

Los modelos matemáticos nos ayudan a representar diferentes acontecimientos.

Con ellos podemos dar una aproximación de lo que ocurrirá en algún caso específico.

Ya que estas son herramientas que nos permiten hacernos diferentes preguntas y hacer aproximaciones matemáticas a una representación de un comportamiento al que podría llevar la situación que nos planteamos.

A continuación se presenta un caso de un modelo epidemiológico que nos permite analizar la dinámica de una epidemia y hacer una aproximación de cuantas personas estarán infectadas en un futuro cercano.

El modelo SIR considera una población con tres tipos de individuos.

Los individuos representados por **S** son aquellas personas que aún no están infectadas pero son “susceptibles” a enfermarse.

Los individuos representados por **I** son aquellas personas que son portadoras del virus, los “Infectados”. Este grupo de la población se encuentra contagiando al primer grupo de los susceptibles.

En el caso de los individuos representados con **R** son aquellas personas que se han recuperado de la enfermedad “Recuperados”.

Por lo general para simplificar el modelo, este último grupo poblacional tiene una inmunidad considerada como permanente.

Pero al plantearnos la pregunta acerca del comportamiento de la enfermedad considerando una reinfección descartamos esta inmunidad de un periodo prolongado a tener una inmunidad menor lo cual ocasionaría comportamientos diferentes en las poblaciones.

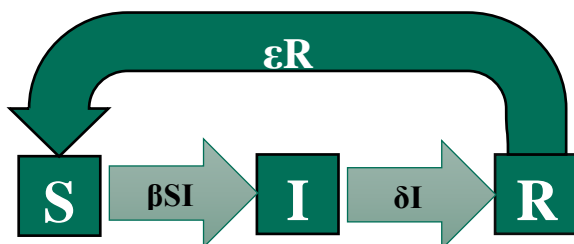


Figura 1. La figura nos muestra las entradas y salidas en las poblaciones, en el caso de una reinfección.

Como podemos observar en la Figura 1 contamos con  $\beta$ ,  $\delta$  y  $\epsilon$  que corresponden a diferentes tasas que afectan a las cuales afectaran al ingreso o salida de alguna población a otra.

Tenemos  $\beta$  como la tasa en la cual los individuos que esta infectados van a contagiar a los susceptibles, en otras palabras que tantas personas de la población de susceptibles se enfermaran al estar en contacto con algún enfermo.

A continuación tenemos a la tasa dada por la letra  $\delta$  la cual sería la tasa de recuperación de los individuos dentro de nuestra población, esta tasa va desde que un individuo infectado se va recuperando genera una cierta inmunidad por un periodo corto o largo de tiempo y en esta caso vuelve a ser susceptible debido al tema de reinfección.

Finalmente tenemos la tasa representada por  $\epsilon$  que como se comentaba anteriormente, será la describe aquellos individuos que después de recuperarse se vuelven a infectar.

Por lo tanto tenemos las siguientes ecuaciones diferenciales que describen el esquema de la Figura 1.

$$\dot{S} = -\beta SI + \epsilon R$$

$$\dot{I} = \beta SI + \delta I$$

$$\dot{R} = \delta I - \epsilon R$$

Si tenemos un sistema cerrado la suma de todas las poblaciones nos da como resultado la población total Por lo que tenemos

$$P = S + I + R$$

Por lo tanto:

$$R = P - S - I$$

Finalmente nos quedaran dos ecuaciones independientes de la tercera.

$$\dot{S} = -\beta SI + \epsilon(P - S - I)$$

$$\dot{I} = \beta SI + \delta I = (\beta S - \delta)I$$

Ahora normalizaremos las ecuaciones:

$$\dot{s} = -\beta P s i + \varepsilon(1 - s - i)$$

$$i = (\beta P s - \delta)i$$

Considerando:

$$t' = \delta t$$

$$\frac{d}{dt} = \delta \frac{d}{dt'}$$

$$R_0 = \frac{\beta P}{\delta}$$

Ya normalizadas quedan así las ecuaciones:

$$s' = -R_0 s i + \frac{\varepsilon}{\delta}(1 - s - i)$$

$$i' = (R_0 s - 1)i$$

$$\dot{s} = -R_0 s i + \frac{\varepsilon}{\delta}(1 - s - i) = 0$$

$$i = (R_0 s - 1)i = 0$$

Obtenemos

$$i = 0$$

$$R_0 s - 1 = 0 \therefore s = 1/R_0$$

Por lo que cuando  $i = 0$

$$\dot{s} = \frac{\varepsilon}{\delta}(1 - s) = 0 \therefore s = 1$$

Obtenemos el primer estado estacionario con valores de

$$i^* = 0$$

$$s^* = 1$$

Cuando  $s = 1/R_0$

$$-R_0 \frac{1}{R_0} i + \frac{\varepsilon}{\delta} \left(1 - \frac{1}{R_0} - i\right) = 0$$

$$-i + \frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\varepsilon}{\delta R_0} - \frac{\varepsilon i}{\delta} = 0$$

$$i = \frac{\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\varepsilon}{\delta R_0}}{\frac{\varepsilon}{\delta} + 1}$$

$$i = \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon}{R_0 \varepsilon + R_0 \delta}$$

Visto lo anterior el segundo estado estacionario quedara como:

$$s^* = 1/R_0$$

$$i^* = \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon}{R_0 \varepsilon + R_0 \delta}$$

Al hacer el análisis de estabilidad del sistema obtenemos tenemos lo siguiente:

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} - i R_0 & -\frac{\varepsilon}{\delta} - s R_0 \\ R_0 i & R_0 s - 1 \end{pmatrix}$$

Obtenemos la Traza y el determinante del primer estado estacionario:

$$i^* = 0$$

$$s^* = 1$$

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} & -\frac{\varepsilon}{\delta} - R_0 \\ 0 & R_0 - 1 \end{pmatrix}$$

$$T = (R_0 - 1) - \frac{\varepsilon}{\delta}$$

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

Ahora obtenemos la Traza y el determinante del segundo estado estacionario:

$$s^* = 1/R_0$$

$$i^* = \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon}{R_0 \varepsilon + R_0 \delta}$$

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\varepsilon(R_0 - 1)}{\varepsilon + \delta} & -\frac{\varepsilon}{\delta} - 1 \\ \frac{\varepsilon(R_0 - 1)}{\varepsilon + \delta} & 0 \end{pmatrix}$$

$$T = -\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\varepsilon(R_0 - 1)}{\varepsilon + \delta}$$

$$\Delta = \frac{\varepsilon(R_0 - 1)}{\varepsilon + \delta} \left(\frac{\varepsilon}{\delta} + 1\right)$$

Analizando anteriormente la estabilidad en los estados estacionarios podemos tener una idea del comportamiento de las gráficas al modelar nuestro sistema.

Con ayuda de una simulación en computadora podemos agregar parámetros a nuestras tasas y hacer diferentes simulaciones como se muestra a continuación:

```
import numpy as np

import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import odeint

def SIR_RE(u, t, beta, delta, epsilon):
    du = np.zeros(3)
    du[0] = - beta*u[0]*u[1] + epsilon*u[2]
    du[1] = beta * u[0]*u[1] - delta * u[1]
    du[2] = delta * u[1] - epsilon*u[2]
    return du
```

```
R0 = 0.5
delta = 1/2
beta = R0 * delta
epsilon = 1/10

t = np.linspace(0, 50, 1000)

u = odeint(SIR_RE, [.5, .5, 0], t, args=(beta, delta, epsilon))

plt.plot(t, u[:,0], color='C0', label="S")
plt.plot(t, u[:,1], color='C1', label="I")
plt.plot(t, u[:,2], color='C2', label="R")
plt.plot(t, np.sum(u, axis=1), color='C3', label="T")
plt.legend()
plt.xlabel("t (weeks)")
plt.ylabel("Population size")

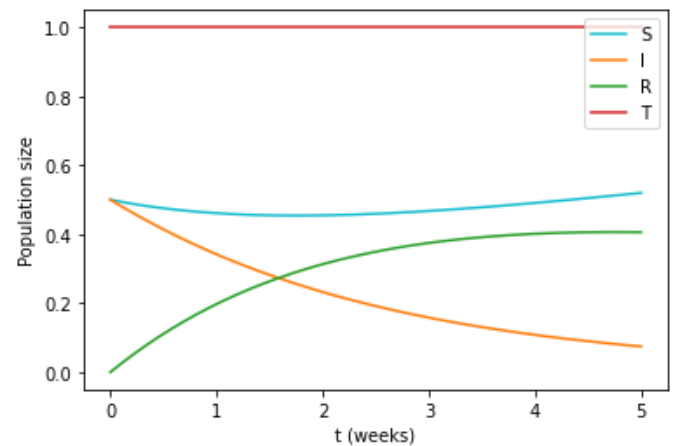
u0 = u[-1]
```

Como se puede observar se modelan las ecuaciones diferenciales con las entradas y salidas del sistema en los diferentes grupos poblacionales.

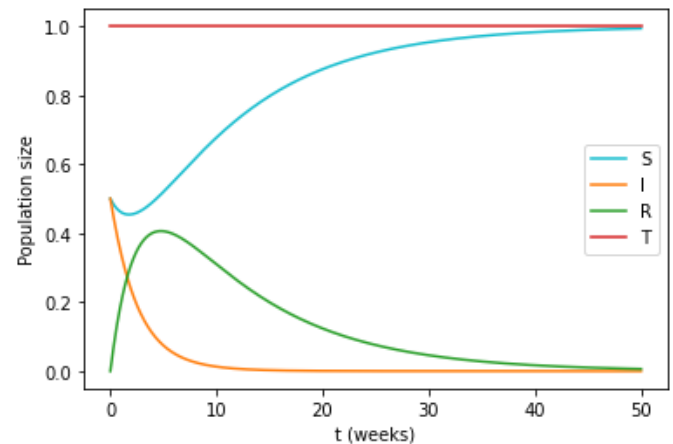
Más abajo asignamos los valores de  $R_0$  que corresponde al número reproductivo base Delta como la tasa de recuperación de los individuos correspondiente a dos semanas

Beta que es resultante de multiplicar el número reproductivo base por la tasa de recuperación.

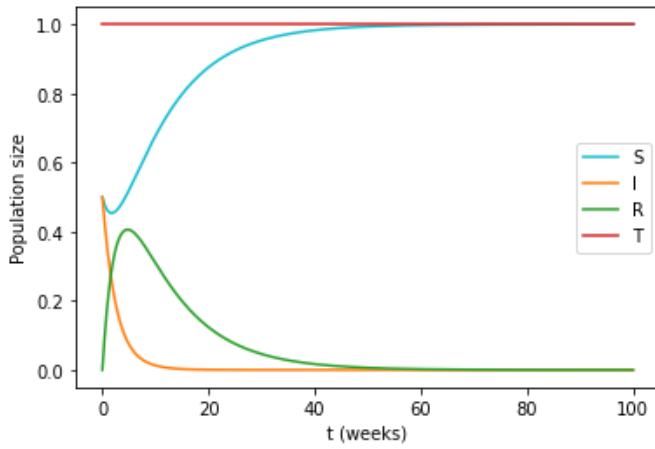
Epsilon la tasa de reinfección como diez semanas.



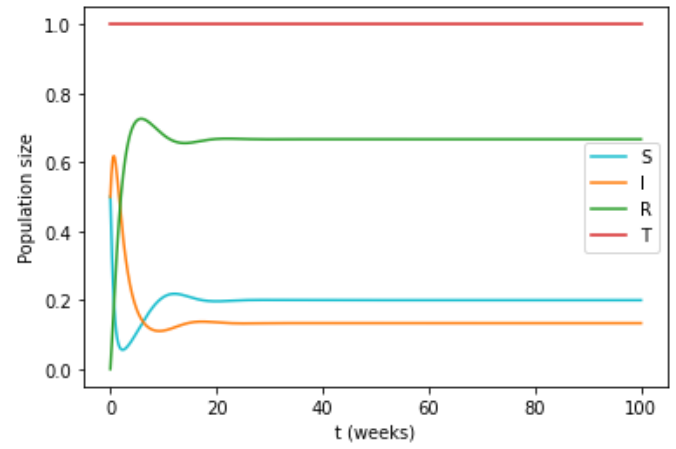
El grafico anterior nos muestra el comportamiento de las poblaciones dentro de un plazo de cinco semanas, por lo cual no se puede apreciar del todo el comportamiento del modelo.



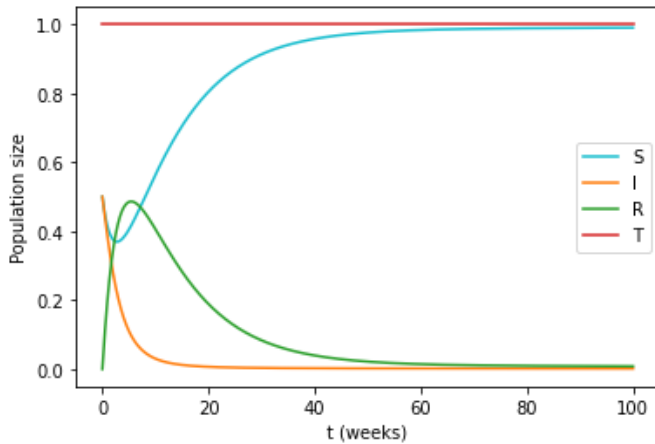
Al aumentar a cincuenta semanas el tiempo de observación podemos apreciar mejor el comportamiento de las poblaciones.



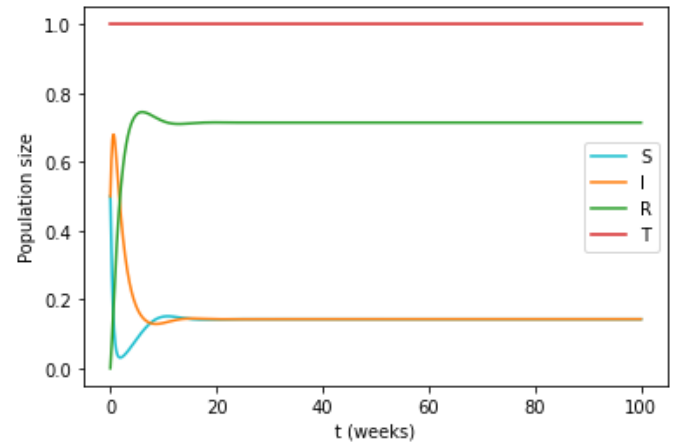
Finalmente tenemos el sistema observado en cien semanas con un  $R_0 = 0.5$



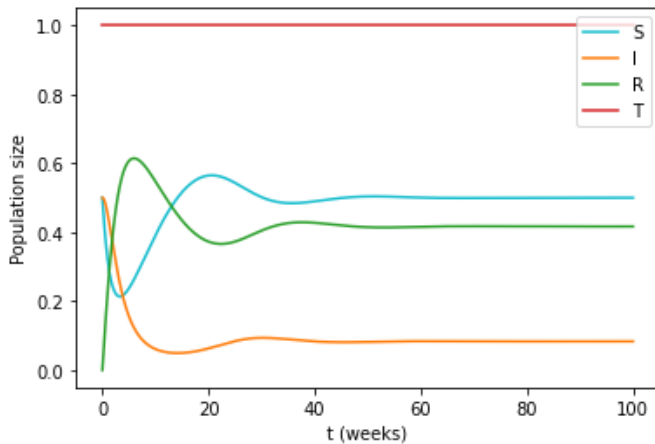
Tenemos el sistema observado en cien semanas con un  $R_0 = 5$



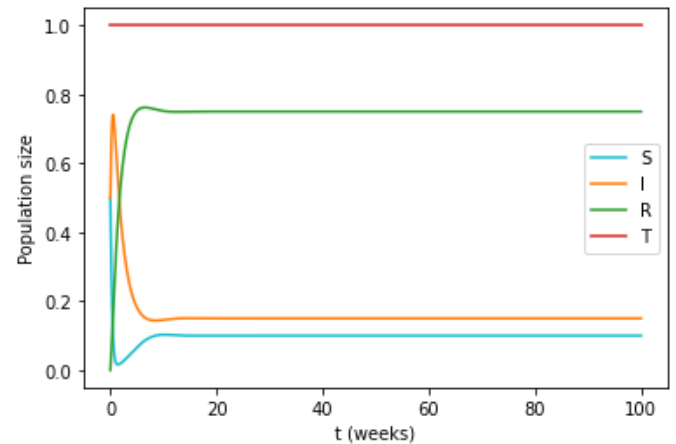
Tenemos el sistema observado en cien semanas con un  $R_0 = 1$



Tenemos el sistema observado en cien semanas con un  $R_0 = 7$



Tenemos el sistema observado en cien semanas con un  $R_0 = 2$



Tenemos el sistema observado en cien semanas con un  $R_0 = 10$

Como se puede observar en los gráficos anteriores a partir de un  $R_0$  mayor a 1 comenzamos a tener cambios notables en las poblaciones, el número de personas susceptibles baja y hay un pico muy alto de infecciosos los primeros años después el comportamiento llega a un punto en el que habrá una población constante de recuperados, susceptibles e infecciosos predominando la de recuperados y dependiendo susceptibles e infecciosos de  $R_0$  para tener una población mayor que el otro. Podemos observar que la enfermedad llega a un estado endémico lo cual quiere decir que está presente en todo momento pero serán pocos los casos al igual que los susceptibles.

Ahora nos podemos plantear una pregunta diferente para enriquecer a nuestro modelo y ver las diferentes interacciones en las poblaciones.

Si la pregunta planteada es ¿Que tanto nos puede ayudar una vacuna a controlar las poblaciones de enfermos? A esta pregunta tendríamos que agregar un flujo que iría de las personas “Susceptibles” a la población “Recuperados” ya que estos no se podrían infectar en un cierto periodo de tiempo que depende de la tasa en la cual nos protege esta vacuna.

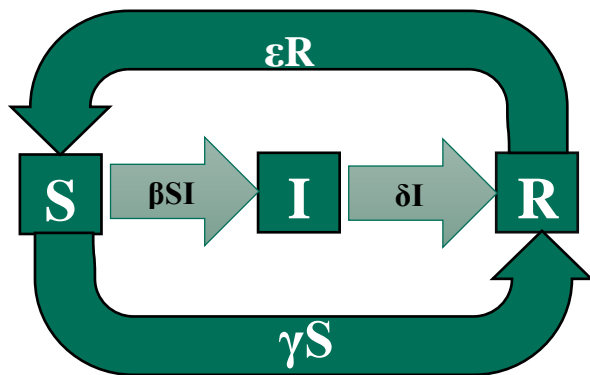


Figura 2.- Este esquema nos representaría el flujo que se le agregaría a nuestro sistema considerando así que un esquema de vacunación nos protege y no pasamos por la población de infecciosos

Por lo tanto tenemos las siguientes ecuaciones diferenciales que describen el esquema de la Figura 2 como:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta SI + \epsilon R - \gamma S \\ \dot{I} &= \beta SI + \delta I \\ \dot{R} &= \delta I - \epsilon R + \gamma S\end{aligned}$$

Con las ecuaciones susceptibles e Infecciosos independientes de la tercera tenemos:

$$\begin{aligned}\dot{S} &= -\beta SI + \epsilon(P - S - I) - \gamma S \\ \dot{I} &= \beta SI + \delta I = (\beta S - \delta)I\end{aligned}$$

Ahora normalizaremos las ecuaciones:

$$\begin{aligned}\dot{s} &= -\beta Psi + \epsilon(1 - s - i) - \gamma s \\ i &= (\beta Ps - \delta)i\end{aligned}$$

Considerando:

$$\begin{aligned}t' &= \delta t \\ \frac{d}{dt} &= \delta \frac{d}{dt'} \\ R_0 &= \frac{\beta P}{\delta}\end{aligned}$$

Ya normalizadas quedan así las ecuaciones:

$$s' = -R_0 si + \frac{\epsilon}{\delta}(1 - s - i) - \frac{\gamma s}{\delta}$$

$$i' = (R_0 s - 1)i$$

$$\begin{aligned}\dot{s} &= -R_0 si + \frac{\epsilon}{\delta}(1 - s - i) - \frac{\gamma s}{\delta} = 0 \\ i &= (R_0 s - 1)i = 0\end{aligned}$$

Obtenemos

$$\begin{aligned}i &= 0 \\ R_0 s - 1 &= 0 \therefore s = 1/R_0\end{aligned}$$

Por lo que cuando  $i = 0$

$$\dot{s} = \frac{\varepsilon}{\delta}(1-s) - \frac{\gamma s}{\delta} = 0$$

$$\dot{s} = \frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\varepsilon s}{\delta} - \frac{\gamma s}{\delta} = 0$$

$$\dot{s} = \frac{1}{\delta}(\varepsilon - \varepsilon s - \gamma s) = 0 \therefore s = \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \gamma}$$

Obtenemos el primer estado estacionario con valores de

$$i^* = 0$$

$$s^* = s = \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \gamma}$$

Cuando  $s = 1/R_0$

$$\dot{s} = -R_0 \frac{1}{R_0} i + \frac{\varepsilon}{\delta} \left(1 - \frac{1}{R_0} - i\right) - \frac{\gamma}{\delta R_0} = 0$$

$$\dot{s} = \frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\varepsilon}{\delta R_0} - \frac{\gamma}{\delta R_0} - i \left(\frac{\varepsilon}{\delta} + 1\right) = 0$$

$$i = \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon - \gamma}{R_0 \varepsilon + R_0 \delta}$$

Visto lo anterior el segundo estado estacionario quedara como:

$$s^* = 1/R_0$$

$$i^* = \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon - \gamma}{R_0 \varepsilon + R_0 \delta}$$

Al hacer el análisis de estabilidad del sistema obtenemos tenemos lo siguiente:

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} R_0 i - \frac{\gamma}{\delta} & -\frac{\varepsilon}{\delta} - R_0 s \\ R_0 i & R_0 s - 1 \end{pmatrix}$$

Obtenemos la Traza y el determinante del primer estado estacionario:

$$i^* = 0$$

$$s^* = s = \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \gamma}$$

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\gamma}{\delta} & -\frac{\varepsilon}{\delta} - R_0 \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \gamma} \\ 0 & R_0 \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \gamma} - 1 \end{pmatrix}$$

$$T = \left(-\frac{\varepsilon - \gamma}{\delta}\right) + \left(\frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon + \gamma}{\varepsilon + \gamma}\right)$$

$$\Delta = \left(-\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{\gamma}{\delta}\right) \left(\frac{R_0 \varepsilon}{\varepsilon + \gamma} - 1\right)$$

Ahora obtenemos la Traza y el determinante del segundo estado estacionario:

$$s^* = 1/R_0$$

$$i^* = \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon - \gamma}{R_0 (\varepsilon + \delta)}$$

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} - \left(\frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon - \gamma}{(\varepsilon + \delta)}\right) - \frac{\gamma}{\delta} & -\frac{\varepsilon}{\delta} - 1 \\ \left(\frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon - \gamma}{(\varepsilon + \delta)}\right) & 0 \end{pmatrix}$$

$$T = -\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{R_0 \varepsilon - \varepsilon - \gamma}{(\varepsilon + \delta)} - \frac{\gamma}{\delta}$$

$$\Delta = \left(\frac{-R_0 \varepsilon + \varepsilon + \gamma}{(\varepsilon + \delta)}\right) \left(\frac{\varepsilon + \delta}{\delta}\right)$$

Observemos ahora el comportamiento en una simulación:

```
import numpy as np

import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import odeint

def SIR_VA(u, t, beta, delta, epsilon, gamma):
    du = np.zeros(3)
    du[0] = - beta*u[0]*u[1] + epsilon*u[2] - gamma*
a*u[0]
    du[1] = beta * u[0]*u[1] - delta * u[1]
    du[2] = delta * u[1] - epsilon*u[2] + gamma*u[
0]
    return du
```

```
R0 = 10

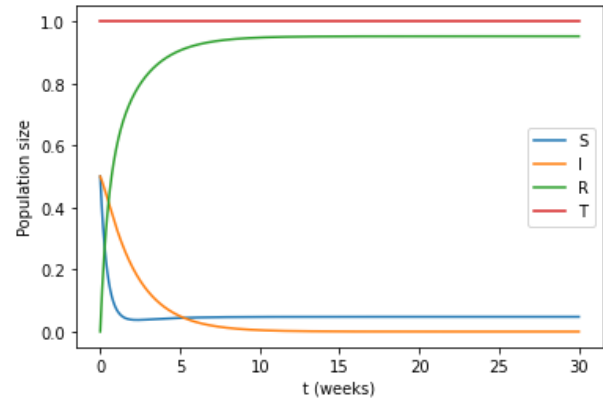
delta = 1/2
beta = (R0 * delta)
epsilon = 1/10
gamma = 2

t = np.linspace(0, 100, 1000)

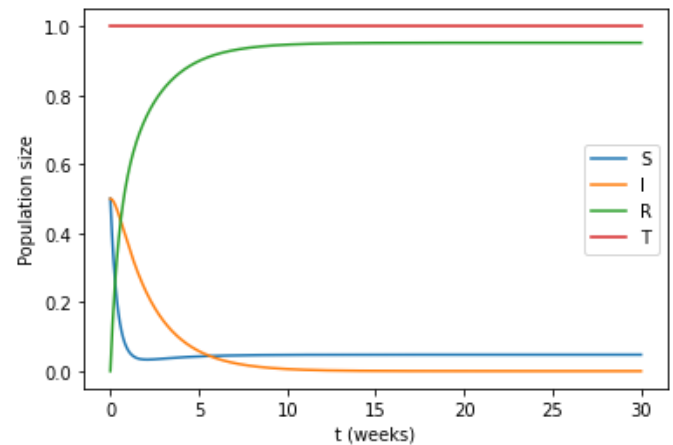
u = odeint(SIR_VA, [.5, .5, 0], t, args=(beta, delta, epsilon, gamma))

plt.plot(t, u[:,0], color='C0', label="S")
plt.plot(t, u[:,1], color='C1', label="I")
plt.plot(t, u[:,2], color='C2', label="R")
plt.plot(t, np.sum(u, axis=1), color='C3', label="T")
plt.legend()
plt.xlabel("t (weeks)")
plt.ylabel("Population size")

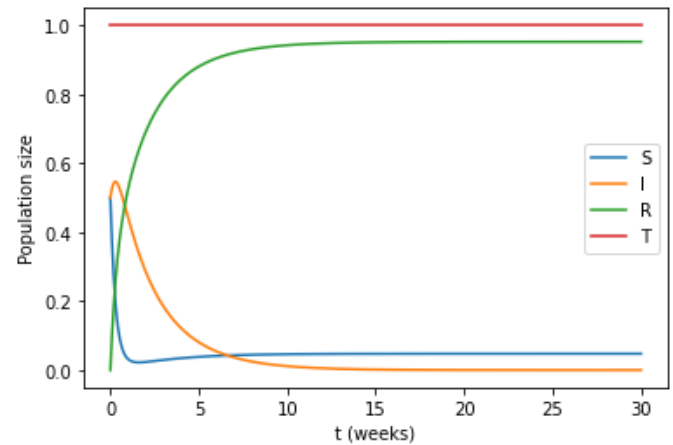
u0 = u[-1]
```



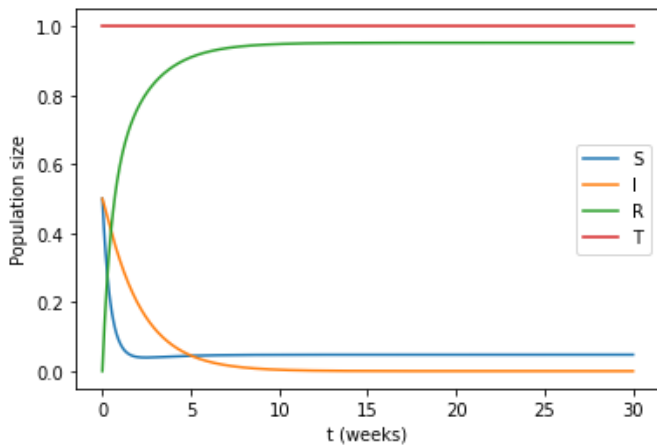
Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 1$



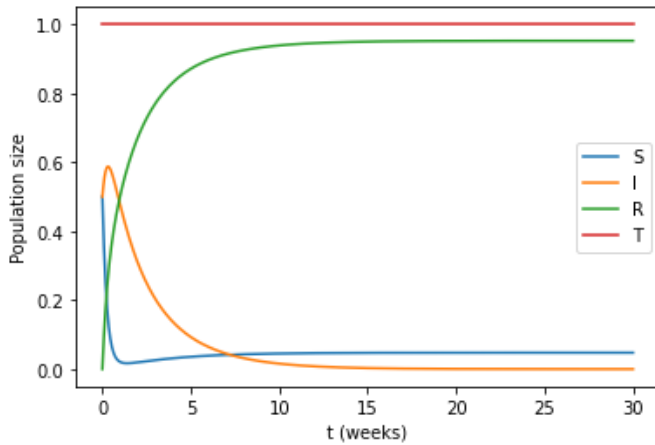
Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 2$



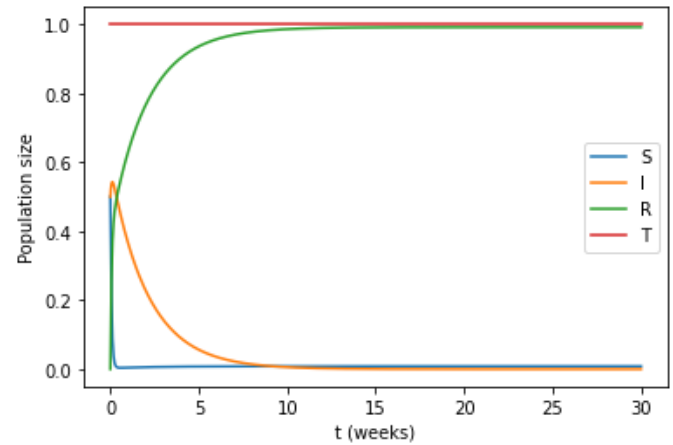
Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 5$



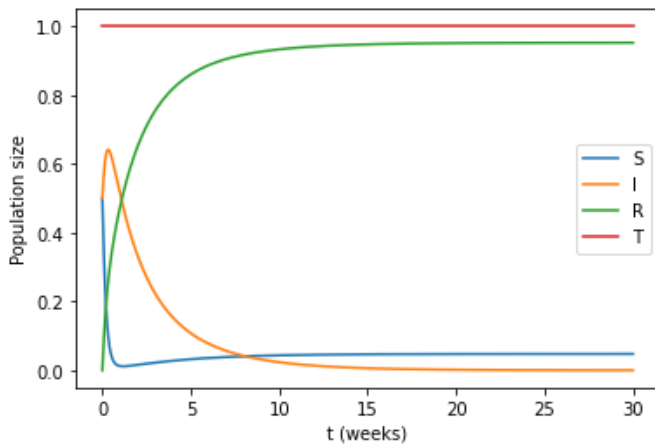
Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 0.5$



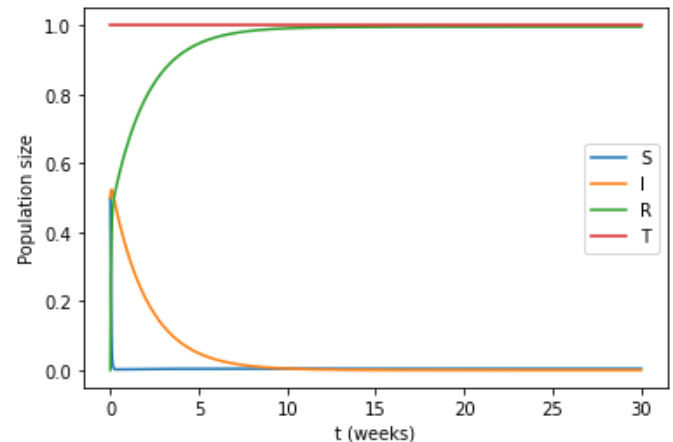
Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 7$



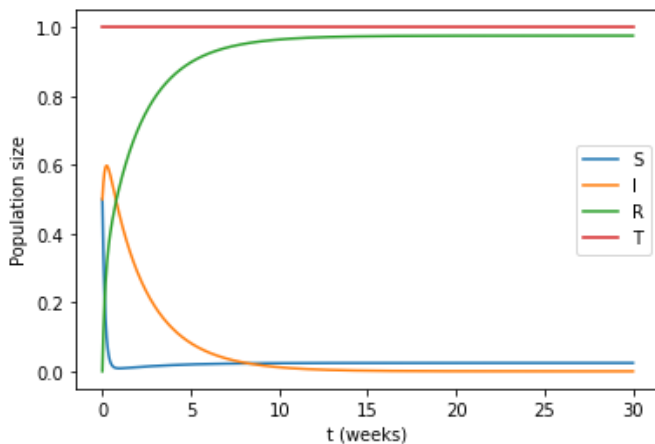
Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 10$  con un  $\gamma = 12$  semanas



Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 10$



Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 10$  con un  $\gamma = 24$  semanas



Tenemos el sistema observado en treinta semanas con un  $R_0 = 10$  con un  $\gamma = 4$  semanas

Como podemos observar la vacunación en todos los casos nos disminuye la población del grupo de infecciosos en los primeros diez años llegando después de este periodo a una población endémica de infecciosos pero menor a la de susceptibles. Igual mente el número reproductivo base nos presenta un pico de infecciosos durante los primeros años el cual se ve reducido dependiendo de cuanto tiempo de inmunidad nos dé  $\gamma$ .

Como conclusión podemos observar diferentes comportamientos en un sistema cerrado de dinámica de poblaciones para epidemias todo esto dependerá



de las preguntas que nos planteemos, para así poder ir refinando que medidas emplear o acentuar para llegar a un mejor resultado esperado.

#### Bibliografía

L. Glass, J. M. (2002). *Mathematical Biology*. New York  
Berlin Heidelberg: Springer-Verlag.