

**MODELO MATEMÁTICO DE LA DINAMICA DE TRANSMISIÓN DE LA  
INFLUENZA MEDIANTE AUTOMATAS CELULARES**

**MATHEMATICAL MODEL OF THE DYNAMICS OF TRANSMISSION OF  
INFLUENZA THROUGH CELL AUTOMATONS**

**Julio Trujillo-González**

Universidad de Panamá, Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Tecnología. Panamá.

[julio.trujillo@up.ac.pa](mailto:julio.trujillo@up.ac.pa) <https://orcid.org/0000-0002-3664-8058>

**Iveth Verónica Martínez Valderrama**

Universidad de Panamá, Facultad de Ciencias Naturales, Exactas y Tecnología. Panamá.

[iveth.martinez@up.ac.pa](mailto:iveth.martinez@up.ac.pa) <https://orcid.org/0000-0003-3465-2640>

**Recepción: 21 de julio de 2023**

**Aprobación: 15 de septiembre de 2023**

**DOI: <https://doi.org/10.48204/semillaeste.v4n1.4448>**

**RESUMEN**

Este estudio analiza el uso de autómatas celulares (AC) para simular la propagación de la influenza. A pesar de la falta de datos específicos para Panamá, los resultados mostraron que los AC pueden ofrecer una representación precisa y detallada de la dinámica de propagación de enfermedades en el ambiente. Se observó una correspondencia razonable con los modelos continuos, subrayando su potencial para predecir y controlar epidemias, las cuales derivan en un incremento en el uso de los servicios de salud y, por ende, un mayor consumo energético que se traduce en emisión de más contaminantes ambientales. El estudio también enfatizó la necesidad de disponer de datos epidemiológicos precisos y actualizados, ya que son cruciales para la eficacia de los modelos. Esta investigación destaca el valor de los AC

en la modelización de enfermedades y la importancia de los datos robustos para el desarrollo de políticas de salud pública eficaces.

**Palabras clave:** Ambiente, autómatas celulares, contaminantes, modelos epidemiológicos, salud pública

### **ABSTRACT**

This study examines the use of cellular automata (CA) to simulate the spread of influenza. Despite the lack of specific data for Panama, the results showed that CA can provide an accurate and detailed representation of disease spread dynamics in the environment. A reasonable correspondence with continuous models was observed, underlining their potential for predicting and controlling epidemics, which result in increased use of healthcare services and, consequently, higher energy consumption leading to the emission of more environmental pollutants. The study also emphasized the need for accurate and up-to-date epidemiological data, as they are crucial for the effectiveness of the models. This research highlights the value of CA in disease modeling and the importance of robust data for the development of effective public health policies.

**Keywords:** Environment, cellular automata, pollutants, epidemiological models, public health

### **INTRODUCCIÓN**

La comprensión insuficiente de los principios de la modelización matemática y el tratamiento de datos puede representar un obstáculo al modelar fenómenos naturales o físicos. Sin embargo, el valor de estos modelos para analizar situaciones reales e interpretar resultados ha aumentado significativamente. En el contexto de las epidemias, los modelos matemáticos se han convertido en una herramienta de apoyo esencial por varias razones (Trujillo, 2020):

- Revelan patrones que no son evidentes a simple vista.
- Permiten obtener información sobre las relaciones existentes entre los distintos elementos que intervienen en un fenómeno que ocurre en el ambiente.
- Facilitan la predicción del comportamiento de las enfermedades, lo que sirve como base para la toma de decisiones y la implementación de acciones para el

cuidado de una población, a fin de hacer un uso eficiente y eficaz de los recursos disponibles y reducir la emisión de contaminantes al ambiente.

Existen múltiples modelos de pronóstico para enfermedades que utilizan autómatas celulares, como el Modelamiento Computacional de la Dinámica de Transmisión de la Varicela mediante Autómatas Celulares (Cell-DEVS) (Romero et al., 2018), *A Model Based on Cellular Automata to Simulate Epidemic Diseases* (White et al., 2006), y *Dynamic Cellular Automata Based Epidemic Spread Model for Population in Patches with Movement* (Athitan et al., 2014).

En lo que sigue se definirá autómatas celulares de dimensión uno y la definición para dimensión superior se derivada de ella (Wolfram 1994).

Sea  $S = \{0, 1, \dots, k - 1\}$  el conjunto de estado de cada elemento o célula, que llamaremos alfabeto. La secuencia bilateral

$$X = \dots x_{-2}x_{-1}x_0x_1x_2 \dots$$

es llamada la configuración del autómata celular y al conjunto de todas las configuraciones es conocido como el espacio de configuración,  $\Sigma = S^{\mathbb{Z}}$ , donde  $\mathbb{Z}$  es el conjunto de los números enteros.

Para nuestro caso, se considerará que el tiempo es discreto y que cada configuración, de todas células cambian a la vez.

Para cada tiempo, el cambio de estado de una célula depende de su estado actual, y de los  $2r$  vecinos alrededor de él y por la función

$$f: S_t^{2r+1} \rightarrow S_{t+1}$$

de la forma

$$x_i^{t+1} = f(x_{i-r}^t, \dots, x_i^t, \dots, x_{i+r}^t)$$

La dinámica de la evolución del autómata celular está determinada por una función  $F$  de cada célula individual, es decir,

$$F: \Sigma \rightarrow \Sigma$$

sobre la configuración total del autómata celular que de manera general está dada por

$$\Omega^{(t+1)} = F\Omega^{(t)} \subseteq \Omega^{(t)}$$

donde  $\Omega^{(t)} = F^t\Sigma$ .

Podemos definir de forma coloquial el autómata celular como un modelo matemático que consta de una cuadrícula de células, cada una de las cuales puede estar en un número finito de estados. La cuadrícula puede ser de cualquier dimensión, pero para simplificar, a menudo se consideran autómatas celulares unidimensionales (una línea de células) o bidimensionales (una cuadrícula de células).

Las partes principales de un autómata celular son:

- El conjunto de estados ( $S$ )
- La configuración ( $X$ )
- El espacio de configuración ( $\Sigma$ )
- La función de transición ( $f$ ): Esta es la regla que determina cómo cambia el estado de cada célula en cada paso de tiempo. La función de transición toma en cuenta el estado actual de una célula y los estados de sus vecinos para determinar el estado de la célula en el siguiente paso de tiempo.

Dada la importancia de entender el comportamiento de ciertas enfermedades, el objetivo de este trabajo es desarrollar un modelo matemático de la dinámica de transmisión de la influenza utilizando autómatas celulares (AC).

## **MATERIALES Y MÉTODOS**

Para llevar a cabo los experimentos computacionales de este estudio, se utilizó el lenguaje de programación *Python*, un lenguaje altamente flexible y poderoso que es ampliamente utilizado en la ciencia de datos y la investigación computacional. Se seleccionó *Python* debido a su facilidad de uso, capacidad para manipular grandes conjuntos de datos y compatibilidad con una amplia gama de paquetes de software que son útiles para la modelización y simulación.

Los paquetes de *Python* que se utilizaron incluyen *random*, *numpy*, *matplotlib* y *pandas*. El paquete *random* se utilizó para generar números aleatorios, que son esenciales en la simulación de la propagación de enfermedades. *Numpy*, otro paquete fundamental, se utilizó

para operaciones matemáticas y manipulación de matrices, proporcionando funciones para trabajar con grandes conjuntos de datos multidimensionales. *Matplotlib* se empleó para la creación de gráficos y visualizaciones de datos, permitiendo la representación gráfica de los resultados de la simulación. Finalmente, el paquete *pandas* se usó para la manipulación y análisis de datos, ofreciendo estructuras de datos flexibles y eficientes que facilitan la organización y manipulación de datos complejos.

Todos los experimentos computacionales se realizaron en una computadora portátil equipada con un procesador Intel Core i7-8750H de 2.20 GHz y 16.0 GB de memoria RAM.

Esta configuración de hardware proporcionó suficiente potencia de procesamiento y capacidad de memoria para manejar los cálculos intensivos y los grandes conjuntos de datos asociados con las simulaciones de autómatas celulares y el análisis de datos posteriores. A pesar de la intensidad computacional de este tipo de modelado, la combinación de hardware potente y el uso eficiente de Python y sus paquetes permitieron realizar los experimentos de manera eficiente.

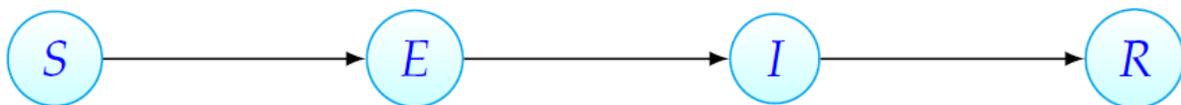
Las reglas que utiliza para la simulación para representar la dinámica de transición de los diferentes estados de las células

$$f(S_{x_{ij}}^t, S_{N(i,j)}^t) = \begin{cases} 1, \text{ si } S_{x_{ij}}^t = 0 \text{ y } \eta(S_{N(i,j)}) \geq 1 \\ 2, \text{ si } S_{x_{ij}}^t = 1 \text{ y } \text{TiempoIncubación} \geq 1 \\ 3, \text{ si } S_{x_{ij}}^t = 2 \text{ y } \text{TiempoRecuperación} \geq 5 \\ 3, \text{ si } S_{x_{ij}}^t = 3 \text{ y } \text{TiempoInmunidad} \geq 7 \\ S_{x_{ij}}^t, \text{ en otro caso} \end{cases}$$

donde  $S = \{0, 1, 2, 3\}$  es el conjunto de estados con: susceptibles = 0, expuestos = 1, infectados = 2 y recuperados = 3, y  $\eta(\cdot)$  es la función que devuelve la cantidad de estados igual a 2 como se muestra en la figura 1.

**Figura 1.**

*Transición entre los estados*



Una de las limitaciones, ya mencionada, para un estudio de propagación de enfermedades es contar con una data que contenga información oportuna y válida. Hasta donde fue posible indagar, no se cuenta con una base de datos para los casos de Influenza, en Panamá, acorde con las necesidades del modelo en estudio.

Es por ello por lo que, al revisar algunas investigaciones y publicaciones de las entidades encargadas del estudio del comportamiento de enfermedades, se decidió aplicar los datos sobre el comportamiento de la influenza proporcionado por la (CDC, 2019) de 225 personas analizadas, asumiendo que ese comportamiento del virus en otros países es similar en Panamá.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Para la implementación se estableció los parámetros que alimentaran la simulación y las propiedades de los autómatas celulares los cuales muestran en la tabla 1.

**Tabla 1.**

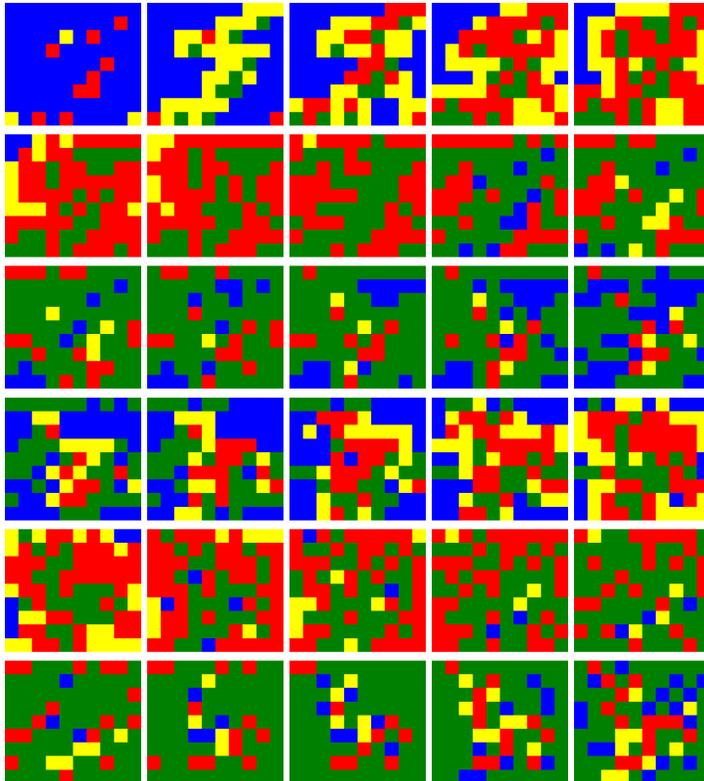
*Parámetros del modelo*

Parámetro	Significado	Datos de la simulación
$N$	Número de personas	100
$T$	Tiempo total de la simulación	50
$S_t$	Número de susceptibles al inicio de la temporada	87
$E_t$	Número de expuestos al inicio de la temporada	4
$I_t$	Número de infectados al inicio de la temporada	9
$R_t$	Número de recuperados al inicio de la temporada	0
$\eta_1$	Tiempo de incubación de la influenza	1-2
$\eta_2$	Tiempo de recuperación de la influenza	1-7
$\eta_3$	Tiempo de inmunidad de la influenza	7

Después de realizar la simulación computacional mediante los Autómatas Celulares, se podrá generar una secuencia de estados mediante el tiempo considerado para la simulación que permitirá observar la evolución de la propagación de la enfermedad, lo cual se presenta en la figura 2.

**Figura 2.**

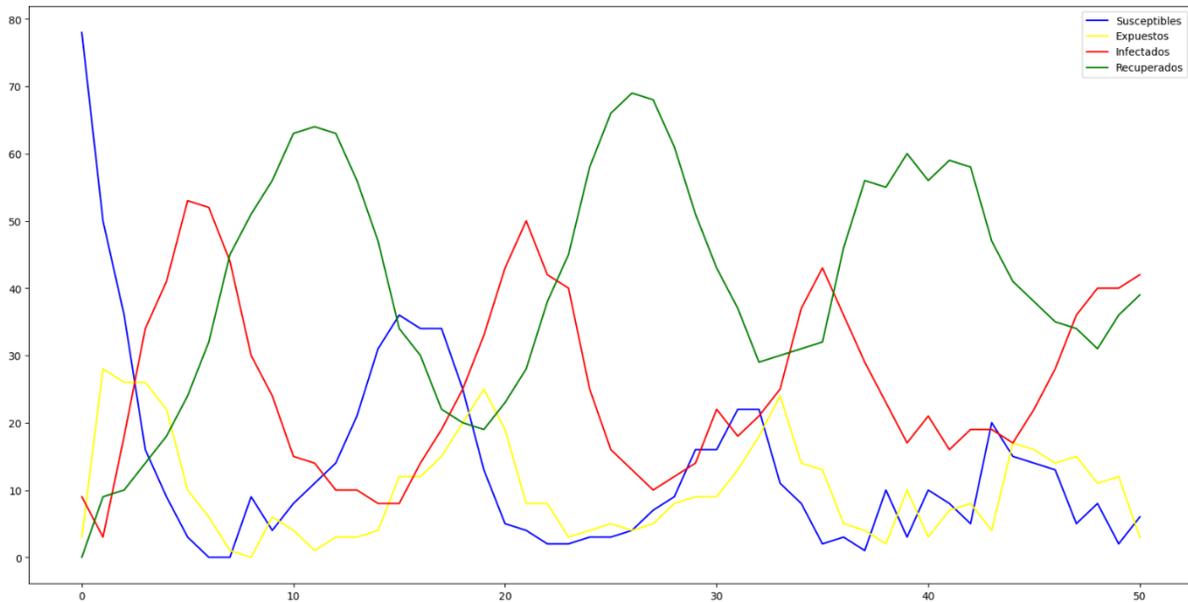
*Simulación computacional de los autómatas celulares*



Se puede observar en la figura 3 que la población total va a pertenecer a la población de los recuperados. Estos nos permiten considerar que la simulación usando AC nos proporciona de manera detallada como se propaga la enfermedad, y el periodo latente de la enfermedad como va abarcando toda la población; además cabe resalta que los cuando los estados susceptibles, expuestos disminuyen el estado infectado disminuye, ya que hay menos población que infectar. Desde aquí, se puede construir las curvas de evolución de las poblaciones epidemiológicas.

**Figura 3.**

*Curvas de evolución de las poblaciones epidemiológicas*



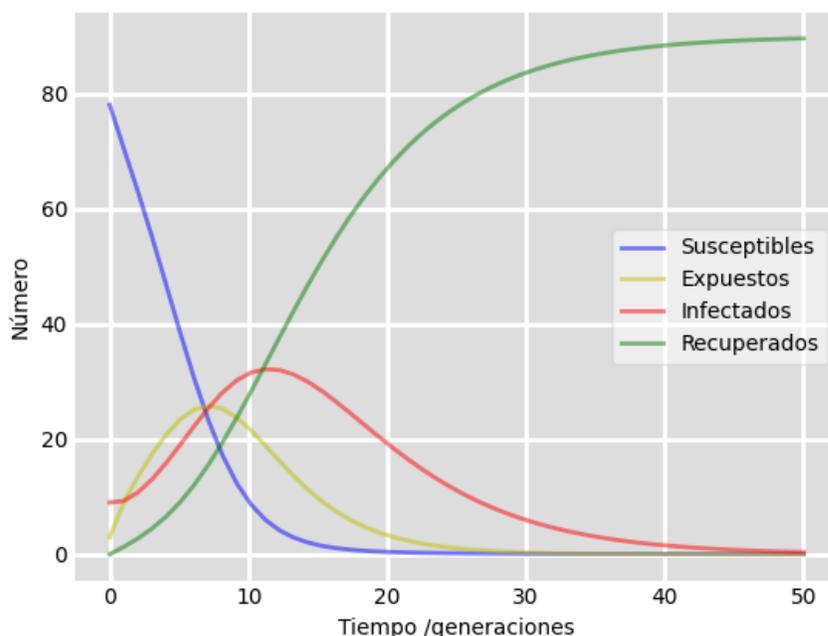
Como complemento se determinó los parámetros  $\beta, \gamma, \sigma$  utilizando los datos de la simulación para nuestro sistema de ecuaciones en derivadas ordinarias del siguiente sistema de ecuaciones

$$\begin{cases} S'(t) = -S(t)I(t) \\ E'(t) = S(t)I(t) - 0.25E(t) \\ I'(t) = 0.25E(t) - 0.14I(t) \\ R'(t) = 0.14I(t) \end{cases}$$

Este es un modelo clásico tipo SEIR cuya representación gráfica es la figura 4, se puede observar una diferencia con respecto a la figura 3, es por las características propias de los modelos uno es continuo y el otro es discreto, lo que resulta interesante es que los AC nos proporciona una concepción similar de la propagación de la enfermedad.

**Figura 4.**

*Modelo SEIR mediante ecuaciones diferenciales ordinarias*



## CONCLUSIONES

Se revela el potencial de los autómatas celulares (AC) para simular la propagación de enfermedades como la influenza, brindando una visión detallada y granular de su evolución. A pesar de las diferencias con los modelos continuos, los AC ofrecen representaciones coherentes y precisas de la dinámica epidemiológica, resultando especialmente útiles en el diseño de estrategias de prevención y control.

No obstante, su eficacia depende de la disponibilidad de datos precisos y actualizados, subrayando la necesidad de sistemas de vigilancia epidemiológica robustos. Este trabajo se vio limitado por la ausencia de datos específicos para Panamá, lo que obligó a los investigadores a basarse en datos de la CDC, asumiendo un comportamiento similar del virus.

En conclusión, este estudio demuestra la eficacia de los Autómatas Celulares (AC) en la simulación de la propagación de enfermedades. Además, subraya la importancia de contar con datos precisos y actualizados para el diseño de políticas de salud pública basadas en

evidencia científica. La integración de métodos de modelado cada vez más sofisticados con datos epidemiológicos de alta calidad augura un futuro en el que podremos predecir y controlar las epidemias con mayor exactitud, minimizando así su impacto negativo tanto en la salud pública como en el medio ambiente.

Por otro lado, existe un desafío pendiente: evaluar los impactos ambientales no considerados en la relación entre el medio ambiente y una epidemia, como es el caso del COVID-19. Un ejemplo concreto es la forma en que la población de Panamá descarta mascarillas y otros materiales de protección personal, lo cual podría tener consecuencias ambientales significativas (José Jesús Guerrero Rojas, 2021).

## REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Athitan, S., Shukla, V. & Biradar, S. (2014). Dynamic Cellular Automata Based Epidemic Spread Model for Population in Patches with Movement. Hindawi Publishing Corporation. Journal of Computational Environmental Sciences.  
<https://www.hindawi.com/journals/jces/2014/518053/>
- José Jesús Guerrero Rojas. (2021). IMPACTO AMBIENTAL DE LA PANDEMIA DE LA COVID-19: ¿DÓNDE ESTAMOS?. *Innova Biology Sciences*, 1(1), 6–17.  
<https://doi.org/10.58720/ibs.v1i1.2>
- Romero, N., Cruz, R. & Wainer, G. (2018). Modelamiento Computacional de la Dinámica de Transmisión de la Varicela mediante Automatas Celulares (Cell-DEVS). *Pesquimats*.  
<https://revistasinvestigacion.unmsm.edu.pe/index.php/matema/article/view/13969>
- Trujillo, J. (2020). Modelización de la predicción de riesgo de la dinámica de transmisión de la influenza en la provincia de panamá (tesis de postgrado). Universidad de Panamá, Panamá.
- White, H., del Rey, M. & Sánchez, R. (2006). A Model Based on Cellular Automata to Simulate Epidemic Diseases. Cellular Automata. ACRI 2006. Lecture Notes in Computer Science. [https://link.springer.com/chapter/10.1007%2F11861201\\_36](https://link.springer.com/chapter/10.1007%2F11861201_36)
- Wolfram, S. (1994). Cellular automata and complexity. Estados Unidos de América, CRC Press.