

Desarrollo de Software para la Simulación
Espacio - Temporal de la Dinámica Poblacional
de Roedores Transmisores de la Fiebre
Hemorrágica Argentina.

Verónica Andrea Musso

20 de febrero de 2008

Resumen

El presente trabajo tiene por objetivo la creación de una herramienta software que a través de información extraída de imágenes satelitales, permita estudiar el comportamiento de roedores relacionados a enfermedades virales como la Fiebre Hemorrágica Argentina o el Síndrome Pulmonar por Hantavirus, resultando un medio educativo y de interés científico sobre patologías virales y su distribución.

Dicho objeto de estudio se analiza desde dos puntos de vista, el espacio y el tiempo, dando lugar a la división de este trabajo en dos grandes módulos.

De esta forma, se cuenta con un modelo probabilístico, basado en un autómatas celular, que simula el movimiento de los roedores sobre un escenario; permitiendo localizar las zonas cuyas condiciones ecológicas son más favorables para el desarrollo y permanencia de esta fauna, y por consiguiente posibles focos de infección de las enfermedades que transmite.

Asimismo se implementó otro modelo que a partir de una serie de ecuaciones diferenciales muestra la dinámica de los roedores y su infección viral a través del tiempo. Los datos obtenidos se grafican por medio de animaciones, histogramas, curvas, etc.; facilitándose la comprensión y análisis del fenómeno investigado.

En ambos casos el usuario podrá estudiar casos reales, como también introducir modificaciones a distintas variables y observar las repercusiones de las mismas, obteniendo simulaciones de diversos casos.

Dado que los valores de entrada de los modelos son de origen espacial, se realizaron tareas de procesamiento de imágenes satelitales, lo cual exigió el desarrollo e implementación de algoritmos (para filtrar los datos de información errónea o impura) y el empleo de software específico para el manejo de información espacial.

Para llevar a cabo esta tesis se recolectaron y analizaron los requerimientos del sistema, para luego efectuar su especificación en Z y el diseño de la totalidad del programa. Para la implementación se empleó el lenguaje de programación Java.

Por último se aplicaron las técnicas de testing tendientes a garantizar la confiabilidad y robustez del software.

Palabras Claves: imágenes satelitales, dinámica poblacional roedores, Fiebre Hemorrágica Argentina, modelo espacial, modelo temporal.

I.4 Image Processing, I.6 Simulation and modeling, X Life and Medical Sciences.

ÍNDICE GENERAL

<i>Índice general</i>	3
1.. <i>Motivación</i>	5
2.. <i>Introducción</i>	7
2.1. Área endémica	7
2.2. Transmisión	7
2.3. Síntomas	9
2.4. Tratamiento	10
2.5. Métodos de prevención	10
3.. <i>Identificación de la problemática y aporte a su solución</i>	12
4.. <i>Preprocesamiento de imágenes satelitales</i>	13
4.1. Satélites	13
4.1.1. Landsat TM 5	13
4.1.2. SPOT	13
4.2. Imágenes en el Modelo Espacial	15
4.2.1. NDVI	15
4.2.2. Bordes	16
4.2.3. Humedad	17
4.2.4. Buffer de Agua	17
4.2.5. Normalización de los Datos	20
4.3. Imágenes en el Modelo Temporal	20
4.3.1. Algoritmo de Reconstrucción	20
4.3.2. Transformada de Fourier	24
5.. <i>Modelo Espacial</i>	28
5.1. Autómatas Celulares	28
5.1.1. Definición	28
5.1.2. Reseña Histórica	29
5.1.3. Características y Variantes	30
5.1.4. Aplicaciones	31
5.2. Autómata Celular de Dispersión de Roedores	31
5.2.1. Descripción	31
5.3. Especificación en Z	33

6..	<i>Modelo Temporal</i>	40
6.1.	Parámetros	44
6.2.	Especificación en Z	44
7..	<i>Diseño del Software</i>	52
7.1.	Diagrama de Módulos	52
7.2.	Modelos	53
7.3.	Datos de Entrada	55
7.4.	Gráficos	57
7.5.	Interfase	60
8..	<i>Implementación</i>	62
8.1.	Modelo Espacial	62
8.1.1.	Configuración y Entrada de Datos	62
8.1.2.	Salida de Datos	62
8.2.	Modelo Temporal	64
8.2.1.	Configuración y entrada de datos	64
8.2.2.	Salidas de datos	66
9..	<i>Testing</i>	67
9.1.	Modelo Espacial	67
9.2.	Modelo Temporal	72
10..	<i>Distribución del Software</i>	82
11..	<i>Conclusión</i>	83
	<i>Bibliografía</i>	84
	<i>Apéndice</i>	87
A..	<i>Manual de usuario</i>	88
A.1.	Instalación	88
A.2.	Modelo Espacial	89
A.3.	Modelo Temporal	92

1. MOTIVACIÓN

Los avances de la tecnología espacial han brindado amplios beneficios a la salud humana. Entre ellos se destaca el surgimiento de la “Epidemiología Panorámica”, una disciplina de vigilancia sanitaria que utiliza información espacial para estudiar diversas patologías infecciosas, a través de la caracterización de las áreas eco-geográficas donde éstas se transmiten.

La misma se basa en la relación existente entre variables obtenidas de manera remota (humedad, vegetación, altitud, temperatura, uso del suelo, etcétera), y los vectores de enfermedades virales; ya que si bien las imágenes satelitales no permiten visualizarlos directamente, posibilitan la medición de factores climáticos y ambientales que determinan su comportamiento biológico e identifican sus hábitats más adecuados.

De esta manera, es posible la construcción de modelos matemáticos que simulan la dinámica poblacional de vectores, a partir de datos de origen espacial. La importancia de los mismos se divide en dos aspectos:

El primero, relacionado a la localización de los puntos con mayor densidad de población reservorio y por ende mayor riesgo de contagio (por el aumento de las posibilidades de contacto entre las personas y el animal infectado), que posibilita el desarrollo de mapas de riesgo que ayudan a los “Sistemas de Alerta Temprana en Salud”. Por ende, se puede decir que dichos modelos logran contribuir a la toma de decisiones de salud pública, identificando las ubicaciones y los tiempos específicos que pueden plantear una amenaza de la enfermedad.

El segundo, vinculado a que los modelos amplían las posibilidades de análisis y estudio del fenómeno de interés. Puesto que permiten simular los efectos de modificar los parámetros medioambientales, o los que describen las características biológicas de especies reservorios, investigando aspectos ecológicos y virológicos relacionados a la dinámica poblacional y la transmisión del virus.

Nuestro país no es ajeno a estos desarrollos. La Comisión Nacional de Actividades Espaciales (CONAE), en cooperación con el Ministerio de Salud de la Nación y la Universidad Nacional de Río Cuarto, trabajan con el objetivo de desarrollar conocimientos y herramientas que a través del monitoreo de aspectos ambientales sean capaces de predecir el comportamiento de las poblaciones de roedores transmisores de enfermedades como la Fiebre Hemorrágica Argentina (FHA) y el Síndrome Pulmonar por Hantavirus (SPH).

Por lo tanto, el presente proyecto pretende sumarse a tales trabajos, brindando una herramienta de software que integre información ecológica, ambiental y médica, brindando resultados sobre la dispersión espacio-temporal de roedores relacionados al contagio de FHA. Una patología cuya zona endémica es de apro-

ximadamente 150.000 km^2 , con una población en riesgo estimada de 5 millones.

2. INTRODUCCIÓN

La Fiebre Hemorrágica Argentina es una enfermedad viral transmitida por roedores que afecta la región de la pampa húmeda argentina. Se trata de una patología grave, con manifestaciones neurológicas y hemorrágicas.

El agente etiológico es el virus Junín (JUNV), denominado de esta forma por ser en esa localidad Bonaerense donde se produjo el primer brote. Es miembro de la familia Arenaviridae, cuya supervivencia depende del animal portador. Este tipo de virus se limita geográficamente a las regiones donde viven las especies animales que los hospedan. Aunque en este caso el área endémica es menor que la distribución conocida del vector [1], que abarca desde el norte de argentino hasta la provincia de Río Negro.

2.1. Área endémica

Se denomina área endémica a la región geográfica donde se han diagnosticados casos de una determinada la enfermedad. También se la puede considerar aquella en la cual existen y operan naturalmente los factores que condicionan la infección [2].

Respecto a la FHA, los primeros casos fueron reconocidos en la provincia de Buenos Aires en los años '50, cuando la enfermedad se limitaba a un área de 16.000 Km^2 . Actualmente se ha expandido hasta abarcar Córdoba, Santa Fé y La Pampa, alcanzando un área de 150.000 Km^2 .

2.2. Transmisión

Los vectores que transmiten el virus Junín son los ratones maiceros o lauchas del maíz, científicamente denominados *Calomys Musculus*.

Se trata de un roedor pequeño, de pelaje suave amarronado en el dorso y levemente más claro en el vientre, que posee una cola que escasamente supera la longitud del cuerpo. Presenta un mechón de pelos blancos en la parte posterior de sus redondeadas orejas, y sus patas son cortas y fuertes. Tiene hocico puntiagudo y grandes ojos, y su peso adulto alcanza entre 17 y 26 gr y mide de cabeza a cola 16 a 20 cm. Es activo en el crepúsculo y la noche, y su dieta es omnívora con una alta proporción de semillas [4], [5].

Habita mayormente campos de cultivo y sus borduras. Aunque también se encuentra en terraplenes de ferrocarril y puede invadir zonas urbanas, cerca de cursos de agua y en banquinas donde haya vegetación abundante [4].

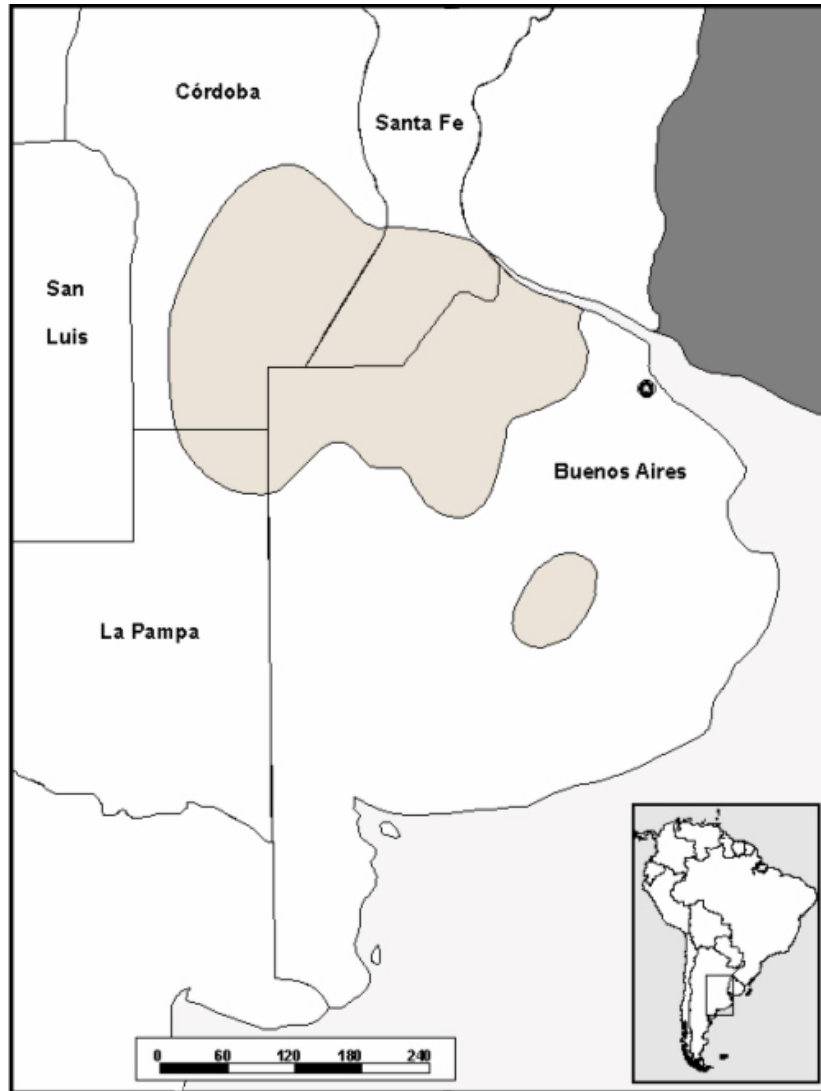


Fig. 2.1: Área Endémica de FHA



Fig. 2.2: Vector de FHA

Esta especie es más abundante hacia finales de otoño. Su período reproductivo es de Septiembre a Junio, la gestación dura aproximadamente 25 días y es común encontrar hembras con siete o más crías [4].

Los que portan el virus presentan infecciones crónicas sin síntomas; con eliminación del virus por saliva, orina y excrementos, que contagian a ratones sanos y contaminan el medio ambiente, a partir del cual el ser humano se infecta accidentalmente, al inhalar partículas infectadas, por el contacto directo con membranas mucosas o heridas, o por ingestión de alimentos contaminados.

Debido al hábitat propio de los roedores, el contagio de esta enfermedad se da principalmente en personas que se hallan en contacto con el medio rural; siendo el 80 % de los infectados hombres entre 15 y 60 años.

La forma más común de contagio se produce cuando las máquinas agrícolas se contaminan con partículas del virus al destruir nidos o madrigueras. Luego el trabajador rural al tocar las máquinas y posteriormente sus mucosas u ojos, adquiere la enfermedad; esta es la razón por la cual a la FHA se la suele llamar “mal de los rastrojos”.

Las epidemias ocurren principalmente en la época de cosechas, con incidencia máxima durante el mes de mayo [6].

La FHA suele no ser contagiosa entre personas, aunque se cree que un reducido número de mujeres han contraído la enfermedad por contacto íntimo con sus esposos [6].

2.3. Síntomas

La FHA es una enfermedad viral aguda grave que genera alteraciones hematológicas, neurológicas, renales y cardiovasculares.

Luego de un período de incubación del virus (entre 10 a 12 días), sus síntomas se asemejan a los de una simple gripe: fiebre, dolor de cabeza, pérdida de apetito, debilidad, dolores articulares y oculares, y desgano. Posteriormente, continúa con hemorragias que pueden ser intestinales, nasales, gástricas, o gingivales.

Finalmente, evoluciona hacia la curación o muerte en un lapso de una a dos semanas.

Es importante destacar que sin tratamiento, la mortalidad es muy elevada (15-30 %).

2.4. Tratamiento

El tratamiento consiste en la administración de plasma sanguíneo (suero sanguíneo) de ex enfermos. Este posee anticuerpos que actúan sobre el virus, inactivándolo y reforzando la producción de anticuerpos.

Su administración precoz es altamente eficaz y disminuye la mortalidad al 1 %. Es provisto sin cargo por el Instituto Nacional de Estudios en Enfermedades Virales Humanas Dr. Julio Maiztegui (INEVH-ANLIS).

2.5. Métodos de prevención

El principal medio de prevención es una vacuna, que tiene el 95.5% de eficacia y se emplea en la población adulta bajo mayor riesgo.

El Instituto Maiztegui tiene capacidad de manufacturar anualmente, las 5 millones de dosis necesarias para vacunar la población del área endémica.

Desde 1991, más de 240.000 personas han sido vacunadas, conyevando una gran disminución del número de casos reportados (94 sospechosos y 19 confirmados en 2005) [3].

Asimismo los esfuerzos deben encaminarse a evitar el contacto con la especie portadora; controlando las poblaciones de roedores, impidiendo que accedan a viviendas y exterminando sus madrigueras. Por eso, es importante que las personas tomen ciertas medidas de precaución como:

- Reducir la posibilidad de acceso a los alimentos, guardando los restos de comida y desperdicios en recipientes cerrados.
- Mantener los espacios limpios, libres de desechos (como cubiertas usadas, latas, cajas, vehículos abandonados y depósitos de leña) que puedan servir como refugio.
- Cortar el pasto en un radio de 30 metros alrededor de la casa.
- Evitar la entrada de roedores a la casa sellando con lana de acero orificios mayores a 0,5 cm (como las aberturas alrededor de cañerías de gas, luz o teléfono), colocando mosquiteros, disminuyendo el espacio debajo de ventanas y puertas, etcétera.
- Emplear guantes, barbijos y anteojos en las tareas de limpieza en zonas donde se comprobaron casos de FHA .
- No exterminar sus enemigos naturales como búhos, hurones, chimangos, lechuzas, halcones, perros y gatos.

- Utilizar en los hogares trampas de resortes con cebo. Es importante que antes de su colocación no se toque a las mascotas, porque el olor de los enemigos naturales ayuda a los ratones.
- En caso de captura retirar el roedor muerto con guantes, enterrarlo y desinfectar con hipoclorito de sodio (lavandina).
- Ante la presencia de excremento de roedores, evitar levantar polvo, y si se trata de un lugar cerrado, ventilarlo al menos 30 minutos, luego pulverizar con un desinfectante como el hipoclorito de sodio.
- En las zonas endémicas es recomendable rellenar con arena el espacio libre debajo de los pisos de madera.
- Realizar construcciones con cimientos de cemento.

3. IDENTIFICACIÓN DE LA PROBLEMÁTICA Y APOORTE A SU SOLUCIÓN

Por lo expuesto anteriormente, es clara la relación entre la FHA y la presencia de roedores. Por ende, una manera de combatir esta enfermedad es por medio de una política de control sobre las poblaciones de ratones. Esto requiere conocimiento de su dinámica y hábitats predilectos.

Una buena forma de abordar el estudio de procesos ecológicos como este es por medio de modelos de simulación. Éstos son capaces de generar aproximaciones de la realidad, útiles para entender un problema en particular o para predecir el comportamiento de un sistema.

Son herramientas que facilitan el análisis de los cambios en la tendencia de una población a través del tiempo, permitiendo el estudio de la evolución de las variables observadas.

Brindan la oportunidad de administrar mejor sistemas reales, tomando decisiones acordes a la problemática planteada según el modelo.

Están constituídos básicamente por relaciones numéricas entre variables. Por ello, son fácilmente llevados al área computacional, maximizando todos sus beneficios. Esto último se debe a la posibilidad de manejar grandes volúmenes de datos (extendiendo el campo de estudio a mayores escalas espaciales y temporales), y procesar los resultados de diversas maneras, facilitando la interpretación de una situación compleja.

Por lo tanto, esta tesis pretende emplear los conocimientos de las ciencias de la computación para implementar modelos de simulación relacionados a la transmisión de la FHA y mostrar sus resultados de manera clara y útil para sus posibles destinatarios.

En ese grupo, se pueden distinguir los distintos interesados en el análisis de la distribución y contagio de roedores a través del tiempo y el espacio. Por ejemplo, estudiantes y profesores de biología que busquen una forma sencilla de visualizar estas situaciones complejas, organismos gubernamentales tendientes a aplicar acciones de control sobre posibles focos de infección, profesionales en el área biológica y ecológica que investiguen dicho tema, entre otros.

Es importante destacar, que este software no está ligado exclusivamente a los modelos elegidos (y que se detallan en este informe), sino que es fácilmente portable a otros. Por consiguiente, modificando el módulo correspondiente al modelo, se podría contar con una herramienta cuyo objeto de estudio no fuera la FHA sino alguna otra cuestión de interés.

4. PREPROCESAMIENTO DE IMÁGENES SATELITALES

La fuente principal de información ecológica-ambiental que se utiliza en este trabajo proviene de imágenes satelitales. Por ello, se consideró relevante incluir una breve descripción de los satélites que las generaron.

Posteriormente, se detalla el preprocesamiento que cada uno de los modelos requirió para sus datos de entrada, así como también una descripción de los mismos. Este preprocesamiento es necesario pues la información brindada por las imágenes satelitales no puede ser empleada directamente; sino que requiere la aplicación de diversas técnicas, tanto para la eliminación de “ruidos” o interferencias que reducen su calidad, como para realzar las carecterísticas relevantes para la aplicación a desarrollar.

4.1. *Satélites*

4.1.1. *Landsat TM 5*

Este satélite forma parte de la serie americana Landsat (de land = tierra y sat = satélite), que es utilizada para el estudio de los recursos terrestres y constituye parte vital de una vasta red de adquisición de datos, que pueden ser utilizados por todos los países del mundo. Este programa es financiado por el gobierno de los Estados Unidos y operado por la NASA (National Space and Space Administration) y la USGS (United States Geological Survey).

Se trata de un pequeño laboratorio puesto en órbitas polares (es decir, que pasa de polo a polo cortando el Ecuador con una inclinación de aproximadamente 90 grados) a una altura de 700 km. Ya que sus órbitas son heliosincrónicas, este satélite cruza el ecuador siempre a la misma hora local. Está dotado de cámaras que proporcionan imágenes de gran resolución y sobre la base de un sistema de sensores de diversa longitud de onda que registran la radiación electromagnética emitida/reflejada desde el suelo, con lo cual es posible poner en evidencia detalles de otra manera invisibles de la superficie terrestre. Este explorador de barrido, denominado TM (Thematic Mapper) está diseñado para la cartografía temática. Este satélite tiene resolución espacial de 30m, espectral de 7 bandas y radiométrica de 8 bits.

4.1.2. *SPOT*

El sistema SPOT (Satélite Para la Observación de la Tierra) fue ideado por el CNES (Centre National d'Études Spatiales), y desarrollado por Francia en



Fig. 4.1: Landsat TM 5



Fig. 4.2: SPOT 5

colaboración con Suecia y Bélgica. Está constituido por una constelación de satélites en órbita, y por infraestructuras terrestres de control, producción, programación y distribución de imágenes. Los satélites Spot se encuentran a una altitud de 832 Km, en una órbita polar, heliosincrónica y en fases con relación a la Tierra, de modo tal que la sobrevuela totalmente en 26 días. Cuentan con instrumentos ópticos de alta resolución: HRV (Alta Resolución Visible) en Spot 2, HRVIR (Alta Resolución Visible Infrarroja) en Spot 4 y HRG (Alta Resolución Geométrica) en Spot 5. Este último transporta además un instrumento HRS (Alta resolución estereoscópica). También los Spot 4 y 5 incorporan el VEGETATION, de observación terrestre de amplio campo y alta resolución radiométrica. Esta serie de satélites tienen como misión el seguimiento de la vegetación, organización de la superficie habitable, cartografía plana y restitución del relieve y vigilancia ecológica.

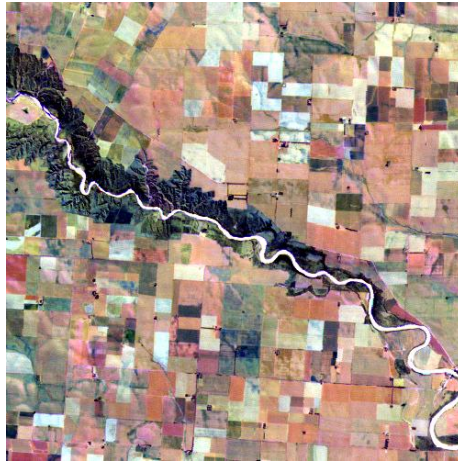


Fig. 4.3: Imagen original

4.2. Imágenes en el Modelo Espacial

El modelo de dispersión espacial de los roedores se basa en la función de “bondad” que se construye en base a los valores de las siguientes variables ambientales obtenidas de las imágenes.

- NDVI
- Bordes
- Humedad
- Buffer de Agua

Las mismas se extrajeron de imágenes del 3 Agosto de 2006 provenientes del satélite Landsat 5 TM, correspondientes a la Pampa Húmeda Argentina.

A continuación se detallan las mismas y los procedimientos que se ejecutan en ENVI 3.5 para su obtención.

Cada uno de dichos procedimientos brinda una nueva imagen. Por lo tanto, se muestra una de las imágenes originales a las cuales se aplicaron los mismos y todas sus sucesivas transformaciones. (Ver Figuras 4.3 - 4.8).

4.2.1. NDVI

El NDVI (Normalized Difference Vegetation Index) representa la distribución de la vegetación.

Permite estimar la cantidad, calidad y desarrollo de la vegetación según la intensidad de la radiación de ciertas bandas del espectro electromagnético que la vegetación refleja o emite.

Se calcula a partir de la siguiente fórmula:



Fig. 4.4: NDVI

$$NDVI = (NIR - R)/(NIR + R)$$

Donde NIR y R señalan las reflectividades en la banda del infrarrojo cercano y del rojo respectivamente.

Los valores de NDVI se encuentran entre -1 y +1, y son directamente proporcionales a la cantidad de vegetación verde. El cero señala que no existe vegetación verde y valores cercanos a +1 (0.8-0.9), la más alta densidad posible de hojas verdes. Los valores negativos (generados por una mayor reflectancia en el visible que en el infrarrojo), pertenecen a nieve, nubes, agua, suelo desnudo y rocas.

Instrucciones en ENVI 3.5

Transform \Rightarrow NDVI (Vegetation Index)

4.2.2. Bordes

Para realizar el cálculo de bordes en una imagen satelital se calcula la Varianza, que brinda información sobre las relaciones espaciales entre los elementos de la misma, dando cuenta de los límites entre los distintos tipos de hábitat.

De esta manera, es posible distinguir caminos, líneas ferroviarias, márgenes de cultivos, etcétera.

Instrucciones en ENVI 3.5

Filter \Rightarrow Texture \Rightarrow Occurrence Measures

Una vez abierto dicho menú marcar únicamente el cuadro "Variance". Además, tener en cuenta que la banda que nos interesa es la número cuatro.



Fig. 4.5: Bordes

4.2.3. Humedad

Para obtener los valores de la humedad se efectúa el cálculo de Tasseled Cap, una transformación que tiende a obtener nuevas bandas a partir de combinación lineal de las bandas originales de la imagen. Como resultado, pone en evidencia el comportamiento espectral de la vegetación y el suelo, dando valores de Brillo, Verdor y Humedad.

Para este proyecto se considera relevante sólo el último, que está relacionado con el contenido de agua en el suelo y la vegetación, manifestando claramente los cuerpos y cursos de agua, sectores de flora con sombra, y con tonos más oscuros, los suelos desgastados. Asimismo constituye un indicador de la densidad y edad de la cobertura forestal.

Instrucciones en ENVI 3.5

Transform \implies Tasseled Cap

4.2.4. Buffer de Agua

El resultado de las acciones detalladas a continuación es la obtención de la distancia al agua de todos los puntos de la imagen.

Primero se marcan Regiones de Interés correspondientes a cuerpos de agua. Es decir, que se indentifican los patrones visuales asociados a la presencia de ríos, lagos, etcétera; según criterios como color, forma, textura y contexto.

Instrucciones en ENVI 3.5

Basic Tools \implies Region of Interest \implies ROI Tool



Fig. 4.6: Humedad

Una vez determinadas las clases a discriminar, el siguiente paso es delimitar las distintas zonas de la imagen, según coincidan o no con las características de las regiones marcadas.

En consecuencia, se realiza una clasificación de paralelepípedos, que asigna cada píxel a una determinada clase si sus ND ¹ están a menos de una determinada distancia del centro de la clase. Este criterio tiende a delinear alrededor del centro de cada categoría polígonos multidimensionales.

Entonces, la imagen multibanda se convierte en otra, cuyos píxeles no tienen los valores sensados por el satélite, sino una etiqueta que identifica la categoría asignada a ese píxel.

Instrucciones en ENVI 3.5

Classification \implies Supervised \implies Parallelepiped

Por último, se aplica al resultado anterior una Post-clasificación, que marca la distancia de cada píxel a las clases distinguidas.

Instrucciones en ENVI 3.5

Classification \implies PostClassification \implies Buffer Zone Image

Se eligió un valor de 15 píxeles para el parámetro Maximum Distance.

¹ Nivel Digital: número entero que define el valor de cada píxel; corresponde a la codificación de la radiancia que realiza el sensor cuando adquiere la imagen. [9]

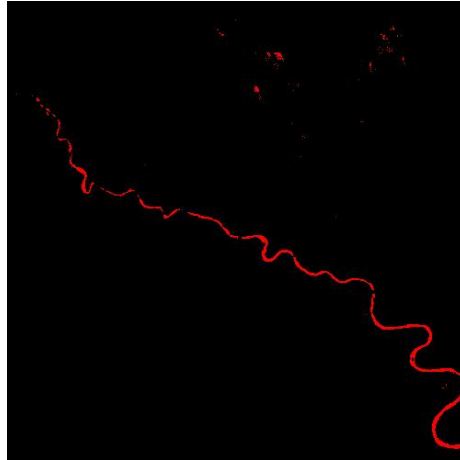


Fig. 4.7: Clasificación de cuerpos de agua

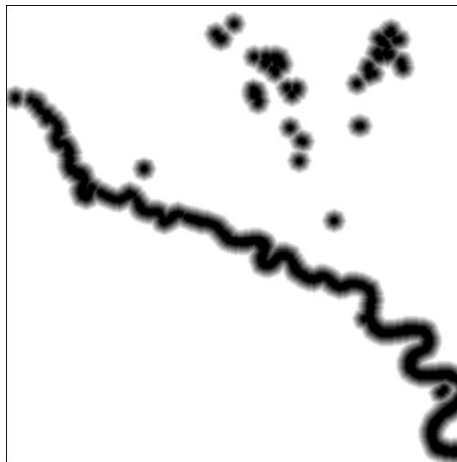


Fig. 4.8: Buffer de agua

4.2.5. Normalización de los Datos

Parte del procesamiento de los datos consiste en normalizarlos a un rango entre 0 y 1 de números flotantes, para lo cual se aplica la función ENVI Stretch Data.

Instrucciones en ENVI 3.5

Basic Tools \implies Stretch Data

Para Buffer de Agua antes de ejecutar dicha acción se realiza la siguiente operación matemática:

$100 - B1$ donde $B1 =$ Buffer De Agua

Instrucciones en ENVI 3.5

Basic Tools \implies Band Math

Finalmente para conseguir la función de bondad de cada píxel, se suman todos los valores normalizados y después se divide por 4 y se multiplica por 100. Por último se guarda este resultado en formato ASCII.

4.3. Imágenes en el Modelo Temporal

Para el desarrollo del modelo temporal de dispersión de roedores se utilizan datos de NDVI. Los mismos se obtienen de la página web <http://free.vgt.vito.be> que publica valores sensados por el satélite SPOT VEGETATION cada 10 días.

Para este proyecto se utilizaron escenas desde Diciembre de 1998 a Diciembre de 2006, es decir una totalidad de 291 valores.

Los datos de NDVI se limitaron a una zona de Latitud -30° a -40° y Longitud -65° a -55° , correspondiente a la Pampa Húmeda Argentina. Para realizar esta tarea se utilizó el programa VGTEExtract.

Una vez obtenida toda la información, se aplicaron acciones de filtrado, para obtener datos de mayor pureza y disminuir el margen de error.

A continuación se detallan las dos técnicas aplicadas: el algoritmo de reconstrucción “Local Maximum Fitting” y el filtrado de frecuencias no deseadas por medio de la “Transformada de Fourier”.

4.3.1. Algoritmo de Reconstrucción

La presencia de nubes, niebla o nieve en los píxeles de una imagen satelital introducen errores en la medición y cálculo de NDVI. Surge entonces la necesidad de filtrar los datos, quitando todo el posible “ruido”.

Para llevar a cabo la tarea, se implementó el algoritmo “Local Maximum Fitting” (LMF) [10], que tiende a excluir los datos anormales.

Dado que tanto las nubes, niebla y nieve, tienden a ser brillantes en el rojo, y oscuras en el infrarrojo cercano, generan valores bajos de NDVI en los píxeles

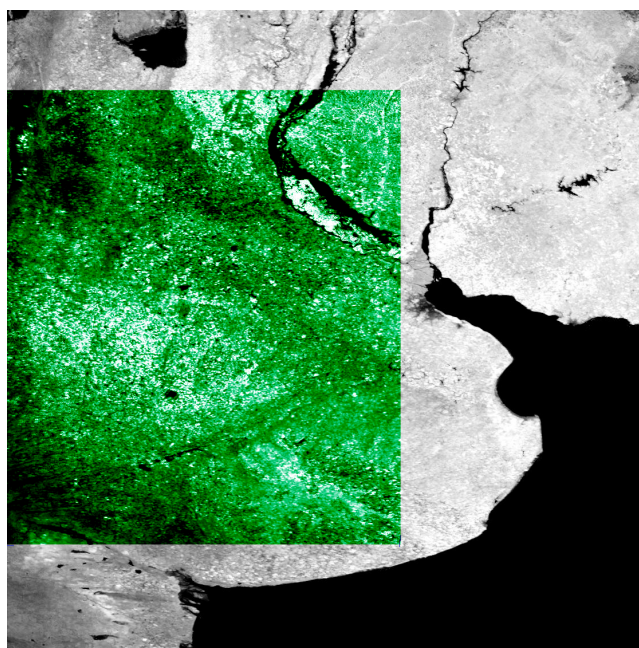


Fig. 4.9: Región geográfica de la República Argentina. La zona marcada con verde corresponde al campo de estudio del Modelo Temporal.

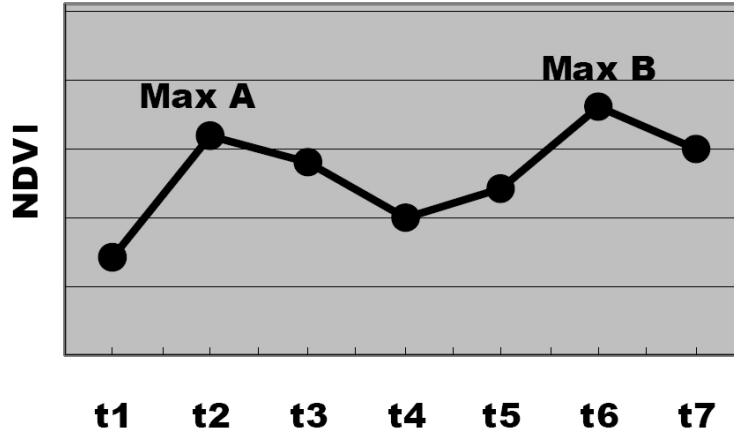


Fig. 4.10: Local Maximum Fitting

que cubren total o parcialmente. Por esa razón LMF filtra a través del cálculo de los máximos más ajustados.

Se utilizan series temporales de NDVI, efectuando una depuración por píxel, para la totalidad de píxeles de la imagen.

Su aplicación a cada píxel, consiste en los siguientes pasos:

Sean $t_1 \dots t_7$ valores NDVI para un píxel en los tiempos $1 \dots 7$; y t'_4 el valor NDVI ya filtrado.

$$\begin{aligned}
 A &= \text{MAX}(t_1, t_2, t_3, t_4) \\
 B &= \text{MAX}(t_4, t_5, t_6, t_7) \\
 t'_4 &= \text{MIN}(A, B)
 \end{aligned}$$

Notar que para filtrar una determinada escena de valores NDVI, se requieren tres mediciones anteriores y tres posteriores a la que se desea purificar. Por ende, para cada píxel a filtrar se requieren siete valores, es decir que para obtener el valor de NDVI filtrado de un punto es necesario contar con siete mediciones del satélite.

Implementación de Local Maximum Fitting

En este trabajo se decidió implementar la aplicación de LMF a series anuales.

Se cuenta con tres matrices de datos de NDVI por mes (dado que el satélite sensa cada diez días) y por consiguiente, treinta y seis matrices por año. Debido a la forma en que se realiza el filtrado, se requieren seis mediciones más, tres correspondientes al final del año anterior a filtrar y tres del comienzo del año siguiente. O sea que la totalidad es de cuarenta y dos matrices.

Cada una de ellas tiene una dimensión de setecientas columnas y ochocientas filas, es decir quinientos sesenta mil elementos.

A continuación se presenta el pseudo-código de la depuración de un año:

```
// Valores NDVI de entrada
NDVI01[560000];
.
.
.
NDVI42[560000];

for idx = 1 to 560000 do

    // NDVIpixel contiene los 42 valores de NDVI de un píxel
    NDVIpixel[1] = NDVI01[idx];
        .
        .
        .
    NDVIpixel[42] = NDVI42[idx];

    for k = 1 to 36 do
        A = max(NDVIpixel[k], NDVIpixel[k+1],
                NDVIpixel[k+2], NDVIpixel[k+3]);

        B = max(NDVIpixel[k+3], NDVIpixel[k+4],
                NDVIpixel[k+5], NDVIpixel[k+6]);

        NDVIpixel_depurados[k] = min(A,B);
    endfor

    // Valores NDVI depurados de salida
    NDVI01_depurado[idx] = NDVIpixel_depurados[1];
        .
        .
        .
    NDVI36_depurado[idx] = NDVIpixel_depurados[36];

endfor
```

La implementación se llevó a cabo en IDL Versión 5.5 Research System. Esta decisión se basó en la agilidad y facilidad con el que maneja grandes matrices de datos.

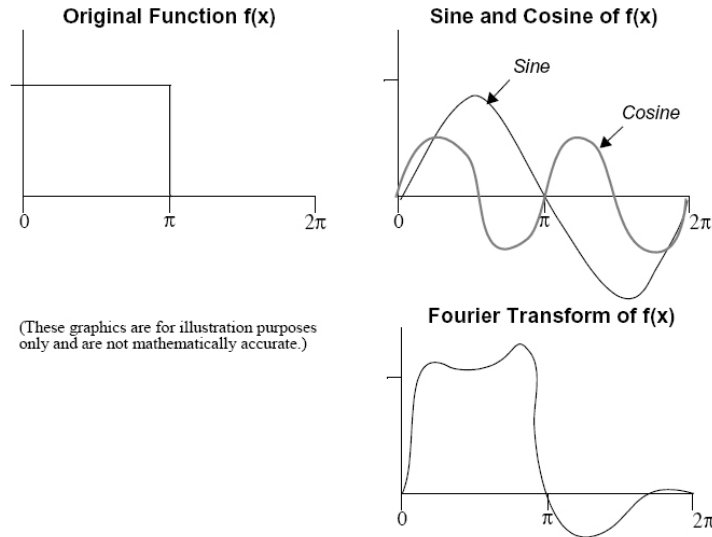


Fig. 4.11: Transformada de Fourier

4.3.2. Transformada de Fourier

La Transformada de Fourier (TF) es una transformación lineal que hace corresponder a una función integrable f (con valores reales o complejos y definida en la recta), otra función \hat{f} definida de la siguiente forma:

$$\hat{f}(\xi) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^{+\infty} f(x) e^{-i\xi x} dx \quad (4.1)$$

donde i es la unidad imaginaria.

En procesamiento de señales, TF se aplica para la decomposición de una señal en componentes de distintas frecuencias, o sea, \hat{f} corresponde al espectro de frecuencias de la señal f . Es decir, que se utiliza para pasar una señal al dominio de la frecuencia, para así obtener información que no es evidente en el dominio del tiempo.

Esta transformación se basa en que una señal periódica se puede descomponer en una serie de Fourier, es decir una suma de senos, cosenos y sus coeficientes (Ver Figura 7).

Para su utilización práctica fue desarrollada la Transformada de Fourier Discreta, para dominios finitos. Asimismo, posee una versión muy eficaz denominada Transformada Rápida de Fourier, que es la empleada en el presente trabajo.

$$F(u) = \frac{1}{N} \sum_{x=0}^{N-1} f(x) e^{-\frac{i2\pi ux}{N}} \quad (4.2)$$

donde $u = 0 \dots N - 1$

Transformada de Fourier Discreta

Una vez descompuesta la información según Fourier, es posible editarla para reducir el ruido y eliminar características periódicas como el rayado, vibraciones y manchas. Dado que estas corresponden a las frecuencias más altas, al filtrado se lleva a cabo eliminándolas, teniendo en cuenta que se encuentran en los valores centrales de la descomposición.

Finalmente, se aplica la Transformada de Fourier Inversa, para convertir nuevamente los datos a su dominio original, obteniendo una versión filtrada de los mismos.

$$\check{f}(\xi) = \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_{-\infty}^{+\infty} f(x) e^{i\xi x} dx \quad (4.3)$$

Transformada de Fourier Inversa

$$f(x) = \sum_{u=0}^{N-1} F(u) e^{\frac{i2\pi ux}{N}} \quad (4.4)$$

Transformada de Fourier Discreta Inversa

Implementación del filtro por medio de las Transformadas de Fourier

La ejecución del filtro se realiza sobre la serie de datos una vez que han sido depurados por LMF.

Se cuentan con treinta y seis matrices de valores NDVI por año, y la Transformada Rápida de Fourier (TRF) y la Transformada Rápida de Fourier Inversa (TRFI) se ejecutan sobre los valores que toma un píxel en cada una de ellas.

A continuación se presenta el pseudo-código de la depuración de un año:

```
// Valores NDVI de entrada
```

```
NDVI01[560000];
```

```
.  
.
.
```

```
NDVI36[560000];

for idx = 1 to 560000 do

    // NDVIpixel contiene los 36 valores de NDVI de un píxel

    NDVIpixel[1] = NDVI01[idx];
        .
        .
        .
    NDVIpixel[36] = NDVI36[idx];

    // frecuencias es un array que está ordenado de la
    // misma manera que la mayoría de las TFD.
    // Donde frecuencias[0] contiene el componente de
    // frecuencia cero, frecuencias[1] la frecuencia
    // positiva más pequeña distinta de cero...
    // Las frecuencias negativas se almacenan en sentido
    // inverso que las positivas, osea del valor más alto
    // al más pequeño.

    frecuencias = TRF(NDVIpixel);

    // Límites del rango de frecuencias que se eliminarán
    // para suavisar los datos NDVI
    limInf = 36/2 + 10;
    limSup = 36 - limInf;

    // Eliminación de las altas frecuencias
    for k = limInf to limSup do
        frecuencias[k] = 0;
    endfor

    NDVIpixel_depurados = TRFI(frecuencias);

    // Valores NDVI depurados de salida

    NDVI01_depurado[idx] = NDVIpixel_depurados[1];
        .
        .
        .
    NDVI36_depurado[idx] = NDVIpixel_depurados[36];

endfor
```

La implementación se ejecutó en IDL Versión 5.5 Research System, al igual que en LMF, por el excelente manejo de matrices y además por contar con rutinas que aplican TFR y TFRI de manera sencilla y eficiente.

5. MODELO ESPACIAL

El modelo espacial estima la distribución de roedores *Calomys musculinus* sobre una determinada región geográfica. Efectuando un análisis de las características ecológicas de dicha área y de los hábitat predilectos de la especie portadora del virus de la FHA, es posible identificar los puntos con mayor densidad poblacional de ratones, y por ende, posibles focos de infección.

Dada la complejidad de sistemas naturales como este (que comunmente contienen muchos componentes e interacciones), resulta dificultoso construir modelos realistas que aproximen adecuadamente los fenómenos de la naturaleza. Por ello, se utilizan modelos simples basados en reglas, como los autómatas celulares, para simular problemas de grandes escalas.

En este caso se utiliza como modelo espacial un autómata celular que forma parte de los proyectos institucionales para la generación de nuevas herramientas de vigilancia epidemiológica, donde han participado el Instituto Gulich - Comisión Nacional de Actividades Espaciales, Instituto Nacional de Enfermedades Virales Humanas “Dr. Julio Maiztegui”, ANLIS “Dr. Carlos G. Malbrán”, Universidad Nacional de Córdoba y Universidad Nacional de Río Cuarto. El desarrollo del mismo ha sido hecho por Polop J., Provencal C., Simone I., Lamfri M. y Scavuzzo C.M.

5.1. *Autómatas Celulares*

El motivo de esta sección es brindar el marco teórico necesario para la comprensión del modelo implementado. Por ende, se comentarán la definición, surgimiento, características esenciales, funcionalidades y usos de los Autómatas Celulares.

5.1.1. *Definición*

Los Autómatas Celulares (A.C.) son modelos matemáticos que modelan, en pasos discretos de tiempo, la evolución de un sistema dinámico. Han surgido como una forma de describir comportamientos complejos a partir de descripciones simples, razón por la cual se ha visto en ellos un sistema ideal para modelar fenómenos naturales [15].

Consisten de una colección de células sobre una grilla de forma específica, que evoluciona a través de varios pasos de tiempo discretos según un juego de reglas basado en los estados de células vecinas [16].

De una manera más formal se definen sus componentes básicos como:

- Un espacio n -dimensional, infinitamente extendido, que se divide en sub-espacios homogéneos conocidos como células o celdas. Se le da el nombre de lattice.
- Un conjunto finito o numerable Σ , que reúne los estados de las células.
- Una configuración inicial C_0 , que establece el estado inicial de cada celda dentro de la grilla.
- Una relación de vecindad V , que caracteriza cada célula, brindado para cada una un conjunto finito de células en las cercanías de la misma.
- Una función de transición F , aplicada a todas las células de la cuadrícula, que toma como argumentos los valores de una célula y los valores de sus vecinos, y retorna el nuevo valor que tendrá la célula en la siguiente etapa de tiempo. F se aplica de forma homogénea a todas las células, por cada paso discreto de tiempo.

Asimismo, según Toffoli y Margolus [18], se define un A.C. sólo si se tiene que todas las celdas poseen iguales Σ , V y F .

5.1.2. Reseña Histórica

El desarrollo de los A.C. se remonta a 1943 cuando John von Neumann consideró la posibilidad de generación de vida artificial, tratando de desarrollar una máquina con la capacidad de construir otras a partir de sí misma. Por sugerencia de Stanislaw Ulam, von Neumann utilizó patrones, en una cuadrícula en el plano, que evolucionan según una regla de transformación fija. Así, el problema de autorreproducción mecánica se redujo a la búsqueda de ciertas configuraciones que, con la aplicación de la regla, dieran lugar a copias idénticas [15].

A partir de este antecedente, el estudio de los A.C. se expandió a diversas áreas.

En 1970 se da a conocer, en la revista *Scientific American*, el autómata más popular hasta el momento, el Juego de la Vida (Life), por John Horton Conway. Este se basaba en una grilla bidimensional, en los que cada celda tiene dos posibles valores: “viva” o “muerta”; y la función de transición consiste en:

- Una célula viva con dos o tres células vecinas vivas, sobrevive a la siguiente generación.
- Una célula muerta con tres células vecinas vivas revive en la siguiente generación.
- Cada célula viva con ninguna, una, o más de tres células vivas a su alrededor pasa a estar muerta, por aislamiento o sobrepoblación.

Posteriormente, en la década de los '80 del siglo XX, Stephen Wolfram, hizo importantes aportes a través de numerosas investigaciones sobre el comportamiento cualitativo de los A.C.

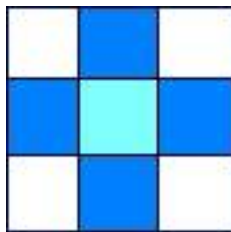


Fig. 5.1: Vecindad de von Neumann

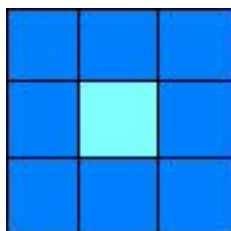


Fig. 5.2: Vecindad de Moore

5.1.3. Características y Variantes

Los A.C. son entidades matemáticas que aceptan gran cantidad de variaciones a sus compotentes, lo cual permite que sea posible adaptarlos a cada problema particular.

Una de las cualidades más importantes es el tipo de grilla sobre el cual se realiza el modelado. Esta acepta varias formas y dimensiones; desde la simple que consiste en una línea unidimensional, de dos dimensiones en forma de cuadrado, triángulo o hexágono, o estructuras cartesianas más complejas de dimensiones variables.

Otra de las características al hablar de autómatas celulares es la relación de vecindad. Las más empleadas, primordialmente en lattice bidimensionales, son la “vecindad de von Neumann” que considera una célula central $X_{(i,j)}$ que tiene como vecinos a las células $X_{(i,j+1)}$, $X_{(i,j-1)}$, $X_{(i+1,j)}$ y $X_{(i-1,j)}$ (sus vecinos más próximos: arriba, abajo y a los lados); y la “vecindad de Moore” que agrega a la anterior las celdas diagonales, obteniendo un total de ocho vecinos.

Si bien de manera teórica los A.C. poseen una lattice infinita, al llevarlos a la práctica y a los sistemas de cómputo reales, es preciso acotar sus límites. Por ende, surge la necesidad de definir el comportamiento de la vecindad en aquellas células que se encuentren en los bordes de la grilla. De esta manera, surgen las denominadas “condiciones de frontera”, que determinan los valores de aquellas células vecinas a las del borde.

Se han establecido cuatro posibilidades:

- Frontera periódica: supone a la lattice como si sus extremos se tocaran.

- Frontera reflectora: considera que las células externas a la lattice reflejan los valores de las internas. Por lo tanto, una célula que estuviera junto al borde de la lattice, fuera de ella, valdría lo mismo que la célula que este junto al borde de la lattice, dentro de ella.
- Frontera abierta: establece que todas las células ajenas a la lattice poseen un valor fijo. Por ejemplo, en el juego de la vida y otros A.C. con dos estados, una frontera se dice fría si las células fuera de la frontera se consideran muertas y caliente si se consideran vivas.
- Sin frontera: se basa en una lattice de crecimiento dinámico, en la que cada vez que las células deben interactuar con células externas, aumenta su tamaño. Naturalmente, existe un límite impuesto por la memoria disponible. Es importante aclarar que esto no significa un acercamiento a la definición teórica de A.C. en el que la grilla es infinita, pues la lattice comienza con un tamaño definido y finito, y según sea necesario va creciendo en el tiempo, a partir de la inicialización de las células de la grilla inicial finita, mientras que en el caso de la definición original, todas las celdas de la lattice infinita deberían ser inicializadas.

Si bien gran parte de la teoría desarrollada corresponde a A.C. que evolucionan de acuerdo a reglas determinísticas, es posible incluir elementos probabilísticos en la dinámica de evolución, adoptando una función de transición no homogénea, que incluye elementos aleatorios. Esto da lugar al surgimiento de los llamados autómatas celulares estocásticos, que permiten modelar fenómenos naturales de una forma más precisa.

5.1.4. Aplicaciones

Todo sistema físico caracterizado por una gran cantidad de componentes homogéneos que interactúen entre sí, puede ser simulado por un autómata celular.

Por ello son numerables las áreas en las que se han utilizado. Por ejemplo, en la Teoría de la Computación han aportado a la investigación del procesamiento paralelo y de imágenes, en Biología han sido utilizados en cuestiones relativas a evolución de células o virus y a la Genética, en Física a numerosos problemas como la dinámica de fluidos, en Química para modelar reacciones de difusión, en Medicina para la simulación del crecimiento de epidemias, y también se han empleado en el desarrollo de juegos.

5.2. Autómata Celular de Dispersión de Roedores

Ya presentado en la sección anterior el marco teórico de los autómatas celulares, se procede a hablar del utilizado en este trabajo de grado.

5.2.1. Descripción

Se trata de un autómata celular que en cada transición de tiempo calcula el “movimiento” de roedores en una determinada área; permitiendo estimar la dis-

tribución espacial de *Calomys musculinus* en un paisaje rural real. Utiliza reglas obtenidas del conocimiento ecológico de la especie y argumentos estadísticos [11].

Los componentes del A.C. son:

- Lattice: se trata de una matriz bidimensional, cuyas dimensiones son iguales a las de la imagen satelital de la zona en la que se desea investigar la dispersión de roedores. Cada una de sus celdas representa una área geográfica $30 m^2$, es decir un píxel de la escena satelital. Esta grilla es llamada zona.
- Conjunto de estados Σ : los estados de las células guardan la densidad poblacional de ratones de un punto de la imagen. Se trata de valores de números flotantes positivos entre cero y cien.
- Configuración inicial C_0 : inicialmente se distribuyen aleatoriamente valores de densidades entre cero y cuarenta y dos.
- Relación de vecidad V : corresponde a la de von Neumann, es decir los vecinos inmediatos arriba, abajo y a los costados de cada celda.
- Función de transición: la evolución del sistema está sujeta a cálculos probabilísticos sobre celdas vecinas, teniendo en cuenta las bondades ecológicas de las mismas y cuan ocupadas están.

Cada transición afecta todas las células de la grilla, efectuando los siguientes pasos sobre cada una:

Sea c_1 una célula perteneciente a zona.

1. Se elige de manera aleatoria entre uno de los vecinos de c_1 . Llamaremos al mismo c_2 .
2. Se calcula cuan ocupada está c_1 y cuan libre está c_2 .
Para llevar a cabo esta operación se deben conocer las densidades de ambas células, es decir sus estados en la lattice zona, como también sus capacidades de carga, osea la mayor densidad posible según las características ecológicas de los puntos representados por las celdas.
3. Según los valores obtenidos en el paso anterior, se elabora una probabilidad de movimiento, es decir un índice que señala que tan factible es el intercambio poblacional de c_1 a c_2 .
4. Si el índice anterior supera cierto límite fijo, c_1 disminuirá su densidad poblacional en cierta cantidad que pasará a aumentar la densidad en c_2 . En caso contrario sus estados no son afectados.

Para más detalles sobre los cálculos realizados ver la especificación formal en el lenguaje Z.

Como se evidenció es un autómata celular estocástico, pues sus transiciones se basan en aspectos probabilísticos, e incluso aleatorios (en la elección del vecino con el cual se analizará la posibilidad de intercambio).

5.3. Especificación en Z

A continuación se presenta la especificación formal del modelo espacial, correspondiente al autómata descrito anteriormente.

Se declara el tipo básico CELDA, que es la representación de una celda, es decir un punto dentro del espacio físico donde se analiza la distribución de roedores.

[*CELDA*]

Cada celda tendrá asociado un valor que estime la densidad poblacional de ratones, presente o posible, en la misma. Entonces, se declara DENSIDAD_ROEDORES como un tipo.

Por las características propias de la densidad, es propio definirla como un conjunto de números racionales (Q). Es importante aclarar que Z no lo provee. Sin embargo, por cuestiones de entendimiento y claridad se supondrá válida su inclusión y la de sus respectivas operaciones, sin especificarlas previamente, por considerarse que no es una tarea que aporte a la comprensión de la aplicación a desarrollar.

$$DENSIDAD_ROEDORES == Q$$

A continuación se presenta el estado del sistema, donde:

- **zona** es una función que establece la densidad de roedores presente en cada celda. Es parcial, pues no considera toda celda; sino sólo las pertenecientes a la zona donde se analiza la distribución de ratones.
- **capCarga** es una función que determina la máxima densidad de roedores posible en cada celda. Al igual que en el caso anterior, es parcial pues sólo tiene en cuenta las densidades de una cierta zona.
- **vecinos** es una relación que dada una celda devuelve todas sus celdas vecinas.

El invariante del estado captura los siguientes conceptos:

1. El espacio físico donde se estudia la distribución tiene un tamaño mayor a un punto.
2. Debe conocerse la capacidad de carga de toda celda que pertenezca al espacio donde se estudia la dispersión. Por ende, zona y capCarga relacionan el mismo conjunto de celdas.
3. Existe una relación de vecindad entre las celdas de zona, en la que cada una posee al menos un vecino.
4. Una celda no es vecina de sí misma.

<p><i>ModeloEspacial</i></p> <p>$zona : CELDA \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$ $capCarga : CELDA \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$ $vecinos : CELDA \leftrightarrow CELDA$</p> <hr/> <p>$\# \text{dom}(zona) > 1$ $\text{dom}(zona) = \text{dom}(capCarga)$ $\text{dom}(vecinos) = \text{ran}(vecinos) = \text{dom}(zona)$ $\forall c : CELDA \bullet c \notin \text{vecinos}(\{c\})$</p>

A través de definiciones axiomáticas se definen las constantes:

- **maxDensidad**, el máximo valor de densidad de ratones que inicialmente podrá tener una celda de zona.
- **limiteProb**, el umbral que deberá superarse para efectuar un cambio en la densidad de un punto; ya que cada transición del autómata representado en este modelo, se gobierna según una probabilidad de movimiento que se compara con este límite.

$maxDensidad : Q$
$maxDensidad = 42$

$limiteProb : Q$
$limiteProb = 0,2$

Se declara el tipo REPORTE, encargado de la comunicación de los resultados, erróneos o correctos, de cada operación.

$REPORTE ::= Ok \mid NoEsFuncion \mid DimensionNoValida \mid$
 $VecinosNoValidos \mid ZonaFueraDeRango \mid$
 $CeldasDiferentes$

Existen dos operaciones que inicializan el estado; sus diferencias radican en cómo se realiza la distribución poblacional inicial. Mientras que la capacidad de carga y la relación de vecindad se fijan por entrada de variables en ambos casos.

En la primera operación, ingresa un conjunto de celdas ($z?$) que debe ser subconjunto del dominio de la capacidad de carga ingresada ($cc?$). Entonces, zona es inicializada de forma tal que su dominio coincide con el de $cc?$ y su rango se constituye de la siguiente forma:

A celdas que se encuentren en $z?$ se les asigna densidad al azar. Por ello, se define una función que asocia a cada celda un valor, teniendo como única condición que sea mayor igual a cero y menor igual a maxDensidad.

$$\begin{array}{|l}
\text{densidadAleatoria} : CELDA \rightarrow DENSIDAD_ROEDORES \\
\hline
\forall c : CELDA \bullet \text{densidadAleatoria}(c) \in \\
\{d : DENSIDAD_ROEDORES \mid \\
0 \leq d \leq \text{maxDensidad}\}
\end{array}$$

A las restantes celdas del dominio de zona se les asigna cero.

$$\begin{array}{|l}
\text{IniciaME_Ok1} \\
\hline
\text{ModeloEspacial} \\
cc? : \mathbb{F}_1(CELDA \times DENSIDAD_ROEDORES) \\
z? : \mathbb{F}_1(CELDA) \\
v? : \mathbb{F}_1(CELDA \times CELDA) \\
rep! : REPORTE \\
\hline
\# \text{dom}(cc?) = \# cc? \\
\# \text{dom}(cc?) > 1 \\
z? \subseteq \text{dom}(cc?) \\
\text{dom}(v?) = \text{ran}(v?) = \text{dom}(cc?) \\
\forall (c_1, c_2) \in v? \bullet c_1 \neq c_2 \\
capCarga' = cc? \\
vecinos' = v? \\
zona' = \{c \in z? \bullet c \mapsto \text{densidadAleatoria}(c)\} \cup \\
\{c \in \text{dom}(cc?) \setminus z? \bullet c \mapsto 0\} \\
rep! = Ok
\end{array}$$

En la segunda operación de inicialización, la distribución ingresa directamente como una variable ($z?$).

IniciaME_Ok2

ModeloEspacial

$cc? : \mathbb{F}_1(CELDA \times DENSIDAD_ROEDORES)$

$z? : \mathbb{F}_1(CELDA \times DENSIDAD_ROEDORES)$

$v? : \mathbb{F}_1(CELDA \times CELDA)$

$rep! : REPORTE$

$\# \text{dom}(cc?) = \#cc?$

$\# \text{dom}(cc?) > 1$

$\text{dom}(z?) = \text{dom}(cc?)$

$\text{dom}(v?) = \text{ran}(v?) = \text{dom}(cc?)$

$\forall (c_1, c_2) \in v? \bullet c_1 \neq c_2$

$capCarga' = cc?$

$vecinos' = v?$

$zona' = z?$

$rep! = Ok$

Existen tres casos en los que las dos operaciones iniciales resultan erróneas.

El primero, si la capacidad de carga ingresada no simboliza una función. Por ejemplo, asignándole a una misma celda dos valores del conjunto DENSIDAD_ROEDORES.

IniciaME_E1

ModeloEspacial

$cc? : \mathbb{F}_1(CELDA \times DENSIDAD_ROEDORES)$

$rep! : REPORTE$

$\# \text{dom}(cc?) \neq \#cc?$

$rep! = NoEsFuncion$

El segundo, si la zona ingresada posee una dimensión menor a una celda.

IniciaME_E2

ModeloEspacial

$cc? : \mathbb{F}_1(CELDA \times DENSIDAD_ROEDORES)$

$rep! : REPORTE$

$\# \text{dom}(cc?) \leq 1$

$rep! = DimensionNoValida$

El tercero, si la relación de vecindad es inválida según el invariante del estado.

<p><i>IniciaME_E3</i></p> <p><i>ModeloEspacial</i></p> <p>$v? : \mathbb{F}_1(\text{CELDA} \times \text{CELDA})$</p> <p>$rep! : \text{REPORTE}$</p>
<p>$(\exists(c_1, c_2) \in v? \bullet c_1 = c_2) \vee \neg(\text{dom}(v?) = \text{ran}(v?) = \text{dom}(cc?))$</p> <p>$rep! = \text{VecinosNoValidos}$</p>

$$\text{IniciaME_ErrComunes} \hat{=} \text{IniciaME_E1} \vee \text{IniciaME_E2} \vee \text{IniciaME_E3}$$

Una vez definidos los errores comunes, se detallan los propios de cada operación.

Para *IniciaME_Ok1*, la condición errónea ocurre cuando para armar zona se ingresan celdas que no son parte del espacio considerado por la capacidad de carga.

<p><i>IniciaME_E4</i></p> <p><i>ModeloEspacial</i></p> <p>$cc? : \mathbb{F}_1(\text{CELDA} \times \text{DENSIDAD_ROEDORES})$</p> <p>$z? : \mathbb{F}_1(\text{CELDA})$</p> <p>$rep! : \text{REPORTE}$</p>
<p>$z? \not\subseteq \text{dom}(cc?)$</p> <p>$rep! = \text{ZonaFueraDeRango}$</p>

En el caso *IniciaME_Ok2*, se distinguen dos situaciones fallidas.

La primera, cuando la zona y la capacidad de carga no representan el mismo espacio físico, relacionando diferentes celdas.

<p><i>IniciaME_E5</i></p> <p><i>ModeloEspacial</i></p> <p>$cc? : \mathbb{F}_1(\text{CELDA} \times \text{DENSIDAD_ROEDORES})$</p> <p>$z? : \mathbb{F}_1(\text{CELDA} \times \text{DENSIDAD_ROEDORES})$</p> <p>$rep! : \text{REPORTE}$</p>
<p>$\text{dom}(z?) \neq \text{dom}(cc?)$</p> <p>$rep! = \text{CeldasDiferentes}$</p>

La segunda, si la zona ingresada no simboliza una función.

$IniciaME_E6$ <hr/> $ModeloEspacial$ $z? : \mathbb{F}_1(CELDA \times DENSIDAD_ROEDORES)$ $rep! : REPORTE$ <hr/> $\# \text{ dom}(z?) \neq \# z?$ $rep! = NoEsFuncion$
--

Ya determinadas todas las situaciones, se declaran las operaciones de error de cada caso.

$$IniciaME_Error1 \hat{=} IniciaME_ErrComunes \vee IniciaME_E4$$

$$IniciaME_Error2 \hat{=} IniciaME_ErrComunes \vee IniciaME_E5 \vee IniciaME_E6$$

Finalmente, se definen las operaciones totales de inicialización.

$$IniciaME1 \hat{=} IniciaME_Ok1 \vee IniciaME_Error1$$

$$IniciaME2 \hat{=} IniciaME_Ok2 \vee IniciaME_Error2$$

Ya iniciado el sistema, se lo modifica por medio de transiciones. En cada una de ellas se evalúa el intercambio de roedores sobre todas las células de la zona investigada.

Entre dos celdas vecinas la probabilidad de movimiento es proporcional a la fracciones ocupadas y libres de cada una. La fracción ocupada corresponde a la densidad de roedores presente en la celda (función zona) dividida su capacidad de carga (función capCarga); mientras que la fracción libre es la inversa de la anterior.

El intercambio poblacional se efectúa si se supera tal probabilidad (limiteProb); osea, si se determina que es beneficioso que un grupo de roedores abandone un punto por otro más favorable.

Transicion

Δ *ModeloEspacial*

$c_1 : \text{seq CELDA}$

$c_2 : \text{seq CELDA}$

$\text{zona_local} : \text{seq (CELDA} \leftrightarrow \text{DENSIDAD_ROEDORES)}$

$n : \mathbb{N}$

$\text{rep!} : \text{REPORTE}$

$\#c_1 = \#c_2 = \# \text{dom}(\text{zona})$

$\forall i \in \text{dom}(c_1) \bullet (c_1(i), c_2(i)) \in \text{vecinos}$

$n = \# \text{dom}(\text{zona}) + 1$

$\text{zonaLocal}(0) = \text{zona}$

$\text{zonaLocal}(i + 1) =$

if

$\text{mín}(1, \frac{\text{zona}(c_1(i+1))}{\text{capCarga}(c_1(i+1))}) * (1 - \text{mín}(1, \frac{\text{zona}(c_2(i+1))}{\text{capCarga}(c_2(i+1))})) \geq \text{limiteProb}$

then

$\text{zonaLocal}(i) \oplus$

$\{(c_1(i + 1) \mapsto \text{zona}(c_1(i + 1)) - \text{mín}(\text{zona}(c_1(i + 1)), \frac{\text{mín}(1, \frac{\text{zona}(c_1(i+1))}{\text{capCarga}(c_1(i+1))}) * (1 - \text{mín}(1, \frac{\text{zona}(c_2(i+1))}{\text{capCarga}(c_2(i+1))})) * \text{zona}(c_1(i+1))}{3}), (c_2(i + 1) \mapsto \text{zona}(c_2(i + 1)) + \text{mín}(\text{zona}(c_1(i + 1)), \frac{\text{mín}(1, \frac{\text{zona}(c_1(i+1))}{\text{capCarga}(c_1(i+1))}) * (1 - \text{mín}(1, \frac{\text{zona}(c_2(i+1))}{\text{capCarga}(c_2(i+1))})) * \text{zona}(c_1(i+1))}{3})\}$

else

$\text{zonaLocal}(i)$

$\text{zonaLocal}(n) = \text{zona}'$

$\text{capCarga}' = \text{capCarga}$

$\text{vecinos}' = \text{vecinos}$

$\text{rep!} = \text{Ok}$

La operación finalmente se define de la siguiente manera:

$\text{TransicionME} \hat{=} \text{Transicion} \setminus (c_1, c_2, \text{zonaLocal}, n)$

6. MODELO TEMPORAL

El modelo temporal simula la dinámica poblacional de ratones *Calomys musculinus* y su infección con FHA, a lo largo del tiempo. Fue desarrollado conjuntamente por X. Porcasi, G. Calderón, M. Lamfri, N. Gardenal, J. Polop, M. Sabattini y C.M. Scavuzzo, un grupo de investigadores de CONAE y UNRC.

Constituye una continuación del modelo que expusieron en el artículo “The use of satellite data in modeling population dynamics and prevalence of infection in the rodent reservoir of Junin virus” [1].

Está basado en las ecuaciones propuestas por Kirchner y Roy (1999) para describir la dinámica temporal de una especie. Presenta un estudio teórico sobre los efectos de la longevidad en las poblaciones de individuos infectados y no infectados.

Kirchner y Roy asumen que existen dos subpoblaciones, “X” representando los no infectados e “Y” los infectados.

Sus ecuaciones temporales para son:

$$\frac{dX}{dt} = \underbrace{\alpha(1-N)X}_{\text{nacimientos}} - \underbrace{\beta XY}_{\text{infección}} - \underbrace{\frac{X}{\tau}}_{\text{muerte}}$$

$$\frac{dY}{dt} = \beta XY - \frac{Y}{\tau m}$$

Donde :

- N es el tamaño total de la población de roedores *Calomys musculinus*. Por lo tanto $(1 - N)$, es la fracción libre de la capacidad de carga (capaz de ser ocupada por nuevos nacimientos).
- τ es el máximo tiempo de vida medio (tanto de roedores infectados como no infectados).
- α es la potencial tasa reproductiva per capita.
- β es el número promedio de roedores que puede infectar uno infectado durante su vida.
- m es la tasa de mortalidad. En el caso de *C. musculinus* es igual a 1, pues la infección con el virus JUNV no afecta negativamente a esta especie.

A estas ecuaciones, los autores del artículo decidieron agregar una que considere a los individuos inmunizados. Pues estudios de laboratorio revelan que algunos de los roedores infectados con JUNV no pueden infectar a otros ni reinfectarse nuevamente. Teniendo en cuenta el índice de inmunización γ , se obtiene:

$$\frac{dZ}{dt} = \gamma Y - \frac{Z}{\tau m}$$

Posteriormente a la publicación de dicho documento, los autores continuaron trabajando, dando origen a un modelo que distinguiera el fenómeno por edades. Es decir, que la población de roedores se divide ahora según las siguientes ecuaciones, que rigen su dinámica temporal:

- Jóvenes sanos (X_j)

$$\frac{dX_j}{dt} = \underbrace{\alpha(1-N)\left(X_{aj} + \frac{X_a}{2} + Z_{aj} + \frac{Z_a}{2}\right)}_{\text{nacimientos}} - \underbrace{\frac{X_j}{\tau_c}}_{\text{crecimientos}} - \underbrace{\beta X_j \frac{Y_j + Y_{aj} + Y_a}{4}}_{\text{infecciones}} - \underbrace{\frac{X_j}{\tau_j}}_{\text{muertes}}$$

En el término correspondiente a **nacimientos**, X_a y Z_a se encuentran divididos porque su capacidad reproductiva es menor a la de roedores adultos jóvenes.

Por otra parte, en **infecciones**, $Y_j + Y_{aj} + Y_a$ se divide, pues los roedores jóvenes tienen menor movilidad, y por consiguiente, menor probabilidad de contraer la infección. Por ejemplo, los ratones pequeños no participan en peleas (una de las formas en la que el virus ingresa a un nuevo huésped).

- Adultos jóvenes sanos (X_{aj})

$$\frac{dX_{aj}}{dt} = \underbrace{\frac{X_j}{\tau_c}}_{\text{nuevos}} - \underbrace{\frac{X_{aj}}{\tau_c}}_{\text{crecimientos}} - \underbrace{\beta X_{aj}(Y_j + Y_{aj} + Y_a)}_{\text{infecciones}} - \underbrace{\frac{X_{aj}}{\tau_{aj}}}_{\text{muertes}}$$

El término **nuevos**, refiere a la proporción de roedores jóvenes que crecieron y pasaron a formar parte del grupo de adultos jóvenes.

- Adultos sanos (X_a)

$$\frac{dX_a}{dt} = \underbrace{\frac{X_{aj}}{\tau_c}}_{\text{nuevos}} - \underbrace{\beta X_a(Y_j + Y_{aj} + Y_a)}_{\text{infecciones}} - \underbrace{\frac{X_a}{\tau_a}}_{\text{muertes}}$$

- Jóvenes infectados (Y_j)

$$\frac{dY_j}{dt} = \underbrace{-\frac{Y_j}{\tau_c}}_{\text{crecimientos}} + \underbrace{\beta X_j \frac{Y_j + Y_{aj} + Y_a}{4}}_{\text{infecciones}} - \underbrace{\frac{Y_j}{\tau_j}}_{\text{muertes}}$$

- Adultos jóvenes infectados (Y_{aj})

$$\frac{dY_{aj}}{dt} = \underbrace{\frac{Y_j}{\tau_c}}_{\text{nuevos crecimientos}} - \underbrace{\frac{Y_{aj}}{\tau_c}}_{\text{muertes}} + \underbrace{\beta X_{aj}(Y_j + Y_{aj} + Y_a)}_{\text{infecciones}} - \underbrace{\frac{Y_{aj}}{\tau_{aj}}}_{\text{muertes}} - \underbrace{\gamma Y_{aj}}_{\text{inmunizaciones}}$$

- Adultos infectados (Y_a)

$$\frac{dY_a}{dt} = \underbrace{\frac{Y_{aj}}{\tau_c}}_{\text{nuevos}} + \underbrace{\beta X_a(Y_j + Y_{aj} + Y_a)}_{\text{infecciones}} - \underbrace{\frac{Y_a}{\tau_a}}_{\text{muertes}} - \underbrace{\gamma Y_a}_{\text{inmunizaciones}}$$

- Adultos jóvenes inmunizados (Z_{aj})

$$\frac{dZ_{aj}}{dt} = \underbrace{-\frac{Z_{aj}}{\tau_c}}_{\text{crecimientos}} - \underbrace{\frac{Z_{aj}}{\tau_{aj}}}_{\text{muertes}} + \underbrace{\gamma Y_{aj}}_{\text{inmunizaciones}}$$

- Adultos inmunizados (Z_a)

$$\frac{dZ_a}{dt} = \underbrace{\frac{Z_{aj}}{\tau_c}}_{\text{crecimientos}} - \underbrace{\frac{Z_a}{\tau_a}}_{\text{muertes}} + \underbrace{\gamma Y_a}_{\text{inmunizaciones}}$$

Donde :

- N es el tamaño total de la población de roedores *Calomys musculus* $N = X_j + X_{aj} + X_a + Y_j + Y_{aj} + Y_a + Z_{aj} + Z_a$. Es importante aclarar que los máximos valores posibles de los sumandos es uno, ya son fracciones de la capacidad de carga.
- τ_c corresponde al índice de crecimiento, es decir que se refiere a la tasa de individuos que crecerán y pasarán a formar parte de otro grupo.
- τ_j es el máximo tiempo de vida medio de roedores jóvenes.
- τ_{aj} es el máximo tiempo de vida medio de roedores adultos jóvenes.
- τ_a es el máximo tiempo de vida medio de roedores adultos.

Los valores anteriores son válidos tanto para infectados, no infectados e inmunizados.

Son tales ecuaciones las que definen el modelo temporal que se implementó en el presente trabajo.

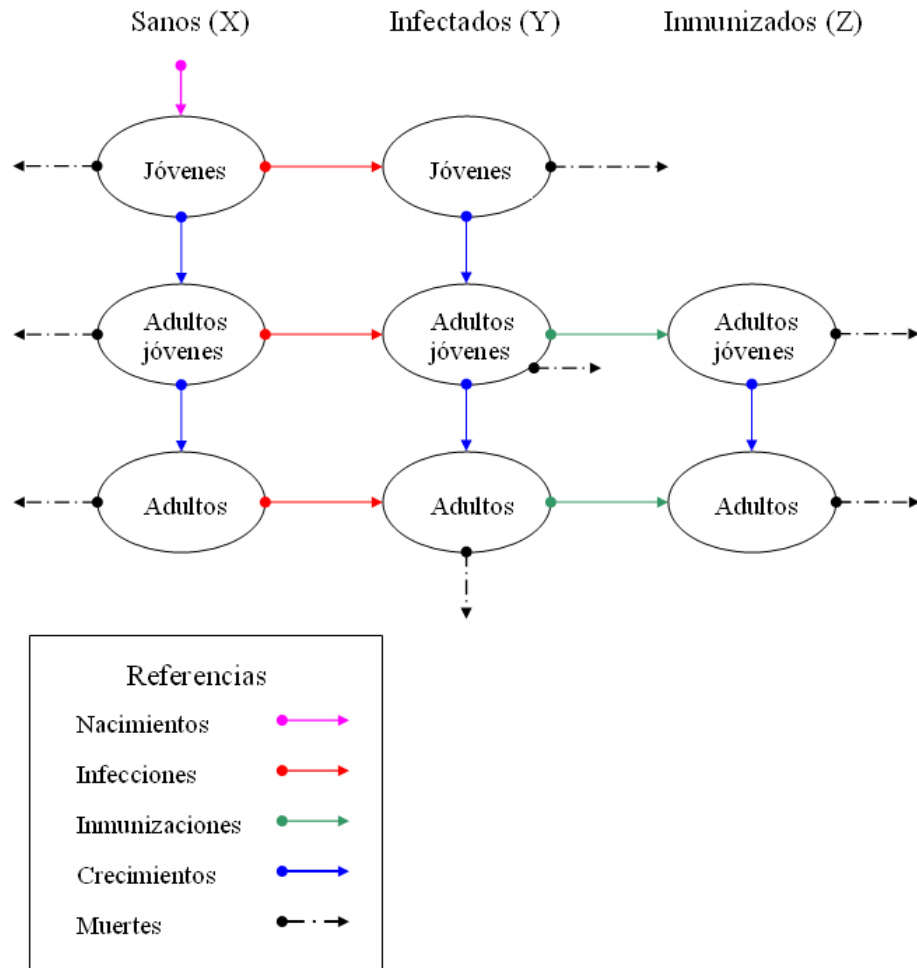


Fig. 6.1: Dinámica poblacional y transmisión viral en roedores *C. Musculus*

6.1. Parámetros

Muchos de los parámetros presentes en las ecuaciones que definen la dinámica poblacional están relacionados a características ambientales. Ya que estas últimas pueden ser sensadas remotamente, se puede establecer una conexión entre datos de origen satelital y condiciones biológicas de las poblaciones de vectores de enfermedades.

En este caso, se emplean valores de NDVI para estimar los parámetros biológicos mencionados. Esto se debe a que ese índice de vegetación integra información ambiental como temperatura y precipitación, que influyen en los parámetros reproductivos y de longevidad del huésped; y también puede dar cuenta de aspectos como comida y refugio.

De esta manera, se asume una dependencia lineal entre el índice de vegetación con el tiempo de vida medio (τ) y la tasa de reproducción (α). Así cuando el NDVI crece (verano) α y τ alcanzan sus máximos valores, y viceversa, cuando el NDVI decrece (invierno) la tasa de nacimientos decrece y la mortalidad aumenta, o sea que α y τ decrecen [1]. Todas estas conclusiones se sostienen con evidencia experimental y trabajo de campo.

6.2. Especificación en Z

Como el modelo temporal consiste en una simulación que brinda información sobre la densidad de roedores en cada paso de tiempo, se definen dos tipos que representan esa información.

```
DENSIDAD_ROEDORES == Q
TIEMPO == N
```

Es importante destacar que se asume cada unidad de tiempo como un día.

Para caracterizar los parámetros del modelo, relacionados a los roedores portadores de FHA, se emplean valores de NDVI sensados por el satélite SPOT. Para representarlos se los declaran como un tipo.

```
VAL_NDVI == {q : Q | -1 ≤ q ≤ 1}
```

Como se puede notar, DENSIDAD_ROEDORES y VAL_NDVI representan números racionales (Q). Esta decisión se basa en las características propias de dichos valores.

Tal como en la especificación del modelo espacial, se los asumirán como existentes en Z.

Los siguientes tres esquemas representan la información primordial del modelo: la densidad poblacional de roedores sanos, infectados e inmunizados.

Cada uno posee información sobre uno de los grupos, dividiéndola según las edades de los ratones.

Cuentan con tres funciones que dan información sobre la densidad de roedores jóvenes, adultos jóvenes y adultos en cada instante de tiempo. Son parciales

pues el modelo “corre” en un intervalo de tiempo determinado, por lo tanto no es necesario conocer la fracción de individuos fuera de ese lapso.

<i>RoedoresSanos</i>
$X_j : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$X_{aj} : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$X_a : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$\text{dom}(X_j) = \text{dom}(X_{aj}) = \text{dom}(X_a)$

<i>RoedoresInfectados</i>
$Y_j : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$Y_{aj} : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$Y_a : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$\text{dom}(Y_j) = \text{dom}(Y_{aj}) = \text{dom}(Y_a)$

<i>RoedoresInmunizados</i>
$Z_{aj} : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$Z_a : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$
$\text{dom}(Z_{aj}) = \text{dom}(Z_a)$

Se define el conjunto que reúne los posibles valores de los parámetros biológicos del modelo.

$$VAL_TAU == \{q : Q \mid q > 0\}$$

El siguiente esquema posee tres funciones parciales, que brindan información sobre las tasas de vida media de los huéspedes jóvenes (τ_j), adultos jóvenes (τ_{aj}) y adultos (τ_a) en cada instante de tiempo.

Todas contienen información del mismo espacio temporal (por eso, se exige que sus dominios sean iguales).

<i>TiemposVidaMedio</i>
$Tau_j : TIEMPO \leftrightarrow VAL_TAU$
$Tau_{aj} : TIEMPO \leftrightarrow VAL_TAU$
$Tau_a : TIEMPO \leftrightarrow VAL_TAU$
$\text{dom}(Tau_j) = \text{dom}(Tau_{aj}) = \text{dom}(Tau_a)$

Se presenta el esquema que encapsula la información de la tasa reproductiva (α) en el espacio de tiempo considerado.

<i>TasaReproductiva</i>
$Alfa : TIEMPO \leftrightarrow DENSIDAD_ROEDORES$

Se define el estado principal, el esquema correspondiente al modelo temporal. El mismo, reúne todos los esquemas mencionados anteriormente; más una función parcial, N , que brinda la densidad total de roedores existentes en cada paso de tiempo y una constante, $Tauc$, correspondiente a la tasa de crecimiento (τ_c) en cada paso temporal.

Su invariante establece los siguientes conceptos:

1. El cálculo de la cantidad de individuos sanos, infectados o inmunizados se realiza sobre el mismo intervalo de tiempo. Por ende, para cada tiempo t (dentro del espacio temporal considerado) se puede saber la densidad de roedores de cada grupo, osea cómo se compone la población total en t .
2. Los tiempos de vida medio y la tasa reproductiva se conocen para igual lapso temporal.
3. Deben conocerse los valores de los parámetros biológicos para cada instante de tiempo sobre el que se calcula la densidad de roedores.
4. El tamaño total de la población se construye como suma de todas sus sub-poblaciones.

<i>Modelo Temporal</i>
<i>RoedoresSanos</i> <i>RoedoresInfectados</i> <i>RoedoresInmunizados</i> <i>TiemposVidaMedio</i> <i>TasaReproductiva</i> <i>N : TIEMPO → DENSIDAD_ROEDORES</i> <i>Tauc : VAL_TAU</i>
$\text{dom}(X_j) = \text{dom}(Y_j) = \text{dom}(Z_{aj}) = \text{dom}(N)$ $\text{dom}(Tau_j) = \text{dom}(Alfa)$ $\text{dom}(X_j) \subseteq \text{dom}(Tau_j)$ $\forall t : TIEMPO \mid t \in \text{dom}(X_j) \bullet N(t) = X_j(t) + X_{aj}(t) + X_a(t) +$ $Y_j(t) + Y_{aj}(t) + Y_a(t) +$ $Z_{aj}(t) + Z_a(t)$

Para la comunicación del resultado exitoso o no de las operaciones, se declara el tipo REPORTE.

REPORTE ::= Ok | NoEsFuncion | TiempoFueraDeRango

A continuación se detallan los estados iniciales de cada uno de los esquemas que forman parte del sistema.

RoedoresSanos, RoedoresInfectados y RoedoresInmunizados, inicialmente poseen información sobre las densidades en el tiempo cero.

<i>IniciaRSanos</i>
<i>RoedoresSanos</i>
$X_j = \{(0 \mapsto 0,005)\}$
$X_{aj} = \{(0 \mapsto 0,05)\}$
$X_a = \{(0 \mapsto 0,07)\}$

<i>IniciaRInfectados</i>
<i>RoedoresInfectados</i>
$Y_j = \{(0 \mapsto 0,005)\}$
$Y_{aj} = \{(0 \mapsto 0,02)\}$
$Y_a = \{(0 \mapsto 0,03)\}$

<i>IniciaRInmunizados</i>
<i>RoedoresInmunizados</i>
$Z_{aj} = \{(0 \mapsto 0,02)\}$
$Z_a = \{(0 \mapsto 0,03)\}$

Para inicializar *TiemposVidaMedio*, se requiere el ingreso de cuatro variables.

La primera, un conjunto de pares (TIEMPO, VAL_NDVI), que establece el intervalo temporal sobre el que “correrá” el modelo, y da valores de NDVI para cada uno de los instantes comprendidos.

Las restantes constituyen valores promedio de tiempos de vida medio de cada grupo de roedores, de manera que su multiplicación con los datos NDVI brinda valores representativos de estos parámetros biológicos en cada tiempo.

<p><i>IniciaTVM_Ok</i></p> <p><i>TiemposVidaMedio</i></p> <p>$ndvi? : \mathbb{F}_1(TIEMPO \times VAL_NDVI)$</p> <p>$\tau_j? : \mathbb{N}$</p> <p>$\tau_{aj}? : \mathbb{N}$</p> <p>$\tau_a? : \mathbb{N}$</p> <p>$rep! : REPORTE$</p> <hr/> <p>$\# \text{dom}(ndvi?) = \#ndvi?$</p> <p>$Tau_j = \{t : TIEMPO \mid t \in \text{dom}(ndvi?) \bullet$ $t \mapsto \tau_j? * \text{máx}(ndvi?(t), 0,1)\}$</p> <p>$Tau_{aj} = \{t : TIEMPO \mid t \in \text{dom}(ndvi?) \bullet$ $t \mapsto \tau_{aj}? * \text{máx}(ndvi?(t), 0,1) + 1\}$</p> <p>$Tau_a = \{t : TIEMPO \mid t \in \text{dom}(ndvi?) \bullet$ $t \mapsto \tau_a? * \text{máx}(ndvi?(t), 0,1)\}$</p> <p>$rep! = Ok$</p>

Como en el caso anterior, se utilizan datos de NDVI y un valor promedio de α para obtener los valores de la tasa reproductiva en todo el espacio temporal.

<p><i>IniciaTR_Ok</i></p> <p><i>TasaReproductiva</i></p> <p>$ndvi? : \mathbb{F}_1(TIEMPO \times VAL_NDVI)$</p> <p>$\alpha? : Q$</p> <p>$rep! : REPORTE$</p> <hr/> <p>$\# \text{dom}(ndvi?) = \#ndvi?$</p> <p>$Alfa = \{t : TIEMPO \mid t \in \text{dom}(ndvi?) \bullet$ $t \mapsto \text{máx}(ndvi?(t), 0,1) * \alpha?\}$</p> <p>$rep! = Ok$</p>

Tanto la inicialización de *TiemposVidaMedio* como la de *TasaReproductiva*, poseen un caso erróneo. El mismo sucede cuando los valores NDVI ingresados no representan una función, es decir que más de un dato para un mismo tiempo.

<p><i>Error</i></p> <p>$ndvi? : \mathbb{F}_1(TIEMPO \times VAL_NDVI)$</p> <p>$rep! : REPORTE$</p> <hr/> <p>$\# \text{dom}(ndvi?) \neq \#ndvi?$</p> <p>$rep! = NoEsFuncion$</p>

Por lo tanto, las operaciones totales son:

$$\text{IniciaTVM} \hat{=} \text{IniciaTVM_Ok} \vee \text{Error}$$

$$\text{IniciaTR} \hat{=} \text{IniciaTR_Ok} \vee \text{Error}$$

El esquema de inicialización del modelo temporal, reúne a los anteriores, y además fija los valores de N y Tauc; esta última, según un ingreso de variable.

IniciaMT <hr/> <i>ModeloTemporal</i> <i>IniciaRSanos</i> <i>IniciaRInfectados</i> <i>IniciaRInmunizados</i> <i>IniciaTVM</i> <i>IniciaTR</i> $\tau_c? : \text{VAL_TAU}$
$N = \{(0 \mapsto 0, 23)\}$
$Tauc = \tau_c?$

En el modelo se considera que un paso de tiempo corresponde a un día, por ello se define el diferencial de tiempo de la siguiente forma:

$dt : Q$
$dt = 1/30$

Se detallan a continuación, los esquemas correspondientes a una transición de tiempo. Osea, cómo se modifican las densidades poblacionales en un día.

TransicionRSanos <hr/> $\Delta \text{ModeloTemporal}$ $x_j : \text{DENSIDAD_ROEDORES}$ $x_{aj} : \text{DENSIDAD_ROEDORES}$ $x_a : \text{DENSIDAD_ROEDORES}$ $\beta? : Q$ $t? : \text{TIEMPO}$
$x_j = X_j t? + \left(-\frac{X_j t?}{Tauc} - \beta? * X_j t? * \frac{Y_j t? + Y_{aj} t? + Y_a t?}{4} - \frac{X_j t?}{T_{auj} t?} + \text{Alfa } t? * (1 - N t) * (X_{aj} t? + \frac{X_a t?}{2} + Z_{aj} t? + \frac{Z_a t?}{2}) * dt \right)$
$x_{aj} = X_{aj} t? + \left(-\frac{X_{aj} t?}{Tauc} + \frac{X_j t?}{Tauc} - \beta? * X_{aj} t? * (Y_j t? + Y_{aj} t? + Y_a t?) - \frac{X_{aj} t?}{T_{auaj} t?} * dt \right)$
$x_a = X_a t? + \left(\frac{X_{aj} t?}{Tauc} - \beta? * X_a t? * (Y_j t? + Y_{aj} t? + Y_a t?) - \frac{X_a t?}{T_{aua} t?} * dt \right)$
$X_j' = X_j \oplus \{(t? + 1 \mapsto x_j)\}$
$X_{aj}' = X_{aj} \oplus \{(t? + 1 \mapsto x_{aj})\}$
$X_a' = X_a \oplus \{(t? + 1 \mapsto x_a)\}$

TransicionRInfectados Δ ModeloTemporal yj : DENSIDAD_ROEDORES yaj : DENSIDAD_ROEDORES ya : DENSIDAD_ROEDORES β ? : Q γ ? : Q t ? : TIEMPO

$$yj = Yj \ t? + \left(-\frac{Yj \ t?}{Tauc} - \frac{Yj \ t?}{Tauaj \ t?} + \beta? * Xj \ t? * \frac{Yj \ t? + Yaj \ t? + Ya \ t?}{4} \right) * dt \}$$

$$yaj = Yaj \ t? + \left(\frac{Yj \ t?}{Tauc} - \frac{Yaj \ t?}{Tauc} - \frac{Yaj \ t?}{Tauaj \ t?} + \beta? * Xaj \ t? * (Yj \ t? + Yaj \ t? + Ya \ t?) - \gamma * Yaj \ t? \right) * dt \}$$

$$ya = Ya \ t? + \left(\frac{Yaj \ t?}{Tauc} + \beta? * Xa \ t? * (Yj \ t? + Yaj \ t? + Ya \ t?) - \frac{Ya \ t?}{Taua \ t?} - \gamma? * Ya \ t? \right) * dt \}$$

$$Yj' = Yj \oplus \{(t? + 1 \mapsto yj)\}$$

$$Yaj' = Yaj \oplus \{(t? + 1 \mapsto yaj)\}$$

$$Ya' = Ya \oplus \{(t? + 1 \mapsto ya)\}$$

TransicionRInmunizados Δ ModeloTemporal zaj : DENSIDAD_ROEDORES za : DENSIDAD_ROEDORES γ ? : Q t ? : TIEMPO

$$zaj = Zaj \ t? + \left(-\frac{Zaj \ t?}{Tauc} - \frac{Zaj \ t?}{Tauaj \ t?} + \gamma? * Yaj \ t? \right) * dt \}$$

$$za = Za \ t? + \left(\frac{Za \ t?}{Tauc} - \frac{Za \ t?}{Taua \ t?} + \gamma? * Ya \ t? \right) * dt \}$$

$$Zaj' = Zaj \oplus \{(t? + 1 \mapsto +zaj)\}$$

$$Za' = Za \oplus \{(t? + 1 \mapsto za)\}$$

Para la ejecución de una transición del modelo se efectúa la conjunción de todas las operaciones anteriores.

<i>Transicion_Ok</i>
Δ ModeloTemporal
<i>TransicionRSanos</i>
<i>TransicionRInfectados</i>
<i>TransicionRInmunizados</i>
$t? : TIEMPO$
$rep! : REPORTE$
$t? \in \text{dom}(X_j)$
$(t? + 1) \in \text{dom}(Tau_j)$
$N' = N \oplus \{(t? + 1 \mapsto x_j + x_{aj} + x_a + y_j + y_{aj} + y_a + z_j + z_a)\}$
$Tau_j' = Tau_j$
$Tau_{aj}' = Tau_{aj}$
$Tau_a' = Tau_a$
$Tau_c' = Tau_c$
$Alfa' = Alfa$
$rep! = Ok$

Asimismo, existe un caso fallido, correspondiente a intentar realizar una transición fuera del espacio temporal considerado.

<i>Transicion_Error</i>
Ξ ModeloTemporal
$t? : TIEMPO$
$rep! : REPORTE$
$t? \notin \text{dom}(X_j) \vee (t? + 1) \notin \text{dom}(Tau_j)$
$rep! = TiempoFueraDeRango$

Finalmente, la operación total se define de la siguiente manera:

$$TransicionMT \cong Transicion_Ok \setminus (x_j, x_{aj}, x_a, y_j, y_{aj}, y_a, z_j, z_a) \vee Transicion_Error$$

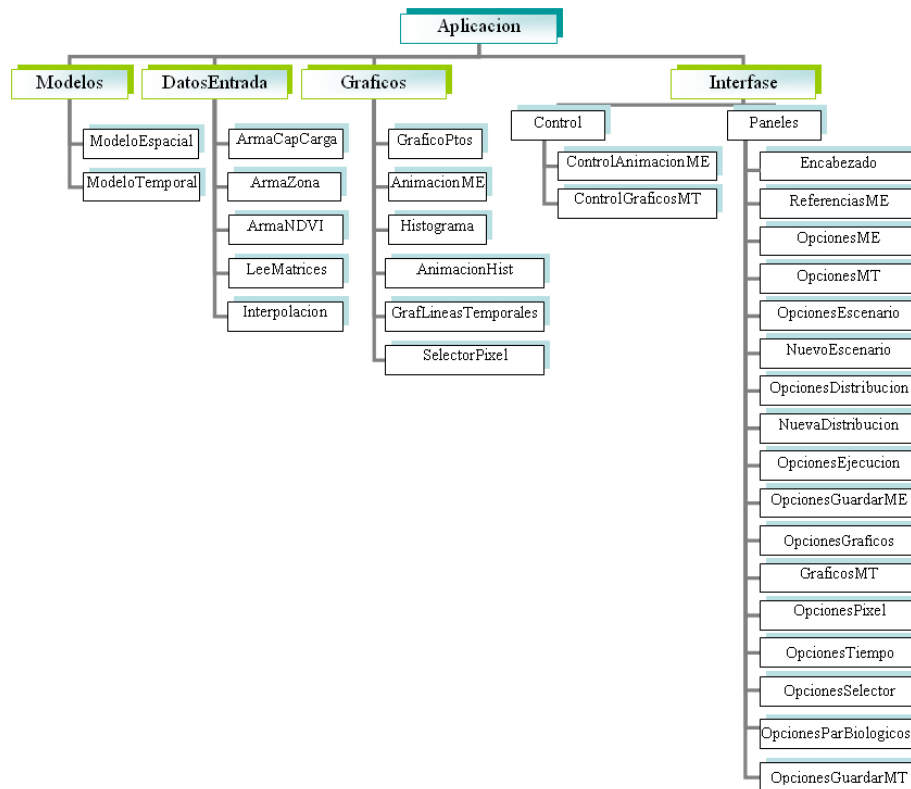
7. DISEÑO DEL SOFTWARE

En este capítulo se presenta la descripción del diseño del software.

Primero se muestra la división del sistema en módulos por medio de un diagrama.

A continuación se documentan los más importantes, a través del lenguaje TDN (Textual Desing Notation), desarrollado por Carlo Ghezzi [26].

7.1. Diagrama de Módulos



7.2. Modelos

Se diseñó el sistema de manera tal que el Modelo Espacial y Modelo Temporal constituyen módulos separados.

```
module ModeloEspacial
exports  procedure  ModeloEspacial( z: in Array of double,
                                         cc: in Array of double,
                                         x: in int,
                                         y: in int);
    Implementación del modelo espacial de dispersión
    de roedores.
    Sus parámetros corresponden a la zona, capacidad
    de carga y cantidad de filas y columnas de la zona.
    procedure  Transicion();
    Calcula una transición del autómata celular que
    representa el modelo espacial.
    procedure  Reinicio();
    Lleva al modelo espacial a su estado inicial.
    procedure  GuardarZona (nombArch: in String)
                                         raises Exception;
    function  DevuelveZona (): Array of double
implementation  Exception es lanzada ante cualquier
                    inconveniente al escribir el archivo con la
                    zona del modelo.
end ModeloEspacial
```

```

module ModeloTemporal
exports procedure ModeloTemporal(alfa: in double,
                                   beta: in double,
                                   gama: in double,
                                   tauc: in double,
                                   tauj: in double,
                                   tauaj: in double,
                                   taua: in double,
                                   ndvi: in Array of double);

```

Implementación del modelo temporal de dispersión de roedores. Se ingresan los parámetros biológicos del modelo y los valores de NDVI.

```

procedure Transicion();
procedure GuardarDensidades (nombArch: in String)
                                   raises Exception;

```

Guarda en un archivo las densidades poblacionales de los roedores sanos, infectados e inmunizados, distinguiendo entre jóvenes, adultos jóvenes y adultos.

```

procedure GuardarDensidadXj (nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadXaj(nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadXa (nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadYj (nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadYaj(nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadYa (nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadZaj(nombArch: in String)
                                   raises Exception;
procedure GuardarDensidadZa (nombArch: in String)
                                   raises Exception;

```

Los procedimientos anteriores guardan en archivos las densidades poblacionales de cada uno de los grupos de roedores.

```

function DevuelveDensidadX(): Array of double
function DevuelveDensidadY(): Array of double
function DevuelveDensidadZ(): Array of double
function DevuelveDensidadXj(): Array of double
function DevuelveDensidadYj(): Array of double
function DevuelveDensidadXaj(): Array of double
function DevuelveDensidadYaj(): Array of double
function DevuelveDensidadZaj(): Array of double
function DevuelveDensidadXa(): Array of double
function DevuelveDensidadYa(): Array of double
function DevuelveDensidadZa(): Array of double
function DevuelvePorcMX(): Array of double
function DevuelvePorcMY(): Array of double
function DevuelvePorcMZ(): Array of double
function DevuelvePorcMXj(): Array of double
function DevuelvePorcMYj(): Array of double
function DevuelvePorcMXaj(): Array of double
function DevuelvePorcMYaj(): Array of double
function DevuelvePorcMZaj(): Array of double
function DevuelvePorcMXa(): Array of double
function DevuelvePorcMYa(): Array of double
function DevuelvePorcZa(): Array of double
    Los anteriores ocho procedimientos devuelven los porcentajes
    poblacionales mensuales de cada grupo de roedores.
implementation Exception es lanzada ante cualquier inconveniente
    al escribir en un archivo las densidades poblacionales.
end ModeloTemporal

```

7.3. Datos de Entrada

En este conjunto de módulos se hallan los destinados a la obtención y procesamiento de los datos de entrada que requieren los modelos.

```

module ArmaZona
exports procedure ArmaZona( columna: in int,
                             fla: in int,
                             zonaElegida: in String)
                             raises ArmaZonaExc;
    Arma la zona del Modelo Espacial, iniciándola según
    indique el archivo “zonaElegida”. Los parámetros
    “ancho” y “alto” indican las dimensión máxima que
    puede adquirir la zona.
    function DevuelveZona (): Array of double
implementation La excepción ArmaZonaExc se lanza en caso de
    problemas al armar la zona desde un archivo.
end ArmaZona

```

```

module ArmaNDVI
uses LeeMatrices, Interpolacion
exports procedure ArmaNDVI( fla: in int,
                             columna: in int,
                             añoInicial: in int,
                             añoFinal: in int);
    Arma los valores NDVI utilizados en el modelo tempo-
    ral. Los mismos son todos los del píxel o coordenada
    (“fila”, “columna”), en el intervalo temporal dado por
    “añoInicial” - “añoFinal”.
    function DevuelveNDVI (): Array of double
end ArmaNDVI

```

```

module LeeMatrices
exports procedure LeeMatrices( fla: in int,
                                columna: in int,
                                tamEspaciado: in int,
                                tamValor: in int,
                                cantFilas: in int,
                                cantColum: in int,
                                cantMatrices: in int,
                                nombArch: in String);
    Extrae los valores de la coordenada (“fila”, “columna”),
    dentro de matrices contenidas en un archivo cuyo nom-
    bre se obtiene de “nombArch”. Los demás parámetros
    corresponden al formato de las matrices y los números
    que almacena.
    function DevuelveNDVI (): Array of double
end LeeMatrices

```



```
module Interpolacion
exports  procedure Interpolacion(y: in Array of double);
           Interpola los valores pasados por parámetro.
           function DevuelveValInterpol (): Array of double
           Devuelve los valores interpolados.
           function DevuelveDominio (): Array of double
           Devuelve el dominio correspondiente a los valores
           interpolados.
implementation Utiliza una implementación de spline cúbico
                 desarrollada por el Dr. Michael Thomas
                 Flanagan.
end Interpolacion
```

7.4. Gráficos

Este módulo incluye a aquellos que tienen por objetivo la elaboración de los gráficos que se muestran en la aplicación. Muchos de ellos son los que permiten visualizar las salidas del modelo.

```
module GraficoPtos
exports  procedure GraficoPtos(imagenFuente in Image)
           raises Exception;
           Construye un gráfico que consiste en una imagen
           sobre la que se dibujan puntos de colores. Su pará-
           metro especifica dicha imagen.
           procedure CreaGrafico (ptos: in Array of double);
           Realiza una modificación de la imagen marcando
           puntos de colores. Los puntos a colorear se eligen
           de acuerdo a los valores del arreglo “ptos”.
           procedure MarcaPixel (fila: in int,
                               columna: in int);
           Marca el pixel (“fila”, “columna”) en la imagen
           dibujando una cruz a su alrededor.
           function DevuelveGrafico (): Image
implementation Exception es lanzada en casos de inconve-
                 nientes al manipular la imagen.
end GraficoPtos
```

```
module AnimacionME
uses ArmaCapCarga, ArmaZona, Modelo Espacial, GraficoPtos
exports procedure AnimacionME( archImagen: in String,
                                archCapCarga: in String,
                                z: in String)
                                raises ArmaZonaExc,
                                CapCargaExc,
                                GrafPtosExc;

    Genera cada pantalla de la animación correspondiente
    al Modelo Espacial, que se ejecuta con la imagen,
    capacidad de carga y zona indicadas por “archImagen”,
    “archCapCarga” y “z” respectivamente. Los primeros
    son nombres de archivos y el último un indicador de
    cómo se construirá la zona.
procedure Paso();
    Construye un nuevo paso de la animación. Es decir la
    nueva escena a mostrar.
procedure Reinicio();
    Reinicia la animación a su estado inicial.
procedure ReinicioAnimacionME(
                                archImagen: in String,
                                archCapCarga: in String,
                                z: in String);
                                escVacio: in boolean)
                                raises Exception;
    Reinicia la animación en un nuevo estado inicial;
    con la imagen almacenada en el archivo “archImagen”,
    la capacidad de carga en “archCapCarga”, y la zona
    según “z”. El parámetro “escVacio” indica si la
    animación se corre sobre un fondo vacío (sin imagen)
    o no.
procedure GuardarAnimacion(nombArch: in String)
                                raises Exception;
    Guarda un archivo que contiene los datos del estado de
    la animación.
procedure GuardarImagen( nombArch: in String)
                                raises Exception;
    Guarda una imagen de la última escena de la animación.
function DevuelveNumPasos (): String
    Devuelve el número de paso en que se encuentra la
    animación.
end AnimacionME
```

```
module AnimacionHist
uses Histograma
exports procedure AnimacionHist( titulo: in String
                                     etiquetaX: in String,
                                     etiquetaY: in String);
    Procedimiento encargado de realizar un histograma
    animado, con título “titulo” y ejes con nombres
    “etiquetaX” y “etiquetaY”.
procedure FijarAñoInicial(año: in int);
    Establece el año desde el cual comienza la animación.
procedure FijarValores(etiqueta: in String,
                        nombCategoria: in String,
                        valores: in Array of double);
    Fija los valores que se mostrarán en el histograma
    animado.
procedure Limpiar();
    Limpia la animación, dejándola preparada para la
    próxima animación.
procedure ComenzarAnimacion();
procedure PararAnimacion();
procedure TerminarAnimacion();
end AnimacionHist
```

```
module Histograma
exports procedure Histograma( titulo: in String
                               etiquetaX: in String,
                               etiquetaY: in String);
    Construye un histograma de título “titulo” y con ejes de
    nombre “etiquetaX” y “etiquetaY”.
procedure Graficar(etiquetas: in Array of String,
                    valores: in Array of double);
procedure Graficar(etiqueta: in String,
                    categoria: in String,
                    valor: in double);
procedure CambiarEtiEjeX(nuevaEtiX in String);
    Cambia la etiqueta o nombre del eje X del histograma.
procedure Limpiar();
    Limpia el histograma, dejándolo listo para graficar
    otros valores.
implementation Utiliza la librería JFreeChart.
end Histograma
```

```

module GrafLineasTemporales
exports  procedure GrafLineasTemporales(
                titulo: in String
                etiquetaX: in String,
                etiquetaY: in String,
                alto: in int,
                ancho: in int);
Construye gráficos de líneas temporales, de título
“titulo”, ejes con nombre “etiquetaX” y “etiquetaY” y
tamaño dado por “alto” y “ancho”.
procedure Graficar(valores: in Array of double,
                nombSerie: in String,
                añoInicial: in int);
procedure Limpiar();
Limpia el gráfico, dejándolo preparado para graficar
otros valores.
implementation Utiliza la librería JFreeChart.
end GrafLineasTemporales

```

```

module SelectorPixel
uses GraficosPtos
exports  procedure SelectorPixel(archImagen: in String,
                fila: in int,
                columna: in int);
Construye un selector de los píxeles de la imagen
contenida en el archivo de nombre “archImagen”.
Inicialmente se señala el píxel (“fila”, “columna”).
procedure Marcar(fila: in int,
                columna: in int);
Marca el pixel indicado por (“fila”, “columna”) sobre
la imagen.
function DevuelveAncho(): int
function DevuelveAlto(): int
Las dos funciones anteriores devuelven las dimensiones
de la imagen sobre la que se seleccionan pixeles.
end SelectorPixel

```

7.5. Interfase

Los módulos que éste reúne son los que establecen la comunicación con el usuario. Es decir que su función es mostrar las distintas opciones de ejecución de los modelos, y posteriormente llevar a cabo las acciones acordes a las opciones elegidas.

Por ello, este módulo se divide en dos, “Paneles” y “Control”.

El primero, con los módulos encargados de “dibujar” los distintos paneles de la aplicación (opciones, referencias, encabezados). Mientras que el segundo

con los que controlan si las elecciones del usuario son correctas, y proceden a llamar las distintas rutinas de los módulos de las secciones anteriores (corriendo la aplicación) o a mostrar mensajes de error.

Debido a la simplicidad de estos módulos se consideró fútil detallarlos a través de TDN.

8. IMPLEMENTACIÓN

Este capítulo centra la atención en los modelos ya implementados; describiendo la configuración, entrada y salida de datos, para cada uno de ellos.

8.1. *Modelo Espacial*

8.1.1. *Configuración y Entrada de Datos*

El programa corre con tres fuentes de datos: la imagen, la distribución inicial de roedores y la capacidad de carga de la misma (extraída de reglas ecológicas y la información que tienen las imágenes).

Se proveen al usuario distintos escenarios, tres correspondientes a imágenes satelitales reales y otros que constituyen casos de prueba. Cada escenario consta de una imagen con su respectiva capacidad de carga.

También es posible introducir escenarios propios. Entonces se requiere introducir dos archivos, uno correspondiente a una imagen (de extensión jpg, gif o png) y otro a la función de bondad (de extensión txt, con formato de matriz de igual dimensión que la figura). Ver Manual para detalles.

Otra opción disponible es correr la animación sobre un escenario vacío; es decir que no se visualizan los cambios en las densidades de los roedores sobre la escena seleccionada, sino sobre un fondo negro. Para ello se requiere que no esté tildado el campo “Mostrar animación sobre el escenario elegido”.

Todas las opciones anteriores pueden configurarse en el panel “Escenarios” (Figura 8.1).

Por otro lado, en el panel “Distribución inicial de roedores” (Figura 8.2) se puede optar por una distribución uniforme sobre la imagen, o en determinados sectores divididos según puntos cardinales (lo que nos permite un análisis más específico). Igualmente, es posible ingresar la distribución por medio de un archivo ASCII que contenga una matriz de iguales dimensiones que la escena seleccionada.

El usuario puede correr la animación una cantidad ilimitada de pasos y terminarla cuando desee, o establecer un límite de transiciones a ejecutar en el panel “Ejecución” (Figura 8.3).

8.1.2. *Salida de Datos*

Los resultados de cada transición del modelo se visualizan por medio de una animación, que mediante tres colores muestran los píxeles de las imágenes con

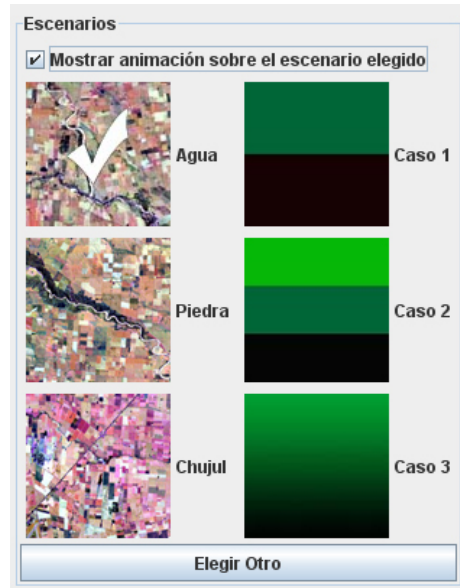


Fig. 8.1: Panel de elección de Escenarios

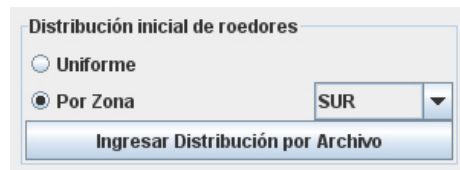


Fig. 8.2: Panel de opciones de distribución inicial de roedores

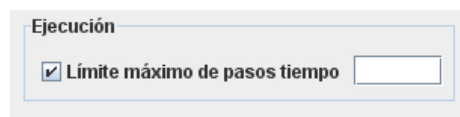


Fig. 8.3: Panel de opciones de ejecución

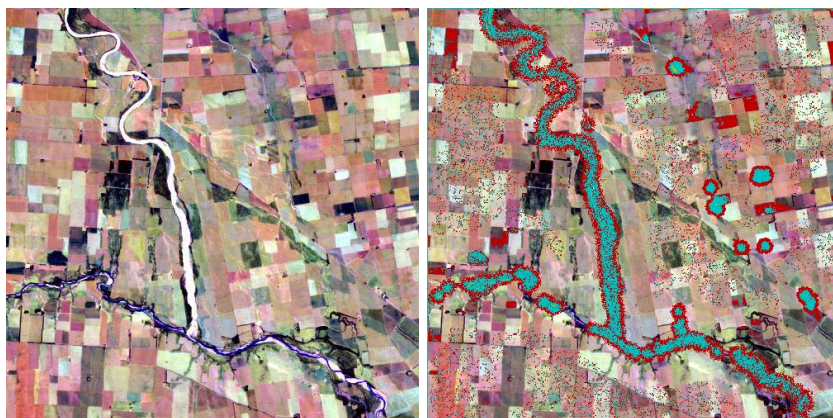


Fig. 8.4: Escenarios antes y después de la ejecución del modelo

mayores densidades de población.

Estos valores pueden almacenarse según dos criterios: uno de ellos es guardar la distribución sobre el escenario como una figura de extensión jpg, gif, bmp o png; y la otra es guardar la distribución como una matriz almacenada en un archivo ASCII de extensión txt, lo cual permite utilizarlo en otras herramientas (como ENVI) para realizar diversos cálculos, y también emplearlo en este mismo programa, permitiéndose continuar la animación en el punto en el que se dejó. Ver Manual para detalles.

En la Figura 8.4 puede verse la salida correspondiente a ejecutar la implementación del modelo espacial.

8.2. Modelo Temporal

8.2.1. Configuración y entrada de datos

Cada ejecución del modelo temporal se lleva a cabo sobre un sólo píxel en un determinado período temporal.

Por lo tanto, los usuarios deben elegir uno de los píxeles comprendidos dentro del área endémica y un intervalo entre los años 1999 y 2006, en los paneles mostrados en la Figura 8.5.

Para llevar a cabo dicha tarea, se provee una imagen satelital de la zona investigada con capas que añaden información cartográfica (límites provinciales, ciudades y rutas), de manera tal que sea más fácil localizar el píxel deseado. Este panel se muestra en la Figura 8.6.

Además, en “Parámetros Biológicos de Roedores” (Figura 8.7) pueden modificarse los parámetros biológicos inherentes al modelo, dentro de límites razonables impuestos por la implementación.

Pixel		Intervalo Temporal	
Fila :	<input type="text" value="350"/>	Columna :	<input type="text" value="350"/>
<input type="button" value="Seleccionar"/>		Inicio :	<input type="text" value="1999"/> ▼
		Fin :	<input type="text" value="1999"/> ▼

Fig. 8.5: Panel de selección de píxel e intervalo temporal

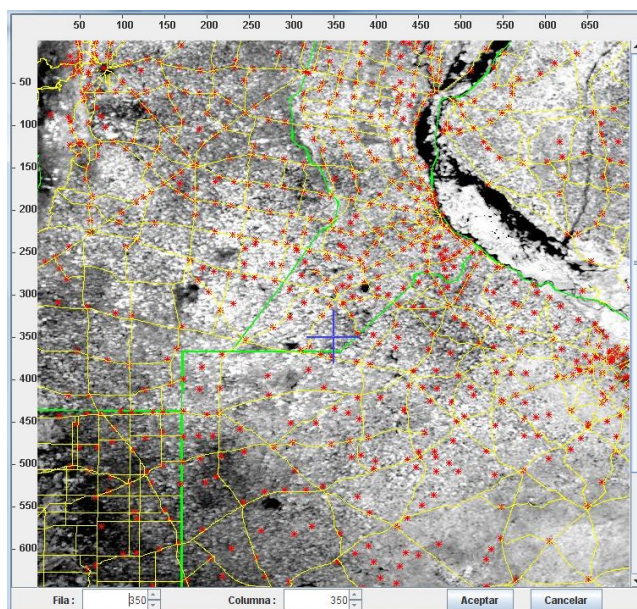


Fig. 8.6: Panel de selección del píxel dentro del área endémica

Parámetros Biológicos de Roedores	
Tiempos de vida medio (meses):	
Jóvenes :	<input type="text" value="5"/>
Adultos jóvenes :	<input type="text" value="5"/>
Adultos :	<input type="text" value="3"/>
Tasa de crecimiento :	<input type="text" value="1"/>
Tasa reproductiva per cápita :	<input type="text" value="1.5"/>
Tasa de Inmunización :	<input type="text" value="0.12"/>
Tasa de Infección :	<input type="text" value="1.714"/>

Fig. 8.7: Panel de modificación de los parámetros biológicos

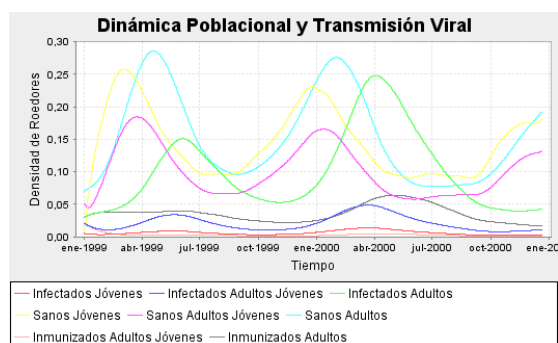


Fig. 8.8: Gráfico de líneas

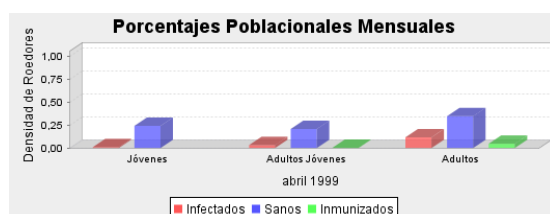


Fig. 8.9: Histograma

8.2.2. Salidas de datos

Este modelo muestra la dinámica poblacional de los roedores a lo largo de un determinado lapso de tiempo, por medio de gráficos de líneas de la densidad de población, haciendo distinciones según grupos etarios (jóvenes, adultos jóvenes y adultos) y estados relativos a la infección con el virus Junín (sanos, infectados e inmunizados).

También brinda información porcentual sobre la composición de la población. Es decir, que a través de histogramas comunica qué porcentaje representa cada uno de los subgrupos poblacionales.

Además, como los datos principales para la construcción de estas salidas son los valores NDVI, se incluye la opción de visualizar un gráfico con los mismos.

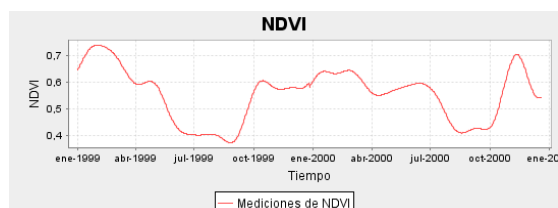


Fig. 8.10: NDVI

9. TESTING

El objetivo de este capítulo es mostrar que las salidas del software son coherentes al comportamiento en la naturaleza. Para alcanzarlo, se analizan casos cuyos resultados han sido comprobados teórica y/o experimentalmente, de manera tal que se comparen las salidas esperadas con las obtenidas.

9.1. *Modelo Espacial*

Dentro de los escenarios disponibles del software se incluyó un área que padece la presencia de roedores portadores de Fiebre Hemorrágica Argentina. Se trata de la zona rural Chujul.

Una buena forma de establecer si el software brinda las salidas adecuadas y buscadas, consiste en utilizar dicha región como un caso de prueba, ya que es posible comparar las salidas de la aplicación con los trabajos de campo realizados por los investigadores de CONAE, UNC y UNRC.

Como parte sus investigaciones, se cuenta con una imagen que localiza puntos geográficos donde se colocaron trampas para *Calomys musculinus*, distinguiendo con verde aquellas donde se encontraron individuos y con rojo las que no. (Ver Figura 9.1).

Por lo tanto, se compara esta última con una salida del software para la misma región geográfica. (Ver Figura 9.2).

Es posible notar que los lugares correspondientes a trampas rojas, no se muestran como puntos con alta densidad de roedores, mientras que las verdes sí. En conclusión, se puede decir que la aplicación dió resultados positivos y acordes a los labores de campo.

Otro tipo de evaluación de la implementación del modelo espacial se alcanza considerando la información teórica conocida sobre la preferencia de hábitats de los roedores.

Los hábitats son aquellos sitios donde una población es capaz de vivir, temporal o permanentemente. La preferencia entre ellos está determinada por las condiciones que ofrecen a los individuos para crecer y desarrollar una descendencia más abundante. Por un lado se encuentran los factores abióticos (agua, luz, suelo, temperatura) y por otro los bióticos (alimento, cobertura vegetal, competencia inter e intraespecífica).

En el caso de los *Calomys musculinus*, las cualidades óptimas para su supervivencia se hayan en hábitats con importante vegetación. Por ello es que eligen



Fig. 9.1: Trampas colocadas en la región rural de Chujul



Fig. 9.2: Iteraciones sobre escenario Chujul

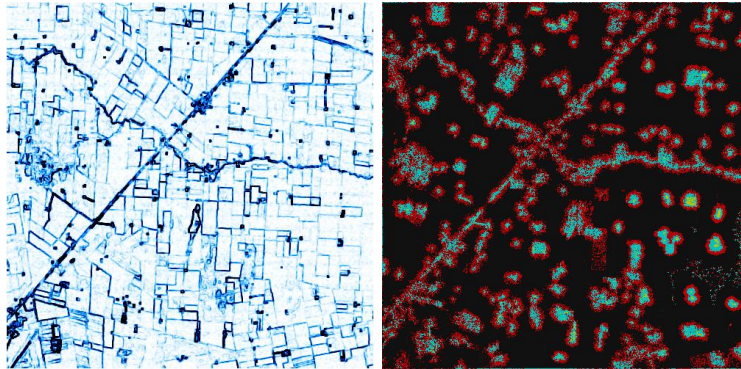


Fig. 9.3: Delimitación de bordes y densidad de roedores en escenario “Chujul”

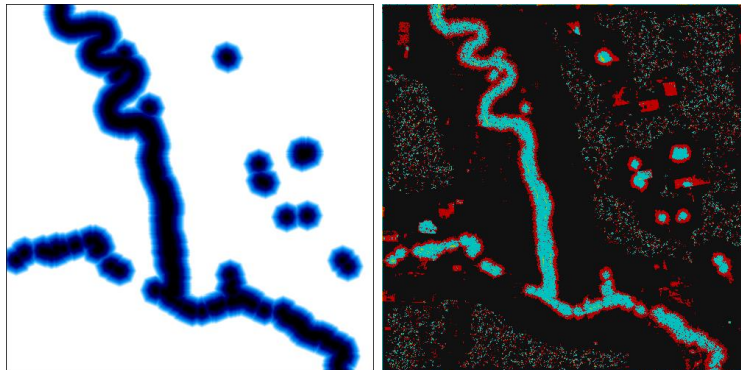


Fig. 9.4: Distancia a fuentes de agua y densidad de roedores en escenario “Agua”

campos de cultivos y sus márgenes, como también terraplenes de ferrocarriles, bordes de caminos y lugares similares en donde encuentren pastizales. También son importantes las cercanías a fuentes de agua.

Para evidenciar una relación entre estos indicadores de calidad de hábitat y las salidas del programa, se elaboraron transformaciones espectrales en la imágenes, con el fin de resaltar bordes y distancias próximas a fuentes de agua.

Para mayor claridad, no se corrió la animación sobre la escena satelital sino sobre un fondo negro.

Las Figuras 9.3 y 9.4 muestran las relaciones entre las zonas de mayor densidad poblacional indicadas por el software y los bordes y las fuentes de agua.

Es importante mencionar que la ecología en el modelo espacial proviene de la forma en que se calcula la capacidad de carga de una determinada zona.

Esto significa que las salidas del software son más o menos acordes al comportamiento en la naturaleza, según la capacidad de carga con la cual se ejecute el modelo. Por lo tanto, un usuario con conocimientos sobre *Calomys musculi-*



Fig. 9.5: Caso 1, Caso 2 y Caso 3

nus y FHA, sabría armar una función de bondad que originara resultados más precisos.

Además de los escenarios correspondientes a imágenes satelitales, se incluyeron tres casos de prueba. Se trata de escenarios creados con el objetivo de contar con entradas para el software que fueran completamente conocidas, para poder evaluar si se obtenían las salidas esperadas.

Para cada uno se armó una determinada capacidad de carga y una imagen representativa de la misma.

- Caso 1: Se trata de un escenario dividido en dos, donde un sector es opuesto al otro. El superior tiene un valor mínimo en capacidad de carga y el inferior uno máximo.
- Caso 2: Corresponde a una escena que se divide en tres. Cada porción posee un valor de capacidad de carga mayor al de su “vecino” superior.
- Caso 3: Es un escenario donde la capacidad de carga toma valores incrementales, es decir que se divide en pequeñas líneas horizontales que van aumentando su valor.

La razón por la cual se dividió estos escenarios en sectores con marcada diferencia en su función de bondad, es poder visualizar si se cumplía el requerimiento “a mayor capacidad de carga, mayor densidad de roedores”. Pues recordemos, que la capacidad de carga brinda una idea sobre la calidad del hábitat para los ratones, ya que es el número de individuos que puede ser sostenido por un determinado ambiente, según factores ambientales como los refugios, el alimento y el agua.

Si observamos las ejecuciones de los Casos 1 y 2, vemos una tendencia en la cual los mayores cambios se dan en los límites de los sectores con diferentes capacidades de carga. Esto se explica teniendo en cuenta que en los sectores alejados de los límites todas las celdas tienen iguales características biológicas, por ende no hay beneficio en el posible movimiento. En cambio, en los límites, al evaluarse una celda con su vecina inferior, se encuentra que ésta ofrece mejores condiciones (mayor capacidad de carga). Entonces parte de la población se “traslada” a esa celda de características más favorables, dejando la propia con una densidad más baja, y por consiguiente la vuelve más propicia que antes,

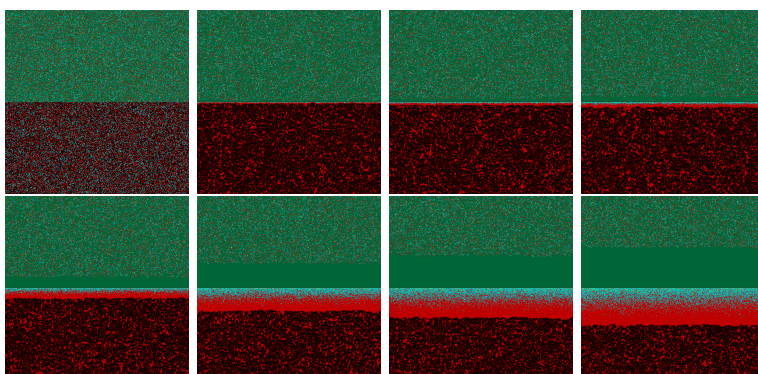


Fig. 9.6: Ejecuciones del Caso 1

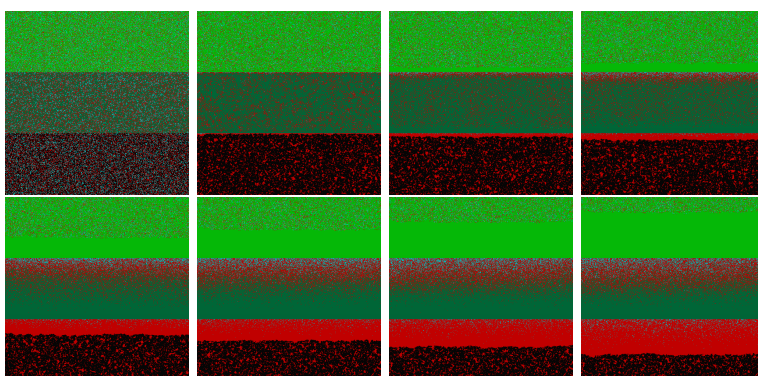


Fig. 9.7: Ejecuciones del Caso 2

pues recordemos, que no sólo se evalúa las cualidades biológicas de una celda, si no también, cuán poblada se encuentra.

De esta manera, se produce una acumulación de población desde los límites a los extremos.

Dicho comportamiento nos permite distinguir no sólo la preferencia por zonas con mayor capacidad de carga, sino también la preferencia por celdas con baja densidad de población, rechazando la superpoblación.

Respecto al Caso 3, se evidencia con pocas iteraciones una preferencia por los sectores más bajos, los de mayores valores en su función de bondad. En contraste con los anteriores, no se visualiza líneas claras de intercambio poblacional, como tampoco zonas mucho más pobladas que otras. Esto se debe, principalmente a que la diferencia entre células vecinas no es tan amplia, por lo cual los beneficios de efectuar un movimiento no son altos.

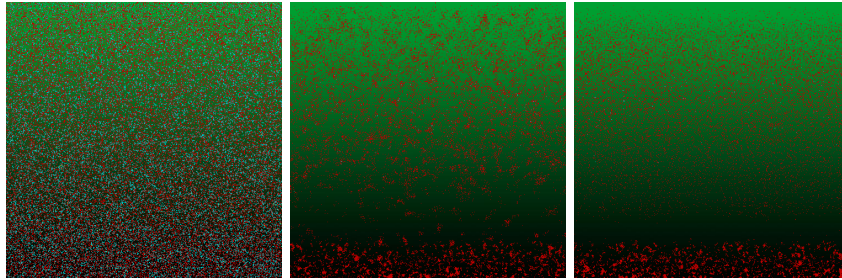


Fig. 9.8: Ejecuciones del Caso 3

9.2. Modelo Temporal

El modelo temporal utiliza datos de NDVI como un indicador de la calidad del hábitat, que influye en los tiempos de vida medio y en la tasa reproductiva de los individuos.

Por lo tanto, es deseable verificar que las salidas del programa muestren una relación entre el índice de vegetación y la densidad de población.

Como es posible observar en la Figura 9.9 dicha relación se cumple.

También es importante destacar que en la correspondiente a la densidad poblacional, los máximos se encuentran en abril y los mínimos en el inicio de la primavera, lo cual es absolutamente razonable según los conocimientos teóricos de la especie.

Por otra parte, se ejecutaron casos de prueba para validar la implementación del modelo. Los mismos consisten en ejecutarlo eligiendo valores extremos en sus parámetros biológicos, que permitan verificar si los resultados obtenidos son acordes a los conocimientos teóricos del mismo. Cada uno contempla una situación específica y sencilla de entender, de manera tal que sea fácil comprobar si la salida es acorde a la esperada o no.

- Caso 1: Tasa de infección igual a cero.
- Caso 2: Tasa de inmunización igual a cero.
- Caso 3: Tasa reproductiva igual a cero.
- Caso 4: Crecimiento de la tasa de infección.
- Caso 5: Crecimiento de la tasa de inmunización.
- Caso 6: Crecimiento de la tasa reproductiva.
- Caso 7: Crecimiento de los tiempos de vida medio.
- Caso 8: Decrecimiento de los tiempos de vida medio.

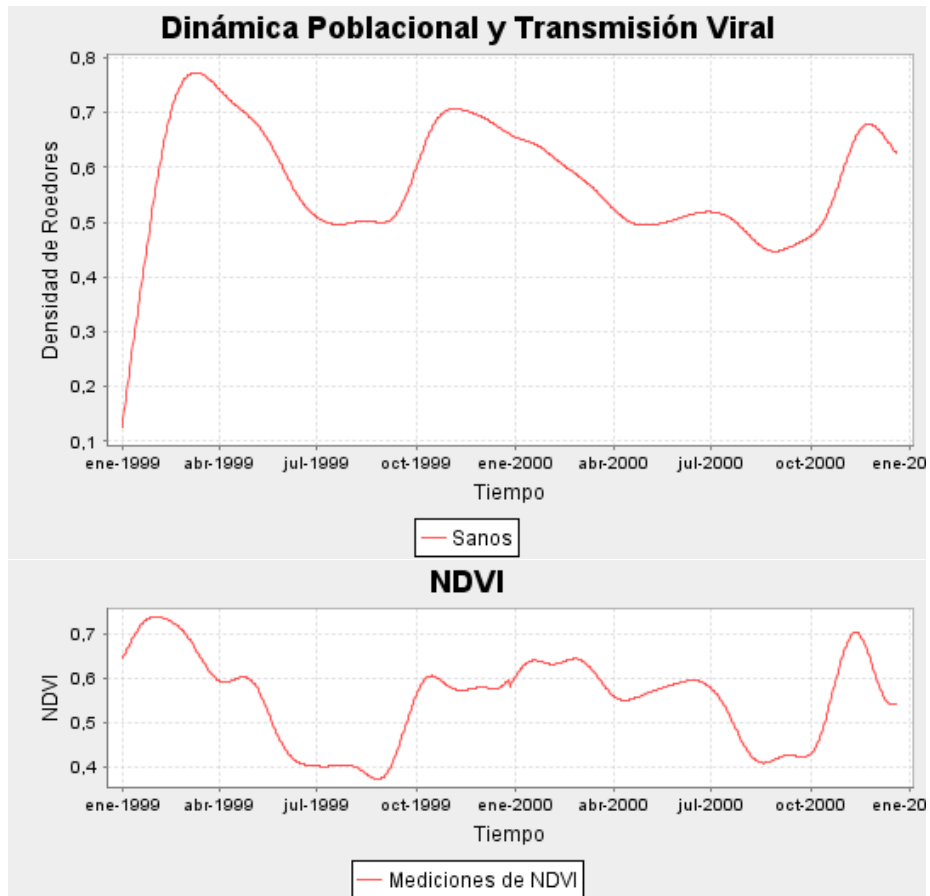


Fig. 9.9: Relación entre densidad poblacional y NDVI

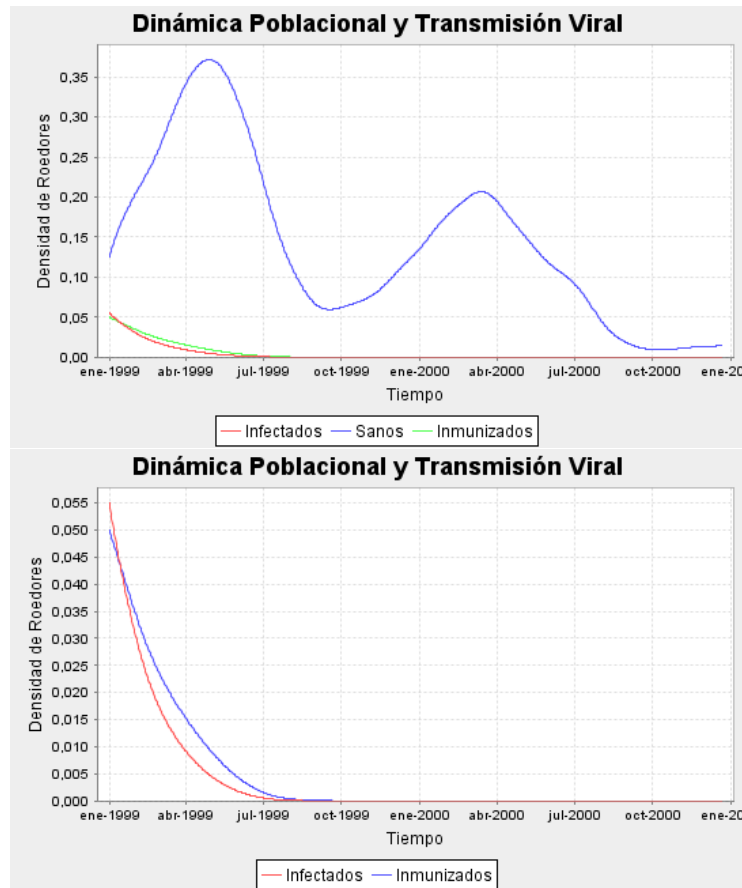


Fig. 9.10: Salidas correspondientes al Caso 1.

Tal como se espera, vemos que al ser nula la tasa de infección la curva correspondiente a la población infectada desciende a cero. También lo hace la de inmunización, pues si no hay individuos infectados, tampoco habrá inmunizados.

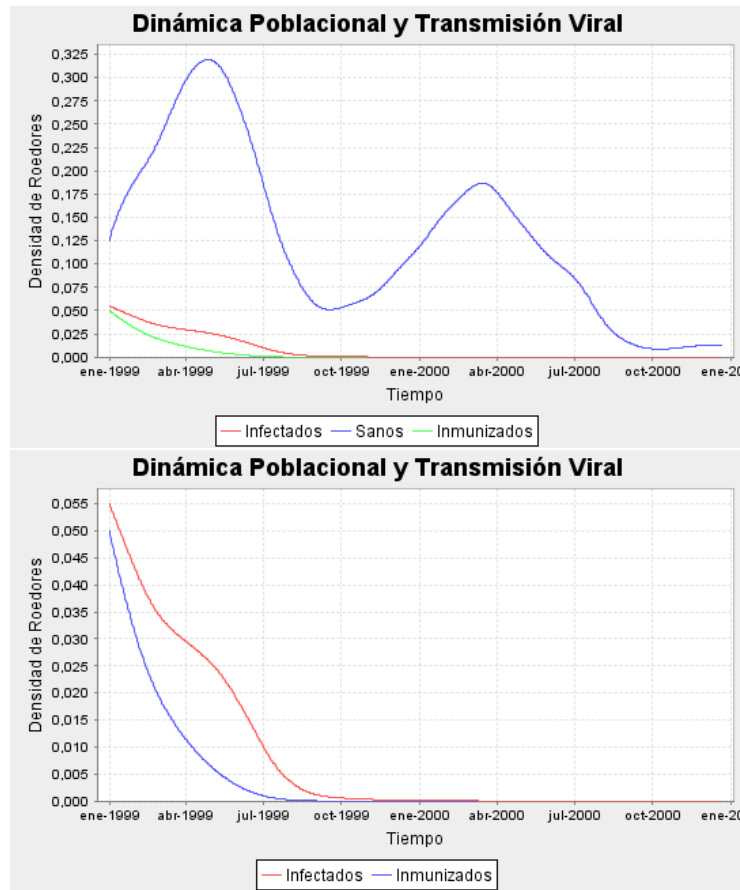


Fig. 9.11: Salidas correspondientes al Caso 2

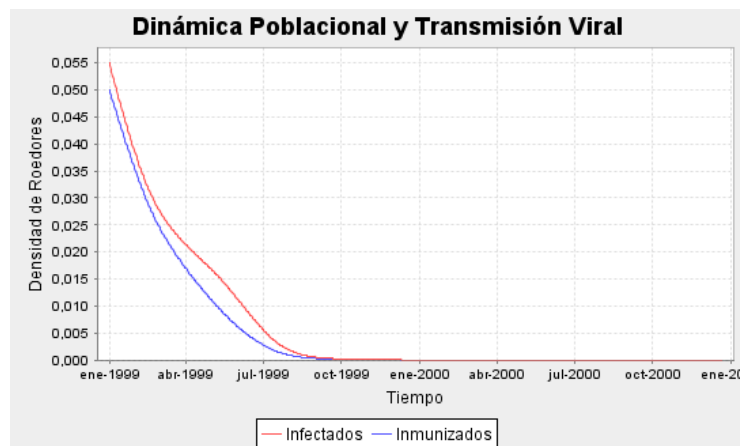


Fig. 9.12: Salida normal, sin tasa de inmunización igual a cero

A diferencia del caso anterior, aquí sólo tiende a cero la curva correspondiente a los inmunizados. Asimismo, si se compara la segunda figura con la tercera, se observa que en la última la densidad de población infectada es menor, pues parte de los ratones infectados cambian su condición a inmunizados.

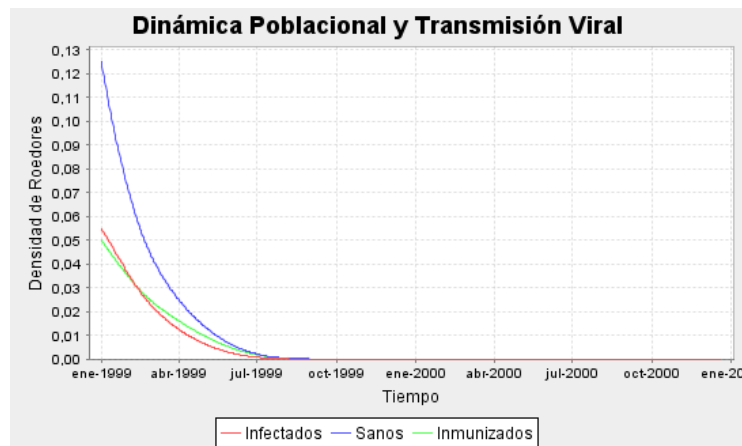


Fig. 9.13: Salidas correspondientes al Caso 3

Las tres curvas decaen, pues como producto de la tasa reproductiva nula, no se incorporan nuevos individuos; entonces la población decrece hasta desaparecer.

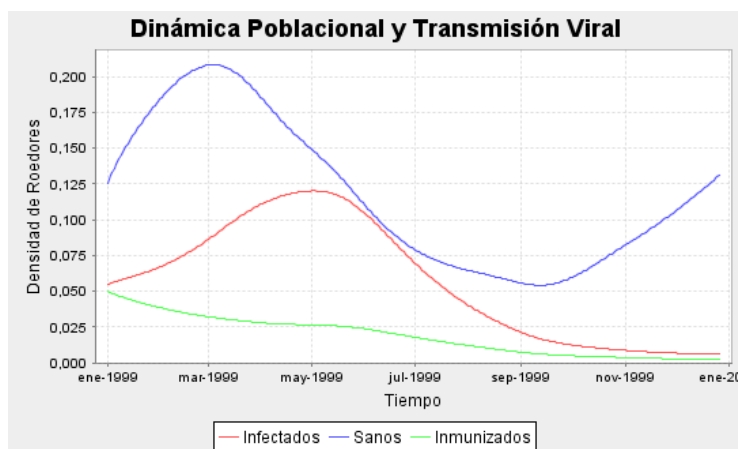


Fig. 9.14: Salidas correspondientes al Caso 4

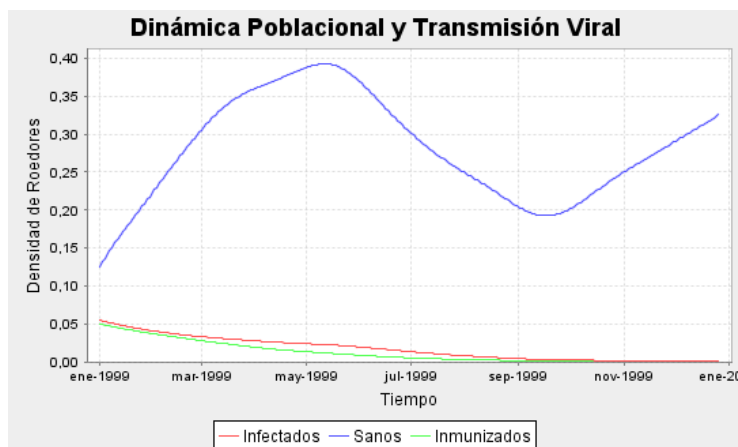


Fig. 9.15: Salidas normal, sin crecimiento de la tasa de infección

Al comparar las dos figuras anteriores, se observa que al crecer la tasa de infección aumentan tanto la densidad de infectados como de inmunizados, mientras que la de sanos disminuye.

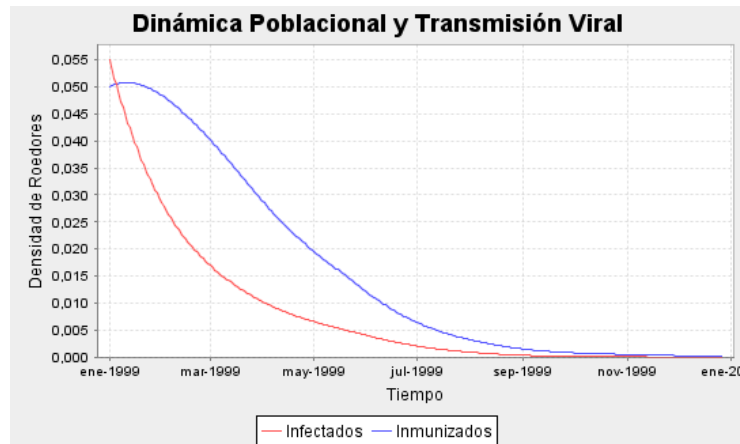


Fig. 9.16: Salidas correspondientes al Caso 5

Al ser alta la tasa de inmunización, muchos de los roedores infectados se inmunizan; lo que explica que la curva de población inmunizada tenga valores mayores que la de infectados.

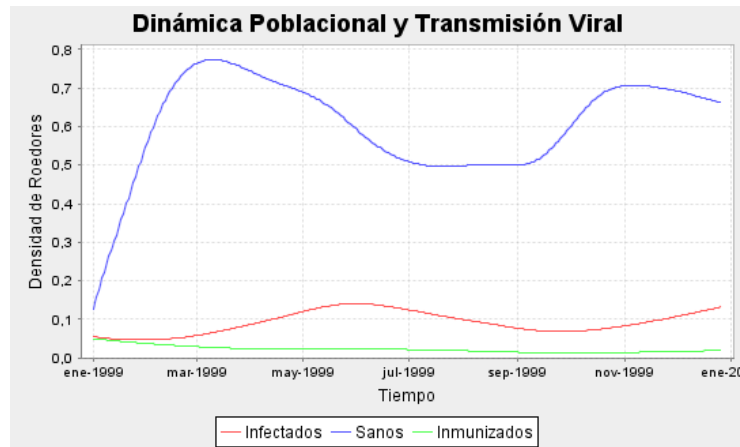


Fig. 9.17: Salidas correspondientes al Caso 6

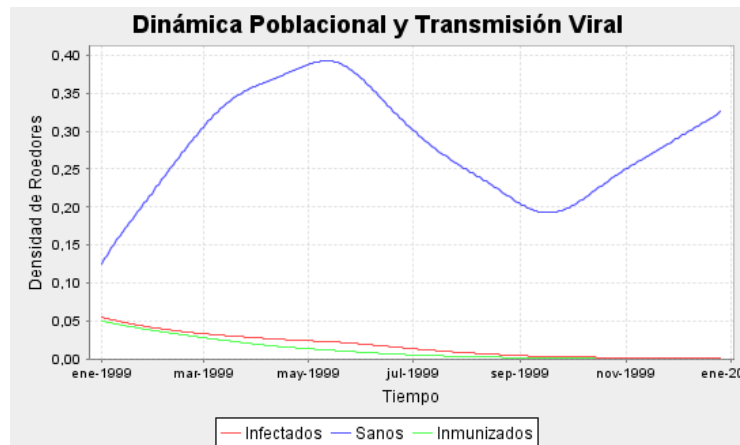


Fig. 9.18: Salidas normales, sin crecimiento de la tasa reproductiva

Como es lógico esperar, al crecer la tasa reproductiva crecen las densidades poblacionales.

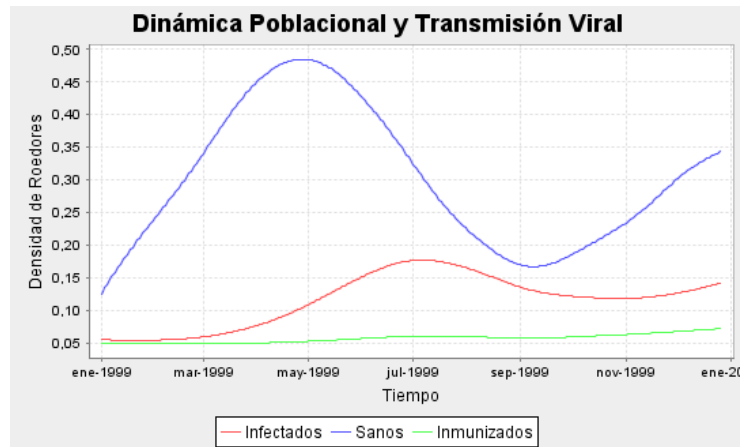


Fig. 9.19: Salidas correspondientes al Caso 7

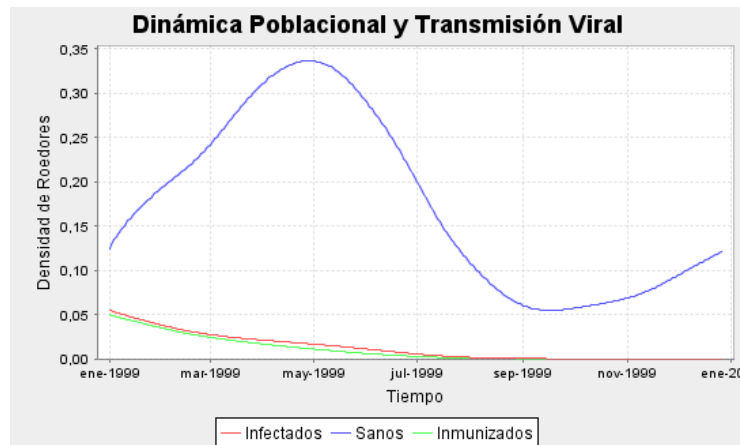


Fig. 9.20: Salidas normales, sin crecimiento de los tiempos de vida medio

Comparando las figuras anteriores, se observa que ante mayores tiempos de vida medio, aumentan las densidades poblacionales.

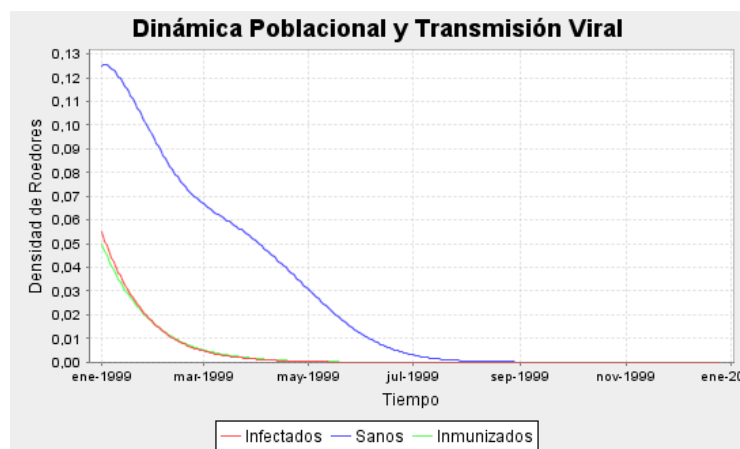


Fig. 9.21: Salidas correspondientes al Caso 8

Tal como se espera, la disminución en los tiempos de vida medio causa una decrecimiento progresivo en la población.

Como fue posible apreciar en los casos anteriores, el software se comporta según lo esperado. Aunque es importante mencionar que la validez biológica de las salidas está relacionada a los valores de los parámetros biológicos con los que se ejecutó el modelo. Por lo tanto, un experto en biología podría ajustar los valores de los mismos y obtener resultados aún más acordes a la naturaleza.

10. DISTRIBUCIÓN DEL SOFTWARE

Al comenzar este trabajo una de las metas fue generar un software de fácil distribución y acceso a los usuarios.

Se consideró importante hacer un programa multiplataforma, por lo cual se trabajó con Java, un lenguaje cuyos productos sólo necesitan para ejecutarse la máquina virtual acorde al sistema operativo.

Una vez terminada la aplicación, se optó por distribuirla en un DVD.

Dicha elección se debe a que el programa utiliza una colección de información de origen espacial de gran tamaño (aproximadamente 2GB), que aun comprimida, supera la capacidad de unidades más pequeñas como el CD.

Cada DVD cuenta con distintas opciones, según el sistema operativo a emplear.

La primera cuenta con la aplicación (de extensión JAR) y los datos, de manera tal que el usuario puede ejecutarlo sin necesidad de instalación. Este caso es el más recomendable para sistemas operativos como Linux, donde la máquina virtual es incluida junto a la distribución.

La segunda es indicada para sistemas Windows. Se trata de un instalador que verifica la presencia de la máquina virtual de Java y en caso de no encontrarla, procede a la instalación de la misma. A continuación copia en el disco duro los archivos necesarios, genera los accesos directos y el desinstalador del programa.

Es muy importante mencionar que la distribución de este software se realiza acorde a la GNU GPL (Licencia Pública General) de la Free Software Foundation (Fundación para el Software Libre). Siendo posible compartir y modificar el mismo según lo permite dicha licencia; por ello cada DVD contendrá los códigos fuente de la aplicación.

11. CONCLUSIÓN

Hemos alcanzado una herramienta que incorpora datos de origen satelital en el estudio del fenómeno de dispersión espacio temporal de roedores portadores de la Fiebre Hemorrágica Argentina; contribuyendo, humildemente, a la Epidemiología Panorámica.

El software consiste en la implementación de dos modelos que representan el análisis de un mismo fenómeno desde dos puntos de vista diferentes: el espacio y el tiempo.

El primero consiste en un autómata celular que simula la distribución de roedores en espacios físicos, haciendo uso de información proveniente del satélite Landsat TM 5. El mismo brinda interesantes conclusiones acerca de los hábitos predilectos del vector de la FHA; y por consiguiente, permite predecir posibles focos de infección.

Mientras que el segundo, por medio de datos del satélite SPOT, estudia la dinámica de los ratones a través del tiempo; analizando factores de nacimiento, crecimiento y muerte, y sus relaciones con los procesos de infección e inmunización del virus Junín, agente etiológico de la FHA.

Toda la información brindada por los mismos ha sido procesada de manera tal que su comprensión sea sencilla; a través de gráficos lineales, porcentuales y animaciones.

Asimismo se han ofrecido funciones de guardado e impresión de las salidas de los modelos, favoreciendo la continuación del trabajo en otras aplicaciones.

El software permite que un usuario calificado en biología con conocimientos en este área, pueda ajustar los parámetros de entrada y obtener resultados significativos. Puesto que la ecología en los modelos reside en la información de entrada con los que se efectúa la ejecución.

De esta forma, se constituyó una herramienta que puede utilizarse para el estudio de la FHA y su vector, el roedor *Calomys musculinus*, como también para diseñar estrategias de control en beneficio de la salud pública.

Si bien este trabajo ha alcanzado su etapa final en el rol de tesis de grado, aún quedan muchos aspectos por mejorar y ampliar.

Es importante mencionar que ante avances en los estudios sobre estos fenómenos, el software podría fácilmente modificarse y ajustarse a los mismos, permitiéndose evolucionar junto a los nuevos conocimientos sobre la dinámica de los roedores portadores de esta enfermedad. Incluso podría utilizarse para otros modelos, tanto vinculados a la FHA como no.

Otra mejora consistiría en combinar los aspectos temporales y espaciales en una misma salida, ya que actualmente estos aspectos se analizan por separado.

Bibliografía

- [1] THE USE OF SATELLITE DATA IN MODELING POPULATION DYNAMICS AND PREVALENCE OF INFECTION IN THE RODENT RESERVOIR OF JUNIN VIRUS. X. Porcasi, G. Calderón, M. Lamfri, N. Gardenal, J. Polop, M. Sabbattini, C.M. Scavuzzo.
Ecological Modelling Volumen 185/2-4 pp 437-449, 2005.
- [2] CONCEPTO DE RESERVAREA. LA REDUCIDA RESERVAREA DE LA PARACOCCIDIOIDOSIS. Dante Borelli.
Revista Dermatología Venezolana Volumen 4 Número 1, 1963-64.
- [3] WIKIPEDIA.
http://es.wikipedia.org/wiki/Fiebre_hemorragica_argentina
- [4] ROEDORES DE LA PROVINCIA DE LA PAMPA. Asociación Alihuen
<http://www.alihuen.org.ar/>
- [5] ROEDORES TRANSMISORES DE ENFERMEDADES: MEDIDAS DE PREVENCIÓN Y CONTROL. Ing. Agr. MÓNICA RICCI: Cátedra de Zoología Agrícola, Ing. Agr. SUSANA PADÍN: Cátedra de Terapéutica Vegetal. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales Universidad Nacional de La Plata.
<http://www.agro.unlp.edu.ar/institucional/secretarias/extension/publicacionestecnicas/roedoresPrevencion.pdf>
- [6] ENFERMEDADES INFECCIOSAS TROPICALES. Richard L. Guerrant, David H. Walker, Peter F. Weller.
Ediciones Harcourt S.A, 2002.
- [7] ANLIS.
http://www.anlis.gov.ar/consulta_fharg.htm
- [8] SPOT.
<http://www.spotimage.fr>
- [9] TELEDETECCIÓN AMBIENTAL. Emilio Chuvieco.
Editorial Ariel, 2002.
- [10] RECONSTRUCTING CLOUD FREE SPOT/VEGETATION USING HARMONIC ANALYSIS WITH LOCAL MAXIMUM FITTING. Yukio Wada, Wataru Ohira.

-
- Poster Session at 25th Asian Conference on Remote Sensing, December 2004.
- [11] MODELANDO LA POBLACIÓN DE ROEDORES UTILIZANDO AUTÓMATA CELULAR Y DATOS SATELITALES. Provensal C., Simone I., Lamfri M., Scavuzzo M., Polop J.
<http://www.conae.gov.ar/aplicaciones/aqui/automataE.pdf>
- [12] IMÁGENES DE SATÉLITE COMO FUENTE DE INFORMACIÓN AMBIENTAL EN EL MODELADO DE LA DINÁMICA DE ENFERMEDADES TRANSITADAS POR ROEDORES. Porcasi X., Calderón G., Lamfri M., Scavuzzo M., Polop J., Sabbattini M.
- [13] INTERNATIONAL WORKSHOP ON SPACE TECHNOLOGIES APPLIES TO HUMAN HEALTH FOR THE BENEFIT OF LATIN AMERICAN AN CARIBBEAN COUNTRIES - HIGHLIGHTS. Carlos M. Scavuzzo, Maurizio Fea.
Revista SELPER, “Sociedad Especialistas Latinoamericana en Percepción Remota”, ISSN 0717-2915; V20 N1, pp 5-7 2005.
- [14] SENSORES REMOTOS EN EL ESTUDIO DE RESERVORIOS DE ENFERMEDADES ZOONÓTICAS. Jaime Polop, Ximena Porcasi, Gladys Calderón, Mario Lamfri, Marcelo Scavuzzo, José Priotto, María Provensal, Francisco Polop, Federico Costa, Ivana Simona, Noemí Pini, Silvana Levis, Delia Enría.
Revista SELPER, “Sociedad Especialistas Latinoamericana en Percepción Remota”, ISSN 0717-2915; V20 N1, pp 8-13, 2005.
- [15] AUTÓMATAS CELULARES ESTOCÁSTICOS. Germán Hernández, Luz Gloria Torres.
Lecturas Matemáticas Volumen 15, pp 167-191. Universidad Nacional de Colombia, Bogotá. 1994.
- [16] CELLULAR AUTOMATON. Weisstein, Eric W. From MathWorld—A Wolfram Web Resource.
<http://mathworld.wolfram.com/CellularAutomaton.html>.
- [17] AUTÓMATAS CELULARES Y FÍSICA DIGITAL. Muñoz Castaño, José Daniel.
Artículo en Memorias del Primer Congreso Colombiano de NeuroComputación. Santafé de Bogotá, D. C.: Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales, 1996.
- [18] CELLULAR AUTOMATA MACHINES: A NEW ENVIRONMENT FOR MODELING. Toffoli Tommaso, Margolus Norman.
The MIT Press, Cambridge MA, 1987.
- [19] WIKIPEDIA.
http://es.wikipedia.org/wiki/Automata_celular

-
- [20] JAVA SUN.
<http://www.java.sun.com>
 - [21] LA BIBLIA DEL JAVA 2. Steven Holzner.
Editorial Anaya Multimedia.
 - [22] JAVA TECH. Clark Lindsey, Johnny Tolliver, Thomas Lindblad.
Editorial Cambridge.
 - [23] JFREECHART.
<http://www.jfree.org>
 - [24] USING Z. SPECIFICATION, REFINEMENT, AND PROOF. Jim Woodcock, Jim Davies.
University of Oxford. Prentice Hall, 1996.
 - [25] THE Z NOTATION: A REFERENCE MANUAL. J. M. Spivey.
Programming Research Group.
University of Oxford. Second edition, 1998.
 - [26] FUNDAMENTAL OF SOFTWARE ENGINEERING. Carlo Ghezzi, Mehdi Jazayeri, Dino Mandrioli.
Prentice Hall, 1991.

APÉNDICE

A. MANUAL DE USUARIO

A continuación se presenta el manual de usuario de la herramienta que se ha desarrollado. La misma ha sido llamada “SDET-R”, por tratarse de una Simulación de la Dinámica Espacio Temporal de Roedores.

A.1. Instalación

Tal como se menciona en el capítulo titulado “Distribución del Software”, el programa se encuentra almacenado en un DVD y bajo dos opciones diferentes, según el sistema operativo que se desee utilizar.

Por ello, se encuentran dos carpetas: Linux y Windows.

En el primer caso encontraremos una carpeta con un archivo denominado “SDET-R.jar” y otras carpetas de datos.

Para ejecutar la aplicación la computadora debe contar con una máquina virtual Java. Verificado esto último, se ejecuta en una consola la siguiente orden:

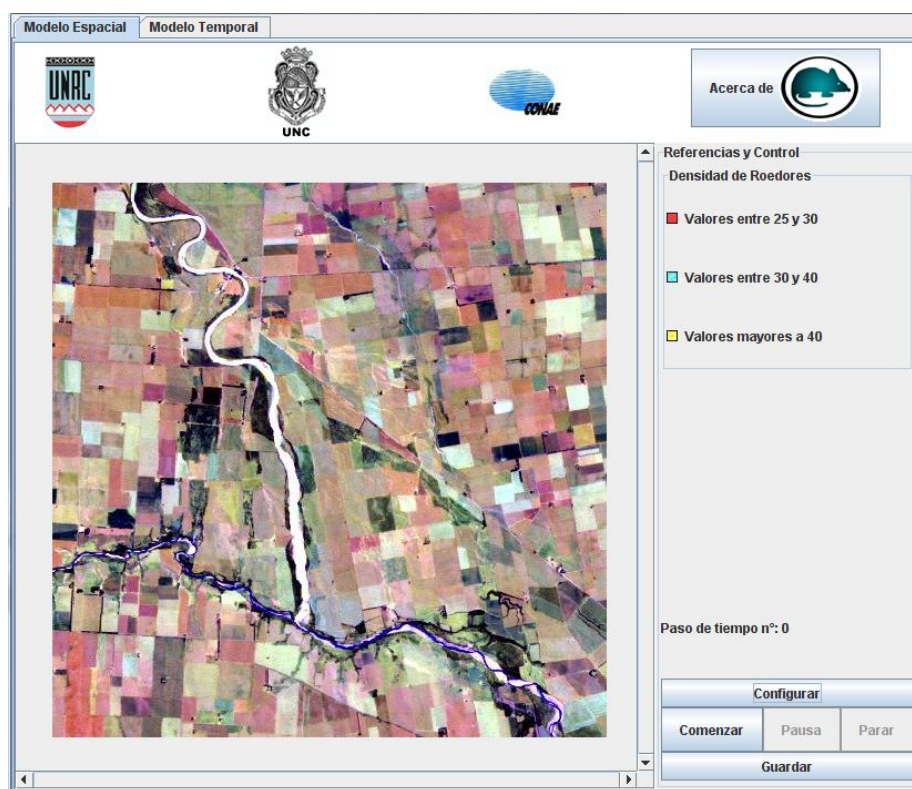
```
java - jar SDET-R.jar
```

En el segundo caso encontramos un ícono de nombre “Instalador SDET-R.exe”. Para comenzar la instalación hacer doble “click” sobre él.

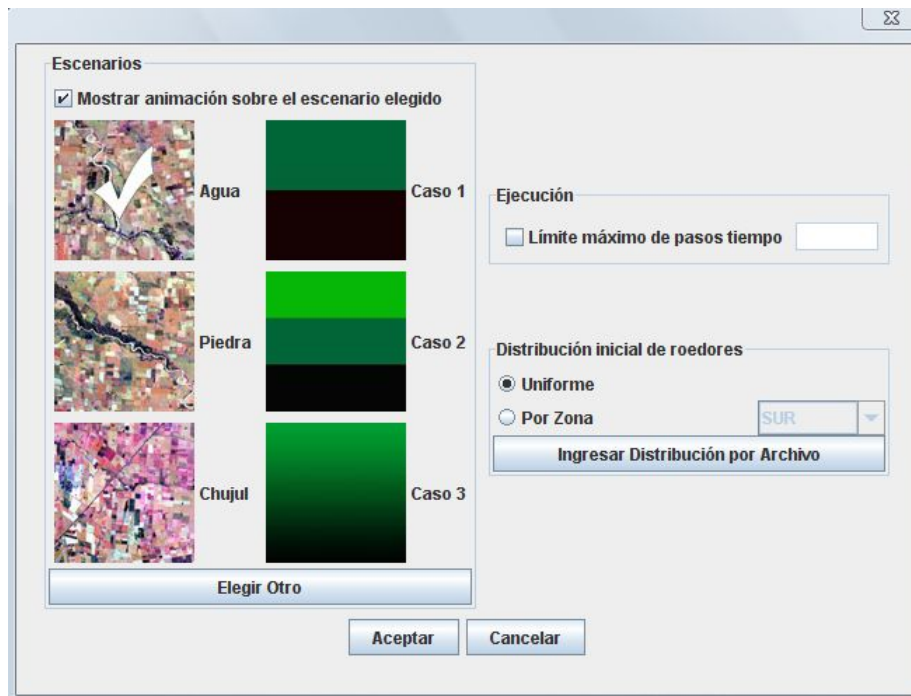
Una vez iniciada, busca si la computadora posee una máquina virtual Java y en caso de no encontrarla le ofrece al usuario instalarla. Se puede optar por aceptar, y grabar la que se distribuye junto a la aplicación o posteriormente instalar otra máquina virtual. En ese último caso, se advierte que hasta que no se instale una máquina virtual el programa no funcionará y se continúa con el proceso de instalación.

Una vez completa, se encontrará el ícono de SDET-R en el escritorio y en el menú Inicio.

A.2. Modelo Espacial



Para establecer las opciones con las que se ejecutará el modelo espacial presionar el botón "Configurar".

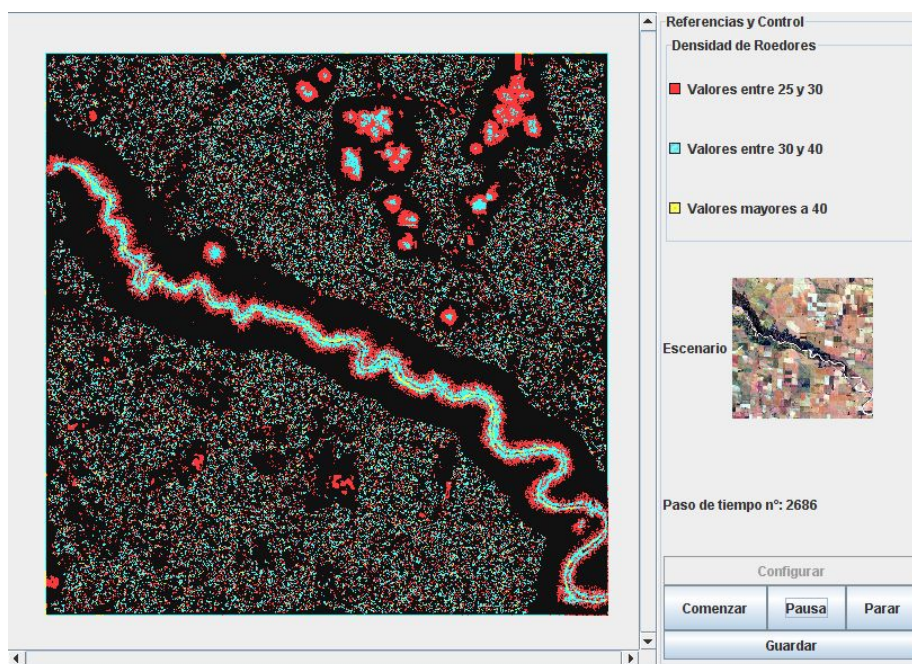


El cuadro “Escenario” brinda la posibilidad de elegir correr la animación en seis escenarios diferentes (tres reales y tres casos de prueba). Asimismo el usuario puede optar por introducir su propio escenario, haciendo “click” en “Elegir Otro”.

En el último caso, se debe ingresar:

1. Una imagen de extensión JPG, GIF o PNG, escribiendo el nombre del archivo en el campo que corresponda.
2. Un archivo de extensión TXT, con la capacidad de carga o función de “bondad” del área a la que pertenezca la imagen. Este archivo debe consistir en una matriz de datos cuya dimensión coincida con la de la imagen. Es decir, que si la figura mide 600 x 700 píxeles, la matriz tiene 600 columnas y 700 filas con valores numéricos que representan la capacidad de carga de cada punto de la imagen.

Para aumentar la claridad de la animación, es viable correrla sobre una escena vacía, o sea un fondo de color negro. Para ello, es necesario desmarcar el casillero “Mostrar animación sobre el escenario elegido”. Entonces, se visualizan las salidas de la siguiente manera:



Notar que en el panel “Referencias y Control” se muestra la imagen real del escenario que se está ejecutando.

La ejecución de la animación puede pararse a través del botón “Parar” o automáticamente fijando la cantidad máxima de pasos. En ese último caso, se debe hacer “click” en “Límite máximo de pasos de tiempo” y escribir en el campo correspondiente un valor numérico natural.

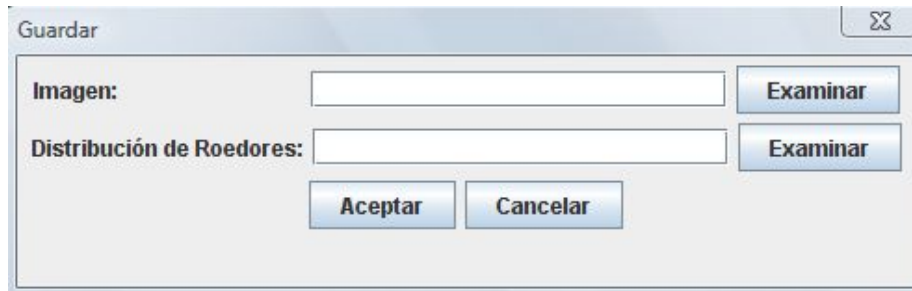
Otra opción disponible es la distribución inicial de roedores. Para lo cual contamos con tres posibilidades:

1. Sobre toda la imagen, en cuyo caso se marca el campo “Uniforme”.
2. En una zona determinada en cierto punto cardinal, seleccionando “Por Zona” y eligiendo el punto cardinal desde el menú desplegable.
3. Por archivo, haciendo “click” en “Ingresar Distribución por Archivo”. Este debe contener una matriz de datos de iguales dimensiones que las del escenario elegido.

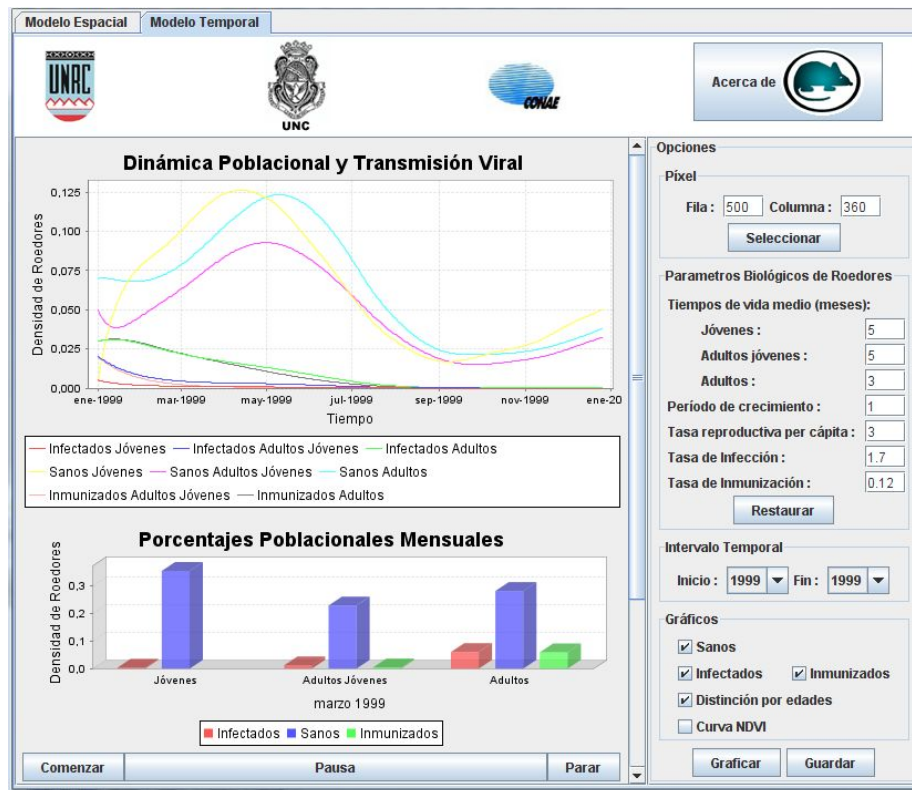
Ya configurada la animación se controla con los botones “Comenzar”, “Pausa” y “Parar”.

Es posible grabar el estado de la animación presionando el botón “Guardar”.

Tanto para guardar la imagen en formato JPG, GIF, PNG o BMP como para almacenar en un archivo TXT la distribución de los roedores, se completa con el nombre de archivo el campo correspondiente. Para elegir la ubicación de destino de los datos a guardar, hacer “click” en “Examinar”.



A.3. Modelo Temporal



La ejecución del modelo temporal se efectúa a partir de los datos NDVI de un píxel dentro de la zona endémica de la FHA.

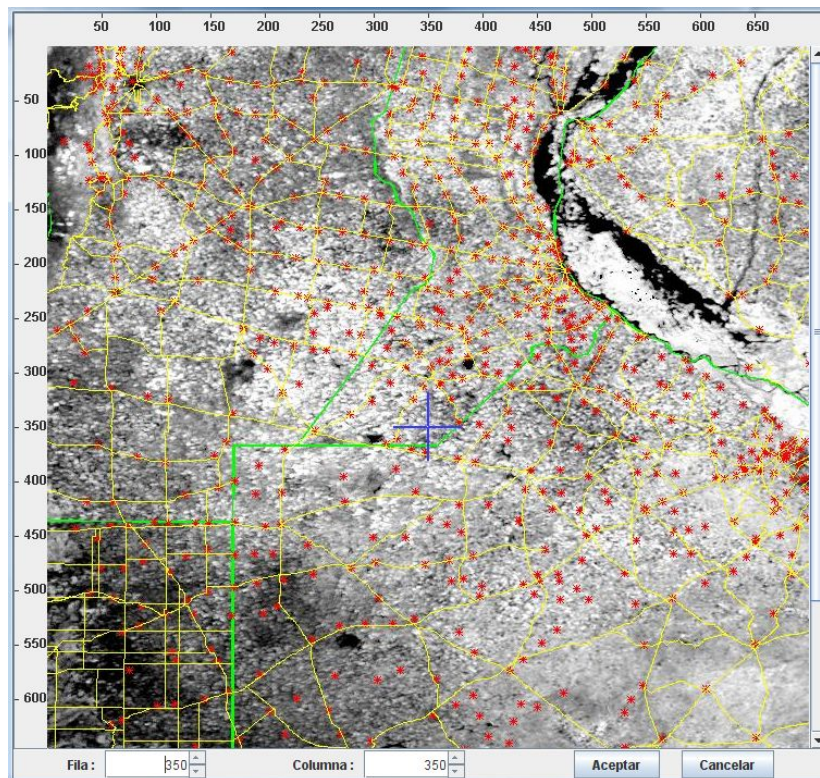
Para elegirlo se puede completar los campos “Fila” y “Columna” o seleccionarlos desde la imagen haciendo “click” en “Seleccionar”.

Píxel

Fila : Columna :

En el segundo caso, deberá seleccionar el píxel haciendo “click” con el mouse sobre la imagen, o a través del ingreso de los valores en “Fila” y “Columna” (ya sea escribiendo los números o utilizando las flechitas disponibles).

Una vez determinado el píxel deseado presionar “Aceptar”.



Ya seleccionado el píxel, es necesario indicar el intervalo temporal sobre el cual se ejecutará el modelo. Por lo tanto, se establecen el “Inicio” y “Fin” del período anual eligiendo años desde los menús desplegables .

Intervalo Temporal

Inicio : 1999 ▼ Fin : 1999 ▼

También se pueden ajustar los parámetros biológicos que rigen el modelo, escribiendo en los campos correspondientes los valores numéricos deseados.

Si una vez modificados, se desea volver a los que se ofrecen por defecto, presionar “Restaurar”.

Parámetros Biológicos de Roedores

Tiempos de vida medio (meses):

Jóvenes : 5

Adultos jóvenes : 5

Adultos : 3

Tasa de crecimiento : 1

Tasa reproductiva per cápita : 1.5

Tasa de Inmunización : 0.12

Tasa de Infección : 1.714

Para indicar las salidas gráficas deseadas se seleccionan los siguientes casilleros:

Gráficos

Sanos

Infectados Inmunizados

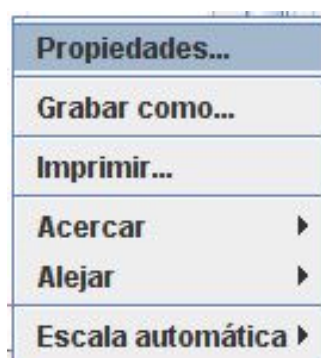
Distinción por edades

Curva NDVI

- “Sanos”, “Infectados” e “Inmunizados” para mostrar la densidad poblacional de roedores sanos, infectados e inmunizados respectivamente.
- “Distinción por edades”, permite visualizar los anteriores distinguiendo si trata de población joven, adulta joven o adulta.
- “Curva NDVI”, muestra un gráfico de los valores NDVI que se utilizaron en la ejecución del modelo.

Ya determinadas todas las opciones, se presiona “Graficar” para obtener las salidas del modelo.

Todos los gráficos tienen asociado un menú que se visualiza al hacer “click” con el botón derecho del mouse sobre ellos.



El mismo brinda las siguientes opciones:

- “Propiedades”, para modificar la apariencia de los gráficos (cambiar el título, colores, trazos, etcétera).
- “Grabar como”, para guardar los archivos en formato PNG.
- “Imprimir”, permite imprimir los gráficos.
- “Acercar”, efectúa “zoom in” sobre los gráficos.
- “Alejar”, ejecuta “zoom out” sobre los gráficos.
- “Escala automática”, restaura la vista original, deshaciendo los cambios logrados por Acercar o Alejar.

Por último mencionamos el botón “Guardar” del panel “Opciones”, que permite almacenar en archivos de extensión TXT los valores de las densidades de cada uno de los grupos en los que se divide la población de roedores.

Se completan con el nombre de archivo los campos correspondientes a los datos que se deseen guardar.

Guardar Densidades Poblacionales ✕

Sanos Jóvenes:	<input type="text"/>	Examinar
Sanos Adultos Jóvenes:	<input type="text"/>	Examinar
Sanos Adultos:	<input type="text"/>	Examinar
Infectados Jóvenes:	<input type="text"/>	Examinar
Infectados Adultos Jóvenes:	<input type="text"/>	Examinar
Infectados Adultos:	<input type="text"/>	Examinar
Inmunizados Adultos Jóvenes:	<input type="text"/>	Examinar
Inmunizados Adultos:	<input type="text"/>	Examinar

Aceptar **Cancelar**