



CARTA DE AUTORIZACIÓN

CÓDIGO

AP-BIB-FO-06

VERSIÓN

1

VIGENCIA

2014

PÁGINA

1 de 2

Neiva, 22 de noviembre de 2022

Señores

CENTRO DE INFORMACIÓN Y DOCUMENTACIÓN

UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA

Ciudad

El (Los) suscrito(s):

SONIA CAMACHO SUÁREZ, con C.C. No. 1075231602,

RUBÉN DARÍO CAMACHO MEDINA, con C.C. No. 1075275975,

Autor(es) de la tesis y/o trabajo de grado o (NO APLICA)

Titulado APLICACIÓN DEL MODELO SIR EN EL VIRUS DEL COVID-19 EN NEIVA
presentado y aprobado en el año 2022 como requisito para optar al título de LICENCIADO EN MATEMÁTICAS;

Autorizo (amos) al CENTRO DE INFORMACIÓN Y DOCUMENTACIÓN de la Universidad Surcolombiana para que, con fines académicos, muestre al país y el exterior la producción intelectual de la Universidad Surcolombiana, a través de la visibilidad de su contenido de la siguiente manera:

- Los usuarios puedan consultar el contenido de este trabajo de grado en los sitios web que administra la Universidad, en bases de datos, repositorio digital, catálogos y en otros sitios web, redes y sistemas de información nacionales e internacionales “open access” y en las redes de información con las cuales tenga convenio la Institución.
- Permita la consulta, la reproducción y préstamo a los usuarios interesados en el contenido de este trabajo, para todos los usos que tengan finalidad académica, ya sea en formato Cd-Rom o digital desde internet, intranet, etc., y en general para cualquier formato conocido o por conocer, dentro de los términos establecidos en la Ley 23 de 1982, Ley 44 de 1993, Decisión Andina 351 de 1993, Decreto 460 de 1995 y demás normas generales sobre la materia.
- Continúo conservando los correspondientes derechos sin modificación o restricción alguna; puesto que, de acuerdo con la legislación colombiana aplicable, el presente es un acuerdo jurídico que en ningún caso conlleva la enajenación del derecho de autor y sus conexos.

De conformidad con lo establecido en el artículo 30 de la Ley 23 de 1982 y el artículo 11 de la Decisión Andina 351 de 1993, “Los derechos morales sobre el trabajo son propiedad de los autores”, los cuales son irrenunciables, imprescriptibles, inembargables e inalienables.

EL AUTOR/ESTUDIANTE:

Vigilada Mineducación

La versión vigente y controlada de este documento, solo podrá ser consultada a través del sitio web Institucional www.usco.edu.co, link Sistema Gestión de Calidad. La copia o impresión diferente a la publicada, será considerada como documento no controlado y su uso indebido no es de responsabilidad de la Universidad Surcolombiana.



CARTA DE AUTORIZACIÓN

CÓDIGO

AP-BIB-FO-06

VERSIÓN

1

VIGENCIA

2014

PÁGINA

2 de 2

Firma:

Sonia Camacho Suárez

Escaneado con CamScanner

Firma:

Ruben Dario Camacho Medina

Escaneado con CamScanner

Vigilada Mineducación

La versión vigente y controlada de este documento, solo podrá ser consultada a través del sitio web Institucional www.usco.edu.co, link Sistema Gestión de Calidad. La copia o impresión diferente a la publicada, será considerada como documento no controlado y su uso indebido no es de responsabilidad de la Universidad Surcolombiana.



TÍTULO COMPLETO DEL TRABAJO: APLICACIÓN DEL MODELO SIR EN EL VIRUS DEL COVID-19 EN NEIVA

AUTOR O AUTORES:

Primero y Segundo Apellido	Primero y Segundo Nombre
CAMACHO SUÁREZ	SONIA
CAMACHO MEDINA	RUBÉN DARÍO

DIRECTOR Y CODIRECTOR TESIS:

Primero y Segundo Apellido	Primero y Segundo Nombre
NO APLICA	

ASESOR (ES):

Primero y Segundo Apellido	Primero y Segundo Nombre
DUARTE VIDAL  ASESOR(A) DEL TRABAJO Neiva, 15 de noviembre de 2022	JULIO CESAR

PARA OPTAR AL TÍTULO DE: LICENCIADO EN MATEMÁTICAS

FACULTAD: EDUCACIÓN

PROGRAMA O POSGRADO: LICENCIATURA EN MATEMÁTICAS

CIUDAD: NEIVA

AÑO DE PRESENTACIÓN: 2022

NÚMERO DE PÁGINAS:

Vigilada Mineducación

La versión vigente y controlada de este documento, solo podrá ser consultada a través del sitio web Institucional www.usco.edu.co, link Sistema Gestión de Calidad. La copia o impresión diferente a la publicada, será considerada como documento no controlado y su uso indebido no es de responsabilidad de la Universidad Surcolombiana.



CÓDIGO	AP-BIB-FO-07	VERSIÓN	1	VIGENCIA	2014	PÁGINA	2 de 4
---------------	---------------------	----------------	----------	-----------------	-------------	---------------	---------------

TIPO DE ILUSTRACIONES (Marcar con una X):

Diagramas X Fotografías___ Grabaciones en discos___ Ilustraciones en general X Grabados___ Láminas___
Litografías___ Mapas___ Música impresa___ Planos___ Retratos___ Sin ilustraciones___ Tablas o Cuadros X

SOFTWARE requerido y/o especializado para la lectura del documento: NO APLICA

MATERIAL ANEXO:

PREMIO O DISTINCIÓN (En caso de ser LAUREADAS o Meritoria):

PALABRAS CLAVES EN ESPAÑOL E INGLÉS:

<u>Español</u>	<u>Inglés</u>	<u>Español</u>	<u>Inglés</u>
1. Epidemiología	Epidemiology	6. Covid-19	Covid-19
2. Epidemia	Epidemic	7. Análisis de riesgo	Risk analysis
3. Pandemia	Pandemic	8. Datos	Data
4. Endemia	Endemic	9. Matlab	matlab
5. Modelo SIR	SIR model	10. Parámetros	parameters

RESUMEN DEL CONTENIDO: (Máximo 250 palabras)

El presente estudio consiste en la Aplicación del Modelo Matemático SIR de Kermack y Mckendrick en el virus del COVID-19 en la ciudad de Neiva, el cual fue de gran interés por ser una herramienta fundamental que se utiliza en la epidemiología para el estudio compartimental que divide a la población en tres clases (Susceptibles-Infectados-Recuperados).

La investigación fue desarrollada con un enfoque cuantitativo con el propósito de identificar como el modelo SIR apoya en la predicción de la propagación de la epidemia en una población, tanto desde el punto de vista teórico como práctico. La metodología adoptada fue primeramente la recolección de datos de los tres comportamientos (Susceptibles-Infectados-Recuperados) encontrados en la secretaria de Salud del Huila y la Sala de Análisis de Riesgo de Nieva, en el periodo del 1 de julio de 2020 al 28 de febrero de 2022.

Se realizó lecturas de la reseña histórica de las pandemias que se han presentado en la humanidad y qué medidas se han implementado para contenerla. De igual forma se estudió el modelo matemático de Kermack y Mckendrick introducido en 1927 y sus variantes como parámetros que modela.



DESCRIPCIÓN DE LA TESIS Y/O TRABAJOS DE GRADO

CÓDIGO	AP-BIB-FO-07	VERSIÓN	1	VIGENCIA	2014	PÁGINA	3 de 4
---------------	---------------------	----------------	----------	-----------------	-------------	---------------	---------------

Se presentará, posteriormente una simulación del modelo SIR implementando la herramienta MATLAB para tener ilustraciones del comportamiento de cada clase (Susceptibles-Infectados-Recuperados) y realizar comparaciones con los datos reales recolectados en el Sistema de Análisis de Riesgo con los que proporciona el modelo matemático SIR.

ABSTRACT: (Máximo 250 palabras)

The present study consists of the Application of the SIR Mathematical Model of Kermack and Mckendrick in the COVID-19 virus in the city of Neiva, which was of great interest because it is a fundamental tool used in epidemiology for the compartmental study that divides the population into three classes (Susceptible-Infected-Recovered).

The research was developed with a quantitative approach with the purpose of identifying how the SIR model supports the prediction of the spread of the epidemic in a population, both from the theoretical and practical point of view. The methodology adopted was firstly the data collection of the three behaviors (Susceptible-Infected-Recovered) found in the Secretary of Health of Huila and the Nieva Risk Analysis Room, in the period

from July 1, 2020 to April 28. February 2022.



DESCRIPCIÓN DE LA TESIS Y/O TRABAJOS DE GRADO

CÓDIGO	AP-BIB-FO-07	VERSIÓN	1	VIGENCIA	2014	PÁGINA	4 de 4
---------------	---------------------	----------------	----------	-----------------	-------------	---------------	---------------

Readings of the historical review of the pandemics that have occurred in humanity and what measures have been implemented to contain it were made. In the same way, the Kermack and Mckendrick mathematical model introduced in 1927 and its variants as modeling parameters were studied.

A simulation of the SIR model will be presented later, implementing the MATLAB tool to have illustrations of the behavior of each class (Susceptible-Infected-Recovered) and to make comparisons with the real data collected in the Risk Analysis System with those provided by the mathematical model. SIR.

APROBACION DE LA TESIS

Nombre Presidente Jurado: Francisco Reyes

Firma:

JURADO CALIFICADOR

Escaneado con CamScanner



**APLICACIÓN DEL MODELO SIR EN EL VIRUS
DEL COVID-19 EN NEIVA**



**RUBEN DARIO CAMACHO MEDINA
SONIA CAMACHO SUAREZ**

**UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA
FACULTAD DE EDUCACIÓN
PROGRAMA DE LICENCIATURA EN MATEMÁTICAS
NEIVA- HUILA**

2022



**APLICACIÓN DEL MODELO SIR EN EL VIRUS
DEL COVID-19 EN NEIVA**



**Trabajo presentado como requisito de grado para optar al título de
Licenciados en Matemáticas por:**

RUBEN DARIO CAMACHO MEDINA

20162152118

SONIA CAMACHO SUAREZ

20152140069

Asesor:

Mag. JULIO CESAR DUARTE VIDAL

UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA

FACULTAD DE EDUCACIÓN

PROGRAMA DE LICENCIATURA EN MATEMÁTICAS

NEIVA- HUILA

2022

AGRADECIMIENTOS

En esta oportunidad, queremos agradecer primeramente a Dios por darnos salud e inteligencia para no decaer durante este gran esfuerzo que comprendió nuestra carrera profesional de licenciados matemáticos. A nuestras familias por el apoyo incondicional y la confianza depositada para que este proceso culminara con éxito. Gracias porque ustedes fueron un factor fundamental durante todo este camino.

A todos los profesores de la Universidad Surcolombiana quienes en su momento nos formaron para crecer académicamente y más que eso ser grandes personas para aportar al futuro de nuevas generaciones, nuestros más sinceros sentimientos de gratitud y respeto. En especial, a nuestro asesor, el Mg. Julio Cesar Duarte por permitirnos participar en el presente trabajo, por su valiosa dedicación, apoyo que ha brindado, por la dirección y rigor a las mismas. Sin duda alguna, a nuestro lector, el Dr. Francisco Reyes, por su disposición, apoyo en la lectura, y por sus atinadas sugerencias.

A la USCO, nuestra alma mater, agradecemos el recibirnos con las puertas abiertas para acogernos como una nueva familia. Gracias porque en esta institución nos formamos académicamente y a su vez también vivimos experiencias muy gratas e irrepetibles que jamás olvidaremos. A nuestro círculo más cercano de compañeros, quienes aportaron un granito de arena compartiendo sus aprendizajes sin egoísmo para crecer en conjunto, a su vez compartiendo espacios muy agradables y divertidos para un sano crecimiento. Tal vez falten

más personas a las que tengamos que agradecer, por ello quiero finalmente darles infinitas gracias por contribuir de alguna forma en este logro.

RESUMEN

El presente estudio consiste en la Aplicación del Modelo Matemático SIR de Kermack y Mckendrick en el virus del COVID-19 en la ciudad de Neiva, el cual fue de gran interés por ser una herramienta fundamental que se utiliza en la epidemiología para el estudio compartimental que divide a la población en tres clases (Susceptibles-Infectados-Recuperados).

La investigación fue desarrollada con un enfoque cuantitativo con el propósito de identificar como el modelo SIR apoya en la predicción de la propagación de la epidemia en una población, tanto desde el punto de vista teórico como práctico. La metodología adoptada fue primeramente la recolección de datos de los tres comportamientos (Susceptibles-Infectados-Recuperados) encontrados en la secretaria de Salud del Huila y la Sala de Análisis de Riesgo de Nieva, en el periodo del 1 de julio de 2020 al 28 de febrero de 2022.

Se realizó lecturas de la reseña histórica de las pandemias que se han presentado en la humanidad y qué medidas se han implementado para contenerla. De igual forma se estudió el modelo matemático de Kermack y Mckendrick introducido en 1927 y sus variantes como parámetros que modela.

Se presentará, posteriormente una simulación del modelo SIR implementando la herramienta MATLAB para tener ilustraciones del comportamiento de cada clase (Susceptibles-Infectados-Recuperados) y realizar comparaciones con los datos reales recolectados en el Sistema de Análisis de Riesgo con los que proporciona el modelo matemático SIR.

PALABRAS CLAVES:

Epidemiologia, Epidemia, Pandemia, Endemia, Modelo SIR, Covid-19, Análisis de riesgo, Datos, Matlab, Parámetros.

ABSTRACT

The present study consists of the Application of the SIR Mathematical Model of Kermack and Mckendrick in the COVID-19 virus in the city of Neiva, which was of great interest because it is a fundamental tool used in epidemiology for the compartmental study that divides the population into three classes (Susceptible-Infected-Recovered).

The research was developed with a quantitative approach with the purpose of identifying how the SIR model supports the prediction of the spread of the epidemic in a population, both from the theoretical and practical point of view. The methodology adopted was firstly the data collection of the three behaviors (Susceptible-Infected-Recovered) found in the Secretary of Health of Huila and the Nieva Risk Analysis Room, in the period from July 1, 2020 to April 28. February 2022.

Readings of the historical review of the pandemics that have occurred in humanity and what measures have been implemented to contain it were made. In the same way, the Kermack and Mckendrick mathematical model introduced in 1927 and its variants as modeling parameters were studied.

A simulation of the SIR model will be presented later, implementing the MATLAB tool to have illustrations of the behavior of each class (Susceptible-Infected-Recovered) and to make comparisons with the real data collected in the Risk Analysis System with those provided by the mathematical model. SIR.

KEYWORDS:

Epidemiology, Epidemic, Pandemic, Endemic, SIR Model, Covid-19, Risk
Analysis, Data, Matlab, Parameters.

Contenido

AGRADECIMIENTOS.....	3
RESUMEN.....	5
1. INTRODUCCIÓN	12
2. OBJETIVOS.....	14
2.1 OBJETIVO GENERAL.....	14
2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS	14
3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	15
3.1 DESCRIPCIÓN DEL PROBLEMA	15
3.2 PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN.....	17
4. JUSTIFICACIÓN.....	18
5. MARCO TEÓRICO	20
5.1. HISTORIA DE LAS EPIDEMIAS	20
5.2 EPIDEMIOLOGÍA.....	23
5.3 DEFINICIONES BÁSICAS EN LA EPIDEMIOLOGÍA DE LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS	24
5.4 CLASIFICACIÓN DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS	26
5.5 HISTORIA DEL COVID-19	28

5.6 HIPÓTESIS DEL MODELO SIR	29
5.7 PROPIEDADES MATEMÁTICAS DEL MODELO SIR	34
5.8 ESTIMACION DE LA TASA DE RECUPERACIÓN	40
5.9 CÁLCULO DE LOS PARÁMETROS β y α	42
5.10 UN SIMPLE MODELO EPIDEMIOLOGICO SIS	47
5.11 REDUCIENDO EL MODELO SIS A UNA ECUACIÓN LOGÍSTICA	48
5.12 ANALISIS CUALITATIVO DE LA ECUACIÓN LOGISTICA	56
5.13 CALCULO DE UNA SOLUCIÓN ANALÍTICA PARAMÉTRICA PARA EL MODELO SIR .	58
5.14 SOLUCIONES DEL SISTEMA DE ECUACIONES DIFERENCIALES DEL MODELO SIR ..	71
5.15 ANALISIS CUALITATIVO DEL MODLEO SIR SIN NACIMINETO NI MUERTE.....	75
5.16 EL MODELO SIR CON DEMOGRAFIA O CON DINAMICA VITAL.....	76
6. ANALISIS Y RESULTADOS DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA.	81
6.1 OBSERVACIÓN DEL PRIMER PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA.....	89
6.2 OBSERVACIÓN DEL SEGUNDO PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA.....	91
6.3 OBSERVACIÓN DEL TERCER PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA	86
6.4 OBSERVACIÓN DEL CUARTO PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA.....	87

7. CONCLUSIONES 98

Referencias 105

1. INTRODUCCIÓN

La humanidad desde la antigüedad ha evidenciado epidemias que a lo largo de la historia ha dejado muchas muertes, la primera epidemia significativa descrita por los historiadores fue la plaga de Atenas que azotó la ciudad de Atenas en 430-426 a. de c. En 165-180 D.C. el Imperio Romano y Egipto se vieron afectados por la viruela, murieron decenas de millones de personas. Una de las epidemias mejor documentadas que devastó a Europa fue la peste negra, la cual se extendió por el Mediterráneo y Europa (Maia, 2015). Estos acontecimientos fueron una preocupación en todos los campos de las ciencias, permitiendo buscar herramientas que frenen la propagación de las enfermedades infecciosas, en el ámbito de las matemáticas surgieron diferentes precursores como Kermack y Mackendrick interesados en investigar modelos epidemiológicos como el SIR que permitan dar explicación a la dinámica del virus y alternativas para prevenir el alto grado de propagación.

Actualmente convivimos desde el mes de diciembre del 2019 con el nuevo coronavirus clasificado como SARS-COV2 causante de la enfermedad infecciosa COVID-19. Este hecho se presentó en la provincia de Hubei en Wuhan, siendo el epicentro del brote de neumonía de etiología desconocida que flaquea ante tratamientos utilizados, se reportaron los primeros cinco casos por presentar síndrome distrés respiratorio agudo falleciendo uno de ellos y los pacientes que presentaban esa afectación aseguraron tener relación directa o indirecta con un mercado de alimentos de esta provincia (Koury & Hirschhaut, 2020).

La reciente investigación de grado busca aplicar el modelo matemático determinista SIR que incluye individuos susceptibles, infectados y removidos; modelando la propagación de enfermedades infecciosas publicado por el bioquímico William Ogily Kermack y el doctor

epidemiológico Anderson Gray Mckendrick en 1927 (Duoandikoetxea, 2020). Usando datos reales de la epidemia llamada covid-19 que fueron encontrados en las políticas de salud en la población de Neiva.

El lector deberá tener presente que el modelo no tiene en cuenta las tasas de natalidad y muertes naturales y por lo tanto solo modela los brotes de enfermedades. Este modelo matemático permite interpretar un sistema empleando un lenguaje matemático, por ello es necesario reconocer los parámetros y variables que están conectados por relaciones. Las variables son abstracciones de las propiedades del sistema que pueden cuantificarse o medirse (Maia, 2015). Demostraremos que mediante las ecuaciones diferenciales que implementa el modelo se determina el valor de los compartimientos de la población de susceptibles, infectados y removidos para predecir la propagación de la enfermedad infecciosa de los habitantes tenidos en cuenta.

2. OBJETIVOS

2.1 OBJETIVO GENERAL

Aplicar el modelo matemático SIR en los datos reales de la pandemia del covid-19 en el periodo de 1 de julio del 2020 hasta el 28 febrero del 2022 y posteriormente comparar la dinámica del virus con los resultados obtenidos por el modelo matemático.

2.2 OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- ❖ Establecer una base de datos reales del virus del covid-19 basándonos en la división de los tres compartimientos que posee el modelo matemático SIR.
- ❖ Simular los datos del virus del covid-19 en gráficas utilizando el programa MATLAB para luego usarlas en la interpretación del comportamiento de acercamiento a los datos reales de las políticas de salud de la ciudad de Neiva.
- ❖ Estimar los parámetros del modelo matemático SIR en los datos reales proporcionados durante la pandemia del covid-19 para una posterior examinación de los cuatro picos vividos durante el periodo de pandemia.

3. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

3.1 DESCRIPCIÓN DEL PROBLEMA

Las matemáticas además de ser una ciencia formal poseen varias características que la hacen diferir de otras disciplinas. Estas han trascendido en el tiempo convirtiéndose en una ciencia con grandes aportes a otros campos científicos, esto permite demostrar que las matemáticas tienen una estrecha relación que cada día suele ser más llamativa a las nuevas generaciones. Sin duda, todo el desarrollo matemático ha tenido sus raíces psicológicas en necesidades más o menos prácticas. Pero una vez en marcha, bajo la presión de las aplicaciones necesarias dicho desarrollo gana impulso en sí mismo y trasciende los confines de una utilidad inmediata. Esta tendencia de la ciencia aplicada hacia la teórica aparece tanto en la historia antigua como en muchas de las contribuciones a la matemática moderna debida a ingenieros y físicos.

La humanidad enfrentó a finales del año 2019 una virosis que inició en China, específicamente en Wuhan siendo atendida por los gobiernos a nivel mundial. El virus se extendió a todos los territorios a nivel global pasando a ser declarada por la organización mundial de la salud (OMS) como una pandemia. Esta situación provocó una gran tasa de mortalidad lo cual fue muy alarmante porque no se contaba con los recursos de cómo ponerle fin a la problemática que vivía el planeta. Las primeras grandes epidemias fueron producidas por la viruela, peste bubónica, seguidas del cólera y desde final del siglo XIX con la aparición de las causadas por el virus de la influenza. Sin embargo, a final del siglo XX surgió en 1968 la referida pandemia mundial del VIH que aún prevalece. Así mismo, en el contexto de las epidemias y pandemias que ha vivido la sociedad a través de los tiempos el criterio

epidemiológico del aislamiento (cuarentena), ha sido de gran trascendencia ante la necesidad social de prevenir la contagiosidad.

Las investigaciones respecto al tema de la pandemia eran un significativo desafío para los grandes científicos, siendo necesario retomar las anécdotas de la antigüedad existentes en la epidemiología para adoptar esas hipótesis en la actual infección. Existen diferentes modelos epidemiológicos que favorecen el estudio de la dinámica del brote, la aplicación de las matemáticas a la epidemiología puede remontarse hasta 1760 cuando Daniel Bernoulli un matemático de los Países Bajos publicó un tratado sobre la epidemia de la peste (Rangel, 2017), la cual asoló a Europa durante los años 1665-1666.

El modelo matemático escogido para nuestro estudio es el SIR contemplando tres comportamientos como son los susceptibles, Infectados y Recuperados. Las personas pueden pasar de una clase a otra. Los modelos matemáticos tratan de mostrar este flujo mediante ecuaciones diferenciales entre las distintas clases en las que está dividida la población (Rangel, 2017). Además, los modelos matemáticos no tratan de mostrar la cantidad de casos fatales que pueden ocurrir, más bien estudian los factores que contribuyen a la erradicación de la epidemia.

La idea central de investigación es aplicar el modelo matemático a los datos recolectados desde la política de salud en Neiva, seguidamente observar la dinámica de la infección y plasmar estos datos en ilustraciones usando el Software de MATLAB. Los resultados que arrojan el modelo SIR y el Software MATLAB permitirán constatar el acercamiento para pronosticar el número de individuos de cada clase en determinado tiempo.

3.2 PREGUNTA DE INVESTIGACIÓN

¿Cómo la aplicación del Modelo SIR permite pronosticar las clases de comportamientos susceptibles, infectados y recuperados a un tiempo futuro en la población de Neiva?

4. JUSTIFICACIÓN

La problemática que se presentó a nivel global por el virus del covid-19 generó muchas necesidades en todos los campos entre estos cabe destacar la salud, la economía y la educación, tomando medidas de prevención para contrarrestar la propagación del virus. Esta situación fue un reto para las políticas de salud pública puesto que muchos países con el más alto nivel económico y mayor potencial científico ha dejado de ser una prioridad de los estados. Los modelos epidémicos matemáticos no en todos los casos se tuvieron en cuenta porque esto implicaba tomar medidas anti-epidémicas de salud pública que afectaban los intereses económicos, en el territorio que vamos a estudiar se buscaron estrategias para frenar la pandemia haciendo uso de modelos matemáticos existentes que permiten estudiar el comportamiento del virus.

Históricamente, los modelos matemáticos de epidemias surgieron de la necesidad de explicar y predecir el comportamiento de agentes infecciosos y potencialmente dañinos en los seres humanos y animales. El modelo SIR permite establecer relaciones entre dichos fenómenos mediante variables y parámetros para poder estudiar sistemas complejos, en este caso nuestro interés de estudio es aplicar el modelo SIR a la población de Neiva. En el siglo XVIII los trabajos del médico y matemático Daniel Bernoulli con relación a la vacunación contra la viruela mostraron la disminución de mortalidad utilizando este mecanismo. En el siglo XIX los trabajos de Pasteur y Koch fueron necesarios para descubrir la transmisión de persona a persona, permitiendo la aceptación de modelación matemática de procesos infecciosos en habitantes, que, a comienzos del siglo XX, darían un salto cualitativo con las investigaciones de Hamer, Ross y, finalmente, Kermack y Mckendrick.

Especialmente en este trabajo se optó por presentar el modelo matemático SIR de Kermack y Mckendrick en la pandemia originada por el virus del covid-19 en la población anteriormente mencionada con la finalidad de predecir y comparar la dinámica del virus con los resultados del modelo. Esto se pudo hacer gracias a toda la información recolectada de los datos reales necesarios que exige el modelo incluyendo las variables y parámetros que fueron fundamentales para poder avanzar en el campo del análisis matemático.

5. MARCO TEÓRICO

5.1. HISTORIA DE LAS EPIDEMIAS

En el marco de la historia el ser humano ha padecido numerosas enfermedades epidémicas que al transmitirse a diferentes territorios generan grandes cambios alterando la vida cotidiana, la economía, y avances científicos en determinados territorios de contagio. Se conoce como epidemia a una enfermedad contagiosa que se trasmite a las poblaciones de un mismo país posteriores a ello pandemias cuando se extiende a gran parte del continente y con esto dejando un gran número de muertes. Esas epidemias o pandemias antiguamente eran llamadas como plagas o pestes, según la creencia eran dadas por castigo divino. La primera referencia de plagas podemos hallarlas impresas en el libro sagrado de la biblia, allí claramente indica diferentes hechos de propagación de enfermedades mención a esto lo encontramos en el escrito de Éxodo cuando Moisés envió plagas a Egipto. "Dijo Yahveh a Moisés: «Todavía traeré una plaga más sobre Faraón y sobre Egipto; tras de lo cual os dejaré marchar de aquí y cuando, por fin, os deje salir del país, él mismo os expulsará de aquí." (ALBERTO, 2012)

Tan pronto el médico Hipócrates rechaza los puntos de vista de sus contemporáneos que consideraban que la enfermedad era producida por supersticiones sosteniendo que la enfermedad tenía una explicación física y racional las plagas dejaron de ser una un castigo divino teniendo en cuenta que “el mérito fundamental de Hipócrates fue desarrollar un sistema racional basado en la observación y la experiencia para el estudio de las enfermedades cuyas causas atribuía a fenómenos naturales y no a intervenciones de los dioses o a fenómenos de tipo mágico-religioso” (Kvitko, 2010).

En la actualidad convivimos con enfermedades muy conocidas pero que a su vez no percatamos el origen y las consecuencias, “En el siglo v a.C., Hipócrates señaló a la tuberculosis como la más brutal de las enfermedades. Posteriormente, en el siglo v de nuestra era, el médico Aureliano la consigna, y en la Edad Media se le llamó la Gran plaga blanca. Los enfermos de tuberculosis eran desahuciados, pues su muerte era inevitable. En el siglo XIX, la tuberculosis fue la primera causa de mortalidad en Estados Unidos; y en nuestro tiempo, hay un rebrote que preocupa a los neumólogos” (Galeana, 2020).

Como la anterior existieron decenas de epidemias que los historiadores registran en la antigüedad cabe destacar a la influenza de Babilonia, (120 a.C.), que se extendió de Mesopotamia al Asia Meridional y la famosa plaga de Atenas (430 a.C.) relatada por Tucídides en la “Historia de la Guerra del Peloponeso”. Hay otras pestes que ocasionan la muerte al cuarto día conocida como malaria, la peste Cipriana (249 – 262 d.C.) causo la muerte de cinco mil personas diarias, la plaga de Justiniano (542), la viruela, la cólera, y la difteria.

La terrible infección de la peste negra se considera que tuvo al menos siete diferentes rebrotes ocasionando muchas muertes y marcando el fin de las sociedades rurales y el comienzo del predominio de la ciudad. La epidemia del sudor inglés fue otra peste que dejó un gran número de muertes ocasionada por las aguas residuales y la falta de higiene, ésta infección presentó cinco rebrotes en la primera mitad del siglo XVI. “La llegada de los europeos a América trajo a los pueblos originarios, al menos 17 epidemias distintas: viruela, sarampión, tifus, influenza, difteria, paperas, entre otras. Investigaciones recientes calculan la disminución de la población hasta en un 95% en 130 años después de la llegada de Cristóbal Colón. Otros autores han calculado que la población total americana era de 54

millones y que murieron por las epidemias entre 45 y 50 millones. De esta manera, la conquista española se debió más a las epidemias que a su capacidad bélica” (Galeana, 2020).

La influenza española fue otra virosis que afectó a la humanidad originada en Kansas siendo transmitida por los soldados estadounidenses propagando la gripe, otras gripes endémicas han sido la gripe asiática (1957 – 1958) provocada por el virus H2N2 causada por el reagrupamiento de genes gripales de humanos y aves forzando a la Organización Mundial de la Salud (OMS) lograr una vacuna en poco tiempo, algo muy similar al experimento que viene ocasionando la enfermedad del coronavirus. Diferentes enfermedades continúan en nuestros días cobrando muchas vidas como son el ébola, sida y zika, el virus del sida apareció en 1981 y aun no existe vacuna.

“La pandemia actual de COVID-19 producida por el recientemente denominado SARS Cov2, es la tercera transmisión documentada de coronavirus de animales al hombre en dos décadas. De acuerdo con estudios exhaustivos al respecto, como establece el Dr. Rodríguez Troncoso (2020) en su artículo Pandemia por nuevo coronavirus, se sabe que tanto el SARS-CoV transmitido por la civeta, como el MERS-CoV transmitido por el dromedario al humano, con una tasa de letalidad elevada lograron ser controlados evitándose una pandemia. El SARS Cov2 tiene un origen cercano al coronavirus de murciélagos con un huésped intermediario aún desconocido” (Bianco1, 2020).

Estas enfermedades infecciosas a lo largo de la historia nos muestran que han sido una gran preocupación para las autoridades sanitarias, en consecuencia, se indagaron medidas de protocolo para contener la propagación del virus. Como lo menciona “entre las herramientas más utilizadas en los últimos años se encuentran aplicaciones informáticas que implementan modelos matemáticos capaces de simular el comportamiento de una determinada enfermedad o epidemia” (Lorenzo, 2020).

5.2 EPIDEMIOLOGÍA

La epidemiología es una disciplina que estudia la difusión, predicción y control de los actores relacionados con la salud a nivel poblacional. La palabra epidemiología “se deriva de los términos griegos epi, que significa "sobre", demos, que significa "gente” logos, que significa “estudio”.

De acuerdo con Maia Martcheva esta asignatura viene siendo utilizada desde la antigüedad a poblaciones humanas, porque la propagación al ser tan acelerada pudo encontrar que esta era transmitida de persona a persona.

El papel de padre de la epidemiología a menudo se asigna al médico griego Hipócrates (460-377 a. C.), quien describió la conexión entre la enfermedad y el medio ambiente. El término “epidemiología” parece haber sido utilizado por primera vez para describir el estudio de las epidemias en 1802 por el médico español de Villalba en *Epidemiologia Española* (Maia, 2015).

Hasta el siglo XX, los estudios epidemiológicos se centraban en las enfermedades infecciosas. En nuestros tiempos se convive con una epidemia que apareció a partir del 18 de diciembre y 29 de diciembre del 2019, se notificaron pacientes con los primeros cinco casos de síndrome de distrés respiratorio agudo de los cuales uno de ellos lamentablemente falleció. Este acontecimiento es relacionado de forma directa o indirecta con una epidemia existente en un mercado de alimentos en la provincia de Hubei en Wuhan. Conforme a (Koury & Hirschhaut, 2020) menciona que “El 7 de enero, las autoridades chinas anunciaron que habían identificado un nuevo tipo de coronavirus (Nuevo Coronavirus, 2019-Cov). Simultáneamente, otros posibles patógenos fueron descartados, incluyendo el coronavirus del Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS-CoV), el coronavirus del Síndrome Respiratorio del Medio Este (MERS-CoV), el virus de la influenza, el virus de la influenza

aviar y el adenovirus”. Desde esa fecha las autoridades dieron a conocer la problemática mundial en salud gracias a los estudios y comparaciones relacionadas a las anteriores pandemias.

Se le asignó a la enfermedad el nombre de COVID-19, causada por el 2019-nCoV descociendo su alto riesgo de contagio. Posteriormente las nuevas pruebas que se realizan a diferentes personas presentaban la sintomatología, diez días después 571 casos habían sido reportados en 25 provincias en toda China, entre tanto en la provincia de Hubei las muertes habían alcanzado a 17 Y 95 pacientes en estado crítico. Teniendo en cuenta la siguiente descripción “Se realizó un estimado según el Modelo de Enfermedades Infectocontagiosas del Centro de Colaboración de la OMS y la proyección alcanzaba a 4.000 posibles contagios, pudiendo llegar a casi a 10.000” (Koury & Hirschhaut, 2020). Con esta muestra la enfermedad indico un incremento acelerado de infección en diferentes territorios.

5.3 DEFINICIONES BÁSICAS EN LA EPIDEMIOLOGÍA DE LAS ENFERMEDADES INFECCIOSAS

La siguiente información del modelo SIR fue tomado de (Maia, 2015), para tal fin entender las hipótesis del modelo matemático.

Existen diferentes conceptos en la epidemiología estrechamente relacionados con las enfermedades contagiosas que se propagan en los seres humanos, estos conceptos son fundamentales en la elaboración de modelos matemáticos pues estos permiten distinguir las etapas por las que pasa la infección en los individuos y relaciona los parámetros que se incluyen en los modelos. A continuación, presentaremos algunos términos que son importantes en nuestro modelo matemático SIR.

- Individuos expuestos: Cuando un individuo sano que es vulnerable a contraer si una enfermedad hace un contacto potencialmente transmisor de la enfermedad, ese individuo queda expuesto. Las personas expuestas pueden desarrollar la enfermedad o no. Por lo general, estas personas no son infecciosas. En modelos matemáticos, a menudo asumimos que todos los individuos expuestos eventualmente desarrollan la enfermedad.

- Individuos infectados e infecciosos. Si el patógeno se establece en un individuo expuesto, ese individuo se infecta. Las personas infectadas que pueden transmitir la enfermedad se denominan infecciosas. Es posible que las personas infectadas no sean infecciosas durante todo el tiempo que permanecen infectadas.

- Individuos latentes. Se trata de personas que están infectadas pero que aún no son infecciosas. El período de latencia se define como el tiempo desde la infección hasta que el huésped puede transmitir el agente infeccioso a otra persona.

- Periodo de incubación. El período de incubación es el período entre la exposición a un agente infeccioso y la aparición de los síntomas de la enfermedad. En las enfermedades infecciosas, el período de incubación es el tiempo necesario para que el agente infeccioso se multiplique hasta un umbral necesario para producir síntomas o pruebas de laboratorio de infección. El período de incubación no coincide necesariamente con el período latente. Por ejemplo, en la influenza, las personas se vuelven infecciosas aproximadamente un día antes de mostrar síntomas visibles de influenza.

- Incidencia. La incidencia se define como el número de personas que se enferman durante un intervalo de tiempo específico (por ejemplo, un año). A veces, la incidencia es el número de personas que se enferman durante un intervalo de tiempo específico dividido por la población total. En la mayoría de los casos, la incidencia se determina a partir del número

de casos clínicos, lo que subestima la verdadera incidencia, ya que ignora los casos subclínicos.

- Prevalencia. La prevalencia de una enfermedad es el número de personas que la padecen en un momento específico. A veces, la prevalencia se define como el número de personas que padecen la enfermedad en un momento específico dividido por el tamaño total de la población.

- Proporción de casos mortales (CFP). La proporción de casos de letalidad se da como la relación entre las personas que mueren a causa de una enfermedad y las que la contraen. Por ejemplo, al 27 de junio de 2014, 667 personas habían sido diagnosticadas con influenza aviar H5N1 y 393 de ellas habían muerto. El CFP es 0,59.

- Mortalidad inducida por enfermedades. La mortalidad inducida por enfermedad es el número de personas que han muerto a causa de la enfermedad en una unidad de tiempo (por ejemplo, un año) dividido por la población total.

5.4 CLASIFICACIÓN DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS

Las enfermedades infecciosas son alteraciones en el funcionamiento del organismo a consecuencias de bacterias, virus, fúngico o parásitos. Estos agentes microbianos se encuentran presentes en todas partes, sin embargo, la existencia de estas especies es innumerables pocos de estos microorganismos invaden, se multiplican y producen enfermedades en los humanos. Como lo menciona (Maia, 2015) Las enfermedades infecciosas causadas por bacterias incluyen tuberculosis y neumonía; las enfermedades virales incluyen el VIH y la influenza; las enfermedades fúngicas más extendidas son las dermatomicosis; Las infecciones parasitarias son causadas por macro parásitos como

protozoos, helmintos, trematodos y cestodos. Un ejemplo de enfermedad causada por priones es la enfermedad de Creutzfeldt-Jakob. Dependiendo de la vía de transmisión las enfermedades infecciosas se clasifican de la siguiente manera:

- Las enfermedades transmitidas de persona a persona son enfermedades que implican mantener contacto directo o indirecto. El contacto directo consiste en tocar o tener vínculo sexual, estas enfermedades contraídas con contacto sexual están implicadas el VIH, la gonorrea y la sífilis. El vínculo indirecto integra el intercambio de un objeto infectado, sangre u otros fluidos corporales.

- La transmisión por vía aérea se desarrolla por cualquier actividad de inhalación de partículas infectadas. Estas enfermedades incluyen la influenza, viruela, sarampión, varicela y tuberculosis.

- La patología emitida por los alimentos y el agua son adquiridas a través del consumo de estos medios contaminados. Se consideran enfermedades transmitidas por el agua el cólera y los afectados por los alimentos conocidos como la salmonela y la gripe estomacal.

- Las enfermedades por remisión de vectores son aquellas enfermedades propagadas por algunos organismos llamados artrópodos como los insectos, garrapatas o moluscos como el caracol. Ejemplos de enfermedades transmitidas por vectores son la malaria, el dengue y el virus del Nilo Occidental, que son transmitidos por mosquitos.

- Las enfermedades infecciosas causadas por transmisión vertical es una infección a consecuencia por bacterias, virus, o en casos raros, los parásitos que puede cederle la madre al embrión, feto o él bebe durante el embarazo o el parto. Ejemplos de tales enfermedades son el VIH, la hepatitis B, la sífilis, la rubéola y el virus del herpes simple. (Falta Cita bibliográfica).

5.5 HISTORIA DEL COVID-19

El origen de esta enfermedad es presentado en la ciudad de Wuhan, provincia de Hubei china en diciembre del 2019 en un mercado de mariscos y de venta de animales exóticos en el cual existen bastantes debates acerca del hospedero, ahora, la comunidad científica trabaja fuertemente para proporcionar datos sólidos que expliquen el surgimiento de este brote. “Estudiando el genoma del SARSCoV2 pronto se encontró una alta homología con el genoma del SARS-CoV que infecta murciélagos, por lo que este animal es una fuente de origen plausible. Sin embargo, recientemente se encontró que el SARS-CoV que infecta al pangolín, una especie de mamífero en peligro de extinción y que se comercializa en Huanan, tiene una proteína que reconoce ACE humano con mayor afinidad, y esta óptima afinidad se debe a que su dominio de seis aminoácidos, responsable de reconocer al receptor en células humanas, tiene una mayor homología con la proteína del SARS-CoV2 que el dominio presente en el virus de murciélagos.

Esta es una fuerte evidencia de que el primer proceso de selección natural en el animal de origen ocurrió en pangolines y no en murciélagos” (Torres-López, 2020). Esta situación inicialmente fue informada por el medico oftalmólogo Li Wenliang quien fue acusado de exponer información falsa por parte del gobierno de china, siendo afectado por tal virus falleció el 30 de diciembre del 2019. Desde entonces la propagación de este virus ha sido global, esta epidemia actual es causada por el nuevo coronavirus llamado SARS-CoV-2 causante de la enfermedad COVID-19. Fue bautizado como coronavirus porque en las investigaciones se les atribuye a las proyecciones desde su superficie que semejaban a una corona. “La Organización Mundial de la Salud (OMS) la declaró pandemia el 11 de marzo del 2020. Para el 27 de mayo se han reportado 5.488.825 casos confirmados de SARS-CoV-2 en todo el mundo, el continente más afectado es el americano con 2.495.924 casos, seguido

de Europa con 2.061.828 casos. En México, el primer caso fue diagnosticado el 28 de febrero de 2020. Inicialmente en China se reportó que el 14% de los pacientes se presentaban con sintomatología moderada, 4.7% pacientes en estado crítico y mortalidad del 2.3% con variabilidad en diferentes países. En México la mortalidad es más alta (9.2%)” (Velázquez-Silva, 2020).

El medio principal para la propagación de la pandemia SARS-COV-2 ha sido la transmisión de persona a persona siendo el medio fundamental como lo menciona (Velázquez-Silva, 2020) “ Se ha encontrado una alta carga del virus en orofaringe, incluso en etapas tempranas de la enfermedad en pacientes con síntomas leves, por ello, la vía principal de contagio de SARS-CoV-2 es por gotas respiratorias, que son transmitidas cuando una persona infectada tose, estornuda o habla y estas gotas entran en contacto directo con boca, ojos y nariz de otra persona”. Se encontró que estas gotas viajan en el aire no más de dos metros pero que pueden permanecer hasta por tres horas infectando el aire o fómites que manipulen otros individuos esparciendo el brote.

5.6 HIPÓTESIS DEL MODELO SIR

El Modelo SIR explica la evolución de una enfermedad infecciosa creada por un virus o bacteria. Cuando una enfermedad se propaga en una población, la divide en clases que no se cruzan. Hay tres clases de este tipo:

I. **S(t):** Representa el número de individuos susceptibles, son individuos sanos que al entrar en contacto con la enfermedad pueden resultar infectados, en función del tiempo.

II. **I(t):** Representa el número de individuos infectados, individuos que pueden transmitir la enfermedad al grupo o clase S(t), en función del tiempo.

III. **R(t):** Representa el número de individuos retirados, individuos que se han recuperado de la enfermedad y se han vuelto inmunes o han muerto, en función del tiempo.

El modelo Matemático de Kermack y Mckendrick en 1927 (McKendrick, 1927), conocido como modelo SIR presenta las siguientes hipótesis:

- El número de individuos en cada clase cambia con el tiempo, es decir, S(t), I(t) y R(t) son funciones que dependen del tiempo t.
- El tamaño de la población total N es la suma de los tamaños de estas tres clases:

$$N = S(t) + I(t) + R(t); \text{ donde } N \text{ es constante}$$

- Las personas infectadas también son infecciosas y el tamaño total de la población permanece constante.

Para hallar las ecuaciones diferenciales, consideramos cómo cambian las clases a lo largo de tiempo. Cuando un individuo susceptible entra en contacto con un individuo infeccioso, ese individuo susceptible se infecta con cierta probabilidad y se desplaza de la clase susceptible a la clase infectada. Disminuye la población susceptible en una unidad de tiempo por todos los individuos que se infectan en ese tiempo. En el mismo tiempo, la clase de infectados aumenta en el mismo número de individuos nuevos infectados. El número de individuos que se infectan por unidad de tiempo en epidemiología se llama incidencia, y la tasa de cambio de la clase susceptible es dada por

$$S' = -\text{Incidencia}$$

¿Cómo podemos representar la incidencia? Considere un individuo infeccioso. Asumir:

- cN es el número de contactos por unidad de tiempo del individuo infeccioso.

Aquí suponemos que el número de contactos realizados por un individuo infeccioso es proporcional al tamaño de la población total con tasa de contacto per cápita c .

- $\frac{S}{N}$ es la probabilidad de que un contacto sea con un individuo susceptible. Por

lo tanto,

- $cN \frac{S}{N} u$ es el número de contactos con individuos susceptibles que un

individuo infeccioso hace por unidad de tiempo. No todo el contacto con un individuo susceptible conduce necesariamente la transmisión de la enfermedad. Supongamos que p es la probabilidad de que un contacto con un individuo susceptible da como resultado la transmisión. Luego,

- pcS es el número de individuos susceptibles que se infectan por unidad de

tiempo por individuo infeccioso.

- βSI es el número de personas que se infectan por unidad de tiempo

(incidencia). Aquí hemos establecido $\beta = pc$

Si definimos $\lambda(t) = \beta I$, entonces el número de personas que se infectan por unidad de tiempo es igual a $\lambda(t)S$. La función $\lambda(t)$ se denomina fuerza de infección. Los coeficientes β es la constante de proporcionalidad llamada constante de la tasa de transmisión. El número de individuos infectados en la población $I(t)$ se denomina prevalencia de la enfermedad.

Existen diferentes tipos de incidencia dependiendo de la suposición que se haga sobre la forma de la fuerza de la infección. Una forma se llama incidencia de acción de masas. Con esta forma de incidencia, obtenemos la siguiente ecuación diferencial para individuos susceptibles:

$$S'(t) = -\beta IS$$

Los individuos de la clase de susceptibles S que se infectan pasan a la clase I . Aquellos individuos que se recuperan o mueren dejan la clase infectada con una probabilidad per cápita constante por unidad de tiempo α , denominada tasa de recuperación. Es decir, αI es el número de individuos infectados por unidad de tiempo que se recuperan. Entonces

$$I'(t) = \beta IS - \alpha I$$

Las personas que se recuperan dejan la clase infecciosa y pasan a la clase recuperada

$$R'(t) = \alpha I(t)$$

Así, todo el modelo viene dado por el siguiente sistema de EDO:

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta \cdot I(t) \cdot S(t); & S(0) &= S_0 \\ I'(t) &= \beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \alpha \cdot I(t); & I(0) &= I_0 \\ R'(t) &= \alpha \cdot I(t); & R(0) &= R_0 \end{aligned} \quad (1)$$

Para ser bien definido matemáticamente, este sistema está equipado con condiciones iniciales dadas $S(0)$, $I(0)$, y $R(0)$ (Maia, 2015).

Cuando formulamos un modelo, debemos preocuparnos por las unidades de las cantidades involucradas. Las unidades también son útiles cuando estimamos parámetros a partir de datos. Las unidades de ambos lados de las ecuaciones anteriores deben ser iguales. Todos los derivados tienen unidades número de personas por unidad de tiempo (¿por qué?). Por lo tanto, cada término de la derecha debe tener las mismas unidades. De la primera ecuación, vemos que como I y S tienen unidades número de personas, las unidades de β deben ser 1/número de personas x unidad de tiempo. Como $\beta = pc$ y p es una probabilidad, que no tiene unidades, las unidades de c deben ser 1/número de personas x unidad de tiempo. Por tanto, la tasa de contacto cN tiene unidades 1/unidad de hora. De manera similar, de la

segunda ecuación, vemos que las unidades de α son 1/unidad de tiempo, por lo que el término αI tiene unidades número de personas/unidad de tiempo (Maia, 2015).

En términos generales, un modelo de ecuación diferencial como el modelo **(1)**, plantea que el punto de la condición inicial, existe una solución única. Los modelos de ecuaciones diferenciales deben estar bien planteados para ser matemáticamente aceptables y biológicamente significativo. Debido a que las variables dependientes en el modelo denotan cantidades físicas, para la mayoría de los modelos en biología y epidemiología, también requerimos que las soluciones que parten de condiciones iniciales positivas (no negativas) sigan siendo positivas (no negativo) para siempre (Maia, 2015).

Denotamos por N el tamaño total de la población en el tiempo cero $N = S(0) + I(0) + R(0)$. Sumando las tres ecuaciones en el sistema **(1)**, obtenemos $N'(t) = S'(t) + I'(t) + R'(t) = 0$. Por lo tanto, $N(t)$ es constante e igual a su valor inicial, $N(t) = N$. Este modelo es llamado modelo SIR o sistema SIR. Es un tipo especial de modelo llamado modelo compartimental, porque cada letra se refiere a un "compartimento" en el que un individuo puede residir. Cada individuo puede residir exactamente en un compartimento y puede moverse de un compartimento a otro. Los modelos compartimentales se describen esquemáticamente mediante un diagrama, a menudo llamado diagrama de flujo. Cada compartimento en un diagrama de flujo es representado por un cuadro indexado por el nombre de la clase. Las flechas indican la dirección de movimiento de individuos entre las clases (Maia, 2015).

La siguiente imagen nos ayuda a entender el estado de una clase a otra

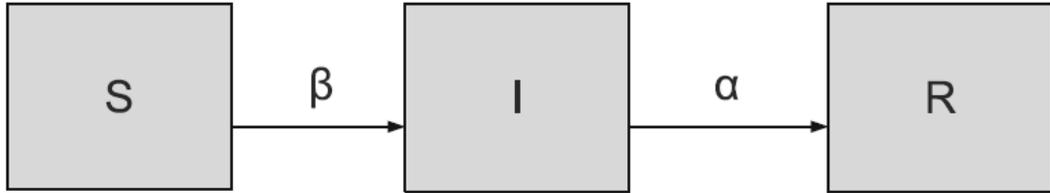


Ilustración 1 (Maia, 2015).

La siguiente figura fue tomada de (Piñera, 2014) quien representa el gráfico de las soluciones $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ del sistema EDO definido con parámetros $\beta = 0.0022$ y $\alpha = 0.4477$ y como valores iniciales $S_0 = 763, I_0 = 1$ y $R_0 = 0$.

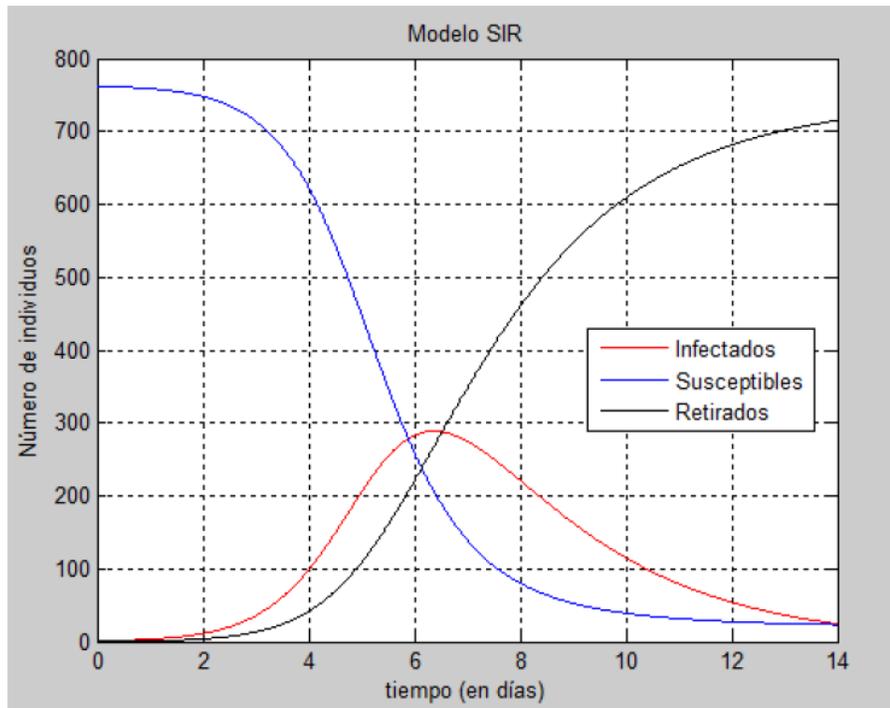


Ilustración 2 (Maia, 2015).

5.7 PROPIEDADES MATEMÁTICAS DEL MODELO SIR

El modelo epidémico de Kermack-McKendrick, ecuación (1), tiene distintivas dinámicas, ya que $S' < 0$, para todo t , el número de individuos susceptibles siempre disminuye con el tiempo, independientemente de la condición inicial $S(0)$. Como $S(t)$ es

monótona y positiva, S_∞ corresponde al grupo de personas que no adquirieron la enfermedad, por tanto se tiene:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty.$$

El número de individuos recuperados también tienen un comportamiento monótono, independientemente de las condiciones iniciales. Como $R' > 0$ para toda t , el número de individuos recuperados es siempre creciente. Como el número de recuperados es monótono y acotados por N , se tiene la cantidad de personas que faltan por recuperarse:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty.$$

El número de individuos infectados puede ser monótonamente decreciente a cero, o puede tener un comportamiento no monótono, aumentando primero al nivel máximo, y decreciendo a cero. La prevalencia comienza primero creciente.

Si $I'(0) = (\beta S(0) - \alpha)I(0) > 0$. Una condición necesaria y suficiente para un crecimiento inicial en el número de infectados es $\beta S(0) - \alpha > 0$ o $\frac{\beta S'(0)}{\alpha} > 1$ (Maia, 2015).

$$\frac{\beta}{\alpha} S_0 > 1$$

Para determinar el límite S_∞ y R_∞ , se divide la ecuación por S y la ecuación para R

$$\frac{\frac{dS}{dt}}{\frac{dR}{dt}} = \frac{-\beta IS}{\alpha I} = \frac{-\beta}{\alpha} S$$

Luego la ecuación la podemos escribir

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-\beta}{\alpha} S$$

Solucionando la ecuación diferencial se hace el siguiente proceso $\frac{1}{S} \frac{dS}{dt} = \frac{-\beta}{\alpha} \frac{dR}{dt}$ entonces

$\ln S' = \frac{-\beta}{\alpha} R$ entonces $S' = Ke^{\frac{-\beta}{\alpha} R}$, escribimos la función S como sigue

$$S(t) = Ke^{\frac{-\beta}{\alpha} R(t)}$$

Aplicando la condición inicial, $S(0) = Ke^{\frac{-\beta}{\alpha} R_0} = S_0$,

$$S(t) = S_0 e^{\frac{-\beta}{\alpha} R} \geq S(0) e^{\frac{-\beta}{\alpha} N} > 0$$

Se concluye que $S_\infty > 0$, la cantidad S_∞ es llamada **tamaño final de la epidemia**.

Vemos que la epidemia no tiene fin, porque todo individuo susceptible tiene que ser infectado y ahora son inmune. Algunos individuos siempre escapan de la enfermedad, mostremos si la epidemia se extingue. Si

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty,$$

entonces $I_\infty = 0$. El argumento matemático puede establecer los resultados para todos los parámetros. Para ver esto, integramos primero la ecuación $S'(t)$

$$S'(t) = -\beta IS$$

$$\int_0^\infty S'(t) dt = -\beta \int_0^\infty S(t) I(t) dt$$

Aplicando el teorema fundamental del cálculo se tiene

$$S_\infty - S_0 = -\beta \int_0^\infty S(t) I(t) dt$$

haciendo cambios elementales de algebra

$$S_0 - S_\infty = \beta \int_0^\infty S(t) I(t) dt$$

$$S_0 - S_\infty \geq \beta S_\infty \int_0^\infty I(t) dt$$

La anterior desigualdad implica que $I(t)$ es integrable en $[0, \infty)$, y $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$. El modelo

de Kermack-McKendrick es basado en los siguientes supuestos:

- 1) No hay nacimiento ni muertes en la población.
- 2) La población es cerrada, es decir, nadie desde el exterior entra a la población y nadie sale de la población.
- 3) Todos los individuos recuperados tienen inmunidad completa y no pueden volver a infectarse.

La variable R puede obtenerse en este modelo de la relación $R = N - S - I$:

$$S'(t) = -\beta IS$$

$$I'(t) = \beta IS - \alpha I$$

Dividiendo las dos ecuaciones anteriores obtenemos:

$$\frac{I'}{S'} = \frac{\beta IS - \alpha I}{-\beta IS} = \frac{\beta IS}{-\beta IS} + \frac{\alpha I}{\beta IS} = -1 + \frac{\alpha}{\beta S}$$

De esta manera, se separan variables y se obtiene:

$$\frac{I'}{S'} = \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S}\right)$$

Integrando a ambos lados

$$\int \frac{I'}{S'} dS = \int \left(-1 + \frac{\alpha}{\beta S}\right) dS$$

Realizando la integral

$$I = -S + \frac{\alpha}{\beta} \ln S + C, \quad C \text{ una constante arbitraria.}$$

Haciendo un reacomodamiento de la ecuación

$$I + S - \frac{\alpha}{\beta} \ln S = C,$$

El Modelo Kermack-Mckendrick está equipado con condiciones iniciales: $S_0 = S(0)$ y $I_0 = I(0)$, la cual están dadas. También se tiene que $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty = 0$, lo mismo $S_\infty = \lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ dados el número final de individuos susceptibles después de la epidemia.

$$I(0) + S(0) - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S(0) = C$$

$$I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_0 = C$$

Por tanto, la ecuación queda de la siguiente manera

$$I + S - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_0 = S_\infty - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_\infty$$

Reagrupando términos se tiene

$$I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_0 = S_\infty - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_\infty$$

Agrupando términos semejantes

$$I_0 + S_0 - S_\infty = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}S_\infty$$

Tomando factor común y aplicando las propiedades de los logaritmos se tiene

$$I_0 + S_0 - S_\infty = \frac{\alpha}{\beta} [\text{Ln}S_0 - \text{Ln}S_\infty] = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} \left(\frac{S_0}{S_\infty} \right)$$

Aplicando propiedad de logaritmos

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\text{Ln}S_0 - \text{Ln}S_\infty}{I_0 + S_0 - S_\infty} = \frac{\text{Ln} \left(\frac{S_0}{S_\infty} \right)}{I_0 + S_0 - S_\infty}$$

Como $S(t)$ es una función decreciente, se tiene $S_\infty < S_0$ luego $S_\infty < S_0 + I_0$. La solución también nos permite calcular el número máximo de personas infectadas. Este número ocurre cuando $I' = 0$, esto es cuando $I'(t) = \beta IS - \alpha I = 0$, es decir

$$\beta IS = \alpha I$$

$$S = \frac{\alpha}{\beta}$$

Como

$$\frac{\alpha}{\beta} = \frac{I_0 + S_0 - S_\infty}{\ln\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right)}$$

Se puede escribir también así

$$I + S - \frac{\alpha}{\beta} \ln S = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0$$

Haciendo un despeje en la ecuación anterior

$$I = I_0 + S_0 - S - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0 + \frac{\alpha}{\beta} \ln S$$

Factorizando

$$I = I_0 + S_0 - S + \frac{\alpha}{\beta} [\ln S - \ln S_0]$$

Usando las propiedades de los logaritmos

$$I = I_0 + S_0 - S + \frac{\alpha}{\beta} \ln \frac{S}{S_0};$$

Al aplicar la condición $I' = 0$, se obtuvo que $S = \frac{\alpha}{\beta}$ la cual se aplica a la anterior ecuación obteniendo el pico de la pandemia

$$I_{max} = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} \ln \frac{\alpha}{\beta} - \frac{\alpha}{\beta} \ln S_0$$

Este es el número máximo de individuos infectados en la pandemia.

5.8 ESTIMACION DE LA TASA DE RECUPERACIÓN

Para la influenza, la duración de los periodos de infección es de 3 a 7 días con una media entre 4 a 5 días. ¿Cómo se puede ayudar a estimar el parámetro α ? se asume que no hay influenza en la infección y un cierto número de individuos I_0 han sido puestos en la clase infecciosa en el tiempo cero. La ecuación diferencial que modela la dinámica de esta clase está dada por:

$$I'(t) = -\alpha I; \quad I(0) = I_0$$

Esta ecuación puede ser resuelta fácilmente. Por lo tanto, el número de personas en la clase de infectados en el tiempo t es dado por $I'(t) = -\alpha I; \quad I(0) = I_0$

Integrando ambos lados de la igualdad

$$\int \frac{1}{I} I'(t) dt = - \int \alpha dt$$

Obteniendo la integral tenemos

$$\ln I = -\alpha t + C$$

$$I = e^{-\alpha t} e^C = K e^{-\alpha t}$$

La clase de infectados en un tiempo t

$$I(t) = K e^{-\alpha t}; I(0) = I_0$$

$$I(0) = K e^{-\alpha \cdot 0} = I_0, \quad \text{luego } K = I_0$$

Aplicando esta constante arbitraria junto con la condición inicial, se obtiene

$$I(t) = I_0 e^{-\alpha t}$$

Multiplicando por el inverso multiplicativo de I_0 en ambos lados de la ecuación obtenemos:

$$\frac{I(t)}{I_0} = e^{-\alpha t}$$

Para $t \geq 0$ da la proporción de personas que aun son infecciosas en el momento t , o en lenguaje de probabilidad, esto da la probabilidad de seguir siendo infeccioso en el tiempo t . Nosotros podemos calcular la fracción de individuos que han dejado la clase infecciosa.

$$1 - e^{-\alpha t}$$

O en términos de probabilidad $F(t) = 1 - e^{-\alpha t}$, $t \geq 0$

Es la probabilidad de recuperados/dejar la clase infecciosa en el intervalo $[0, t]$. Claramente $F(t)$ es una distribución de probabilidad (si definimos como cero para $t < 0$).

La función densidad de probabilidad es $f(t) = \frac{dF}{dt}$ consecuentemente

$$F(t) = 1 - e^{-\alpha t} \text{ luego } \frac{dF}{dt} = \alpha e^{-\alpha t} = f(t)$$

$$f(t) = \alpha e^{-\alpha t}$$

Nota: $f(t) = 0$ para todo $t < 0$. Además, el tiempo promedio pasado en la clase infecciosa está dado por la media (valor esperado de una variable aleatoria X , denota el tiempo de salir de la clase infecciosa),

$$E[X] = \int_{-\infty}^{\infty} tf(t)dt = \int_{-\infty}^{\infty} t\alpha e^{-\alpha t} dt = \frac{1}{\alpha}$$

se concluye que: agotado el tiempo medio en la clase infecciosa es $\frac{1}{\alpha}$.

La tasa de recuperación, medida en unidades de $[\text{días}]^{-1}$, es $\frac{1}{\alpha}$. Estimar la tasa de transmisión β es posible para el modelo, porque el modelo es relativamente simple. Una solución implícita rara vez es obtenida para modelos epidemiológicos y parámetros de estimación, para modelos epidémicos requiere técnicas diferentes a la que se presenta a continuación.

5.9 CÁLCULO DE LOS PARÁMETROS β y α

Para el cálculo de los parámetros tenemos que proporcionarles unos valores iniciales a los parámetros β y α . Como disponemos de los datos $I(t_i)$ (con t_i el día i) y observe que I al inicio es pequeño y por $I'(t) = \beta SI - \alpha I$ lo aproximamos

$$I'(0) \approx \beta S(0)I(0); \text{ con } S_0 = S(0); I_0 = I(0);$$

Realizando algunos cambios se obtiene

$$\beta = \frac{I'(0)}{S_0 I_0} \quad (1)$$

Como necesitamos calcular $I'(0)$ al discretizarlo nos queda

$$I'(0) \approx \frac{I_{t_{i+1}} - I_{t_i}}{\Delta t} \quad (2)$$

Aplicando esta discretización a la ecuación (1) se obtiene

$$\beta = \frac{\frac{I_{t_{i+1}} - I_{t_i}}{\Delta t}}{S_0 \cdot I_0}$$

Haciendo algunos cambios elementales

$$\beta = \frac{I_{t_{i+1}} - I_{t_i}}{\Delta t \cdot S_0 \cdot I_0}$$

Para el cálculo del Parámetro α Se puede hacer de dos formas:

I. Usando la ecuación $S'(t) = -\beta IS$

Para despejar βI debemos aplicar inverso multiplicativo de S

$$\frac{1}{S} S'(t) = -\beta I$$

Integramos ambos lados de la igualdad

$$\int \frac{1}{S} S'(t) dt = -\beta \int I(t) dt$$

Resolviendo la integral obtenemos

$$\ln S(t) = -\beta \int_0^t I(t)dt + C_1$$

$$S(t) = Ke^{-\beta \int_0^t I(h)dh}; \quad S(0) = S_0$$

Teniendo en cuenta las condiciones iniciales obtenemos el valor de la constante arbitraria K.

$$S(0) = Ke^{-\beta \int_0^0 I(h)dh} = S_0$$

Luego $K = S_0$ Por tanto la ecuación con las condiciones iniciales es

$$S(t) = S_0 e^{-\beta \int_0^t I(h)dh} \quad (3)$$

Si llamamos t^* al instante en el que $I(t)$ alcanza su valor máximo tenemos que $I'(t^*) = 0$. Se debe mirar la tabla o datos de estos picos, usando $I'(t^*) = -\beta IS - \alpha I = 0$

$$\beta S(t^*)I(t^*) - \alpha I(t^*) = 0.$$

Despejando el parámetro alfa se obtiene

$$\alpha = \frac{\beta S(t^*)I(t^*)}{I(t^*)} = \beta S(t^*)$$

Tomando la estimación de β realizada anterior y la ecuación (3)

$$\alpha = \beta S(t^*) = \beta S_0 e^{-\beta \int_0^{t^*} I(h)dh}$$

Usando la regla del trapecio compuesta para aproximar la integral

$$\int_0^{t^*} I(h)dh \approx \frac{I(t_0) + I(t_n)}{2} + \sum_{t_1}^{t_{n-1}} I(k)$$

Esta ecuación calcula el parámetro α .

II. Hemos visto que el tiempo de recuperación de los infectados es aproximadamente $\frac{1}{\alpha}$ que en numerosos casos es conocido. En el caso que nos ocupa el tiempo de recuperación es aproximadamente 2 días para esta gripe, por lo que $\alpha = 0,5$.

Conociendo el valor de las condiciones iniciales I_0, S_0, R_0 y una primera estimación de β y α podemos resolver numéricamente el sistema de ecuaciones diferenciales del sistema SIR utilizando la orden ode45 de Matlab para realizar una primera predicción $S(t), I(t), R(t)$.

Usaremos el método de optimización fminsearch para encontrar los parámetros β y α que minimicen la función $\sum_{i=0}^n (\hat{I}(i) - I(i))^2$ (4)

Donde $I(i)$ es el número real infectados en el día i , $\hat{I}(i)$ es el número aproximado de infectados que se ha obtenido resolviendo numéricamente el sistema SIR con ode45, usando las condiciones iniciales I_0, S_0, R_0 y los parámetros β y α que vayan calculando en cada iteración. Se obtiene que los parámetros $\beta = 0.0022$ y $\alpha = 0.4477$ son los que minimizan a la ecuación (4).

Una vez conocidos $I_0, S_0, R_0, \beta, \alpha$ resolviendo la ecuación por el método de Newton obtenemos S_∞ .

$$-S_\infty + I_0 + S_0 + \rho \ln\left(\frac{S_\infty}{S_0}\right) = 0$$

Donde $\rho = \frac{\alpha}{\beta}$ y $S_0 = \rho + \varepsilon$

Como $I_\infty = 0$ podemos calcular una estimación $R_\infty \approx N - I_\infty - S_\infty$.

Por otro lado, también podemos calcular una estimación de los valores $S_\infty, I_\infty, R_\infty$ simulando nuestro modelo SIR en Matlab en un intervalo de tiempo amplio, por ejemplo 100 días. De esta forma obtendremos los valores $S_\infty = 20,10$; $I_\infty = 0,00$ y $R_\infty = 742,90$ que apenas se diferencia ni un individuo de las teorías.

Como $R_0 \approx 3,75 > 1$ se crea epidemia, se cumple $S_0 e^{-\frac{\beta N}{\alpha}} \leq S_\infty < S_0$.

Realizaremos algunos ejemplos para el cálculo de los parámetros. La siguiente grafica es un ejemplo de la propagación presentada en el virus de influenza en el año 1978 estudiada en el libro (Maia, 2015).

Día	N° de infectados	Día	N° de infectados
3	25	9	192
4	75	10	126
5	227	11	71
6	296	12	28
7	258	13	11
8	236	14	7

Datos tomados de "influenza en un internado," Revista médica británica, 4 de marzo de 1978

El número de niños que escaparon de la influenza fueron 19. El tiempo promedio de la enfermedad fue de 5 – 6 días, sin embargo, dado que los niños estaban aislados en la enfermería, pasaban tal vez alrededor de 2 días como infeccioso. Un hisopo tomado de algunos niños revelo que estaban infectados con el virus de la influenza AH1N1. Estos datos son los siguientes valores.

El total de niños eran 763 que estuvieron en riesgo durante la pandemia.

$$N = 763; \quad S_3 = 763 - 25 = 738; \quad I_3 = 25; \quad S_\infty = 19$$

Tabla 1

Días	No Susceptibles
3	$763 - 25 = 738$
4	$763 - 25 - 75 = 663$

Para calcular los parámetros y el pico de la pandemia

$$\frac{\beta}{\alpha} = \frac{\text{Ln}\left(\frac{S_0}{S_\infty}\right)}{S_0 + I_0 - S_\infty} = \frac{\text{Ln}\left(\frac{S_3}{S_\infty}\right)}{S_3 + I_3 - S_\infty} = \frac{\text{Ln}\left(\frac{738}{19}\right)}{738 + 25 - 19} = \frac{\text{Ln}\left(\frac{738}{19}\right)}{744}$$

$$= \frac{\text{Ln}(38,84210522632)}{744} = \frac{3,6595048454}{744} = 0,0049186893$$

Tomemos $t_0 = 0$; $t_{final} = 14$

Consideremos el periodo infeccioso es de 2,1 días. Este valor puede obtenerse como el mejor ajuste ya que los valores de alrededor de 2 días se prueban con el siguiente procedimiento. Después de que arreglamos la duración del periodo infeccioso, calculamos α como el recíproco del tiempo pasado como individuo infeccioso (periodo infeccioso).

$$\alpha = \frac{1}{2,1} = 0,476$$

Ahora vamos a obtener el valor β

$$\frac{\beta}{\alpha} = 0,0049186893$$

$$\text{Luego } \beta = (0,0049186893)\alpha \quad \beta = (0,0049186893)(0,476)$$

$$\beta = 0,0023412961$$

Para calcular I_{max} se estima el número máximo de infectados durante la epidemia.

$$\frac{\alpha}{\beta} = \frac{0,476}{0,0023412961} = 203,3061943767$$

$$I_{max} = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} \frac{\alpha}{\beta} - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} S_0$$

Reemplazando los valores iniciales de cada compartimiento del virus de influenza

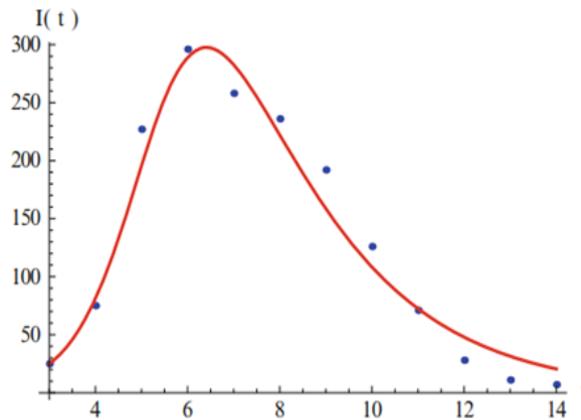
$$I_{max} = 25 + 763 - (203,3061943767) + (203,30619) \text{Ln}(203,30619)$$

$$- (203,30619) (\text{Ln} 738)$$

$$I_{max} = 298$$

Observe que los datos dan el número máximo de individuos infecciosos como 296.

La posterior figura fue tomada del libro (Maia, 2015) plasmada en la página 18 para representar los datos epidémicos del modelo SIR.



Epidemia de gripe en un internado inglés: acuerdo entre Kermack y McKendrick Modelo y datos epidémicos SIR

5.10 UN SIMPLE MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIS

Queremos simplificar la suposición de inmunidad permanente después de la recuperación para modelar enfermedades que pueden infectarnos repetidamente, como la influenza. Podemos suponer en el escenario más simple que las personas que se recuperan se vuelven inmediatamente susceptibles nuevamente.

Por lo tanto, las personas susceptibles pueden infectarse (e infectar) y luego recuperarse y volver a ser susceptibles. El Modelo toma la forma

$$S'(t) = -\beta IS + \alpha I$$

$$I'(t) = \beta IS - \alpha I$$

El modelo expuesto en la investigación de (Maia, 2015) se describe con el siguiente diagrama de flujo

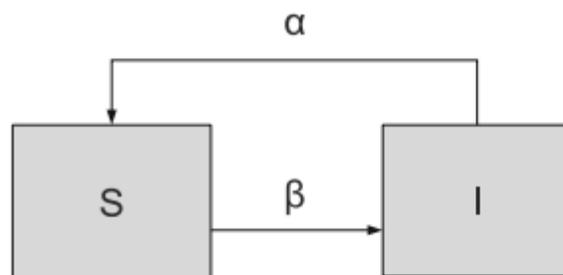


Diagrama de flujo de un modelo epidémico SIS simple

Ilustración 3 (Maia, 2015)

$N' = 0$ Constante y las condiciones iniciales $S(0) = S_0$; $I(0) = I_0$; $N = S(0) + I(0)$.

5.11 REDUCIENDO EL MODELO SIS A UNA ECUACIÓN LOGÍSTICA

El siguiente procedimiento fue tomado de (Maia, 2015). Enfermedades que nos puede infectar repetidamente como la gripe, podemos suponer que las personas que se recuperan vuelven a ser inmediatamente susceptibles. Las personas que son susceptibles pueden infectarse y luego recuperarse para ser susceptibles de nuevo.

El modelo toma la forma

$$S'(t) = -\beta IS + \alpha I$$

$$I'(t) = \beta IS - \alpha I$$

Este sistema es llamado modelo epidemiológico SIS. Aquí

$$N = S + I; \quad N' = 0$$

El tamaño total de la población donde N es constante en el tiempo $S(0) = S_0$; y $I(0) = I_0$; así que

$$N = S(0) + I(0).$$

El tamaño total de la población es constante y conocido, el sistema del modelo SIS puede ser reducido a una sola ecuación. Esta técnica es comúnmente utilizada para la reducción de la dimensión de un modelo epidemiológico. Expresamos S como $S = N - I$. Sustituimos en la segunda ecuación.

$$I'(t) = \beta IS - \alpha I = \beta I(N - I) - \alpha I$$

$$I'(t) = \beta I(N - I) - \alpha I$$

Multiplicando término a término obtenemos factor común I

$$I'(t) = I(\beta N - \beta I) - \alpha I$$

Desarrollando paréntesis y agrupando términos

$$I'(t) = I(\beta N - \alpha) - \beta I^2$$

Multiplicamos por $\frac{\beta N - \alpha}{\beta N - \alpha} = 1$

$$I'(t) = I(\beta N - \alpha) - \frac{I(\beta N - \alpha)(\beta I)}{\beta N - \alpha}$$

Resolviendo la división tenemos que

$$I'(t) = (\beta N - \alpha)I \left(1 - \frac{\beta I}{\beta N - \alpha} \right)$$

Multiplicando la división por inverso multiplicativo de β observamos que

$$I'(t) = (\beta N - \alpha)I \left(1 - \frac{I}{\frac{\beta N - \alpha}{\beta}} \right)$$

Haciendo $r = (\beta N - \alpha)$ y $K = \frac{r}{\beta}$ se tiene,

$$I'(t) = rI \left(1 - \frac{I}{\frac{r}{\beta}} \right)$$

$$I'(t) = rI \left(1 - \frac{I}{K} \right)$$

El modelo de la ecuación logística es uno de los modelos clásicos en dinámica de poblaciones, lo usaremos más adelante para modelos en los que el tamaño total de la población no se mantiene constante. El parámetro r a menudo se denomina tasa de crecimiento. Podemos ver que r puede ser positivo o negativo, por lo que consideramos dos casos:

1. $r < 0$ si la tasa de crecimiento es negativa, $r < 0$, entonces el número de individuos infectados $I(t)$ tiende a cero cuando $t \rightarrow \infty$. Para ver esto, observe que si $r < 0$, entonces $K < 0$. Por eso $I'(t) \leq rI(t) \Leftrightarrow \frac{1}{I(t)}I'(t) \leq r$ para $\frac{1}{I(t)} > 0$ $I(t) > 0$

$$\int \frac{1}{I(t)}I'(t)dt \leq r \int dt$$

Resolviendo la integral, posteriormente aplicamos operación inversa de logaritmos nos queda

$$\ln I(t) \leq rt + C \Leftrightarrow e^{\ln I(t)} \leq e^{rt+C}$$

Solucionando la desigualdad en un tiempo $t = 0$

$$I(t) \leq Ke^{rt} \Leftrightarrow I(0) \leq Ke^0$$

$$I_0 \leq K$$

$$I(t) \leq Ke^{rt}$$

$$I(t) \leq I_0e^{rt} \text{ se aproxima a cero para } r < 0$$

$$I_0e^{rt} \xrightarrow{r < 0} 0$$

Esto implica que si $r < 0$, la enfermedad poco desaparece de la población por si sola.

2. $r > 0$ la ecuación logística se puede resolver y en este caso, necesitamos resolverla para tener una expresión explícita para $I(t)$. La ecuación logística es una ecuación diferencial de tipo separable, se resuelve por un método llamado separación de variables. Para separar las variables I y t , movemos todos los términos que contienen I al lado izquierdo de la ecuación, y todos los términos que contienen t , a saber dt , al lado derecho:

$$I'(t) = rI \left(1 - \frac{I}{K}\right) \Leftrightarrow \frac{1}{rI \left(1 - \frac{I}{K}\right)} = r$$

Teniendo en cuenta la condición inicial de la ecuación logística

$$\int \frac{I'(t)}{rI\left(1 - \frac{I}{K}\right)} dt = \int r dt; I(t) \neq K$$

Solucionando la integral al lado derecho

$$\int \frac{1}{rI\left(1 - \frac{I}{K}\right)} dt = rt + C$$

$$\int \frac{1}{rI\left(1 - \frac{I}{K}\right)} dt = \int \left(\frac{1}{I} + \frac{1}{K-I}\right) dI = \text{Ln}I + \int \frac{1}{K-I} dI$$

Reemplazando $u = K - I$ $du = -dI$

$$= \text{Ln}I + \left(-\int \frac{1}{u}(-du)\right) = \text{Ln}I - \text{Ln}u$$

Revirtiendo la sustitución de variables

$$= -\text{Ln}I - \text{Ln}(K - I) = \text{Ln}\left(\frac{I}{K - I}\right)$$

Luego la ecuación queda $\text{Ln}\left(\frac{I}{K-I}\right) = rt + C$

$$e^{\text{Ln}\left(\frac{I}{K-I}\right)} = Ke^{rt}$$

$$\frac{I}{K-I} = Ke^{rt} \text{ Aplicando las condiciones iniciales } I(0) = I_0$$

$\text{Ln}\frac{I_0}{K-I_0} = C$ Reemplazando C en la anterior expresión, se obtiene

$$\text{Ln}\frac{I}{K-I} = rt + \text{Ln}\frac{I_0}{K-I_0}$$

$$\text{Ln}\frac{I}{K-I} - \text{Ln}\frac{I_0}{K-I_0} = rt \Leftrightarrow \text{Ln}\left[\frac{\left(\frac{I}{K-I}\right)}{\left(\frac{I_0}{K-I_0}\right)}\right] = rt$$

$$\text{Ln} \left(\frac{I(K - I_0)}{I_0(K - I)} \right) = rt$$

$$\text{Ln} \left[\frac{I|K - I_0|}{I_0|K - I|} \right] = rt$$

Los valores absolutos $|K - I_0|$ y $|K - I|$ pueden descartarse ya que los dos tienen el mismo signo: ambos son positivos o ambos son negativos.

$$\frac{I|K - I_0|}{I_0|K - I|} = e^{rt} \leftrightarrow \frac{I}{K - I} \left(\frac{K - I_0}{I_0} \right) = e^{rt}$$

Empleando inversos multiplicativo a ambos lados de la igualdad e igualamos a 1

$$\frac{I}{K - I} = e^{rt} \frac{I_0}{K - I_0} \leftrightarrow \frac{I}{K - I} = \frac{1}{\frac{K - I}{I}} = \frac{1}{\frac{K}{I} - 1}$$

$$\frac{1}{\frac{K}{I} - 1} = e^{rt} \frac{I_0}{K - I_0} = 1 = e^{rt} \frac{I_0}{K - I_0} \left(\frac{K}{I} - 1 \right)$$

$$1 = e^{rt} \left[\frac{I_0}{K - I_0} \left(\frac{K}{I} - 1 \right) \right] \text{ haciendo } \beta = \frac{I_0}{K - I_0}$$

$$1 = e^{rt} \left[\beta \left(\frac{K}{I} - 1 \right) \right] \text{ despejando la variable } \beta$$

$$1 = \beta e^{rt} \left(\frac{K}{I} - 1 \right) = \frac{K\beta e^{rt}}{I} - \beta e^{rt}$$

Aplicando inverso aditivo en ambos lados de las ecuaciones

$$\frac{K\beta e^{rt}}{I} = 1 + \beta e^{rt} \leftrightarrow K\beta e^{rt} = (1 + \beta e^{rt})I$$

$$I(t) = \frac{K\beta e^{rt}}{1 + \beta e^{rt}} \text{ donde } \beta = \frac{I_0}{K - I_0}; K = \frac{r}{\beta} = \frac{\beta N - \alpha}{\beta}$$

Si calculamos $t \rightarrow \infty$ en $I(t)$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = \lim_{t \rightarrow \infty} \left(\frac{K\beta e^{rt}}{1 + \beta e^{rt}} \right) = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{\frac{1}{K\beta e^{rt}} + \frac{\beta e^{rt}}{K\beta e^{rt}}} = \lim_{t \rightarrow \infty} \frac{1}{\frac{1}{K\beta e^{rt}} + \frac{1}{K}} = \frac{1}{\frac{1}{K}} = K$$

Es decir que La enfermedad permanece en la población indefinidamente sin pasar la constante K .

La condición asintótica $r > 0$ se puede escribir como, $\mathfrak{R}_0 > 1$, donde $\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$. \mathfrak{R}_0 es llamado número reproductivo básico de la enfermedad matemáticamente la reproducción tiene un valor asintótico para la dinámica del sistema y la enfermedad. Si $\mathfrak{R}_0 > 1$, la enfermedad permanece en la población y el número de infectados se estabiliza alrededor de K .

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta N}{\alpha} > 1$$

$$\beta N > \alpha$$

$$N > \frac{\alpha}{\beta} = S$$

En este caso decimos que la enfermedad se ha vuelto endémica en la población, esto implica que el modelo SIS, en un modelo de enfermedad endémica.

Si $\mathfrak{R}_0 > 1$, el número de infectados se reduce gradualmente a cero y la enfermedad desaparece de la población. Epidemiológicamente, el número de reproducción da el número de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una población formado únicamente por individuos susceptibles.

Para ver esta interpretación en la fórmula de \mathfrak{R}_0 , observe que el número de nuevos casos por unidad de tiempo reproducidos por todos los individuos infecciosos viene dado por la incidencia βSI . Si solo hay un individuo infeccioso, tenemos $I = 1$, y el número de los casos secundarios producidos por un infeccioso será βS . Si la totalidad de la población

consiste en individuos susceptibles, tenemos $S = N$. Por lo tanto, el número de casos secundarios que un individuo infeccioso producirá en una unidad de tiempo es βN . Dado que un individuo infeccioso permanece infeccioso durante $\frac{1}{\alpha}$ unidades de tiempo, el número de casos secundarios que producirá durante su vida útil es $\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta N}{\alpha}$.

Conociendo el par de parámetros β , α , y las condiciones iniciales S_0 e I_0 , es importante tener en cuenta a partir de $I'(t) = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$, cuando la enfermedad se propagará a la población, y sobre todo conocer el comportamiento de la epidemia (Lorenzo, 2020). Por tanto, para saber si existe la posibilidad que se desarrolle un brote epidémico es necesario realizar a partir del modelo $I'(t) = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$ el siguiente análisis:

- Si $I' > 0$ en el tiempo t_0 , entonces teniendo en cuenta las condiciones iniciales $S(0) = S_0 > 0$, $I(0) = I_0 > 0$ y $R(0) = R_0 \geq 0$ se tiene que $I'(0) = I_0(\beta S_0 - \alpha) > 0$ si $\beta S_0 - \alpha > 0$, es decir:

- ✓ El número de individuos en el estado infeccioso aumentará y habrá una epidemia si

$$S_0 > \frac{\alpha}{\beta}$$

- ✓ Habrá un brote epidémico si

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\alpha} > 1$$

Donde \mathfrak{R}_0 es el número reproductivo básico o tasa reproductiva básica de la infección definido como el número promedio de infecciones secundarias producidas por un individuo durante su periodo infeccioso en una población totalmente susceptible. En otras palabras, es el número promedio de infecciones secundarias que ocurre cuando un individuo infeccioso

(el paciente cero) es introducido en una población nueva (completamente susceptible); es decir, cuantos individuos va a infectar directamente el paciente cero.

En general si $\mathfrak{R}_0 < 1$ la epidemia desaparecerá y si $\mathfrak{R}_0 > 1$ puede que este frente a un caso de endemia, el valor de \mathfrak{R}_0 dependerá de las características epidemiológicas de la enfermedad reflejada en los parámetros del modelo en cuestión y de la población en general. La importancia de este parámetro radica que en base al mismo se puede conocer si existirá un brote epidémico.

Por cierto, el \mathfrak{R}_0 se define de la siguiente manera:

$$\mathfrak{R}_0 = \int_0^{\infty} b(t)F(t)dt,$$

Donde $b(t)$ es el numero medio de nuevos infectados producidos por un individuo infectado por unidad de tiempo si este permanece infectado por un tiempo t y $F(t)$ es la probabilidad de que un nuevo infectado continúe infectado hasta el tiempo t , la cual se calcula mediante

$$F(t) = e^{-\int_t^0 p(x)dx}$$

Donde $p(x)$ representa la proporción de individuos infecciosos que se recuperan o mueren.

- Si $I' < 0$ en el tiempo t_0 , entonces teniendo en cuenta las condiciones iniciales

$S(0) = S_0 > 0$, $I(0) = I_0 > 0$ y $R(0) = R_0 \geq 0$ se tiene que $I'(0) = I_0(\beta S_0 - \alpha) < 0$ si $\beta S_0 - \alpha < 0$, es decir:

- ✓ El número de individuos en el estado infeccioso disminuirá y no habrá una epidemia si

$$S_0 < \frac{\alpha}{\beta},$$

✓ No abra un brote epidémico si

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\alpha} < 1.$$

Otra vía para calcular el número reproductivo básico \mathfrak{R}_0 es a través de $\mathfrak{R}_0 = \int_0^{\infty} b(t)F(t)dt$. Debido a que la función $b(t)$ representa el número medio de nuevos infecciosos producidos por un individuo infeccioso por unidad de tiempo si éste permanece infeccioso por un tiempo t , se tiene que $b(t) = \beta S_0$. Por otro lado, es suficiente tener en cuenta la función $F(t)$ representa la probabilidad de que un nuevo infeccioso hasta el tiempo t . Debido a que le único flujo de salida del estado infeccioso αI , se deduce a partir de

$$F(t) = e^{-\int_t^0 p(x)dx}$$

Que

$$F(t) = e^{-\alpha t}$$

De esta manera, a partir de la ecuación $R_0 = \int_0^{\infty} b(t)F(t)dt$ se llega a la relación (Lorenzo, 2020).

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\alpha}.$$

5.12 ANALISIS CUALITATIVO DE LA ECUACIÓN LOGISTICA

Muchos modelos simples en biología no se pueden resolver explícitamente. Necesitamos herramientas para deducir las propiedades de las soluciones directamente de la ecuación diferencial.

De la solución explicita de la ecuación logística, vimos que, en el largo plazo, la enfermedad se volverá endémica y persistirá en la población si $\mathfrak{R}_0 > 1$. También se aprendió

que a la larga el número de individuos infectados en la población será aproximadamente $K = \frac{\beta N - \alpha}{\beta}$.

Además, si $\mathfrak{R}_0 > 1$ la enfermedad muere. Idealmente nos gustaría poder obtener tales resultados sin tener que resolver la ecuación explícitamente.

Un modelo de ecuación diferencial no lineal con coeficientes constantes, típicamente tiene soluciones independientes del tiempo, es decir, soluciones que son constantes en el tiempo. Tales soluciones se llaman puntos de equilibrio. Los puntos de equilibrio juegan un papel importante en el comportamiento a largo plazo de las soluciones. Son fáciles de encontrar a partir de la ecuación diferencial. Aunque no sepamos la solución explícita, ya que sin derivada con respecto al tiempo es cero.

Así para la ecuación $\frac{dI}{dt} = f(I)$, los equilibrios son las soluciones de la ecuación $f(I) = 0$. Fijémonos en el lado derecho de la ecuación $I'(t) = \beta I(N - I) - \alpha I = 0$.

Esta ecuación tiene dos soluciones $I_1^* = 0$ y $I_2^* = K$ quedan los dos puntos de equilibrio. El equilibrio I_1^* siempre existe. En la epidemiología matemática, el equilibrio I_1^* se conoce como un equilibrio libre de enfermedad, ya que la enfermedad no está presente en la población y toda la población es susceptible. El equilibrio I_2^* existe solo si $\mathfrak{R}_0 > 1$. El equilibrio I_2^* se llama equilibrio endémico, ya que la enfermedad está presente en la población.

En el caso que $R_0 > 1$, tanto $I_1(t) = 0$ y $I_2(t) = K$ son soluciones a la ecuación $I'(t) = \beta I(N - I) - \alpha I$ ya que el modelo esta bien planteado, ninguna otra solución puede cruzarlos. Así que las soluciones que comienzan en el intervalo $(0, K)$ permanecen en ese intervalo todo el tiempo $0 < I(0) < K \rightarrow 0 < I(t) < K$.

Además, las soluciones que parten de un valor superior a K permanecen por encima de K .

$$I(0) > K \rightarrow I(t) > K$$

Si $0 < I(0) < K$, entonces $f(I) > 0$, lo que significa que $\frac{dI}{dt} > 0$. Esto significa que las soluciones en ese intervalo son funciones crecientes del tiempo. Como $I(t)$ es creciente y acotada, se sigue que $I(t)$ converge a un límite finito cuando $t \rightarrow \infty$. Para deducir el comportamiento de la derivada, usamos el siguiente colorario expuesto en la investigación (Maia, 2015).

Colorario: (thieme) suponga que $f(t)$ converge cuando $t \rightarrow \infty$. Asuma también que $f(t)$ es uniformemente continua. Entonces $f(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$.

5.13 CALCULO DE UNA SOLUCIÓN ANALÍTICA PARAMÉTRICA PARA EL MODELO SIR

Actualmente se desconoce la solución explícita exacta del sistema de ecuaciones que define el modelo SIR. En la práctica se trabaja con aproximaciones numérica de las soluciones. En esta sección calcularemos una solución analítica exacta descrita de forma paramétrica siguiendo esencialmente la referencia (T. HARKO, 2014) y ejemplificando los resultados obtenidos numéricamente.

$$S'(t) = -\beta S(t)I(t) \quad (1)$$

Hallando $I(t)$ de la ecuación (1)

$$I(t) = \frac{S'(t)}{-\beta S(t)}$$

$$I(t) = \frac{-\beta S''S - S'(t)\beta S'(t)}{-\beta S^2(t)} \quad (2)$$

$$\text{Derivando (1) } S''(t) = -\beta S'(t)I(t) - \beta I'(t)S(t) \quad (3)$$

Reemplazando $I(t)$ en la expresión

$$S''(t) = -\beta S'(t) \left[\frac{S'(t)}{-\beta S(t)} \right] - \beta I'(t) S(t)$$

Eliminando términos tenemos la siguiente ecuación

$$S''(t) = \frac{(S'(t))^2}{S(t)} - \beta S(t) I'(t)$$

Despejando $I'(t)$ se obtiene la ecuación (4)

$$S''(t) - \frac{(S'(t))^2}{S(t)} = -\beta S(t) I'(t)$$

$$I'(t) = \frac{S(t)S''(t) - S'(t)^2}{-\beta S(t)^2} = -\frac{1}{\beta} \left(\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right) \quad (4)$$

Como $I'(t) = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$, $I(0) = I_0$

Retomando la ecuación inicial $S'(t) = -\beta S(t)I(t)$ (1)

$$I(t) = -\frac{S'(t)}{\beta S(t)} \quad (2)$$

Derivando $I(t)$ de la ecuación (2) y factorizando

$$I'(t) = -\left[\frac{S''(t)\beta S(t) - \beta S'(t)^2}{\beta^2 S^2(t)} \right] = -\frac{\beta}{\beta^2} \left[\frac{S''(t)S(t)}{S^2(t)} - \frac{S'(t)^2}{S^2(t)} \right]$$

Desarrollando la expresión tenemos la ecuación (4)

$$I'(t) = -\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] \quad (4)$$

Es decir $I'(t) = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$

Reemplazando el valor $I(t)$ en la ecuación

$$-\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] = \beta S(t) \left(-\frac{S'(t)}{\beta S(t)} \right) - \alpha \left(-\frac{S'(t)}{\beta S(t)} \right)$$

Cancelando términos semejantes y luego factorizando

$$-\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] = -S'(t) + \frac{\alpha S'(t)}{\beta S(t)} = -\frac{1}{\beta} \left(\beta S'(t) - \frac{\alpha S'(t)}{S(t)} \right)$$

aplicando ambos lados de la igualdad inverso multiplicativo de $-\frac{1}{\beta}$

$$\frac{S''}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 = \beta S'(t) - \frac{\alpha S'(t)}{S(t)}$$

Igualando la expresión a cero obtenemos la ecuación (5)

$$\frac{S''}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 + \frac{\alpha S'(t)}{S(t)} - \beta S'(t) = 0 \quad (5)$$

Como $R'(t) = \alpha I(t)$ reemplazamos $I(t)$

$$R'(t) = \alpha \left(-\frac{S'(t)}{\beta S(t)} \right) = -\frac{\alpha}{\beta} \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right) \quad (6)$$

Integrando ambos lados se obtiene

$$\int R'(t) dt = -\frac{\alpha}{\beta} \int \frac{S'(t)}{S(t)} dt$$

$$R(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \ln S(t) + C$$

Implementando inversos multiplicativos a ambos lados de la igualdad

$$-\frac{\beta}{\alpha} R(t) = \ln S(t) + C$$

Eliminando logaritmos con su operación inversa obtenemos

$$e^{-\frac{\beta}{\alpha} R(t) - C} = S(t)$$

$$S(t) = K e^{-\frac{\beta}{\alpha} R(t)} \quad (7) \quad \text{con la condición inicial } S(0) = S_0$$

$$S(0) = K e^{-\frac{\beta}{\alpha} R(0)} = K e^{-\frac{\beta}{\alpha} R_0} = S_0$$

$$K = S_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha} R(0)} \text{ luego}$$

$$S(t) = S_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (8)$$

Derivando S respecto a t , se tiene

$$S'(t) = S_0 \left(-\frac{\beta}{\alpha} R'(t) \right) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}$$

Reescribiendo la expresión tenemos ecuación (9)

$$S'(t) = -\frac{\beta}{\alpha} S_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (9)$$

Derivando (6) respecto a t

$$R'(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)$$

$$R''(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \left(\frac{S''(t)S'(t) - (S'(t))^2}{S^2(t)} \right)$$

Separando términos de la expresión dentro del paréntesis obtenemos la nueva ecuación

$$R''(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \left(\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right) \quad (10)$$

Las ecuaciones

$$R'(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right) \quad (6)$$

$$S'(t) = -\frac{\beta}{\alpha} S_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (9)$$

$$R''(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \left(\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right) \quad (10)$$

Pueden escribirse de la siguiente manera por las condiciones iniciales:

$$-\beta R'(t) = \alpha \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right) \quad (11)$$

$$-\beta S'(t) = \frac{\beta^2}{\alpha} S_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (12)$$

$$-\frac{\beta}{\alpha} R''(t) = \frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \quad (13)$$

La suma de las tres ecuaciones (11), (12) y (13) es igual a cero por la ecuación (5).

$$-\frac{\beta}{\alpha} R''(t) - \beta R'(t) + \frac{\beta^2}{\alpha} S_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} = 0 \quad (14)$$

Despejando $R''(t)$

$$-\frac{\beta}{\alpha} R''(t) = \beta R'(t) - \frac{\beta^2}{\alpha} S_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}$$

Resolviendo la igualdad con inversos multiplicativos

$$R''(t) = -\alpha R'(t) + \beta S_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (15)$$

Para resolver la E.D.O. no lineal (15) realizaremos el siguiente cambio de función incógnita:

$$u(t) = e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (16)$$

Derivamos u respecto a t y despejamos $R'(t)$.

$$u'(t) = -\frac{\beta}{\alpha} R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} = -\frac{\beta}{\alpha} R'(t) u(t)$$

$$R'(t) = -\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)} = -\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)}$$

$$R'(t) = -\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)} \quad (17)$$

Derivamos respecto al producto $u'(t)$ y usando ecuación (17)

$$u'(t) = -\frac{\beta}{\alpha} R'(t) u(t)$$

$$u''(t) = -\frac{\beta}{\alpha} R''(t) u(t) - \frac{\beta}{\alpha} R'(t) u'(t)$$

Reemplazando $R'(t)$

$$u''(t) = -\frac{\beta}{\alpha}R''(t)u(t) - \frac{\beta}{\alpha}\left(-\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)}\right)u'(t)$$

Resolviendo la expresión dentro del paréntesis

$$u''(t) = -\frac{\beta}{\alpha}R''(t)u(t) + \frac{(u'(t))^2}{u(t)}$$

Aplicando inversos aditivos en ambos lados de la igualdad

$$u''(t) - \frac{(u'(t))^2}{u(t)} = -\frac{\beta}{\alpha}R''(t)u(t)$$

Despejando $R''(t)$

$$R''(t) = -\frac{\alpha}{\beta}\left[\frac{u''(t) - \frac{(u'(t))^2}{u(t)}}{u(t)}\right]$$

Desarrollando las operaciones implicadas y la ley de los extremos

$$R''(t) = -\frac{\alpha}{\beta}\left[\frac{u''(t)}{u(t)} - \frac{(u'(t))^2}{u(t)^2}\right] \quad (18)$$

Como ya tenemos

$$R''(t) = -\alpha R'(t) + \beta R_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (15)$$

Sustituimos (17) y (18) en (15)

$$R''(t) = -\alpha R'(t) + \beta R_0 R'(t) e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (15)$$

Reemplazamos $e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}$ por $u(t)$

$$R''(t) = -\alpha R'(t) + \beta R_0 R'(t) u(t)$$

Sustituimos $\beta R_0 R'(t) u(t)$ por $u'(t)$

$$R''(t) = -\alpha R'(t) - \alpha R_0 u'(t) \quad (19)$$

Sustituimos (17) y (18) en (19)

$$-\frac{\alpha}{\beta} \left[\frac{u''(t)}{u(t)} - \left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 \right] = -\alpha \left(-\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)} \right) - \alpha R_0 u'(t)$$

$$-\frac{\alpha}{\beta} \left[\left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 - \frac{u''(t)}{u(t)} \right] - \frac{u^2 u'(t)}{\beta u(t)} + \alpha R_0 u'(t) = 0$$

Sacando factor común $-\frac{\alpha}{\beta} \frac{1}{u^2(t)}$

$$-\frac{\alpha}{\beta} \frac{1}{u^2(t)} [-u'(t)^2 + u''(t)u(t) - R_0 \beta u'(t)u^2(t) + \alpha u'(t)u(t)] = 0$$

Si $-\frac{\alpha}{\beta} \frac{1}{u^2(t)} = 0$ entonces $u^2(t) \rightarrow \infty$, luego

$$u \frac{d^2 u}{dt^2} - \left(\frac{du}{dt} \right)^2 + (\alpha - R_0 \beta u) u \frac{du}{dt} = 0 \quad (19)$$

Introducimos la función $\phi(t) = \frac{dt}{du}$ (20)

De la ecuación (20) se sigue que $\frac{du}{dt} = \frac{1}{\phi}$ derivando $\frac{du}{dt} \quad u' = \frac{1}{\phi}$

$$u'' = \frac{-\phi'}{\phi^2}$$

Ahora si hacemos

$$\frac{u''(t)}{(u'(t))^2} = \frac{\frac{-\phi'(t)}{\phi^2(t)}}{\frac{1}{\phi^2(t)}} = \frac{-\phi^2(t)\phi'(t)}{\phi^2(t)} = -\phi'(t)$$

$$\frac{u''(t)}{(u'(t))^2} = -\phi'(t) = -1 \frac{d\phi}{dt} \quad (21) \leftrightarrow \frac{d\phi}{dt} = \frac{u''(t)}{(u'(t))^2}$$

Usando regla de la cadena

$$\frac{d\phi}{du} = \frac{d\phi}{dt} \frac{dt}{du} = -\frac{u''(t)}{(u'(t))^2} \phi(t) = -\phi(t) \frac{u''(t)}{(u'(t))^2} \quad (22)$$

Multiplicamos por $\frac{1}{u\left(\frac{du}{dt}\right)^2}$ a (19) se tiene

$$\frac{u}{u\left(\frac{du}{dt}\right)^2} \frac{d^2u}{dt^2} - \frac{1}{u\left(\frac{du}{dt}\right)^2} \left(\frac{du}{dt}\right)^2 + (\alpha - R_0\beta u) \frac{u}{u\left(\frac{du}{dt}\right)^2} \frac{du}{dt} = 0$$

Simplificando términos

$$\frac{\frac{d^2u}{dt^2}}{\left(\frac{du}{dt}\right)^2} - \frac{1}{u} + \frac{(\alpha - R_0\beta u)}{\frac{du}{dt}} = 0 \quad (23)$$

Introduciendo (22) en (23) y multiplicando por \emptyset obtenemos

$$\frac{-1}{\emptyset} \frac{u''(t)}{(u'(t))^2} - \frac{1}{u} + \frac{(\alpha - R_0\beta u)}{u'(t)} = 0$$

$$\frac{-1}{\emptyset} \frac{d\emptyset}{du} - \frac{1}{u} + (\alpha - R_0\beta u)\emptyset = 0$$

Despejando $\frac{d\emptyset}{du}$

$$\frac{-1}{\emptyset} \frac{d\emptyset}{du} = \frac{1}{u} - (\alpha - R_0\beta u)\emptyset$$

$$\frac{d\emptyset}{du} = -\frac{1}{u}\emptyset + (\alpha - R_0\beta u)\emptyset^2 \quad (24) \text{ E.D.O. de Bernoulli}$$

Para resolverla introducimos un cambio de variable

$$w = \emptyset^{-1} \quad (25)$$

$$\frac{dw}{du} = -\emptyset^2 \frac{d\emptyset}{du} = -\emptyset^2 \left(-\frac{1}{u}\emptyset + (\alpha - R_0\beta u) \right)$$

$$\frac{dw}{du} = \frac{\emptyset^{-1}}{u} + (\alpha - R_0\beta u)$$

Reemplazamos \emptyset^{-1}

$$\frac{dw}{du} = \frac{1}{u}w + (\alpha - R_0\beta u) \quad (26)$$

La ecuación (26) es una ecuación homogénea y una solución particular utilizando el método de variación de constantes:

$$w_{Hom} = C_1 e^{\int \frac{1}{u} du} = C_1 e^{Ln u} = C_1 u \quad \text{con } C_1 \in R.$$

$$w_{part} = C_1(u)u$$

Derivamos w respecto a u y sustituimos en la E.D.O. (26) w por w_{part} .

$$w'_{part} = C'_1(u)u + C_1(u) = \frac{1}{u} C_1(u)u - (\alpha - R_0\beta u)$$

Despejando $C'_1(u)$

$$C'_1(u) = \frac{1}{u} C_1(u)u - (\alpha - R_0\beta u) - C_1(u)$$

Simplificamos u

$$C'_1(u) = C_1(u) - (\alpha - R_0\beta u) - C_1(u)$$

Cancelando $C_1(u)$

$$C'_1(u) = -\alpha + R_0\beta u = \frac{-\alpha}{u} + R_0\beta$$

Integrando se obtiene

$$C_1(u) = -\alpha Ln u + R_0\beta u$$

La solución general de (26) es \emptyset

$$w = w_{Hom} + w_{part} = C_1 u - (\alpha Ln u - R_0\beta u)u$$

Des haciendo el cambio de función dado en (25) $w = \emptyset^{-1}$

$$\emptyset^{-1} = C_1 u - (\alpha Ln u - R_0\beta u)u$$

$$\emptyset^{-1} = u[C_1 - \alpha Ln u + R_0\beta u]$$

Implementando el inverso multiplicativo

$$\emptyset = \frac{1}{u(C_1 - \alpha Ln u + R_0\beta u)} \quad (27)$$

Después de todos los cálculos realizados ya podemos obtener la solución exacta para el sistema definido por el modelo SIR en función del parámetro u .

La solución para $S(u)$ la obtendremos sustituyendo (16) en (8).

$$u(t) = e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (16)$$

$$S(t) = S_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \quad (8)$$

$$S(t) = S_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} = S_0 u(t)$$

Ahora queremos obtener $R(u)$. Por la regla de la cadena y por $R'(t) = -\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)}$

respectivamente tenemos

$$R'(t) = R'(u)u'(t)$$

$$R'(t) = -\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)}$$

Aplicando regla de la cadena

$$R'(u)u'(t) = -\frac{\alpha u'(t)}{\beta u(t)}$$

Implementando inverso multiplicativo de $u'(t)$

$$R'(u) = -\frac{\alpha}{\beta} \frac{1}{u(t)}$$

Simplificando tenemos

$$R'(u) = -\frac{\alpha}{\beta} \frac{1}{u(t)}$$

Integrando ambos lados de la igualdad

$$\int R'(u)du = -\frac{\alpha}{\beta} \int \frac{1}{u(t)} du \leftrightarrow R(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \ln u(t) + C$$

$$R'(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \ln(u(t)) \quad (28)$$

La solución $I(u)$ es algo más complicado de obtener, primero se calcula la derivada de I respecto a u aplicando regla de la cadena. Después se hace uso de las ecuaciones (20) y (27) respectivamente

$$\phi(t) = \frac{dt}{du} = 4,53 \quad ; \quad \phi = \frac{1}{u(C_1 - \alpha \ln u + R_0 \beta u)} = 4,60$$

$$\frac{dI}{du} = \frac{dI}{dt} \frac{dt}{du} = (\beta IS - \alpha I)(\phi(t))$$

Sustituyendo ϕ

$$\frac{dI}{du} = (\beta IS - \alpha I) \frac{1}{u(C_1 - \alpha \ln u + R_0 \beta u)} = \frac{I(\beta S - \alpha)}{u(C_1 - \alpha \ln u + R_0 \beta u)}$$

$$\frac{dI}{du} = \frac{I(\beta S_0 u - \alpha)}{u(C_1 - \alpha \ln u + R_0 \beta u)} \text{ estamos ante E.D.O. De variables separables.}$$

$$\int \frac{1}{I} \frac{dI}{du} du = \int \frac{(\beta S_0 u - \alpha)}{u(C_1 - \alpha \ln u + R_0 \beta u)} du$$

Solucionando la integral

$$\ln I = \ln |C_1 - \alpha \ln |u| + R_0 \beta u| + \ln |K|$$

K constante arbitraria por $N = S(t) + I(t) + R(t)$ sumando $S(u) = C_0 u$

$$S(u) + I(u) + R(u) = C_0 u + (C_1 - \alpha \ln(u) + R_0 \beta u)K - \frac{\alpha}{\beta} \ln u = N$$

$$K = -\frac{1}{\beta} \text{ y } C_1 = -\beta N \text{ entonces la ecuación } I(u) \text{ es}$$

$$I(u) = (C_1 - \alpha \ln(u) + R_0 \beta u)K = -\frac{1}{\beta} (-\beta N - \alpha \ln(u) + R_0 \beta u)$$

Simplificando términos tenemos

$$I(u) = N + \frac{u}{\beta} \ln u - R_0 u = \frac{\alpha}{\beta} \ln u - \frac{C_1}{\beta} - R_0 u \quad (29)$$

El sistema SIR en forma paramétrica

$$S(u) = C_0 u$$

$$I(u) = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} u - \frac{C_1}{\beta} - R_0 u$$

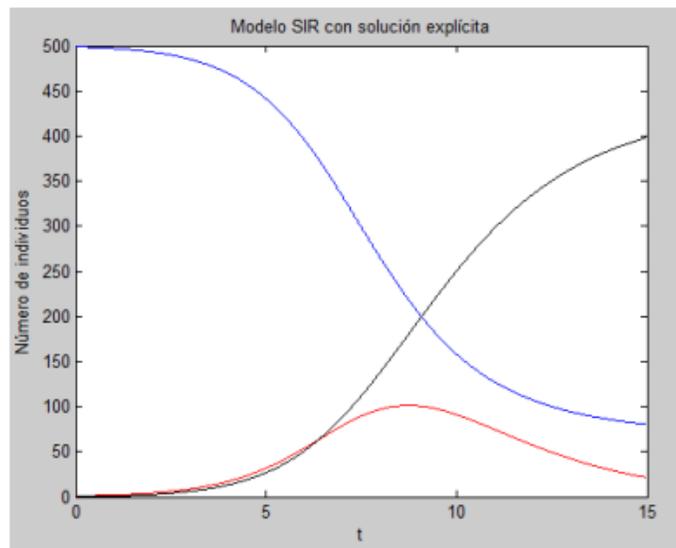
$$R(u) = -\frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} u$$

Como $u(t) = e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}$ entonces

$$\left\{ \begin{array}{l} S(t) = R_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \\ I(t) = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}) - \frac{C_1}{\beta} - R_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)} \\ R(t) = -\frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}) \end{array} \right\}$$

Para graficar estas soluciones con el uso del Matlab se toman los siguientes valores iniciales $S_0 = 499$, $I_0 = 1$, $R_0 = 0$, $\beta = 0,0026$ y $\alpha = 0,5673$

A continuación observamos la gráfica de la solución explícita del modelo SIR tomado de la fuente (Piñera, 2014).



Se calcula una solución aproximada en $t \in [0,15]$ usando la orden ode45 de Matlab.

Por $u(t) = e^{-\frac{\beta}{\alpha}(R(t)-R_0)}$ cuando $t = 0$ y $u = 1$ y cuando $t = 15$, como $R(15) \approx 398,16$ $u = 0,0161$. Después calculamos $S(u), I(u)$, y $R(u)$ en el intervalo $u \in [0.0161, 1]$. Ahora usando $\phi(t) = \frac{dt}{du}$ y (27) podemos relacionar t y u mediante la integral no inmediata

$$t - t_0 = \int_{u_0}^u \frac{dS}{S(C_1 - \alpha \ln(S) + R_0 \beta S)}$$

$$t = \int_{u_0}^u \frac{dS}{S \left(-\frac{500}{\beta} - \alpha \ln(S) + 499 \beta S \right)} \quad (30)$$

Hemos calculado la integral (30) numéricamente con la herramienta quad de Matlab con precisión de 10^{-6} para cada valor de u que hayamos calculado $S(u), I(u), R(u)$. Ahora para estos valores de t volveremos a resolver sistema del modelo SIR con ode45.

La representación de S, I y R calculados tanto explícitamente como por integración numérica frente a t se muestra en la figura 3, como podemos observar, las soluciones se superponen. Si lo ampliamos (grafico de la izquierda figura 3) se observan pequeñas diferencias que son de orden 10^{-4} debido a la precisión con la que hemos hecho el calculo de las integrales por aproximación numérica.

También encontramos otro procedimiento para calcular las soluciones del modelo SIR en (Lorenzo, 2020) que a continuación presentamos.

5.14 SOLUCIONES DEL SISTEMA DE ECUACIONES

DIFERENCIALES DEL MODELO SIR

Si dentro de una población existen individuos capaces de transmitir una enfermedad, entonces es posible determinar las soluciones del sistema de ecuaciones diferenciales. Esta información fue hallada en lecturas matemáticas (Lorenzo, 2020).

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} &= \alpha I(t)\end{aligned}$$

Para comenzar, es suficiente considerar las dos primeras ecuaciones del sistema anterior, debido a que la tercera ecuación se deduce de las dos primeras a través de la relación $R(t) = 1 - S(t) - I(t)$; es decir, basta con considerar el sistema

$$\begin{aligned}\frac{dS(t)}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)\end{aligned}$$

De esta manera dividiendo la ecuación

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$$

Entre

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t)$$

Se consigue,

$$\frac{dI(t)}{dS(t)} = \frac{\beta S(t)I(t) - \alpha I(t)}{-\beta S(t)I(t)} = \frac{\alpha}{\beta S(t)} - 1$$

Luego, aplicando el método de separación de variables e integrando en ambos miembros se deduce

$$\int dI = \int \left(\frac{\alpha}{\beta S} - 1 \right) dS + C$$

Donde se obtiene

$$I(t) = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(S(t)) - S(t) + C$$

donde C es una constante de integración, la cual se obtiene a partir de las condiciones iniciales $S(0) = S_0 > 0$, $I(0) = I_0 > 0$ y $R(0) = R_0 \geq 0$ del siguiente modo

$$I_0 = I(0) = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(S(0)) - S(0) + C,$$

$$= \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(S_0) - S_0 + C,$$

$$C = I_0 + S_0 - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(S_0).$$

Por tanto,

$$I(t) = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}\left(\frac{S(t)}{S_0}\right) - S(t) + I_0 + S_0.$$

Teniendo en cuenta lo expuesto anteriormente, la posibilidad de aparición de un brote epidémico radica precisamente en que se cumpla la relación $\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta S_0}{\alpha}$, dando lugar de esta

manera a que aparezca el máximo número de infecciosos $I_{m\acute{a}x}$, el cual se alcanza cuando

$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$ es cero; es decir, cuando $S = \frac{\alpha}{\beta}$, entonces,

$$I_{m\acute{a}x} = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} \left(\frac{\alpha}{\beta S_0} \right) - \frac{\alpha}{\beta} + I_0 + S_0.$$

Claramente, a partir de $I(t) = \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln} \left(\frac{S(t)}{S_0} \right) - S(t) + I_0 + S_0$ se consigue las curvas de solución del plano fase (S, I) , las cuales están determinadas mediante

$$C(S, I) = I(t) + S(t) - \frac{\alpha}{\beta} \text{Ln}(S(t)) = C.$$

Por otro lado, dividiendo

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t)$$

Por

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t)$$

Se llega a

$$\frac{dS(t)}{dR(t)} = -\frac{\beta S(t)I(t)}{\alpha I(t)} = -\frac{\beta S(t)}{\alpha}$$

De esta manera, haciendo uso del método de separación de variables e integrando en ambos miembros se obtiene

$$\int \frac{dS(t)}{S(t)} dt = -\frac{\beta}{\alpha} \int dR(t) dt + C \text{ si y solo si } \text{Ln}S(t) = -\frac{\beta}{\alpha} R(t) + C.$$

De donde se deduce

$$S(t) = C e^{-\frac{\beta}{\alpha} R(t)}.$$

Luego, a partir de las condiciones iniciales

$$S(0) = S_0 > 0, \quad I(0) = I_0 > 0 \text{ y } R(0) = R_0 \geq 0$$

Se infiere que

$$C = S_0 e^{\frac{\beta}{\alpha} R_0},$$

Así la ecuación del número de personas susceptibles en el tiempo es

$$S(t) = S_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha} (R(t) - R_0)}.$$

Finalmente, haciendo uso de la tercera ecuación del sistema $\frac{dR(t)}{dt} = \alpha I(t)$, así como de las siguientes ecuaciones

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

$$S(t) = \frac{S(t)}{N}, \quad I(t) = \frac{I(t)}{N}, \quad R(t) = \frac{R(t)}{N}$$

$$S(t) = C e^{\frac{\beta}{\alpha} R(t)}$$

Se llega a la siguiente ecuación para determinar el número de personas removidas por unidad de tiempo:

$$\frac{dR(t)}{dt} = \alpha \left[1 - R(t) - S_0 e^{-\frac{\beta}{\alpha} (R(t) - R_0)} \right].$$

5.15 ANALISIS CUALITATIVO DEL MODLEO SIR SIN NACIMINETO

NI MUERTE

Teorema. En un modelo SIR sin nacimiento ni muertes la enfermedad acaba desapareciendo, por lo que dicho modelo corresponde a una epidemia no endémica en la que se cumple

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0, \quad \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_{\infty} \quad \text{y} \quad \lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_{\infty} = 1 - S_{\infty},$$

Con el correspondiente estado de equilibrio $(S_{\infty}, 0, 1 - S_{\infty})$.

Demostración. En efecto, a partir del sistema de ecuaciones diferenciales

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ \frac{dR(t)}{dt} = \alpha I(t) \end{cases}$$

Se define fácilmente que

$$S'(t) + I'(t) + R'(t) = -\beta S(t)I(t) + \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) + \alpha I(t)$$

Por consiguiente, es suficiente buscar los puntos de equilibrio del sistema anterior en los que $S'(t) = I'(t) = R'(t) = 0$. Para lograr tal propósito, basta con analizar las derivadas de dos de ellos; susceptibles y recuperados, pues obviamente si $S'(t) = R'(t) = 0$ entonces $I'(t) = 0$.

Claramente, a partir del sistema de ecuaciones diferenciales se infiere que la única manera de que se cumple $S'(t) = R'(t) = 0$ es que el número de individuos infecciosos sea cero en cualquier instante de tiempo t ; es decir, que $I'(t) = 0$. Por tanto, el punto de equilibrio donde $S(t) + R(t) = 1$ es exactamente $(S_{\infty}, 0, 1 - S_{\infty})$.

Por otro lado, considerando la matriz jacobiana correspondiente al sistema de ecuaciones diferenciales anteriormente mencionadas

$$J = \begin{pmatrix} -\beta I & -BS & 0 \\ \beta I & \beta S - \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & 0 \end{pmatrix}$$

Se tiene el siguiente polinomio característico:

$$p(\lambda) = \det(J - \lambda I) = -\lambda \det \begin{pmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S \\ \beta I & \beta S - \alpha - \lambda \end{pmatrix},$$

Luego, evaluando en el estado de equilibrio $(S_\infty, 0, 1 - S_\infty)$

$$p(\lambda)|_{(S,I,R)=(S_\infty,0,1-S_\infty)} = -\lambda \det \begin{pmatrix} -\lambda & -\beta S_\infty \\ 0 & \beta S_\infty - \alpha - \lambda \end{pmatrix}$$

De donde se consiguen los siguientes autovalores

$$\begin{cases} \lambda = 0, \\ \lambda = \beta S_\infty - \alpha. \end{cases}$$

Como consecuencia, si $\beta S_\infty - \alpha < 0$ las trayectorias tendrán a los puntos críticos.

Además, si $\beta S_\infty - \alpha > 0$ las trayectorias se alejarán de los puntos críticos, aumentando el número de infecciosos (y reduciendo el de susceptibles) hasta que se cumpla $\beta S_\infty - \alpha < 0$.

Por tanto, independientemente del valor de \mathfrak{R}_0 , se tendrá un único punto fijo estable. En el

caso que $\mathfrak{R}_0 > 1$ este deberá cumplir que $S_\infty < \frac{\alpha}{\beta} = \frac{1}{\mathfrak{R}_0}$.

5.16 EL MODELO SIR CON DEMOGRAFIA O CON DINAMICA

VITAL

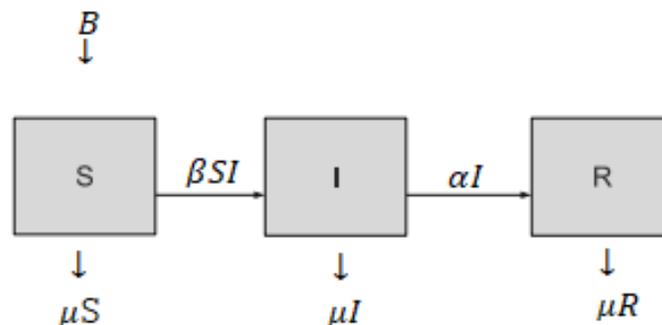
Mantendremos la hipótesis que la población total se mantiene constante. Al incorporar demografía en el modelo epidémico SIR, asumimos que todos los individuos nacen susceptibles. Los individuos de cada clase mueren a una tasa de muerte μ , por lo que la tasa de mortalidad total en la clase de sus susceptible en μS , mientras que en la clase

infecciosa este es μI , y en la clase eliminada este es μR . El modelo epidémico con demografía se convierte en:

$$\begin{aligned} S'(t) &= B - \beta IS - \mu S \\ I'(t) &= \beta IS - \alpha I - \mu I \\ R'(t) &= \alpha I - \mu R \end{aligned} \quad (1)$$

Sumamos las tres ecuaciones para obtener la población total. El modelo de la población total es $N'(t) = B - \mu N$ donde $N = S + I + R$. Siendo así el tamaño de la población no es constante, pero es asintóticamente constante, ya que donde $N(t) \xrightarrow[t \rightarrow \infty]{} \frac{B}{\mu}$.

Podemos representar el sistema (1) que describe el modelo SIR incluyendo Dinámica vital, mediante los comportamientos S, I, R y los flujos de entrada y salida como se muestra en la siguiente imagen localizada en (Piñera, 2014).



Cuando la población no es constante y la incidencia es proporcional al producto de I y S , decimos que la incidencia viene dada la ley de acción de masas, análogicamente para términos de modelos analíticos químicos, en los que los productos químicos reaccionan chocando aleatoriamente entre sí. Por esta razón, esta incidencia se denomina la incidencia de acción de masas.

$$\text{Incidencia de acción de Masas} = \beta SI$$

Otro tipo de incidencia muy utilizado en los modelos epidémicos es la incidencia estándar. Este es muy similar a la incidencia de acción de masas, pero este es normalizado por el tamaño total de la población

$$\text{Incidencia Estandar} = \frac{\beta SI}{N}$$

La incidencia de acción de masas y la incidencia estándar concuerdan cuando el tamaño total de la población es constante. Pero difieren si el tamaño total de la población es variable. La incidencia de acción de masas se utiliza en enfermedades para las que aumenta el contacto-relevante con un incremento en el tamaño de la población. Por ejemplo, en la influenza y SARS, los contactos aumentan a medida que aumenta el tamaño de la población (densidad de población). La incidencia Estándar se usa para enfermedades para las cuales la tasa de contacto no puede aumentar indefinidamente y está acotada o limitada, incluso si el tamaño de la población aumenta. Este es el caso de las enfermedades de transmisión sexual, donde el número de contactos no puede aumentar indefinidamente.

Notamos que las dos primeras ecuaciones del sistema (1) $S'(t)$ y $I'(t)$ son independientes de la tercera y consideremos el sistema bidimensional

$$S'(t) = B - \beta IS - \mu S \quad (2)$$

$$I'(t) = \beta IS - \alpha I - \mu I$$

Donde $R = N - S - I$. Matemáticamente, el sistema SIR se puede escribir en forma general

$$S'(t) = f(S, I)$$

$$I'(t) = g(S, I) \quad (3)$$

Este es un sistema de ecuaciones de sistemas diferenciales con dos ecuaciones S e I . El termino de incidencia hace que f y g sean funciones no lineales. El sistema (3) es

autónomo ya que f y g no depende explícitamente de la variable temporal; es decir, los coeficientes del sistema (3) son constantes y no funciones del tiempo.

¿Cuáles son las unidades de las cantidades en este modelo? Como S se mide en número de personas, se sigue que S' se mide en número de personas por unidad de tiempo. La tasa total de natalidad B se mide en el número de personas nacidos por unidad de tiempo. La tasa de mortalidad μ se mide en $[unidad\ de\ tiempo]^{-1}$. Por lo tanto, μS se mide nuevamente en número de personas por unidad de tiempo. El término más fácil es βIS . Dado que la fuerza de infección βI es una tasa, que tiene unidades $[tiempo]^{-1}$. En consecuencia, el coeficiente de transmisión β debe tener unidades de $[numero\ de\ personas \times tiempo]^{-1}$

Una transformación habitual del sistema (2) que simplifica el sistema y reduce el número de parámetros se realiza a menudo. Hay una simplificación que consiste en un cambio de variables que transforma ambas la variable independiente y la variable dependiente en cantidades adimensionales. Por lo tanto, decimos que transformamos el sistema en una forma adimensional.

Dos parámetros tienen unidades $[unidad\ de\ tiempo]^{-1}$: α y μ . Como esta t esta en $[unidad\ de\ tiempo]$, tenemos que multiplicar t por una de las tasas para obtener una cantidad sin unidades. Es mejor definir $\tau = (\alpha + \mu)t$. Observe que τ es una cantidad adimensional. Porque la naturaleza del cambio, este cambio eliminara el parámetro multiplicando I . Sea $N(t) = N\left(\frac{\tau}{\alpha + \mu}\right) = \hat{N}(\tau)$. Similarmente $I(t) = \hat{I}(\tau)$.

Por la regla de la cadena, se tiene

$$\frac{d\hat{S}}{d\tau} = \frac{1}{\alpha + \mu} \frac{dS}{dt} \quad (4)$$

$$\frac{d\hat{I}}{d\tau} = \frac{1}{\alpha + \mu} \frac{dI}{dt}$$

Cambiamos la escala de las variables \hat{s} y \hat{I} con el límite del tamaño total de la población. Por tanto, $x(t) = \frac{\mu \hat{s}}{B}$ y $y(t) = \frac{\mu \hat{I}}{B}$. Las nuevas variables dependientes $x(\tau)$ e $y(\tau)$ son también cantidades adimensionales. El sistema para ellos se convierte en

$$x' = \rho(1 - x)\mathfrak{R}_0xy$$

$$y' = (\mathfrak{R}_0x - 1)y,$$

Donde

$$\rho = (\mu/\alpha + \mu) \quad \mathfrak{R}_0 = \frac{B\beta}{\mu(\alpha + \mu)}$$

Ambos son parámetros adimensionales. La notación \mathfrak{R}_0 no es aleatoria. Como veremos más tarde, esta cantidad adimensional es de hecho el número de reproducción. Note que nosotros hemos reducido el número de parámetros de cinco a dos. La forma adimensional del modelo SIR con demografía es equivalente al original, ya que las soluciones de ambos sistemas tienen el mismo comportamiento a largo plazo.

6. ANALISIS Y RESULTADOS DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA.

En esta sección vamos a estudiar los datos recolectados de la pandemia del covid-19 de la clase de infectados encontrados en la Sala de Análisis de Riesgo del Huila (Huila G. e., 2020) en el periodo del 1 de julio del 2020 al 28 de febrero de 2022. Nos enfocaremos principalmente en los cuatro picos del virus que generaron signos de alarma en la ciudad de Neiva, es importante mencionar que el pico o punto máximo de personas del virus es el momento en el que se va alcanzar el número más elevado de contagios por el SARS-COV2 y se determina a partir del comportamiento que estos tienen en una línea de tiempo; por esta razón a estos datos tomados se aplicó el modelo SIR a partir de comparar la dinámica del virus con los resultados presentados por el modelo matemático.

Principalmente se estimará el valor de los parámetros β y α , como se tiene los datos de $I(t_i)$, con t_i representado el tiempo en un día y una población en Neiva con 367.401 habitantes según el DANE ("DANE, 2020") quien es el Departamento Administrativo

Nacional de Estadística como ente encargado en presentar cifras estadísticas del número de habitantes en Colombia, para ese entonces se tiene que

$$I'(0) \approx \beta S(0)I(0)$$

Despejando β de la ecuación anterior se obtiene

$$\beta \approx \frac{I'(0)}{S(0)I(0)}$$

Aquí se puede encontrar la variación de infectados en el tiempo $t = 0$ y $t = 1$, tomando los datos reales de cada grupo tenemos que $I(0) = 2$, $I(1) = 6$ y $S(0) = 367.401 - 2 = 367.399$ por tanto $I'(0) \approx \frac{I(1)-I(0)}{1} = \frac{6-2}{1} = 4$. El resultado del valor del parámetro β es:

$$\beta \approx \frac{I'(0)}{S(0)I(0)} = \frac{4}{(367.399)(2)} \approx 4.3554e - 06$$

Para la estimación del parámetro α , se puede hacer mediante la ecuación

$$S(t) = C \cdot e^{-\beta \int_0^t I(s) ds}$$

Usando las condiciones iniciales $C = S(0)$, se sabe que cuando estamos en el pico

$I'(t) = 0$, para nuestro caso $t = 102$ y $I'(102) = 0$, donde $I(102) = 432$ que es el pico, es de notar que hubo otro pico con 514 infectados en un día, pero esta cantidad se sale de los resultados normales de la curva, ya que las cifras registradas por las entidades de salud acumulaban sus datos en ciertos días y no en el día del contagio.

$$0 = I'(t) = \beta S(t^*)I(t^*) - \alpha I(t^*) \leftrightarrow \alpha = \beta S(t^*)$$

Ahora se puede establecer la siguiente ecuación para la estimación del valor de α .

$$\alpha = \beta S(0) e^{-\beta \int_0^{t^*} I(s) ds}$$

De aquí lo difícil es calcular la integral en t^* y para ello se utiliza una aproximación usando la regla del trapecio compuesta

$$\int_0^{t^*} I(s) ds \approx \frac{I(0) + I(\text{pico})}{2} + \sum_1^{101} I(k)$$

También se calculó el pico de infectados para esta primera ola de la epidemia con la ecuación

$$I_{max} = I(0) + S(0) - \frac{\alpha}{\beta} + \frac{\alpha}{\beta} * \ln\left(\frac{\alpha}{\beta * S(0)}\right)$$

Luego observemos si los parámetros me indican una pandemia o una endemia, a través del número de reproducción básica de la enfermedad \mathfrak{R}_0

$$\mathfrak{R}_0 = \frac{\beta * N}{\alpha}$$

Si $\mathfrak{R}_0 > 1$ sigue la enfermedad extendiéndose, es decir, es una pandemia, pero si $\mathfrak{R}_0 < 1$ la afección se va extinguiendo. En nuestro caso $\mathfrak{R}_0 = 1,0506$ lo que indica que el virus sigue aumentando. La población susceptible en el pico es $\frac{\alpha}{\beta}$ que para nuestro caso es 349.700 habitantes expuestos a la infección.

A continuación, presentaremos la gráfica de los datos estadísticos y la curva que aproxima.

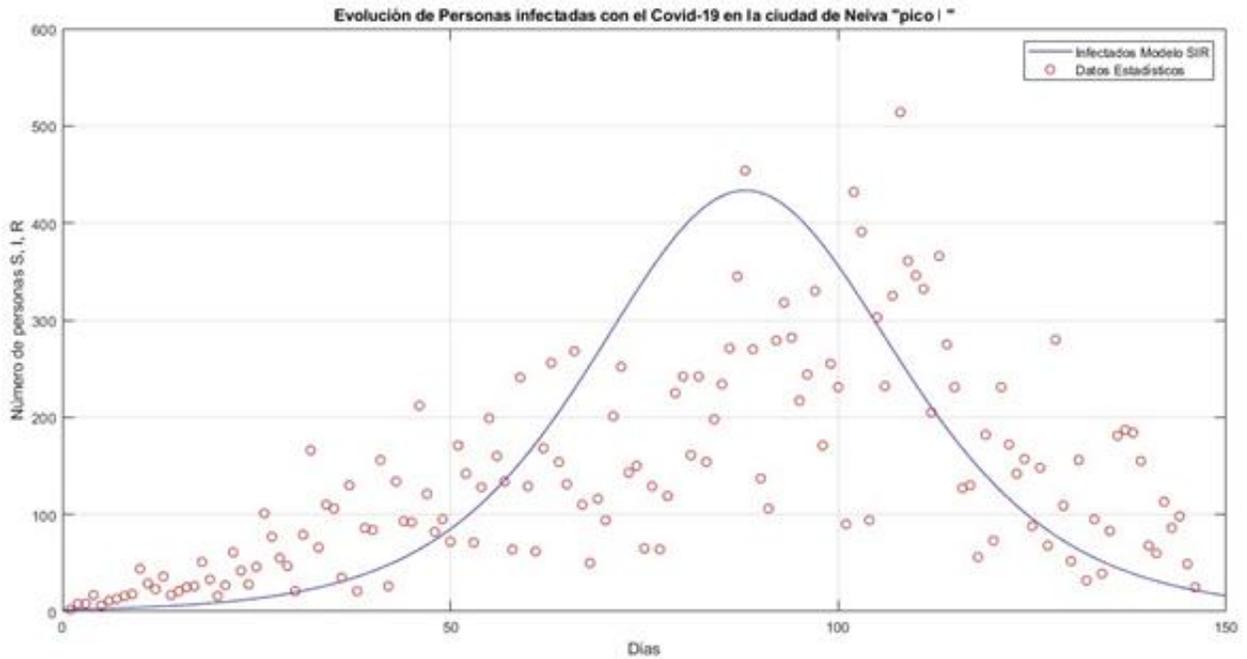


Ilustración 4

Veamos la siguiente tabla que expone los datos hallados por el modelo SIR durante el pico

I.

Tabla 2

PICO I	PICO CALCULADO CON EL MODELO SIR
432	433.78

La anterior información revela que el primer pico dejó 432 infectados comparado este antecedente con el pico calculado mediante el modelo SIR que se obtiene 433.78 vemos que la diferencia es de -1.78 cifras muy aproximadas para nuestro estudio, demostrando que el modelo aporta buenos acercamientos a la realidad.

6.2 OBSERVACIÓN DEL SEGUNDO PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA

Posteriormente, en este apartado queremos continuar con el estudio de las cifras del comportamiento en la clase de infectados de covid-19 en la ciudad de Neiva esta vez con la información del segundo pico que padecieron los neivanos iniciando desde el día 13 de diciembre de 2020 Hasta 7 de marzo de 2021.

A continuación, presentaremos la gráfica de los datos estadísticos y la curva que aproxima.

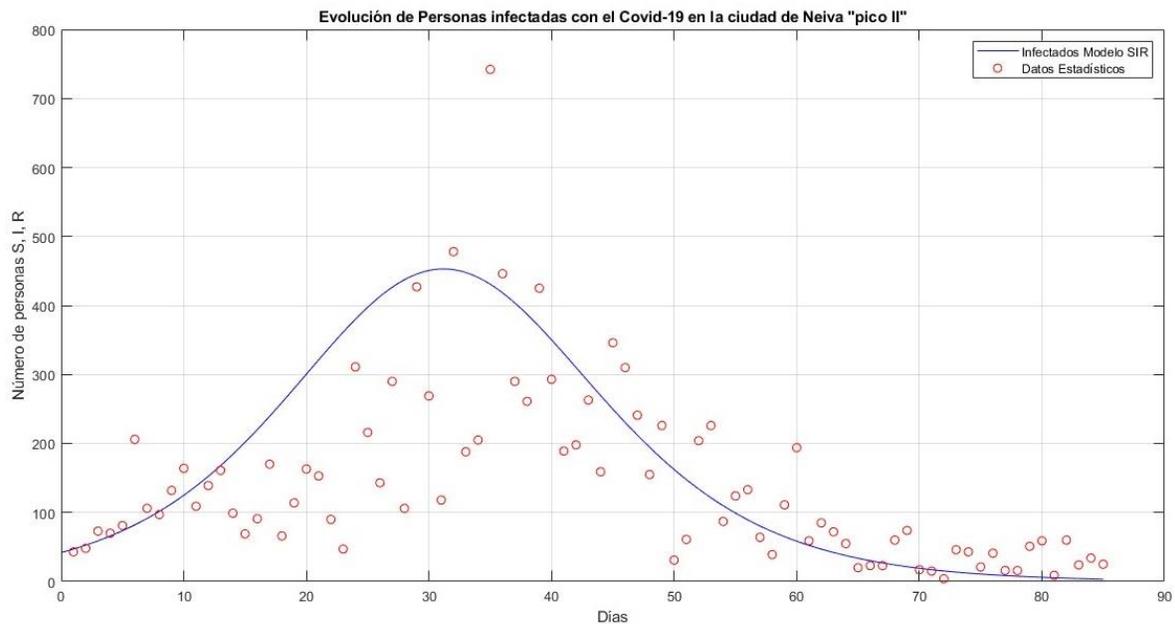


Ilustración 5

PICO II	PICO CALCULADO CON EL MODELO SIR
478	453.12

Tabla 3

En este segundo pico observamos un punto máximo de 478 habitantes infectados reportados por la Sala de Análisis de Riesgo del Huila (Huila G. e., 2020) el día 13 de enero del 2021, un acercamiento a este dato fue encontrado mediante el uso del programa de MATLAB arrojando el valor de 453.12

6.3 OBSERVACIÓN DEL TERCER PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA

Continuando con la investigación vamos a estudiar los datos del tercer pico de la pandemia del SARS- COV2 tomados a partir del 23 de marzo de 2020 hasta el 25 de agosto de 2021 para comprobar que el modelo SIR sigue el comportamiento de la infección vivida por la población de la ciudad de Neiva teniendo en cuenta que la Sala de Riesgo de Análisis del Huila (Huila G. e., 2020) presenta dichos reportes, con una población total de 366.395 habitantes que afirma el sistema del DANE ("DANE, 2020"). Es valioso tener presente que en las hipótesis del modelo matemático SIR no incluye cifras de los nacimientos ni las muertes relacionados a los contagios durante la estadística de exploración.

A continuación, presentaremos la gráfica de los datos estadísticos y la curva que aproxima.

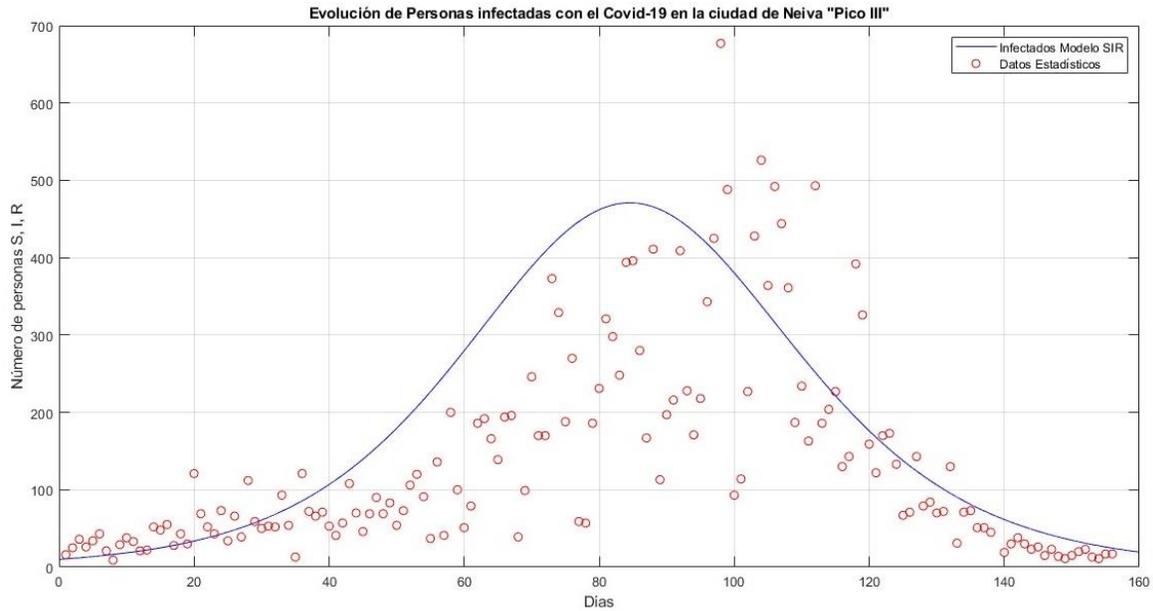


Ilustración 6

PICO III	PICO CALCULADO CON EL MODELO SIR
526	517.16

Tabla 4

Logramos observar que en el tercer pico del virus su valor fue de 526 personas infectadas el día 4 de julio de 2021 y la estimación aproximada del modelo matemático fue 517.16 señalando afín entre ambas cifras.

6.4 OBSERVACIÓN DEL CUARTO PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA

Nuestra tesis de investigación concluye su análisis con el cuarto pico de contagio en el territorio de Neiva con una población de 365.724 respaldados por la entidad del DANE ("DANE, 2020"), para el periodo de tiempo iniciando desde el 21 de diciembre de 2021 hasta

el 28 de febrero del 2022 recolectando los datos de los comportamientos con son susceptibles, infectados y recuperados hallados en la página Sala de Riesgo de Análisis del Huila (Huila G. e., 2020).

La siguiente grafica ilustra el comportamiento de la clase de infectados por el virus llamado SARS-COV2 en Neiva.

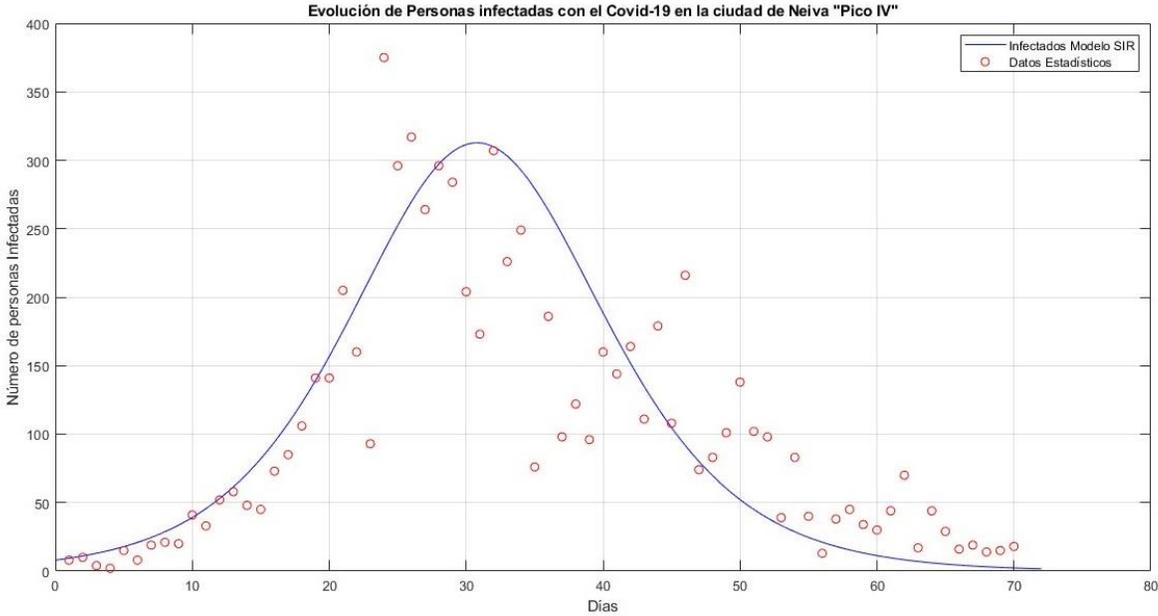


Ilustración 7

PICO IV	PICO CALCULADO CON EL MODELO SIR
317	312.7

Tabla 5

Este cuarto pico de 317 personas contagiadas por el virus comparada esta cifra con las estadísticas anteriores señala que este grupo disminuye gracias al Plan Nacional de Vacunación contra el COVID-19 en el Huila que inició el 20 de febrero del 2021 en la ciudad de Neiva dirigido por el Gobierno Nacional y el Ministerio de Salud y Protección Social

(GOV.CO, 2021). El pico calculados con el modelo SIR fue 312.7 aproximado a la realidad de los datos encontrados.

6.5 ANALISIS GENERAL DE CADA UNA DE LAS VARIABLES INICIALES EN CADA PICO DE LA PANDEMIA DEL COVID-19 EN LA CIUDAD DE NEIVA.

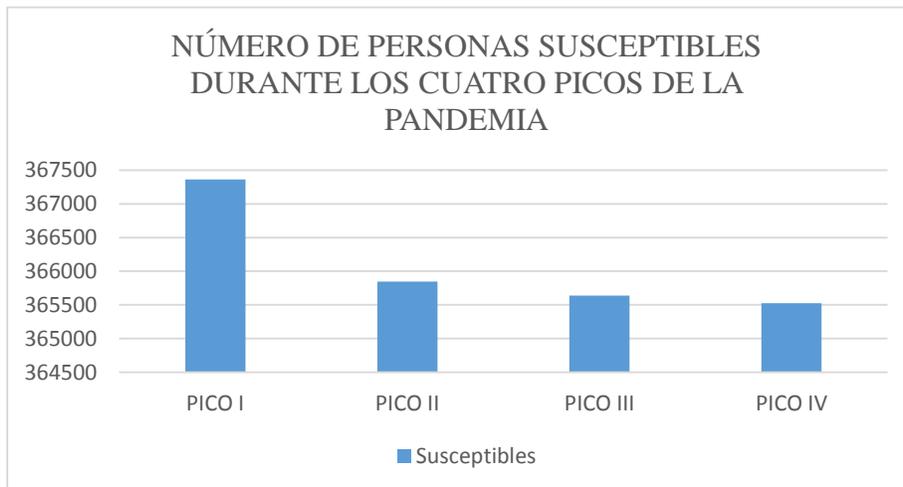
Nos interesa estudiar en esta sección como evoluciono cada una de las variables del modelo SIR estimados en los cuatro picos de la pandemia del covid-19 en la ciudad de Neiva durante el 1 de julio de 2020 a 28 de febrero de 2022 en el lapso de 608 días. Específicamente el primer pico se fijó en el intervalo de tiempo de 14 de octubre de 2020 al 7 de noviembre de 2020, el segundo pico desde el día 13 de diciembre de 2020 al 7 de marzo de 2021, para el tercer pico el tiempo de investigación fue en el transcurso de 23 de marzo de 2021 al 25 de agosto de 2021 y el cuarto pico desde el 21 de diciembre de 2021 al 28 de febrero de 2022.

Inicialmente analizaremos en nuestro proyecto la variable S_0 que representa la clase de personas susceptibles en el tiempo durante los cuatro picos de la pandemia del covid-19. A continuación representamos mediante la siguiente tabla los datos recolectados.

PICOS	SUSCEPTIBLES S_0
PICO I	367362
PICO II	365848
PICO III	365637

PICO IV	365627
---------	--------

Tabla 6



Teniendo en cuenta la información ilustrada en la anterior imagen podemos deducir que:

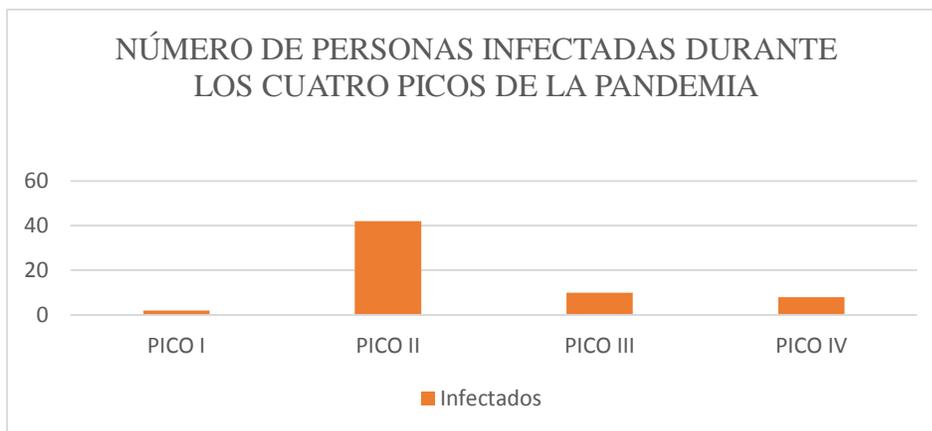
En el pico I la cúspide más alta de la población susceptibles se evidencio el día 25 de octubre de 2020 presentando 367362 personas, en el pico II su punto máximo de susceptibles fue 365848 habitantes para el día 13 de enero de 2021, para el pico III la fase más considerable fue el día 4 de julio de 2021 con 365637 individuos y para el pico IV la cumbre de susceptibles más elevada fue para el 15 de enero de 2022 con 365627 habitantes. Podemos observar que a medida que pasa el tiempo el grupo de susceptibles empieza a descender la cantidad inicial de la población debido al número de contagios. También podemos calcular que los susceptibles del pico I al pico IV disminuyen con un total de 1735 habitantes.

Seguidamente observamos el comportamiento de la variable I_0 que representa la clase de personas infectadas en el tiempo durante los cuatro picos de la pandemia del covid-

19. A continuación representamos mediante la siguiente tabla los datos recolectados

PICOS	INFECTADOS I_0
PICO I	2
PICO II	42
PICO III	10
PICO IV	8

Tabla 7



En el pico I se desato la primer cúspide con 2 personas infectadas para el día 25 de octubre de 2020 representando la menor cantidad gracias a los diferentes protocolos de seguridad que implementaron en la ciudad para resguardar vidas, en el pico II se llega a la temporada de fin de año transcurrido este tiempo se implementa el Plan Nacional de Vacunacion contra el COVID-19 en el Huila dando inicio el 20 de febrero de 2021 dirigido por el Gobierno Nacional y el Ministerio de Salud y Protección Social (GOV.CO, 2021) pretendiendo aplicar 446.410 dosis recibidas en el Huila (Huila G. d., s.f.), esta fase no fue

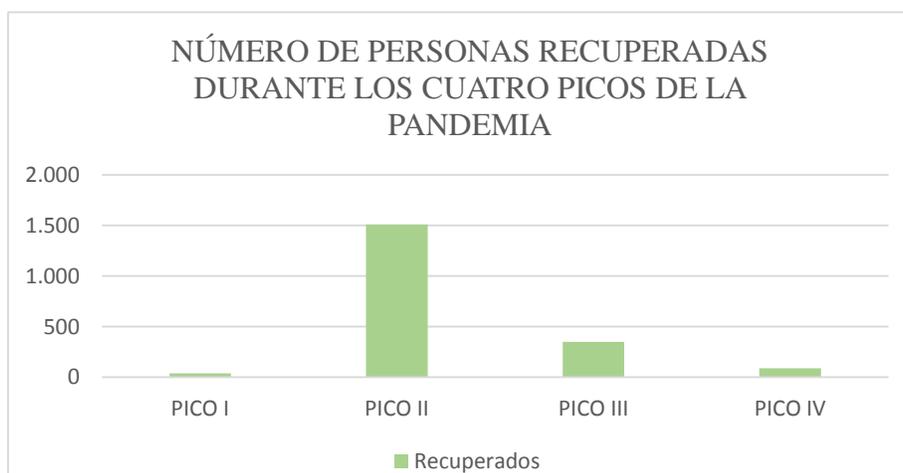
satisfactoria al inicio porque la población rechazaban la dosis, su punto máximo de contagios fue de 42 habitantes para el día 13 de enero de 2021, para el pico III la fase más considerable fue el día 4 de julio de 2021 con 10 individuos este grupo disminuye gracias a la vacunación obligatoria impuesta por el gobierno y para el pico IV la cumbre de infectados más elevada fue para el 15 de enero de 2022 con 8 habitantes.

Posteriormente detallaremos el comportamiento de la variable R_0 que representa la clase de personas recuperados en el tiempo durante los cuatro picos de la pandemia del covid-

19. A continuación representamos mediante las siguientes tablas los datos recolectados

PICOS	RECUPERADOS R_0
PICO I	37
PICO II	1511
PICO III	348
PICO IV	89

Tabla 8



Considerando la ilustración de datos en la anterior imagen podemos deducir que:

En el pico I la cima más alta de la población de recuperados se manifestó el día 25 de octubre presentando 37 personas, en el pico II su punto máximo de removidos fue 1511 habitantes para el día 13 de enero de 2021, podemos observar en este comportamiento la mayor cantidad de removidos, para el pico III la fase más considerable fue el día 4 de julio de 2021 con 348 individuos y para el pico IV la cumbre de recuperados más elevada fue para el 15 de enero de 2022 con 89 habitantes.

Prolongando la investigación examinamos el comportamiento de los fallecidos en el tiempo durante los cuatro picos de la pandemia del covid-19, para esto presentamos a continuación la representación gráfica mediante las siguientes tablas de los datos recolectados.

PICOS	FALLECIDOS
PICO I	582
PICO II	412
PICO III	659
PICO IV	149

Tabla 9



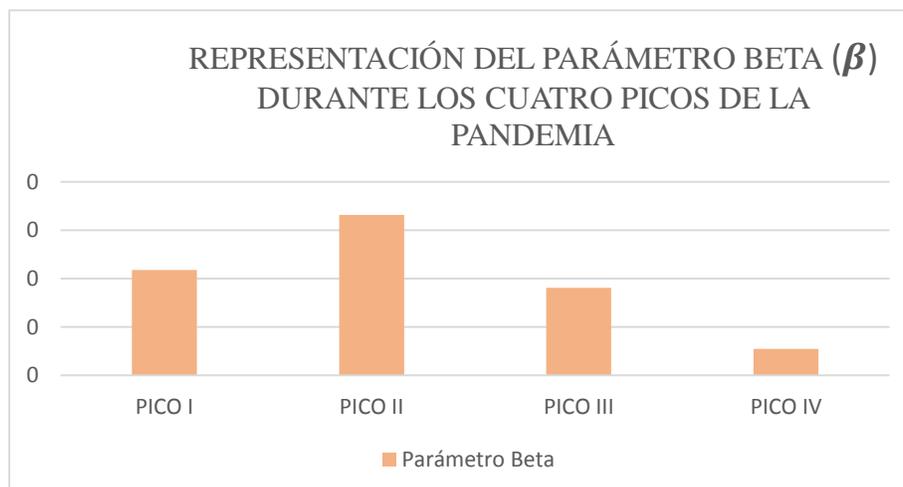
Considerando la ilustración de datos en la anterior figura podemos deducir que:

En el pico I la cima más alta de la población de fallecidos se manifestó el día 25 de octubre presentando 582 personas, en el pico II su punto máximo de fue 412 habitantes para el día 13 de enero de 2021, podemos observar en este comportamiento la mayor cantidad de removidos, para el pico III la fase más considerable fue el día 4 de julio de 2021 con 659 individuos y para el pico IV la cumbre de fallecidos más elevada fue para el 15 de enero de 2022 con 149 habitantes.

Seguidamente observamos el comportamiento del parámetro BETA (β) que representa la velocidad de contagio cuando una persona susceptible pasa a estar infectado en el tiempo durante los cuatro picos de la pandemia del covid-19, para esto presentamos a continuación la representación gráfica mediante las siguientes tablas de los datos recolectados.

PICOS	BETA (β)
PICO I	4.3554e-06
PICO II	6.6382e-06
PICO III	3.6236e-06
PICO IV	1.094e-05

Tabla 10



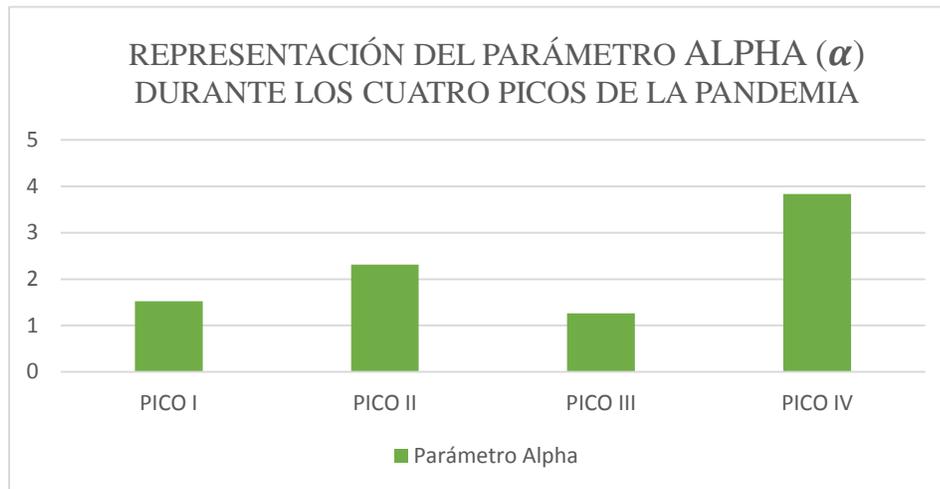
Reflexionando en la ilustración de datos en la previa figura podemos pensar que:

Se puede interpretar en el pico I que la población comienza a presentar una velocidad de contagios de $4.3554e-06$ el día 25 de octubre, para el pico II su punto máximo fue $6.6382e-06$ infectados el día 13 de enero de 2021, podemos observar en este comportamiento la transmisión con mayor velocidad, para el pico III la fase más considerable fue el día 4 de julio de 2021 con $3.6236e-06$ de rapidez en la enfermedad y para el pico IV la cumbre de aceleración más elevada fue para el 15 de enero de 2022 con un parámetro de $1.094e-05$ disminuyendo relativamente la clase de infectados.

Reanudando el movimiento del parámetro ALPHA (α) que representa la tasa de recuperación cuando una persona infectada pasa de este grupo a estar curado de la enfermedad en el tiempo, durante los cuatro picos de la pandemia del covid-19. A continuación presentamos la gráfica que enseña los números recopilados.

PICOS	ALPHA (α)
PICO I	1.5231
PICO II	2.3144
PICO III	1.2607
PICO IV	3.8378

Tabla 11



Reflexionando en la ilustración de datos en la previa figura podemos pensar que:

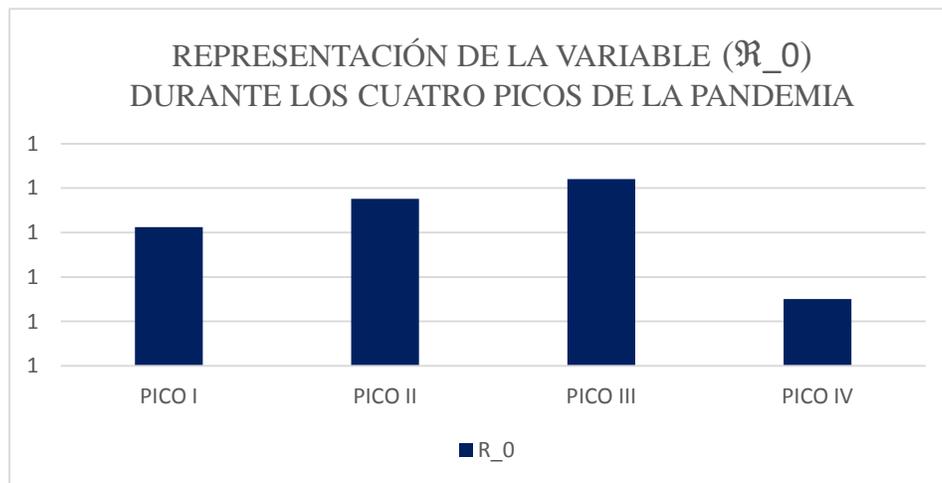
Se puede interpretar en el pico I la población comienza a presentar una tasa de recuperación de 1.5231 para el día 25 de octubre, en el pico II su punto máximo fue 2.3144 para la fecha del 13 de enero de 2021, podemos observar en este comportamiento la tasa empieza a aumentar, para el pico III la fase más considerable fue el día 4 de julio de 2021 con 1.2607 de rapidez de recuperación y para el pico IV la cumbre de aceleración más elevada fue para el 15 de enero de 2022 con un parámetro de 3.8378 aumentando relativamente el grupo de recuperados.

Finalizando la investigación del comportamiento de la variable \mathfrak{R}_0 que representa el número reproductivo básico de la enfermedad, si $\mathfrak{R}_0 < 1$ la epidemia desaparecerá y si $\mathfrak{R}_0 > 1$ puede que este frente a un caso de endemia en el tiempo, durante los cuatro picos de la pandemia del covid-19.

A continuación presentamos la gráfica que enseña los números recopilados.

PICOS	\mathfrak{R}_0
PICO I	1.0506
PICO II	1.0538
PICO III	1.056
PICO IV	1.0425

Tabla 12



Comprendiendo la evolución de la variable en la anterior figura podemos ver que:

Se puede interpretar en el pico I que la población de Neiva enfrenta un brote epidémico debido al dato hallado en $\mathfrak{R}_0 > 1$ mediante los parámetros del modelo SIR arrojando el valor de 1.0506 para el día 25 de octubre, el comportamiento de este indicador para el pico II fue 1.0538 podemos visualizar que la infección persiste en la población extendiéndose a otros territorios en la fecha del 13 de enero de 2021, para el pico III la fase más virulenta fue el día 4 de julio de 2021 indicando que el número promedio de nuevos individuos infectados que genera un solo infectado es igual a 1.056 y para el pico IV el valor

umbral estimado fue de 1.0425 para el 15 de enero de 2022 finalmente decreciendo el número de susceptibles que pueden contraer la enfermedad.

7. CONCLUSIONES

El modelo SIR estudiado en esta investigación tiene buena aproximación a los datos tomados estadísticamente en la ciudad de Neiva de acuerdo a que se calcularon los valores de los parámetros Alpha (α) y Beta (β).

Se consiguió establecer una base de datos reales en tablas de Excel del virus del covid-19 dividido en los tres comportamientos del modelo SIR designados como confirmados, infectados y recuperados.

El programa MATLAB fue de gran utilidad para trabajar las ecuaciones de modelo SIR y plasmar gráficamente los datos hallados durante los cuatro picos.

El modelo SIR se adaptó con un buen acercamiento de las variables S_0 , I_0 , R_0 para el análisis de los cuatro picos vividos durante el periodo de pandemia.

La exploración del número reproductivo básico \mathfrak{R}_0 durante los dos primeros picos observados en el virus del covid-19 reporto un $\mathfrak{R}_0 > 1$ indicando que la enfermedad seguiría extendiéndose. El plan de vacunación implementada el 20 de febrero de 2021 pretendiendo aplicar 446.410 dosis, da buenos resultados puesto que a partir del tercer pico el parámetro \mathfrak{R}_0 empieza a descender su velocidad de contagios.

8. ANEXOS

Presentamos una muestra de la recolección de datos de los casos confirmados, recuperados y fallecidos reportados en Análisis de Riesgo del Huila (Huila G. d., s.f.), manipulados para el estudio del modelo SIR durante la pandemia del Covid-19 en la ciudad de Neiva.

COVID 19 EN EL MUNICIPIO DE NEIVA

	1	2	3	4	5	6
Fecha	1 de julio del 2020	2 de julio del 2020	3 de julio del 2020	4 de julio del 2020	5 de julio del 2020	6 de julio del 2020
Casos confirmados	1	5	2	3	4	4
Casos confirmados acumulados	190	195	197	200	204	208
Casos Recuperados	2	2	1	3	1	2
Casos recuperados Acumulados	148	148	149	152	153	155
Fallecidos	0	0	0	0	0	7
Fallecidos Acumulados	0	0	0	0	0	7

	7	8	9	10	11	12
Fecha	7 de julio del 2020	8 de julio del 2020	9 de julio del 2020	10 de julio del 2020	11 de julio del 2020	12 de julio del 2020
Casos confirmados	3	2	3	3	6	5
Casos confirmados acumulados	211	213	216	219	225	230
Casos Recuperados	3	2	0	7	3	5
Casos recuperados Acumulados	158	160	160	167	170	175
Fallecidos	0	0	0	0	0	0
Fallecidos Acumulados	7	7	7	7	7	7

	13	14	15	16	17	18
Fecha	13 de julio del 2020	14 de julio del 2020	15 de julio del 2020	16 de julio del 2020	17 de julio del 2020	18 de julio del 2020
Casos confirmados	5	2	9	2	8	8
Casos confirmados acumulados	235	237	246	248	256	264
Casos Recuperados	0	6	0	0	0	10
Casos recuperados Acumulados	175	181	181	181	181	191
Fallecidos	0	0	0	0	0	0
Fallecidos Acumulados	7	7	7	7	7	7

	19	20	21	22	23	24
Fecha	19 de julio del 2020	20 de julio del 2020	21 de julio del 2020	22 de julio del 2020	23 de julio del 2020	24 de julio del 2020
Casos confirmados	17	6	11	13	16	18
Casos confirmados acumulados	281	287	298	311	327	345
Casos Recuperados	0	6	0	0	0	4
Casos recuperados Acumulados	191	197	197	197	197	201
Fallecidos	0	0	0	1	0	0
Fallecidos Acumulados	7	7	7	8	8	8

	25	26	27	28	29	30
Fecha	25 de julio del 2020	26 de julio del 2020	27 de julio del 2020	28 de julio del 2020	29 de julio del 2020	30 de julio del 2020
Casos confirmados	44	29	23	36	17	21
Casos confirmados acumulados	389	418	441	475	492	513
Casos Recuperados	0	0	0	0	0	7
Casos recuperados Acumulados	201	201	201	201	201	208
Fallecidos	0	2	1	1	0	0
Fallecidos Acumulados	8	10	11	12	12	12

	31	32	33	34	35	36
Fecha	31 de julio del 2020	1 de agosto del 2020	2 de agosto del 2020	3 de agosto del 2020	4 de agosto del 2020	5 de agosto del 2020
Casos confirmados	25	26	51	33	16	27
Casos confirmados acumulados	538	564	615	648	664	691
Casos Recuperados	0	5	0	19	5	0
Casos recuperados Acumulados	208	213	213	232	237	237
Fallecidos	1	0	0	0	0	1
Fallecidos Acumulados	13	13	13	13	13	14

	37	38	39	40	41	42
Fecha	6 de agosto del 2020	7 de agosto del 2020	8 de agosto del 2020	9 de agosto del 2020	10 de agosto del 2020	11 de agosto del 2020
Casos confirmados	61	42	28	46	101	77
Casos confirmados acumulados	752	794	822	868	967	1.044
Casos Recuperados	5	67	46	0	73	2
Casos recuperados Acumulados	242	309	355	355	428	430
Fallecidos	0	0	0	3	1	1
Fallecidos Acumulados	14	14	14	17	18	19

	43	44	45	46	47	48
Fecha	12 de agosto del 2020	13 de agosto del 2020	14 de agosto del 2020	15 de agosto del 2020	16 de agosto del 2020	17 de agosto del 2020
Casos confirmados	55	47	21	79	166	66
Casos confirmados acumulados	1.099	1.146	1.167	1.246	1.412	1.478
Casos Recuperados	1	85	24	0	0	252
Casos recuperados Acumulados	431	516	540	540	540	792
Fallecidos	6	2	0	6	6	2
Fallecidos Acumulados	25	27	27	33	39	41

	49	50	51	52	53	54
Fecha	18 de agosto del 2020	19 de agosto del 2020	20 de agosto del 2020	21 de agosto del 2020	22 de agosto del 2020	23 de agosto del 2020
Casos confirmados	110	106	35	130	21	86
Casos confirmados acumulados	1.588	1.694	1.729	1.859	1.878	1.964
Casos Recuperados	0	0	0	59	128	0
Casos recuperados Acumulados	792	792	792	851	979	979
Fallecidos	1	2	1	4	2	0
Fallecidos Acumulados	43	45	46	50	52	52

	55	56	57	58	59	60
Fecha	24 de agosto del 2020	25 de agosto del 2020	26 de agosto del 2020	27 de agosto del 2020	28 de agosto del 2020	29 de agosto del 2020
Casos confirmados	84	156	26	134	93	92
Casos confirmados acumulados	2.048	2.204	2.230	2.364	2.457	2.549
Casos Recuperados	72	0	271	1	146	0
Casos recuperados Acumulados	1.051	1.051	1.322	1.323	1.469	1.469
Fallecidos	3	2	0	1	4	6

REFERENCIAS

"DANE, E. I. (1 de JUNIO de 2020"). *DANE*. Obtenido de <https://www.dane.gov.co/index.php/estadisticas-por-tema/demografia-y-poblacion/proyecciones-de-poblacion>

ALBERTO, C. (2012). *UN UNICO DIOS*. BUENOS AIRES: EMPRENDIMIENTOS DIGITALES S.R.L.

Bianco1. (2020). *REVISTA DE INVESTIGACIÓN EN MODELOS MATEMATICOS APLICADOS A LA GESTION Y LA ECONOMIA - AÑO 7 VOLUMEN I (2020-I)*, 38.

DANE INFORMACIÓN PARA TODOS. (s.f.). Obtenido de <https://www.dane.gov.co/index.php/estadisticas-por-tema/demografia-y-poblacion>

Duoandikoetxea, J. (2020). El modelo SIR, un enfoque matemático de la propagación de infecciones. *CUADERNO DE CULTURA CIENTIFICA*. Obtenido de <https://culturacientifica.com/2020/08/24/el-modelo-sir-un-enfoque-matematico-de-la-propagacion-de-infecciones/>

Galeana, P. (2020). Las epidemias a lo largo de la historia. *Antropología Americana*, 45.

Gobernación del Huila. (s.f.). Obtenido de <https://www.huila.gov.co/publicaciones/10450/inicia-vacunacion-unificada-en-20-municipios-del-huila/>

GOV.CO. (20 de febrero de 2021). *MINISTERIO DE SALUD Y PROTECCIÓN SOCIAL*. Obtenido de [https://www.minsalud.gov.co/Paginas/Huila-ya-empezo-la-vacunacion-contra-el-Covid-19.aspx#:~:text=Neiva%2C%2020%20de%20febrero%20de%202021.&text=Con%](https://www.minsalud.gov.co/Paginas/Huila-ya-empezo-la-vacunacion-contra-el-Covid-19.aspx#:~:text=Neiva%2C%2020%20de%20febrero%20de%202021.&text=Con%20)

201.494%20dosis%20de%20vacunas,de%20Neiva%20Hernando%20Moncaleano%
20Perdomo

Huila, G. d. (s.f.). *www.huila.gov.co*. Obtenido de
[https://www.huila.gov.co/publicaciones/10450/inicia-vacunacion-unificada-en-20-
municipios-del-huila/](https://www.huila.gov.co/publicaciones/10450/inicia-vacunacion-unificada-en-20-municipios-del-huila/)

Huila, G. e. (1 de Junio de 2020). *huila.gov.co*. Obtenido de
<https://twitter.com/huilagob/status/1285365458376499205?lang=es>

Koury, J. M., & Hirschhaut, M. (2020). *Reseña histórica del COVID 19 ¿Cómo y por qué llegamos a esta pandemia?* Luis Alfonso Calatrava Oramas.

Kvitko, D. L. (2010). La Relación Médico Paciente Hipocrática. *SCIELO*. Obtenido de
[https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1409-
00152010000100002](https://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1409-00152010000100002)

Lorenzo, A. F. (2020). Un análisis estadístico experimental del Zika y Chikunguña a través del modelo SIR. *Lecturas Matemáticas*, 111 - 126.

Maia, M. (2015). *Texts in Applied Mathematics 61. An Introduction to Mathematical Epidemiology* (Vol. 61). New York: Springer.

McKendrick, W. K. (1927). *A contribution to mathematical theory of epidemics*. Lond: Proc. Roy. Soc. Lond. A.

Piñera, A. G. (2014). *MODELOS DE ECUACIONES DIFERENCIALES PARA LA PROPAGACION DE ENFERMEDADES INFECCIOSAS*. Cantabria.

Rangel, R. Á. (2017). REVISIÓN HISTÓRICA SOBRE LA EPIDEMIOLOGÍA. *Matemática. Pádi Boletín Científico De Ciencias Básicas E Ingenierías Del ICBI*, 4(8), 1 - 6.

T. HARKO, S. L. (2014). *Exact analytical solutions of the susceptible - infeted - recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates applied mathematics and computacion* (Vol. 236).

Torres-López, J. (2 de abril de 2020). *¿Cuál es el origen del SARS-CoV2?* Obtenido de <https://www.medigraphic.com/pdfs/imss/im-2020/ims201a.pdf>

Velázquez-Silva, R. I. (2020). Historia de las infecciones por coronavirus y epidemiología de la infección por SARS-CoV-2. *REVISTA MEXICANA DE TRANSPLANTES*, 11.