

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

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

## Resumen

Se trata de un ejercicio académico para estudiar la evolución del COVID-19 en el Estado de Yucatán, México. Para este estudio se ha considerado un modelo SIR y el registro de datos reales dentro del período del 13 de marzo al 28 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. El modelo SIR es un modelo epidemiológico clásico que ha sido aplicado al estudio de la propagación de varias enfermedades infecciosas, incluyendo al COVID-19.

## Palabras Clave

COVID-19, Modelo SIR, Datos públicos del COVID Gobierno del Estado de Yucatán

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

<sup>2</sup> Escuela Nacional de Estudios Superiores Unidad Académica Mérida, Universidad Nacional Autónoma de México, -Yucatán, México, [carlos.cajas@enesmerida.unam.mx](mailto:carlos.cajas@enesmerida.unam.mx)

<sup>3</sup> UMDI, Facultad de Ciencias, Universidad Nacional Autónoma de México, -Yucatán, México

\*Autor para la Correspondencia

## Introducción

El modelo SIR (susceptible-infectado-recuperado), también conocido como el modelo de Kermack y McKendrick por su famoso artículo [1], es un modelo clásico que, junto al teorema del umbral epidemiológico derivado de este, ha jugado un papel fundamental en desarrollos posteriores en el estudio de la dinámica de transmisión de enfermedades infecciosas [2].

El modelo SIR es de los llamados modelos compartimentales [3]. La población se divide en tres clases disjuntas: (i) la clase de individuos susceptibles,  $S$ , que son saludables pero pueden contraer la enfermedad; (ii) la clase de individuos infectados,  $I$ , que son los que han contraído la enfermedad; y (iii) la clase de los individuos que se han recuperado,  $R$ , y no pueden contraer la enfermedad nuevamente. La totalidad de los individuos en cada grupo son funciones del tiempo  $t$  (o sea,  $S = S(t)$ ,  $I = I(t)$ ,  $R = R(t)$ ) que son soluciones de un problema de valor inicial para un sistema de tres ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO) no lineales acopladas, que describe la dinámica del paso una clase a otra, o sea de individuos susceptibles a infectados y de individuos infectados a recuperados. La totalidad de la población es  $N$  entonces  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ .

Existen soluciones analíticas aproximadas [1], y, recientemente se publicó una solución analítica exacta en forma paramétrica con la dificultad de que el parámetro aparece en el límite de una integral sin primitiva conocida en términos de funciones elementales [4]. Aunque existen paquetes de

programas poderosos capaces de calcular las soluciones con la precisión deseada, es importante destacar que la aplicación de técnicas básicas del cálculo permite obtener propiedades cualitativas de las soluciones, de interés para establecer una base teórica para intervenciones de salud pública.

Nuestro objetivo es aplicar el modelo SIR usando los datos públicos reales de la situación del COVID-19 en Yucatán, México.

## 1. Modelo matemático SIR

El problema consiste en encontrar las funciones  $s(t) = \frac{S(t)}{N}$ ,  $i(t) = \frac{I(t)}{N}$  y  $r(t) = \frac{R(t)}{N}$ , que satisfacen en  $[0, T]$  el sistema de EDO adimensionalizadas:

$$\frac{ds}{dt} = -\alpha si, \quad \frac{di}{dt} = \alpha si - \beta i, \quad \frac{dr}{dt} = \beta i, \quad (1)$$

y las condiciones iniciales, en  $t = t_0$

$$s(t_0) = s_0, \quad i(t_0) = i_0, \quad r(t_0) = r_0, \quad (2)$$

donde  $s_0 = \frac{S(t_0)}{N}$ ,  $i_0 = \frac{I(t_0)}{N}$  y  $r_0 = \frac{R(t_0)}{N}$ . Además,  $\alpha = kNT$ ,  $\beta = lT$  y  $\gamma = mT$  representan las tasas adimensionales de infección, recuperación y mortalidad, respectivamente. El parámetro  $k$  es la tasa de infección, es decir, la probabilidad por unidad de tiempo de que un individuo susceptible pueda contraer la enfermedad al entrar en contacto con una persona infectada. El parámetro  $l$  es la tasa de recuperación. La

primera ecuación de (1) modela el decrecimiento de la población susceptible mediante su contagio por contacto con la población de infectados. La segunda ecuación modela la dinámica de la población infectada mediante el contacto con los susceptibles menos la velocidad de aquella parte de los infectados que se van recuperando y la de los fallecidos. La tercera ecuación de (1) indica el crecimiento de la población que se va recuperando de la infección.

Basado en el procedimiento desarrollado en [1], para el modelo SIR, es posible obtener la siguiente solución analítica aproximada del problema (1)-(2):

$$\begin{aligned} r(t) &= \frac{1}{R_0 s_0^*} \left[ R_0 s_0^* - 1 + \sqrt{q} \tanh \left( \frac{\beta \sqrt{q}}{2} t - \phi \right) \right], \\ i(t) &= \frac{q\beta}{2R_0^2 s_0^* \cosh^2 \left( \frac{\beta \sqrt{q}}{2} t - \phi \right)}, \\ s(t) &= s_0^* \exp \left[ -\frac{\alpha}{\beta} r(t) \right], \end{aligned}$$

donde  $R_0 = \frac{\alpha}{\beta}$  es el número de reproducción básica de la epidemia y representa el número esperado de nuevos infectados que produce cada individuo infectado;  $s_0^* = s_0 \exp \left( \frac{\alpha}{\beta} r_0 \right)$ ,  $\phi = \tanh^{-1} \left( \frac{R_0 s_0^* - 1}{\sqrt{q}} \right)$ ,  $q = (R_0 s_0^* - 1)^2 + 2(1 - s_0^*) s_0^* R_0^2$ .

Por otra parte, a partir de las dos primeras ecuaciones del sistema (1), es posible obtener la siguiente relación entre infectados y susceptibles:

$$i(t) = R_0 \ln(s(t)s_0) - (s(t) - s_0) + i_0,$$

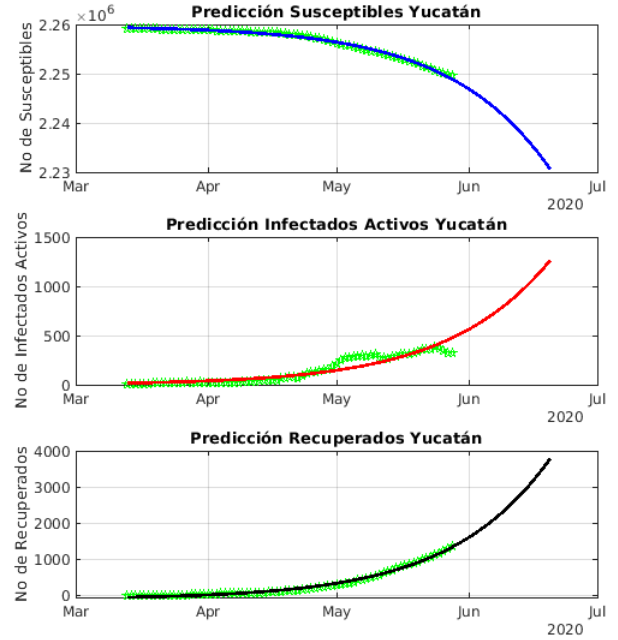
cuyo valor máximo  $i_{max} = i(t^*)$  se alcanza cuando  $s(t^*) = R_0$ , resultando:

$$i_{max} = R_0 \ln \left( \frac{R_0}{s_0} \right) - (R_0 - s_0) + i_0. \quad (3)$$

Además de la utilidad práctica de este resultado, es importante tener en cuenta este valor máximo de la población infectada para calibrar implementaciones computacionales de la solución de (1)-(2).

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

La predicción obtenida para 100 días se muestra en la Figura 1, donde se puede observar en la parte superior el número de personas susceptibles, en medio los infectados activos y en la parte inferior los recuperados. Para todos los casos, los puntos en verde representan los datos reales al 28 de mayo del 2020 de infección comenzando desde el 13 de marzo del 2020, considerando los datos publicados por el estado de Yucatán. La población considerada es de  $N = 2,259,098$ . Los resultados se obtuvieron mediante una aproximación numérica, resolviendo un problema de error cuadrático medio con restricciones mediante el algoritmo



**Figura 1.** Resultados de la predicción a 100 días mediante el modelo SIR.

*trust-region-reflective*. Mediante esta aproximación se obtuvieron  $\alpha = 0,17602$  y  $\beta = 0,13206$ , con una  $R_0 = 1,3329$ , para este caso el parámetro  $\alpha$  fue normalizado entre  $N$ , así como  $i_0 = 1/N$ ,  $s_0 = (1 - N)/N$  e  $i_{max} = 2,259,100$ . El número de reproducción básica obtenido  $R_0$ , muestra que una persona contagia a 1.3329 personas, por lo que la curva de infectados puede seguir aumentando en los próximos días. Lo deseado es que sea menor a 1, lo cual indicaría que el nivel de infectados va a decrecer.

## Referencias

- [1] W. O. Kermack and A. G. McKendrick. A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society A*, 115:700–721, 1927.
- [2] R. M. Anderson. Discussion: The kermack–mckendrick epidemic threshold theorem. *Bulletin of Mathematical Biology*, 53:3–32, 1991.
- [3] F. Brauer, P. Driessche, and J. Wu. Mathematical epidemiology, lectures notes in mathematics, vol. 1945. 2008.
- [4] T. Harko, F. S.N. Lobo, and M.K. Mac. 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.