



UN MODELO DE PROPAGACIÓN DE VIH EN UNA POBLACIÓN

CLAUDIA MARLENE DE LA CRUZ, JULIÁN FRESÁN-FIGUEROA, BRUNO GRAF-ROMERO, MARÍA FERNANDA PÉREZ-SÁNCHEZ, NANCY VALERIA PRADO MARTÍNEZ, PABLO CÉSAR SÁNCHEZ-SILVA

RESUMEN. En este artículo trabajamos en un modelo dinámico, propuesto por Simon Mukwembi, para la propagación del VIH en una población discreta y finita de tamaño n , representada mediante una gráfica, donde los vértices son individuos y las aristas indican relaciones sexuales entre los individuos; a esta representación la llamamos gráfica sexual. El modelo toma en cuenta la estructura de dicha gráfica, la densidad de población infectada entre las parejas sexuales de cada individuo, y una cantidad razonable de la influencia que pueden tener los individuos VIH positivos no infecciosos sobre sus parejas sexuales que sí son infecciosas. Exploramos distintas posibles redes sexuales y los comportamientos dinámicos del modelo, como la estabilización, propagación sostenida o extinción del virus, en función de la estructura de la gráfica.

1. INTRODUCCIÓN

Uno de los desafíos más urgentes en salud pública, en México y en muchos lugares del mundo, sigue siendo, en ausencia de una cura definitiva, diseñar estrategias efectivas para frenar la propagación del VIH (Virus de Inmunodeficiencia Humana). aunque el acceso a tratamiento antirretroviral ha mejorado significativamente en los últimos años, los nuevos casos no han dejado de aparecer. Según datos de CENSIDA [1], en México más de 160,000 personas han sido diagnosticadas con VIH en los últimos 10 años, cada año se suman en más de 10,000 nuevos diagnósticos, y mas del 70 % de los diagnósticos se dan entre los 20 y 40 años.

Para entender cómo se propaga el virus y diseñar políticas públicas eficaces, los modelos matemáticos se han vuelto herramientas de gran utilidad. Estos modelos permiten hacer simulaciones y predicciones que ayudan a explicar el comportamiento de enfermedades infecciosas. Durante décadas, los más usados han sido los llamados modelos compartimentales, que dividen a la población en grupos como “susceptibles”, “infectados” y “tratados”, y usan ecuaciones diferenciales para representar cómo las personas cambian de un grupo a otro con el tiempo.

aunque estos modelos han sido útiles, tienen limitaciones cuando se trata de enfermedades como el VIH, que se transmite mayormente por contacto sexual. Su principal problema es que suponen que todas las personas tienen la misma probabilidad de tener relaciones sexuales entre sí, y que hay muchas interacciones. Pero en la realidad, y particularmente en México, las relaciones sexuales no son aleatorias ni ocurren de manera homogénea. Factores como la edad, el género, la orientación sexual, la clase social y los estigmas culturales influyen en con quién, cuándo y qué tanto se tiene sexo.

En México, el VIH afecta de forma desigual a ciertos grupos: hombres que tienen sexo con hombres, mujeres trans, trabajadores sexuales y personas que se inyectan drogas. En estos grupos, el número de parejas sexuales puede variar mucho, desde relaciones monógamas hasta redes sexuales muy densas. Algunos individuos tienen un número muy elevado de parejas, lo que los convierte en superpropagadores capaces de generar brotes, mientras que otros pueden no contagiar a nadie. Suponer que todos se comportan igual es una simplificación que puede llevar a errores importantes.

2010 *Mathematics Subject Classification.* 05C05, 05C07.

Palabras clave. VIH, gráfica, propagación.

Además, algunos estudios han mostrado que aunque el número de reproducción básica (R_0) sea mayor a 1 (lo que normalmente indicaría una epidemia), no siempre ocurre un brote. Esto se debe a que lo más importante no es sólo cuántas personas están involucradas, sino cómo están conectadas entre sí.

Frente a estas limitaciones, ha surgido una nueva generación de modelos llamados modelos de redes. En estos modelos, cada persona es representada como un vértice en una gráfica, y las relaciones sexuales como conexiones (aristas) entre estos vértices. Así se puede representar mejor cómo ocurren los contactos en la vida real. Para construir estos modelos, se han usado herramientas de análisis de redes que también se aplican en sociología o antropología.

Sin embargo, muchos de estos modelos se basan en redes estáticas o con estructuras muy específicas (como las redes de Erdős–Rényi o Barabási–Albert), que no reflejan bien cómo cambian las relaciones sexuales en la vida diaria. Por ejemplo, en la Ciudad de México, el uso de aplicaciones de citas, la movilidad social y la desigualdad económica cambian constantemente las redes sexuales. También se han usado simulaciones por computadora para representar redes más complejas y dinámicas. Estas simulaciones permiten incluir muchos comportamientos distintos, pero a veces son difíciles de interpretar porque usan muchos parámetros, lo que complica identificar qué aspectos del modelo son responsables de ciertos resultados. En otras palabras, al haber tantas variables involucradas, es difícil aislar el efecto de una sola decisión o suposición sobre la propagación del virus.

En este trabajo presentamos un modelo más general y dinámico, propuesto por Mukwembi [2] que evita esas limitaciones. No asumimos que la red de contactos sea igual para todos ni que esté fija. Representamos a las personas y sus relaciones sexuales mediante una gráfica general, y estudiamos cómo se propaga el virus a lo largo del tiempo. Los resultados se basan en pruebas matemáticas claras, no en simulaciones, lo que ayuda a entender mejor los mecanismos de contagio.

Este tipo de modelo podrían ayudarnos a responder preguntas importantes para México: ¿Qué hace que algunas redes sexuales sean más susceptibles a los contagios? ¿Cómo influye la desigualdad de género o el acceso desigual a los servicios de salud? ¿Qué tipo de acciones pueden cortar más eficazmente las cadenas de contagio? Entender cómo son realmente las relaciones entre personas, sin suposiciones simplistas, es clave para diseñar políticas públicas que sí funcionen. Porque para combatir el VIH, lo primero es dejar de pensar que el sexo es aleatorio y homogéneo.

2. EL MODELO

Similar a los modelos SIR en epidemiología matemática, para el caso del VIH se dividirá la población en 3 clases: los individuos *susceptibles* que son individuos que son VIH negativos; los individuos *infecciosos*, que son individuos que portan el virus y pueden contagiarlo, estos individuos incluyen, por ejemplo, a las personas que aún no cuentan con un diagnóstico o a las personas que aún no son indetectables; y por último los individuos *no infecciosos* que son los individuos portadores del virus, pero que no pueden contagiarlo. En esta última clase se incluyen, por ejemplo, los individuos con carga viral indetectable. La propagación entre individuos se dará, en tiempos discretos, de acuerdo a las siguientes reglas de transición:

Regla 1: Un individuo susceptible se infecta en el siguiente paso de tiempo si la densidad de sus parejas sexuales VIH positivas infecciosas entre todas sus parejas sexuales supera una fracción α ; de lo contrario, el individuo permanece susceptible. Llamaremos a α el parámetro de infectividad.

Regla 2: Un individuo infeccioso v se vuelve no infeccioso si al menos la mitad de sus parejas son no infecciosas; de lo contrario, permanece infeccioso.

Regla 3: Los actores no infecciosos permanecen no infecciosos.

Para más información sobre la justificación de estos supuestos se puede revisar [2]. Modelamos la situación anterior, es decir, la comunidad y sus relaciones sexuales,

mediante una gráfica G de la siguiente manera. El conjunto de vértices de G , denotado por $V(G)$ representa a las personas, y dos vértices están conectados por una arista si y sólo si los individuos correspondientes tienen una relación sexual. Así, por ejemplo, el número de vecinos de un vértice es simplemente el número de parejas sexuales que tiene el individuo correspondiente en un cierto intervalo de tiempo.

En cada paso de tiempo, de acuerdo con reglas mencionadas anteriormente, colorearemos los vértices de G utilizando los colores 0, 1 y 2, a los que nos referiremos como color azul, rojo y negro. Estos colores representan, respectivamente, a individuos susceptibles, un individuos infecciosos y un individuos no infecciosos. La dinámica del modelo está definida de la siguiente manera. Sea $N_{t,k}(v)$ el conjunto de vecinos de color k en el tiempo t del vértice v y sea $d_{t,k}(v) = |N_{t,k}(v)|$, entonces:

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 0 & \text{si } f_{t,\alpha}(v) = 0 \text{ y } \frac{d_{t,1}(v)}{d(v)} < \alpha; \\ 1 & \text{si } f_{t,\alpha}(v) = 0 \text{ y } \frac{d_{t,1}(v)}{d(v)} \geq \alpha, \text{ o;} \\ & f_{t,\alpha}(v) = 1 \text{ y } \frac{d_{t,2}(v)}{d(v)} < \frac{1}{2}; \\ 2 & \text{si } f_{t,\alpha}(v) = 1 \text{ y } \frac{d_{t,2}(v)}{d(v)} \geq \frac{1}{2}, \text{ o;} \\ & f_{t,\alpha}(v) = 2. \end{cases}$$

El modelo de Mukwembi determina una sucesión de funciones que dependen de α , digamos $P_{f_0,\alpha}(G) = (f_{0,\alpha}, f_{1,\alpha}, f_{2,\alpha}, \dots)$.

3. RESULTADOS

Diremos que dos valores del parámetro de infectividad α_1 y α_2 tienen la *misma dinámica* si para todo estado inicial f_0 , $P_{f_0,\alpha_1}(G) = P_{f_0,\alpha_2}(G)$. Sea $\sigma(G) = \{k \mid k = d(v) \text{ para algún } v \in V(G)\}$. Sea $A = \left\{ \frac{p}{q} \mid q \in \sigma(G) \text{ y } 0 \leq p \leq q \right\}$.

TEOREMA 1. *Sea $\lambda = (a_0, a_1, \dots, a_r)$ tal que $a_i \in A$ para $i = 1, 2, \dots, r$ y $a_i < a_j$ si $i < j$. Si $a_i < \alpha < a_{i+1}$, entonces α tiene la misma dinámica que a_i o que a_{i+1} .*

Demostración. Sea $\alpha \notin A$, tal que $a_i < \alpha < a_{i+1}$ y supongamos por contradicción que existe un estado inicial f_0 tal que $P_{f_0,\alpha}(G) \neq P_{f_0,a_{i+1}}(G)$. Sea t_0 el primer tiempo en el que $f_{t_0,\alpha}(G) \neq f_{t_0,a_{i+1}}(G)$, entonces existe al menos un vértice $w \in V(G)$ tal que $f_{t_0,\alpha}(w) \neq f_{t_0,a_{i+1}}(w)$. Observemos que $d_{t_0-1,\alpha}(w) = d_{t_0-1,a_{i+1}}(w)$ pues $f_{t_0-1,\alpha} = f_{t_0-1,a_{i+1}}$. Entonces $f_{t_0,\alpha}(w) \neq 2 \neq f_{t_0,a_{i+1}}(w)$, por lo que existe $w \in V(G)$ tal que $f_{t_0-1,\alpha}(w) = f_{t_0-1,a_{i+1}}(w) = 0$ y:

1. $f_{t_0,\alpha}(w) = 1$ y $f_{t_0,a_{i+1}}(w) = 0$ o
2. $f_{t_0,\alpha}(w) = 0$ y $f_{t_0,a_{i+1}}(w) = 1$

En el primer caso, como $f_{t_0-1,\alpha}(w) = 0$ y $f_{t_0,\alpha}(w) = 1$ se cumple que $\frac{d_{t_0-1,1}(w)}{d(w)} < \alpha$. Por otro lado dado que $f_{t_0-1,a_{i+1}}(w) = 0$ y $f_{t_0,a_{i+1}}(w) = 0$, entonces tenemos que $\frac{d_{t_0-1,1}(w)}{d(w)} \geq a_{i+1}$, lo cual contradiría que $a_{i+1} > \alpha$.

Para el segundo caso, $f_{t_0-1,\alpha}(w) = 0$ y $f_{t_0,\alpha}(w) = 1$ y se cumple que $\frac{d_{t_0-1,1}(w)}{d(w)} \geq \alpha$. Por otro lado dado que $f_{t_0-1,a_{i+1}}(w) = 0$ y $f_{t_0,a_{i+1}}(w) = 0$, entonces tenemos que $\frac{d_{t_0-1,1}(w)}{d(w)} < a_{i+1}$, de donde $a_{i+1} > \frac{d_{t_0-1,1}(w)}{d(w)} > a_i$. Sin embargo, $d(w) \in \sigma(G)$ y $0 \leq d_{t_0-1,1}(w) < d(w)$, por lo que $\frac{d_{t_0-1,1}(w)}{d(w)} \in A$. Eso implicaría que existe un a_j tal que $a_i < a_j < a_{i+1}$ lo que contradice la construcción de λ . $\square$

Usualmente en los modelos en ecuaciones diferenciales, usados para estudiar la propagación de enfermedades, se utiliza el supuesto de mezcla homogénea. Este supuesto implica que cualquier persona puede contagiarse de cualquier otra, y que el contagio ocurre con la misma probabilidad. Intentando trasladar este supuesto a nuestro modelo, como una persona está infecciosa, puede contagiar directamente a cualquiera de

las otras personas, entonces necesitaríamos que todas las aristas entre los vértices correspondientes a personas existieran por lo que la gráfica que usaríamos para modelar con este supuesto sería una gráfica completa K_n con n individuos. Por ello estudiamos la dinámica del contagio en las gráficas completas en el siguiente teorema.

TEOREMA 2. *Sea $G = K_n$ la gráfica completa de n vértices, sea $\alpha = \frac{i}{n-1}$ un umbral de contagio, con $i \geq 1$. En el tiempo t , sea S , I y N la partición de $V(G)$ en vértices en estado 0, 1 y 2, respectivamente:*

$$f_{t,\alpha}(S) = 0, \quad f_{t,\alpha}(I) = 1, \quad f_{t,\alpha}(N) = 2.$$

Entonces, la evolución del sistema en los siguientes pasos de tiempo cae en exactamente uno de los siguientes cuatro casos:

(A₁) Estabilidad sin contagio: *Si $|I| < i$ y $|N| < \frac{n-1}{2}$, entonces ningún cambio ocurre en el siguiente paso:*

$$f_{t+1,\alpha}(v) = f_{t,\alpha}(v) \quad \text{para todo } v \in V(G).$$

(A₂) Transición a no infecciosos sin contagio: *Si $|I| < i$ y $|N| \geq \frac{n-1}{2}$, entonces los vértices susceptibles permanecen igual, pero los infectados cambian de estado a no infecciosos:*

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 0 & \text{si } v \in S, \\ 2 & \text{si } v \in I \cup N. \end{cases}$$

(A₃) Contagio sin transición a estado no infeccioso: *Si $|I| \geq i$ y $|N| < \frac{n-1}{2}$, entonces todos los susceptibles se infectan, pero los infectados no cambian a estado no infeccioso:*

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \in S \cup I, \\ 2 & \text{si } v \in N. \end{cases}$$

(A₄) Contagio total seguido de transición a no infecciosos: *Si $|I| \geq i$ y $|N| \geq \frac{n-1}{2}$, entonces en el tiempo $t+1$ todos los susceptibles se infectan, y en $t+2$ toda la población pasa al estado no infeccioso:*

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \in S, \\ 2 & \text{si } v \in I \cup N, \end{cases} \quad \text{y } f_{t+2,\alpha}(v) = 2 \quad \text{para todo } v \in V(G).$$

Demostración. Dado que $G = K_n$, todos los vértices son adyacentes entre sí. Por lo tanto, cada vértice tiene exactamente $n-1$ vecinos. Así, cada vértice susceptible en el tiempo t tiene exactamente $|I|$ vecinos infecciosos.

La regla de contagio establece que un vértice susceptible cambia a estado 1 (infeccioso) en el siguiente paso si al menos una fracción $\alpha = \frac{i}{n-1}$ de sus vecinos están en estado 1. Es decir, si $|I| \geq i$.

Por otro lado, se considera que un vértice infeccioso cambia a estado 2 (no infeccioso) si al menos una fracción $\frac{1}{2}$ de sus vecinos están en estado 2. Es decir, si $|N| \geq \frac{n-1}{2}$.

Analizamos cada caso del teorema por separado:

(A₁) Supongamos que $|I| < i$ y $|N| < \frac{n-1}{2}$. Entonces, ningún vértice susceptible se infecta, ya que no se alcanza el umbral de contagio. Además, ningún vértice infeccioso cambia a estado no infeccioso, ya que tampoco se alcanza el umbral de transición. Por lo tanto:

$$f_{t+1,\alpha}(v) = f_{t,\alpha}(v) \quad \text{para todo } v \in V(G).$$

(A₂) Supongamos que $|I| < i$ y $|N| \geq \frac{n-1}{2}$. No hay contagio, porque $|I| < i$, pero el número de vértices en estado 2 es suficiente para provocar que todos los vértices en estado 1 cambien a estado 2. Entonces:

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 0 & \text{si } v \in S, \\ 2 & \text{si } v \in I \cup N. \end{cases}$$

(A₃) Supongamos que $|I| \geq i$ y $|N| < \frac{n-1}{2}$. En este caso, todos los vértices susceptibles se infectan, ya que el número de infecciosos alcanza el umbral. Sin embargo, no hay suficientes vértices en estado 2 para que los vértices en estado 1 cambien a estado 2. Por lo tanto:

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \in S \cup I, \\ 2 & \text{si } v \in N. \end{cases}$$

(A₄) Supongamos que $|I| \geq i$ y $|N| \geq \frac{n-1}{2}$. Aquí, todos los vértices susceptibles se infectan en el tiempo $t+1$ porque $|I| \geq i$, y el número de vértices en estado 2 es suficiente para que todos los vértices en estado 1 (tanto los anteriores como los recién infectados) cambien a estado 2 en el tiempo $t+2$. Es decir:

$$f_{t+1,\alpha}(v) = \begin{cases} 1 & \text{si } v \in S, \\ 2 & \text{si } v \in I \cup N, \end{cases} \quad \text{y} \quad f_{t+2,\alpha}(v) = 2 \quad \text{para todo } v \in V(G).$$

Finalmente, los cuatro casos son disjuntos y cubren todas las posibilidades para los valores de $|I|$ y $|N|$, ya que $|S| + |I| + |N| = n$. $\square$

Como podemos ver, la dinámica de contagio en K_n depende sólo de cuántos individuos infecciosos, no infecciosos y susceptibles hay en la configuración inicial, y no de quién está conectado con quién.

Debido a que las vías de transmisión no necesariamente son masivas, otra gráfica en la que se podría aplicar el modelo es una trayectoria. Estudiar las trayectorias es similar a lo que en epidemiología se hace al rastrear el camino que sigue el virus de una persona a otra a lo largo del tiempo. Con estos estudios, denominados de *trayectorias de contagio*, se pretende no sólo contar cuántas personas están infectadas, sino de entender cómo se produjo cada transmisión e incluso pensar en escenarios como ¿qué habría pasado si una persona hubiese iniciado el tratamiento antes?

Como mencionamos antes, utilizaremos los colores 0, 1 y 2, y nos referimos a ellos como color azul, rojo y negro, para representar en la gráfica a los individuos susceptibles, infecciosos y no infecciosos, respectivamente. Obtuvimos resultados del tiempo que tarda una trayectoria en colorearse totalmente de negro, lo que en el modelo significaría que todos los individuos son no infecciosos. Estos resultados se obtuvieron considerando $\alpha \geq \frac{1}{2}$.

Observemos que para que una trayectoria cambie en cada tiempo, son necesarios un vértice negro y otro rojo, si sólo hay vértices azules entre dos vértices de color negro, o una cadena de vértices azules en un extremo adyacente a uno negro, entonces esta parte de la trayectoria no cambia.

TEOREMA 3. *Sea P una trayectoria con sólo dos vértices negros en los extremos y vértices rojos y azules entre ellos (al menos uno rojo). Entonces toda la trayectoria se torna totalmente de color negro en $\lceil i/2 \rceil + s_1 + s_2$ tiempos, donde i es la mayor de las distancias entre los vértices rojos más uno, s_1 es el orden de la cadena de vértices azules (si existe) adyacente a un vértice negro y s_2 es el orden de la cadena de vértices azules (si existe) adyacente al otro vértice negro.*

Demostración. Sea P una trayectoria como se menciona en el teorema. Vamos a dividir la demostración en tres casos de acuerdo al número de cadenas de vértices azules adyacentes a los vértices negros.

Caso 0) Cero cadenas de vértices azules adyacentes a algún vértice negro, es decir $s_1 = s_2 = 0$. Entonces los dos vértices negros de los extremos son adyacentes a un vértice rojo cada uno (si P es de orden 3, un sólo vértice rojo es adyacente a ambos vértices negros). En cada tiempo los vértices rojos adyacentes a los vértices negros se convertirán en negros y estos nuevos vértices negros tendrán un vértice rojo adyacente a ellos (si no sucede de esta manera es porque ya no hay vértices rojos en P , sólo vértices negros), pues si en el tiempo anterior, el vértice era azul, al ser adyacente a un rojo, este se convertirá en rojo, de manera que el orden de las cadenas de vértices

negros aumenta en cada tiempo, por lo tanto, la trayectoria se tornará totalmente de color negro en $\lceil i/2 \rceil = \lceil i/2 \rceil + s_1 + s_2$ tiempos.

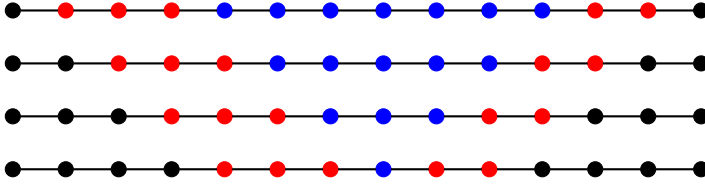


FIGURA 1. Trayectoria con $i = 12$ y $s_1 = s_2 = 0$.

Caso 1) Una sola cadena de vértices azules adyacente a un vértice negro de orden s_1 , entonces $s_2 = 0$ y el otro vértice negro es adyacente a un vértice rojo. En s_1 tiempos la mayor de las distancias entre los vértices rojos más uno seguirá siendo i , además los vértices que tengan esta distancia serán adyacentes a un vértice negro cada uno, esto sucede pues en cada tiempo un vértice rojo adyacente al negro se transforma en negro, y un vértice azul adyacente a un rojo se transforma en rojo. En este momento podemos aplicar el caso anterior, pues los vértices negros son sólo adyacentes a otros vértices negros o a un rojo. Por lo que la trayectoria se vuelve totalmente negra en $\lceil i/2 \rceil + s_1 = \lceil i/2 \rceil + s_1 + s_2$ tiempos.

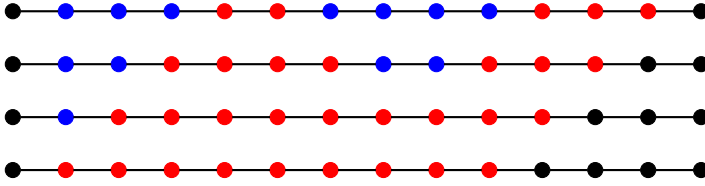


FIGURA 2. Trayectoria con $i = 9$, $s_1 = 4$ y $s_2 = 0$.

Caso 2) Dos cadenas de vértices azules cada una adyacente a un vértice negro. Supongamos que la longitud de una cadena es s_1 y la longitud de la otra cadena es s_2 , supongamos también, sin pérdida de generalidad, que $s_1 \geq s_2$. Entonces, en s_2 tiempos habrá un vértice rojo adyacente a un vértice negro de un extremo, además, la longitud de la mayor de las distancias entre los vértices rojos será $i + 2s_2$, pues en cada tiempo un vértice azul adyacente a uno rojo, se convierte en rojo. Y en este momento podemos aplicar el resultado del caso 1, pues también sólo hay una cadena de vértices azules de longitud $s_1 - s_2$ adyacente a un vértice negro, por lo que en $\lceil (i + 2s_2)/2 \rceil + (s_1 - s_2) + s_2 = \lceil i/2 \rceil + s_1 + s_2$ tiempos todos los vértices de la cadena serán de color negro.

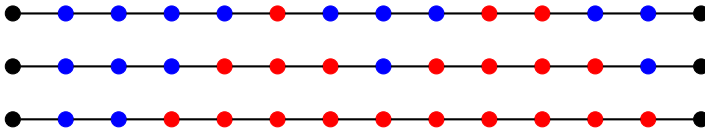


FIGURA 3. Trayectoria con $i = 6$, $s_1 = 4$ y $s_2 = 2$.

Por lo tanto, en cualquier trayectoria con dos vértices negros en los extremos y vértices rojos y azules entre ellos, se tornará totalmente de color negro en $\lceil i/2 \rceil + s_1 + s_2$ tiempos.

□

La trayectoria del teorema anterior es muy específica, pero este resultado se usa para cualquier otra trayectoria, como mostramos a continuación.

COROLARIO 4. *Sea P una trayectoria con un sólo vértice negro en un extremos y al menos un vértice rojo, entonces P se torna totalmente de color negro en $i + 2s$ tiempos, donde i es uno más la distancia entre el vértice rojo más cercano al vértice negro y el vértice del extremo de la trayectoria que no es de color negro, y s es el orden de la cadena de vértices azules (si existe) adyacente al vértice negro.*

Demostración. Sea P una trayectoria como se menciona en el teorema. Unimos una trayectoria idéntica a ella, de manera que resulte una trayectoria simétrica con vértices extremos de color negro, aplicamos el teorema 3. Entonces esta trayectoria se tornará totalmente de color negro en $\lceil (2i)/2 \rceil + s + s = i + 2s$ tiempos, por lo tanto, la trayectoria P se tornará totalmente de color negro en ese mismo tiempo. □

Con los resultados anteriores, podemos saber si cualquier trayectoria se tornará totalmente de color negro y en cuánto tiempo, basta con tomar el tiempo de cada subgráfica de la trayectoria que sea como una de las trayectorias antes analizadas, y el tiempo de la trayectoria total será el mayor de los tiempos de las subgráficas.

En el caso de los ciclos, basta con tener al menos un vértice negro y otro rojo para que el ciclo se torne totalmente de color negro, y el tiempo que tarde también es fácil calcular, se considera una trayectoria con la misma sucesión de vértices, iniciando en un vértice negro, y si la trayectoria no termina en un vértice negro, automáticamente se agrega al extremo de la trayectoria, y entonces se calcula el tiempo de la trayectoria resultante, que será el mismo para el ciclo.

AGRADECIMIENTOS. Los autores expresan su gratitud a la Universidad Autónoma Metropolitana por los recursos aportados para la realización del Taller de Otoño Metropolitano de Matemáticas Discretas 2025.

REFERENCIAS

- [1] Centro Nacional para la Prevención y el Control del VIH y el Sida (CENSIDA). (2025, 13 de mayo). Informe histórico Día Mundial del VIH-2024. Secretaría de Salud. <https://www.gob.mx/salud/documentos/informe-historico-dia-mundial-vih-2024>
- [2] Mukwambi, S. (2011). Effects of density of infected population to the spreading of HIV epidemic in communities. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 390(21-22), 3915-3921.

Claudia Marlene de la Cruz Torres

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa,
División de Ciencias Básicas e Ingeniería,
Doctorado en Matemáticas
Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina
Alcaldía Iztapalapa, C.P. 09340 CDMX, México
e-mail: clau_mar@ciencias.unam.mx

Julián Alberto Fresán Figueroa

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa,
División de Ciencias Naturales e Ingeniería,
Departamento de Matemáticas Aplicadas y Sistemas.
Av. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe Cuajimalpa
Alcaldía Cuajimalpa de Morelos, C.P. 05348 CDMX, México
e-mail: jfresan@cua.uam.mx

Bruno Graf Romero

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa,
División de Ciencias Naturales e Ingeniería,
Licenciatura en Matemáticas Aplicadas.
Av. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe Cuajimalpa
Alcaldía Cuajimalpa de Morelos, C.P. 05348 CDMX, México
e-mail: bruno.graf@cua.uam.mx

María Fernanda Pérez Sánchez

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa,
División de Ciencias Básicas e Ingeniería,
Licenciatura en Matemáticas.
Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina
Alcaldía Iztapalapa, C.P. 09340 CDMX, México
e-mail: perezmariafernanda29@gmail.com

Nancy Valeria Prado Martínez

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Cuajimalpa,
División de Ciencias Naturales e Ingeniería,
Licenciatura en Matemáticas,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,,l Aplicadas.
Av. Vasco de Quiroga 4871, Col. Santa Fe Cuajimalpa
Alcaldía Cuajimalpa de Morelos, C.P. 05348 CDMX, México
e-mail: nancy.prado@cua.uam.mx

César Sánchez Silva

Universidad Autónoma Metropolitana, Unidad Iztapalapa,
División de Ciencias Básicas e Ingeniería,
Licenciatura en Matemáticas.
Av. San Rafael Atlixco 186, Col. Vicentina
Alcaldía Iztapalapa, C.P. 09340 CDMX, México
e-mail: sanchezsilvapablocesar@gmail.com