

Modelos matemáticos en un problema de epidemias

Mathematical models in a problem of epidemic

Anna Vidal, Francisco José Boigues, Vicente D. Estruch
UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA (CAMPUS DE GANDIA)
avidal@mat.upv.es, fraboipl@mat.upv.es, vdestruc@mat.upv.es

Abstract

La introducción de conceptos matemáticos a través del desarrollo y estudio de modelos ha sido tratado en numerosos trabajos. La introducción de los modelos suele hacerse básicamente desde el discurso del profesor y el trabajo del alumno suele reducirse a la experimentación con el modelo dado. La aproximación a un problema mediante modelos IBM (Individual Based Model) resulta más comprensible para el alumno, permite justificar y complementar otras aproximaciones a la solución (modelos diferenciales continuos y/o modelos discretos). En este trabajo se presenta una experiencia docente basada en afrontar un mismo problema mediante enfoques complementarios en base a modelos continuos, discretos e IBM. Finalmente se presenta una propuesta metodológica para ponerla en práctica utilizando el Aprendizaje Cooperativo y el Problem/Project Based Learning.

The introduction of mathematical concepts through the development and the study of models have been addressed in several studies. The introduction of these models is usually done from the professor's speech and the student work is normally reduced to the experimentation with the given model. The IBM (Individual Based Model) approach to a problem is more understandable for the student, provides justification and can complement other approaches to the solution (differential-continuous and/or discrete models). In this paper a teaching experience is presented, which tackles the same problem by means of complementary approaches on a continuous, discrete and IBM models basis. Finally, a methodological proposal is put forward in order to implement it using the Cooperative Learning and Problem/Project Based Learning.

Keywords: Active methodologies, mathematical modeling, IBM

Palabras clave: Metodologías Activas, Modelización Matemática, IBM

1 Introducción

La formación global del ingeniero exige una formación específica de calidad en matemáticas, orientada fundamentalmente hacia las aplicaciones, es decir, hacia los modelos matemáticos. En primer curso de Grado la introducción de modelos suele hacerse básicamente desde el discurso del profesor puesto que es difícil que un alumno sea capaz de construirlos mediante ecuaciones diferenciales o en diferencias. En este nivel, el trabajo del alumno suele reducirse a la experimentación con un modelo dado. Sin embargo la aproximación a un problema mediante modelos IBM (Individual Based Model) (Grimm et al., 2005), que explican un sistema a partir del comportamiento de cada uno de los elementos, o de partes simples, que lo forman, resulta más accesible para el alumno.

Una encuesta, exploratoria, pasada a 169 alumnos (74 de 1º del Grado en Ingeniería Química (GIQ); 48 de 1er curso del Grado en Ciencias Ambientales (CCAA); 39 de primer curso del Grado en Ingeniería de Sistemas de Telecomunicación, Sonido e Imagen (GISTSI), y 8 alumnos del 2 curso de este mismo grado, reveló un alto nivel de acuerdo en que la motivación por las matemáticas está relacionada con conocer las aplicaciones de las mismas que se estudian en la asignatura (un 67% de las respuestas indican acuerdo o acuerdo total). Además, un 60% de los alumnos encuestados ha resuelto con cierta frecuencia, en asignaturas de matemáticas, problemas reales y, de éstos, a un 75% les han resultado interesantes o muy interesantes estos problemas. Sin embargo, un 74% del alumnado participante nunca ha oído hablar de la modelización matemática, y sólo un 18% define dicho concepto con más o menos acierto. Como conclusión general se observa la conveniencia de tratar en clase problemas reales, para influir positivamente en la motivación del alumno frente a las matemáticas y, como consecuencia, la necesidad de introducir la modelización matemática desde el primer curso para los grados en ingeniería y ciencias.

En este trabajo se presenta el recorrido de aprendizaje seguido en una experiencia docente puesta en marcha, durante el curso 2014-2015, en las titulaciones anteriormente citadas. La experiencia se basa en afrontar un mismo problema mediante formas alternativas o complementarias de modelizar: modelos continuos, discretos e IBM. La experiencia se ha desarrollado en prácticas de laboratorio informático, en las asignaturas de matemáticas correspondientes. Finalmente se propone un diseño metodológico para desarrollar la experiencia en el aula mediante aprendizaje cooperativo a través de un Problem/Project Based Learning (PBL) (Markham, 2003), (Woods, 1994), utilizando el puzzle de Aronson (Aronson et al., 1997), (Vidal, Roig, Estruch, Fuster, Boigues, del Rey & Alba, 2012).

2 Modelos matemáticos

La introducción de conceptos matemáticos a través del desarrollo y estudio de modelos ha sido tratada en muchos trabajos (Boigues, Estruch, Roig & Vidal, 2011), (Zill, 2009) y es objeto de discusión en Jornadas y Congresos, principalmente en aquellos orientados al campo de la innovación docente. Trabajar con modelos va íntimamente asociado a realizar ensayos con los mismos, lo que viene en llamarse simulación. De acuerdo con Shannon (Shannon & Johannes, 1976), la simulación es el proceso de diseñar un modelo de un sistema real y llevar a término experiencias con él, para comprender el comportamiento del sistema o evaluar nuevas estrategias, y a los resultados numéricos concretos se les denomina realizaciones de la simulación. Un modelo matemático es una descripción, en lenguaje matemático, de una realidad existente

en un universo no necesariamente matemático. Un modelo es dinámico si el tiempo es una de las variables independientes del sistema de estudio (en algunos casos la única). Es discreto sólo si las variables dependientes forman conjuntos discretos (de cardinal finito o numerable) y es continuo si éstas variables pueden tomar los valores en intervalos de la recta real. Por último, el modelo es determinista si no cabe ningún tipo de aleatoriedad o dependencia del azar en el mismo, mientras que será estocástico o probabilístico si el azar interviene en el modelo.

Un modelo basado en agentes (agent-based model o ABM) es un modelo computacional orientado a simular las acciones e interacciones de agentes autónomos (sean entidades individuales o colectivas) con el fin de evaluar los efectos sobre el sistema en su conjunto. En ecología, a los ABM se les llama modelos basados en el individuo (individual-based model o IBM), (Grimm et al., 2005). Los IBM son modelos en los que los individuos, o partes parciales que componen el sistema, son tratados de forma autónoma y, desde esta perspectiva, se obtienen los resultados globales, por agregación. Esta forma de modelizar se centra en caracterizar el comportamiento del individuo, o de las partes, mediante reglas que permiten representar la interacción entre individuos y la de individuos con el entorno (Railsback, 2001). Los IBM son, en general, sencillos de plantear y de entender, y no requieren teorías matemáticas avanzadas (Ginovart, Blanco, Portell & Ferrer-Closas, 2012), resultando muy adecuados, sobre todo, para la modelización matemática en tiempo discreto.

3 Objetivos

Entendemos por recorrido de aprendizaje un proceso del cual forman parte los conceptos a aprender y las competencias a adquirir, y que es seguido en primer término por los alumnos con la guía del profesor. Para el aprendizaje de un concepto matemático concreto pueden seguirse distintos recorridos. En el trabajo presentado se propone un recorrido de aprendizaje para introducir al alumnado de un primer curso de Grado en la modelización matemática. Partiendo de un problema epidemiológico simple, el de la expansión de una plaga o enfermedad, se aborda la modelización matemática del problema mediante modelos continuos, descritos con sistemas de ecuaciones diferenciales, modelo discretos, representados por sistemas de ecuaciones en diferencias y, por último, mediante una aproximación IBM. El objetivo principal es que el alumno adquiera competencias básicas sobre modelización matemática y que refuerce los elementos matemáticos aprendidos.

4 Descripción del problema

La aplicación de las matemáticas a la epidemiología se puede situar en 1760, cuando D. Bernoulli publica un pequeño tratado sobre la epidemia de peste europea, aunque es en 1927, (Kermack & McKendrick, 1927), al describir una epidemia de peste en la India, cuando aparece la modelización de epidemias con un enfoque matemático moderno:

$$\frac{dx}{dt} = -kxy, \quad \frac{dy}{dt} = -kxy - ly, \quad \frac{dz}{dt} = ly, \quad (1)$$

donde x, y, z denotan el número de individuos sanos, infectados y resistentes, respectivamente. Esta formulación, a través de un sistema de ecuaciones diferenciales no lineal, se basa en modelos comportamentales, donde los individuos pueden pasar de ser susceptibles a infecciosos y de ahí a resistentes (SIR), modelos que siguen perfeccionándose a día de hoy (Brauer et

al., 2008). Existe numerosa literatura científica sobre la modelización de las epidemias, donde suelen considerarse epidemias que se transmiten por el contacto entre individuos, y se tiene en cuenta la influencia del número de encuentros entre individuos sanos e infectados (kxy), obteniéndose sistemas similares a la Ecuación 1. Sistemas parecidos aparecen en el estudio de los sistemas depredador-presa o de la evolución del cáncer, donde se considera la evolución de las células tumorales y células inmunes (Chrobak & Herrero, 2011). Sin embargo la resolución de estos sistemas requiere conocimientos matemáticos que no suelen abordarse en un primer curso de Grado, por lo que no son, en general, adecuados para nuestro alumnado. Puesto que nuestro objetivo es ofrecer diferentes aproximaciones a la modelización matemática de una epidemia SIR en base a modelos que el alumnado pueda resolver utilizando los contenidos de las asignaturas matemáticas de primer curso, al plantear el problema, hemos considerado un modelo más simple (Amelkin, 1987), dejando para cursos más avanzados los modelos no lineales.

Se detecta una enfermedad o plaga que puede inmunizar contra la misma al individuo que la ha sufrido. Se desea averiguar la evolución de la enfermedad a lo largo de varios períodos (días, meses,...) partiendo inicialmente de un número concreto de individuos infectados y/o resistentes. En la descripción de las variables se tiene en cuenta que, en cada etapa t , la población se divide en tres grupos: los individuos sanos pero que son susceptibles a la enfermedad, $S(t)$, los individuos infectados, $I(t)$, y el grupo formado por individuos sanos con inmunidad o resistentes a la enfermedad, $R(t)$. Se supone que, en cualquier instante t , $S(t) + I(t) + R(t) = N$, es decir, es un sistema cerrado (sin nacimientos ni muertes).

5 Modelización determinista y continua: ecuaciones diferenciales

Los modelos diferenciales representan un caso particular de la multitud de modelos matemáticos que pueden construirse al estudiar el mundo circundante (Amelkin, 1987). El análisis por compartimentos, (Nagle et al., 2005), da lugar a la ecuación diferencial

$$x'(t) = \text{razón de entrada} - \text{razón de salida},$$

que permite describir la evolución de la cantidad de una sustancia en el compartimento en el instante t , $x(t)$, y que puede aplicarse en el estudio de la evolución de una población $P(t)$, a través de Ecuación 2 o *Ley de Malthus* para el crecimiento de poblaciones

$$P'(t) = kP(t), \quad P(0) = P_0, \quad (2)$$

siendo P_0 la población inicial. Si $k > 0$, la población es creciente con el tiempo, y si $k < 0$ el modelo también es útil, por ejemplo, para estudiar la desintegración de un elemento radiactivo. Si se tienen varias especies que interactúan y compiten, la evolución de sus poblaciones se describe mediante un sistema de ecuaciones diferenciales. Para el problema descrito, un modelo que simplifica la situación real (Amelkin, 1987), parte de las siguientes hipótesis:

- La velocidad o tasa de variación de la población de individuos susceptibles es proporcional al número de los mismos, es decir, $S'(t) = -mS$.
- Puesto que cada individuo susceptible puede infectarse, la tasa de variación de la población de infectados es la diferencia en la unidad de tiempo, entre los que han enfermado y aquellos que han pasado a resistentes o inmunes, $I'(t) = mS - cI$.
- La tasa de variación de los resistentes es igual a la disminución de infectados, $R'(t) = cI$.

Por lo tanto, el modelo matemático correspondiente viene dado por:

$$\frac{dS}{dt} = -mS, \quad \frac{dI}{dt} = mS - cI, \quad \frac{dR}{dt} = cI, \quad (3)$$

con m y c constantes positivas. La constante m es una medida de la rapidez de transmisión de la enfermedad de una persona infectada a la población susceptible. La c representa la razón con la que sana la población infectada haciéndose resistente o inmune a la enfermedad. El sistema obtenido es un sistema lineal con coeficientes constantes, similar a los que se plantean en el estudio de la desintegración radiactiva, de la competencia entre especies, de problemas de tanques, de mezclas o de redes eléctricas.

6 Modelización determinista y discreta: ecuaciones en diferencias

En contraste con las ecuaciones diferenciales, las ecuaciones en diferencias se adaptan bien a situaciones donde ocurren cambios etapa a etapa y van asociadas a procesos iterativos. Replanteamos el problema de la siguiente forma: Se sabe que periódicamente (diariamente, semanalmente, mensualmente,...) determinado porcentaje ($M = 100m\%$) de los individuos susceptibles a la enfermedad, la contraen quedando infectados, y otro porcentaje ($C = 100c\%$) de los infectados pasan a ser inmunes, es decir, resistentes, a la enfermedad. El tiempo t representa el número de la etapa. Las relaciones entre variables de estado, al pasar de una etapa a otra se representan en la Figura 1.

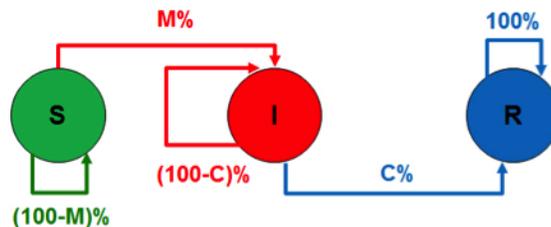


Figura 1 – Relaciones entre las variables de estado.

Tendremos en cuenta que:

- Los enfermos son capaces de contagiar a los sanos en una proporción m , por lo tanto, en dos instantes o etapas sucesivas:

$$S(t + 1) = S(t) - M \frac{S(t)}{100} = S(t) - mS(t) = (1 - m)S(t). \quad (4)$$

- El número de infectados en el periodo $(t+1)$, es igual a los que había en el instante t más los nuevos infectados, menos los que se han curado:

$$I(t + 1) = I(t) + M \frac{S(t)}{100} - C \frac{I(t)}{100} = I(t) + mS(t) - cI(t) = mS(t) + (1 - c)I(t). \quad (5)$$

- Los nuevos resistentes son los que había más los curados entre los infectados:

$$R(t + 1) = R(t) + C \frac{I(t)}{100} = cI(t) + R(t). \quad (6)$$

En resumen, se tiene el sistema de ecuaciones en diferencias:

$$S(t+1) = (1-m)S(t), \quad I(t+1) = mS(t) + (1-c)I(t), \quad R(t+1) = cI(t) + R(t). \quad (7)$$

Para la resolución del sistema de ecuaciones en diferencias de 17, pueden utilizarse asistentes matemáticos, como por ejemplo MATLAB[®]. Los bucles `for`, posibilitan la repetición de operaciones de forma iterativa y así, incorporando las tres ecuaciones en diferencias, se puede determinar, etapa a etapa, el número de individuos en cada estado así como la representación gráfica de la evolución de las poblaciones. Otra alternativa es la resolución algebraico-matricial. El sistema de ecuaciones en diferencias admite la formulación matricial $E(t+1) = TE(t)$, que da lugar a la solución:

$$E(t) = TE(t-1) = T(TE(t-2)) = T^2E(t+2) = \dots = T^tE(0), \quad (8)$$

siendo

$$E(t) = \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix}, \quad T = \begin{pmatrix} 1-m & 0 & 0 \\ m & 1-c & 0 \\ 0 & c & 1 \end{pmatrix}.$$

Esta nueva formulación permite, conociendo el vector de estados inicial, $E(0)$, calcular el vector de estados en el instante t , $E(t)$, sólo calculando la potencia t -ésima de la matriz T .

Aunque no se ha considerado en este trabajo, en este planteamiento puede profundizarse un poco más abordando el estudio de los valores propios de T (Boigues, Estruch, Roig & Vidal, 2011).

7 Sobre la discretización de un modelo continuo

La solución $y = y(t)$ del problema de valor inicial $y'(t) = f(t, y)$, $y(t_1) = y_1$, t en el intervalo $[t_1, b]$, puede aproximarse con tramos de rectas tangentes. Considerando un paso $h = (b-t_1)/n$, y partiendo del punto inicial (t_1, y_1) , las fórmulas recurrentes (*método de Euler*)

$$t_{i+1} = t_i + h, \quad y_{i+1} = y_i + f(t_i, y_i)h, \quad i = 1, 2, \dots, n, \quad (9)$$

proporcionan una sucesión de puntos, (t_i, y_i) , $i = 1, 2, \dots, n+1$ de la gráfica de la curva que aproxima a dicha solución $y = y(t)$ en todo el intervalo $[t_1, b]$. Aplicando este método, con paso $h = 1$, a la ecuación diferencial $S'(t) = -mS$ de la epidemia (con $f(t, S) = -mS$), se tiene

$$S_{i+1} = S_i + f(t_i, S_i)h = S_i + (-mS_i)1 = S_i - mS_i = (1-m)S_i. \quad (10)$$

Razonando análogamente en el caso de infectados y resistentes, finalmente se tiene el sistema de ecuaciones en diferencias 11, que no es más que el sistema en diferencias de la Ecuación 7:

$$S_{i+1} = (1-m)S_i, \quad I_{i+1} = mS_i + (1-c)S_i, \quad R_{i+1} = R_i + cI_i. \quad (11)$$

8 Modelización estocástica y discreta

A la hora de plantear a los alumnos un sistema determinista en tiempo discreto como el que se ha descrito en 7, una cuestión que puede ser planteada, de forma natural, como elemento de discusión en el aula es: *¿Cómo podemos asegurar que exactamente un $M\%$ de los susceptibles*

(*S*) van a pasar a infectados (*I*) y que un *C*% de infectados pasarán a ser resistentes (*R*)?. Una forma de abordar constructivamente esta cuestión y transformarla en un objeto de aprendizaje activo es explicar el fenómeno tomando como referencia a cada individuo, y trasladando el modelo a la evolución del mismo. Que un *M*% de sanos pasan a infectados significaría que la probabilidad de que un susceptible se infecte es de $m = M/100$ (tasa de infección). Por otra parte que un *C*% de infectados pasen a ser resistentes en el siguiente periodo indicaría que la probabilidad de que un infectado pase a ser resistente es de $c = C/100$ (tasa de resistencia). La evolución, al pasar de una etapa a la siguiente, para un individuo cualquiera, se resume en la Figura 2, donde los valores en cada flecha indican probabilidades.

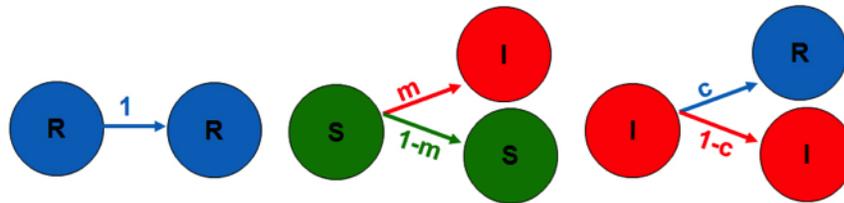


Figura 2 – Proceso de cambio para un individuo de una etapa a la siguiente.

Esta descripción, individuo a individuo, no lleva necesariamente a que, al pasar de una etapa a otra, siempre, exactamente un *M*% de los sanos vayan a infectarse, o que un *C*% de los infectados pasen a ser resistentes. De hecho en el caso de epidemias (Beaglehole et al., 2003) el agente infeccioso puede ser transmitido al ser humano de forma indirecta, mediante partículas aéreas u otros vehículos de infección, siendo por tanto la transmisión un proceso aleatorio.

Podemos replantear el problema objeto de estudio como un problema de transmisión de plagas en una población de árboles de una finca agrícola o forestal, considerando una parcela rectangular de tamaño $F \times K$, donde, en cada posición (i, j) hay un árbol. La posible evolución cada tipo de árbol se describe generando valores aleatorios (*método de Montecarlo*). Para cada árbol, en cada etapa, fijada la condición inicial del mismo, pueden darse diversas realizaciones. La descripción de la evolución de todo el bosque vendrá dada por la agregación de los resultados de las realizaciones obtenidas árbol a árbol. El resultado del modelo IBM y el que proporcionan los modelos deterministas, se descubre al calcular los promedios de los resultados obtenidos mediante el *método de Montecarlo* para cada grupo de árboles, considerando muchas realizaciones (miles). Para la aplicación del modelo IBM consideraremos las siguientes etapas:

o **Inicio:**

Los árboles están distribuidos en un espacio rectangular de alto *F* y de ancho *K*, siendo el total de la población, $N = F \times K$ individuos. Se define una matriz $\mathbf{a} = (a_{ij}), i = 1, 2, \dots, F, j = 1, \dots, K$, para describir el grupo al que pertenece el individuo que ocupa una posición arbitraria (i, j) : $a(i, j) = 1$ si es resistente, $a(i, j) = 2$ si es susceptible y $a(i, j) = 3$ si está infectado. Los datos de entrada iniciales son: *F* (número de filas de la matriz), *K* (número de columnas de la matriz), *S*, *I*, *R* (número inicial de susceptibles, infectados y resistentes respectivamente), *m* (tasa de infección), *c* (tasa de resistencia) y el número de etapas, *Etapas*.

o **Procedimiento a seguir (a repetir) de una etapa a la siguiente:**

Si en una etapa se tiene la matriz de individuos $\mathbf{a} = (a_{ij}), i = 1, 2, \dots, F, j = 1, \dots, K$, en la siguiente pueden cambiar los elementos no resistentes: si en una etapa $a(i, j) = 2$ (susceptible), en la siguiente puede permanecer igual o cambiar a $a(i, j) = 3$ (infectado) y

si en una etapa $a(i, j) = 3$ (infectado), en la siguiente o permanece igual o bien $a(i, j) = 1$ (resistente). En estos casos, se establecerá si se produce o no el cambio mediante simulación probabilística, es decir generando valores aleatorios. Para ello puede utilizarse la orden `rand('state',sum(100*clock))` seguida del comando `rand` de MATLAB[®]. La primera sentencia permite aleatorizar el punto de partida en la serie de valores pseudo-aleatorios de MATLAB[®], para que comando `rand` genere un valor real pseudo-aleatorio distribuido uniforme en el intervalo real de extremos 0 y 1. Así `rand(n)` y `rand(F,K)` generarán n valores y una matriz $F \times K$ de valores todos ellos aleatorios, respectivamente, distribuidos uniforme en el intervalo de extremos 0 y 1. Así, si en una etapa $a(i, j) = 2$ (árbol susceptible), se genera un valor aleatorio, u , y si $u < m$, se supone que el árbol se infecta y por tanto en la siguiente etapa $a(i, j) = 3$; en otro caso $a(i, j) = 2$. De forma análoga si $a(i, j) = 3$ (infectado), se genera un valor aleatorio u , y si $u < c$, suponemos que el árbol se vuelve resistente, $a(i, j) = 1$ y en otro caso $a(i, j) = 3$. Para mayor comodidad, se puede generar una matriz $F \times K$ de valores aleatorios, `aleat`, y hacer uso de los valores aleatorios que ocupen un lugar de un individuo sano o infectado, `aleat(i, j)`. Contando los elementos con valor 1, 2 y 3 en la nueva matriz **a**, se actualiza etapa a etapa el número total de sanos, infectados y resistentes.

9 Soluciones

Procedemos a comparan los resultados obtenidos al simular los modelos planteados, para una población total de $N = 400$ individuos, con 50 infectados, 350 susceptibles y ninguno resistente inicialmente, siendo $m = 0.01$ y $c = 0.02$. Las necesidades matemáticas de la resolución del modelo continuo son, por la naturaleza del sistema, sólo conocimientos sobre las ecuaciones diferenciales de variables separables, aunque también puede utilizarse MATLAB[®] (comando `dsolve`) lo que permite la representación gráfica de las soluciones

$$S(t) = 350e^{-t/100}, \quad I(t) = 350e^{-t/100} - 300e^{-t/50}, \quad R(t) = -700e^{-t/100} + 300e^{-t/50} + 400. \quad (12)$$

La solución de la Ecuación 12 permite estudiar el comportamiento a largo plazo, observándose en la Figura 3a) que el número de susceptibles y de infectados tiende a desaparecer, mientras que toda la población pasaría a ser resistente. En la misma Figura 3b) se aprecia la evolución de los grupos en el caso determinista discreto durante las 90 etapas.

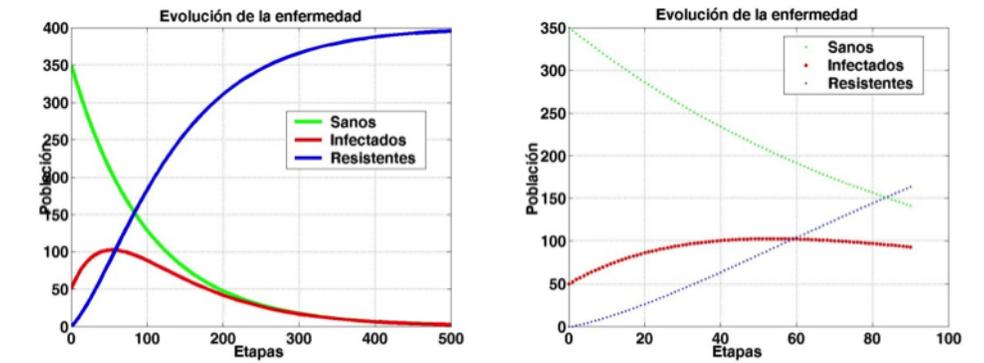


Figura 3 – a) Estabilidad en el caso continuo b) Evolución en 90 etapas del determinista discreto.

Aunque las imágenes gráficas en el caso discreto ofrecen información bastante clara sobre la evolución de la plaga a largo plazo, podemos establecer la tendencia del sistema estudiando los

valores propios y vectores propios de la matriz T , (Boigues, Estruch, Roig & Vidal, 2011), comprobando que el sistema es asintóticamente estable y convergente a una situación estacionaria en la que toda la población es resistente. En la Figura 4 se ve que la evolución de los infectados, en ambos modelos, es similar.

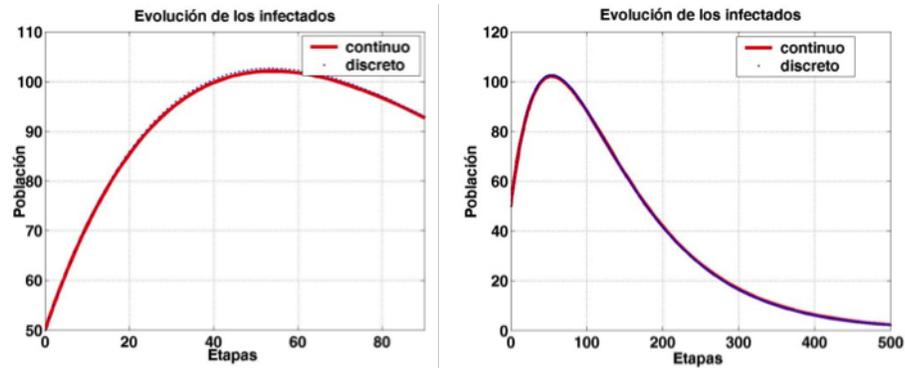


Figura 4 – Evolución de los infectados en los modelos continuo y discreto.

Para el modelo IBM, presentamos la solución obtenida al ejecutar un M-File de MATLAB[®] implementado exprofeso. En la Figura 5 se observan varias de las gráficas que resultan al ejecutar dicho script: la evolución de los tres grupos respecto al tiempo, la distribución inicial (fija) y la distribución final utilizando un mapa de color.

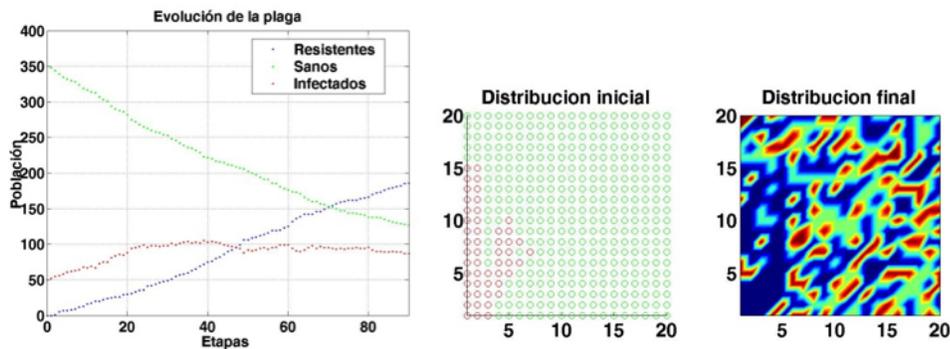


Figura 5 – Resultados gráficos del M-File MATLAB[®] para el modelo IBM.

El número final de individuos por grupo al final de las 90 primeras etapas aparece en la siguiente tabla:

	Susceptibles	Infectados	Resistentes
Modelo determinista continuo	142.30	92.71	164.99
Modelo determinista discreto	141.66	92.96	163.51
Modelo IBM (65 repeticiones)	136	94.82	169.11

Estimación del número de individuos al final de las 90 etapas.

10 Propuesta metodológica

En el curso 2014-15 se ha ensayado el recorrido de aprendizaje en clases de laboratorio informático, con alumnos conocedores del manejo del programa MATLAB[®]. El profesor presentó

los modelos y el alumno experimentó con ellos, proponiéndose al final, como ejercicio, la incorporación de estado de muerte en el modelo. No obstante creemos que esta metodología es susceptible de ser mejorada. El objetivo en un futuro inmediato (curso 2015-16) es plantear esta actividad como un PBL [2-3], mostrando el problema antes de dar información sobre la forma de resolverlo, de forma que los estudiantes descubran la necesidad de aprender nuevos conceptos para la resolución del problema, trabajando además de forma colaborativa en pequeños grupos, haciendo uso de la metodología del puzzle de Aronson [4-5]. Presentamos una serie de líneas básicas. Puede diseñarse un recorrido de aprendizaje para cualquier asignatura en la que se trate el cálculo matricial desde la perspectiva de sus aplicaciones, afrontando primero el modelo determinista discreto, y continuando con la modelización IBM. También puede plantearse un recorrido después del estudio del cálculo de primitivas, puesto que con conocer y saber resolver ecuaciones diferenciales de variables separables el problema en tiempo continuo es abordable. En este caso se trataría primero el modelo determinista continuo, se pasaría al modelo discreto, bien con la formulación directa del sistema dinámico o a partir de la aplicación del método de Euler, y por último el modelo IBM. En cualquier caso el estudio del modelo IBM es fácilmente comprensible por el alumnado que puede experimentar con los *Métodos de Montecarlo*.

Todo PBL se construye a partir de una pregunta motriz que haga que dicho proyecto sea motivador, desafiante y que se revele como conectado con la realidad. Ante los recientes acontecimientos relacionados con la epidemia de Ébola, una posible pregunta motriz sería: *¿Se tienen los recursos necesarios para hacer frente a una epidemia?*. El material que se le proporcionará al alumnado se corresponderá con los tres modelos expuestos y deberán afrontar el caso de añadir a las hipótesis planteadas, la posible mortalidad de los infectados. Además de estudiar la evolución de los 4 grupos de individuos (ahora se tiene el grupo de muertos), puede pedirse el periodo de máxima infección, el número máximo de infectados, si en algún instante se igualan los susceptibles con los resistentes, etc. En cursos más avanzados se puede trabajar con un modelo más complejo, abarcando también modelos no lineales. Exponemos a continuación un plan de trabajo:

Primera sesión; presencial y en aula (1h) : Test sobre modelización y explicación del tipo de modelos. Presentación del PBL, creación de grupos de expertos y reparto de material informativo. En el caso de considerar los tres modelos, se pueden formar grupos de 3 expertos, siguiendo la metodología del puzzle de Aronson, donde cada uno de ellos debe, a partir del planteamiento del problema de epidemias, preparar uno de los modelos. El resto del tiempo cada alumno o experto debe estudiar dicho material.

Sesión no presencial : Terminar de estudiar el material, realizar un mapa conceptual o esquema (primer entregable a través de Tareas de la plataforma Poliformat de la UPV, individual) y realización de un examen test de PoliformaT relacionado con el material estudiado.

Control de trabajos 1 (profesor) : revisión del primer entregable y del test de PoliformaT.

Segunda sesión; presencial y en aula informática (2h) : Habiendo analizado las respuestas del test de cada alumno y el entregable, el profesor puede destinar los primeros 20 minutos para comentar los fallos y señalar las respuestas correctas. Seguidamente se pasa a la reunión de expertos para la posible resolución de dudas y realización de un mapa conceptual o resumen que constituirá el segundo entregable individual. A continuación se volverá a los grupos nodriza donde cada experto debe explicar a los compañeros su modelo y, a partir del nuevo material que el profesor ha preparado con un ejemplo concreto, pasar a la resolución del problema. El ejemplo para el tercer experto consiste en la aplicación

del IBM, como un juego, a una población 3×3 a partir de una plantilla, utilizando una tabla de valores aleatorios o bien un programa como MATLAB[®] para generarlos. Deben jugar 5 partidas (5 etapas) y presentar como resultado la distribución final. Los resultados constituirán un tercer entregable, en este caso de grupo. Si al final de estas actividades lo requieren los alumnos o el profesor lo considera necesario, éste realizará una breve explicación del global. Es conveniente que los miembros de cada grupo se califiquen entre sí y se tenga en cuenta la nota media obtenida en la evaluación final de esta actividad.

Control de trabajos 2 (profesor) : revisión del segundo y tercer entregables.

Tercera sesión, presencial y en aula informática (2h) : reparto de las correcciones y resolución de posibles dudas. Planteamiento del problema modificado (con muertes), discusión y resolución por grupos nodriza. El profesor observa y registra la actitud y actuación del alumnado para evaluar competencias.

Sesión no presencial : establecer un primer borrador con el planteamiento del problema según cada modelo y posibles resultados que constituye el cuarto entregable, por grupos.

Control de trabajos 3 (profesor) : revisión del cuarto entregable a través de una tutoría personal del grupo y posibles correcciones.

Sesión no presencial : realizar un póster con el problema resuelto (plantilla estándar).

Control de trabajos 4 (profesor) : revisión de un primer borrador del póster y correcciones. Se puede añadir una cuarta sesión, presencial, en el aula, hall de la escuela o lugar adecuado para la realización de una exposición pública de los posters con la explicación del trabajo realizado por cada uno de los grupos.

11 Conclusiones

Durante el curso 2014-2015 alumnos del GCCAA y del GIQ han estudiado el problema a través del modelo determinista discreto, utilizando la resolución matricial-algebraica y el modelo IBM. Los alumnos de primer y segundo curso del GISTSI han estudiado el modelo determinista continuo, el determinista discreto y el modelo IBM, utilizando MATLAB[®]. En particular, los alumnos de segundo curso están matriculados en una asignatura optativa en la que se estudian los métodos de resolución numérica de ecuaciones diferenciales y el modelo de sistemas de ecuaciones en diferencias surge al discretizar el sistema de ecuaciones diferenciales mediante el método de Euler. Por lo tanto, la propuesta de recorrido que presentamos se puede adaptar al temario de la asignatura. Después del estudio de los distintos modelos y de la resolución del problema, una encuesta realizada indica que un 68% de los alumnos del GISTSI han valorado como interesante o muy interesante este tipo de experiencia de aprendizaje mostrando en algún caso su motivación por profundizar en los modelos para afrontar el problema en otros contextos.

Referencias

-  [Amelkin, V. \(1987\)](#)
Ciencia popular. Ecuaciones diferenciales aplicadas a la práctica.
Mir-Moscú.
-  [Aronson, E., Patnoe, S. \(1997\).](#)
The Jigsaw Classroom, Building Cooperation in the Classroom.
Longman (second edition), United States.
-  [Beaglehole, R. , Bonita, R., Kjellström T \(1994, reimpresión 2003\).](#)
Epidemiología básica.
Organización Panamericana de la Salud.
-  [Boigues, F. J., Estruch, V. D., Roig B., Vidal A. \(2011\) .](#)
Un modelo de transmisión de plagas para la enseñanza del álgebra lineal en el contexto de estudios de ciencias ambientales.
Modelling in Science Education and Learning 4, 5–11.
-  [Brauer, F. , van den Driessche, P., Wu, J. \(Ed.\) \(2008\).](#)
Mathematical Epidemiology (Lecture Notes in Mathematics/ Mathematical Biosciences Subseries).
Springer-Verlag.
-  [Chrobak, J. M., Herrero H. \(2011\).](#)
A mathematical model of induced cancer-adaptive immune system competition.
Journal of Biological Systems 19(3), 1–12.
-  [Ginovart, M. , Blanco, M. , Portell ,X., Ferrer-Closas, P. \(2012\).](#)
Modelización basada en el individuo: una metodología atractiva para el estudio de biosistemas.
Enseñanza de las ciencias 30.2, 93–108.
-  [Grimm, V., Railsback, S. F. \(2005\).](#)
Individual-based Modeling and Ecology.
Princeton University Press.
-  [Kermack, W. O., McKendrick A. G. \(1927\).](#)
A contribution to the mathematical theory of epidemics.
Proc. Royal Soc. London 115, 700–721.
-  [Nagle R. Kent, Saff Edward, B., Snider Arthur, D. \(2005\).](#)
Ecuaciones diferenciales y problemas con valores en la frontera.
Pearson Educación.
-  [Markham, T. \(2003\).](#)
Project Based Learning, a guide to Standard-focused project based.
Buck Institute for Education.

-  Railsback, S.F. (2001).
Concepts from complex adaptive systems as a framework for individual-based modelling.
Ecological Modelling 139, 47–62.
-  Shannon, R. , Johannes, J. D. (1976).
Systems simulation: the art and science.
IEEE Transactions on Systems, Man and Cybernetics 6(10), 723–724.
-  Vidal, A. , Roig, B. , Estruch, V. D. , Boigues , F. J. , del Rey, R., Alba J. (2012).
Rompiendo con la rutina: dos experiencias matemáticas con el puzle de Aronson.
XX CUIEET. Las Palmas de Gran Canaria..
-  Woods, D. R. (1994).
Problem-based Learning: How to gain the most from PBL.
The Book Store, McMaster University, Hamilton.
-  Zill Dennis G. (2009).
Ecuaciones Diferenciales con aplicaciones de modelado.
México: Cengage Learning.

Modelling in Science Education and Learning
<http://polipapers.upv.es/index.php/MSEL>