



UNIVERSIDAD NACIONAL AUTÓNOMA DE MÉXICO

FACULTAD DE CIENCIAS

TÍTULO DE LA TESIS

T E S I S

QUE PARA OBTENER EL TÍTULO DE

LICENCIADO EN MATEMÁTICAS

P R E S E N T A :

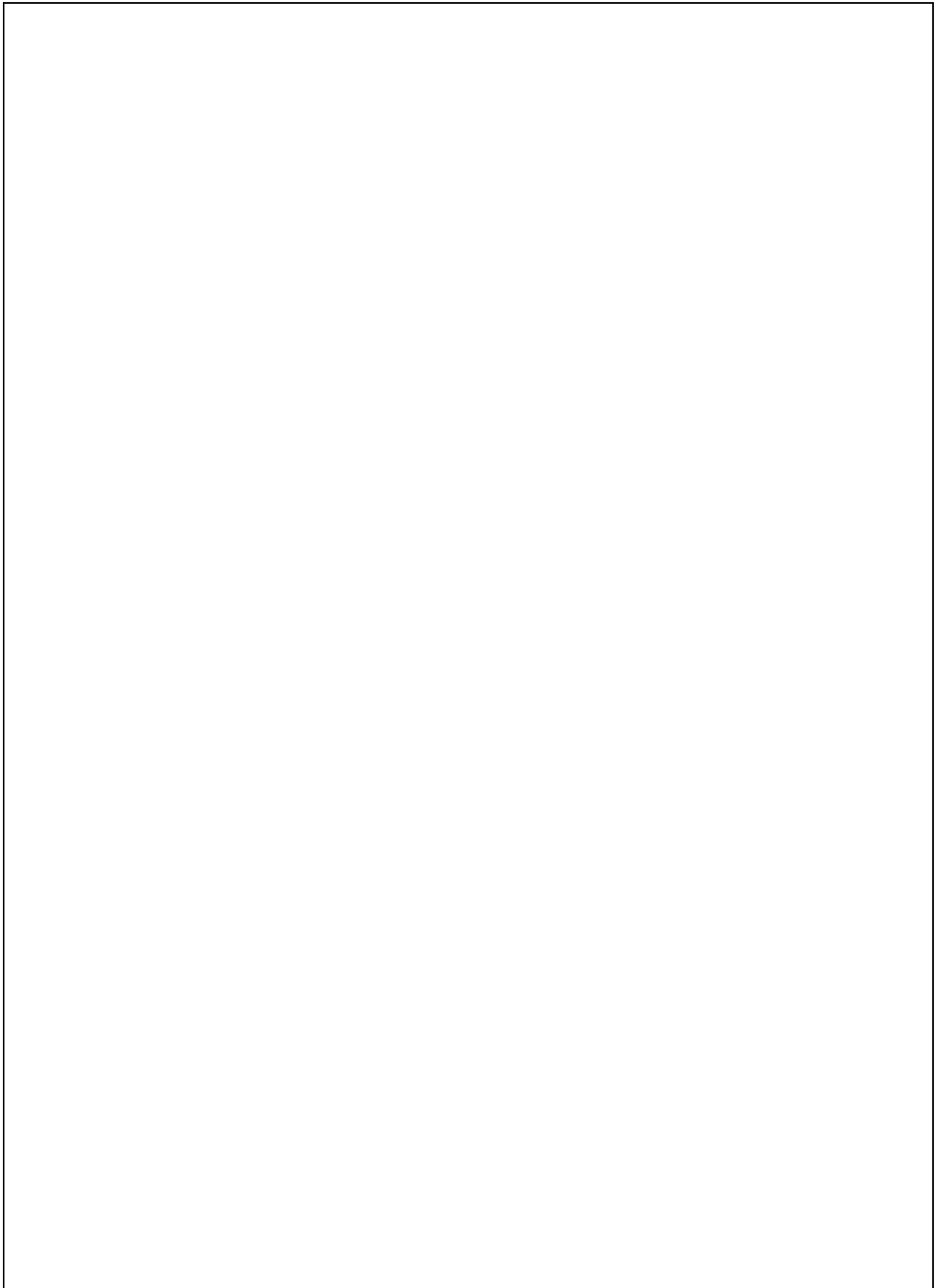
ERICK JOSAFAT VERGARA HUERTA

T U T O R

DR. VERÓNICA ESTHER ARRIOLA RÍOS

2024





# Índice general

1. Modelo SIR	3
1.1. Parámetros	4
1.1.1. Tasa de recuperación $\gamma$	4
1.1.2. Tasa de contagio	8

--

--

--

---

Índice de figuras	
1.1. Modelo SIR . . . . .	3

--

--

--

---

# Introducción

Las enfermedades infecciosas han acompañado a los seres vivos desde que la agricultura sedentarizo a los diversos grupos nómadas y les hizo formar poblaciones, con esto los factores de infección se multiplicaron ya que aumentaron las interacciones entre distintos microorganismos (virus y bacterias).

Cuando se produce este contacto entre el organismo hospedante y el microorganismo el cual es capaz de sobrevivir y reproducirse en su interior, inicia entre ambos un proceso de adaptación que en ocasiones puede provocar la muerte del organismo hospedante, de esta forma, cuando varios individuos contraen el microorganismo a la vez se comienza a denominar como epidemia y si esta escala de forma global recibe el nombre de pandemia.

Estas infecciones o enfermedades no son debilidades ni defectos biológicos ya que su existencia es un factor necesario e indispensable para el ciclo de la vida, ya que la interacción entre las especies y los microorganismos generan una disminución de la población, forzando así una adaptación en los seres vivos.

A pesar de las adaptaciones que han sufrido los individuos a través del tiempo, estos no están exentos de volver a interactuar con nuevos microorganismos. Esto como resultado de las modificaciones, así como a las interacciones con el medio ambiente y sus elementos. [1]

Una vez que el ser humano experimento estas enfermedades comenzó a desarrollar métodos o técnicas para su estudio, una de estos métodos es la modelación matemática, la cual tiene como principal objetivo el comprender los fenómenos naturales para extraer la información necesaria y describir el fenómeno de interés matemáticamente.

Uno de los primeros modelos matemáticos que se realizaron para comprender

mejor una enfermedad, fue el que realizo Daniel Bernoulli durante el brote de la viruela que fue altamente contagiosa, el segundo modelo pertenece a Ronald Ross quien explico el ciclo completo de la malaria humana, los siguientes en desarrollar un modelo fueron W.O Kermack y A.G McKendrick también conocido como el modelo SIR, este modelo presenta un resultado importante conocido como el Teorema Umbral el cual nos permite conocer más acerca del brote de la enfermedad.

A finales del año 2019, se presentó una nueva enfermedad la cual carecía de una sintomatología exacta, esta enfermedad se identificó por primera vez en la región de Wuhan China a la cual se nombro debido a sus características como SARS-COV2 o COVID 19 por la OMS y que tuvo un fuerte impacto tanto en la población China como en el resto del mundo, esto debido a la globalización y a la interconexión que existe entre los países.

Gracias a los modelos desarrollados anteriormente y principalmente al modelo SIR permitieron establecer condiciones para entender y comprender los posibles escenarios del desarrollo de la enfermedad en la población y su posible duración.



# Capítulo 1

## Modelo SIR

Antes de establecer el modelo SIR, es importante conocer o entender la idea principal sobre estos modelos que son usados con bastante frecuencia en la epidemiología. Podemos definir a los modelo compartimentales como la segmentación de nuestra población en conjuntos o compartimentos disjuntos que describen el estado de salud en el que se encuentra una población ante la propagación de una enfermedad, así mismo es importante mencionar que estos modelos son deterministas por lo que las mismas entradas producirán las mismas salidas o en otras palabras el azar no es contemplado.

El modelo SIR es un modelo compartimental determinista que describe la dinámica de la población al contraer una enfermedad a través de un sistema de ecuaciones diferenciales el cual es representado con el siguiente diagrama de flujo.

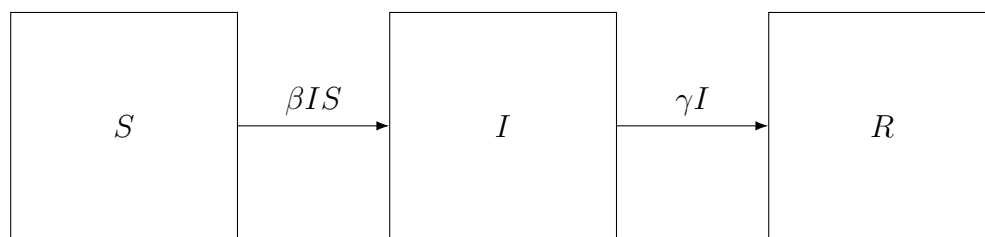


Figura 1.1: Modelo SIR

Donde cada una de las cajas representa un compartimento que describe el estado de salud de la población, mientras que las flechas representan el movimiento de los individuos cuando enferman en este caso son:

- Suceptible(S): Representa el número de personas suceptibles, personas sanas que al entrar en contacto con la enfermedad pueden contraer la infección.
- Infectado (I): Representa el número de personas infectadas, personas que adquirieron la enfermedad y pueden transmitir la infección.
- Recuperado (R): Representa el número de personas recuperadas, personas que se han recuperado en su totalidad de la infección y pueden o no generar inmunidad.
- $\beta$  : Tasa de contagio
- $\gamma$  : Tasa de recuperación

mientras que su sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias que lo representa, está definido de la siguiente manera:

$$S' = -\beta S(t) I(t) \quad (1.1)$$

$$I' = \beta S(t) I(t) - \gamma I(t) \quad (1.2)$$

$$R' = \gamma I(t) \quad (1.3)$$

Una parte fundamental de los modelos compartimentales son sus parámetros en este caso  $\beta$  (tasa de contagio) y  $\gamma$  (tasa de recuperación), ya que estos parámetros son los que nos proporcionarán la información sobre el comportamiento de la enfermedad que buscamos modelar [?].

## 1.1. Parámetros

### 1.1.1. Tasa de recuperación $\gamma$

Para poder encontrar un valor aproximado al parámetro  $\gamma$ , asumiremos que no se están generando nuevas personas infectadas, por lo que el flujo de personas que entra a este compartimento ha parado obteniendo la siguiente ecuación.

$$I' = -\gamma I, \quad I(0) = I_0 \quad (1.4)$$

**Afirmación 1** *El número de personas en el compartimento de los infectados esta dado por  $\frac{I(t)}{I_0} = e^{-\gamma t}$ .*

**Demostración:** En efecto, al resolver la ecuacion 1.8 por variables separables, tenemos:

$$\frac{dI}{dt} = -\gamma I$$

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

$$I = e^{-\gamma t} \cdot e^C$$

$$I = I_0 e^{-\gamma t}$$

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

□

Con estas ecuaciones previamente obtenidas podemos calcular de forma probabilística la cantidad de personas que han abandonado el compartimento de los infectados.

$$F(t) = 1 - e^{-\gamma t} \quad t \geq 0 \quad (1.5)$$

definiendo la función de desidad en el intervalo  $[0,t)$  de la siguiente forma.

$$F(t) = \begin{cases} \gamma e^{-\gamma t} & t \geq 0 \\ 0 & t < 0 \end{cases}$$

y dado que el tiempo promedio que pasa una persona en el compartimento de los infectados está dado por valor el esperado, así obtenemos que el parametro  $\gamma$  se encuentra definido como:

$$E[X] = \int_0^{\infty} t f(t) dt = \int_0^{\infty} t \gamma e^{-\gamma t} dt = \frac{1}{\gamma} \quad (1.6)$$

**Afirmación 2** *El tiempo de permanencia de una persona en la clase I es  $\frac{1}{\gamma}$ .* [?]

**Demostración:**

Para mostrar que en efecto  $\frac{1}{\gamma}$  es el tiempo que permanece una persona en la clase I, basta con resolver la integral impropia.

$$\int_0^{\infty} t \gamma e^{-\gamma t} dt = \lim_{b \rightarrow \infty} \int_0^b t \gamma e^{-\gamma t} dt$$

$$\lim_{b \rightarrow \infty} \int_0^b t \gamma e^{-\gamma t} dt = \lim_{b \rightarrow \infty} \left[ \gamma \cdot \left( \frac{-te^{-\gamma t}}{\gamma} - \int_0^b \frac{-e^{-\gamma t}}{\gamma} dt \right) \right] = \dots$$

$$\dots = \lim_{b \rightarrow \infty} \left( \left[ -te^{-\gamma t} - \frac{e^{-\gamma t}}{\gamma} \right]_0^b \right) = \lim_{b \rightarrow \infty} \left[ -be^{-\gamma b} - \frac{e^{-\gamma b}}{\gamma} \right] - \lim_{b \rightarrow \infty} \left[ -(0)e^{-\gamma(0)} - \frac{e^{-\gamma(0)}}{\gamma} \right] = \frac{1}{\gamma}$$

□

Podemos concluir que  $\gamma$ <sup>1</sup> está definida con el inverso de los días que una persona tarda en recuperarse de la enfermedad, por tanto tenemos que  $\gamma = \frac{1}{d}$ .

Con el resultado previo y utilizando la ecuación 1.7, podemos establecer la siguiente afirmación.

**Afirmación 3** *La cantidad de personas dentro de la clase R es  $R(t + \frac{1}{\gamma}) = R(t) + I(t)$*

**Demostración:**

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

$$\gamma I = R'(t) = \frac{R(t+h) - R(t)}{h}, \quad h \neq 0$$

tomando  $h = \frac{1}{\gamma}$  y despejando:

$$\gamma I = R'(t) = \frac{R\left(t + \frac{1}{\gamma}\right) - R(t)}{\frac{1}{\gamma}}$$

por tanto

$$R\left(t + \frac{1}{\gamma}\right) = R(t) + I(t)$$

□

---

<sup>1</sup>el resultado de la ecuación 1.10 lo obtenemos en termino de gamma, para no causar confucion dicha gamma se cambia por d, donde d representa los días que tarda una persona en recuperarse de la enfermedad

Con este ultimo resultado podemos interpretar que el número de individuos recuperados en un determinado tiempo  $t + \frac{1}{\gamma}$  es la suma de las personas que se recuperarán en un tiempo  $t$  más las personas infectadas en el tiempo  $t$ .

### 1.1.2. Tasa de contagio

**Afirmación 4** *Podemos aproximar al parametro  $\beta$  a partir de  $\ln(I) = mt + \ln(I_0)$  [? ]*

**Demostración:** Partiendo de la ecuación 1.6

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I$$

factorizando  $I$  y tomando  $m = (\beta S - \gamma)$

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

$$\frac{dI}{dt} = mI$$

resolviendo la ecuación diferencial anterior por variables separables, se tiene:

$$\ln(I) = mt + c$$

$$I = I_0 e^{mt}$$

Aplicando logaritmo:

$$\ln(I) = mt + \ln(I_0)$$



--

--

--

---



# Bibliografía

- [1] Sanchez Gonzales Miguel A. Historia y futuro de las pandemias. *REV. MED. CLIN.CONDES*, 32(2):7–13, February 2021.