$$\bar{y} = \frac{\sum y}{n} = \frac{240}{10} = 24$$

Ahora la sumatoria de las

$$\sum (x - \bar{x})^2 = 768$$

$$\sum (y - \bar{y})^2 = 82.5$$

$$\sum (x - \bar{x})(y - \bar{y}) = -36$$

Ahora la fórmula de coeficiente es $r = \frac{\sum (x - \bar{x})(y - \bar{y})}{\sqrt{\sum (x - \bar{x})^2} \sqrt{\sum (y - \bar{y})^2}}$

$$r = \frac{-36}{\sqrt{768} \sqrt{82.5}}$$

$$r = -0.143019388$$

Ahora vemos los resultados aplicando la fórmula matemática en el modelo planteado de propagación epidemiología.

Obtenemos los valores de la correlación de los datos, entonces $\alpha = -0.0468$, $\beta = 6.625$

De los valores correlativos tenemos tasa de recuperados γ que viene hacer el coeficiente

$$\gamma = 0.143019388$$

Donde el periodo de infectividad es $\frac{1}{\gamma} = 6.99$

Numero de contactos, contagios por la sección del mapa llega a ser;

$$I = \sigma = \frac{\beta}{\gamma}$$

$$I = 46.322$$

Ahora tenemos el factor $B=0.5$

$$I = 46.322 * B,$$

$$I = 23.161$$

Obtenemos el valor $S = -I -R +N = 24.58$

Ahora sabemos que $\beta = 6.625$, $\gamma = 0.1430$ y $S = 24.58$ con estos datos obtenemos el valor de R, la fórmula para ello es:

$$R = \frac{\beta}{\gamma} S$$

$$R = \frac{6.625}{0.1430} * 24.58$$

$$R = 1.138$$

Observábamnos estos detalles, tenemos $N = 34.346$ habitantes, $S = 24.58$, $R = 1.138$, $I = 23.161$ donde el análisis matemático nos indica los parámetros S, I, R y el valor I es el valor, parámetro que no indica la susceptibilidad del modelo planteado si es mayor a 1 tiende a un brote exponencial.

Bajo este análisis notamos el comportamiento de los datos es irregular si lo trabajamos numéricamente vale decir solo matemáticamente, por el ello el modelo planteado tiene las variables exógenas de la naturaleza.

Estos valores hacen que nuestro modelo tienda a mejorar los puntos críticos, así nuestra hipótesis, *El uso del análisis matemático y tecnología de georreferenciación, permite al modelo predecir el comportamiento de la población del agente en función al cambio climático en Bolivia*, se ve reflejado en las gráficas 4.3 y 4.5 así mostrando la mejora del análisis realizado y planteado. y nuestro valor I muestra claramente una tendencia exponencial al brote, de contagio rápido.



5 CAPÍTULO V CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES.

5.1 INTRODUCCIÓN.

En este capítulo tendremos ya un análisis de conclusión bajo todo el análisis y prueba que se realizó y posterior las recomendaciones pertinentes.

5.2 CONCLUSIÓN.

El modelo propuesto de las enfermedades tiene un gran impacto en la demografía de la población humana, pues las enfermedades son las causantes de muchas muertes en todo el planeta, por ello la modelación se ha vuelto una herramienta muy importante en el estudio de la propagación de las infecciones. respondiendo a:

- Se recopiló información para su tratamiento el cual nos dio un control del agente causal, instalado en un punto geográfico de la región en estudio en este caso departamento de la Paz;
- Con la información se vio el comportamiento del agente causal en un tiempo dado, y tiempo real;
- El análisis matemático nos dio a entender que el uso de la matemática en la simulación es una herramienta poderosa para una proyección y obtener sucesos a futuro, a ello combinado la tecnología se formuló un modelo robusto adaptable a cambios climáticos.
- Se obtuvo una zonificación de áreas donde se ve la debilidad, propenso a ser zona de peligro.

Por ello el tener y conocer la información adecuada nos permitirá construir un modelo de propagación y la matemática que será utilizado para la detención, prevención, tratamiento y control de las enfermedades infecciosas. Convirtiéndose así en una herramienta útil a la epidemiología

Por todo lo anterior se concluye que es importante el modelo presentado y tener la información adecuada y en tiempo real, pues al hacer una mejor clasificación de las zonas geográficas y el considerar la información esencial en la dinámica de difusión de la enfermedad nos permitirá tener un mejor modelo matemático que nos permita hacer buenas predicciones de los procesos de difusión de una enfermedad. Así con el uso de otras variables se logró un modelo robusto, ya que en la actualidad se cuenta con muchas herramientas para el uso de modelación, respondiendo así la hipótesis planteada y el problema principal. Así con la combinación de ellos conforman una herramienta práctica y más efectiva que nos permite contestar preguntas acerca de qué medidas de control más adecuadas.

5.3 RECOMENDACIONES.

De la experiencia recogida en este trabajo y en otros previos o relacionados con la evaluación y propagación de enfermedades se pone manifiesta la dificultad de este tipo, de estudios de riesgo epidemiológico a nivel urbano dado que se requiere un montado en tecnología capaz de sobre manejar el movimiento a detalle.

Sin embargo, es entender el estudio de este evento y la rentabilidad potencial de esta aplicación móvil, siendo la herramienta eficaz y disponible para reducir el daño de contagio en un área determinada sabiendo así con claridad el paciente cero evitando ser vulnerables en tiempos más anticipados ante alertas de riesgo.

6 BIBLIOGRAFÍA.

Adams, A. L., Barth-Jones, D. C., Chick, S. E., & Koopman, J. S. (1998). Simulations to evaluate HIV vaccine trial designs. *Simulation*, 71(4), 228-241.

Berkman, L. F., Kawachi, I., & Glymour, M. (2014). *Social epidemiology*. Oxford University Press.

Borrelli L. Robert y Coleman Courtney S., *Ecuaciones diferenciales: Una perspectiva de modelación*, Oxford University Press 2002.

Burridge y Knopoff Lomnitz, C. 1994. *Fundamentals of earthquake prediction*. John Wiley & Sons New York.

Goldberg, D. E. 1989. *Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning*. Addison-Wesley, Reading, Massachusetts, 412p.

J.A.P. Heesterbeek y K. Dietz, 1996 vol 50, El concepto de R_0 en la teoría epidemia, *Statistica Neerlandica* ratio, The Royal Society 2005.

Jones, L.M., Molnar, P., 1979. Some characteristics of foreshocks and their possible relationship to earthquake prediction and premonitory slip on faults. *Journal of Geophysical Research* 84.

Kagan, Y.Y., Jackson, D.D., 1994. Long-term probabilistic forecasting of earthquakes. *Journal of Geophysical Research* 99, 13,685–13,700.

Kuno Fernández, 2016 “simulación de la propagación del vector *aedes aegypti*, transmisor de las enfermedades: dengue, zika y chikungunya en bolivia”. Universidad Mayor de San Andrés, Facultad de Ciencias Puras y Naturales-informática.

Lomnitz, C. 1994. *Fundamentals of earthquake prediction*. John Wiley & Sons New York.

Murray J. D., Mathematical Biology I: An Introduction, Springer - Verlag 1993, Third Edition.

Murray J. D., Mathematical Biology II: Spatial Models and Biomedical Applications, Springer – Verlag 1993, Third Edition.

OMS. (1990). Programa Nacional de Control de Fiebre Amarilla y Aedes Aegypti. La Paz - Bolivia: Ministerio de Prevision Social y Salud Publica.

Pérez Tamayo. 2007. ¿Existe El Método Científico? Historia Y Realidad. México: El Colegio Nacional Y Fondo De Cultura Económica.

Pérez, L. I. (22 de agosto de 2016). Instituto Nacional de Investigación en Salud Publica. Obtenido de <http://www.investigacionsalud.gob.ec/>

Salm Hans, Janeth Castro Cabero, Propiedades Químicas Y Potential Productive De Los Suelos Del Departamento De La Paz, Bolivia (2005), Carrera de Ciencias Químicas, Universidad Mayor de San Andrés, Rev. Bol. Quim v.22 n.1

Sánchez Garduño Faustino, Matemáticas y Química: Una Mirada a la Cinética Química desde la Matemática, Centro de Investigación en Matemática - Sociedad Matemática Mexicana, 2004.

Shannon, C. A, 1948. Mathematical theory of communications, I and II. Bell Syst. Tech.J, 27:379–423.

Varona J. 1996. Métodos clásicos de resolución de ecuaciones diferenciales ordinarias, edición Logroño, Universidad de la Rioja.

REFERENCIAS DE INTERNET.

<http://es.wikipedia.org/wiki/Archivo:Florentinoviruela.JPG>.

<http://ije.oxfordjournals.org/content/30/4/696.full>.

<http://www.york.ac.uk/depts/maths/histstat/people/mckendrick.gif>.

<http://www.epidemiologia.vet.ulpgc.es>.



7 ANEXOS.

Anexo 1. Tabla de datos generales de todo el departamento de la paz, en cuanto a censo poblacional por provincia y sección, tomando en cuenta embarazadas y niños. De cinco gestiones.

Nº		PROVINCIA	LUGAR	2011	2012	2013	2014	2015
1	Población general	Dpto. La Paz	La Paz	2.881.532	2.719.344	2.719.344	2.887.075	2.822.090
	Menor a 5 años			331.720	262.503	262.503	232.084	281.338
2	Población general	Iturralde rural	Rural	16.609	18.073	18.073	19.204	18.769
	Menor a 5 años	Iturralde	Rural	2.601	2.492	2.492	2.231	1.875
3	Población general	Iturralde	Ixiamas	8.467	9.362	9.362	9.953	9.668
	Menor a 5 años	Iturralde	Ixiamas	1.324	1.314	1.314	1.182	966
4	Población general	Iturralde rural	San buenaventura	8.142	8.711	8.711	9.251	9.101
	Menor a 5 años	Iturralde	San buenaventura	1.277	1.178	1.178	1.049	909
5	Población general	Franz Tamayo - Apolo bamba		67.448	68.774	68.774	73.071	70.852
	Menor a 5 años	Franz Tamayo - Apolo bamba		10.093	7.765	7.765	6.958	7.074
6	Población general	Franz Tamayo	Apolo	14.064	20.308	20.308	21.584	21.281
	Menor a 5 años	Franz Tamayo	Apolo	2.188	2.495	2.495	2.218	2.126
7	Población general	Franz Tamayo	Pelechuco	5.541	6.780	6.780	7.210	6.980

	Menor a 5 años	Franz Tamayo	Pelechuco	860	788	788	707	698
8	Población general	Saavedra	Curva	3.008	3.285	3.285	3.486	3.497
	Menor a 5 años	Saavedra	Curva	452	402	402	352	349
9	Población general	Saavedra	JJ. Pérez	10.029	13.023	13.023	13.831	13.340
	Menor a 5 años	Saavedra	JJ. Pérez	1.504	1.554	1.554	1.413	1.331
10	Población general	Camacho	Rural	62.582	54.072	54.072	57.426	54.428
	Menor a 5 años	Camacho	Rural	6.642	4.300	4.300	3.753	5.429
11	Población general	Camacho	Moco moco	14.774	15.665	15.665	16.641	16.012
	Menor a 5 años	Camacho	Moco moco	1.567	1.328	1.328	1.149	1.598
12	Población general	Camacho	Puerto acosta	16.075	11.290	11.290	15.496	11.274
	Menor a 5 años	Camacho	Puerto acosta	1.706	790	790	1.155	1.124
13	Población general	Camacho	Puerto Carabuco	19.129	14.589	14.589	11.988	14.527
	Menor a 5 años	Camacho	Puerto Carabuco	2.031	1.297	1.297	667	1.450
14	Población general	Camacho	Escoma	6.736	7.186	7.186	7.628	7.250
	Menor a 5 años	Camacho	Escoma	715	467	467	418	723
15	Población general	Camacho	Humanata	5.868	5.342	5.342	5.673	5.365
	Menor a 5 años	Camacho	Humanata	623	418	418	364	535
16	Población general	Muñecas	Aucapata	4.106	5.495	5.495	5.838	5.677
	Menor a 5 años	Muñecas	Aucapata	601	606	606	543	567
17	Población general	Muñecas	Ayata	12.298	8.410	8.410	8.934	8.603
	Menor a 5 años	Muñecas	Ayata	1.799	891	891	815	859
18	Población general	Muñecas	Chuma	18.402	11.473	11.473	12.188	11.474
	Menor a 5 años	Muñecas	Chuma	2.689	1.029	1.029	910	1.145
19	Población general	Larecaja	Combaya	2.467	3.731	3.731	3.964	3.891
	Menor a 5 años	Larecaja	Combaya	341	235	235	206	388

20	Población general	Larecaja	Quiabaya	2.898	2.684	2.684	2.851	2.709
	Menor a 5 años	Larecaja	Quiabaya	400	268	268	224	270
21	Población general	Larecaja	Sorata	21.414	23.512	23.512	24.973	24.670
	Menor a 5 años	Larecaja	Sorata	2.960	2.256	2.256	2.024	2.462
22	Población general	Larecaja	Tacoma	5.555	8.182	8.182	8.697	8.546
	Menor a 5 años	Larecaja	Tacoma	767	889	889	798	854
23	Población general	Larecaja	Guanay	11.594	14.788	14.788	15.715	15.446
	Menor a 5 años	Larecaja	Guanay	1.598	1.623	1.623	1.457	1.543
24	Población general	Larecaja	Mapiri	9.688	13.891	13.891	14.765	14.418
	Menor a 5 años	Larecaja	Mapiri	1.335	1.803	1.803	1.636	1.440
25	Población general	Larecaja	Teoponte	7.150	9.349	9.349	9.936	9.754
	Menor a 5 años	Larecaja	Teoponte	984	1.051	1.051	934	975
26	Población general	Larecaja	Tipuani	6.242	9.985	9.985	10.609	10.266
	Menor a 5 años	Larecaja	Tipuani	860	1.107	1.107	974	1.025
27	Población general	Omasuyos	Larecaja andina	131.055	122.743	122.743	130.330	126.085
	Menor a 5 años	Omasuyos	Larecaja andina	14.644	10.191	10.191	8.939	12.573
28	Población general	Omasuyos	Achacachi	62.496	46.058	46.058	48.894	47.009
	Menor a 5 años	Omasuyos	Achacachi	6.442	3.811	3.811	3.356	4.686
29	Población general	Omasuyos	Ancoraimés	16.795	13.136	13.136	13.946	13.191
	Menor a 5 años	Omasuyos	Ancoraimés	1.732	948	948	829	1.315
30	Población general	Omasuyos	Chua Cocani	-	5.003	5.003	5.313	4.878
	Menor a 5 años	Omasuyos	Chua Cocani	-	329	329	287	487
31	Población general	Omasuyos	Huarina	9.651	7.948	7.948	8.434	8.156
	Menor a 5 años	Omasuyos	Huarina	995	512	512	441	812
32	Población general	Omasuyos	Huatajata	-	3.927	3.927	4.169	4.165

	Menor a 5 años	Omasuyos	Huatajata	-	341	341	253	415
33	Población general	Omasuyos	Santiago de huata	9.779	8.562	8.562	9.089	8.870
	Menor a 5 años	Omasuyos	Santiago de huata	1.007	602	602	521	884
34	Población general	Murillo	Rural	101.803	135.611	135.611	143.982	142.998
	Menor a 5 años	Murillo	Rural	11.004	13.258	13.258	11.796	14.257
35	Población general	Murillo	Achocalla	16.721	22.179	22.179	23.550	22.690
	Menor a 5 años	Murillo	Achocalla	1.862	2.087	2.087	1.815	2.262
36	Población general	Murillo	Mecapaca	13.887	16.086	16.086	17.082	17.251
	Menor a 5 años	Murillo	Mecapaca	1.551	1.357	1.357	1.205	1.720
37	Población general	Murillo	Palca	15.635	16.622	16.622	17.654	17.204
	Menor a 5 años	Murillo	Palca	1.742	1.684	1.684	1.456	1.716
38	Población general	Caranavi	Caranavi	50.407	50.330	50.330	53.467	52.131
	Menor a 5 años	Caranavi	Caranavi	7.097	5.570	5.570	4.978	5.205
39	Población general	Sud yungas		82.638	118.024	118.024	125.369	124.555
	Menor a 5 años	Sud yungas		10.583	13.353	13.353	11.746	12.431
40	Población general	Sud yungas	Chulumani	15.156	17.823	17.823	18.924	19.305
	Menor a 5 años	Sud yungas	Chulumani	2.048	1.792	1.792	1.609	1.925
41	Población general	Sud yungas	Alto Beni	9.474	11.194	11.194	11.903	11.724
	Menor a 5 años	Sud yungas	Alto Beni	1.334	1.302	1.302	1.160	1.172
42	Población general	Sud yungas	Palos blancos	21.146	24.731	24.731	26.283	25.890
	Menor a 5 años	Sud yungas	Palos blancos	2.837	2.927	2.927	2.626	2.587
43	Población general	Sud yungas	Asunta	25.405	40.178	40.178	42.684	41.752
	Menor a 5 años	Sud yungas	Asunta	3.420	5.755	5.755	4.972	4.168
44	Población general	Sud yungas	Yanacachi	4.327	6.420	6.420	6.821	7.078
	Menor a 5 años	Sud yungas	Yanacachi	579	601	601	551	707

45	Población general	Los andes	Manco Kapac	84.664	81.292	81.292	86.297	82.631
	Menor a 5 años	Los andes	Manco Kapac	9.513	6.763	6.763	5.871	8.234
46	Población general	Los andes	Batallas	20.193	17.426	17.426	18.498	17.268
	Menor a 5 años	Los andes	Batallas	2.327	1.486	1.486	1.309	1.722
47	Población general	Los andes	Copacabana	15.441	14.931	14.931	15.850	15.226
	Menor a 5 años	Los andes	Copacabana	1.627	1.215	1.215	1.042	1.517
48	Población general	Los andes	Pucarani	31.112	28.465	28.465	30.218	29.294
	Menor a 5 años	Los andes	Pucarani	3.586	2.687	2.687	2.303	2.919
49	Población general	Los andes	Puerto Pérez	8.030	8.157	8.157	8.662	8.369
	Menor a 5 años	Los andes	Puerto Pérez	926	641	641	557	834
50	Población general	Los andes	San Pedro Tiquina	6.676	6.052	6.052	6.421	6.030
	Menor a 5 años	Los andes	San Pedro Tiquina	707	356	356	320	601
51	Población general	Los andes	Tito Yupanqui	3.212	6.261	6.261	6.648	6.444
	Menor a 5 años	Los andes	Tito Yupanqui	340	378	378	340	642
52	Población general	Los andes	Laja	17.980	24.531	24.531	26.044	25.531
	Menor a 5 años	Los andes	Laja	2.074	2.095	2.095	1.820	2.545
53	Población general	Ingavi	Viacha	55.560	80.724	80.724	85.696	85.853
	Menor a 5 años	Ingavi	Viacha	5.849	8.130	8.130	7.320	8.558
54	Población general	Ingavi	Tiwanacu	78.805	78.772	78.772	83.636	81.044
	Menor a 5 años	Ingavi	Tiwanacu	8.475	6.026	6.026	5.229	8.079
55	Población general	Ingavi	Desaguadero	5.662	6.987	6.987	7.418	7.348
	Menor a 5 años	Ingavi	Desaguadero	595	652	652	574	733
56	Población general	Ingavi	Guaqui	9.654	7.278	7.278	7.727	7.377
	Menor a 5 años	Ingavi	Guaqui	1.017	450	450	379	735
57	Población general	Ingavi	Jesús de Machaca	15.795	15.039	15.039	15.967	15.348

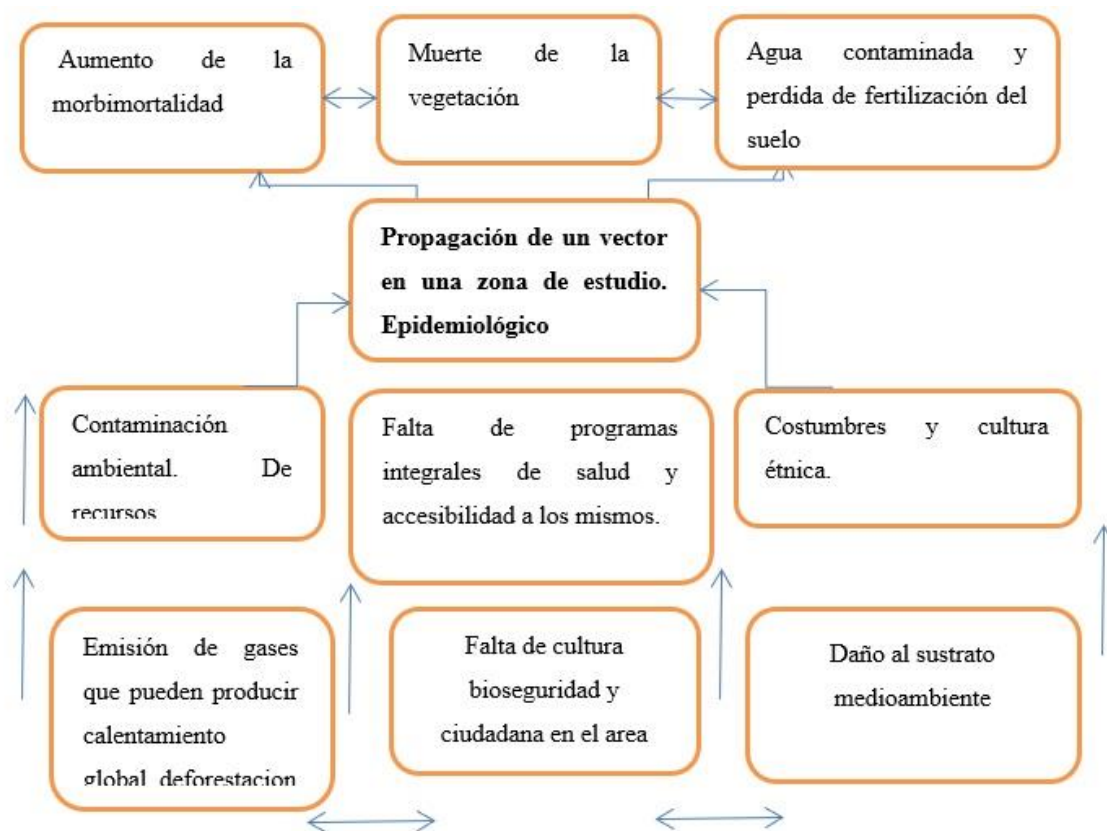
	Menor a 5 años	Ingavi	Jesús de Machaca	1.663	1.160	1.160	978	1.530
58	Población general	Ingavi	Andrés de Machaca	7.511	6.145	6.145	6.526	6.189
	Menor a 5 años	Ingavi	Andrés de Machaca	790	491	491	443	617
59	Población general	Ingavi	Taraco	7.631	6.603	6.603	7.014	6.721
	Menor a 5 años	Ingavi	Taraco	803	366	366	324	670
60	Población general	Nor yungas	Todo	115.701	134.268	134.268	142.678	139.629
	Menor a 5 años	Nor yungas	Todo	16.045	15.383	15.383	13.765	13.947
61	Población general	Nor yungas	Coripata	12.617	16.930	16.930	17.978	17.972
	Menor a 5 años	Nor yungas	Coripata	1.448	1.669	1.669	1.450	1.792
62	Población general	Nor yungas	Coroico	14.547	19.397	19.397	20.605	20.167
	Menor a 5 años	Nor yungas	Coroico	1.662	1.813	1.813	1.612	2.013
63	Población general	Nor yungas	Irupana	10.586	17.276	17.276	18.357	18.281
	Menor a 5 años	Nor yungas	Irupana	1.426	1.723	1.723	1.552	1.825
64	Población general	Pacajes y pando		52.679	50.432	50.432	53.562	51.478
	Menor a 5 años	Pacajes y pando		5.584	4.053	4.053	3.534	5.136
65	Población general	Pando	Catacora	3.291	2.881	2.881	3.057	3.233
	Menor a 5 años	Pando	Catacora	303	279	279	257	323
66	Población general	Pando	Santiago machaca	4.889	4.593	4.593	4.877	4.630
	Menor a 5 años	Pando	Santiago machaca	452	312	312	273	462
67	Población general	Pacajes	Caquiaviri	13.722	14.687	14.687	15.597	15.146
	Menor a 5 años	Pacajes	Caquiaviri	1.489	1.215	1.215	1.051	1.511
68	Población general	Pacajes	Charaña	3.053	3.246	3.246	3.447	3.360
	Menor a 5 años	Pacajes	Charaña	332	282	282	239	335
69	Población general	Pacajes	Comanche	3.546	3.880	3.880	4.121	3.955
	Menor a 5 años	Pacajes	Comanche	383	325	325	295	394

70	Población general	Pacajes	Coro coro	13.177	10.647	10.647	11.310	10.372
	Menor a 5 años	Pacajes	Coro coro	1.430	870	870	757	1.035
71	Población general	Pacajes	Nazacara	499	619	619	658	664
	Menor a 5 años	Pacajes	Nazacara	55	57	57	54	66
72	Población general	Pacajes	Santiago Callapa	9.068	7.289	7.289	7.745	7.236
	Menor a 5 años	Pacajes	Santiago Callapa	984	536	536	450	723
73	Población general	Pacajes	Waldo Ballivian	2.028	5.069	5.069	5.383	5.334
	Menor a 5 años	Pacajes	Waldo Ballivian	220	520	520	468	532
74	Población general	Aroma	Patacamaya	25.282	22.858	22.858	24.272	23.427
	Menor a 5 años	Aroma	Patacamaya	3.246	2.453	2.453	2.145	2.336
75	Población general	Aroma	Sica sica	35.919	31.312	31.312	33.254	32.033
	Menor a 5 años	Aroma	Sica sica	4.613	3.132	3.132	2.732	3.196
76	Población general	Aroma	Umala	13.624	8.903	8.903	9.459	8.732
	Menor a 5 años	Aroma	Umala	1.750	763	763	660	871
77	Población general	Aroma	Ayo ayo	55.238	52.685	52.685	55.956	53.884
	Menor a 5 años	Aroma	Ayo ayo	7.015	4.700	4.700	4.170	5.374
78	Población general	Aroma	Calamarca	14.816	12.413	12.413	13.184	12.532
	Menor a 5 años	Aroma	Calamarca	1.902	1.042	1.042	908	1.250
79	Población general	Aroma	Collana	4.120	5.042	5.042	5.355	4.992
	Menor a 5 años	Aroma	Collana	530	487	487	440	497
80	Población general	Aroma	Colquencha	10.739	9.879	9.879	10.492	10.283
	Menor a 5 años	Aroma	Colquencha	1.380	900	900	816	1.026
81	Población general	Loayza	Sapahaqui	16.022	12.484	12.484	13.258	12.775
	Menor a 5 años	Loayza	Sapahaqui	2.019	1.013	1.013	900	1.274

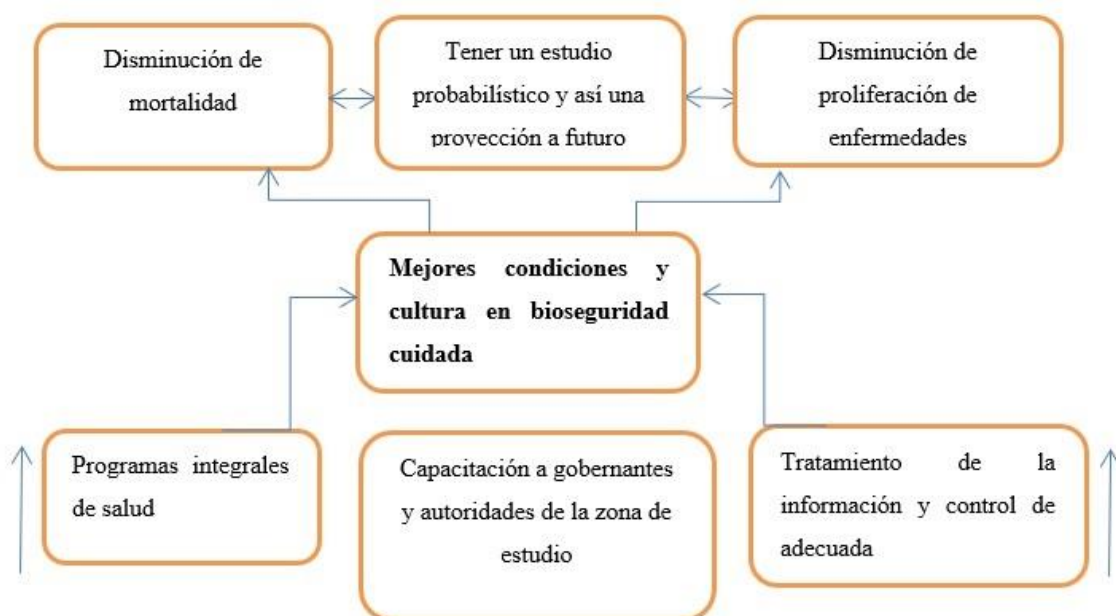
82	Población general	Loayza	Luribay	36.684	34.989	34.989	37.168	36.050
	Menor a 5 años	Loayza	Luribay	4.627	3.288	3.288	2.919	3.597
83	Población general	Loayza	Cairoma	12.880	11.355	11.355	12.062	11.328
	Menor a 5 años	Loayza	Cairoma	1.624	1.174	1.174	1.038	1.130
84	Población general	Loayza	Malla	5.845	5.180	5.180	5.502	5.579
	Menor a 5 años	Loayza	Malla	738	537	537	475	557
85	Población general	Loayza	Yaco	9.313	7.315	7.315	7.774	7.474
	Menor a 5 años	Loayza	Yaco	1.175	692	692	617	746
86	Población general	Inquisivi	Inquisivi	62.999	66.462	66.462	70.610	68.902
	Menor a 5 años	Inquisivi	Inquisivi	8.756	6.944	6.944	6.106	6.881
87	Población general	Inquisivi	Cajuata	6.898	10.458	10.458	11.108	11.192
	Menor a 5 años	Inquisivi	Cajuata	959	1.149	1.149	1.026	1.117
88	Población general	Inquisivi	Colquiri	20.581	19.620	19.620	20.847	20.226
	Menor a 5 años	Inquisivi	Colquiri	2.860	2.191	2.191	1.880	2.021
89	Población general	Inquisivi	Ichoca	7.662	7.913	7.913	8.405	8.170
	Menor a 5 años	Inquisivi	Ichoca	1.064	885	885	776	816
90	Población general	Inquisivi	Licoma Pampa	3.189	5.488	5.488	5.830	5.665
	Menor a 5 años	Inquisivi	Licoma Pampa	444	408	408	380	565
91	Población general	Inquisivi	Quime	8.266	8.266	8.266	8.783	8.604
	Menor a 5 años	Inquisivi	Quime	1.003	758	758	673	860
92	Población general	Aroma y Villarroel		105.435	88.227	88.227	93.711	89.810
	Menor a 5 años	Aroma y Villarroel		13.060	8.325	8.325	7.240	8.961
93	Población general	G. Villarroel	Chacarilla	2.012	2.004	2.004	2.130	2.123
	Menor a 5 años	G. Villarroel	Chacarilla	230	197	197	171	212

94	Población general	G. Villarroel	Papel Pampa	7.757	7.003	7.003	7.441	7.230
	Menor a 5 años	G. Villarroel	Papel Pampa	889	610	610	521	722
95	Población general	G. Villarroel	San Pedro Curahuara	11.773	8.858	8.858	9.410	9.029
	Menor a 5 años	G. Villarroel	San Pedro Curahuara	1.348	634	634	561	902

Anexo 2. Árbol de problemas.



Anexo 3. Árbol de objetivos.



DOCUMENTACIÓN