

# Modelo SIS: Estudio de la evolución del COVID-19 en el Estado de Yucatán

Nidiyare Hevia-Montiel<sup>1\*</sup>, Jorge Luis Pérez-González<sup>1</sup>, Julián Bravo Castellero<sup>1</sup>, María del Carmen Jorge-Jorge<sup>1</sup>, J.C. Cajas<sup>2</sup>, C. Treviño<sup>3</sup>, Yuriria Cortés-Poza<sup>1</sup>

## Resumen

El trabajo que se presenta en este resumen muestra como se vería el comportamiento de la epidemia por COVID-19 a partir de un modelo matemático simple por compartimentos en el Estado de Yucatán, México. Para este estudio se ha considerado un modelo tipo SIS y el registro de datos reales dentro del período del 13 de marzo al 20 de mayo 2020, se tomó en cuenta para este modelo el número de casos activos por COVID-19 del reporte diario del Gobierno del Estado de Yucatán. Como puede observarse, un modelo matemático simple por compartimentos como el modelo SIS no provee un buen pronóstico, esto debido a que las curvas que se obtienen poseen una monotonía estricta. Por lo que no es adecuado para ser considerado como una guía de acciones a seguir a largo plazo, sin embargo, pudiera ser útil para un pronóstico dentro de un rango de pocos días.

## Palabras Clave

COVID-19, Modelo SIS, epidemias

<sup>1</sup> Instituto de Investigaciones en Matemáticas Aplicadas y en Sistemas - Unidad Académica de Yucatán, Universidad Nacional Autónoma de México, Mérida - Yucatán, México, nidiyare.hevia@iimas.unam.mx, jorge.peres@iimas.unam.mx, julian@mym.iimas.unam.mx, mcj@mym.iimas.unam.mx, yuriria.cortes@iimas.unam.mx

<sup>2</sup> ENES - Unidad Mérida, Universidad Nacional Autónoma de México, Mérida - Yucatán, México, carlos.cajas@enesmerida.unam.mx

<sup>3</sup> UMDI, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, Sisal - Yucatán, México, ctrev05@gmail.com

\*Autor para Correspondencia, Corresponding Author

## Introducción

Dentro de la epidemiología, con el uso de la modelación matemática de enfermedades infecciosas se busca describir el flujo y transición de individuos infectados en una población. Este tipo de modelaciones pueden abordarse de diversas maneras, una de ellas es a partir de modelos matemáticos deterministas por compartimentos a través de ecuaciones diferenciales [1],[2]. Algunos ejemplos de modelos matemáticos clásicos pertenecientes a esta clase son los modelos SIS, SIR y SEIR, los cuales consideran como compartimentos el grupo de individuos susceptibles (S), infectados (I), recuperados (R) y expuestos (E). En los modelos epidemiológicos se deben tener en cuenta varios aspectos y a su vez asumir algunas consideraciones. Por ejemplo, se puede asumir que el total de la población permanece constante cuando se trata de una enfermedad que se propaga rápidamente, o bien, si el modelo se refiere a una enfermedad que abarca varios años pero se conserva un balance entre los nacimientos que acontezcan y el número de defunciones naturales que se presenten [3],[4].

Realmente no es un problema trivial lograr alcanzar una buena capacidad de pronóstico de una epidemia o enfermedad infecciosa, ya sea mediante alguna función o modelación matemática, dado que existen muchos aspectos que deben considerarse al mismo tiempo. Sin embargo, debe de tenerse

en cuenta un balance entre la complejidad del modelo y la precisión en el ajuste de la curva de predicción [5].

## 1. Modelo matemático SIS

Este es un modelo simple de compartimentos del tipo Susceptibles - Infectados - Susceptibles (SIS), se pretende encontrar la estimación de los parámetros de las tasas de infección y recuperación a partir del registro de datos reales.

Las ecuaciones del modelo son:

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha SI + \beta I, \quad \frac{dI}{dt} = \alpha SI - \beta I, \quad (1)$$

donde  $S = S(t) > 0$  e  $I = I(t) > 0$  representan, respectivamente, a la población susceptible y a la población infectada. Asimismo, los parámetros  $\alpha > 0$  y  $\beta > 0$  representan la tasa de infección y de recuperación, respectivamente.

Las condiciones en el instante inicial,  $t = t_0$ , son:

$$S(t_0) = S_0, \quad I(t_0) = I_0. \quad (2)$$

Para obtener una solución analítica, se tiene sumando ambas ecuaciones (2):

$$S(t) + I(t) = N \quad \forall t, \quad (3)$$

donde  $N = (S_0 + I_0)$  denota la totalidad de la población.

Sustituyendo  $S(t)$  de la expresión (3) en la ecuación (1), se tiene la siguiente ecuación del tipo Bernoulli:

$$\frac{dI}{dt} = (\alpha N - \beta)I - \alpha I^2. \quad (4)$$

Mediante el cambio de variables  $y = I^{-1}$ , se obtiene la siguiente fórmula para el cálculo de la población infectada:

$$I(t) = \frac{1}{\frac{\alpha}{\alpha N - \beta} + \left[\frac{1}{I_0} - \frac{\alpha}{\alpha N - \beta}\right]e^{-(\alpha N - \beta)(t - t_0)}}. \quad (5)$$

Por consiguiente, de la ecuación (4) se obtiene la expresión para  $S(t)$ :

$$S(t) = N - \frac{1}{\frac{\alpha}{\alpha N - \beta} + \left[\frac{1}{I_0} - \frac{\alpha}{\alpha N - \beta}\right]e^{-(\alpha N - \beta)(t - t_0)}}. \quad (6)$$

Donde las soluciones (5) y (6) son funciones de monotonía estricta. Cuando  $I = I(t)$  es decreciente, entonces  $S = S(t)$  es creciente y viceversa.

Con el propósito de analizar el comportamiento del grupo de casos susceptibles e infectados, se define el número reproductivo básico normalizado para un modelo SIS por:

$$R_0 = \frac{\alpha}{\beta}. \quad (7)$$

donde  $R_0$  es el número esperado de contactos infecciosos causados por un infectado.

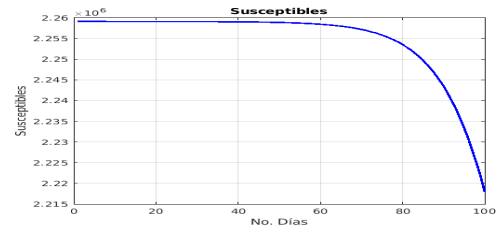
## 2. Resultados del caso de estudio para el Estado de Yucatán

Para el modelo SIS propuesto se ha realizado la estimación de los parámetros  $\alpha$  y  $\beta$  mediante análisis numérico a partir de los datos reales del número de casos de infectados al día 69 de haberse presentado el primer caso positivo de COVID-19 en Yucatán (del 13 de marzo al 20 de mayo), dado que es una solución numérica se obtiene un conjunto de soluciones y para el caso óptimo  $\alpha = 0,9890$  y  $\beta = 0,8810$ . Para este caso en particular se observó un valor de  $R_0 = 1,0740$ .

En las figuras 1 y 2 se muestran los resultados del comportamiento obtenido de  $I(t)$  (en rojo) y  $S(t)$  (en azul) con un pronóstico a 100 días. En ambas figuras se puede observar el ajuste promedio de la curva, así como la dispersión que se va teniendo conforme aumenta el número de días. Es importante remarcar que este tipo de curvas presenta monotonía estricta, por lo que no brinda un número máximo de casos infectados.



**Figura 1.** Ajuste a casos infectados activos  $I(t)$  (rojo) del modelo SIS, con base en los datos reales registrados (verde) del 13 de marzo al 20 de mayo del 2020.



**Figura 2.** Ajuste a casos susceptibles  $S(t)$  del modelo SIS, con base en los datos reales registrados del 13 de marzo al 20 de mayo del 2020.

Como puede observarse en la figura 1 se muestra un valor muy alto del pronóstico de casos positivos al día 100 de iniciada la epidemia, debido a las mismas características del modelo SIS, por lo que se sugiere que sea considerado para un pronóstico a menor número de días o para estimaciones a muy cortos períodos de tiempo.

## Referencias

- [1] Niel Hens, Zin Shkedy, Marc Aerts, Christel Faes, Pierre Van Damme, and Philippe Beutels. Modeling infectious disease parameters based on serological and social contact data. 2012.
- [2] Gerardo Chowell, Lisa Sattenspiel, Shweta Bansal, and Cécile Viboud. Mathematical models to characterize early epidemic growth: A Review. *Physics Life Reviews*, 18:66–97, 2016.
- [3] Tiberiu CHarko, Francisco S.N. Lobo, and M.K. Mak. Exact analytical solutions of the susceptible-infected-recovered (sir) epidemic model and of the sir model with equal death and birth rates. *Applied Mathematics and Computation*, 236:184–194, 2014.
- [4] Herbert W. Hethcote and P. van den Driessche. An sis epidemic model with variable population size and delay. *Journal of Mathematical Biology*, 34:177–194, 1995.
- [5] Wuyue Yang, Dongyan Zhang, Liangrong Peng, Chang-jing Zhuge, Liu Hong, and Zhou Pei-Yuan. Rational evaluation of various epidemic models based on the COVID-19 data of China. *arXiv preprint arXiv:2003.05666*, pages 1–18, 2020.