

# Modelaje matemático de epidemias

---

El **modelaje matemático de epidemias** consiste en el uso del lenguaje y herramientas matemáticas para explicar y predecir el comportamiento de agentes infecciosos y potencialmente dañinos a poblaciones humanas o animales.

## Índice

---

### Modelos deterministas

- Terminología

- Modelo SIR

- Modelo SIR con nacimientos y muertes

- Modelo SIS con nacimientos y muertes

- Modelo SIRS

- Modelo SEIS

- Modelo SEIR

- Modelo MSIR

- Modelo MSEIR

### Modelos no deterministas

### Procesos de ramificación

### Enlaces externos

### Referencias

- Bibliografía

## Modelos deterministas

---

En un modelo determinista la enfermedad puede infectar a los individuos de manera aleatoria. Sin embargo, la ley de los grandes números nos asegura que el número de infecciones se va haciendo cada vez más predecible conforme el tamaño de la población aumenta. Debido a esto los modelos deterministas son usados para tratar enfermedades que afectan a poblaciones grandes y a menudo surgen representados a través de ecuaciones diferenciales.

## Terminología

A continuación se da una breve descripción de la notación que usaremos a lo largo de los modelos deterministas (por orden de aparición):

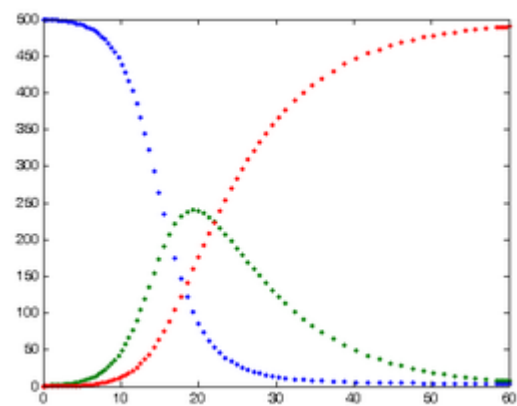
- S - Individuos susceptibles (ver modelo SIR).
- I - Individuos infectados (ver modelo SIR).
- R - Individuos recobrados (ver modelo SIR).
- N - Población total.

- $\beta$  - Tasa de contagios (probabilidad de que una persona enferme al estar en contacto con un infectado).
- $1/\gamma$  - Tiempo promedio de infección (para un solo individuo).
- $\mu$  - Tasa promedio de defunciones (probabilidad de que un individuo infectado muera debido a la enfermedad).
- $f$  - Tasa promedio de pérdida de inmunidad en individuos recobrados.
- $E$  - Tasa promedio de nacimientos.
- $1/\varepsilon$  Tiempo promedio de incubación.
- $B$  - Tasa promedio de nacimientos.
- $M$  - Infantes con inmunidad pasiva.
- $\delta$  - Tiempo promedio de inmunidad temporal.

## Modelo SIR

En 1927, W. O. Kermack y A. G. McKendrick crearon el modelo SIR que considera una enfermedad que se desarrolla a lo largo del tiempo y únicamente tres clases de individuos (de donde proviene el nombre):

- $S(t)$  representa a los individuos susceptibles, es decir, aquellos que no han enfermado anteriormente y por lo tanto pueden resultar infectados al entrar en contacto con la enfermedad.
- $I(t)$  representa a los individuos infectados y por lo tanto en condiciones de transmitir la enfermedad a los del grupo  $S$ .
- $R(t)$  representa a los individuos recobrados de la enfermedad, y que ya no están en condiciones ni de enfermar nuevamente ni de transmitir la enfermedad a otros.



Un ejemplo de modelo SIRS (Azul = Población susceptible, Verde= Población infectada y Rojo = Población recuperada).

El flujo de transiciones de un grupo a otro se da como sigue:

$$\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{R}$$

Dada una población fija  $N=S(t)+I(t)+R(t)$ , Kermack y McKendrick obtuvieron las siguientes ecuaciones diferenciales que describen el modelo:

$$\frac{dS}{dT} = -\beta SI$$

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

$$\frac{dR}{dT} = \gamma I$$

## Modelo SIR con nacimientos y muertes

Éste es una ampliación del modelo SIR y considera nacimientos a lo largo del tiempo  $t$ , de modo que hay una constante renovación de individuos susceptibles a la enfermedad. Del mismo modo, algunos individuos mueren o bien por la enfermedad o de manera natural al cabo de un tiempo de haber sido recobrados. El flujo de transiciones de un grupo a otro sigue siendo:

$$\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{R}$$

Las ecuaciones diferenciales que representan el modelo son:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \mu(N - S)$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

## Modelo SIS con nacimientos y muertes

Simplificación del modelo SIR con nacimientos y muertes, en donde un individuo recobrado nunca desarrolla inmunidad a la enfermedad, de modo que el flujo de un grupo a otro resulta:

$$\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{S}$$

Sus ecuaciones diferenciales son:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + \mu(N - S) + \gamma I$$

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

## Modelo SIRS

Extensión del modelo SIR, en donde los individuos recobrados pueden perder la inmunidad a la enfermedad y volver a formar parte del grupo de susceptibles. El flujo de un grupo a otro está dado como sigue:

$$\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{R} \rightarrow \mathcal{S}$$

Sus ecuaciones diferenciales son:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI + fR$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R - fR$$

## Modelo SEIS

El modelo SEIS considera una nueva clase de individuos E (del inglés *exposed*), es decir, aquellos que portan la enfermedad pero que al hallarse en su periodo de incubación no muestran síntomas y pueden o no estar en condición de infectar a otros. Se supone además que un individuo que ha enfermado nunca obtiene inmunidad, de modo que el flujo de grupos resulta:

$$\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{E} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{S}$$

y sus ecuaciones diferenciales están dadas por:

$$\frac{dS}{dt} = B - \beta SI - \mu S + \gamma I$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\epsilon + \mu)E$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu)I$$

## Modelo SEIR

Derivado del modelo SEIS pero agregando esta vez a la población de recobrados. En este caso, al igual que los anteriores, cada grupo es mutuamente excluyente y la suma de todos es la población total, esto es,  $N = S(t) + E(t) + I(t) + R(t)$

El flujo de un grupo a otro es:

$$\mathcal{S} \rightarrow \mathcal{E} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{R}$$

y sus ecuaciones diferenciales resultan:

$$\frac{dS}{dt} = B - \beta SI - \mu S$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\epsilon + \mu)E$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu)I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

## Modelo MSIR

Éste modelo considera una nueva clase de individuos M, los llamados infantes con inmunidad pasiva que tras cierto tiempo la pierden y están en condición de ser portadores de la enfermedad (para una descripción más detallada véase Inmunidad (medicina)). Los flujos de grupo resultan:

$$\mathcal{M} \rightarrow \mathcal{S} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{R}$$

y sus ecuaciones diferenciales:

$$\frac{dM}{dt} = B - \delta MS - \mu M$$

$$\frac{dS}{dt} = \delta MS - \beta SI - \mu S$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

## Modelo MSEIR

Derivado del modelo anterior, en donde entre el periodo de susceptibilidad e infección hay un periodo de latencia, de modo que el flujo entre un grupo y otro es:

$$\mathcal{M} \rightarrow \mathcal{S} \rightarrow \mathcal{E} \rightarrow \mathcal{I} \rightarrow \mathcal{R}$$

y sus ecuaciones diferenciales:

$$\frac{dM}{dt} = B - \delta MS - \mu M$$

$$\frac{dS}{dt} = \delta MS - \beta SI - \mu S$$

$$\frac{dE}{dt} = \beta SI - (\epsilon + \mu)E$$

$$\frac{dI}{dt} = \epsilon E - (\gamma + \mu)I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

## Modelos no deterministas

---

Para poblaciones pequeñas la fluctuación de una enfermedad puede ser muy grande y debido a esto se vuelve necesario considerar el factor aleatorio en el modelo. En estos casos la probabilidad se hace presente y las variables aleatorias pasan a sustituir a las ecuaciones diferenciales como herramientas para resolver el problema.

## Procesos de ramificación

---

Uno de los modelos más simples se puede obtener a partir del proceso de ramificación de Bienaymé-Galton-Watson (llamado más comúnmente Proceso Galton-Watson). Éste proceso estocástico discreto modela una población que evoluciona en el tiempo y en cada etapa el proceso puede tomar valores enteros no negativos, que representarán el tamaño total de la población en dicho periodo.

Usando el modelo antes mencionado podemos considerar una epidemia donde la "población" consistirá justamente en el conjunto de todos los individuos enfermos, y para cada enfermo su "descendencia" será el número de individuos nuevos que contagia. Conociendo la función de distribución de nuevos contagios es posible entonces calcular, entre otras cosas, el índice de contagio y la probabilidad de extinción. Estas magnitudes tienen importancia tanto teórica como práctica, pues uno de los aspectos más importantes de una epidemia es su agresividad y posible alcance.

## Enlaces externos

---

- Tutorial (<https://www.youtube.com/watch?v=xIF63Xd6oFE>) en Youtube para elaborar una hoja de cálculo en Excel (configurable) para simular un modelo SIR de simulación epidemiológica (contiene fichero xlsx descargable).

## Referencias

---

### Bibliografía

- Anderson, R. M. ed. (1982) Population Dynamics of Infectious Diseases: Theory and Applications, Chapman and Hall, London-New York.
- Anderson, R. M. & May, R. M. (1991). Infectious Diseases of Humans. Oxford: Oxford University Press.
- Bernoulli, D. & Blower, S. (2004). An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it. Reviews in Medical Virology, 14, 275 – 288.
- Blower, S. M., Mclean, A. R., Porco, T. C., Small, P. M., Hopewell, P. C., Sánchez, M. A., et al. (1995). The intrinsic transmission dynamics of tuberculosis epidemics. Nature Medicine, 1, 815 – 821.
- Brauer, F. & Castillo-Chávez, C. (2001). Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology. NY: Springer.
- Daley, D. J. & Gani, J. (2005). Epidemic Modeling and Introduction. NY: Cambridge University Press.
- Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. Society for Industrial and Applied Mathematics, 42, 599 – 653.
- Trottier, H., & Philippe, P. (2001). Deterministic modeling of infectious diseases: theory and methods. The Internet Journal of Infectious Diseases. Retrieved December 3, 2007, from <https://web.archive.org/web/20120308091044/http://www.ispub.com/ostia/index.php?xmlFilePath=journals%2Fijid%2Fvol1n2%2Fmodel.xml>.
- Raul Isea and Karl E Lonngren A Preliminary Mathematical Model for the Dynamic Transmission of Dengue, Chikungunya and Zika (<http://www.openscienceonline.com/journal/archive2?journalId=726&paperId=3354>).

---

Obtenido de «[https://es.wikipedia.org/w/index.php?title=Modelaje\\_matemático\\_de\\_epidemias&oldid=124204215](https://es.wikipedia.org/w/index.php?title=Modelaje_matemático_de_epidemias&oldid=124204215)»

---

**Esta página se editó por última vez el 12 mar 2020 a las 10:45.**

El texto está disponible bajo la [Licencia Creative Commons Atribución Compartir Igual 3.0](#); pueden aplicarse cláusulas adicionales. Al usar este sitio, usted acepta nuestros [términos de uso](#) y nuestra [política de privacidad](#).

Wikipedia® es una marca registrada de la [Fundación Wikimedia, Inc.](#), una organización sin ánimo de lucro.