



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 :

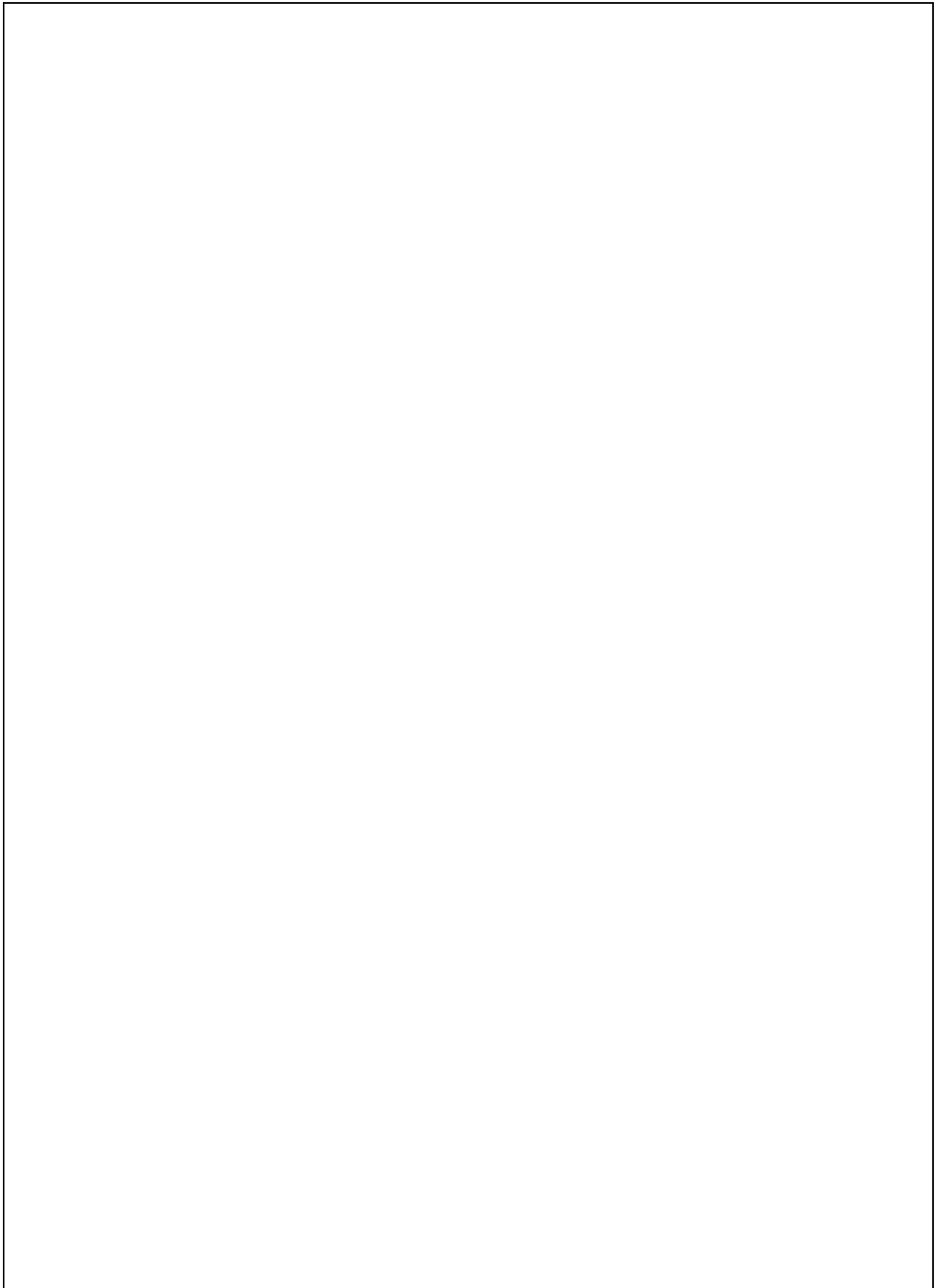
ERICK JOSAFAT VERGARA HUERTA

T U T O R

DR. VERÓNICA ESTHER ARRIOLA RÍOS

2024





Índice general

1. Modelo SIR	1
1.1. Resultados del modelo SIR	3
1.2. Parámetros	5
1.2.1. Tasa de recuperación γ	5
1.2.2. Tasa de contagio	8

--

--

--

Índice de figuras

1.1. Modelo SIR

1

--

--

--

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 pues el medio ambiente y sus elementos sufren modificaciones día a día debido a las interacciones que tiene con los individuos.

Conforme el ser humano fué experimentando estas enfermedades comenzó a desarrollar métodos o técnicas para su estudio, uno de estos métodos es la modelación

matemática, la cuál tiene como principal objetivo el comprender los fenómenos naturales para extraer la información necesaria y describir el fenómeno matemáticamente. La modelación matemática no permitió establecer modelos que nos ayudaron a comprender una infección, uno de los primeros modelos fué el establecido por Daniel Bernoulli durante el brote de la viruela en (1760), el segundo modelo establecido por Ronald Ross (1911) el cual explico el ciclo completo de la malaria humana, los siguientes en desarrollar un modelo fueron W.O Kermack y A.G McKendrick (1927) y es conocido como el modelo SIR, este modelo presenta un resultado importante conocido como el Teorema Umbral que nos permite conocer más acerca del flujo de la infección.

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

El modelo SIR es un modelo compartimental determinista que es utilizado con bastante frecuencia en el área de la epidemiología. Los modelos compartimentales se definen 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, este tipo de modelos no contempla la aleatoriedad.

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.

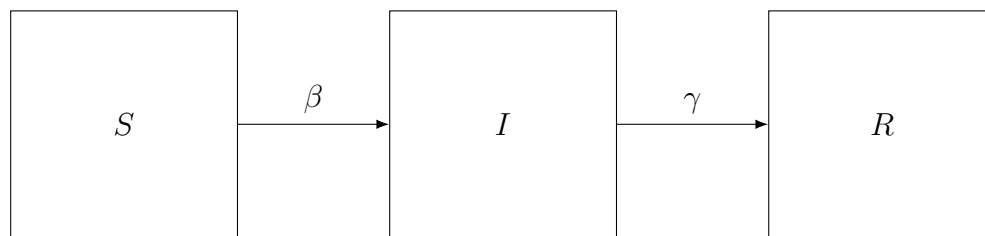


Figura 1.1: Modelo SIR

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 a través de los tres compartimentos que en este modelo son:

- **Susceptible(S):** Representa el número de personas susceptibles, personas sa-

nas 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.
- β : Tasa de contagio
- γ : Tasa de recuperación

Antes de establecer el sistema de EDO's que representan al modelo SIR es necesario establecer las siguientes suposiciones.

- El estado inicial de la población es susceptible
- La enfermedad es contagiada de forma directa
- La población es constante, esto indica que no se consideran los nacimientos ni las defunciones que se producen a lo largo de la infección por tanto si, denotamos como N al total de la población tendremos que

$$N = S + I + R \quad (1.1)$$

- La población es cerrada, esto nos indica que no se permite la salida ni el ingreso de personas a la población
- La población recuperada no pueden reinfectarse provocando que el movimiento de recuperados a susceptibles es nulo

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

$$\begin{cases} S' = -\beta S(t) I(t) & (1.2) \\ I' = \beta S(t) I(t) - \gamma I(t) & (1.3) \\ R' = \gamma I(t) & (1.4) \end{cases}$$

1.1. Resultados del modelo SIR

Considerando las suposiciones mencionadas anteriormente podemos notar que existen límites a lo largo de la infección, (1.2) es decreciente así $S' \leq 0$ y por tanto $0 \leq S(0) \leq S(t) \leq N$, (1.4) es creciente por lo que $R' \geq 0$ así $0 \leq R(0) \leq R(t) \leq N$.

Con esto se establece que $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S(\infty)$ y $\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R(\infty)$ concluyendo que $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I(\infty) = N - S(\infty) - R(\infty)$

De este último resultado, hay que recordar que la población infectada se moverá al compartimento de los recuperados en un determinado tiempo y como consecuencia nuestro compartimento de infectados ya no tendrá población estableciendo así la siguiente afirmación.

Afirmación 1 *Las infecciones tienden a desaparecer es decir $I(\infty) = 0$*

Demostración:

Supongamos que $I(\infty) = \infty$ y considerando (1.4) se tiene que $I(\infty)\gamma > 0$ lo que implica que $R(\infty) = \infty$ pero esto último contradice que $0 \leq R(0) \leq R(t) \leq N$ por tanto podemos concluir que $I(\infty) = 0$

□

Una de las preguntas que se establece con bastante frecuencia es el tamaño final de la pandemia

Afirmación 2 *El tamaño final de la pandemia está dado por $R(\infty) = N - S_\infty$*

Demostración:

Usando (1.2) y (1.4) además de considerar que $S' \leq 0$ y $0 \leq R'$ obtenemos

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

resolviendo por variables separables se tiene:

$$\int \frac{1}{S} dS = \int \frac{-\beta}{\gamma} dR$$

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

Considerando las condiciones iniciales de S y recordando que $0 \leq R(0) \leq R(t) \leq N$

$$S = S(0)e^{\frac{-\beta}{\gamma} R}$$

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

$$R(\infty) = N - S_{\infty}$$

□

Con el transcurso de la pandemia el número de población susceptible disminuye y como consecuencia el ritmo de las nuevas infecciones disminuye es decir, $S(t)$ cae por debajo de $\frac{\beta}{\gamma}$ y la tasa de recuperación excede a la tasa de infección provocando que $I(t)$ disminuya. Esto significa que la pandemia termina por la falta de nuevos infectados y no por la falta de personas susceptibles.

Afirmación 3 *Número máximo de infectados*

Afirmación 4 *Número reproductivo básico*

Afirmación 5 *Teorema del umbral*

Una parte fundamental de los modelos compartimentales son sus parámetros en

este caso β (tasa de contagio) y γ (tasa de recuperación), ya que estos parámetros son los que nos proporcionarían la información sobre el comportamiento de la enfermedad que buscamos modelar [1].

1.2. Parámetros

1.2.1. Tasa de recuperación γ

Para poder encontrar un valor aproximado al parámetro γ , 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.

$$I' = -\gamma I, \quad I(0) = I_0 \quad (1.5)$$

Afirmación 6 *El número de personas en el compartimento de los infectados está dado por $\frac{I(t)}{I_0} = e^{-\gamma t}$.*

Demostración: En efecto, al resolver la ecuación 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.

$$F(t) = 1 - e^{-\gamma t} \quad t \geq 0 \quad (1.6)$$

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 γ se encuentra definido como:

$$E[X] = \int_0^{\infty} t f(t) dt = \int_0^{\infty} t \gamma e^{-\gamma t} dt = \frac{1}{\gamma} \quad (1.7)$$

Afirmación 7 *El tiempo de permanencia de una persona en la clase I es $\frac{1}{\gamma}$. [1]*

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.

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

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

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

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

□

Podemos concluir que γ ¹ 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 8 *La cantidad de personas dentro de la clase R es $R(t + \frac{1}{\gamma}) = R(t) + I(t)$*

Demostración:

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

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

¹El 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

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

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

□

Con este último 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 recuperaron en un tiempo t más las personas infectadas en el tiempo t .

1.2.2. Tasa de contagio

Afirmación 9 *Podemos aproximar al parametro β a partir de $\ln(I) = mt + \ln(I_0)$ [2]*

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] M. Martcheva. *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Texts in Applied Mathematics. Springer US, 2015. ISBN 9781489976123. URL <https://books.google.com.mx/books?id=tt7HCgAAQBAJ>.
- [2] Mohamed Lounis and Dilip Bagal. Estimation of sir model's parameters of covid-19 in algeria. *Bulletin of the National Research Centre*, 44:1–6, 10 2020. doi: 10.1186/s42269-020-00434-5.
- [3] Sanchez Gonzales Miguel A. Historia y futuro de las pandemias. *REV. MED. CLIN.CONDES*, 32(2):7–13, February 2021.