Journal homepage http://revistas.unitru.edu.pe/index.php/SSMM

SELECCIONES MATEMÁTICAS
Universidad Nacional de Trujillo
ISSN: 2411-1783 (Online)
Vol. 05(01): 39 - 47 (2018)

Modelamiento computacional de la dinámica de transmisión sexual del VIH/SIDA mediante autómatas celulares (Cell-DEVS)

Computational modeling of the dynamics of sexual transmission of HIV/AIDS through cellular automats (Cell-DEVS)

Neisser Pino Romero *, Roxana López Cruz †, and Gabriel Wainer‡

Received, Feb. 24, 2018 *Accepted, May. 20, 2018*

Resumen

En el presente artículo de investigación, se desarrolla un modelo computacional mediante los autómatas celulares (Cell-DEVS) que describe la dinámica de transmisión del VIH/SIDA en un grupo cerrado de personas heterosexuales que son sexualmente activas. Desde la perspectiva de la epidemiología matemática se tiene el modelo matemático SI de W. O. Kermack y A. G. McKendrick que representa la dinámica de la enfermedad de transmisión sexual mediante las ecuaciones diferenciales ordinarias. Donde se realizará las simulaciones computacionales tanto por los métodos numéricos como los autómatas celulares para analizar la evolución de la enfermedad en el tiempo, y cómo se puede interpretar los resultados obtenidos para generar adecuadas actividades de intervención como parte de políticas públicas.

Palabras clave. Epidemiología Matemática. Ecuaciones Diferenciales Ordinarias. Autómatas Celulares. Formalismo DEVS. Simulaciones Computacionales.

Abstract

In the present research article, a computational model is developed by means of cellular automatas (Cell-DEVS) that describes the transmission dynamics of HIV / AIDS in a closed group of heterosexual people who are sexually active. From the perspective of the mathematical epidemiology we have the mathematical model SI of W. O. Kermack and A. G. McKendrick that represents the dynamics of the sexually transmitted disease by means of the ordinary differential equations. Where computational simulations will be carried out both by numerical methods and cellular automatas to analyze the evolution of the disease over time, and how the results obtained can be interpreted to generate adequate intervention activities as part of public politics.

Keywords. Mathematical Epidemiology. Ordinary differential equations. Cellular Automata. DEVS formalism. Computational Simulations.

1. Introducción. Desde que la sociedad comenzó a experimentar diferentes enfermedades a través de la historia, se ha intentado predecir cuales pueden ser las posibles consecuencias ante una epidemia, sino de manera fundamental poder realizar una adecuada prevención. Por lo cual, la epidemiología ha tomado un lugar importante en la descripción, estudio, análisis de las diversas enfermedades que puedan generar epidemias; la matemática y la estadística han apoyado las investigaciones científicas para tener estudios cada vez más rigurosos y que permitan respuestas cada vez más acertadas. En los últimos años, la computación se ha unido a la inmensa e intensa labor de apoyar las diversas investigaciones científicas en las diferentes áreas de la ciencia. La

* UPCH, Facultad de Ciencias y Filosofía Alberto Cazorla Talleri- *neisser.pino@upch.pe.*
† UNMSM, Facultad de Ciencias Matemáticas, Perú. *E-mail: rlopezc@unmsm.edu.pe* .
‡ Carleton University, Department of Systems and Computer Engineering. *gwainer@sce.carleton.ca*

© 2018 **All rights reserved.** **DOI:** http://dx.doi.org/10.17268/sel.mat.2018.01.06

ayuda computacional en la realización de grandes cálculos numéricos y procesamiento de datos, ha permitido el análisis numérico mediante la discretización del tiempo, ya sea por tiempo discreto o evento discreto para el modelamiento matemático de alguna epidemia [1,4,5,9].

En 1927, W. O. Kermack y A. G. McKendrick propusieron un modelo matemático que intentaba describir el comportamiento de las enfermedades infecciosas, en nuestro caso será el VIH/SIDA, en una primera consideración se tuvo las ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO), en su tiempo fue un gran aporte que realizó la matemática en cuanto al estudio de las epidemias. Pero los diferentes fenómenos no resultaban sencillos formalizarlos mediante los modelos matemáticos, en cuanto al problema que contenía más variables independientes a considerar. Desde ahí, la computación comenzó a abordar enormemente los problemas para poder describir problemas que representados mediante un sistema de ecuaciones era complicado y de difícil análisis tanto analítico como computacional. Por lo cual, se ha desarrollado los métodos numéricos para realizar las simulaciones computacionales, pero de similar manera se ha ido desarrollando en los últimos años otra perspectiva de realizar simulaciones computacionales, las cuales es abarcada por los Autómatas Celulares (A.C.) donde permiten representar de manera más sencilla muchos sistemas complejos que desde el punto de vista de los métodos numéricos serían más complicado realizarlos [3,10,11,14,17].

2. VIH/SIDA. Según la información del Programa Conjunto de las Naciones Unidas (ONUSIDA) sobre el VIH/SIDA, se sabe que el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) es un microorganismo que ataca al sistema inmune de las personas, debilitándolo y haciéndoles vulnerables ante una serie de infecciones, algunas de las cuáles pueden poner en peligro la vida. Por otro lado, el síndrome de la inmunodeficiencia adquirida (SIDA) es el estado de la infección por el VIH caracterizado por bajos niveles de defensas y la aparición de infecciones oportunistas [4,9].

En ambos estados de la enfermedad que se genera en el cuerpo afecta al sistema inmunitario, que es el conjunto de tejidos, células y moléculas responsables de la inmunidad (la protección del cuerpo frente a agentes extraños y perjudiciales), y su respuesta colectiva y coordinada frente a la entrada en el organismo de ciertas sustancias extrañas se denomina respuesta inmunitaria. Para poder llevar a cabo esta respuesta inmunitaria nuestro cuerpo cuenta con las células del sistema inmunitario, entre las que destacan los linfocitos o glóbulos blancos [5,8,9].

2.1. Dirección General de Epidemiología. En nuestro país, segunún la D.G.E. se sabe que la epidemia del VIH mantiene las características de una epidemia concentrada, por tener una prevalencia en población general menor al 1 % y una prevalencia mayor del 5 % en poblaciones de elevada prevalencia (en mujeres transgénero y hombres que tienen sexo con hombres). La vía de transmisión predominante del VIH/SIDA es la vía sexual (97 %), según su boletín epidemiológico [4,5,9].

La vigilancia epidemiológica del VIH/SIDA, se realiza de acuerdo a lo establecido en la NTS NA 115-MINSA/DGE V.01. Norma Técnica de Salud para la Vigilancia Epidemiológica en Salud Pública de la Infección por el virus de la inmunodeficiencia humana (VIH) y de las Infecciones de Transmisión Sexual (ITS) en el Perú. Las enfermedades de transmisión sexual y el VIH/SIDA son objeto de notificación obligatoria. La notificación de los casos de infección por el VIH/SIDA y las ITS, así como la vigilancia centinela, del comportamiento y demás investigaciones complementarias se deben realizar garantizando la estricta confidencialidad de los datos [5].

La D.G.E. tiene la misión de proteger la dignidad personal, promoviendo la salud, previniendo las enfermedades y garantizado la atención integral de la salud de todos los habitantes del país; proponiendo y conduciendo los lineamientos de políticas sanitarias en concertación con todos los sectores públicos y los actores sociales. La persona es el centro de la misión de la institución, a la cual se dedica con respeto a la vida y a los derechos fundamentales de todos los peruanos, desde antes de su nacimiento y respetando el curso natural de la vida, contribuyendo a la gran tarea nacional de lograr el desarrollo de todos los ciudadanos. Esta es la labor de las políticas públicas de cada país. [5,9].

2.1.1. Objetivos.

- Determinar la magnitud y tendencia de la dinámica de la epidemia del VIH/SIDA.
- Notificación de casos SIDA y VIH.
- Vigilancia centinela de prevalencia de ITS y VIH en poblaciones de alto y bajo riesgo.
- Vigilancia del comportamiento Sexual.

- Elaborar el análisis de la situación de salud de la epidemia del VIH/SIDA para contribuir al diseño de las acciones de prevención y control a través de intervenciones sanitarias basadas en evidencia.

La información que maneja la D.G.E. representa los esfuerzos de la recolección de datos y el análisis de los mismos para poder realizar las predicciones que puedan generar las actividades de prevención, control y respuesta ante cualquier emergencia que peuda ocurrir.

Figura 2.1. *Distribución de los casos de SIDA por Edad y Sexo. Fuente: Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades. Dirección General de Epidemiología - Ministerio de Salud del Perú*

Una adecuada base de datos permite mantener un seguimiento detallado de la evolución de la enfermedad, y de la forma de cómo se transmite el VIH/SIDA. De toda la información que se pueda obtener y analizar detalladamente, se puede generar modelos matemáticos y estadísticos para conceptualizar diferentes perspectivas en la investigación cientítica, con el objetivo de dar soluciones y respuestas en la salud pública del país. [5,9].

3. Modelo Matemático SI . Las consideraciones del modelo matemático que se desarrollará en el presente artículo, es una perturbación de los modelos que se expresan en el artículo *"Modelo Matemático para la Dinámica de Transmisión del VIH/SIDA en una Población Heterosexual Activa"* en [7] y en la tesis *"Modelo Matemático de la Dinámica de Transmisión Sexual del VIH/SIDA en un Población Heterosexual Activa en el Perú"* en [10], que son perturbaciones del modelo presentado por W. O. Kermack y A. G. McKendrick (1927), estos modelos permiten tener más consideraciones de esta problemática que es la enfermedad del VIH/SIDA, en un contexto más general donde se considera la estructuración por sexo (hombres y mujeres) de las poblaciones epidemiológicas (susceptibles e infectados) para una mejor diversificación de la evolución que puede generar la enfermedad en la sociedad. [2,3,11].

Se considerará que el medio de contagio solamente sea por el acto sexual entre hombre y mujer, es decir, poblaciones netamente heterosexuales que han iniciado su vida sexual, no se considerará el contacto bisexual ni el homosexual. La población total se mantendrá constante durante todo el tiempo debido que no se considerará natalidad ni mortalidad dentro del modelo. La enfermedad del VIH/SIDA pasa por un periodo latente antes de que los nuevos infectados puedan transmitir la enfermedad. En el modelo, este periodo latente no pasa por un tiempo de incubación sino será instántaneo. [7,10,11,13].

Las variables (poblaciones epidemiológicas) consideradas para el modelo son las siguientes:

- S_h : Población de los Hombres Susceptibles en el tiempo
- I_h : Población de los Hombres Infectados en el tiempo
- S_m : Población de las Mujeres Susceptibles en el tiempo
- I_m : Población de las Mujeres Infectadas en el tiempo

Los parámetros (tasas epidemiológicas) considerados son las siguientes:

- β_m : Tasa de contagio de un hombre susceptible por una mujer infectada.
- β_h : Tasa de contagio de una mujer susceptible por un hombre infectado.

Teniendo las presentes consideraciones, el modelo matemático en E.D.O. estaría representado de la siguiente manera:

$$\begin{array}{rclcrcl} S_h' & = & -\beta_m \cdot S_h I_m & , & S_h(0) & = & S_o^h \geqslant 0 \\ I_h' & = & \beta_m \cdot S_h I_m & , & I_h(0) & = & I_o^h \geqslant 0 \\ S_m' & = & -\beta_h \cdot S_m I_h & , & S_m(0) & = & S_o^m \geqslant 0 \\ I_m' & = & \beta_h \cdot S_m I_h & , & I_m(0) & = & I_o^m \geqslant 0 \end{array} \tag{3.1}$$

donde: $0 < \beta_m, \beta_h < 1$

El modelo matemático expresado en (1), representa la dinámica de la transmisión del VIH/SIDA de acuerdo las consideraciones que se ha tenido para su formulación de acuerdo a la concepción que se tiene de la enfermedad. Por otro lado, la rigurosidad y la formalidad de la matemática exige que el sistema (1) esté bien definido para que satisfaga la Existencia y la Unicidad de las Soluciones, y además la estabilidad del modelo que se busca en todo el modelamiento matemático (local o global). Estos conceptos no se considerará como parte del análisis del presente trabajo, pero se puede consultar en los artículos de Capasso et al [3] y Anderson [1], debido que se enfocará fundamentalmente en la parte computacional. [4,5,10].

3.1. Simulación Computacional. Las simulaciones computacionales nos permiten visualizar el comportamiento que realiza las soluciones, mediante los Métodos Numéricos que nos brinda soluciones aproximadas, en concreto, los problemas que contienen un Valor Inicial. Uno de los métodos más conocidos y utilizados es el método de Runge-Kutta de orden cuatro (RK4).

Por lo cual, consideraremos las siguientes poblaciones epidemiológicas iniciales, y también las tasas epidemiológicas correspondientes. Se considerará un tiempo de simulación de 40 días. Y el software utilizado para la simulación computacional será MATLAB considerando el margen de error comprendido en el algoritmo de Runge-Kutta (10^{-6}). [6,8,10].

$S_h(0) = 45$	$I_h(0) = 5$
$S_m(0) = 48$	$I_m(0) = 2$

$\beta_m = 0{,}45$
$\beta_h = 0{,}40$

De la presente simulación computacional se podrá inferir como evoluciona en el tiempo la enfermedad obteniéndose una adecuada interpretación epidemiológica.

3.2. Interpretación Epidemiológica. La evolución de las poblaciones epidemiológicas de los susceptibles (hombres y mujeres) se ve afectada por la interacción de las poblaciones infectadas (hombres y mujeres) de manera heterosexual para su transmisión. Como se ve puede analizar de la gráfica de la simulación computacional, la población susceptible de los hombres desciende de una forma ligeramente más rápida que el de las mujeres, esto se debe a las tasas epidemiológicas de contagio. A lo largo del tiempo, la población de los infectados llega a contagiar a toda la población de susceptibles, lo que conllevaría que la población total pertenezca a la población de los infectados (hombres y mujeres) debido que la enfermedad del VIH/SIDA no tiene una cura total, solamente un tratamiento mediante retrovirales lo que comúnmente se le denomina una cura parcial. Esta consideración permite enunciar que a pesar que sigan un tratamiento para ir frenando el avance de la enfermedad siguen teniendo la enfermedad dentro de ellos, por lo cual se consideran dentro de la población de los infectados. [5,8].

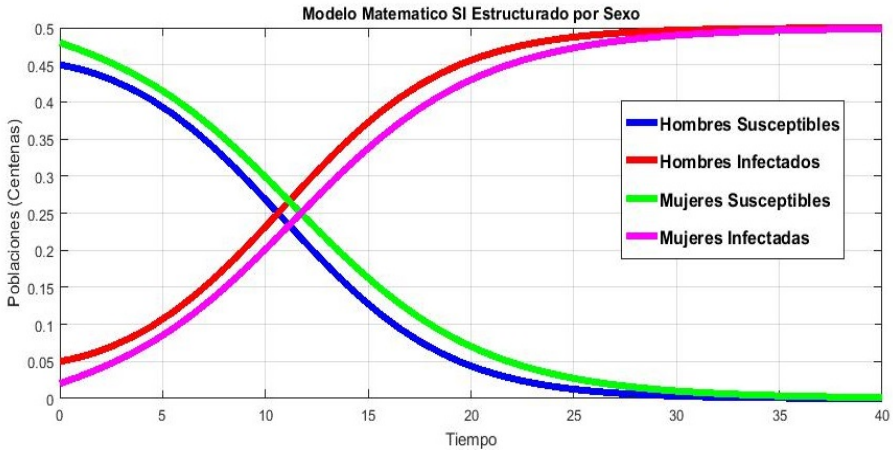

FIGURA 3.1. *Desarrollo de la transmisión de la enfermedad del VIH/SIDA. Fuente propia*

4. Formalismo DEVS. Los Autómatas Celulares (A.C.) puede expresar un modelo matemático para un sistema dinámico, conformado por un conjunto de celdas o células que adquieran distintos estados o valores. Estos estados son alterados de un instante a otro en unidades de tiempo discreto, es decir, que se puede cuantificar con valores enteros a intervalos regulares. De esta manera, este conjunto de células logran una evolución según una determinada expresión matemática, que es sensible a los estados de las células vecinas, la cual se le denomina como *reglas de transición local.* [11,14,15,17].

Según Wainer y Giambiasi en [14], y Wainer [15], el formalismo Cell-DEVS fue presentado como la combinación de los autómatas celulares (A.C.) y el formalismo DEVS, cada célula está definida como un modelo atómico, y se determina el procedimiento para acoplar las células, es decir, se define la interacción de las células entre sí. Se ha mencionado bastante son la teoría computacional de los autómatas celulares en su manera abstracta. Por lo cual, la técnica de modelado mediante los autómatas celulares permite mantener la capacidad para describir sistemas complejos utilizando reglas muy sencillas, al mismo tiempo que nos permite cerrar la brecha entre un *tiempo discreto* y una descripción de *evento discreto* como DEVS. El uso de DEVS como mecanismo formal de especificación básica nos permite definir interacciones con modelos definidos en otros formalismos que se puedan definir. [15,16,17].

4.1. Formalización DEVS del Modelo SI. El modelo computacional mediante autómatas celulares se fundamenta en la definición de las reglas correspondientes para poder generar la simulación computacional desde la perspectiva de los autómatas celulares mediante el formalismo DEVS. Por lo cual, en primer lugar realizaremos el formalismo del modelo SI, y luego su respectiva simulación computacional [14,15,16].

$$Epidemia_SI =< X, Y, D, \{M_i\}, \{I_i\}, \{Z_i\}, select >,$$

donde:

- $X = \varnothing \qquad Y = \varnothing$
- $D = \{cell\}$
- $M_{cell} = Cell - SI$
- $I_{cell} = \varnothing \qquad Z_i = \varnothing$
- $select = (Cell - SI)$

$$Cell - SI =< X_{list}, Y_{list}, I, X, Y, n, \{t_1, t_2, \cdots, t_n\}, \eta, N, C, B, Z, select >,$$

donde:

- $X_{list} = \varnothing \qquad Y_{list} = \varnothing$
- $I =< p^x, p^y > \quad donde: \ p^x = p^y = \varnothing$
- $X = \{0, 1, 2, 3, 4, 5, 6\}$
- $n = 2 \qquad \eta = 2$

- $t_1 = t_2 = 10$
- $N = \{(-1,-1),(-1,0),(-1,1),(0,-1),(0,0),(0,1),(1,-1),(1,0),(1,1)\}$
- $B = \varnothing$
- $Z = \{P_{i,j}Y_1 \to P_{i,j-1}X_1, P_{i,j}Y_2 \to P_{i+1,j}X_2, P_{i,j}Y_3 \to P_{i,j+1}X_3, P_{i,j}Y_4 \to P_{i-1,j}X_4, P_{i,j}Y_5 \to P_{i,j}X_5, P_{i,j+1}Y_1 \to P_{i,j}X_1, P_{i-1,j}Y_2 \to P_{i,j}X_2, P_{i,j-1}Y_3 \to P_{i,j}X_3, P_{i+1,j}Y_4 \to P_{i,j}X_4, P_{i,j}Y_5 \to P_{i,j}X_5\}$

$$C_{i,j} =< I, X, S, Y, N, \delta_{int}, \delta_{ext}, d, \tau, \lambda >,$$

donde:

- $p^x = \{\ X_k \in \{0,1,2,3,4,5,6\}\ \ donde\ \ k = \overline{1,9}\ \}$
- $p^y = \{\ Y_k \in \{0,1,2,3,4,5,6\}\ \ donde\ \ k = \overline{1,9}\ \}$
- $X = \{0,1,2,3\} \qquad Y = \{0,1,2,3\}$
- $N = \{(-1,-1),(-1,0),(-1,1),(0,-1),(0,0),(0,1),(1,-1),(1,0),(1,1)\}$
- $d = Tiempo\ (días)$
- $SX:\ Variables\ descriptivas$

$$SX = \begin{cases} 0 & : \text{Celda de hombre susceptible} \\ 1 & : \text{Celda de hombre infectado} \\ 2 & : \text{Celda de mujer susceptible} \\ 3 & : \text{Celda de mujer infectada} \end{cases}$$

4.2. Reglas. Las reglas que se definirán para representar la dinámica de transición de los diferentes estados de las células (en nuestro caso, representan estado de personas y la transmisión de la enfermedad) son las siguientes donde se considera el proceso de contagio, el periodo latente de la enfermedad y de recuperación de las mismas. [15].

4.2.1. Consideraciones de las Reglas. Las reglas consideradas en la subsección 4.2, delimita la información que se tiene sobre la enfermedad de manera especializada. [5,9,15].

- El contagio de un hombre susceptible se da al entrar en contacto sexual con una mujer infectada considerando una probabilidad de contagio (β_m^*).
- El contagio de una mujer susceptible se da al entrar en contacto sexual con una hombre infectado considerando una probabilidad de contagio (β_h^*).

Reglas	**Resultado**	**Estado de la Vecindad**
1	1	$(0,0) = 0 \quad \wedge \quad \#(3) \geqslant 1 \wedge Prob.ContagioMH(\beta_m^*)$
2	3	$(0,0) = 2 \quad \wedge \quad \#(1) \geqslant 1 \wedge Prob.ContagioHM(\beta_h^*)$

4.2.2. Colores de las Células.

$$SX = \begin{cases} 0 & : \text{Celda de Hombre Susceptible } \textbf{(Azul)} \\ 1 & : \text{Celda de Hombre Infectado } \textbf{(Rojo)} \\ 2 & : \text{Celda de Mujer Susceptible } \textbf{(Verde)} \\ 3 & : \text{Celda de Mujer Infectada } \textbf{(Rosado)} \end{cases}$$

4.3. Simulación Computacional. Del mismo modo, se considerara las mismas poblaciones iniciales que en el modelo matemático SI, para poder realizar la respectiva simulación computacional mediante CD++, y así poder comparar los resultados de ambas simulaciones [15].

Población de Hombres Susceptibles	$S_h(0) = 45$
Población de Hombres Infectados	$I_h(0) = 5$
Población de Mujeres Susceptibles	$S_m(0) = 48$
Población de Mujeres Infectadas	$I_m(0) = 2$

Hay que notar, que se definirá una malla cuadrangular de 10×10, con el objetivo que la presente malla pueda contener un total de 100 células, las cuales representarán a las poblaciones epidemiológicas, y considerando que se tiene un sistema cerrado (no hay entrada ni salida de nuevas células) nos permite tener en cuenta el cambio de estado de las células de toda la población considerada de la forma similar en el modelo matemático SI expresada en la sección 3.

4.3.1. Simmulación Computacional en CD++. Para realizar la respectiva simulación computacional, se partirá de las mismas poblaciones iniciales consideradas en la anterior simulación.

La simulación mediante los Autómatas Celulares (A.C.) nos permitirá visualizar de como se propaga la epidemia considerando el tiempo y el espacio. Este detalle es de vital importancia cuando se tiene en cuenta la posición inicial de algún posible infectado, y el impacto que podría generar en su entorno. Por lo cual, se presenta el estado inicial donde comenzará la simulación para analizar la evolución de la enfermedad. [8,15,16,17].

Desde este escenario se podrá analizar como se desarrolla en el tiempo y en el espacio la transmisión de la enfermedad del VIH/SIDA donde se ha considerado únicamente el contacto heterosexual para que se pueda generar el contagio.

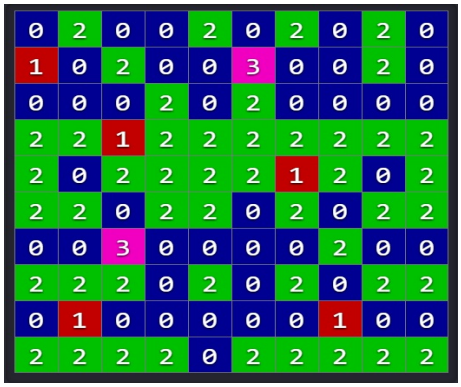

Figura 4.1. *Estado inicial de la simulación computacional (Cell-DEVS). Elaboración propia.*

El desarrollo de la simulación donde se podrá apreciar la evolución de las poblaciones epidemiológicas mediante su interacción, se presenta a continuación.

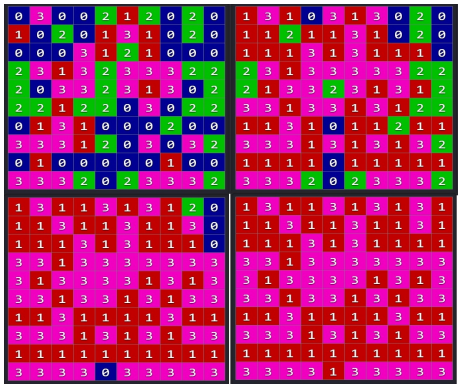

Figura 4.2. *Desarrollo de la simulación computacional (Cell-DEVS). Elaboración propia.*

Después de realizar la simulación computacional mediante los Autómatas Celualres (A.C.) 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. Cabe resaltar, el estado final de la simulación computacional donde se puede apreciar que la población total pertenece a la población de los Infectados tanto de Hombres como mujeres. Esto nos permite considerar que la simulación mediante los autómatas celulares complementa de una manera detallada de como se propaga la enfermedad.

De la simulación, se puede construir las curvas de evolución de las poblaciones epidemiológicas para poder relacionarlo con la simulación computacional del modelo matemático SI para poder contrastarlo con la simulación computacional generada por el método de Runge-Kutta. [6,15,16].

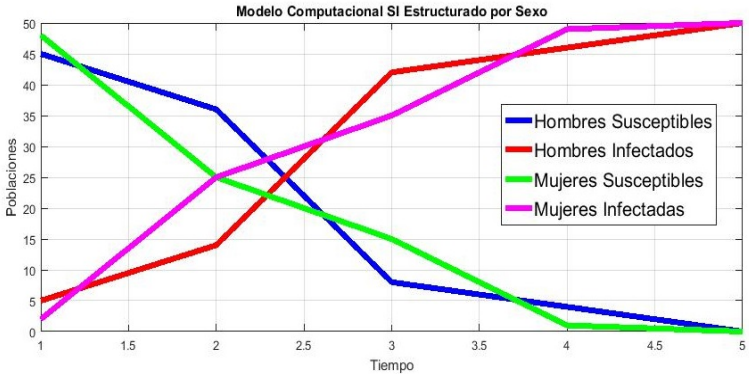

FIGURA 4.3. *Ploteo de la simulación computacional (Cell-DEVS). Elaboración propia.*

De la secuencia de los estados de las personas en las diversas poblaciones epidemiológicas, se presenta una gráfica similar que se obtuvo mediante el modelo determinístico SI en Ecuaciones Diferenciales Ordinarias. De este modelo, que se ha simulado mediante los métodos numéricos en *tiempo discreto* (también existe la simulación mediante eventos discretos) ha permitido conocer la evolución de la enfermedad, por mientras que el modelo computacional mediante los Autómatas Celulares desarrollado mediante los *eventos discretos* nos permiten tener una concepción similar de la propagación de la enfermedad con sus propias perspectivas. [4,5,8,9,10].

5. Conclusiones. Los modelos que se han presentado en las secciones 3 y 4 tanto por las ecuaciones diferenciales ordinarias, pero sobre todo los autónomas celulares que permiten conocer la dinámica de transmisión del VIH/SIDA, cada uno en su respectiva área. Cada área posee ventajas y desventajas en cuanto a su propia evolución en el tiempo de la simulación realizada para poder inferir las adecuadas interpretaciones. [2,,3,5,9,10].

En primer lugar, el modelamiento matemático aplicado a la epidemiología, de manera particular al VIH/SIDA nos permite tener consideraciones básicas para poder describirla y formalizarla en un modelo. Pues en cuanto más detalles y consideraciones se tenga será mucho mejor el modelo en cuanto el análisis cualitativo debe garantizar la estabilidad del modelo y complementada por la simulación numérica que se realiza. Su evolución en cuanto a las poblaciones se genera en el comportamiento de la interacción de las mismas poblaciones, teniendo en cuenta las características de cada población epidemiológica en cuanto a la enfermedad. [1,2,5,9,10].

En segundo lugar y la parte fundamental del presente artículo de investigación, es el modelamiento computacional que se puede realizar de la dinámica de transmisión del VIH/SIDA mediante los autómatas celulares que nos permiten mediante reglas sencillas poder representar como se genera la evolución de la enfermedad en la población total. Si se tiene en consideración el tamaño la región establecida para la simulación, surge el detalle de cuál sería el tamaño adecuado para una simulación significativa para una respectiva toma de decisiones para enfrentar la epidemia de la enfermedad infecciosa, en nuestro caso el VIH/SIDA, debido que el costo computacional que se tiene al realizar las operaciones internas del algoritmo computacional. Este problema, se presenta en todos los ámbitos de la ciencia que busca obtener respuestas computacionales para brindar respuestas reales con un soporte científico. [10,15,16].

Por lo cual, se puede concluir lo siguiente del modelo computacional en Cell-DEVS. [10,11,15].

- El modelo computacional mediante los autómatas celulares (Cell-DEVS), nos permite visualizar como evoluciona la epidemia teniendo en cuenta las variables independientes del tiempo y el espacio de la región considerada para un respectivo análisis epidemiológico.
- La posición de las personas infectadas en la región donde se considera como escenario inicial nos permite analizar en qué lugares se puede generar un brote más rápido y diverso, y así poder tener las consideraciones adecuadas en tiempo real para generar estrategias de prevención y control a corto y mediano plazo.
- El formalismo DEVS y los autómatas celulares (Cell-DEVS) nos permiten definir reglas sencillas de un problema complejo para poder realizar la simulación computacional de tal manera que describa la dinámica del problema en diferentes posibles escenarios. De esta

manera, la evolución de la epidemia se podría analizar en tiempo real y a la vez teniendo la consideración la variable del espacio.

- Los Autómatas Celulares permite la apertura de un camino diferente para generar modelos computacionales que permitan brindar respuestas en tiempo real de acuerdo a las reglas que describen la dinámica de la evolución de la enfermedad como también lo describen las ecuaciones diferenciales.
- El adecuado complemento entre la simnulación computacional mediante métodos numéricos (tiempo discreto o evento discreto) que genera un sistema de ecuaciones diferenciales, y la simulación computacional mediante los autómatas celulares (Cell-DEVS) permite un análisis mucho más amplio de cómo evoluciona la propagación de la enfermedad en las poblaciones epidemiológicas teniendo en cuenta las ventajas y desventajas de cada método.

Referencias

[1] Anderson, R.M., *Population Dynamics of Infectious Diseases: Theory and Applications* , Chapman and Hall, London-New York. DOI: $https://doi.org/10{,}1007/978-1-4899-2901-3$. Online ISBN: $978-1-4899-2901-3$, (2014).

[2] Brauer, F., Castillo-Chávez, C., *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*, (2001). NY: Springer. DOI: $10{,}1007/978-1-4757-3516-1$. eBook ISBN: $978-1-4757-3516-1$

[3] Capasso, V., Serio, G., *A generalization of the Kermack-McKendrick deterministic epidemic model* (1978). Mathematical Biosciences, 42(1-2), 43-61. DOI: $https://doi.org/10{,}1016/0025-5564(78)90006-8$

[4] Dirección General de Epidemiología. Vigilancia, Prevención y Control del VIH (2017). Ministerio de Salud. Perú. Recuperado de

[5] Dirección General de Epidemiología. Sala situacional para el Análisis de Situación de Salud - SE 30-2017. Ministerio de Salud. Perú. Recuperado de $http://www.dge.gob.pe/portal/docs/vigilancia/vih/Boletin_2017/marzo.pdf$

[6] Kofman, E., Fernández, J., *Simulación de Sistemas Continuos por Eventos Discretos*, Departamento de Control. Facultad de Ciencias Exactas, Ingeniería Agrimensura. Universidad Nacional de Rosario. (2014). Recuperado de $http://fceia.unr.edu.ar/\ kofman/files/tesis.pdf$.

[7] Mesa Mazo M., Vergao Salazar J., Sanchez Botero C., Muñoz Loaiza A., *Modelo matemático para la dinámica de transmisión del VIH/SIDA en una población sexualmente activa.* Universidad de Quindio, Armenio, Colombia. Rev. Salud Pública (2010). 12, p.p. 308-316. ISSN electrónico 2539-3596. DOI $https://doi.org/10{,}1590/S0124-00642010000200014$. Recuperado de $https://revistas.unal.edu.co/index.php/revsaludpublica/article/view/33229/33214$

[8] Murray J.D., *Mathematical Biology I: Spatial models and medical applications*, Springer. Third edition. vol 18. DOI: $10{,}1007/b98868$. eBook ISBN: $978-0-387-22437-4$, (2003).

[9] ONUSIDA. Acción acelerada para acabar con el sida. UNAIDS 2016. Recuperado de $http://www.unaids.org/sites/default/files/media_asset/UNAIDS-strategy-2016-2021_es.pdf$

[10] Pino Romero, N., *Modelo matemático para la dinámica de transmisión del VIH/SIDA en una población heterosexual activa en el Perú.* Facultad de Ciencias Matemáticas, UNMSM (2013).

[11] Pino Romero, N., López Cruz, R., Wainer, G., *Modelamiento Computacional de la Dinámica de Transmisión de la Varicela mediante Autómatas Celulares (Cell-DEVS).* Pesquimat, (2017), 20(2), 53-64. Recuperado: $DOI: http://dx.doi.org/10{,}15381/pes.v20i2{,}13969$

[12] Toffoli, T., Margolus, N., *Cellular automata machines: A new environment for modeling* Cambridge, MA: MIT Press. ISBN: 9780262200608, (1987).

[13] Trottier, H., Philippe, P., *Deterministic modeling of infectious diseases: theory and methods* (2001). The Internet Journal of Infectious Diseases. Volumen 2 Number 1. Recuperado de $https://print.ispub.com/api/0/ispub-article/5230$

[14] Wainer, G., Giambiasi, N., *N-dimensional Cell-DEVS. Discrete Events Systems: Theory and Applications* (2002). 12:135-157. DOI $https://doi.org/10{,}1023/A:1014536803451$. Online ISSN: $1573-7594$.

[15] Wainer, G., *Discrete-Event cellular models with explicit delays.* PhD thesis, Université d'Aix-Marseille III, France, (1998).

[16] Wolfram, S., *Computation Theory of cellular automata.* Commun. Math. Phys. 96, 15- 57 (1984). Springer-Verlag. Recuperado de http://www.stephenwolfram.com/ publications/academic/computation-theory-cellular-automata.pdf

[17] Zeigler Bernard., *Theory of Modeling and Simulation* (1976). Society for Computer Simulation International, San Diego. (First Ed.).