



Universitat Rovira i Virgili (URV) y Universitat Oberta de Catalunya (UOC) Master Universitario en
Ingenier ia Computacional y Matematica

TRABAJO FINAL DE MASTER

TFM DIN MICA DE TRANSMISI N DE LA LEISHMANIASIS: UNA PERSPECTIVA DE CAMBIO
CLIM TICO

Autor: Alejandro Gonz lez Mac as alejgo06@uoc.edu

Tutor: Pau Fonseca i Casas

Contenido

1.	Introducción	3
1.1.	contexto.....	3
1.2.	Objetivos	4
1.3.	Planificación	5
1.4.	Breve descripción de otros capítulos	6
2.	Estado del arte.....	6
2.1.	Revisión bibliográfica.....	6
2.1.1.	SEIR.....	7
2.1.2.	Dengue México.....	7
2.1.3.	GMOD.....	7
2.1.4.	Rio Ross Australia	8
2.1.5.	MGDriE 3	8
2.2.	Deficiencias y líneas de mejora	8
2.2.1.	SEIR.....	8
2.2.2.	Dengue México.....	9
2.2.3.	GMOD.....	9
2.2.4.	Rio Ross Australia	9
2.2.5.	MGDrive 3	9
2.3.	Propuesta de mejora	9
3.	Metodología	10
3.1.	Revisión de artículos sobre propagación de enfermedades transmitidas por mosquitos.....	10
3.2.	Revisión de Modelos de Simulación para COVID-19	11
3.3.	Adaptación de Modelos a la Transmisión por Mosquitos	11
3.4.	Implementación de Modelos en Diversas Herramientas de Software.....	11
3.5.	Verificación Cruzada de Modelos	12
4.	Modelado verificación cruzada	12
4.1.	Modelo base SEIRD de covid	12
4.1.1.	Insightmaker	12
4.1.2.	Python	17
4.1.3.	Vensim	19
4.2.	SEIRD con inmunidad temporal.....	20
4.2.1.	Insightmaker	20
4.2.2.	Python	22
4.2.3.	Vensim	23

4.3.	Modelo Leishmaniosis.....	24
4.3.1.	Insightmaker.....	24
4.3.2.	Python.....	27
4.3.3.	Vensim.....	29
5.	Cambio climático.....	30
5.1.1.	Temperaturas.....	30
5.1.2.	número de días con temperatura adecuada para la proliferación de mosquitos.....	32
5.2.	Nivel de los embalses.....	33
6.	Ajuste de parámetros y validación del modelo.....	36
6.1.	Añadir el efecto cambio climático: Aumento en el número de mosquitos.....	36
6.2.	Ajuste de parámetros.....	40
6.2.1.	Variante Visceral.....	41
6.2.2.	Variante Cutánea.....	44
6.3.	Validación con datos reales.....	46
7.	Conclusions.....	46
	Tabla ilustraciones.....	48
	Bibliografía.....	49
	Anexos.....	51

1. Introducción

1.1. contexto

En las últimas décadas, el mundo ha experimentado un nivel sin precedentes de interconexión, facilitado por avances tecnológicos y una mayor movilidad global. Este fenómeno, si bien ha aportado numerosos beneficios socioeconómicos, también ha presentado desafíos significativos en la gestión de la salud pública. Un ejemplo palpable de este desafío es la reciente pandemia de COVID-19, la cual ha evidenciado con claridad la rapidez y facilidad con que las enfermedades pueden traspasar fronteras, afectando a poblaciones a escala global en tiempos récord. Este evento ha subrayado la importancia crítica de comprender y modelar la propagación de enfermedades en nuestro entorno altamente interconectado.

Además, el cambio climático emerge como un multiplicador de estas amenazas, alterando los patrones ecológicos y climáticos de manera que favorece la expansión de vectores de enfermedades, como los mosquitos, a nuevas regiones. Estos cambios no solo incrementan el alcance geográfico de enfermedades previamente circunscritas, sino que también potencian la frecuencia y gravedad de los brotes. Específicamente, enfermedades transmitidas por vectores,

como aquellas propagadas por mosquitos, han visto un incremento en su incidencia y distribución, planteando nuevos retos en su control y prevención.

En este contexto, el presente trabajo se orienta hacia la aplicación del master de Ingeniería computacional y matemática impartida por las universidades UOC y URV para modelar la propagación de enfermedades vectoriales, con un enfoque particular en aquellas transmitidas por mosquitos. Seleccionamos la leishmaniasis como estudio de caso debido a su creciente prevalencia y al papel significativo que juega el cambio climático en la expansión de sus vectores en regiones donde antes no era tan común. [1] [2]. A través de este enfoque, aspiramos a contribuir al desarrollo de herramientas predictivas y estrategias de intervención más efectivas, capaces de adaptarse a la dinámica cambiante de las enfermedades vectoriales en el contexto del cambio climático global.

Este trabajo se centra en la leishmaniasis, una enfermedad causada por parásitos del género Leishmaniasis. Estos parásitos son transmitidos a los seres humanos a través de la picadura de insectos vectores conocidos como 'sandflies', pertenecientes a los géneros Phlebotomus en Europa y Luzomyia en America. Existen diferentes tipos de Leishmania que pueden causar diferentes formas de enfermedad en humanos [3] :

- Leishmania cutánea que causa úlceras en la piel.
- Leishmania visceral afecta a varios órganos internos
- Leishmania mucocutánea causa lesiones en las membranas mucosas de la nariz boca o garganta.

1.2. Objetivos

El propósito central de este trabajo es desarrollar y aplicar modelos computacionales y matemáticos avanzados para la simulación de la propagación de la leishmaniasis, una enfermedad transmitida por mosquitos que ha visto un aumento en su incidencia, en parte debido al cambio climático. Este estudio se enfoca específicamente en:

- Introducir los conceptos básicos necesarios para modelar sistemas dinámicos, proporcionando una base sólida para comprender los complejos mecanismos de transmisión de enfermedades y cómo estos pueden ser influenciados por factores ambientales y sociales.
- Modelar el impacto del cambio climático en la transmisión de enfermedades transmitidas por mosquitos, investigando cómo las variaciones en el clima pueden alterar la distribución de los vectores y, por consiguiente, la dinámica de la enfermedad.

1.3. Planificación

Basándose en proyectos de fin de grado y de final de master de estudiantes de años anteriores [4] y [5] se ha elaborado la siguiente tabla (Tabla 1 Planificación de las tareas) que enumera las tareas a ejecutar, así como una planificación de ejecución que se presenta en las ilustraciones (Ilustración 1).

	Tareas	Tiempo (semanas)	Fecha inicial (estimada)	Fecha tope
1	Estado del arte			
1.1	Recopilar bibliografía	8	20-10-2023	24-12-2023
1.2	Identificación de posibles soluciones	6	15-11-2023	24-12-2023
2	Diseño y desarrollo de aplicación			
2.1	Establecer requisitos	1	02-01-2024	09-01-2024
2.2	Creación aplicación	5	09-01-2024	15-02-2024
2.3	Pruebas iniciales	2	15-02-2024	01-03-2024
2.4	Modificaciones y ajustes aplicación	5	01-03-2024	06-04-2024
3	Obtención de resultados			
3.1	Pruebas aplicación	6	01-03-2024	15-04-2024
3.2	Recolección y análisis de resultados	4	30-03-2024	30-04-2024
3.3	Validación simulación	3	05-04-2024	30-04-2024
3.4	Interpretación resultados	2	15-04-2024	30-04-2024
3.5	Preparación de informe	2	15-04-2024	30-04-2024
4	Generación informe			
4.1	Redacción de la memoria, borrador	8	15-03-2024	30-04-2024
4.2	Revisar y edición de borrador, entrega final	6	30-04-2024	16-06-2024
4.3	Presentación defensa	1	08-06-2024	16-06-2024
4.4	Defensa TFM	0.5	17-06-2024	17-06-2024

Tabla 1 Planificación de las tareas

Descripción de tareas:

- Recopilar bibliografía: buscar documentación de trabajos publicados en la UOC, paper publicados en revista de investigación o portales webs como researchgate.
- Identificar posibles soluciones: investigar posibles soluciones parecidas que resuelvan problemas similares al planteado.
- Establecer requisitos: establecer requisitos del alcance de la simulación del trabajo.
- Creación aplicación: crear la aplicación de simulación.
- Pruebas iniciales: primeras pruebas del funcionamiento de la aplicación para ver si los resultados obtenidos son lógicos y cumplen todas las restricciones.
- Modificaciones y ajustes de la aplicación: modificar la aplicación creada para cumplir todos los requisitos, nuevas necesidades o hacer más eficiente y o simple el proceso.
- Pruebas de la aplicación: una vez la aplicación está definida y con resultados válidos se realizan simulaciones de pruebas que obtienen resultados para su posterior análisis.

- Recolección y análisis de datos se crean los mecanismos necesarios para obtener los resultados y se analizan.
- Validación de la simulación: validar que todas las hipótesis y restricciones de la simulación se cumplen.
- Interpretación de los resultados: se interpretan los resultados del análisis.
- Preparación informe: se redacta el informe.
- Redacción de la memoria, borrador: se redacta el trabajo de final de master en una versión preliminar para entregarse el 30 de abril.
- Revisión, edición del borrador, entrega final. Desde la fecha de la entrega del borrador se mejora el informe añadiendo todos los detalles que queden pendientes y con todas las modificaciones indicadas.
- Presentación TFM: preparar el material de apoyo de la presentación, previsiblemente una presentación de power point.
- Defensa del TFM: defensa del TFM ante el tribunal.

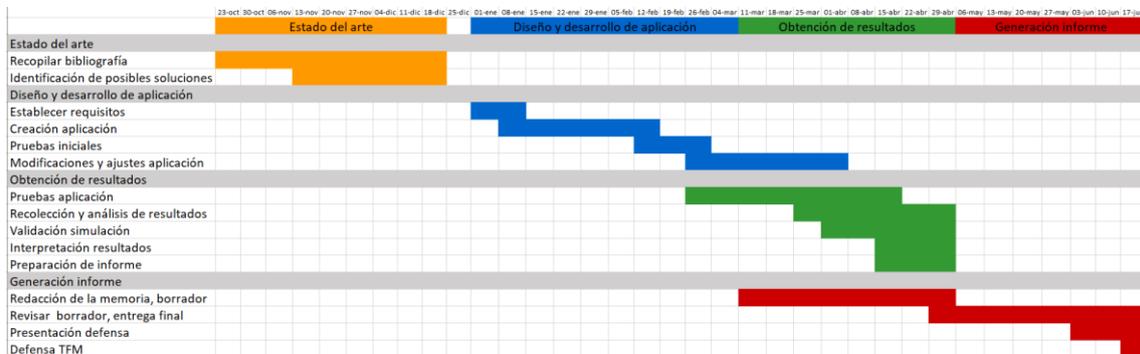


Ilustración 1 planificación excel

1.4. Breve descripción de otros capítulos

En el siguiente capítulo denominado estado del arte, se aborda la metodología empleada durante el trabajo, seguido se analizan los diferentes modelos y sus diferentes implementaciones. En el apartado inminentemente posterior se habla del factor del cambio climático y como se introduce en los modelos. En el siguiente se habla de validar estos modelos y finalmente se de arrojan las conclusiones finales del trabajo.

2. Estado del arte

2.1. Revisión bibliográfica

2.1.1. SEIR

Paper: SEIR MODEL SIMULATION WITH PART OF INFECTED MOSQUITO EGGS [6]



Este estudio se centra en la simulación de la propagación del dengue transmitido por mosquitos a través de un modelo SEIR. El enfoque principal está en el mosquito *Aedes albopictus* como vector y se buscan puntos de equilibrio en la simulación. Por ejemplo libre de enfermedad. Se modificó el modelo SEIR que emplea ecuaciones diferenciales, para incluir mosquitos de huevos infectados, suponiendo que los mosquitos infectados pueden transmitir el virus es sus huevos. También se añaden factores como la tasa de contactos entre humanos y mosquitos, tasa de mortalidad de mosquitos y proporción de huevos de mosquito. El estudio también divide la población en susceptibles, expuestos infectados. Para hacer los análisis de estabilidad se empleó el software Matemática 8. El estudio muestra dos puntos de equilibrio uno libre de enfermedad y otro endémico, a la estabilidad depende del valor reproductivo R_0 .

2.1.2. Dengue México

Paper: Prediction of dengue outbreaks in Mexico based on entomological, meteorological and demographic data [7]



Este estudio presenta un modelo matemático para simular la propagación del dengue en México. El modelo integra datos entomológicos, demográficos y meteorológicos, considerando la transmisión a través de mosquitos y el comportamiento humano, además de condiciones ambientales como densidad y temperatura.

En este paper estudia la propagación del dengue a través de un modelo basado en ecuaciones diferenciales no lineales con retrasos temporales en las que se relaciona la interacción con los humanos. El paper incorpora la supervivencia de mosquitos en épocas de sequía y la transmisión transovárica del virus.

El paper detalla el ciclo de vida del mosquito y tiene en cuenta factores ambientales tales como temperatura y precipitaciones.

El paper incorpora datos demográficos de las áreas en las que la enfermedad está más presente.

El paper calibra los datos: los autores buscan asegurarse de que sus predicciones coincidan con los patrones observados en la realidad. Esta calibración permite afinar los parámetros del modelo y validar su capacidad para reflejar las tendencias y brotes de la enfermedad.

2.1.3. GMOD

Global mosquito observations dashboard (GMOD): creating a user-friendly web interface fueled by citizen science to monitor invasive and vector mosquitoes [8]



Este paper propone un cuadro de mando GMOD, para monitorizar mosquitos invasores. Esta plataforma se basa en las aportaciones de científicos a través de sus cámaras móviles para ayudar a encontrar la ubicación de poblaciones de mosquitos. GMOD integra datos de observación y hábitat de mosquitos proporcionados por la comunidad de todo el mundo, ofreciendo en esta interfaz interactiva para visualizar tendencias.

GMOD recopila y muestra datos de observación de mosquitos para visualizar tendencias. Para ello utiliza la tecnología Microsoft Azure para el almacenamiento y procesamiento de datos, y la interfaz de usuario final se desarrolla con herramientas de Esri ArcGIS Online.

2.1.4. Rio Ross Australia

A Multi-Species Simulation of Mosquito Disease Vector Development in Temperate Australian Tidal Wetlands Using Publicly Available Data [9]



Este estudio se enfoca en simular cómo se transmite la enfermedad Ross River a través de mosquitos en humedales en Australia, utilizando datos públicos. El paper marte de modificar modelos existentes para la malaria y adaptarlos para regiones de humedales de Australia. El modelo se enfoca en condiciones ambientales como temperatura, humedad y precipitación. El modelo simula el desarrollo de larvas en función de condiciones ambientales y se estudiaron 3 especies diferentes de mosquitos. Cada especie tiene variaciones interanuales y entre especies. Las condiciones ambientales como temperaturas del agua y precipitación afectan al ciclo de vida de los mosquitos. El paper compara los resultados del modelo con datos reales de trampas de mosquitos.

2.1.5. MGDriE 3

MGDrive 3: A decoupled vector-human framework for epidemiological simulation of mosquito genetic control tools and their surveillance [10]



Este paper propone un marco para simular la dinámica de población de mosquitos modificados genéticamente. Proporciona un enfoque detallado para bordar preguntas de logística, epidemiología y bioseguridad.

El paper incorpora mejoras sobre la versión anterior MGDrive2 tales como:

- algoritmo de muestreo desacoplado por un lado mosquito y por otros humanos.
- Emplea un modelo de transmisión de la malaria del Imperial College of London.
- Un módulo de vigilancia que rastrea con mosquitos capturados por trampas.
- El algoritmo emplea patrones climáticos estacionales para modelar aspectos cruciales del ciclo de vida del mosquito como las tasas de desarrollo y mortalidad.
- En lugar de usar datos crudos de lluvia se emplea un enfoque que resume las tendencias con el paquete R Umbrela.

2.2. Deficiencias y líneas de mejora

2.2.1. SEIR

El paper tiene cierta limitación en cuento a los siguientes puntos:

- Requiere ser adaptado a diferentes contextos geográficos y ecológicos donde las características del mosquito y el virus pueden variar.
- No se discute estrategias del control de la enfermedad como fumigaciones.

- No tiene en cuenta factores climáticos

2.2.2. Dengue México

En el caso del paper del dengue en México hay limitaciones en cuanto:

- Precisión de los datos. La precisión del modelo depende en gran medida de la calidad y granularidad de los datos.
- Generalización el modelo está adoptado en México y para aplicarse en otros entornos es probable que necesite de una adaptación y validaciones adicionales.

2.2.3. GMOD

Con respecto al artículo de GMOD hay que destacar las siguientes deficiencias:

- Sesgos, en el artículo se menciona la preocupación por introducir sesgo en la recolección de datos ya que los informes pueden estar relacionados con la densidad de población humana y acceso a tecnología más que con la densidad de mosquitos en la zona.
- Se menciona la necesidad de incorporar algoritmos de machine learning que ayuden a identificar mosquitos en tiempo real.

2.2.4 Rio Ross Australia

En el caso del paper de Rio Ross de Australia se detectan las siguientes mejoras:

- Modelo específico puede que no ser aplicable a todas las regiones y/o especies de mosquitos.
- La calidad de los datos públicos puede afectar a la validación de los resultados.
- Aunque el paper reduce la complejidad de alguna etapa del ciclo de vida del mosquito para reducir la complejidad esto podría afectar a la fidelidad de los datos modelados.

Horizonte de predicción. El paper propone usar el modelo para hacer predicciones a largo plazo pero las predicciones a largo plazo pueden estar muy afectadas por los cambios en el clima

2.2.5 MGDriVE 3

En el caso del paper de MGDriVE-3, aunque hay un avance con respecto a la versión anterior, MGDriVE2, hay que destacar los siguientes puntos de mejora:

- Validación en Diversas Regiones: Para aplicar el modelo en diferentes contextos geográficos, se necesita una validación adicional que confirme su efectividad y precisión en variadas condiciones ambientales y epidemiológicas.

2.3. Propuesta de mejora

En el caso concreto de este trabajo que se enfoca en la leishmaniosis habría que hacer diferentes modificaciones como:

- Se podría usar partir de un modelo ya establecido como el modelo SEIR [6] u otros modelos [7] como punto de partida y adaptarlo a la leishmaniosis.
- El modelo debe permitir modificar el valor reproductivo R_0 [6]

- Sería necesario adaptar periodos de incubación, tasas de transición y, mortalidad [6] para entender cómo se propaga la leishmaniosis.
- Se debería investigar sobre puntos de equilibrio [6] para investigar cuando la enfermedad puede volverse endémica o se podría mantener bajo control.
- Sería necesario hacer diferentes simulaciones numéricas para evaluar diferentes escenarios.
- Habría que añadir factores de temperatura, precipitaciones, [7], humedades y mareas [9] para evaluar cómo afecta en la simulación.
- Hay que evaluar como al añadir estrategias de control de plagas como fumigaciones la simulación se ve alterada.
- Se podría crear una interfaz gráfica que ayude a la comprensión de la propagación de la enfermedad. Como mapas de riesgo.
- Se podría añadir un cuadro de mando en el que aparezca un mapa donde se detecten mayor población de mosquitos. Estos datos podrían provenir de la comunidad [8] para validar el modelo funcionando.
- Se podría incorporar modelos de machine learning para ayudar a predecir tendencias [8] y estimación de factores.
- Se podría plantear simular diferentes especies de mosquitos de vector de transmisión de la enfermedad para simular comportamientos diferentes [9].
- Se debería introducir un factor de estacionalidad para explicar bien el comportamiento cíclico de ciclos de vida de los mosquitos o épocas más secas o más humedades. [10]
- Explorar un enfoque similar de desacople de componentes, dividiendo el modelo entre mosquitos y perros o humanos. [10]

3. Metodología

El objetivo de este estudio es desarrollar y validar modelos matemáticos y computacionales para simular la propagación de enfermedades transmitidas por mosquitos, con un enfoque particular en la leishmaniosis. La metodología adoptada abarca varias etapas, desde la revisión de modelos existentes hasta la implementación y validación de modelos adaptados a las peculiaridades de las enfermedades de interés.

3.1. Revisión de artículos sobre propagación de enfermedades transmitidas por mosquitos

Como punto de partida para este trabajo, se realizó una revisión bibliográfica detallada en el apartado 2. Esta revisión permitió comprender cómo diversos autores han abordado la modelización de la propagación de enfermedades transmitidas por mosquitos, utilizando frecuentemente modelos epidemiológicos basados en el esquema SEIRD. Dicha elección valida el uso de modelos SEIRD como un buen punto de partida para el estudio de la propagación de la leishmaniosis. Además, los estudios revisados subrayan la relevancia de factores como la temperatura y la humedad, cuya influencia varía según la localización geográfica. Por tanto, se busca desarrollar un enfoque que sea fácilmente adaptable a diferentes contextos geográficos, evitando las complejidades de modelar cada variación local específica.

3.2. Revisión de Modelos de Simulación para COVID-19

Tras comprender el estado del arte de la simulación de enfermedades transmitidas por mosquitos, el siguiente paso fue explorar la implementación práctica de estos modelos. Se analizaron los modelos de simulación SEIRD que han sido utilizados ampliamente para estudiar la propagación de la COVID-19 [11]. Estos modelos, basados en ecuaciones diferenciales, proporcionan un marco robusto para entender la dinámica de propagación de enfermedades infecciosas en poblaciones humanas. La revisión se enfocó en identificar y extraer las características esenciales de estos modelos que podrían ser útiles para modelar enfermedades transmitidas por mosquitos, como la leishmaniosis.

3.3. Adaptación de Modelos a la Transmisión por Mosquitos

Acto seguido se modificaron las ecuaciones de los modelos de transmisión de la covid SEIRD para que en lugar de la transmisión producirse de un humano infectado infectar a humanos susceptibles en este caso los humanos se infectan cuando son picados por mosquitos infectados y los mosquitos se infectan cuando pican humanos infectados. La adaptación de los modelos involucra también la incorporación de factores específicos relacionados con el ciclo de vida de los mosquitos y la dinámica de transmisión del parásito de la leishmaniosis. Esto incluye variables como la tasa de reproducción de los mosquitos, la probabilidad de transmisión del parásito por picadura, y la influencia de factores ambientales como la temperatura y la humedad en el comportamiento y la población de mosquitos.

3.4. Implementación de Modelos en Diversas Herramientas de Software

Para asegurar la robustez y la validez de los modelos desarrollados, se optó por implementarlos en tres herramientas de software distintas:

Insight Maker: Este software libre es ideal para simular dinámicas de poblaciones gracias a su interfaz intuitiva. Permite la rápida implementación de modelos de dinámica de sistemas, facilitando la representación de interacciones complejas entre componentes del modelo.

Vensim: Es una herramienta de modelación reconocida en el ámbito de la epidemiología y la modelación de sistemas. Permite realizar simulaciones detalladas y análisis de sensibilidad. Su estructura se basa en diagramas de Forrester, una representación formal de modelos de simulación de dinámica de sistemas, lo que facilita la visualización y manipulación de modelos complejos.

Python: Este lenguaje de programación es ampliamente utilizado en la ciencia de datos por su flexibilidad y extenso ecosistema de bibliotecas. Para este proyecto, se emplearon bibliotecas como SciPy y NumPy, que ofrecen herramientas avanzadas para la manipulación de ecuaciones diferenciales y la realización de análisis matemático y probabilístico.

3.5. Verificación Cruzada de Modelos

La verificación cruzada de los modelos desarrollados se llevó a cabo mediante una comparación visual de los resultados obtenidos de las tres herramientas de software: Insight Maker, Vensim y Python. Aunque esta etapa idealmente involucraría análisis cuantitativos directos, las limitaciones técnicas de Insight Maker para exportar datos requirieron una adaptación del proceso de validación.

Esta comparación visual, aunque menos formal que los métodos estadísticos, sigue siendo crucial para validar la correcta implementación de los modelos y asegurar coherencia en las tendencias y patrones observados entre las plataformas. Por ejemplo, la consistencia en el crecimiento de la población de mosquitos infectados en diferentes simulaciones, indica una correcta representación de la dinámica subyacente de la enfermedad en todos los modelos, a pesar de las diferencias en la implementación del software.

4. Modelado verificación cruzada

Para realizar la verificación cruzada, se partió del modelo SEIRD empleado en el paper [11] se comprendió y se modificó para adaptarlo a la leishmaniosis.

4.1. Modelo base SEIRD de covid

4.1.1. Insightmaker

El primer paso fue investigar cómo se había implementado el modelo SEIRD de la covid19 en insightmaker.

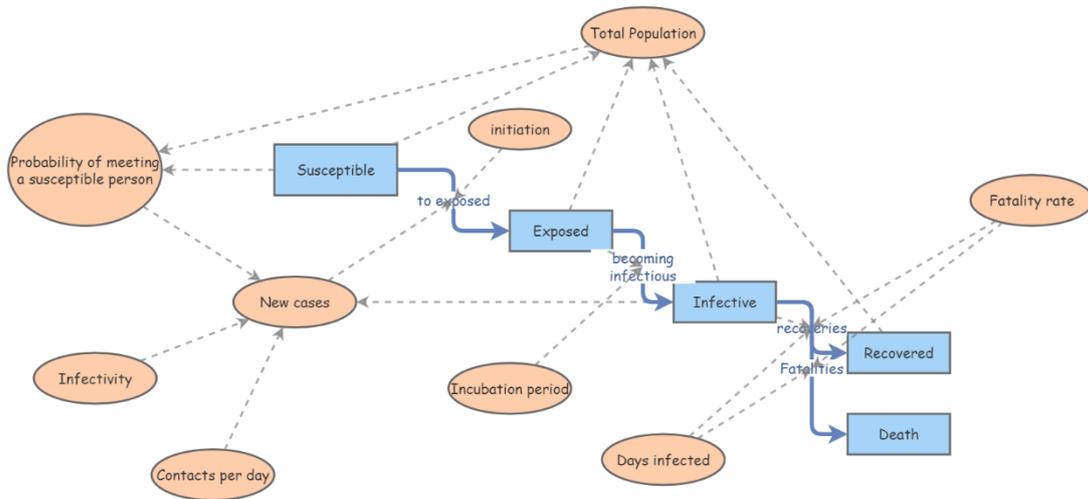


Ilustración 2 Diagrama SEIRD insightmaker

El modelo en InsightMaker se compone de cuatro tipos de elementos: variables, nodos de estados, conexiones de enlace, y conexiones de transición. Las **variables**, representadas en color salmón, son cruciales pues influyen directamente en los estados. Estas incluyen la probabilidad de conocer a alguien susceptible, nuevos casos, infectividad, contactos por día, periodo de incubación, días infectados, ratio de muerte e inicialización. Cada variable está definida por ecuaciones específicas que establecen su comportamiento dentro del modelo, como se puede apreciar en la siguiente Ilustración 3. Definición de una variable en insightmaker.

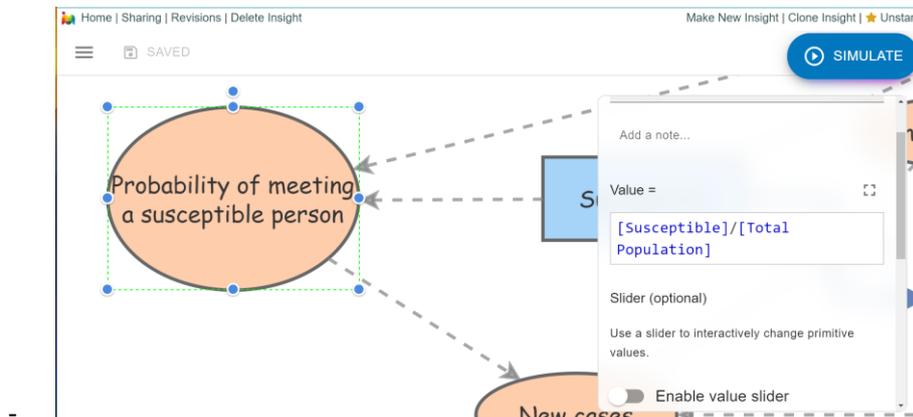


Ilustración 3. Definición de una variable en insightmaker

Por ejemplo, la probabilidad de encontrarse con un infectado se define por el ratio entre el número de susceptibles y el total de la población, donde 'susceptibles' es un nodo de estado y el 'total de la población' se compone de los valores de otras variables. Además, algunas variables pueden tomar un valor constante a lo largo de toda la simulación. Es el caso de variables como el 'periodo de incubación' donde se asume que el periodo de incubación es constante en 14 días durante todo el proceso de simulación, como se puede ver en la siguiente imagen Ilustración 4 Definición de una variable constante en insightmaker. Cabe destacar que un ajuste interesante de insightmaker es habilitar una barra de selección de la variable. Esto

permite variar el valor de estas variables constantes de forma más sencilla para probar el impacto de cambiar esta variable.

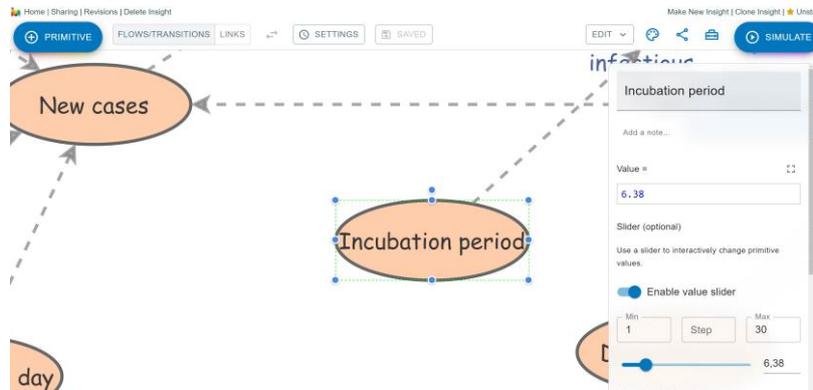


Ilustración 4 Definición de una variable constante en insightmaker

El resto de variables definidas son:

- “Probability of meeting a susceptible person”= $[\text{Susceptible}]/[\text{Total Population}]$
- “Total Population”= $[\text{Susceptible}]+[\text{Exposed}]+[\text{Infective}]+[\text{Recovered}]$. La población total está definida como la suma de los nodos estados susceptibles, expuestos, infectados y recuperados.
- “Infectivity”= 0.42
- “Contacts per day”= 7.42
- “New cases”= $[\text{Infective}]*[\text{Contacts per day}]*[\text{Infectivity}]*[\text{Probability of meeting a susceptible person}]$. Nuevos casos es el resultado de multiplicar el número de infectados por número de contactos por día 7.42 por la tasa de infectividad de 0.42 por la probabilidad de coincidir con una persona susceptible.
- “Incubation period”= 6.38
- “Days infected”= 14.39
- “Fatality rate”= 4.484
- “initiation”= $\text{Pulse}(0,4,0.25)$ es una señal que se añade para aumentar el valor de un estado de forma puntual en este caso esta señal de pulso vale 0 excepto cada 4 días que vale 0.25 es decir 0,0,0, 0.25,0,0,0,0.25 ...

Por otro lado, están los nodos de **estados** o de recursos. Estos estados actúan como contadores, es decir, que contienen cuantas observaciones están en este estado. En este caso humanos susceptibles. Ilustración 5 Definición de nodo de estado

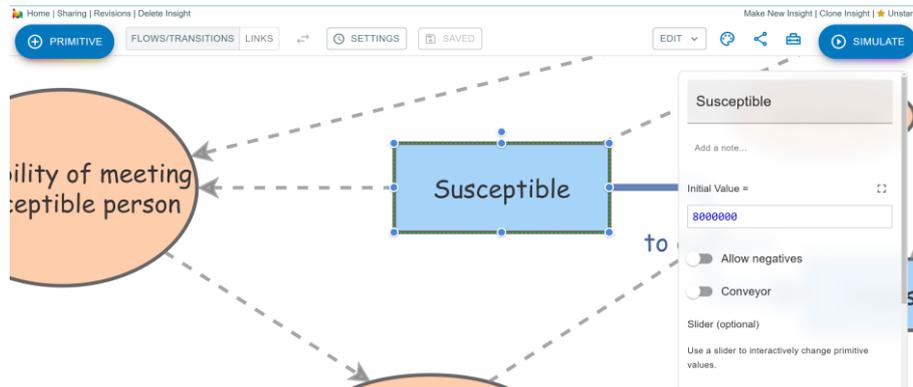


Ilustración 5 Definición de nodo de estado

Los estados definidos en esta simulación son: Susceptibles, Expuestos, Infectados, Recuperados y Muertos.

Lo siguiente son las conexiones de **enlace**. Estas conexiones conectan nodos y variables entre sí pero cómo afecta esta relación no queda definida, es decir, conectar con enlaces habilita a que las conexiones de transmisión hagan uso de las variables conectadas. Dicho de otra forma si no se hace la conexión entre el número de días de exposición y la transmisión 'become infectious' no podrían saber cuántos expuestos pasan a infectados. Como se puede ver en la siguiente imagen Ilustración 6 Definición enlace en insightmaker

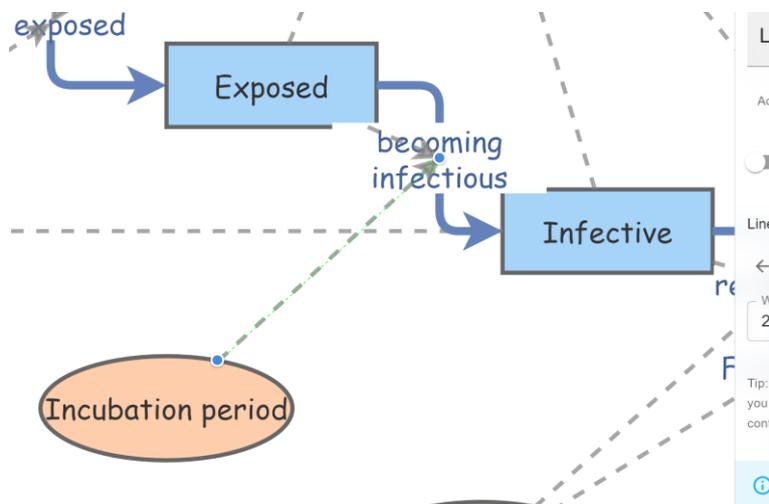


Ilustración 6 Definición enlace en insightmaker

Finalmente, están las conexiones de **transición**. Este tipo de conexiones se emplean para relacionar estados como el siguiente caso Ilustración 7 Definir conexiones de transmisión en insightmaker

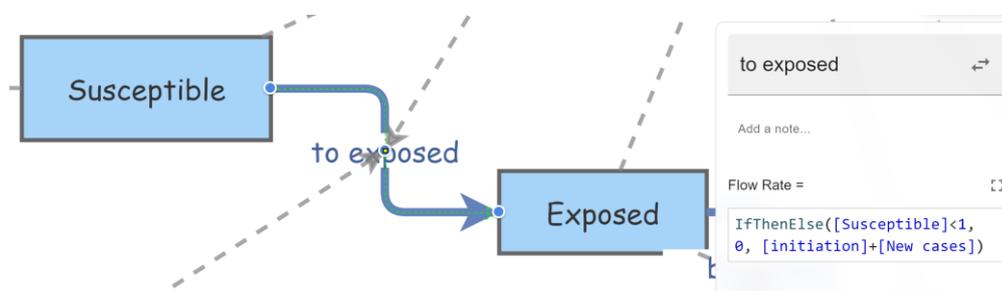


Ilustración 7 Definir conexiones de transmisión en insightmaker

Se define la relación entre los nodos de estados y las variables de forma que se establece como cambian. Las conexiones definidas son:

- “To exposed”: $\text{IfThenElse}([\text{Susceptible}] < 1, 0, [\text{initiation}] + [\text{New cases}])$, es decir que si el número de personas susceptibles es menor a 1 entonces el número de personas de susceptibles a expuestos es 0, si que hay susceptibles entonces el número de expuestos es el número de expuestos actuales más la señal de inicialitacion más el número de nuevos casos. En el caso de los susceptibles el número nuevo de susceptibles es el número actual menos los que se pasan a expuestos es decir loa señal de inicialización y los nuevos casos.
- “becoming infectious”: $[\text{Exposed}] / [\text{Incubation period}]$. En el caso de estar infectado la tasa de cambio es el número de expuestos entre el periodo de incubación. Esto es debido a que se estima que todos los expuestos tardan 14 días en desarrollar la enfermedad por lo que continuamente cada día se van un catorceavo de los expuestos a infectados.
- “Fatalities”: $([\text{Infective}] / [\text{Days infected}]) * (([\text{Fatality rate}]) / 100)$. En el caso de los fallecidos es el ratio entre el número de infectados y días infectados para definir cuantos cambian de estado y se multiplica por el factor de muerte para definir qué porcentaje de personas que cambian de estado que mueren.
- “recoveries”: $([\text{Infective}] / [\text{Days infected}]) * ((100 - [\text{Fatality rate}]) / 100)$ Al igual que la anterior se define el ratio de personas infectadas que cambian de estado y a este ratio se le multiplica por uno menos la tasa de muerte, es decir, los que sobreviven.

Una vez que ya se ha configurado la simulación se puede ejecutar y generar la misma. Como resultado de la simulación se pueden graficar las variables y o los nodos de estados a lo largo del tiempo. En el siguiente gráfico se observa la evolución de los estados de susceptibles (S), expuesto (E), infectado (I), recuperado (R) y muertos (D) Ilustración 8 Evolución temporal SEIRD insightmaker. Modelo disponible en [12]



Ilustración 8 Evolución temporal SEIRD insightmaker

Una vez implementado en insightmaker lo siguiente es implementar este modelo de simulación Python.

4.1.2. Python

En el caso de Python es necesario definir las ecuaciones diferenciales de este modelo. En concreto las ecuación son:

$$\text{Susceptibles}(S) = \frac{dS}{dt} = -\beta \cdot \frac{S \cdot I}{N}$$

$$\text{Expuestos}(E) = \frac{dE}{dt} = \beta \cdot \frac{S \cdot I}{N} - \sigma \cdot E$$

$$\text{Infectados}(I) = \frac{dI}{dt} = \sigma \cdot E - \gamma \cdot I - \mu \cdot I$$

$$\text{Recuperados (R)} = \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I$$

$$\text{Recuperados (R)} = \frac{dR}{dt} = \mu \cdot I$$

Donde:

- β es la tasa de transmisión
- σ es la tasa de incubación
- γ es la tasa de recuperación
- μ es la tasa de muertes

Interpretación:

La tasa de cambio de los susceptibles es negativa, reflejando que están siendo expuestos al virus y moviéndose al compartimento de expuestos.

Los expuestos primero aumentan al ser infectados por el contacto con infectados, pero luego disminuyen a medida que desarrollan la enfermedad y se vuelven infecciosos.

Los infectados aumentan por la transición de expuestos a infectados, pero disminuyen a medida que se recuperan.

Los recuperados aumentan conforme los infectados se recuperan.

Estas ecuaciones modelan cómo una enfermedad se propaga y eventualmente se estabiliza dentro de una población, dependiendo de los valores de los parámetros y de las condiciones iniciales de la población.

En Python la función que define el modelo estaría definida de la siguiente forma:

```
def SEIRD_model(y, t, beta, sigma, gamma, mu):
    S, E, I, R, D = y
    N = S + E + I + R + D
    dSdt = -beta * (S/N) * I
    dEdt = beta * (S/N) * I - sigma * E
    dIdt = sigma * E - gamma * I - mu*I
    dRdt = gamma * I
    dDdt = mu * I
    return [dSdt, dEdt, dIdt, dRdt, dDdt]
```

De forma que se usa la función odeint de la librería scipy para evaluar esta función objetivo con los diferentes parámetros de configuración y en un intervalo de tiempo de 200 días.

Como resultado se pueden graficar los estados y al igual que se obtenía con insightmaker se obtiene la siguiente representación Ilustración 9 resultados ejecución modelo SEIRD Python:

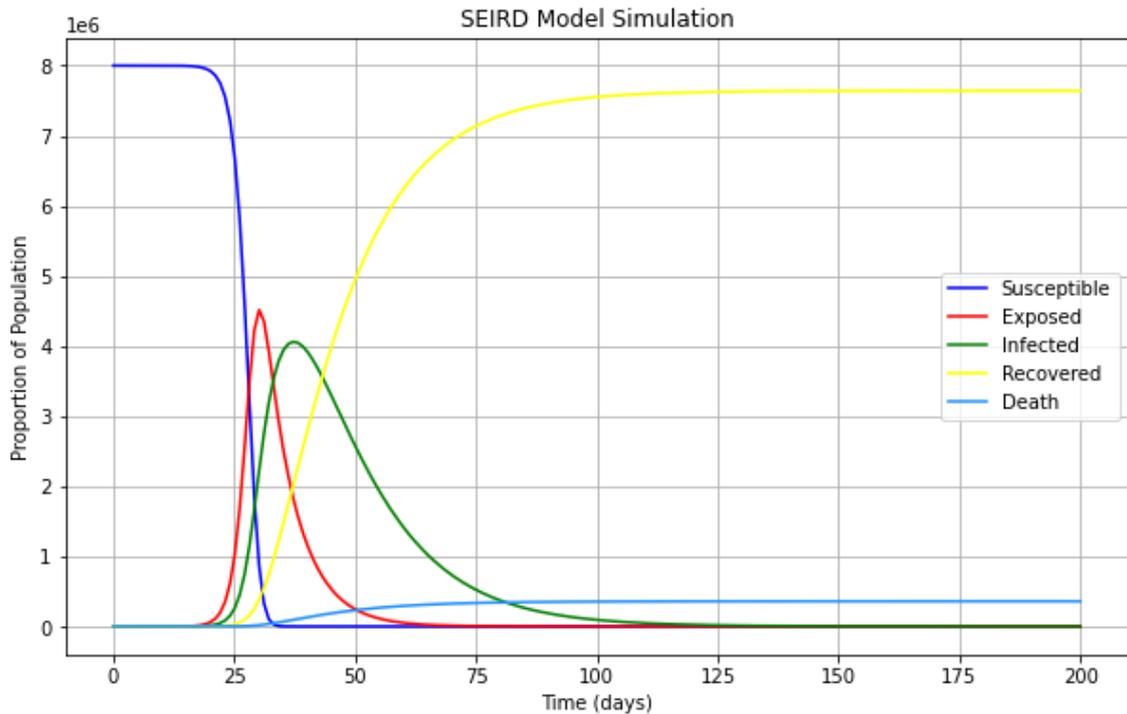


Ilustración 9 resultados ejecución modelo SEIRD Python

4.1.3. Vensim

Como tercer framework para la verificación cruzada se implementó el modelo de SEIRD en la herramienta Vensim. Esta herramienta proporciona un enfoque más formal para la simulación comparado con InsightMaker, utilizando diagramas de Forrester para representar las relaciones entre los elementos del modelo. Esta metodología permite una implementación más precisa y facilita la integración del modelo en otros frameworks industriales.

En la siguiente Ilustración 10 Model SEIRD Vensim se puede observar cómo se ha configurado el modelo utilizando Vensim.

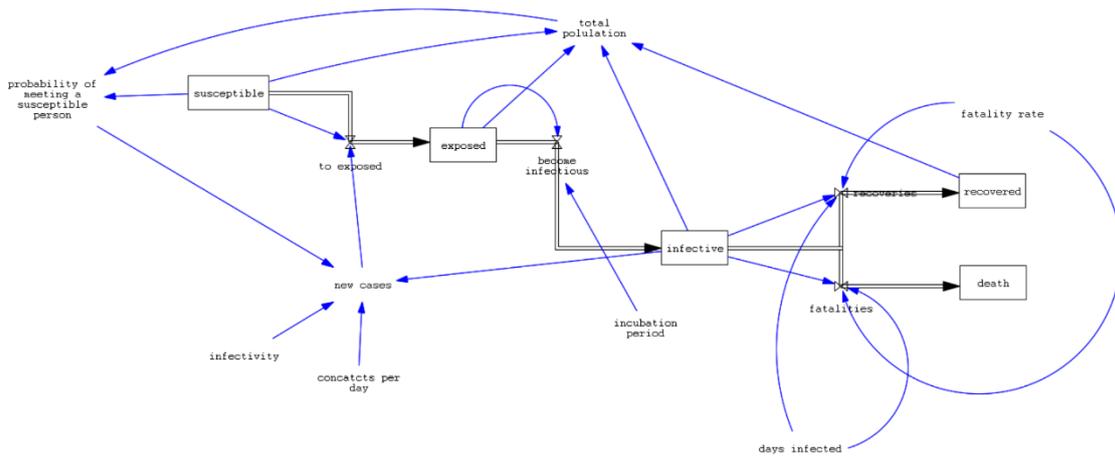


Ilustración 10 Model SEIRD Vensim

Y su resultado obtenido Ilustración 11 resultados ejecución SEIRD Vensim es similar al obtenido en Python e insighmaker.

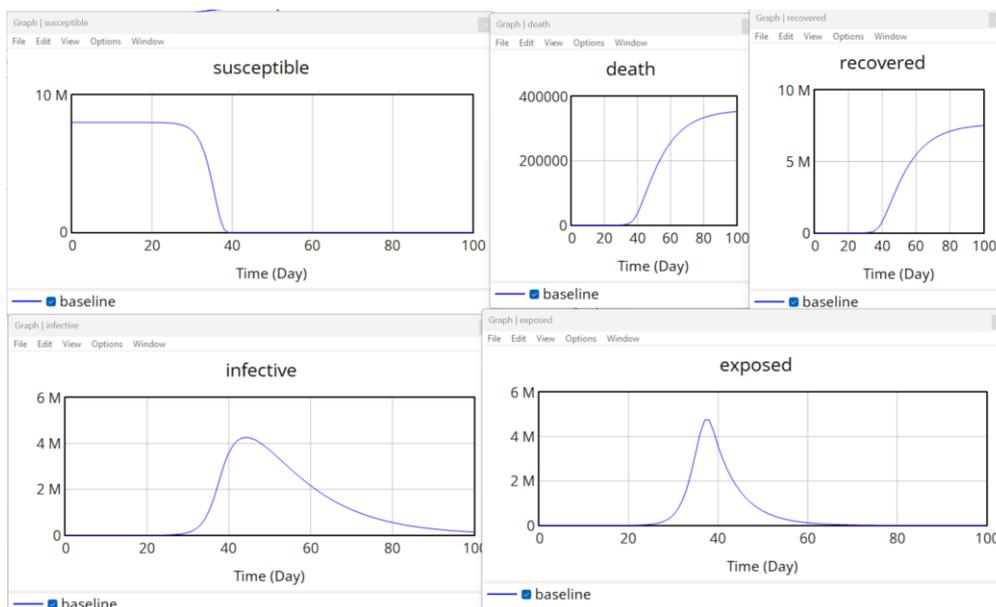


Ilustración 11 resultados ejecución SEIRD Vensim

4.2. SEIRD con inmunidad temporal

Una vez establecido el modelo SEIRD básico se procedió a modificar el modelo para introducir la posibilidad de que se genere inmunidad temporal.

4.2.1. Insightmaker

En el caso de insightmaker añadir la inmunidad es incorporar al diagrama anterior que se vio en el apartado 4.1.1 añadiendo dos modificaciones: se añade una variable llamada periodo de

inmunidad que toma un valor constante de 90 días y una conexión de transición que conecte el nodo de estado de recuperados con el de susceptibles. Esto simula que, tras un periodo, los individuos recuperados pueden perder la inmunidad y volver a ser susceptibles. Ilustración 12 Diagrama SEIRD inmunidad insightmaker [13]

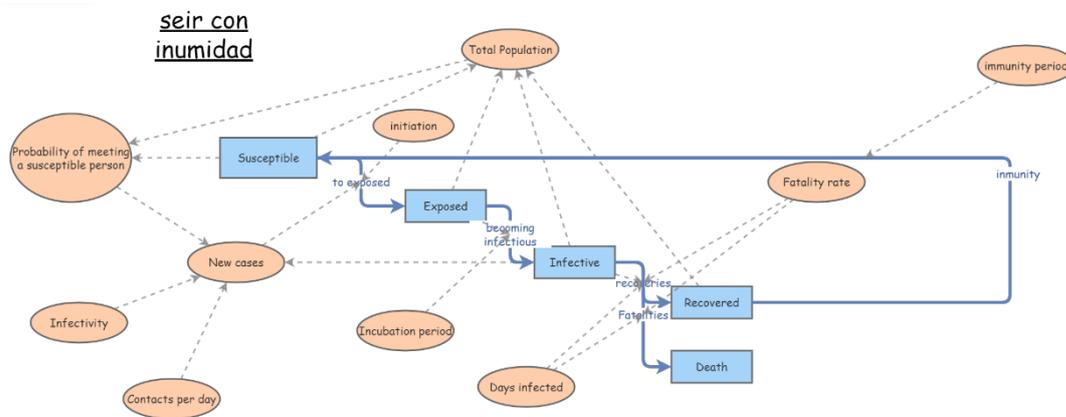


Ilustración 12 Diagrama SEIRD inmunidad insightmaker

La ecuación que regula esta relación es $\text{ifThenElse}([\text{Recovered}] < 1, 0, [\text{Recovered}] / [\text{immunity period}])$, es decir, que si no hay recuperados no hay personas que puedan pasar a recuperadas pero si hay algún recuperados la tasa de cambio es el cociente entre el número de recuperados y el tiempo que tarda en perderse esta inmunidad. Esta relación asume que todas las personas pierden la inmunidad estrictamente en el mínimo número de días, en este caso 90 días.

Al graficar los resultados de la simulación se observa que al igual que en el caso anterior los recuperados empiezan a crecer a medida que van pasando los días pero no llega a suponer el 100% de la población ya que parte de estos vuelven a ser susceptibles y se quedan en un estado estable en el que no hay variaciones. Ilustración 13 Resultados SEIRD inmunidad insightmaker



Ilustración 13 Resultados SEIRD inmunidad insightmaker

4.2.2. Python

En el caso de Python hay que modificar las ecuaciones de Recuperados y Susceptibles para añadir la inmunidad temporal

$$\text{Susceptibles}(S) = \frac{dS}{dt} = -\beta \cdot \frac{S \cdot I}{N} + \delta \cdot R$$

$$\text{Expuestos}(E) = \frac{dE}{dt} = \beta \cdot \frac{S \cdot I}{N} - \sigma \cdot E$$

$$\text{Infectados}(I) = \frac{dI}{dt} = \sigma \cdot E - \gamma \cdot I - \mu \cdot I$$

$$\text{Recuperados}(R) = \frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I - \delta \cdot R$$

$$\text{Recuperados}(R) = \frac{dR}{dt} = \mu \cdot I$$

Donde:

- β es la tasa de transmisión
- σ es la tasa de incubación
- γ es la tasa de recuperación
- μ es la tasa de muertes
- δ es la tasa de inmunidad

Al igual que en insightmaker los recuperados no se convierten en el 100% de la población porque parte de ellos vuelven a ser susceptibles y no se vuelven a infectar, como se aprecia en Ilustración 14 Resultado SEIRD inmunidad Python

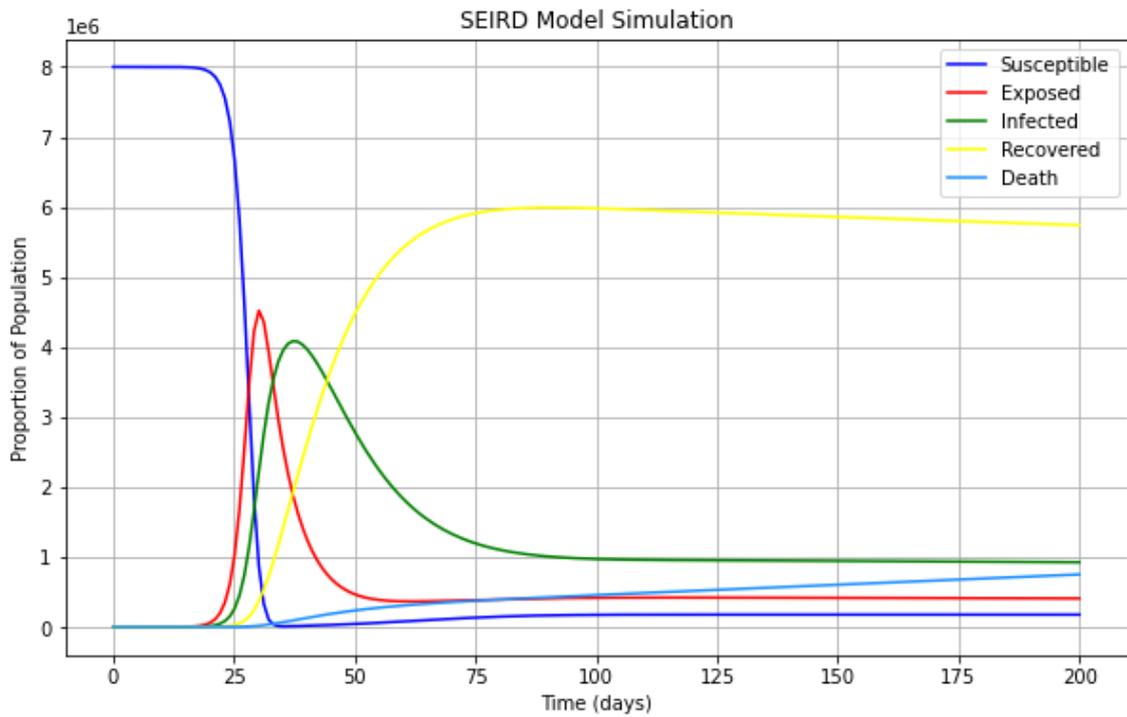


Ilustración 14 Resultado SEIRD inmunidad Python

4.2.3. Vensim

En el caso de Vensim, se modifica el modelo anterior añadiendo la inmunidad temporal Ilustración 15 Simulación SEIRD con reinfección en Vensim

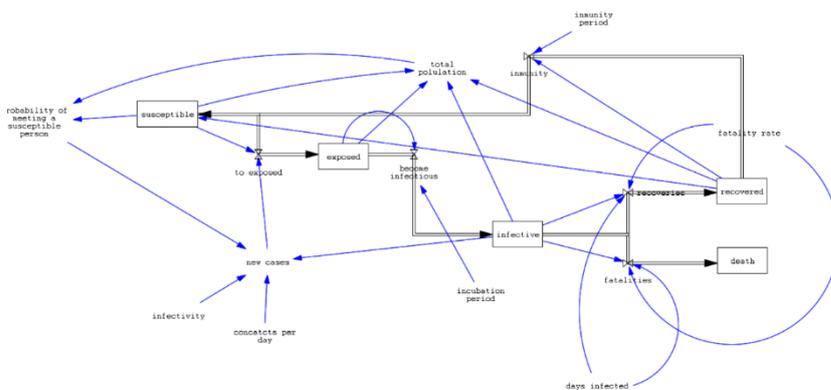


Ilustración 15 Simulación SEIRD con reinfección en Vensim

Y el resultado obtenido en la simulación Ilustración 16 ejecución Vensim inmunidad

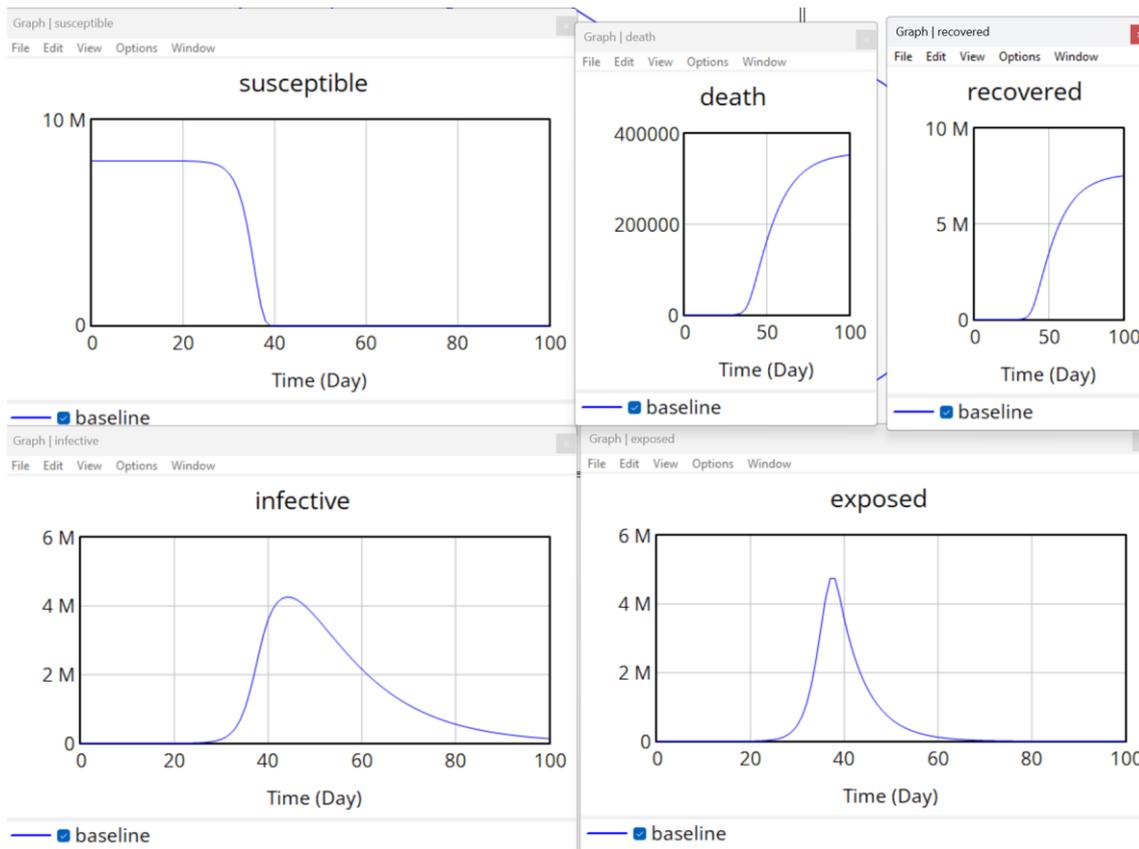


Ilustración 16 ejecución Vensim inmunidad

4.3. Modelo Leishmaniosis

Para simular la transmisión de enfermedades por mosquitos, es crucial considerar la interacción entre los mosquitos y los humanos.

4.3.1. Insightmaker

Se investigaron problemas similares y se encontró un modelo de fiebre amarilla en InsightMaker que ilustra esta relación [14]. Este diagrama Ilustración 17 Diagrama insightmaker fiebre amarilla muestra cómo la transmisión a humanos depende del número de mosquitos infectados, y no directamente de la cantidad de humanos infectados. Inspirados por este modelo, se adaptaron sus principios al estudio de la leishmaniosis, modificando el enfoque para incluir la dinámica específica de esta enfermedad.

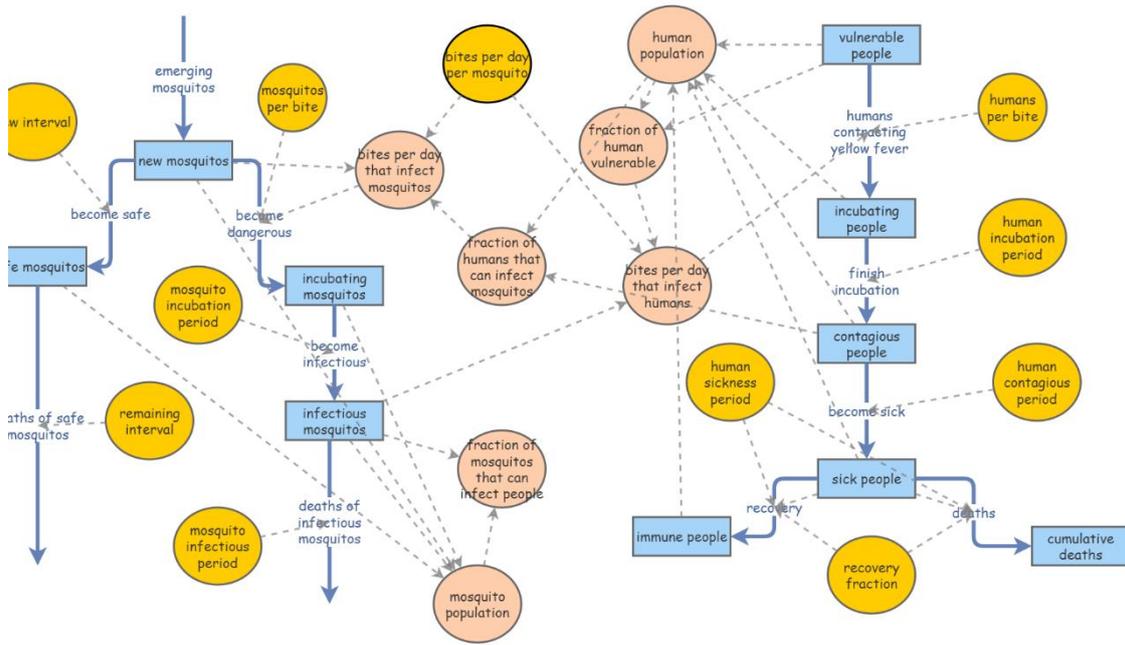


Ilustración 17 Diagrama insightmaker fiebre amarilla

Adaptando el diagrama de insightmaker con inmunidad visto en el apartado 4.2.1 para que funcione con mosquitos se modifican las relaciones de forma que la ecuación de nuevos casos ya no depende del número de humanos infectados sino del número de mosquitos infectados. Adicionalmente, se añade el modelo SEI de cómo los mosquitos se van infectando. En este caso los nuevos casos de mosquitos se definen de forma análoga a los humanos pero con la variante de que los mosquitos son más probables que se infecten si hay muchos humanos infectados porque un mosquito sano se contagia al picar a un humano infectado. Se asume que los mosquitos no se recuperan, se mantienen infectados de forma indefinida.

El diagrama resultante es el que se aprecia en la Ilustración 18 Esquema simulación modelo leishmaniosis en insightmaker.

SEIRD
leishmaniosis

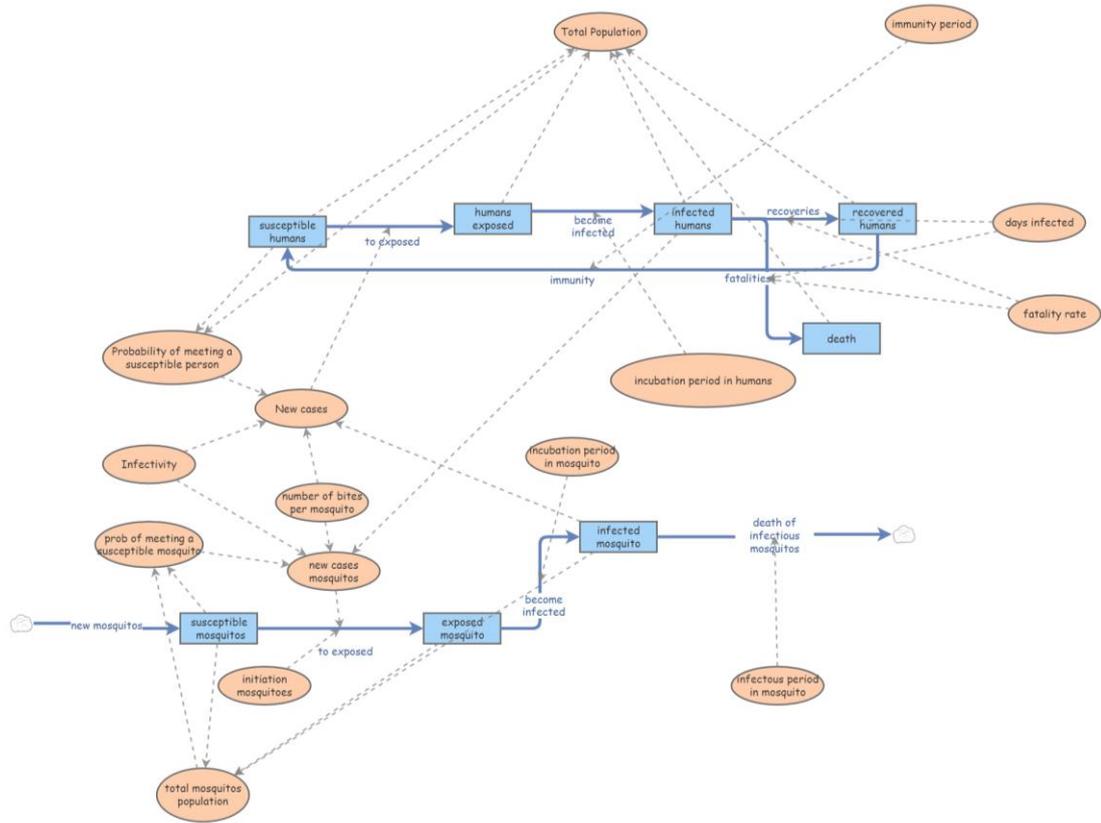


Ilustración 18 Esquema simulación modelo leishmaniosis en insightmaker

Los resultados de ejecutar la simulación son las siguientes Ilustración 19 Resultado 1 simulación modelo leishmaniosis insightmaker e Ilustración 20 Resultado 2 simulación modelo leishmaniosis insightmaker

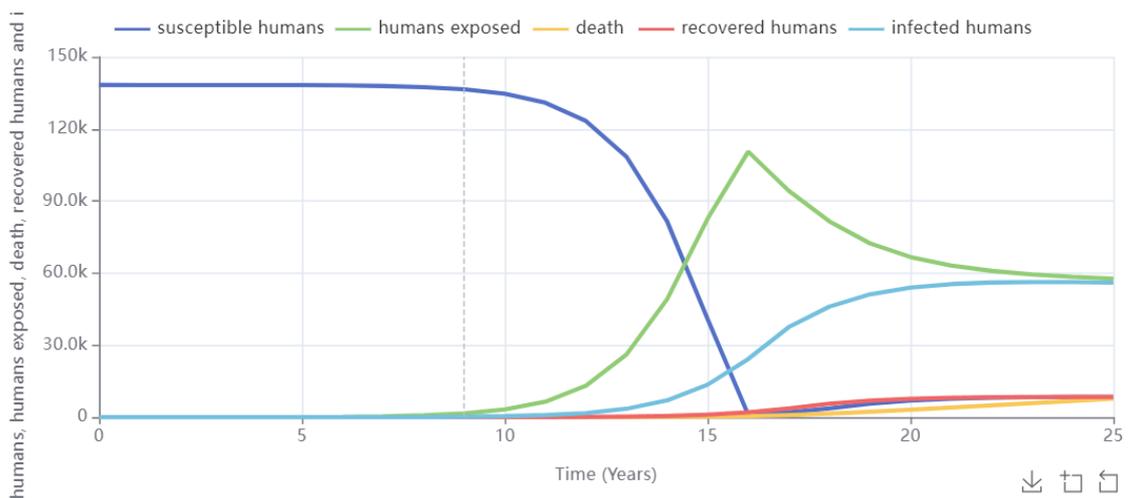


Ilustración 19 Resultado 1 simulación modelo leishmaniosis insightmaker

Se aprecia que el número de humanos susceptibles decrece bruscamente, los expuestos crecen rápidamente pero se estabilizan y los infectados crecen hasta un punto en el que se estabilizan.

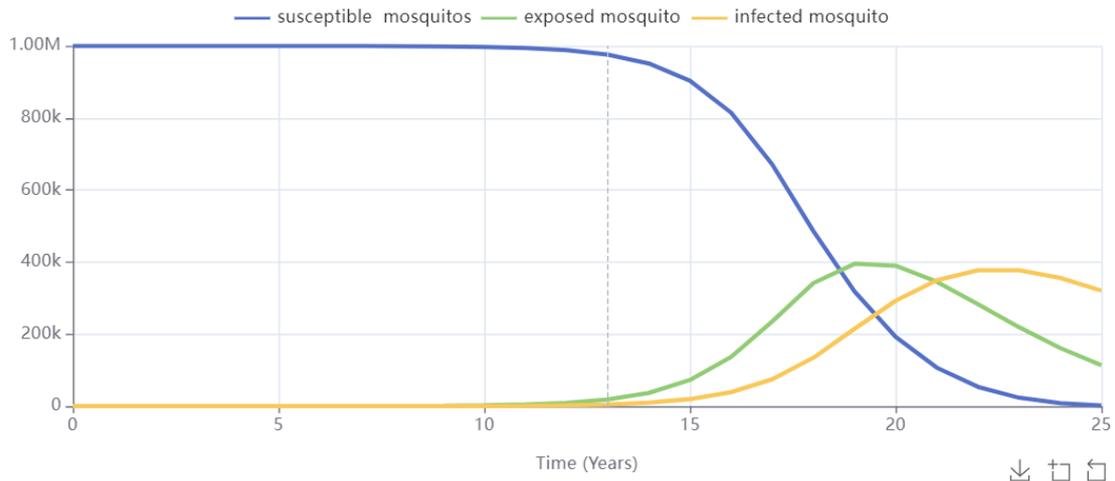


Ilustración 20 Resultado 2 simulación modelo leishmaniosis insightmaker

Estas estabilizaciones que se apreciaban por parte de los humanos se deben a que la población de mosquitos se ha expuesto muy rápido, de expuestos pasa a infectado muy rápido y los mosquitos pasado unos días salen del sistema, no se vuelven a infectar. Llegan mosquitos nuevos sanos pero no con la misma tasa con la que salen, es decir, que llegará un punto en esta simulación en la que no quedarán mosquitos infectados.

4.3.2. Python

En el caos de Python las ecuaciones quedarían definidas como

$$\text{Humanos Susceptibles } (S_h) = \frac{dS_h}{dt} = -\beta_h \cdot \frac{S_h \cdot I_m}{N_h} + \delta_h \cdot R_h$$

$$\text{Humanos Expuestos } (E_h) = \frac{dE_h}{dt} = \beta_h \cdot \frac{S_h \cdot I_m}{N_h} - \sigma_h \cdot E_h$$

$$\text{Humanos Infectados } (I_h) = \frac{dI_h}{dt} = \sigma_h \cdot E_h - \gamma_h \cdot I_h - \mu_h \cdot I_h$$

$$\text{Humanos Recuperados } (R_h) = \frac{dR_h}{dt} = \gamma_h \cdot I_h - \delta_h \cdot R_h$$

$$\text{Humanos muertos } (D_h) = \frac{dD_h}{dt} = \mu_h \cdot I_h$$

$$\text{Mosquitos Susceptibles } (S_m) = \frac{dS_m}{dt} = -\beta_m \cdot \frac{S_m \cdot I_h}{N_m}$$

$$\text{Mosquitos Expuestos } (E_m) = \frac{dE_m}{dt} = \beta_m \cdot \frac{S_m \cdot I_h}{N_m} - \sigma_m \cdot E_m$$

$$\text{Mosquitos Infectados } (I_m) = \frac{dI_m}{dt} = \sigma_m \cdot E_m - \mu_m \cdot I_m$$

Donde:

- β_h es la tasa de transmisión en humanos
- σ_h es la tasa de incubación en humanos
- γ_h es la tasa de recuperación en humanos
- μ_h es la tasa de mortalidad en humanos
- δ_h es la tasa de inmunidad en humanos
- β_m es la tasa de transmisión en mosquitos
- σ_m es la tasa de incubación en mosquitos
- μ_m es la tasa de mortalidad en mosquitos

Al realizar la simulación se obtienen la siguientes Ilustración 21 resultados 1 simulación leishmaniosis en insightmaker con Python e Ilustración 22 resultados 2 simulación leishmaniosis en insightmaker con Python. Ambas graficas son análogas a lo visto en insightmaker. La población de mosquitos se contagia muy rápido, lo que hace que haya muchos humanos infectados muy rápido pero la tasa de abandono del sistema por parte de los mosquitos es superior a los nuevos mosquitos por lo que llega un punto en el que no se expande la enfermedad.

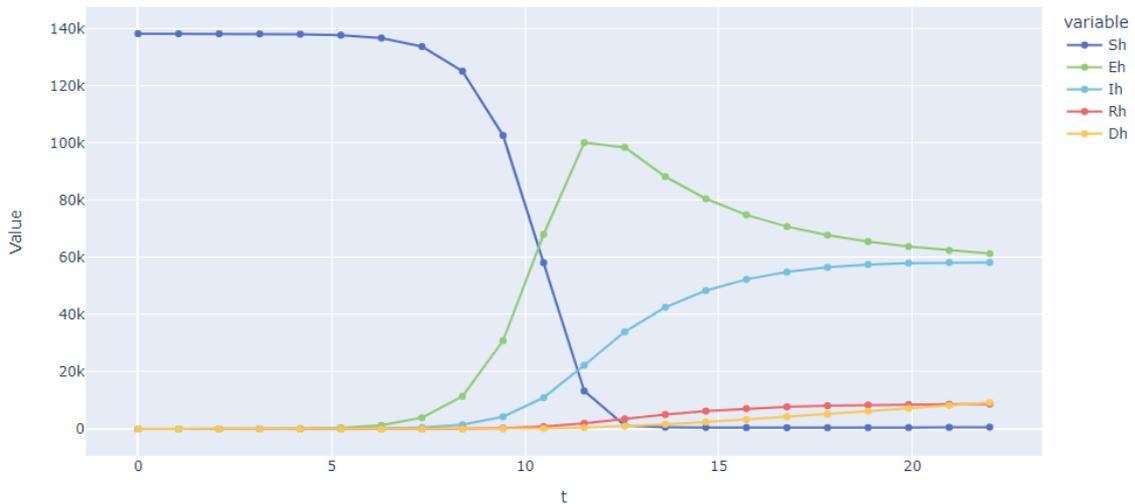


Ilustración 21 resultados 1 simulación leishmaniosis en insightmaker con Python

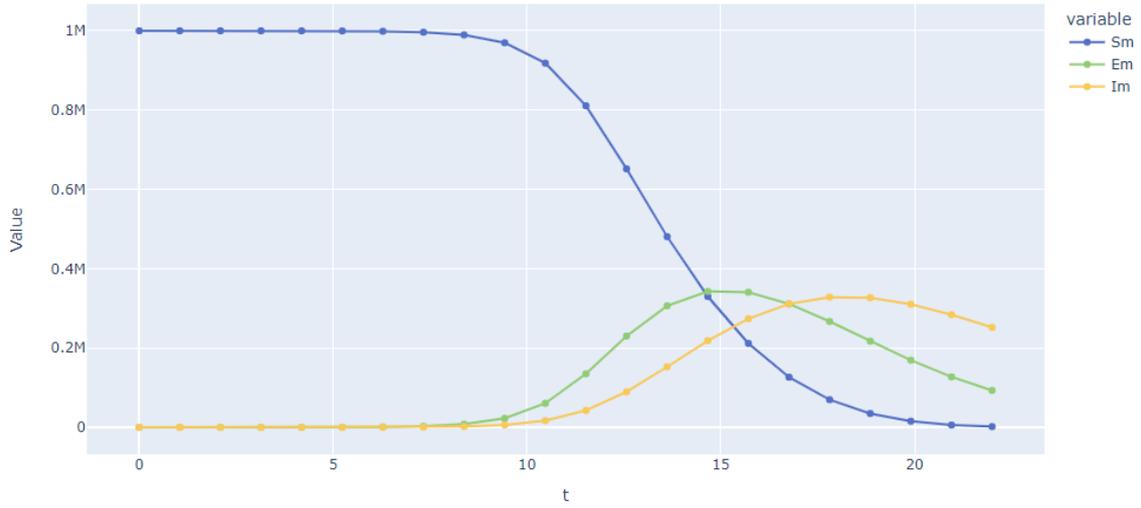


Ilustración 22 resultados 2 simulación leishmaniosis en insightmaker con Python

4.3.3. Vensim

En el caso de Vensim se adapta la herramienta Ilustración 23 modelo simulación leishmaniosis en Vensim.

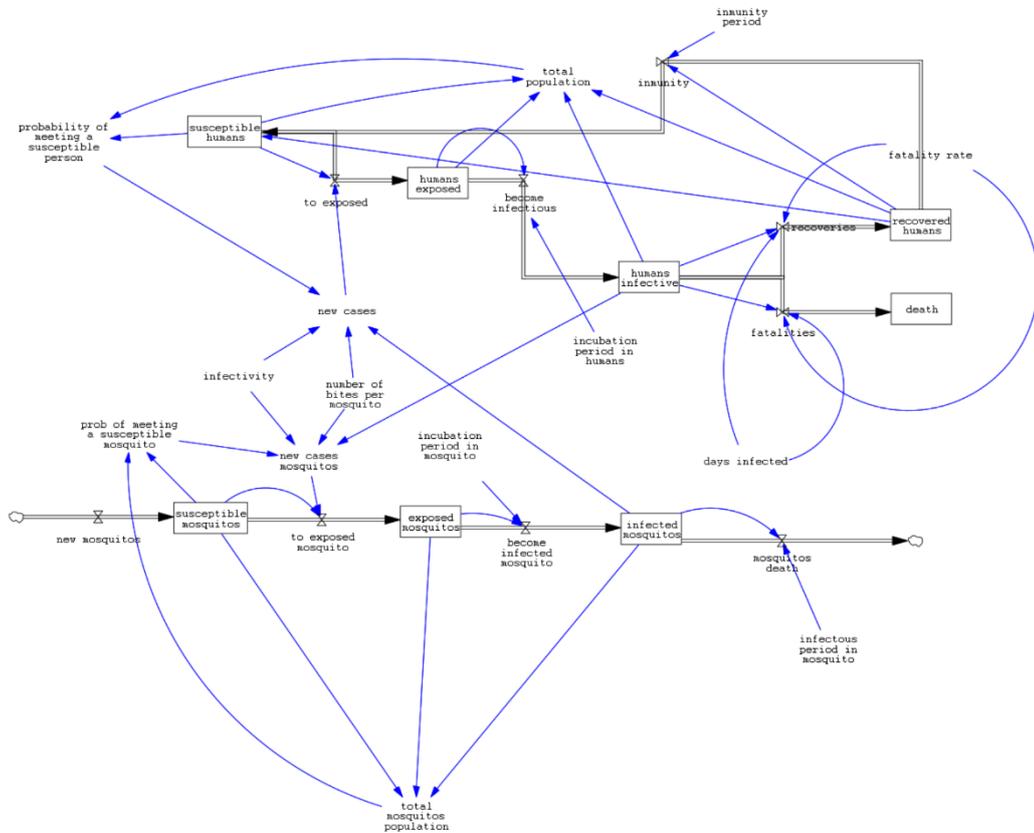


Ilustración 23 modelo simulación leishmaniosis en Vensim.

5. Cambio climático.

En este apartado se va a analizar el impacto del cambio climático. Para ello se van a analizar diferentes factores consecuencia del cambio climático y que afectan a la propagación de enfermedades transmitidas por mosquitos. Los factores a analizar son la temperatura y el nivel del agua estancada.

5.1.1. Temperaturas

Uno de los factores que afecta más a la proliferación de mosquitos son las temperaturas altas. A mayor temperatura mayor es la transmisión [15].

En este estudio se emplean las temperaturas de la provincia de Tarragona obtenidas por medio de la api de la agencia española de meteorología AEMET ([16] para obtener más información). El código Python para hacer esta descarga está disponible en los anexos de este trabajo. En concreto, en Tarragona hay 6 estaciones meteorológicas con datos de temperatura. Para tener una estimación general de la temperatura para cada día se usará la temperatura media de las 6 estaciones. De forma que se puede analizar la temperatura media de la provincia de Tarragona nivel mensual a lo largo de los años.

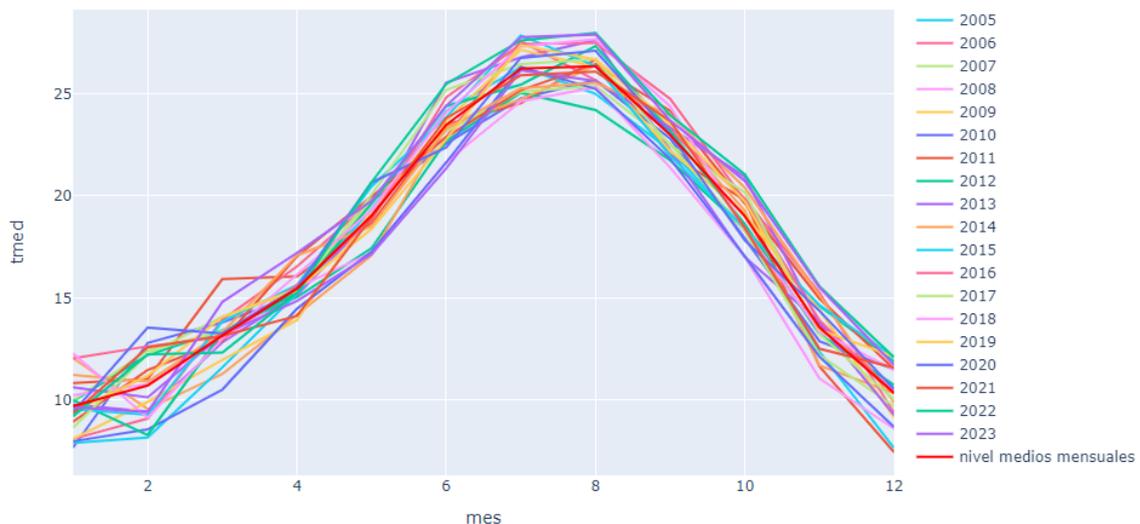


Ilustración 24 Evolución temperaturas Tarragona

Como es esperable, durante los meses de verano la temperatura media aumenta y hay años más calurosos que otros Ilustración 24 Evolución temperaturas Tarragona. Para ver la tendencia de aumento de temperatura hay que ver esta tendencia en los últimos 20 años. En concreto, si se grafica las temperaturas medias de cada año frente al año, Ilustración 25 Temperatura media a lo largo del tiempo, se observa una ligera tendencia positiva.

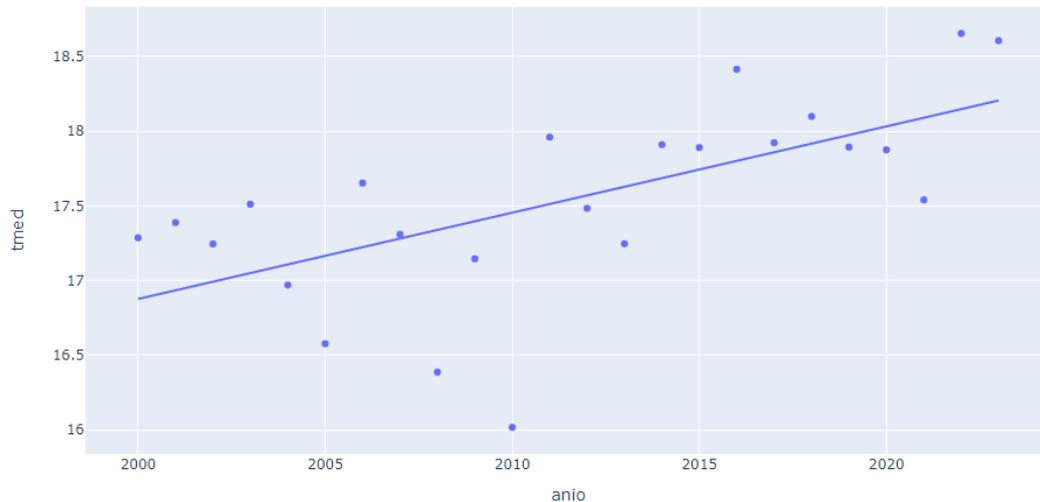
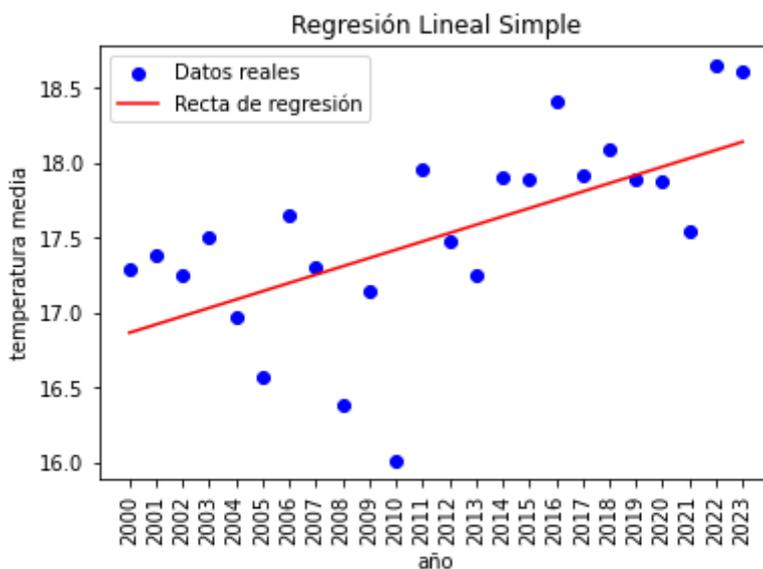


Ilustración 25 Temperatura media a lo largo del tiempo

Esta tendencia nos indica que las temperaturas medias están aumentando. En concreto si se ajusta un modelo de regresión lineal Ilustración 26 Temperatura media a lo largo del tiempo, regresión lineal



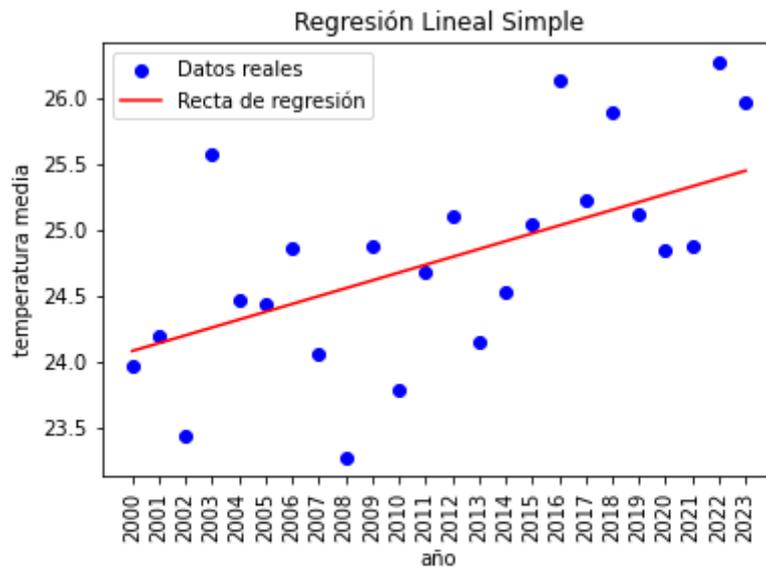
ecuación:

$$\text{temperatura} = -94.06419575560255 + 0.05546541897876099 * \text{año}$$

Ilustración 26 Temperatura media a lo largo del tiempo, regresión lineal

Se observa que por cada año que pasa la temperatura media anual aumenta en 0.05 grados es decir que cada 10 años la temperatura media del año aumenta 0.5 grados. Pero en el caso de solo usar los meses de verano de junio a septiembre el incremento es aún mayor. Ilustración 27

Temperatura media a lo largo del tiempo regresión solo verano



ecuación:

$$\text{temperatura} = -95.03906492232073 + 0.059560665449894225 * \text{año}$$

Ilustración 27 Temperatura media a lo largo del tiempo regresión solo verano

De casi de 0.6 grados cada año. Es decir que en 10 año más de medio grado de aumento.

5.1.2. número de días con temperatura adecuada para la proliferación de mosquitos

Estudios previos basados en las islas griegas [17] demuestra que la población de mosquitos que transmiten la leishmaniosis, sandflies, es mayor en temperaturas comprendidas entre los 21 y 29°C es por ello que se analizó el porcentaje de días del mes que las temperaturas medias de Tarragona están entre estos umbrales.

Los resultados obtenidos son los que se aprecian en la Ilustración 28 porcentaje de días del mes que cumplen los umbrales de temperatura.

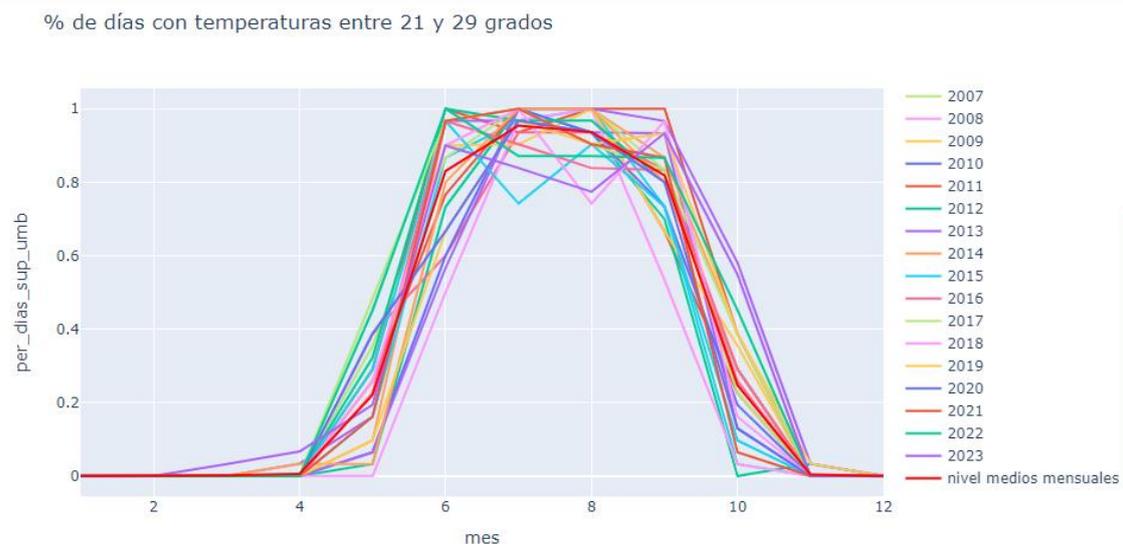


Ilustración 28 porcentaje de días del mes que cumplen los umbrales de temperatura

Hay una clara tendencia ya que los dos últimos años desde junio aumentaron el porcentaje de días con temperatura media entre 21 y 29°C lo cual hace que sea más probable la proliferación de plagas de mosquitos Ilustración 29 Relación porcentaje de días umbral a lo largo del tiempo.

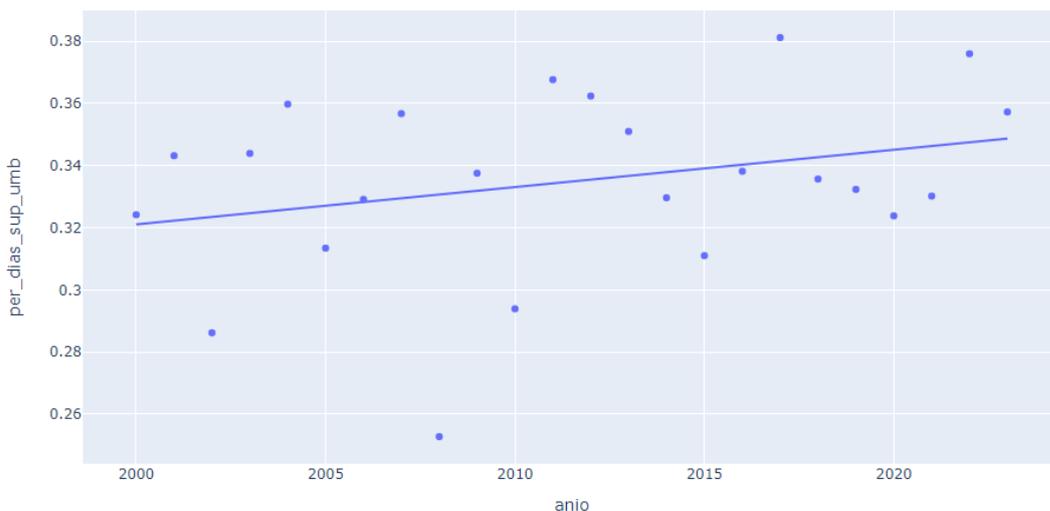


Ilustración 29 Relación porcentaje de días umbral a lo largo del tiempo

5.2. Nivel de los embalses

Estudios previos [18] analizan la relación de embalses con la proliferación de mosquitos en el caso de la malaria. En este apartado se va a explorar esta posibilidad para el caso de Tarragona y la proliferación de sandfly.

En el caso de los embalses se ha usado la api del portal de datos abiertos de la generalitat de Catalunya, ([19]consulta para más información) en concreto la información de los pantanos en

[20]. La provincia de Tarragona consta de 2 embalses: Embassament de Riudecanyes y Embassament de Siurana (Cornudella de Montsant) Ilustración 30 localización embalses tarragona.

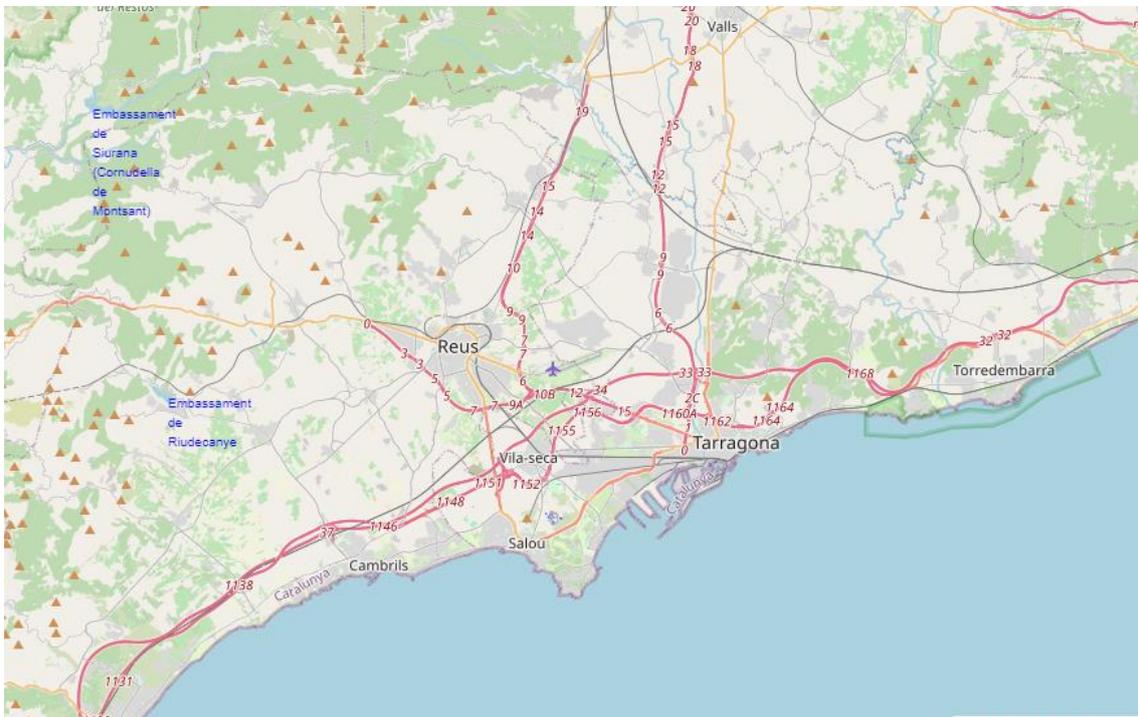


Ilustración 30 localización embalses tarragona

Lo primero que se observa Ilustración 31 Nivel embalse que el embalse de Siurana es más de dos veces el nivel del embalse de Riudecanyes

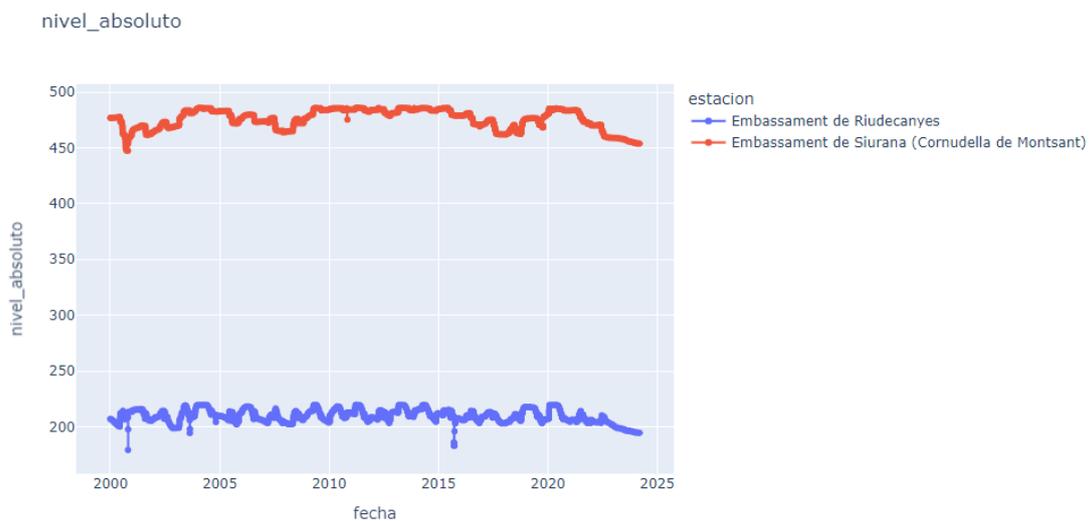


Ilustración 31 Nivel embalse

El porcentaje del volumen Ilustración 32 porcentaje del volumen de los embalses se puede apreciar que en los últimos meses el volumen ha bajado significativamente.

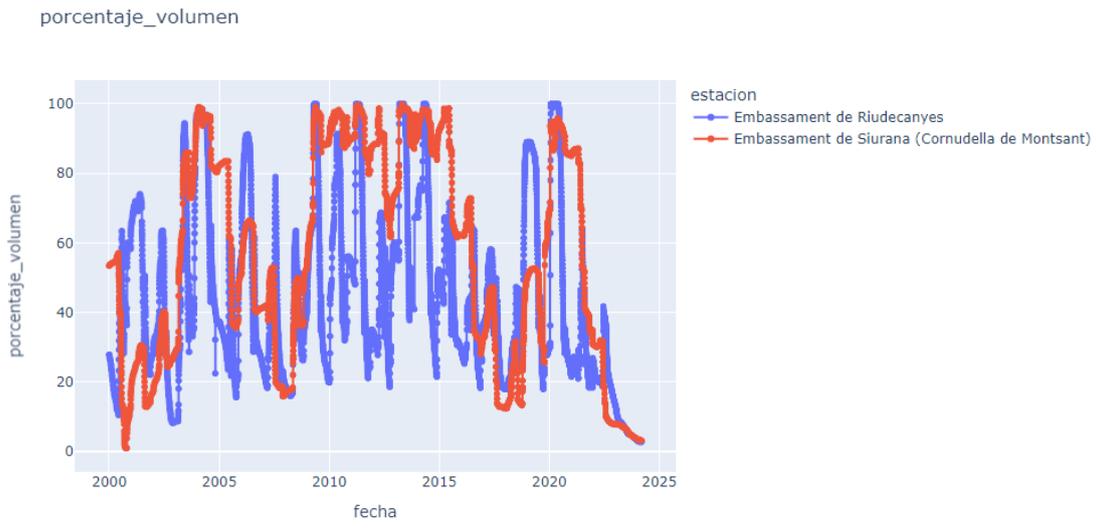


Ilustración 32 porcentaje del volumen de los embalses

En concreto en la evolución del nivel de los embalses Ilustración 33 porcentaje nivel embalse Siurana Ilustración 34 porcentaje nivel embalse Riudecanyes se puede apreciar que desde 2023 los niveles de los embalses están a niveles muy bajos

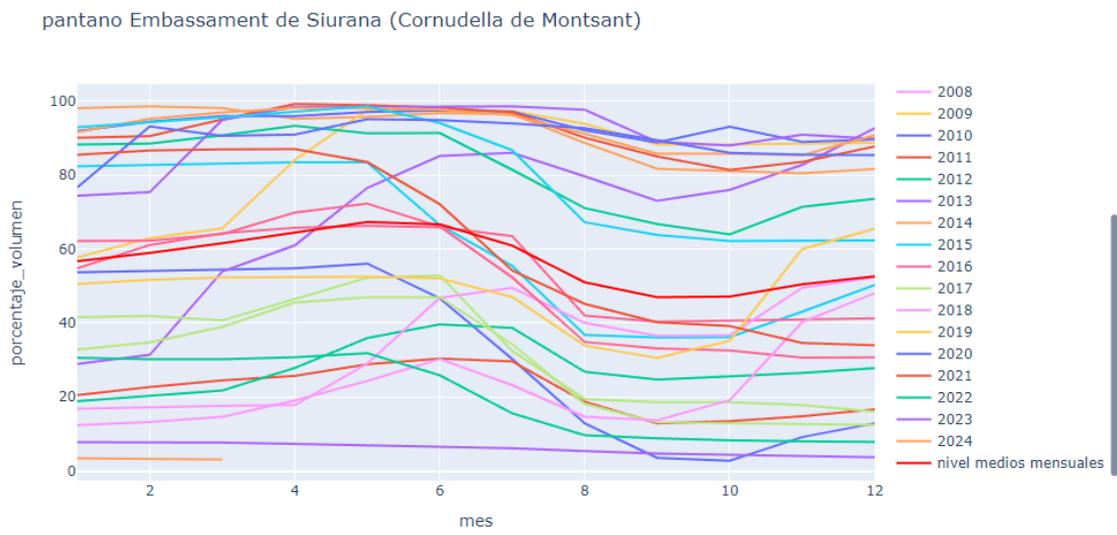


Ilustración 33 porcentaje nivel embalse Siurana

pantano Embassament de Riudecanyes

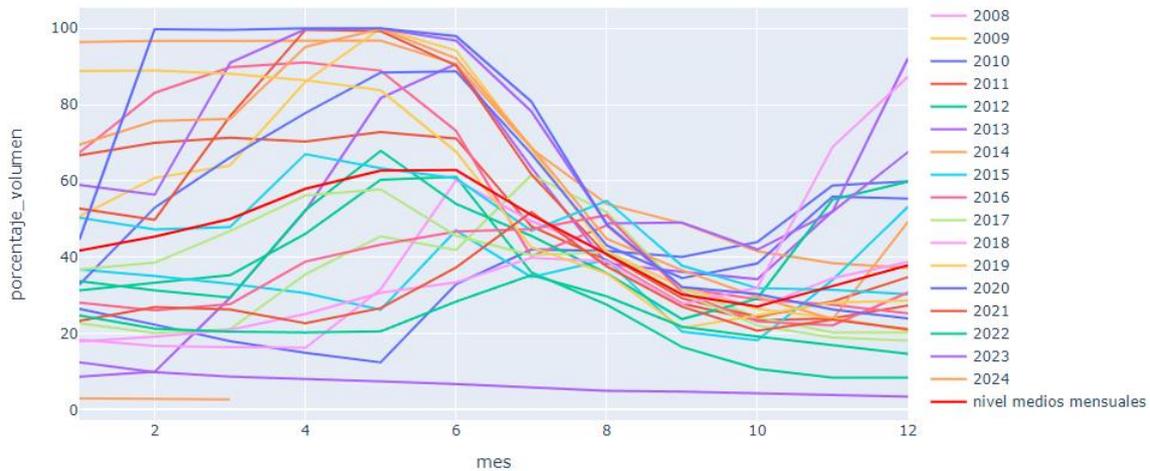


Ilustración 34 porcentaje nivel embalse Riudecanyes

Lo cual indica que el nivel de los embalses es preocupantemente bajo pero no parece un factor determinante ya que su nivel de agua no depende únicamente del cambio climático por la falta de lluvia sino por otros factores como el uso del agua para mejorar la oferta de turismo u otros factores externos. Es por ello que para el modelo no se va a tener en cuenta el nivel de los embalses.

Únicamente se va a introducir un factor que aumente la población de mosquitos debido al aumento de las temperaturas, en concreto debido al aumento del porcentaje de días con temperaturas óptimas para la proliferación de mosquitos optima. Es por ello que el factor de aumento de población de mosquito es un 1% superior al del año anterior.

6. Ajuste de parámetros y validación del modelo

En este apartado, se incorporará el efecto de cambio climático al modelo de la leishmaniosis. Se realizará una búsqueda de parámetros de simulación coherentes en función de la variante a simular, acompañados de la correspondiente justificación bibliográfica. Además se planteará una verificación con datos reales.

6.1. Añadir el efecto cambio climático: Aumento en el número de mosquitos.

Una vez analizado el efecto del cambio climático, se procedió a añadir este efecto al modelo de leishmaniosis. Para ello, se modificó la ecuación de Mosquitos Susceptibles añadiendo un factor 'r' que es el porcentaje de incremento de mosquitos que se le multiplica por la población total de mosquitos. [21] Ilustración 35 modelo leishmaniosis cambio climático insightmaker.

SEIRD
leishmaniosis

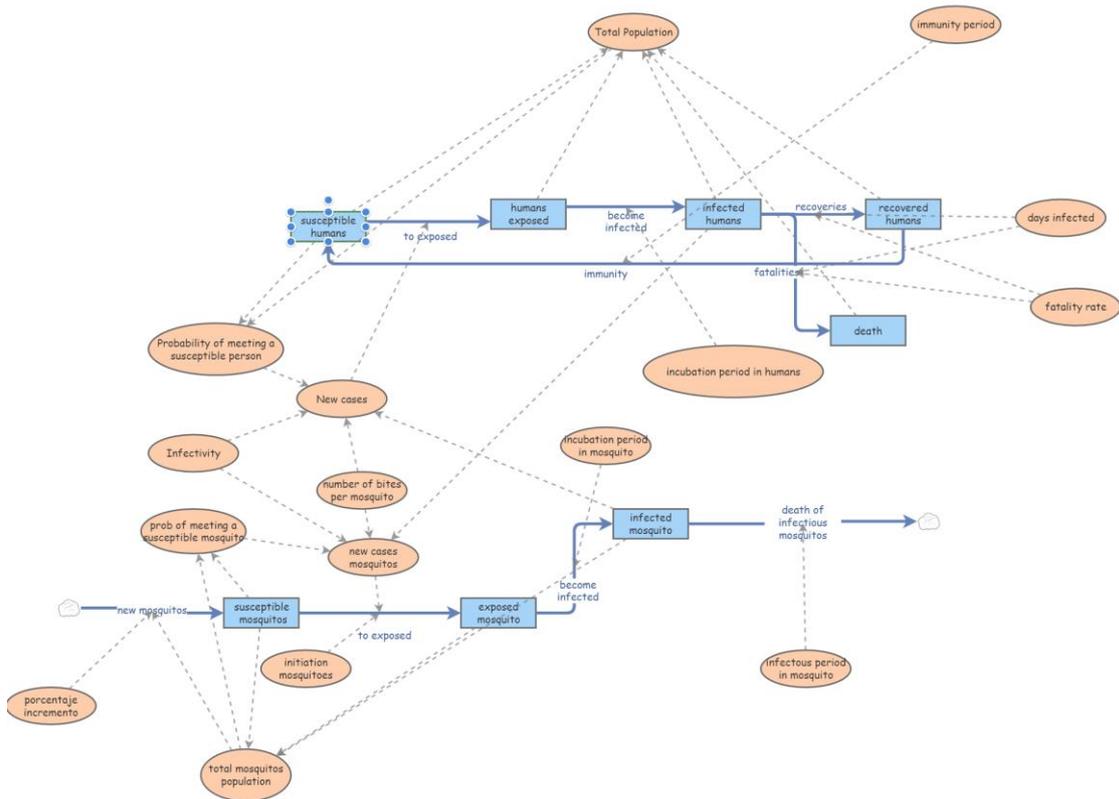


Ilustración 35 modelo leishmaniosis cambio climático insightmaker

$$\text{Humanos Susceptibles } (S_h) = \frac{dS_h}{dt} = -\beta_h \cdot \frac{S_h \cdot I_m}{N_h} + \delta_h \cdot R_h$$

$$\text{Humanos Expuestos } (E_h) = \frac{dE_h}{dt} = \beta_h \cdot \frac{S_h \cdot I_m}{N_h} - \sigma_h \cdot E_h$$

$$\text{Humanos Infectados } (I_h) = \frac{dI_h}{dt} = \sigma_h \cdot E_h - \gamma_h \cdot I_h - \mu_h \cdot I_h$$

$$\text{Humanos Recuperados } (R_h) = \frac{dR_h}{dt} = \gamma_h \cdot I_h - \delta_h \cdot R_h$$

$$\text{Humanos muertos } (D_h) = \frac{dD_h}{dt} = \mu_h \cdot I_h$$

$$\text{Mosquitos Susceptibles } (S_m) = \frac{dS_m}{dt} = -\beta_m \cdot \frac{S_m \cdot I_h}{N_m} + r \cdot N_m$$

$$\text{Mosquitos Expuestos } (E_m) = \frac{dE_m}{dt} = \beta_m \cdot \frac{S_m \cdot I_h}{N_m} - \sigma_m \cdot E_m$$

$$\text{Mosquitos Infectados } (I_m) = \frac{dI_m}{dt} = \sigma_m \cdot E_m - \mu_m \cdot I_m$$

Donde:

- β_h es la tasa de transmisión en humanos
- σ_h es la tasa de incubación en humanos
- γ_h es la tasa de recuperación en humanos
- μ_h es la tasa de mortalidad en humanos
- δ_h es la tasa de inmunidad en humanos
- β_m es la tasa de transmisión en mosquitos
- σ_m es la tasa de incubación en mosquitos
- μ_m es la tasa de mortalidad en mosquitos
- r porcentaje de incremento de mosquitos

Si el incremento es 0 estaríamos en el caso inicial, sin efecto del cambio climático. El efecto cambio climático añade un incremento en el número de mosquitos debido al cambio climático

- $\beta_h = (\text{number_of_bites_per_mosquito} * \text{infectivity})$
- $\sigma_h = 1/\text{incubation_period_in_humans}$
- $\gamma_h = (1/\text{days_infected}) * (1 - \text{fatality_rate})$
- $\mu_h = (1/\text{days_infected}) * \text{fatality_rate}$
- $\delta_h = 1/\text{immunity_period}$
- $\beta_m = (\text{number_of_bites_per_mosquito} * \text{infectivity})$
- $\sigma_m = 1/\text{incubation_period_in_mosquito}$
- $\mu_m = 1/\text{infectious_period_in_mosquito}$

- number_of_bites_per_mosquito=8
- infectivity=0.9
- incubation_period_in_humans=6.38
- incubation_period_in_mosquito=3
- days_infected=6
- fatality_rate=10/100
- infectious_period_in_mosquito=4
- immunity_period=1

Los resultados de ejecutar la simulación son los que se pueden apreciar en Ilustración 36 resultado 1 simulación insightmaker leishmaniosis con cambio climático e Ilustración 37 resultado 2 simulación insightmaker leishmaniosis con cambio climático.

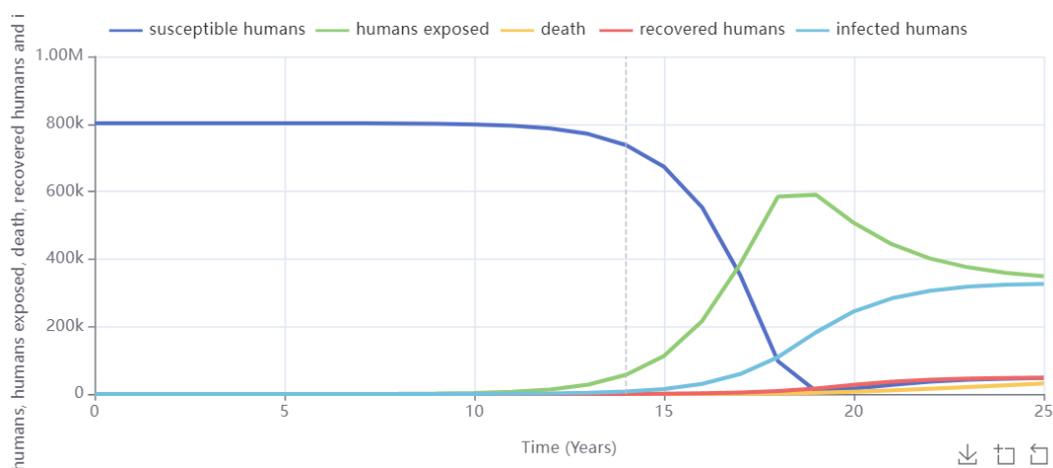


Ilustración 36 resultado 1 simulación insightmaker leishmaniosis con cambio climático

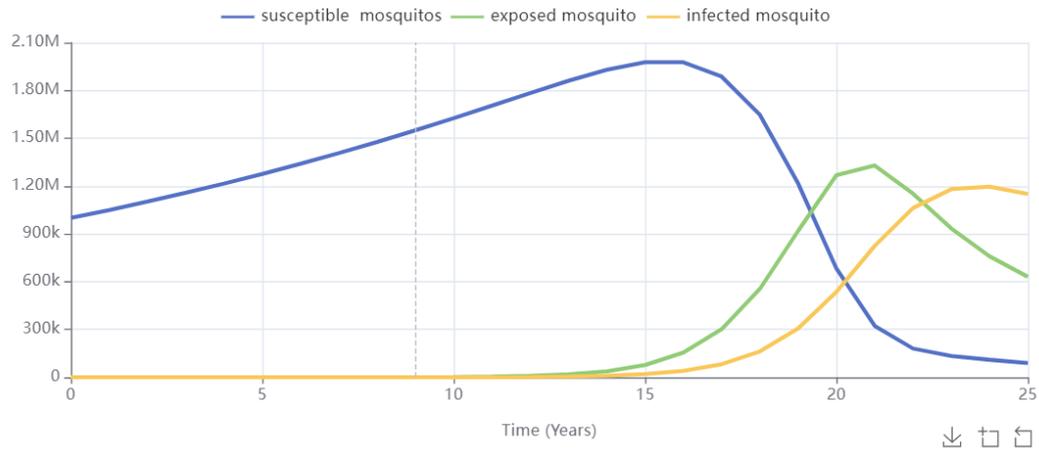


Ilustración 37 resultado 2 simulación insightmaker leishmaniosis con cambio climático

Una vez implementado en insightmaker se implementó en Python para verificar que los resultados de esta implementación son equivalentes. Ilustración 38 resultado 1 simulación Python leishmaniosis con cambio climático Ilustración 39 resultado 2 simulación Python leishmaniosis con cambio climático

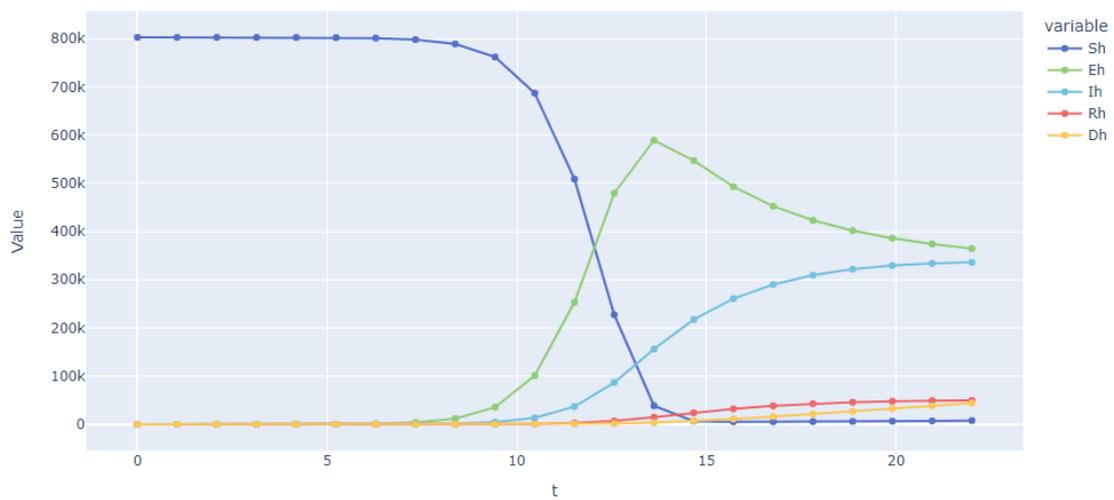


Ilustración 38 resultado 1 simulación Python leishmaniosis con cambio climático

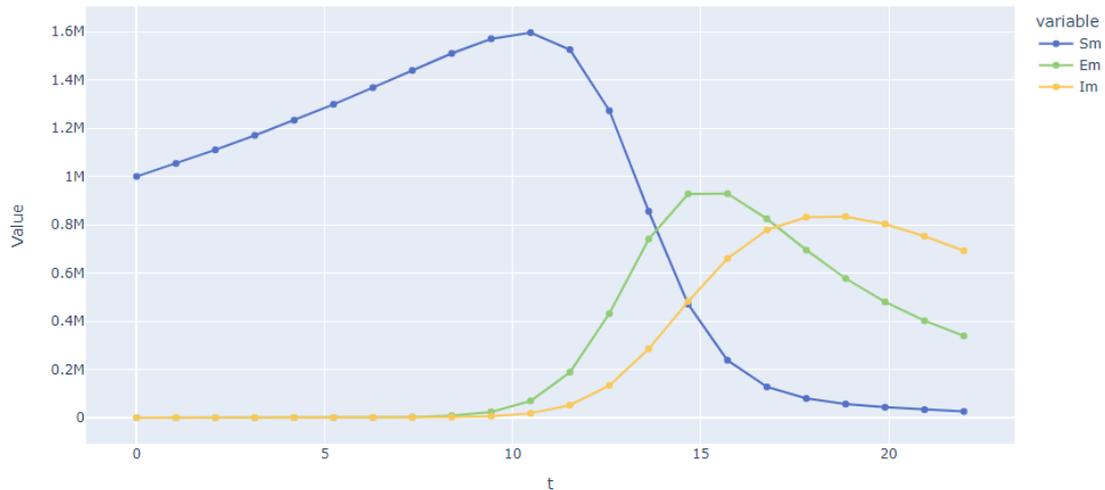


Ilustración 39 resultado 2 simulación Python leishmaniosis con cambio climático

6.2. Ajuste de parámetros

Una vez establecido el modelo con cambio climático, el siguiente paso es determinar una correcta selección de parámetros de la simulación.

Lo primero que destaca es que hay parámetros que son comunes en las diferentes variantes como es la población de estudio, en este caso la población de Tarragona, el número inicial de expuestos e infectado o la población de mosquitos.

Número casos en cada uno de los estados iniciales:

- $Sh_0=802547$, es el número de humanos susceptibles iniciales. Es la población de la provincia de Tarragona.
- $Eh_0 = 1$, es el número de humanos expuestos.
- $lh_0 = 0$, es el número de humanos infectados.
- $Rh_0 = 0$, es el número de humanos recuperados.
- $Dh_0 = 0$, es el número de humanos muertos.
- $Sm_0 = 10000000$, es la población de mosquitos susceptibles.
- $Em_0 = 100$, es el número de mosquitos expuestos.
- $Im_0 = 100$, es el número de mosquitos infectados.

Sin embargo, hay otras variables que dependen de la variante de la enfermedad que se quiera analizar.

Ajustar por variante

- $number_of_bites_per_mosquito=8$
- $infectivity=0.9$
- $incubation_period_in_humans=6.38$
- $incubation_period_in_mosquito=3$
- $days_infected=6$
- $fatality_rate=10/100$

- infectious_period_in_mosquito=4
- immunity_period=1

Por ejemplo, en la Variante visceral, los parámetros podrían configurarse de la siguiente forma según su justificación correspondiente:

- number_of_bites_per_mosquito=2 a 4 picaduras en 2 semanas =0.25 [22]
- infectivity=0.1, 10% ilustrativo
- incubation_period_in_humans=30 días [23]
- incubation_period_in_mosquito=3 días ilustrativo
- days_infected=45 días ilustrativo
- fatality_rate=0.95% [24]
- infectious_period_in_mosquito=15- 45 días [25]
- immunity_period=700 días (años, ilustrativo)

En el caso de las variantes Cutánea y Mucocutánea, los parámetros se podrían ajustar de la siguiente forma con su correspondiente justificación.

- number_of_bites_per_mosquito=2 a 4 picaduras en 2 semanas =0.25 [22]
- infectivity=0.1ilustrativo
- incubation_period_in_humans=14 días [26]
- incubation_period_in_mosquito=3 días ilustrativo
- days_infected=45 días ilustrativo
- fatality_rate=0 [27]
- infectious_period_in_mosquito=15- 45 días [25]
- immunity_period=700 días (años, ilustrativo)

Ambos con un efecto del cambio climático que hace que incremente el número de mosquitos en un 1%, es decir 0.01/365 aumenta por día.

6.2.1. Variante Visceral

Al simular la variante visceral durante 15 años, con sus parámetros seleccionados, se obtienen los siguientes resultados: Ilustración 40 resultados parámetros visceral 1 en la que se aprecia que el número de humanos susceptibles de la provincia de Tarragona disminuye ligeramente.

humanos: visceral np=0.25_inf=0.1_inch=30_incm=3_dyinf=45_fat=0.95_infpm=45_inm=700_inc=2.7397

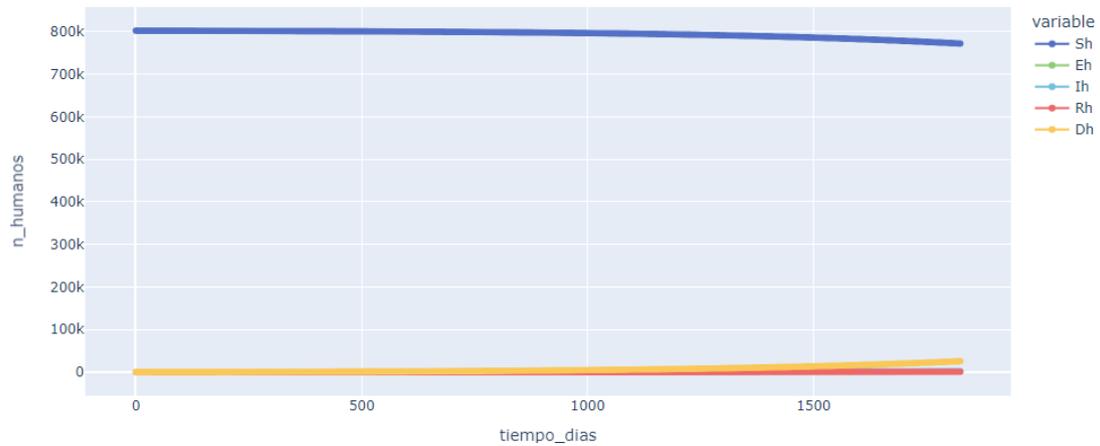


Ilustración 40 resultados parámetros visceral 1

Para ver más en detalle los cambios entre expuestos, infectados, recuperados y fallecidos es necesario filtrar los casos susceptibles como se aprecia en la siguiente Ilustración 41 resultados parámetros visceral filtrando susceptibles. Aquí se aprecia que el número de defunciones crece exponencialmente en los últimos años de la simulación lo cual es un escenario catastrófico que dejaría más de 25 mil defunciones en los próximos 15 años.

humanos: visceral np=0.25_inf=0.1_inch=30_incm=3_dyinf=45_fat=0.95_infpm=45_inm=700_inc=2.7397

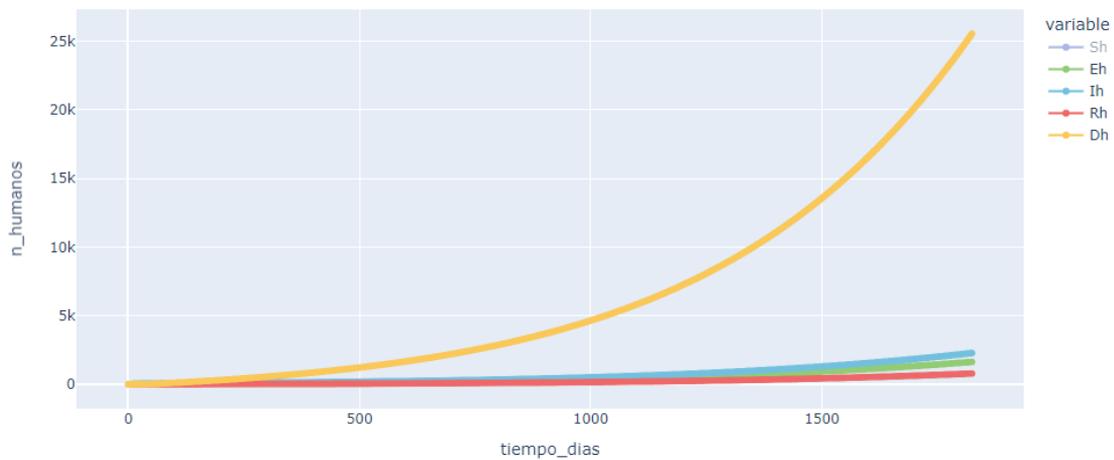


Ilustración 41 resultados parámetros visceral filtrando susceptibles

Por otro lado, desde el punto de vista de los mosquitos. El número de mosquitos susceptibles tiene una tendencia alcista Ilustración 42 resultados parámetros visceral 2, por lo que si no se

toman medidas de fumigación la enfermedad se propagará cada vez con mayor rapidez
Ilustración 43 resultados parámetros visceral 2 filtrando susceptibles.

mosquitosvisceral np=0.25_inf=0.1_inch=30_incm=3_dyinf=45_fat=0.95_infpm=45_inm=700_inc=2.7397:

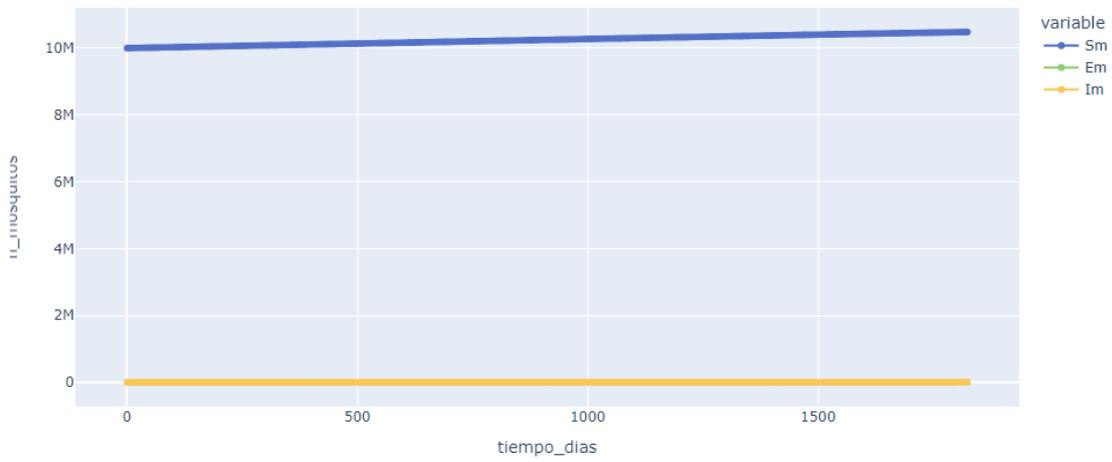


Ilustración 42 resultados parámetros visceral 2

mosquitosvisceral np=0.25_inf=0.1_inch=30_incm=3_dyinf=45_fat=0.95_infpm=45_inm=700_inc=2.7397:

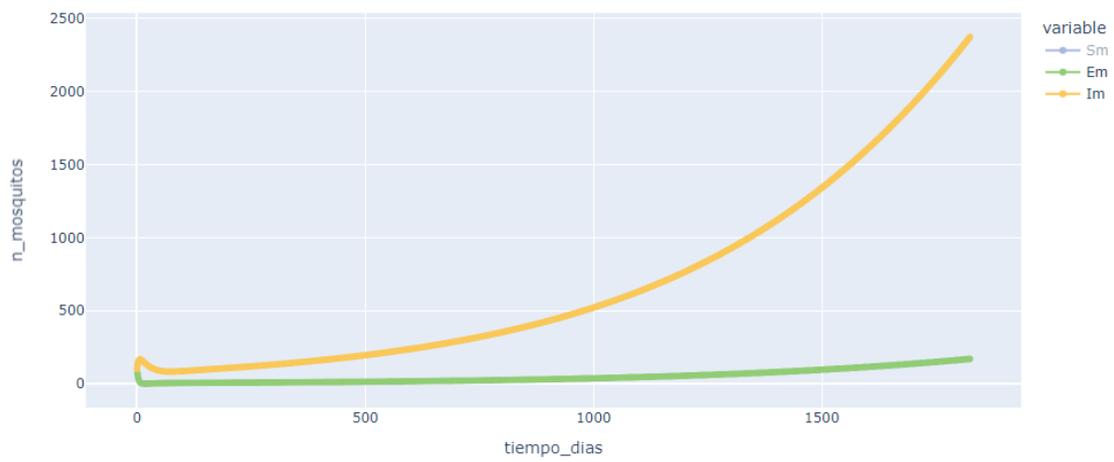


Ilustración 43 resultados parámetros visceral 2 filtrando susceptibles

6.2.2. Variante Cutánea

En el escenario de la variante cutánea, con una tasa de defunciones mucho menor que la visceral, al realizar una simulación de 15 años con los parámetros establecidos en el apartado anterior para esta variante se obtienen los resultados de Ilustración 44 resultados parámetros cutánea 1.

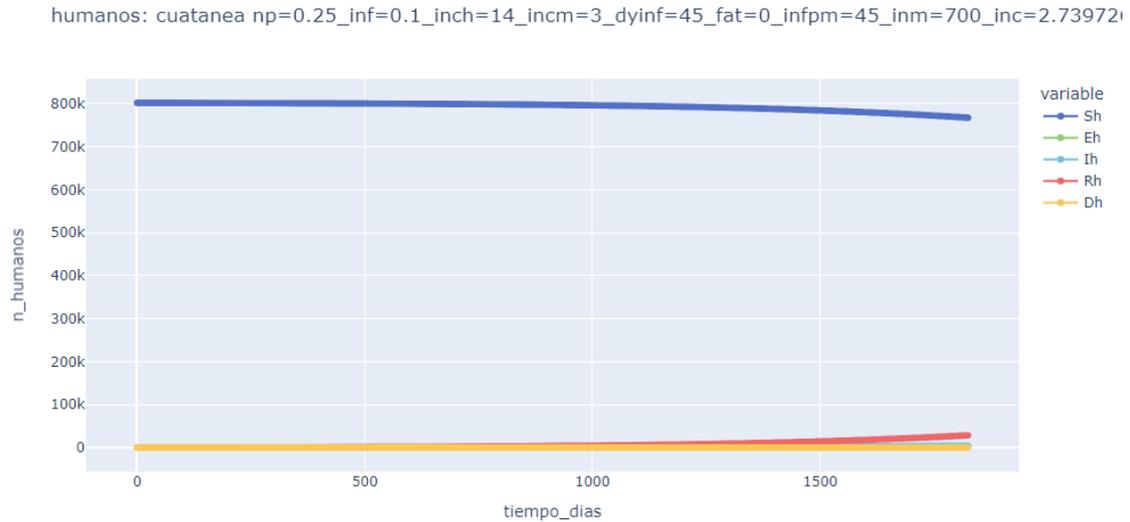


Ilustración 44 resultados parámetros cutánea 1

Si se filtran los susceptibles Ilustración 45 resultados parámetros cutánea filtrando susceptibles se aprecia que los recuperados cada vez son más ya que se han infectado muchos humanos pero al recuperarse se genera inmunidad durante varios años.

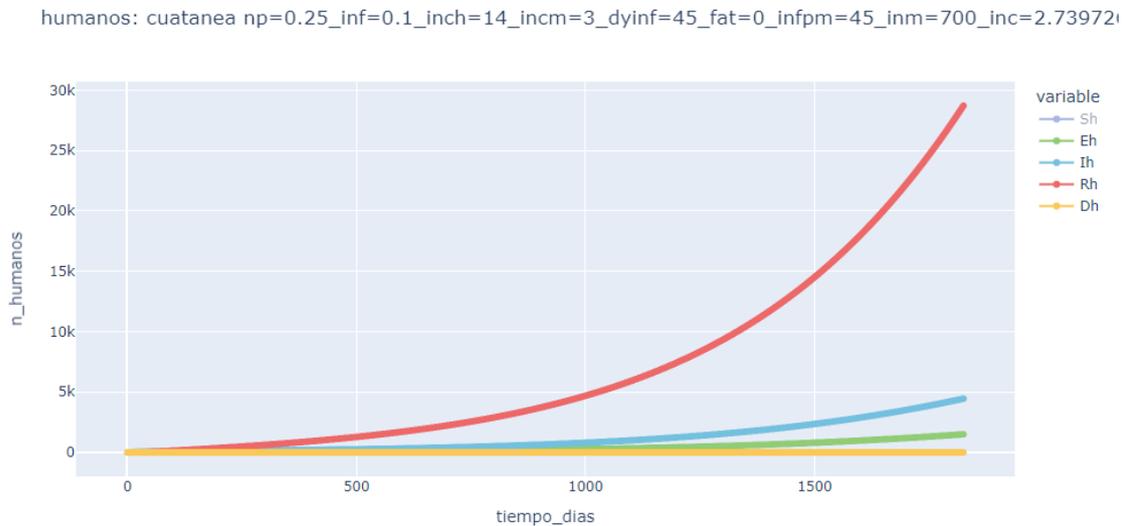


Ilustración 45 resultados parámetros cutánea filtrando susceptibles

En este escenario de esta variante, destacar que al haber menos tasa de defunciones, cada vez habría más humanos inmunes. Llegando un momento en el que la curva de mosquitos infectados dejará de crecer al no tener humanos susceptibles Ilustración 47 resultados parámetros cutánea 2 filtrando susceptibles.

mosquitoscuatanea np=0.25_inf=0.1_inch=14_incm=3_dyinf=45_fat=0_infpm=45_inm=700_inc=2.739726

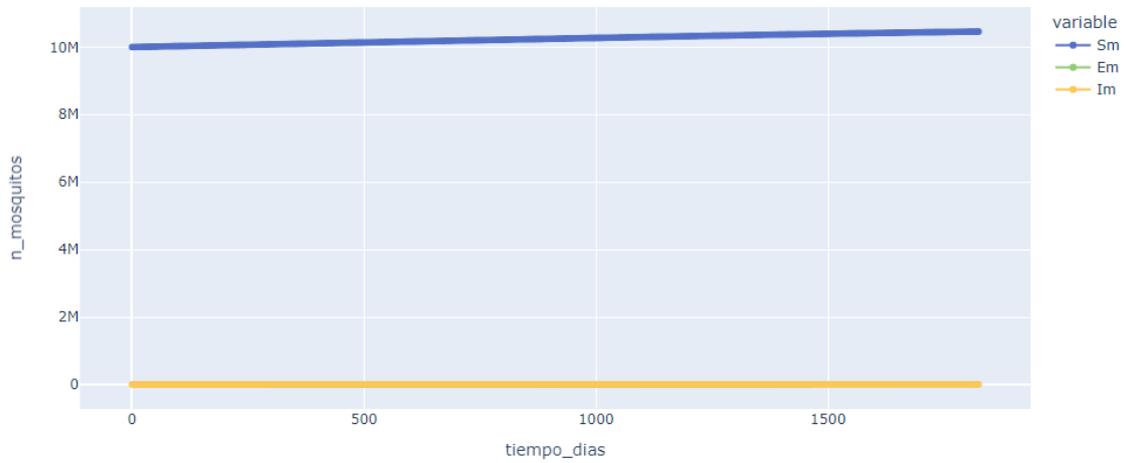


Ilustración 46 resultados parámetros cutánea 2

mosquitoscuatanea np=0.25_inf=0.1_inch=14_incm=3_dyinf=45_fat=0_infpm=45_inm=700_inc=2.739726

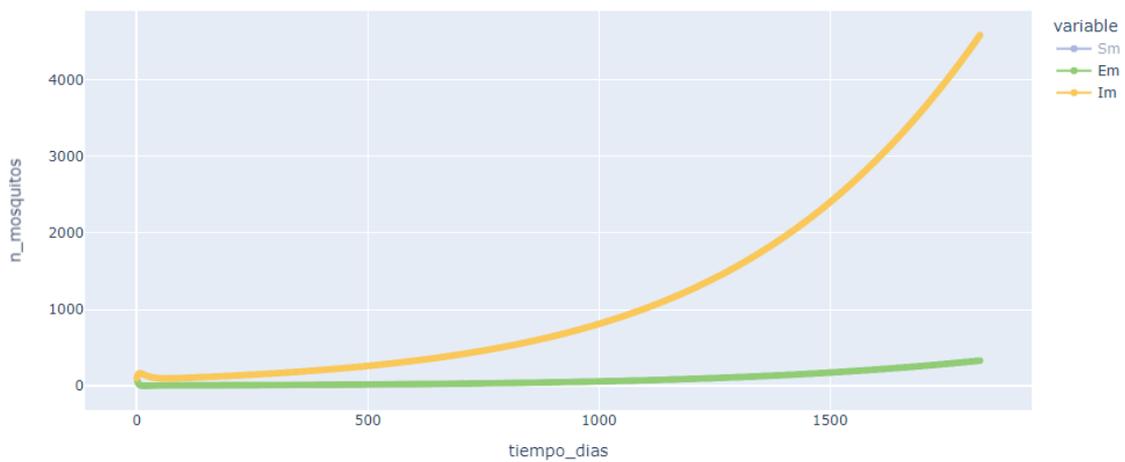


Ilustración 47 resultados parámetros cutánea 2 filtrando susceptibles

La simulación de esta variante refleja un escenario en el que la leishmaniosis podría generar muchos casos, que aunque no se conviertan en defunciones si que podría afectar al sistema sanitario ya que los pacientes más graves podrían requerir atención médica.

6.3. Validación con datos reales

Para validar estos modelos de simulación se dispone de datos de una protectora de Tarragona. Ilustración 48 Datos de protectoras de animales de Tarragona

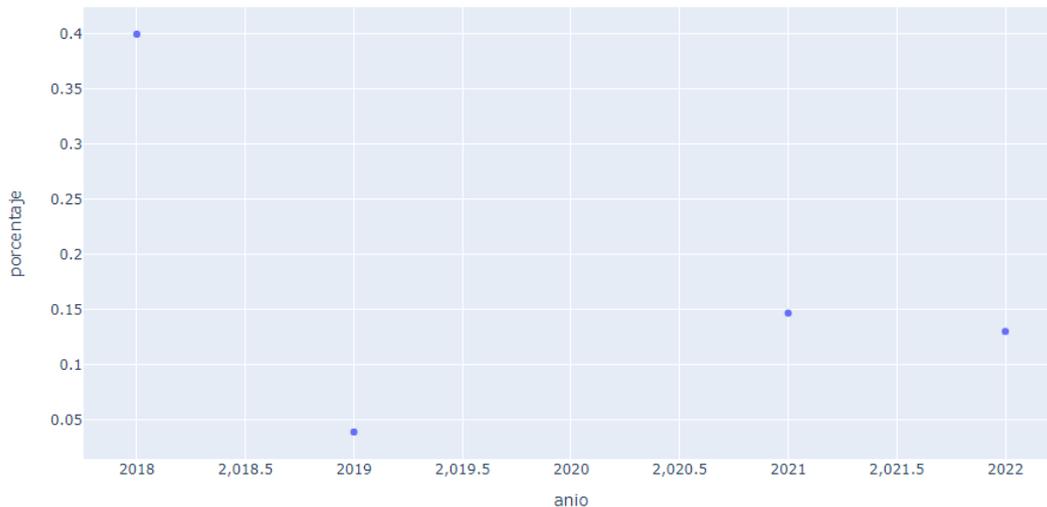


Ilustración 48 Datos de protectoras de animales de Tarragona

En este gráfico se observa una ligera tendencia del porcentaje de casos que han dado positivos la leishmaniosis, descartando test positivos en otras enfermedades y perros que murieron antes de obtener los resultados ya que se desconoce la causa de la muerte.

7. Conclusions

En este trabajo se ha hecho un estudio sobre la propagación de la leishmaniosis y su potencial incremento debido al cambio climático. El impacto del cambio climático se ha relacionado con el número creciente de mosquitos vectores de la enfermedad, flebótomos, especialmente debido al aumento de las temperaturas en la provincia de Tarragona. En este trabajo se han aplicado modelos de simulación basados en ecuaciones diferenciales para explicar la propagación de esta enfermedad y se han planteado diferentes escenarios en función de la variante de la enfermedad. Hay escenarios explorados en este trabajo que podrían llegar a ser potencialmente preocupantes llegando a producirse miles de defunciones.

De cara a futuras investigaciones, se destaca la importancia de:

- **validar con expertos** en la materia como epidemiólogos, veterinarios factores como el número de días que un humano está infectado, inmunidad, , incubación de los mosquitos. Esto no solo hará más realistas las simulaciones sino que además facilitará la creación de estrategias de actuación.
- Recopilar **estudios** que evidencien el **incremento** de la **población de mosquitos** debido al cambio climático.

- Disponer **datos** más **detallados** de la propagación de la enfermedad en poblaciones concretas, con una granularidad mensual, con una metodología de recolección y monitoreo rigurosa.
- Diseñar una **herramienta** que permita obtener de forma **visual** cómo la población de mosquitos y de infectados va variando en una zona geográfica concreta.

Tabla ilustraciones

Ilustración 1 planificación excel.....	6
Ilustración 2 Diagrama SEIRD insightmaker	13
Ilustración 3. Definición de una variable en insightmaker	13
Ilustración 4 Definición de una variable constante en insightmaker	14
Ilustración 5 Definición de nodo de estado.....	15
Ilustración 6 Definición enlace en insightmaker	15
Ilustración 7 Definir conexiones de transmisión en insightmaker	16
Ilustración 8 Evolución temporal SEIRD insightmaker.....	17
Ilustración 9 resultados ejecución modelo SEIRD Python.....	19
Ilustración 10 Model SEIRD Vensim	20
Ilustración 11 resultados ejecución SEIRD Vensim.....	20
Ilustración 12 Diagrama SEIRD inmunidad insightmaker	21
Ilustración 13 Resultados SEIRD inmunidad insightmaker	22
Ilustración 14 Resultado SEIRD inmunidad Python.....	23
Ilustración 15 Simulación SEIRD con reinfección en Vensim.....	23
Ilustración 16 ejecución Vensim inmunidad	24
Ilustración 17 Diagrama insightmaker fiebre amarilla	25
Ilustración 18 Esquema simulación modelo leishmaniosis en insightmaker	26
Ilustración 19 Resultado 1 simulación modelo leishmaniosis insightmaker	26
Ilustración 20 Resultado 2 simulación modelo leishmaniosis insightmaker	27
Ilustración 21 resultados 1 simulación leishmaniosis en insightmaker con Python	28
Ilustración 22 resultados 2 simulación leishmaniosis en insightmaker con Python	29
Ilustración 23 modelo simulación leishmaniosis en Vensim.	29
Ilustración 24 Evolución temperaturas Tarragona.....	30
Ilustración 25 Temperatura media a lo largo del tiempo	31
Ilustración 26 Temperatura media a lo largo del tiempo, regresión lineal.....	31
Ilustración 27 Temperatura media a lo largo del tiempo regresión solo verano	32
Ilustración 28 porcentaje de días del mes que cumplen los umbrales de temperatura	33
Ilustración 29 Relación porcentaje de días umbral a lo largo del tiempo	33
Ilustración 30 localización embalses tarragona.....	34
Ilustración 31 Nivel embalse	34
Ilustración 32 porcentaje del volumen de los embalses	35
Ilustración 33 porcentaje nivel embalse Siurna	35
Ilustración 34 porcentaje nivel embalse Riudecayes.....	36
Ilustración 35 modelo leishmaniosis cambio climático insightmaker	37
Ilustración 36 resultado 1 simulación insightmaker leishmaniosis con cambio climático	38
Ilustración 37 resultado 2 simulación insightmaker leishmaniosis con cambio climático	39
Ilustración 38 resultado 1 simulación Python leishmaniosis con cambio climático.....	39
Ilustración 39 resultado 2 simulación Python leishmaniosis con cambio climático.....	40
Ilustración 40 resultados parámetros visceral 1.....	42
Ilustración 41 resultados parámetros visceral filtrando susceptibles	42
Ilustración 42 resultados parámetros visceral 2.....	43
Ilustración 43 resultados parámetros visceral 2 filtrando susceptibles	43
Ilustración 44 resultados parámetros cutánea 1.....	44
Ilustración 45 resultados parámetros cutánea filtrando susceptibles	44
Ilustración 46 resultados parámetros cutánea 2.....	45

Ilustración 47 resultados parámetros cutánea 2 filtrando susceptibles	45
Ilustración 48 Datos de protectoras de animales de Tarragona	46

Bibliografía

- [1] Federico Ferraccioli, Nicola Reccetti, Augusto Fasano, and Spiros Mourelatos, "Effects of climatic and environmental factors on mosquito population inferred from West Nile virus surveillance in Greece," *Scientific Reports* article number: 18803, 2023.
- [2] C. Ainsworth, "Tropical diseases move north," *Nature*, Nov. 2023, doi: 10.1038/d41586-023-03476-7.
- [3] "Leishmaniasis WHO," <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/leishmaniasis>.
- [4] Á. Buedo Risueño, "Desarrollo de un agente mediante Deep Q-Learning en un entorno de juegos de plataformas," 2020, Accessed: Jan. 15, 2024. [Online]. Available: <https://openaccess.uoc.edu/handle/10609/119086>
- [5] J. Pasamar Escudero, "Simulación de muelles," 2023.
- [6] James Uriel Livingstone Mangob, "SEIR MODEL SIMULATION WITH PART OF INFECTED MOSQUITO EGGS," *BAREKENG: Journal of Mathematics and Its Applications*, Sep. 2023, doi: <https://doi.org/10.30598/barekengvol17iss3pp1641-1652>.
- [7] Gilberto Sánchez-González, Renaud Condé, Raúl Noguez Moreno, and P. C. López Vázquez, "Prediction of dengue outbreaks in Mexico based on entomological, meteorological and demographic data," *PLoS One*, Aug. 2018, doi: <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0196047>.
- [8] Johnny A Uelmen Jr *et al.*, "Global mosquito observations dashboard (GMOD): creating a user-friendly web interface fueled by citizen science to monitor invasive and vector mosquitoes," *Int J Health Geogr*, 2023, doi: <https://doi.org/10.1186/s12942-023-00350-7>.
- [9] Kerry Staples, Steven Richardson, Peter J. Neville, and Jacques Oosthuizen, "A Multi-Species Simulation of Mosquito Disease Vector Development in Temperate Australian Tidal Wetlands Using Publicly Available Data," *Trop. Med. Infect. Dis*, Aug. 2023, doi: <https://doi.org/10.3390/tropicalmed8040215>.
- [10] Agastya Mondal, Héctor M. Sánchez C., and John M. Marshall, "MGDrivE 3: A decoupled vector-human framework for epidemiological simulation of mosquito genetic control tools and their surveillance," *bioRxiv*, Sep. 2023, doi: <https://doi.org/10.1101/2023.09.09.556958>.
- [11] P. Fonseca i Casas, V. García i Carrasco, and J. Garcia i Subirana, "SEIRD COVID-19 Formal Characterization and Model Comparison Validation," *Applied Sciences*, vol. 10, no. 15, p. 5162, Jul. 2020, doi: 10.3390/app10155162.
- [12] "insightmaker seird covid." Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: <https://insightmaker.com/insight/3tDYv6NxFJqEDSfNqbYsd/Clone-of-SEIRD-01-COVID-19-spread>

- [13] "insightmaker seird inmunidad." Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: <https://insightmaker.com/insight/1N8eQzSog8j9AcJfYethLb/SEIRD-inmunidad>
- [14] "modelo insighmaker fiebre amarilla ." Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: <https://insightmaker.com/insight/4X3A5jWUxzfSlq2aCsgUIE/Clone-of-yellow-fever-B>
- [15] J. R. Rohr and J. M. Cohen, "Understanding how temperature shifts could impact infectious disease," *PLoS Biol*, vol. 18, no. 11, p. e3000938, Nov. 2020, doi: 10.1371/journal.pbio.3000938.
- [16] "api AEMET", Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: <https://opendata.aemet.es/centrodedescargas/inicio>
- [17] N. Tsirigotakis *et al.*, "Phlebotomine sand flies (Diptera: Psychodidae) in the Greek Aegean Islands: ecological approaches," *Parasit Vectors*, vol. 11, no. 1, p. 97, Dec. 2018, doi: 10.1186/s13071-018-2680-4.
- [18] Kennedy Zembere, Christopher M Jones, and Clinton Nkolokosa, "Small dams drive Anopheles abundance during the dry season in a high malaria burden area of Malawi," 2023.
- [19] "datos abiertos generalitat." Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: <https://analisi.transparenciacatalunya.cat/es/>
- [20] "api pantanos." Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: https://analisi.transparenciacatalunya.cat/es/Medi-Ambient/Quantitat-d-aigua-als-embassaments-de-les-Conques-/gn9e-3qhr/data_preview
- [21] "modelo insightmaker leishmaniosis cambio climatico." Accessed: Apr. 13, 2024. [Online]. Available: <https://insightmaker.com/insight/2iYBsdLHIRS6mnaYJDDzR/SEIRD-leishmaniosis>
- [22] "number_of_bites_per_mosquito=2 a 4." Accessed: Apr. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.desparasitaatumascota.es/blog/64/mosquito-leishmaniosis-perros-que-es-sintomas#:~:text=La%20transmisi%C3%B3n%20de%20la%20leishmaniosis,las%20dos%20semanas%20de%20vida>
- [23] "incubation_period_in_humans=30 días visceral." Accessed: Apr. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.ecdc.europa.eu/en/leishmaniasis/facts>
- [24] "visceral fatality_rate=0.95." Accessed: Apr. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.who.int/publications/i/item/PAHO-leish-Epidemio-Report-Americas-6-2018>
- [25] "infectious_period_in_mosquito=15- 45 días." Accessed: Apr. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.desparasitaatumascota.es/blog/64/mosquito-leishmaniosis-perros-que-es-sintomas#:~:text=La%20transmisi%C3%B3n%20de%20la%20leishmaniosis,las%20dos%20semanas%20de%20vida>
- [26] "incubation_period_in_humans=14 cutanea." Accessed: Apr. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.ecdc.europa.eu/en/leishmaniasis/facts>

[27] "fatality rate=0 cutánea." Accessed: Apr. 04, 2024. [Online]. Available: <https://www.paho.org/en/topics/leishmaniasis>

Anexos

Temperaturas:

```
import time
import matplotlib.pyplot as plt
from sklearn.model_selection import train_test_split
from sklearn.linear_model import LinearRegression
from sklearn.metrics import mean_squared_error
import pandas as pd
pd.set_option('display.max_columns', None)
import numpy as np
from datetime import datetime
import yaml
import requests
import plotly.express as px
cont=0
with open('../credentials/credenciales.yml', 'r') as file:
    cred = yaml.safe_load(file)
df=pd.DataFrame({})
for estacion in estacionesDeTarragona:
    for anio in range(2000,2024):
        anio=str(anio)
        if cont>50:
            print("esperamos un minuto")
            time.sleep(60)
            cont=0
        url =
f'https://opendata.aemet.es/opendata/api/valores/climatologicos/diarios/datos/fechaini/{anio}-01-01T00%3A00%3A00UTC/fechafin/{anio}-12-31T23%3A00%3A00UTC/estacion/{estacion}'
        print(url)
        headers = {
            'accept': 'application/json',
            'api_key': cred['apikey_aemet']
        }
        response = requests.get(url, headers=headers)
        cont+=1
        responsejson=response.json()
        print(f"{estacion}-{anio}{responsejson['estado']}")

        url=responsejson["datos"]
        df=pd.concat([df,pd.DataFrame(requests.get(url).json())])
```

```

df["tmin"]=df["tmin"].apply(lambda x: float(str(x).replace(',','.')))
df["tmax"]=df["tmax"].apply(lambda x: float(str(x).replace(',','.')))
df["tmed"]=df["tmed"].apply(lambda x: float(str(x).replace(',','.')))
dfTempTarragona=df[['fecha','tmed','tmax','tmin']].groupby(['fecha']).
mean().reset_index()
dfTempTarragona.to_csv("../data/temo_tarragona_api.csv",sep=";",index=
False)

```

```

modelo SEIRD
# SEIR model equations
def SEIRD_model(y, t, beta, sigma, gamma,mu):
    S, E, I, R, D = y
    N = S + E + I + R + D

    dSdt = -beta * (S/N) * I
    dEdt = beta * (S/N) * I - sigma * E
    dIdt = sigma * E - gamma * I -mu*I
    dRdt = gamma * I
    dDdt = mu * I
    return [dSdt, dEdt, dIdt, dRdt,dDdt]

# Initial conditions
S0 = 8000000
E0 = 1
I0 = 0.00
R0 = 0.00
D0 = 0.00
y0 = [S0, E0, I0, R0, D0]

# Parameters
beta = 0.42* 7.42# infectivity *contactos per day
sigma = 1/6.38# 1/incubation period
gamma = (1/14.39) *(1-0.04484)# 1/days_infected *(1-fatality_rate)
mu = (1/14.39) *0.04484 # 1/days_infected *fatality_rate

# Time vector
t = np.linspace(0, 200, 200)

# Solve the SEIR model equations
solution = odeint(SEIRD_model, y0, t, args=(beta, sigma, gamma,mu))

# Extract results
S, E, I, R, D = solution.T

# Plot the results
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.plot(t, S, label='Susceptible',color="blue")

```

```

plt.plot(t, E, label='Exposed',color="red")
plt.plot(t, I, label='Infected',color="green")
plt.plot(t, R, label='Recovered',color="yellow")
plt.plot(t, D, label='Death',color="dodgerblue")
plt.xlabel('Time (days)')
plt.ylabel('Proportion of Population')
plt.title('SEIRD Model Simulation')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()

```

Modelo SEIRD con inmunidad temporal

```

def SEIRD_inmu_model(y, t, beta, sigma, gamma, mu, delta):
    S, E, I, R, D = y
    N = S + E + I + R + D
    dSdt = -beta * (S/N) * I + delta * R
    dEdt = beta * (S/N) * I - sigma * E
    dIdt = sigma * E - gamma * I - mu * I
    dRdt = gamma * I - delta * R
    dDdt = mu * I
    return [dSdt, dEdt, dIdt, dRdt, dDdt]

# Initial conditions
S0 = 8000000
E0 = 1
I0 = 0.00
R0 = 0.00
D0 = 0.00
y0 = [S0, E0, I0, R0, D0]

# Parameters
beta = 0.42* 7.42# infectivity *contactos per day
sigma = 1/6.38# 1/incubation period
gamma = (1/14.39) *(1-0.04484)# 1/days_infected *(1-fatality_rate)
mu = (1/14.39) *0.04484 # 1/days_infected *fatality_rate
delta = 0# #tasa de inmunidad, 0 es que siempre son inmunes
delta = 1/90 #tasa de inmunidad de 90 días

# Time vector
t = np.linspace(0, 200, 200)

# Solve the SEIR model equations

```

```

solution = odeint(SEIRD_inmu_model, y0, t, args=(beta, sigma,
gamma,mu,delta))

# Extract results
S, E, I, R, D = solution.T

# Plot the results
plt.figure(figsize=(10, 6))
plt.plot(t, S, label='Susceptible',color="blue")
plt.plot(t, E, label='Exposed',color="red")
plt.plot(t, I, label='Infected',color="green")
plt.plot(t, R, label='Recovered',color="yellow")
plt.plot(t, D, label='Death',color="dodgerblue")
plt.xlabel('Time (days)')
plt.ylabel('Proportion of Population')
plt.title('SEIRD Model Simulation')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()

```

modelo leishmaniosis: SEIRD con mosquitos SEI

```

import numpy as np
from scipy.integrate import odeint
import matplotlib.pyplot as plt
# Parámetros del modelo
#beta_hm = 0.2 # Tasa de transmisión de mosquitos infectados a
humanos
#beta_mh = 0.1 # Tasa de transmisión de humanos infectados a
mosquitos susceptibles
beta_hm=beta_mh=0.1# Tasa de transmisión de humanos infectados a
mosquitos y viceversa
sigma_h = 1/5.1 # Tasa de incubación en humanos 1/incubation period_h
sigma_m = 1/1 # Tasa de incubación en mosquitos 1/incubation period_m
gamma_h = 1/7 # Tasa de recuperación en humanos 1/days_infected *(1-
fatality_rate)
mu_h = 0.001 # Tasa de mortalidad en humanos
mu_mI = 1/90 #1/10 # Tasa de salida de mosquitos infectados (muerte o
pérdida de infecciosidad) 0 es que no se mueren nunca, !70 qu emueren
cada 10 días
delta_h= 1/180 #0 es inuminidad permamnete 1/90 es inmunidad de 90
días

# Condiciones iniciales
Sh0 = 8000000 # Susceptibles humanos
Eh0 = 1 # Expuestos humanos
Ih0 = 0 # Infectados humanos

```

```

Rh0 = 0          # Recuperados humanos
Dh0 = 0          # Muertes humanas
Sm0 = 10000000  # Susceptibles mosquitos
Em0 = 0          # Expuestos mosquitos
Im0 = 1          # Infectados mosquitos
# Definición del sistema de ecuaciones diferenciales
def model(y, t, beta_hm, beta_mh, sigma_h, sigma_m, gamma_h, mu_h,
mu_mI,delta_h):
    Sh, Eh, Ih, Rh, Dh, Sm, Em, Im = y
    Nh=Sh+Eh+Ih+Rh+Dh
    Nm=Sm+Em+Im
    dShdt = -beta_hm * (Sh/Nh) * Im + delta_h * Rh
    dEhdt = beta_hm * (Sh/Nh) * Im - sigma_h * Eh
    dIhdt = sigma_h * Eh - gamma_h * Ih - mu_h * Ih
    dRhdt = gamma_h * Ih - delta_h * Rh
    dDhdt = mu_h * Ih
    dSmdt = -beta_mh * (Sm/Nm) * Ih
    dEmdt = beta_mh * (Sm/Nm) * Ih - sigma_m * Em
    dImdt = sigma_m * Em - mu_mI * Im
    return [dShdt, dEhdt, dIhdt, dRhdt, dDhdt, dSmdt, dEmdt, dImdt]
# Solución del modelo
t = np.linspace(0, 2000, 2000)
y0 = [Sh0, Eh0, Ih0, Rh0, Dh0, Sm0, Em0, Im0]
solution = odeint(model, y0, t, args=(beta_hm, beta_mh, sigma_h,
sigma_m, gamma_h, mu_h, mu_mI,delta_h))
# Extracción de resultados
Sh, Eh, Ih, Rh, Dh, Sm, Em, Im = solution.T
# Visualización de resultados
plt.figure(figsize=(12, 8))
plt.plot(t, Sh, label='Humanos Susceptibles',color="blue")
plt.plot(t, Eh, label='Humanos Expuestos',color="red")
plt.plot(t, Ih, label='Humanos Infectados',color="green")
plt.plot(t, Rh, label='Humanos Recuperados',color="yellow")
plt.plot(t, Dh, label='Muertes Humanas',color="dodgerblue")
plt.xlabel('Días')
plt.ylabel('Número de Individuos')
plt.title('Dinámica de Transmisión de Enfermedad entre Humanos y
Mosquitos - Humanos')
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()
# Visualización de resultados para mosquitos
plt.figure(figsize=(12, 8))
plt.plot(t, Sm, label='Mosquitos Susceptibles', color="blue")
plt.plot(t, Em, label='Mosquitos Expuestos', color="red")
plt.plot(t, Im, label='Mosquitos Infectados',color="green")
plt.xlabel('Días')
plt.ylabel('Número de Individuos')
plt.title('Dinámica de Transmisión de Enfermedad entre Humanos y
Mosquitos - Mosquitos')

```

```
plt.legend()
plt.grid(True)
plt.show()
```

modelo leishmaniosis con cambio climático

```
import numpy as np
from scipy.integrate import odeint
import matplotlib.pyplot as plt
import pandas as pd
import plotly.express as px

def model(y, t, beta_hm, beta_mh, sigma_h, sigma_m, gamma_h, mu_h,
mu_mI, delta_h, r):
    Sh, Eh, Ih, Rh, Dh, Sm, Em, Im = y
    Nh = Sh + Eh + Ih + Rh + Dh
    Nm = Sm + Em + Im
    dShdt = -beta_hm * (Sh/Nh) * Im + delta_h * Rh
    dEhdt = beta_hm * (Sh/Nh) * Im - sigma_h * Eh
    dIhdt = sigma_h * Eh - gamma_h * Ih - mu_h * Ih
    dRhdt = gamma_h * Ih - delta_h * Rh
    dDhdt = mu_h * Ih
    dSmdt = r * Nm - beta_mh * (Sm/Nm) * Ih
    dEmdt = beta_mh * (Sm/Nm) * Ih - sigma_m * Em
    dImdt = sigma_m * Em - mu_mI * Im
    return [dShdt, dEhdt, dIhdt, dRhdt, dDhdt, dSmdt, dEmdt, dImdt]

def run_execution(nanios,Sh0, Eh0, Ih0, Rh0, Dh0, Sm0, Em0,
Im0,beta_hm, beta_mh, sigma_h,
sigma_m, gamma_h, mu_h, mu_mI, delta_h, r):
    t = np.linspace(0, nanios, nanios)
    y0 = [Sh0, Eh0, Ih0, Rh0, Dh0, Sm0, Em0, Im0]
    solution = odeint(model, y0, t, args=(beta_hm, beta_mh, sigma_h,
sigma_m, gamma_h, mu_h, mu_mI, delta_h, r))
    Sh, Eh, Ih, Rh, Dh, Sm, Em, Im = solution.T
    plot_resyults2(t,Sh, Eh, Ih, Rh, Dh,Sm, Em, Im)

def plot_resyults2(t,Sh, Eh, Ih, Rh, Dh,Sm, Em, Im):
    df=pd.DataFrame({'t':t,
'Sh':Sh,
'Eh':Eh,
'Ih':Ih,
'Rh':Rh,
'Dh':Dh,

}).melt(id_vars=["t"],
var_name="variable",
value_name="Value")
```

```

fig = px.line(df, x='t', y='Value', color='variable',
markers=True,
              color_discrete_map = {'Sh': '#5470c6',
                                     'Eh': '#91cc75',
                                     'Ih': '#73c0de',
                                     'Rh': '#ed6868',
                                     'Dh': '#fac858'})

fig.show()
df=pd.DataFrame({'t':t,
                 'Sm':Sm,
                 'Em':Em,
                 'Im':Im
                 }).melt(id_vars=["t"],
var_name="variable",
value_name="Value")
fig = px.line(df, x='t', y='Value', color='variable',
markers=True,
              color_discrete_map = {'Sm': '#5470c6',
                                     'Em': '#91cc75',
                                     'Im': '#fac858'})

fig.show()

fig = px.line(x=t, y=Sm+Em+Im, markers=True)
fig.show()

def plot_results(t,Sh, Eh, Ih, Rh, Dh,Sm, Em, Im):
plt.figure(figsize=(12, 8))
plt.subplot(2, 1, 1)
plt.plot(t, Sh, label='Humanos Susceptibles',color="blue")
plt.plot(t, Eh, label='Humanos Expuestos',color="red")
plt.plot(t, Ih, label='Human os Infectados',color="green")
plt.plot(t, Rh, label="Humanos Recuperados",color="yellow")
plt.plot(t, Dh, label="Muertes Humanas",color="dodgerblue")
plt.xlabel("Días")
plt.ylabel("Número de Individuos")
plt.title("Dinámica de Transmisión de Enfermedad entre Humanos y
Mosquitos - Humanos")
plt.legend()
plt.subplot(2, 1, 2)
plt.plot(t, Sm, label="Mosquitos Susceptibles",color="blue")
plt.plot(t, Em, label="Mosquitos Expuestos",color="red")
plt.plot(t, Im, label="Mosquitos Infectados",color="green")
plt.xlabel("Días")
plt.ylabel("Número de Individuos")
plt.title("Dinámica de Transmisión de Enfermedad entre Humanos y
Mosquitos - Mosquitos")
plt.legend()

```

```

plt.tight_layout()
plt.show()

plt.plot(t, Sm+Em+Im, label="número de mosquitos",color="blue")
plt.show()

```

variante cutánea

```

number_of_bites_per_mosquito=0.25#justificado
infectivity=0.1#justificado
incubation_period_in_humans=14#justificado
incubation_period_in_mosquito=3#no
days_infected=45
fatality_rate=0#1/1000 0% en caso de cutanea justificado
infectious_period_in_mosquito=45#justificado
immunity_period=700#no
porcentaje_incremento=0.01/365
run_execution(nanos=365*5,
              Sh0=802547,
              Eh0 = 1,
              Ih0 = 0,
              Rh0 = 0,
              Dh0 = 0,
              Sm0 = 10000000,
              Em0 = 100,
              Im0 = 100,
              beta_hm=(number_of_bites_per_mosquito*infectivity) ,#
Tasa de transmisión de humanos infectados a mosquitos y viceversa
              beta_mh=(number_of_bites_per_mosquito*infectivity) , #
Tasa de transmisión de humanos infectados a mosquitos y viceversa
              sigma_h=1/incubation_period_in_humans, # Tasa de
incubación en humanos 1/incubation period_h
              sigma_m= 1/incubation_period_in_mosquito, # Tasa de
incubación en mosquitos 1/incubation period_m
              gamma_h= (1/days_infected) *(1-fatality_rate), # Tasa de
recuperación en humanos
              #mu_h=fatality_rate,# Tasa de mortalidad en humanos
              mu_h = (1/days_infected) * fatality_rate, #
1/days_infected *fatality_rate
              mu_mI=1/infectious_period_in_mosquito, # Tasa de salida
de mosquitos infectados (muerte o pérdida de infecciosidad)
              delta_h=1/immunity_period, #0 es inmunidad permamnete
1/90 es inmunidad de 90 días
              r=porcentaje_incremento,# Factor de crecimiento diario
de la población de mosquitos debido al cambio climático
              title=f"cutanea
np={number_of_bites_per_mosquito}_inf={infectivity}_inch={incubation_p
eriod_in_humans}_incm={incubation_period_in_mosquito}_dyinf={days_infe

```

```

cted}_fat={fatality_rate}_infpm={infectious_period_in_mosquito}_inm={im
munity_period}_inc={porcentaje_incremento}",
tipoplot="plot2")

```

Variante visceral

```

#visceral
number_of_bites_per_mosquito=0.25#justificado
infectivity=0.1#justificado
incubation_period_in_humans=30#justificado
incubation_period_in_mosquito=3#no
days_infected=45
fatality_rate=0.95#1/1000 0% en caso de cutanea justificado
infectious_period_in_mosquito=45#justificado
immunity_period=700#no
porcentaje_incremento=0.01/365
run_execution(nanos=365*5,
              Sh0=802547,
              Eh0 = 1,
              Ih0 = 0,
              Rh0 = 0,
              Dh0 = 0,
              Sm0 = 10000000,
              Em0 = 100,
              Im0 = 100,
              beta_hm=(number_of_bites_per_mosquito*infectivity) ,#
Tasa de transmisión de humanos infectados a mosquitos y viceversa
              beta_mh=(number_of_bites_per_mosquito*infectivity) , #
Tasa de transmisión de humanos infectados a mosquitos y viceversa
              sigma_h=1/incubation_period_in_humans, # Tasa de
incubación en humanos 1/incubation period_h
              sigma_m= 1/incubation_period_in_mosquito, # Tasa de
incubación en mosquitos 1/incubation period_m
              gamma_h= (1/days_infected) *(1-fatality_rate), # Tasa de
recuperación en humanos
              #mu_h=fatality_rate,# Tasa de mortalidad en humanos
              mu_h = (1/days_infected) * fatality_rate, #
1/days_infected *fatality_rate
              mu_mI=1/infectious_period_in_mosquito, # Tasa de salida
de mosquitos infectados (muerte o pérdida de infecciosidad)
              delta_h=1/immunity_period, #0 es inuminidad permamnete
1/90 es inmunidad de 90 días
              r=porcentaje_incremento,# Factor de crecimiento diario
de la población de mosquitos debido al cambio climático
              title=f"visceral
np={number_of_bites_per_mosquito}_inf={infectivity}_inch={incubation_p
eriod_in_humans}_incm={incubation_period_in_mosquito}_dyinf={days_infe
cted}_fat={fatality_rate}_infpm={infectious_period_in_mosquito}_inm={im
munity_period}_inc={porcentaje_incremento}",
tipoplot="plot2")

```

