

# “Análisis del Modelo SIR en sistema cerrado con Reinfeción ”

*V. Irigoyen*

*Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del IPN*

*Biología Matemática*

*Dr. Moisés Santillán Zerón*

31 de Enero de 2023

## Resumen

El modelo SIR es un modelo matemático empleado para analizar la situación general de una enfermedad contagiosa, en este trabajo se empleó un modelo SIR sin inmunidad, es decir, la población después de un tiempo determinado es nuevamente susceptible a la reinfeción, así mismo se hizo un modelo con vacunación como método de prevención y reducción de contagios, en ambos casos se encontraron dos puntos fijos: uno libre de contagio y uno endémico. Se realizó un modelo numérico en python para obtener algunas gráficas representativas para analizar ambos casos, encontrando que los puntos fijos no dependen de las condiciones iniciales sino de los valores dados a las constantes involucradas. Por otro lado la campaña de vacunación ayuda a reducir el tiempo en que se llega a la estabilidad y reduce el valor de infectados a medida que el tiempo de efecto de inmunidad parcial de la vacuna disminuye.

## Introducción

A lo largo del tiempo los humanos han sufrido cientos de enfermedades y epidemias que han afectado la economía y estabilidad general de la sociedad. Hipócrates es considerado el padre de la epidemiología, ya que estableció el nexo entre enfermedad y medio ambiente y delineó los factores que afectan la diseminación de una enfermedad en el tiempo[1]; con el fin de reducir los estragos de las enfermedades infecciosas que arremeten contra la humanidad se estudian estos casos por medio de modelos

matemáticos que ayuden a entender como funciona y se esparce y con ello tomar en cuenta las medidas pertinentes para reducir lo más posible los casos de población enferma.

La base de este tipo de modelos epidemiológicos tiene sus cimientos en la teoría de Kermack-McKendrick propuesta en sus artículos de 1927, 1932 y 1933. Este es un modelo el cuál divide a la población en tres sectores: Susceptibles, Infecciosos y Recuperados, a través de los cuales se modela los flujos de entrada y de salida de los 3 compartimentos. Debido a ello es conocido como el modelo **SIR**.

Dentro de este tipo de modelos es posible considerar los casos de enfermedades de larga duración, las cuales consideran a su vez las tasas de nacimiento y mortandad por casos ajenos y debidos a la enfermedad. Sin embargo, también se pueden modelar enfermedades respiratorias como la pasada Pandemia de Covid-19, en este tipo de enfermedades los tiempos de recuperación de la enfermedad son cortos, apenas de unas cuantas semanas, en estos casos los modelos se pueden simular como sistemas cerrados, en los cuales no se tiene un flujo de nacimientos o mortandad.

En general dado que los modelos SIR representan un flujo de entrada y salida de los distintos compartimentos, esto es modelable mediante sistemas de ecuaciones diferenciales no lineales.

El caso más simple solo emplea un flujo de Susceptibles a Infecciosos, y de Infecciosos a Recuperados. Figura 1.

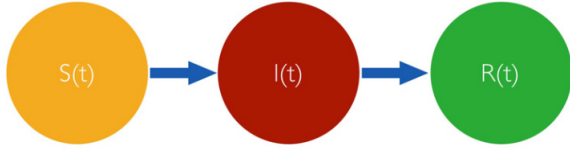


Figura 1: Modelo SIR simple

El sistema de ecuaciones para este caso quedaría como sigue:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta SI \\ \dot{I} &= \beta SI - \delta I \\ \dot{R} &= \delta I\end{aligned}\quad (1)$$

Con casos como estos es posible darse una idea de lo que esta sucediendo con la enfermedad para poder proponer medidas de prevención.

## Planteamiento del Problema

En este caso se pretende analizar el caso de una enfermedad infecciosa respiratoria con un tiempo corto de enfermedad, donde además no hay inmunidad, es decir, después de recuperados se pueden re-infectar. Para ello se empleará el modelo SIR, donde se analizarán los parámetros correspondientes y sus efectos.

## Metodología Reinfeción

Como se mencionó anteriormente el modelo para tratar con enfermedades infecciosas se basa en el modelo SIR, en este caso se analizó primero el caso con Reinfeción y luego se modeló para el caso con Reinfeción y como medida de prevención la vacunación. Primero se analizará el caso de reinfeción sin medida de

vacunación, en este caso el diagrama de flujos queda como sigue:

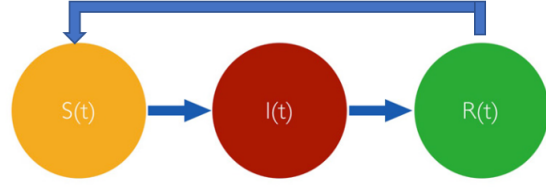


Figura 2: Modelo de enfermedad infecciosa con Reinfeción

Las ecuaciones para este modelo quedan como:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \epsilon R - \beta SI \\ \dot{I} &= \beta SI - \delta I \\ \dot{R} &= \delta I - \epsilon R\end{aligned}\quad (2)$$

Donde S, I y R son cantidad de personas en cada compartimento,  $\delta$  es el inverso del tiempo de enfermedad,  $\epsilon$  es el inverso de la cantidad de semanas para reinfeción y  $\beta$  tiene unidades de  $1/t * personas$  y representa el parámetro de infección dependiente de la cantidad de personas infecciosas y susceptibles. Dado que es un sistema cerrado hay que considerar entonces que  $T = S + I + R$  el total de población es la suma de las personas en cada compartimento del modelo, considerando lo anterior y normalizando poblaciones y tiempo como:  $S/T$ ,  $I/T$  y  $\frac{d}{dt} = \delta \frac{d}{dt'}$ , se encuentran las ecuaciones normalizadas:

$$\begin{aligned}s' &= \frac{\epsilon}{\delta}(1 - s - i) - R_0 si \\ i' &= R_0 si - i\end{aligned}\quad (3)$$

Donde  $R_0$  representa el índice de contagio como  $R_0 = \frac{\beta T}{\delta}$  es a cuantas personas se contagia por tiempo que duran enfermos.

A partir del conjunto de ecuaciones en (3) se realizó el análisis estacionario y de estabilidad para encontrar los puntos fijos del sistema y tener una idea general del comportamiento del modelo, luego se realizó un análisis numérico

empleando herramientas de solución de ecuaciones diferenciales en python. Con dicho programa se obtuvieron varios gráficos que ayudaron a discutir el comportamiento del modelo de reinfección.

## Resultados y Discusiones Reinfección

Para el modelo SIR con reinfección en una enfermedad infecciosa respiratoria se consideran varios aspectos:

- La constante de Infección  $R_0$  solo puede tener valores positivos con valores menores o iguales a 1 y mayores que 1.
- La constante  $\delta$  es el inverso de tiempo que se dura enfermo y es de apenas un par de semanas, supongamos entre 1 y 3 semanas.
- $\epsilon$  es el inverso de las semanas para que alguien de recuperación vuelva a ser susceptible y volverse a contagiar.
- las poblaciones S, I y R son siempre mayores o iguales a 0.

Mediante los métodos de análisis de estados estacionarios dado por Strogatz [3], e igualando a 0 cada una de las funciones de (3) se obtienen 2 puntos fijos.

1.  $s^* = 1, i^* = 0$  (Estado libre de enfermedad)
2.  $s^* = \frac{1}{R_0}, i^* = \frac{\epsilon(R_0-1)}{R_0(\delta+\epsilon)}$  (Estado Endémico)

Del segundo punto fijo es evidente que  $R_0$  no puede ser menor a 1, puesto que eso implicaría que la cantidad de infecciosos es un valor negativo y no se pueden tener poblaciones negativas.

Una vez que se encontraron los puntos fijos se calcularon las derivadas parciales respecto a s e

i para cada una de las ecuaciones en (3). Donde el Jacobiano queda dado por:

$$J = \begin{bmatrix} -(\frac{\epsilon}{\delta} + R_0 i) & -(\frac{\epsilon}{\delta} + R_0 s) \\ R_0 i & R_0 s - 1 \end{bmatrix} \quad (4)$$

Evaluando para cada punto fijo y analizando el Jacobiano de (4) para los dos casos, se pueden obtener datos característicos como la traza( $\tau$ ) y el determinante( $\Delta$ ) los cuales se pueden comparar con el gráfico de estabilidad bidimensional (fig:3), para obtener a que caso de estabilidad corresponde cada punto.

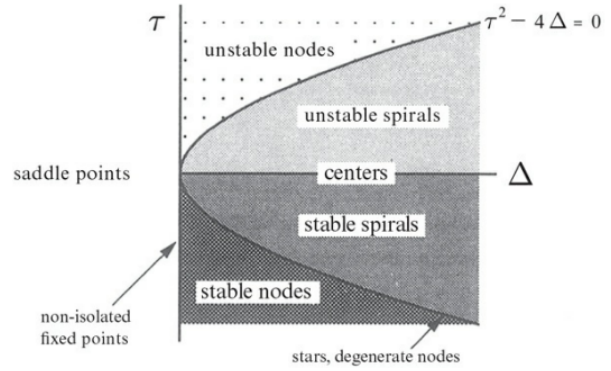


Figura 3: Plano Fase del Determinante ( $\Delta$ ) vs. la traza ( $\tau$ ).[3]

A continuación se muestran los Jacobianos evaluados y la característica general de la traza y el determinante para cada uno de los puntos fijos.

$$J|_{(1,0)} = \begin{bmatrix} -\frac{\epsilon}{\delta} & -(\frac{\epsilon}{\delta} + R_0) \\ 0 & R_0 - 1 \end{bmatrix}$$

$$\Delta = \frac{\epsilon}{\delta}(1 - R_0)$$

$$\tau = R_0 - 1 - \frac{\epsilon}{\delta}$$

Para este caso podemos analizar 3 situaciones:

- $R_0 > 1$  implica  $\Delta < 0$  lo que sería un punto silla.
- $R_0 = 1$  hace  $\Delta = 0$  y  $\tau = -\epsilon/\delta$  lo que se interpreta como líneas de puntos fijos estables.

- $R_0 < 1$  implica  $\Delta > 0$  y  $\tau < 0$  con  $\tau^2 - 4\Delta > 0$  implica que es un nodo estable.

Para el segundo punto fijo

$$J \Big|_{\left(\frac{1}{R_0}, \frac{\epsilon(R_0-1)}{R_0(\delta+\epsilon)}\right)} = \begin{bmatrix} -\left(\frac{\epsilon}{\delta} + \frac{\epsilon(R_0-1)}{\delta+\epsilon}\right) & -\left(\frac{\epsilon}{\delta} + 1\right) \\ \frac{\epsilon(R_0-1)}{\delta+\epsilon} & 0 \end{bmatrix}$$

$$\Delta = \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{\delta}$$

$$\tau = -\left(\frac{\epsilon}{\delta} + \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{\delta + \epsilon}\right)$$

Como se mencionó anteriormente para este punto no se deben tener valores de  $R_0 < 1$  por lo que solo nos quedan dos casos.

- $R_0 = 1$  implica  $\Delta = 0$  y  $\tau < 0$  de igual manera son líneas de puntos fijos estables.
- $R_0 > 1$  hace  $\Delta > 0$  y  $\tau < 0$ , en este caso  $\tau^2 - 4\Delta < 0$  lo que implica que son espirales estables.

En las siguientes figuras se muestran las gráficas obtenidas en el espacio fase (s,i) con distintos valores de  $R_0$ .

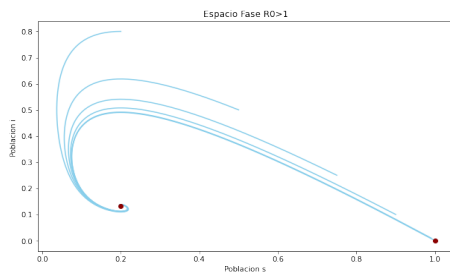
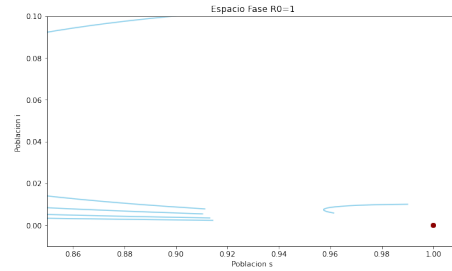
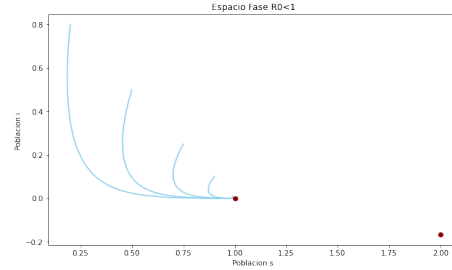


Figura 4:  $R_0 > 1$



(a)  $R_0 = 1$



(b)  $R_0 < 1$

Figura 5: Casos de espacio fase recontagio

En efecto se cumple que con  $R_0 > 0$  el primer punto fijo es un punto silla y el segundo que es el endémico son espirales estables (fig 4), cuando  $R_0 = 1$  solo se tiene un punto fijo donde es evidente que las poblaciones se estabilizan en valores cercanos al (1,0) y se tienen varios puntos, siendo este el caso de líneas de puntos fijos estables (fig 5a) y el último caso con  $R_0 < 1$  que se muestra en 5c) muestra el estado libre de enfermedad como un punto estable y el segundo punto fijo no es válido pues se tienen valores negativos de s.

Para analizar las poblaciones de los 3 departamentos a lo largo del tiempo, en un principio se modeló en Python para un  $R_0 = 5$ , 2 semanas de infección y 10 semanas para regresar a los susceptibles y poder recontagiarse. De ese modelo se obtuvieron varias gráficas con distintas condiciones iniciales de lo cual es claro que los puntos fijos son siempre los mismos independientemente de las condiciones iniciales.

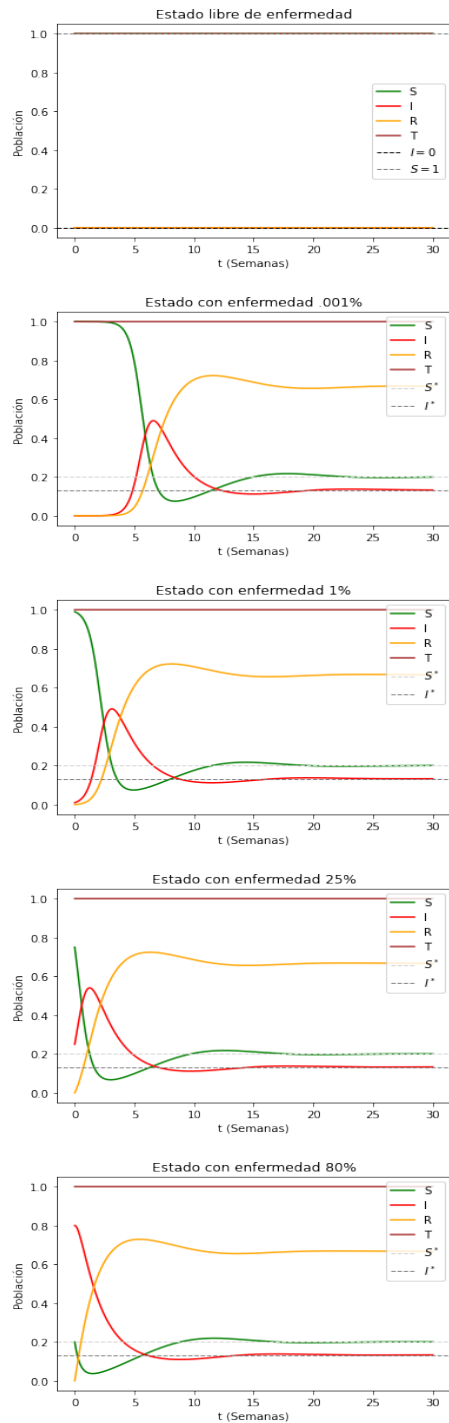


Figura 6: Evolución temporal de poblaciones con distintas condiciones iniciales.

Ahora bien podemos dejar fijo el  $R_0$ , y  $\epsilon$  y comparar lo que sucede cuando el tiempo de enfermedad varía entre 1 y 3 semanas.

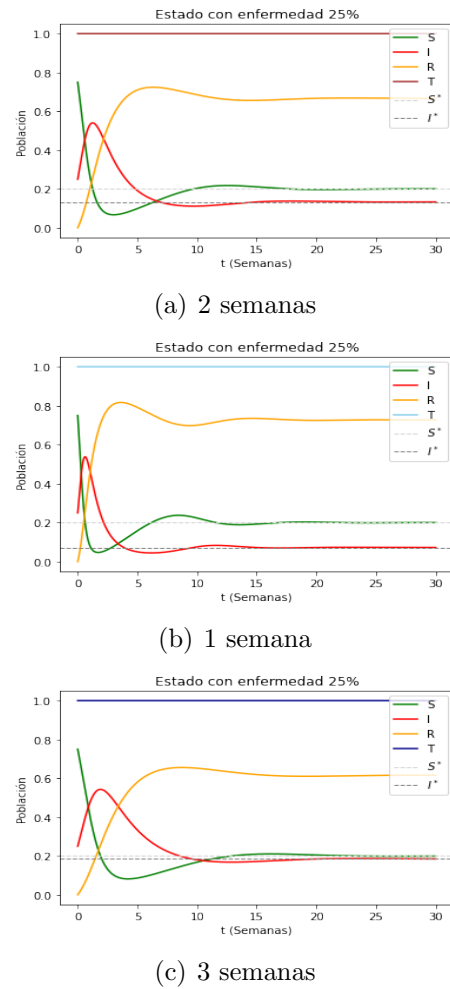
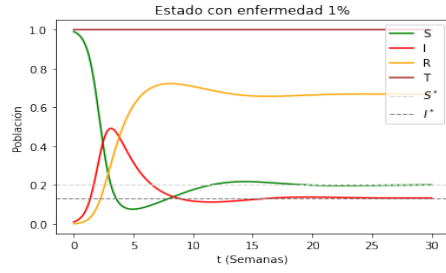


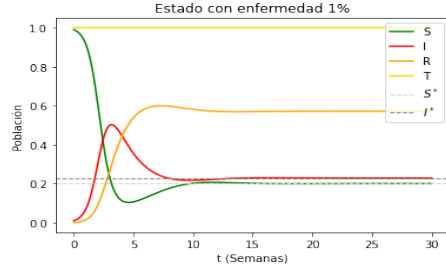
Figura 7: Análisis SIR a distintos valores  $\delta$ .

De este análisis se puede ver que entre mayor sea la cantidad de semanas que se está en estado infeccioso, mayor será el valor en el estado estable de los infecciosos, además entre menor sea el tiempo más pronunciadas se ven las oscilaciones para que llegue a su estado estacionario, el tiempo en que tarda en estabilizarse es sumamente similar en los 3 casos.

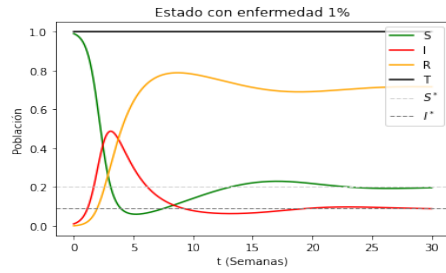
Otro tipo de análisis puede realizarse al mover solo el valor de epsilon, el inverso de las semanas de recontagio, un ejemplo se muestra en las siguientes figuras.



(a) 10 semanas



(b) 5 semanas

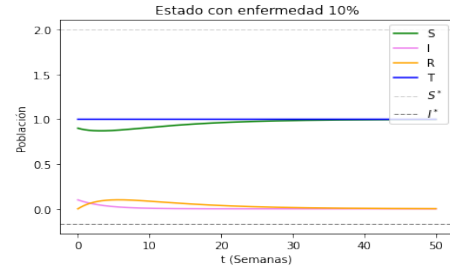


(c) 16 semanas

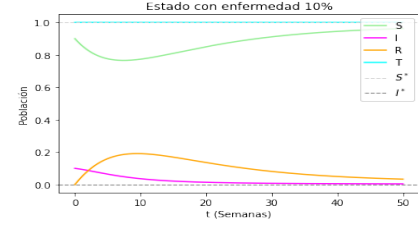
Figura 8: Análisis SIR a distintos valores  $\epsilon$ .

En este caso parece el inverso del caso cuando se mueve  $\delta$  pues aquí entre mayor tiempo pase para el recontagio menor será el valor de la estabilidad de los infecciosos, lo cual tiene sentido, pues pasarán más tiempo en el estado de recuperados antes de volver a contagiarse, además se muestra una mayor oscilación en los contagios mientras mayor sea la cantidad de semanas de recontagio.

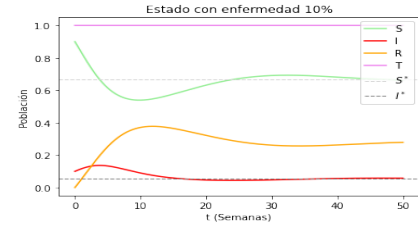
El último caso analizado es el cambio en los valores de  $R_0$  manteniendo estables  $\epsilon = 1/10$  y  $\delta = 1/2$ . En las figuras 9 y 10 se muestran algunos casos cuando se tiene una condición inicial de 10 % de enfermedad.



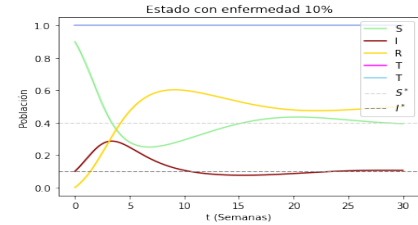
(a)  $R_0 = 0.5$



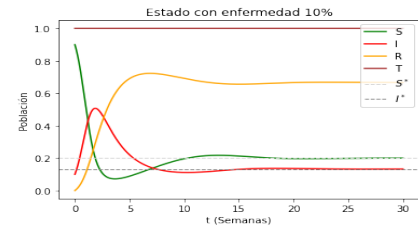
(b)  $R_0 = 1$



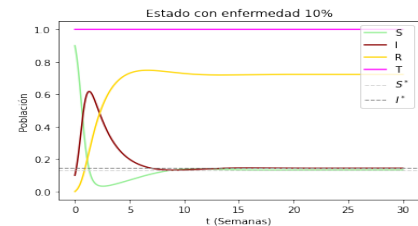
(c)  $R_0 = 1.5$



(d)  $R_0 = 2.5$



(e)  $R_0 = 5$



(f)  $R_0 = 7.5$

Figura 9: Análisis SIR a distintos valores  $R_0$ .



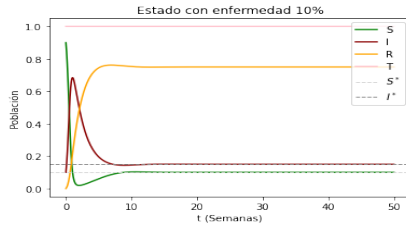


Figura 10:  $R_0 = 10$

Analizando los gráficos en la figura 8 es notable que entre menor es el valor de  $R_0$  más cercana al estado libre de enfermedad será la estabilidad de las poblaciones, de hecho desde  $R_0 = 1$  el punto fijo queda en el primer punto fijo, al igual que con  $R_0 = 0.5$ . Cuanto mayor es  $R_0$  menor es la población en el compartimento de susceptibles, de hecho en la figura 10 las personas en el compartimento de infecciosos es mayor a las susceptibles. En los primeros dos casos con  $R_0 = 1$  y  $R_0 = 1.5$  la población susceptible si supera los otros dos compartimentos. Además pareciera que cuanto mayor es  $R_0$  menor tiempo tarda en estabilizarse, sin embargo como se mencionó anteriormente eso también implica que la cantidad de enfermos será mayor. En los casos vistos se ve como se cumplió la predicción obtenida a partir del análisis de estabilidad de los puntos fijos.

Una manera de poder disminuir ese valor de  $R_0$  es con medidas sanitarias como distanciamiento social y uso de cubrebocas, pero una mejor manera de hacerlo es mediante el uso de campañas de vacunación, sin embargo en este caso habría que analizar a detalle está última medida ya que hay que recordar que no hay inmunidad total.

## Metodología con Vacunación

En este caso se realizó todos los tipos de análisis anteriores pero para el modelo con vacunación, en la siguiente figura se muestra el diagrama de entradas y salidas de los compartimentos SIR.

timentos SIR.

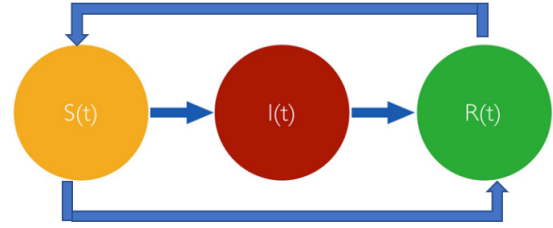


Figura 11: Modelo de enfermedad infecciosa con Reinfeción y Vacunación

Las ecuaciones para este modelo quedan como:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= \epsilon R - \beta SI - \alpha S \\ \dot{I} &= \beta SI - \delta I \\ \dot{R} &= \delta I + \alpha S - \epsilon R\end{aligned}\quad (5)$$

Todos los valores de  $S$ ,  $R$ ,  $I$ ,  $\delta$ ,  $\epsilon$  y  $\beta$  corresponden a las mismas unidades y definiciones que en el caso sin vacunación y  $\alpha$  representa el periodo en que la vacunación surge efecto y pasan de estado susceptible a recuperado. Dado que al igual que el caso anterior es un sistema cerrado hay que considerar entonces que  $T = S + I + R$  el total de población es la suma de las personas en cada compartimento del modelo, considerando lo anterior y normalizando poblaciones y tiempo como:  $S/T$ ,  $I/T$  y  $\frac{d}{dt} = \delta \frac{d}{dt'}$ , se encuentran las ecuaciones normalizadas:

$$\begin{aligned}\mathbf{s}' &= \frac{\epsilon}{\delta} \left(1 - s - i - \frac{\alpha s}{\epsilon}\right) - R_0 s i \\ \mathbf{i}' &= R_0 s i - i\end{aligned}\quad (6)$$

Donde  $R_0$  representa el índice de contagio como  $R_0 = \frac{\beta T}{\delta}$  es a cuantas personas se contagia por tiempo de enfermedad.

Con las ecuaciones en 6 se realizó el análisis de estados estacionarios y de estabilidad para los puntos fijos y se modeló en un programa de python que resuelve las ecuaciones generales por métodos numéricos y arroja las gráficas correspondientes para poder analizar de manera más representativa la situación de este caso.

## Resultados y Discusiones con vacunación

Con el método dado por Strogatz [3] e igualando a 0 es posible obtener los puntos fijos.

1.  $s^* = \frac{\epsilon}{\epsilon + \alpha}$ ,  $i^* = 0$  (Estado libre de enfermedad)
2.  $s^* = \frac{1}{R_0}$ ,  $i^* = \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \alpha}{R_0(\epsilon + \delta)}$

Del segundo punto fijo  $R_0$  no debe ser menor o igual a 1 pues en ese caso la población en  $s$  será menor a 0 lo cual no puede ser posible.

Ahora se pueden calcular las derivadas parciales y obtener el Jacobiano evaluado para con ello determinar la estabilidad de los puntos.

$$J = \begin{bmatrix} -(\frac{\epsilon}{\delta} + \frac{\alpha}{\delta} + R_0 i) & -(\frac{\epsilon}{\delta} + R_0 s) \\ R_0 i & R_0 s - 1 \end{bmatrix} \quad (7)$$

Para el estado libre de enfermedad el Jacobiano quedaría:

$$J|_{(\frac{\epsilon}{\epsilon + \alpha}, 0)} = \begin{bmatrix} -(\frac{\epsilon + \alpha}{\delta}) & -(\frac{\epsilon}{\delta} + R_0 \frac{\epsilon}{\epsilon + \alpha}) \\ 0 & R_0 \frac{\epsilon}{\epsilon + \alpha} - 1 \end{bmatrix}$$

$$\Delta = \frac{\epsilon(1 - R_0) + \alpha}{\delta}$$

$$\tau = \frac{R_0 \epsilon}{\epsilon + \alpha} - \frac{\epsilon + \alpha}{\delta} - 1$$

En este caso se pueden ver los 3 casos.

- $R_0 > 1$  siempre que  $\alpha < |\epsilon(1 - R_0)|$  implica  $\Delta < 0$  lo que se refiere a un punto silla, si  $\alpha > |\epsilon(R_0 - 1)|$  hace  $\Delta > 0$  y  $\tau > 0$  lo que es un estado inestable.
- $R_0 = 1$  hace  $\Delta > 0$ ,  $\tau < 0$  es un estado estable. Entre menores sean los valores de las constantes más se acerca a  $\Delta = 0$  lo que implica líneas de puntos estables.
- $R_0 < 1$   $\Delta > 0$ ,  $\tau < 0$  es un estado estable, con los valores correspondientes digamos  $\epsilon = 1/10$ ,  $\delta = 1/2$  y  $\alpha = 0.01$  se obtiene un punto estable.

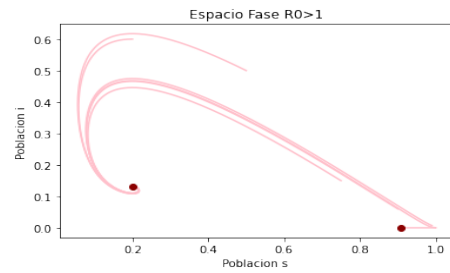
Para el segundo punto fijo  $\left(\frac{1}{R_0}, \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \alpha}{R_0(\epsilon + \delta)}\right)$  el jacobiano queda como:

$$J| = \begin{bmatrix} -(\frac{\epsilon + \alpha}{\delta} + \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \alpha}{\epsilon + \delta}) & -(\frac{\epsilon}{\delta} + 1) \\ \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \alpha}{\epsilon + \delta} & 0 \end{bmatrix}$$

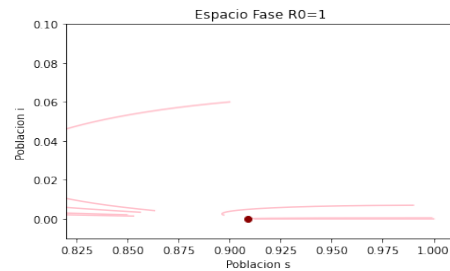
$$\Delta = \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \alpha}{\delta}$$

$$\tau = -\left(\frac{\epsilon + \alpha}{\delta} + \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \alpha}{\epsilon + \alpha}\right)$$

Como se mencionó anteriormente para este punto fijo solo hay una opción válida y se da cuando  $R_0 > 1$  en este caso  $\Delta > 0$  y  $\tau < 0$  lo cual implica que es un estado estable, con los valores de las constantes mencionados anteriormente, se obtienen espirales estables. A continuación se muestran los planos de fase obtenidos.



(a)  $R_0 > 1$



(b)  $R_0 = 1$

Figura 12: Casos de espacio fase para recontagio y vacunación



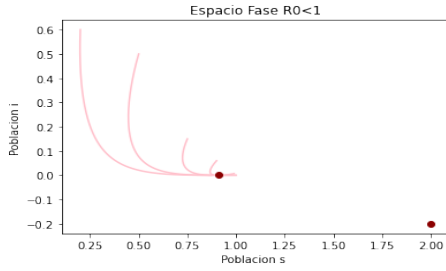


Figura 13:  $R_0 < 1$

De la figura 12 b) y 13 es claro que el segundo punto fijo no tiene sentido físico con  $R_0 \leq 1$ . Por otro lado, cuando  $R_0 = 1$  y con los valores de constantes usados para este caso  $\Delta$  es casi 0 y se muestran rectas de puntos estables en el plano fase muy cercanos al estado libre de enfermedad. Cuando  $R_0 < 1$  el estado libre de enfermedad cumple ser un nodo estable y con  $R_0 > 1$  la estabilidad reside en el segundo punto fijo (endémico) con espirales estables, tal como se predijo en el análisis teórico.

Por medio del modelo desarrollado en Python se pudo evaluar como cambia en el tiempo las poblaciones para distintos valores de  $\alpha$ , es decir distintos tiempos de reacción a la vacunación. Para comparar se muestra el mismo caso sin vacunación, en este ejemplo se consideró una población de infectados inicial del 50 %. En este caso se uso también  $R_0 = 5$ ,  $\delta = 1/2$  y  $\epsilon = 1/10$ .

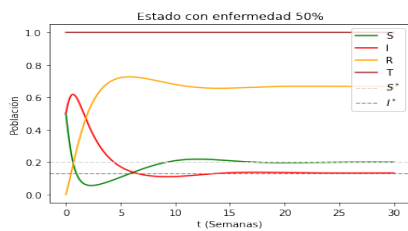
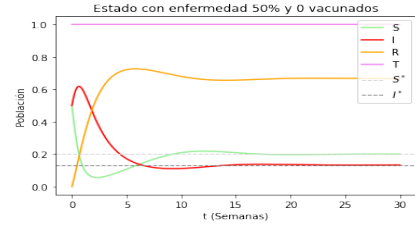
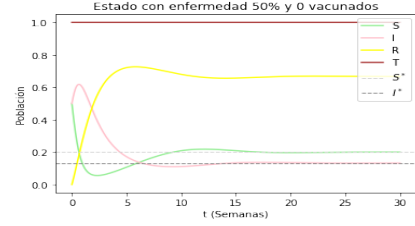


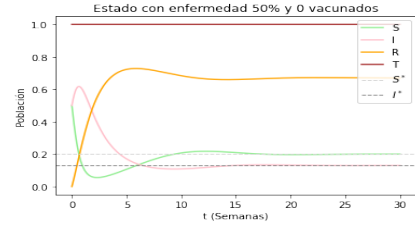
Figura 14: Caso sin vacunación



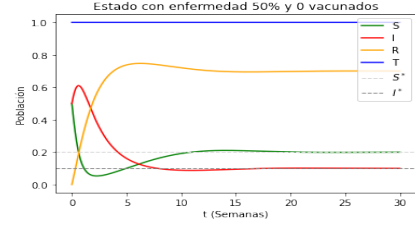
(a)  $\alpha = 0.00001$



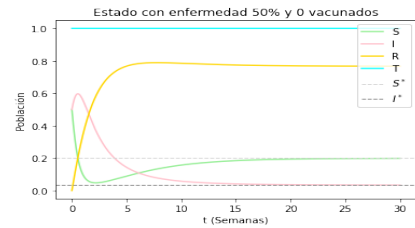
(b)  $\alpha = 0.001$



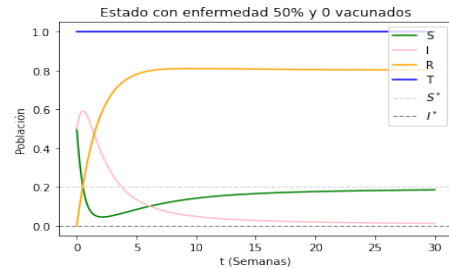
(c)  $\alpha = 0.01$



(d)  $\alpha = 0.1$



(e)  $\alpha = 0.3$



(f)  $\alpha = 0.4$

Figura 15: Análisis SIR a distintos valores  $\alpha$ .

## REFERENCIAS

Lo más relevante de este modelo en las gráficas de 15 es que a medida que el tiempo de efecto de inoculación disminuye, la población infecciosa también disminuye, de hecho en la figura 15 f) con  $\alpha = 0.4$  se estabiliza asintóticamente a 0 infecciosos, sin embargo, el tiempo que se tarda en llegar a la estabilidad es muy similar, si acaso difiere por un par de semanas. Pero como se mencionó, la principal ventaja es que a lo largo del tiempo se disminuye la población enferma lo cual es esencial para evitar colapsar el sistema de salud, y a su vez disminuir las consecuencias económicas. En este caso se empleo un  $R_0 = 5$  pero es claro que a medida que  $R_0$  sea mayor, el efecto de vacunación será más evidente.

## Conclusiones

Como se pudo observar a lo largo de este análisis un modelo SIR es un buen modelo para analizar y estudiar la dinámica de las enfermedades contagiosas, analizando un sistema cerrado con valores de pocas semanas en tiempo de enfermedad y re-contagio se puede predecir el comportamiento de típicas infecciones respiratorias como resfriado común, gripe o en casos más recientes COVID. Si bien también se podría analizar el factor de muertes debido a la enfermedad, en este caso no se consideró ya que la mayoría de ocasiones este tipo de enfermedades tiene un índice de mortandad sumamente pequeño. Un factor interesante es que en general para estos modelos estudiados, la mayoría de la población se encuentra en el estado de recuperados, muy probablemente porque el índice de reinfección fue pequeño y el índice de contagio tampoco es sumamente grande. Como se pudo notar además, a pesar de que no haya inmunidad total un factor de vacunación es de gran ayuda para disminuir la cantidad de infecciosos, lo cual es lo que se busca socialmente,

pues que haya un alto índice de personas enfermas puede llevar a colapsar el sistema de salud, a causa de la enfermedad muchas personas tienen que descansar lo cual significa menos personas trabajando lo que afecta la economía personal y global. Recordando que los valores de las constantes están predefinidos por la naturaleza de la enfermedad el único valor que podemos disminuir es la cantidad de personas susceptibles que un infectado puede contagiar ( $R_0$ ) y para ello poder analizar este tipo de sistemas mediante herramientas numéricas y matemáticas es esencial pues ayuda a ver que tanto afectaría globalmente a la población y proponer medidas de protección y cuidado.

## Referencias

- [1] Abelló Ugalde, Isidro Alfredo, Guinovart Díaz, Raúl y Morales Lezca, Wilfredo. El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID-19 en Cuba. Revista Cubana de Salud Pública. v. 46, n. Suppl 1, e2597. Disponible en: <>. ISSN 1561-3127. Recuperado de : <https://scielosp.org/article/rcsp/2020.v46suppl1/e2597/es/#>
- [2] Murray, J. D. (2002). . Dynamics of Infectious Diseases: Mathematical Biology I. An Introduction (3.a ed.). Springer.
- [3] Strogatz, S. H. (2016). Nonlinear Dynamics and Chaos: With Applications to Physics, Biology, Chemistry, and Engineering, Second Edition (2nd ed.). Westview Press.
- [4] Cabrera, M., Córdova-Lepe, F., Gutiérrez-Jara, J.P. et al. An SIR-type epidemiological model that integrates social distancing as a dynamic law based on point prevalence and socio-behavioral factors. Sci Rep 11, 10170 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41598-021-89492-x>

## **Apéndice A: Programa de Análisis de Modelo SIR**

<https://github.com/VanessaIri/Proyecto-3-BM/blob/main/bm5.ipynb>

## **Apéndice B: Programa de Análisis de Plano Fase**

<https://github.com/VanessaIri/Proyecto-3-BM/blob/main/bm52.ipynb>