



1. DATOS BÁSICOS DEL TFG:

Título: Modelos continuos en dinámica de poblaciones: del crecimiento clásico a modelos epidemiológicos

Descripción general (resumen y metodología):

El estudio de la dinámica de poblaciones es una de las aplicaciones más habituales de las ecuaciones diferenciales ordinarias estudiadas en el grado, con modelos elementales en una dimensión que permiten describir la evolución temporal de una población bajo hipótesis muy simples, esto es, a partir de sus tasas de nacimiento y muerte. El proyecto comenzaría haciendo un recorrido histórico-matemático por los modelos clásicos para una única población, como el modelo de crecimiento exponencial de Malthus bajo hipótesis de recursos y espacio ilimitados, o el crecimiento logístico de Verhulst, que introduce limitaciones al anterior, haciendo aparecer conceptos como la capacidad de carga o la estabilidad de los equilibrios. El siguiente paso del proyecto es introducir las interacciones entre dos o más poblaciones, apareciendo otros modelos acoplados que pueden modelar interacciones como la competencia, la depredación o el comensalismo, entre otros; en esencia se pretende describir cómo una población puede influir positiva o negativamente en la dinámica de crecimiento de la otra a través de sus tasas respectivas, y viceversa.

Una vez clarificados y ejemplificados estos puntos, el objetivo del proyecto se centra en modelos en ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales con origen en epidemiología. En particular se estudiará el clásico modelo SIR de Kermack and McKendrick, aunque se describirán con menor profundidad otras variantes, en el que una población se divide en tres grupos: los susceptibles (S) de contraer una cierta enfermedad, los infectados (I) por la misma y los recuperados (R).

Este modelo relaciona estas tres subpoblaciones mediante diversos parámetros como la tasa de infección y la de recuperación o el periodo infeccioso promedio, y hace emerger un coeficiente llamado número básico de reproducción, que resume de una manera eficaz la malignidad de la enfermedad bajo estudio y es clave para determinar si, a priori, una enfermedad se propaga o desaparece, y el ritmo al que lo hace. Como contrapartida, se considerará la introducción en los modelos de estrategias de vacunación, modificando el sistema y evaluando su impacto en la dinámica de la enfermedad a través de este número básico de reproducción.

Como complemento a estos objetivos básicos, el TFG podrá complementarse con simulaciones numéricas, utilizando software libre como Python u Octave, como validación de los resultados desarrollados y/o emulando resultados con estudios ya publicados en la literatura científica. Por último, y a modo de resumen bibliográfico, se presentarán brevemente resultados publicados con extensiones de estos modelos al caso con dependencia espacial; la idea no es incluir los (complejos) detalles en este TFG, sino entender cómo esta nueva dependencia da lugar a modelos más realistas que permiten, según lo modelado, bien describir la propagación geográfica de epidemias, bien hacer emerger clústers y líneas divisorias entre subpoblaciones, bien la aparición de patrones, etc.

Tipología: Estudio de casos, teóricos o prácticos, relacionados con la temática del Grado.

Objetivos planteados:

- Recorrido histórico-matemático por los modelos 1D de dinámica de poblaciones: Malthus, logístico. Tasas y estabilidad.
- Modelos no lineales de interacción entre poblaciones. Tipología y estudio de estabilidad.
- Modelos epidemiológicos tipo SIR. Parámetros biológicos, número básico de reproducción y efecto de la vacunación.
- Opcional: simulaciones con Python u Octave de modelos epidemiológicos.
- Sólo descriptivo/bibliográfico: modelos con dependencia espacial.

Bibliografía básica:

- [1] Brauer, F. (2017). Mathematical epidemiology: Past, present, and future. Infectious Disease Modelling, 2(2), 113-127.
<https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC6001967/pdf/main.pdf>
- [2] Brauer, F., Castillo-Chavez, C., & Feng, Z. (2019). Mathematical models in epidemiology. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9>
- [3] Edelstein-Keshet, L. (2005). Mathematical models in biology. SIAM.
- [4] Grima, C., & Borja, E. F. (2017). Las matemáticas vigilan tu salud: Modelos sobre epidemias y vacunas. Next Door Publishers.
- [5] Murray, J. D. (2002). Mathematical biology: I. An introduction. Springer.
<http://pcleon.if.ufrgs.br/pub/listas-sistdin/MurrayI.pdf>

Recomendaciones y orientaciones para el estudiante:

Plazas: 1

2. DATOS DEL TUTOR/A:

Nombre y apellidos: LIDIA FERNÁNDEZ RODRÍGUEZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: MATEMÁTICA APLICADA

Correo electrónico: lidiafr@ugr.es

3. COTUTOR/A DE LA UGR (en su caso):

Nombre y apellidos: JUAN JOSÉ NIETO MUÑOZ

Ámbito de conocimiento/Departamento: MATEMÁTICA APLICADA

Correo electrónico: jjmnieto@ugr.es

4. COTUTOR/A EXTERNO/A (en su caso):

Nombre y apellidos:

Correo electrónico:

Nombre de la empresa o institución:

Dirección postal:

Puesto del tutor en la empresa o institución:

Centro de convenio Externo:

5. DATOS DEL ESTUDIANTE:

Nombre y apellidos: Manuel Jesús Lara Lara

Correo electrónico: manueljlara@correo.ugr.es