



Modelización del Covid-19 con Ecuaciones Diferenciales

Gadvay Yambay, Edison Roberto

Vicerrectorado de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología

Centro de Posgrados

Maestría en Enseñanza de la Matemática

Trabajo de titulación previo a la obtención del título de Magíster en Enseñanza de la
Matemática

Ing. Albuja Proaño, Guillermo Alexis. PhD














09 de enero de 2023



Document Information

Analyzed document	Tesis_ESPE_EG_MEMAT_7ed_APA-signed-signed.pdf (D155096151)
Submitted	2023-01-07 18:14:00
Submitted by	Fredy Naranjo
Submitter email	fnaranjo@uotavalo.edu.ec
Similarity	2%
Analysis address	fnaranjo.otavalo@analysis.arkund.com

Sources included in the report

W	URL: https://www.fundacionazara.org.ar/img/libros/modelos-matematicos.pdf Fetched: 2023-01-07 18:16:00	 3
SA	TrabajoTitulacion_KEspiniza_LTobar_UG_FCMF_CISC_2017C1.docx Document TrabajoTitulacion_KEspiniza_LTobar_UG_FCMF_CISC_2017C1.docx (D31880802)	 4
W	URL: https://www.fcfm.buap.mx/assets/docs/publicaciones/Modeliza.pdf Fetched: 2023-01-07 18:16:00	 1
SA	Proyecto de matemática.pdf Document Proyecto de matemática.pdf (D142875889)	 1
SA	1599089441_338__Proyecto_final_Ecuaciones_diferenciales.pdf Document 1599089441_338__Proyecto_final_Ecuaciones_diferenciales.pdf (D80083137)	 1
SA	submission.pdf Document submission.pdf (D123878853)	 1
W	URL: https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01340008v5/file/2012JMB2_es.pdf Fetched: 2023-01-07 18:16:00	 1
W	URL: https://www.academia.edu/14793157/Ecuaciones_diferenciales_y_sus_aplicaciones_M_Bra Fetched: 2023-01-07 18:16:00	 1
SA	Memoria_TFG_Garrido_Tomas.pdf Document Memoria_TFG_Garrido_Tomas.pdf (D112122567)	 1
W	URL: https://www.academia.edu/10463072/Calculo_una_variable_11vo_edicic3b3n_george_b_thomas Fetched: 2023-01-07 18:17:00	 1
SA	1606713802_765__Proyecto_Calculo_Vectorial.pdf Document 1606713802_765__Proyecto_Calculo_Vectorial.pdf (D87184519)	 1
SA	Sobre un modelo discreto.docx Document Sobre un modelo discreto.docx (D140546335)	 1
W	URL: http://arxiv.org/abs/1012.5035 Fetched: 2023-01-07 18:17:00	 1

Ing. Albuja Proaño, Guillermo Alexis. PhD

C.C.: 171245406-3



Vicerrectorado de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología

Centro de Posgrados

Certificación

Certifico que el trabajo de titulación, **“Modelización del Covid-19 con Ecuaciones Diferenciales”** fue realizado por el señor **Gadvay Yambay, Edison Roberto**; el mismo que ha sido revisado y analizado en su totalidad, por la herramienta de verificación de similitud de contenido; por lo tanto cumple con los requisitos legales, teóricos, científicos, técnicos y metodológicos establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, razón por la cual me permito acreditar y autorizar para que lo sustente públicamente.

Sangolquí, 09 de enero del 2023

Ing. Albuja Proaño, Guillermo Alexis. PhD

C.C.: 171245406-3



Vicerrectorado de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología

Centro de Posgrados

Responsabilidad de Autoría

Yo **Gadvay Yambay, Edison Roberto**, con cédula de ciudadanía n° 0702229204, declaro que el contenido, ideas y criterios del trabajo de titulación: **“Modelización del Covid-19 con Ecuaciones Diferenciales”** es de mi autoría y responsabilidad, cumpliendo con los requisitos legales, teóricos, científicos, técnicos y metodológicos establecidos por la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE, respetando los derechos intelectuales de terceros y referenciando las citas bibliográficas.

Sangolquí, 09 de enero del 2023

Gadvay Yambay, Edison Roberto

C.C.: 0702229204



Vicerrectorado de Investigación, Innovación y Transferencia de Tecnología

Centro de Posgrados

Autorización de Publicación

Yo **Gadvay Yambay Edison Roberto**, con cédula de ciudadanía n° 0702229204, autorizo a la Universidad de las Fuerzas Armadas ESPE publicar el trabajo de titulación: **Modelización del Covid-19 con Ecuaciones Diferenciales**, en el Repositorio Institucional, cuyo contenido, ideas y criterios son de mi responsabilidad

Sangolquí, 09 de enero del 2023

Edison Roberto, Gadvay Yambay

C.C.: 0702229204

Dedicatoria

Al ser supremo **Dios**, por permitirme un despertar cada día, a la memoria de mi **padre** Francisco Gadvay un ser admirable que ha falta de preparación lo reemplazó con sabiduría con sobra de merecimientos a mi querida **madre** y mi familia.

Agradecimiento

En primer lugar, al ser divino Dios, por permitirme un despertar cada día y así poder afrontar los retos de la vida entre ellos culminar esta maestría.

Al director de mi trabajo de titulación PhD. Guillermo Alexis Albuja Proaño por sus aportes y directrices intelectuales desinteresadas, muy valiosas y fundamentales para construir el presente trabajo de titulación.

Al estimado amigo coordinador de la maestría M.Sc. Patricio Pugarín Días.

A mis padres, Francisco Gadvay que desde el cielo guía mis pasos, mi querida madre Eliza Yambay que en todo momento me ha brindado su amor y apoyo.

A mis sobrinos por brindarme las alegrías con sus ocurrencias en especial a Diego, hermanos en especial Hugo, Katty, Gaby y mi familia.

Índice de contenidos

Carátula.....	1
Reporte de verificación de contenido	2
Certificación	3
Responsabilidad de Autoría	4
Autorización de Publicación	5
Resumen.....	17
Abstract.....	19
Capítulo I.....	20
El Problema.....	20
Antecedentes	20
Planteamiento del problema.....	22
Formulación del problema	22
Justificación e importancia.....	22
Objetivos	23
Objetivo general.....	23
Objetivos específicos	23
Capítulo II.....	24
Estado del arte y marco teórico.....	24
Estado del arte.....	24
Marco teórico	26

Marco conceptual.....	27
Rapidez de variación	27
Modelaje matemático.....	28
Modelos matemáticos.....	28
Tipos de modelos.....	29
Modelos epidemiológicos	30
Modelo SIR	30
Ecuaciones diferenciales modelo SIR	32
Capítulo III.....	35
Modelo SIR	35
Introducción.....	35
Hipótesis del modelo SIR	35
Ecuaciones diferenciales ordinarias del modelo SIR.....	36
Formulación del modelo	36
Conceptos preliminares	38
Teorema: Entorno de un punto.....	38
Teorema: Entorno reducido de un punto.....	38
Teorema: Punto de acumulación.....	39
Teorema: Definición formal de límite (George, 2006, p. 92).....	39
Teorema: Definición función continua (Hernández, 2013)	40
Teorema: Continuidad en un intervalo $[a, b]$ (Hernández, 2013)	40

	10
Teorema: Definición función Lipschitziana (Escobar, 2009).....	41
Teorema: Existencia y unicidad (Picard - Lindelóf) (Espinosa et al., 2010, p. 32).....	41
Teorema: Valor intermedio para integrales (Larson et al., 2001, p. 318).....	41
Teorema: Acotamiento (Purcell et al., 2007, p. 236)	43
Teorema: Estabilidad de sistemas lineales (Braun, 1990, p. 373)	43
Teorema: Estabilidad de sistemas no lineales (Braun, 1990, p. 381).....	44
Teorema: Liapunov (Escobar, 2009, p. 312), (Simmos, 1998, p. 490), (Bravo Yuste, 2005, p. 311)	45
Función de Liapunov.	46
Criterio de Liapunov (Maria & Bernis, 2013)	46
Estudio de existencia y unicidad de soluciones modelo SIR.....	46
Teorema: PVI similar $S'(t)$	47
Teorema: PVI similar $I'(t)$	48
Capítulo IV	49
Estudio analítico modelo SIR	49
Estudio de monotonía de la derivada como función	50
Estudio de los límites de $S(t), I(t), R(t)$:	50
Estudio del teorema del umbral en epidemiología (Braun, 1990, p. 451)	52
Teorema del umbral en epidemiología (Braun, 1990, p. 453)	54
Estudio de los puntos críticos y estabilidad del modelo SIR	55
Puntos críticos del modelo SIR	55
Estabilidad del modelo SIR.....	56

	11
Deducción de solución analítica paramétrica para el modelo SIR	58
Capítulo V	67
Validación, calibración y aplicación del modelo SIR con datos reales en epidemias de corta duración	67
Epidemia de influenza en internado inglés 1978	67
Tasa de infección (β)	68
Taza de retiro (γ)	69
Validación del modelo	70
Calibración del modelo	74
Capítulo VI	78
Calibración y aplicación del modelo SIR explícito con datos reales del Covid-19	78
Epidemia Covid-19 México	78
Validación del modelo	78
Calibración del modelo	81
Epidemia Covid-19 Colombia	83
Calibración del modelo	83
Epidemia Covid-19 Ecuador	86
Calibración del modelo	87
CAPÍTULO VII	91
Modelo SIR con dinámica vital	91
Introducción	91
Formulación del modelo	91

	12
Estudio analítico modelo SIR con dinámica vital	92
Estudio de existencia y unicidad de soluciones modelo SIR con dinámica vital.....	93
Estudio de los puntos críticos y estabilidad del modelo SIR con dinámica vital	95
Puntos críticos $PcSc$, Ic , del modelo SIR con dinámica vital	95
Estabilidad del modelo SIR con dinámica vital	95
Teorema endémico, no endémico del modelo SIR con dinámica vital.....	99
Aplicación del modelo SIR con dinámica vital.....	100
Aplicación del modelo SIR con dinámica vital al Covid-19 México	102
Capítulo VIII	104
Modelo SIR con dinámica vital incluyendo la vacunación	104
Introducción.....	104
Formulación del modelo	104
Estudio analítico modelo SIR con dinámica vital y vacunación	105
Estudio de existencia y unicidad de soluciones modelo SIR con dinámica vital y vacunación	105
Puntos críticos y estabilidad del modelo SIR con dinámica vital y vacunación	106
Estudio de los puntos críticos del modelo SIR con dinámica vital y vacunación	106
Estudio de estabilidad del modelo SIR con dinámica vital y vacunación	107
Teorema endémico, no endémico del modelo SIR con dinámica vital y vacunación	112
Aplicación del modelo SIR con dinámica vital y vacunación	112
Capítulo IX	118
Conclusiones y recomendaciones.....	118

Conclusiones.....	118
Recomendaciones	120

Índice de tablas

Tabla 1 <i>Número diario de estudiantes infectados por la influenza</i>	67
Tabla 2 <i>Modelo SIR solución numérica y explícita, epidemia de influenza en el internado Ingles 1978</i>	73
Tabla 3 <i>Datos del modelo explícito SIR con ajustes vs datos reales</i>	76
Tabla 4 <i>Datos de Ecuador del Covid-19 periodo 29/02/2020 – 31/03/2020</i>	86

Índice de figuras

Figura 1 <i>Gráfico de ecuaciones diferenciales modelo SIR</i>	37
Figura 2 <i>Entorno de un punto</i>	38
Figura 3 <i>Entorno reducido de un punto</i>	39
Figura 4 <i>Límites de una función</i>	40
Figura 5 <i>Valor intermedio para integrales</i>	42
Figura 6 <i>Función acotada</i>	43
Figura 7 <i>Solución conjunta del Modelo SIR, solución numérica, paramétrica y explícita</i>	72
Figura 8 <i>Modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de los individuos infectados</i>	74
Figura 9 <i>Solución del modelo explícito SIR con ajustes versus datos infectados reales</i>	75
Figura 10 <i>Plano Fase S-I del modelo SIR explícito de la epidemia de influenza en internado inglés 1978</i>	77
Figura 11 <i>Solución conjunta del modelo SIR Covid-19, solución numérica, paramétrica y explícita</i>	79
Figura 12 <i>Solución del modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de México</i>	80
Figura 13 <i>Solución del modelo explícito SIR infectados de México versus datos reales</i>	81
Figura 14 <i>Solución del modelo explícito SIR retirados de México versus datos reales</i>	82
Figura 15 <i>Solución del modelo explícito SIR confirmados de México versus datos reales</i>	82
Figura 16 <i>Solución del modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de Colombia</i>	83
Figura 17 <i>Solución del modelo explícito SIR infectados de Colombia versus datos reales</i>	84
Figura 18 <i>Solución del modelo explícito SIR retirados de Colombia versus datos reales</i>	85
Figura 19 <i>Solución del modelo explícito SIR confirmados de Colombia versus datos reales</i> ...	85
Figura 20 <i>Solución del modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de Ecuador</i>	88
Figura 21 <i>Solución del modelo explícito SIR infectados de Ecuador versus datos reales</i>	89
Figura 22 <i>Solución del modelo explícito SIR retirados de Ecuador versus datos reales</i>	90
Figura 23 <i>Solución modelo explícito SIR confirmados de Ecuador versus datos reales</i>	90

Figura 24 <i>Modelo SIR con dinámica vital, epidemia de influenza del internado inglés de 1978</i>	
.....	100
Figura 25 <i>Plano fase S-I del modelo SIR con dinámica vital</i>	101
Figura 26 <i>Modelo SIR con dinámica vital México</i>	103
Figura 27 <i>Solución numérica del modelo SIR con dinámica vital y vacunación, enfermedad no endémica</i>	113
Figura 28 <i>Plano fase S-I modelo SIR con dinámica vital y vacunación, enfermedad Influenza no endémica</i>	114
Figura 29 <i>Plano Fase Modelo SIR endémico con dinámica vital y vacunación</i>	116
Figura 30 <i>Solución numérica del modelo SIR endémico con dinámica vital y vacunación</i>	116

Resumen

El estudio de epidemias desde la antigüedad es un área que ha despertado gran interés, la historia de la humanidad ha sido marcada por grandes epidemias como viruela, peste negra, sarampión, sida, cólera, ébola etc. Actualmente la humanidad está siendo azotada por un brote epidémico, que es un nuevo tipo de pulmonía tiene su origen en China en Wuhan (provincia de Hubei), la Organización Mundial de la Salud ante el incremento en número de casos en China y en todo el mundo declara el brote epidémico del nuevo coronavirus Sars-CoV-2 pandemia mundial el 30 de enero 2020. La misma que ha captado la atención de la comunidad científica a nivel mundial el síndrome respiratorio agudo severo causado por el virus 2019-nCoV o Sars-CoV-2, da como resultado una morbilidad y mortalidad sustanciales. Los coronavirus pueden producir enfermedades en humanos y animales, son una amplia familia de virus, su afectación en humanos se traduce en infecciones respiratorias que suelen presentar desde cuadros de resfriado común o enfermedades graves como el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS) y el síndrome respiratorio agudo severo (SRAS). El coronavirus descubierto recientemente causa la enfermedad COVID-19.

El comprender la dinámica de la epidemia, permite evaluar el efecto de las medidas de restricción. Así mismo permiten diseñar nuevas medidas que pueden ser aplicadas con el fin de combatir el brote epidemiológico. La modelización matemática es una herramienta que se utiliza cada vez más en epidemiología. Este trabajo se desarrolla la solución explícita del modelo SIR, y modelamos el desarrollo de epidemias de corta duración y más extensas como del COVID-19 en etapas tempranas, aplicando la solución explícita del sistema de ecuaciones diferenciales modelo SIR introducido en 1927 por Kermack y McKendrick, y sus variantes más conocidas para predecir la propagación de enfermedades infecciosas en una población, tanto desde el punto de vista teórico como computacional. La información sobre el Corona Virus se obtuvieron de base de datos de la Universidad Johns Hopkins (Universidad Johns Hopkins, 2020).

Palabras clave: COVID-19, epidemia, pandemia, coronavirus, morbilidad, ecuaciones diferenciales, determinista, compartimental, Susceptibles(S), Infectados (I), Retirados (R)

Abstract

The study of epidemics since ancient times is an area that has aroused great interest, the history of mankind has been marked by major epidemics such as smallpox, black plague, measles, AIDS, cholera, Ebola etc. Currently humanity is being hit by an epidemic outbreak, which is a new type of pneumonia originating in China in Wuhan (Hubei province), the World Health Organization, in view of the increase in the number of cases in China and worldwide, declares the epidemic outbreak of the new coronavirus Sars-CoV-2 a global pandemic on January 30, 2020. The severe acute respiratory syndrome caused by the 2019-nCoV or Sars-CoV-2 virus, which has captured the attention of the scientific community worldwide, results in substantial morbidity and mortality. Coronaviruses can cause disease in humans and animals, they are a large family of viruses, their involvement in humans results in respiratory infections that often present from the common cold to severe illnesses such as Middle East respiratory syndrome (MERS) and severe acute respiratory syndrome (SARS). The recently discovered coronavirus causes COVID-19 disease.

Understanding the dynamics of the epidemic allows us to evaluate the effect of restriction measures. It also allows the design of new measures that can be applied to combat the epidemiological outbreak. Mathematical modeling is a tool that is increasingly used in epidemiology. this work develops the explicit solution of the SIR model, and we model the development of short-lived and larger epidemics such as COVID – 19 in early stages, applying the explicit solution of the system of differential equations SIR model introduced in 1927 by Kermack and McKendrick, and its most known variants to predict the spread of infectious diseases in a population, both from a theoretical and computational point of view. Information on Corona Virus was obtained from the Johns Hopkins University database (Universidad Johns Hopkins, 2020).

Keywords: COVID-19, epidemic, pandemic, coronavirus, morbidity, differential equations, deterministic, compartmental, Susceptible(S), Infected (I), Recalled (R)

Capítulo I

El Problema

Antecedentes

A lo largo de la historia la humanidad ha sufrido el azote de diversas enfermedades como Viruela, Peste negra, Sarampión, Sida, Cólera, Ébola, SARS, MERS etc. Las cuales se extendieron rápidamente produciendo epidemias y pandemias dejando a su paso un gran número de muertos.

Actualmente la humanidad está sufriendo los embates de una nueva epidemia, enfermedad causada por un nuevo tipo de coronavirus, que reciben su nombre debido a la vaga semejanza con las coronas monárquicas cuando se muestran con un microscopio electrónico, los mismos son una extensa familia de virus que pueden causar enfermedades en seres humanos como en animales. En humanos, se sabe que varios coronavirus causan infecciones respiratorias que pueden ir desde el resfriado común hasta enfermedades más graves como el síndrome respiratorio de Oriente Medio (MERS) y el síndrome respiratorio agudo severo (SRAS), el descubierto recientemente causa la enfermedad por coronavirus Covid-19 (Organización Mundial de la Salud, 2020).

En China, en diciembre del 2019 en la ciudad de Wuhan se registró el primer caso de este nuevo tipo de neumonía. El Comité Internacional de Taxonomía de Virus ICTV, de acuerdo con su terminología utilizada, llamo formalmente Covid-19 a la enfermedad causada por el virus 2019-nCoV o SARS-CoV-2 (Peng et al., 2020). Hasta la presente fecha a nivel mundial según datos de la página web: covid19.who.int/ de la Organización Mundial De la salud (OMS) se han reportado cerca de 24'000.000 de casos confirmados y más de 800.000 fallecidos en todo el mundo (World Health Organization, 2020).

El tópico sobre el COVID-19 ha sido muy estudiado desde el inicio de la epidemia en Europa y Asia, el 9 de febrero de 2020 se conoció el primer caso en Latinoamérica en Brasil. Un turista de 69 años que venía del norte de Italia de la región de Lombardía (Since January

2020 Elsevier Has Created a COVID-19 Resource Centre with Free Information in English and Mandarin on the Novel Coronavirus COVID- 19 . The COVID-19 Resource Centre Is Hosted on Elsevier Connect, the Company's Public News and Information We, 2020).

En la actualidad Ecuador, registra hasta el 19 de mayo del 2022, más de 873609 contagios y 35613 muertes relacionadas al SARS- CoV-2. El primer caso se declaró el 29 de Febrero del 2020, Ecuatoriana de 71 años residente en España, la ciudadana arribo al país el 14 de febrero de 2020 desde la región de torrejón España, días más tarde presento síntomas de la enfermedad (Ministerio de Salud Publica Ecuador, 2020).

Con el objetivo de entender de mejor manera el desarrollo del brote epidémico, el modelamiento matemático, se presenta como alternativa al momento de simular el desarrollo epidémico. De tal manera que sea posible estimar el comportamiento del mismo, esto con el fin de generar estrategias para su contención, seguimiento y mitigación (Ferrández et al., 2020).

D´Alembert fue el primero en describir la propagación de enfermedades infecciosas mediante un modelo matemático en el siglo XVIII (Montesinos & Hernandez, 2007) sin embargo fue en 1760 que se conoce la publicación del primer artículo de un modelo matemático explícito para enfermedades infecciosas. El documento lo publicó Daniel Bernoulli (1700-82), de nacionalidad suiza-holandesa, tenía conocimientos médicos, matemáticos, Estadísticos y Físicos, propuso varios modelos matemáticos en ecuaciones diferenciales para modelar algunas enfermedades infecciosas, uno de ellos el modelo para los efectos de la vacunación contra la viruela (Montesinos & Hernandez, 2007), (Curth de Torres, 2015).

Se considera que la teoría de la epidemiología moderna inicia en el siglo XX cuando el famoso epidemiólogo y mariólogo Sir Ronald Ross (1857-1932), desarrolló y explicó el ciclo completo de la malaria humana, con la inclusión del mosquito como vector y el parásito Plasmodium; esto le valió la obtención del premio Nobel de Fisiología o Medicina en 1902. Ross sostenía que las bases de la epidemiología debían ser analíticas, lo cual permitiría responder muchas preguntas (Curth de Torres, 2015), (Magro Garcia, 2016).

Kermack y McKendrick (Kermack & McKendrick, 1927) en su investigación “A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics”, realizado durante el periodo de 1927 a 1939. Consideraron las enfermedades endémicas y diversos hallazgos interesantes se relacionan en datos experimentales con ratones. El resultado excepcional fue el célebre teorema umbral (Braun, 1990), (Garcia, 2014), (Sanz, 2016), según el cual la introducción de individuos infecciosos dentro de una población de susceptibles podía originar una epidemia sólo si la densidad de susceptibles rebasa un cierto valor crítico o umbral. Habrá brote epidémico si se sobrepasa el valor del umbral, en otro caso la epidemia desaparece.

Planteamiento del problema

De acuerdo con datos de la Organización mundial de la Salud (OMS) la pandemia COVID-19, causada por el virus 2019-nCoV o SARS-CoV-2, en la presente década es la que más vidas humanas ha cobrado en todo el mundo, esto ha motivado a profesionales de la salud, científicos, matemáticos, estadísticos e informáticos a unir esfuerzos para erradicarlas a través de la búsqueda de la cura o medidas de prevención y control que permitan contenerlas.

Formulación del problema

Como monitorear la epidemia a través de la modelización del Covid-19 con Ecuaciones Diferenciales ayudara al control de la pandemia.

Justificación e importancia

Lamentablemente al inicio de la epidemia, al no existir vacuna, debido a la mutación del virus y métodos eficientes de diagnósticos para combatir esta enfermedad, la prevención basada en Normas de bioseguridad y medidas de cuarentena social constituye intervenciones no farmacológicas, instrumentos que están ayudando a contrarrestar la propagación del virus. Por esa razón, es necesario desarrollar modelos matemáticos que permitan monitorear y predecir la dinámica de transmisión de contagio causado por este nuevo coronavirus.

Objetivos

Objetivo general

Determinar un modelo matemático con Ecuaciones Diferenciales para monitorear la dinámica del comportamiento epidemiológica del Covid-19 en Ecuador.

Objetivos específicos

- Fundamentar teóricamente el desarrollo del Covid-19 como pandemia mundial y su evolución histórica.
- Exponer teóricamente los postulados de ecuaciones diferenciales como herramienta de modelamiento matemático del Covid-19.
- Elaborar el modelo matemático en ecuaciones diferenciales para el Covid-19.
- Obtener la solución explícita del modelo matemático del sistema de ecuaciones diferenciales.
- Proporcionar herramientas de monitoreo, diagnóstico para el Covid-19.
- Obtener y validar un modelo matemático en ecuaciones diferenciales ordinarias para monitorear el Covid-19.

Capítulo II

Estado del arte y marco teórico

Estado del arte

Durante el último año, se incrementaron ampliamente los trabajos investigativos sobre cómo resolver los problemas de epidemiología aplicando modelos matemáticos para monitorear las epidemias, a continuación, se citan algunas de estas investigaciones.

(Vera, 2020) en su trabajo de investigación “Modelación de COVID-19 en Ecuador”, utiliza el modelo SIR como base para las variantes de los modelos SEIR y SEIMR en etapas tempranas, los mismos que son resueltos aplicando métodos numéricos, además incluye el efecto del toque de queda, así como una proyección matemática de los casos que no forman parte de las cifras oficiales.

(Pliego Pliego, 2011) en su investigación describe el proceso seguido, los modelos compartimentales tipo SIR y SIRS que clasifican a la población en susceptibles, infecciosos y recuperado, permite construir modelos matemáticos que considerando las interrelaciones entre las diferentes etapas, así mismo permite un mejor esquema de modelación al construir las ecuaciones respectivas y al realizar el análisis cualitativo respectivo, se pudo establecer que estos modelos están mejor apegados a la dinámica de transmisión de una enfermedad infecciosa.

(Sanz, 2016) en su trabajo de titulación describe la importancia de los modelos matemáticos ya que nos permite monitorear la dinámica epidemiológica de una enfermedad y permite establecer la durabilidad de una epidemia, el número de contagios que puede haber, el efecto que puede producir la vacunación de la población en la transmisión de contagio de la enfermedad.

(Magro Garcia, 2016) en su investigación adapta y aplica el, el modelo epidemiológico determinístico compartimental Be-CoDiS diseñado inicialmente para el Ébola a otra enfermedad, el MERS. Obteniendo muy buenos resultados al estimar la magnitud de una

epidemia, así mismo recomienda considerar las limitaciones del modelo matemático.

En su investigación (García, 2014), estudia el modelo SIR a través de una solución explícita y sus variantes más conocidas para predecir la propagación de enfermedades infecciosas en una población, tanto desde el punto de vista teórico como computacional, modelo epidemiológico introducido en 1927 por Kermack y McKendrick (Kermack & McKendrick, 1927).

El trabajo de investigación realizado por (Castro, 2020) lo realiza aplicando el sistema de ecuaciones diferenciales SIR modelo compartimental, en donde clasifica a la población en tres estados Susceptibles(S), Infectados(I) y recuperados(R), se discretiza la ecuación de la rapidez de variación de los individuos infectados, para garantizar la estabilidad del método, así mismo para calibrar el modelo lo hace con los datos tabulados donde la epidemia ha tenido ya cierta evolución.

En la investigación realizada por (Villalobos Arias, 2020) presenta una propuesta de modelo matemático en ecuaciones diferenciales utilizando la curva logística generalizada o la curva de Gompertz que consiste, en realizar un ajuste de datos que abarque la curva casi completa, así mismo cuando se tengan todos los datos existe una curva del tipo de Gompertz que se ajusta los mismos. Por lo tanto, si tiene la parte baja de la Curva, es decir los primeros valores de la curva, puede obtener los parámetros de la curva, y obtener la curva completa.

Con lo cual puede predecir el crecimiento de la población, en este caso, por ejemplo, el número total de casos por el Covid-19 en un país o región y cuando se llega al punto de inflexión, es decir, momento en que el número de casos diarios empieza a descender.

En el trabajo de investigación (Shabbir et al., 2010) obtienen con éxito una solución exacta para población constante, describen mediante ecuaciones diferenciales no lineales acopladas de un caso particular de modelos epidémicos SIR y SIS dados por Kermack y McKendrick (Kermack & McKendrick, 1927). Donde hacen énfasis que el resultado obtenido no tiene condiciones limitantes para ningún parámetro involucrado en los modelos dados.

En la investigación (Ballesteros et al., 2020) aplica las ecuaciones de Hamilton para determinar una solución exacta de forma cerrada de un modelo epidemiológico determinista compartimental SIR modificado. En este modelo los individuos $S(t)$, $R(t)$ están dadas como funciones logísticas generalizadas, mientras que los individuos $I(t)$ se encuentra como función logística generalizada multiplicada por una exponencial, todas ellas con el mismo tiempo característico, este modelo analiza la dinámica no lineal de este sistema SIR modificado y se realiza el cálculo exacto de algunas magnitudes epidemiológicamente relevantes.

En su trabajo de investigación (Harko et al., 2014), determinan una solución analítica paramétrica exacta para el modelo (SIR), hacen énfasis en que la generalización del modelo SIR, incluidos los nacimientos y las muertes, descrito por un sistema no lineal de ecuaciones diferenciales, se puede reducir a una ecuación de tipo Abel. La solución general de la ecuación de Abel se obtiene mediante un enfoque perturbativo, en forma de series de potencias, con lo cual se muestra que la solución general del modelo SIR con dinámica vital se puede representar en forma paramétrica exacta.

En la investigación realizada por (Argueta, 2020) en los anexos determina una resolución de su propia autoría para el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo epidemiológico determinista compartimental SIR, partiendo de las condiciones iniciales y del método de determinantes.

Marco teórico

Marco epistemológico. considerando los fundamentos expuestos en (Bernal Torres, 2010, p. 60) se explican siguientes temas.

Método deductivo, se lo utiliza prácticamente para realizar un análisis, de manera sistemática de ideas, conclusiones, para lograr resultados lo más concisos factibles del tema.

Método inductivo, se aplica de manera técnica mediante la percepción del medio a partir de ideas y conceptos para lograr resultados amplios y eficaces.

Método analítico-sintético, este procedimiento estudia los hechos, partiendo de la

descomposición del objeto de estudio en cada una de sus partes para estudiarlas en forma individual (análisis), y luego se integran esas partes para estudiarlas de manera holística e integral (síntesis).

Método inductivo – deductivo, esta técnica de inferencia se basa en la lógica y estudia hechos particulares, aunque es deductivo en un sentido por qué parte de lo general a lo particular e inductivo en sentido contrario va de lo particular a lo general.

Método histórico-lógico, lo histórico está relacionado con el estudio de la trayectoria real de los fenómenos y acontecimientos de una etapa o período pasado.

Método hipotético-deductivo, es un método que va desde la interiorización y aplicación de conocimientos previos, logrando así su materialización de conclusiones.

Método bibliográfico, permite realizar la revisión sistemática de los artículos científicos que aplicaban modelos matemáticos, se consultaron bases de datos científicas de fuentes fiables; tales como: Springer, Elsevier, y Medline, libros de modelos matemáticos, sitios web, tesis de maestrías, tomando como referencia los últimos cinco años de publicación prioritariamente cabe destacar que el corte de años se extendió.

Marco conceptual

Rapidez de variación

Uno de los conceptos más elementales que debemos abordar es la rapidez de variación, razón o ritmo de cambio, ya que la relación de la misma con el mundo físico, Químico, Biológico, Médico, Demográfico, Económico, etc. Nos permite modelar matemáticamente cantidades donde la rapidez de variación es proporcional al crecimiento o decrecimiento de la cantidad presente, por lo tanto, su expresión matemática es:

$$\frac{dx}{dt} = k \cdot x$$

Donde:

$$\frac{dx}{dt} = \text{Rapidez de variación, razón o ritmo de cambio.}$$

x = Variable de estudio.

k = Taza de proporcionalidad.

Si $k > 0$ la rapidez de variación será proporcional al crecimiento de la cantidad presente.

Si $k < 0$ la rapidez de variación será proporcional al decrecimiento o descomposición de la cantidad presente.

Modelaje matemático

Para (Cervantes Gómez, 2015, p. 2) “la modelización matemática o modelaje matemático es el proceso racional de elaborar modelos matemáticos para expresar fenómenos reales” por otra parte desde una “visión determinista de la modelización matemática, expresó presuponemos que el fenómeno en estudio lo rige una ley que determina las consecuencias a partir de las causas y es posible expresar esta ley en términos matemáticos”.

(Daley & Gani, 1999) citado por (Magro Garcia, 2016), describe La modelización y la simulación de enfermedades infecciosas son herramientas que han sido utilizadas como mecanismo para estudiar la propagación de enfermedades, para predecir la evolución de una epidemia o para evaluar las medidas de control necesarias para detener el avance de una enfermedad.

Modelos matemáticos

Por su parte (Curth de Torres, 2015) desde una perspectiva científica explica un modelo matemático es la construcción representativa al contextualizar cierta parte del mundo real, con un objetivo específico. Expreso además “modelo matemático es la expresión formal, mediante el uso del lenguaje matemático, de las relaciones entre los componentes de un sistema” (Curth de Torres, 2015, p. 22).

Los modelos matemáticos tienen los siguientes objetivos:

- Verificar las conjeturas e hipótesis sobre las que se han construido los modelos.

- Estimar parámetros de interés de la enfermedad para el ajuste de los datos.
- Realizar comparaciones entre distintas enfermedades o poblaciones.
- Encontrar datos o comportamientos anómalos durante el desarrollo de la simulación.

Hay que hacer énfasis que los modelos matemáticos tienen sus limitaciones recordando que la modelización no deja de ser una simulación de la realidad y que no se pueden modelizar todas las variables que afectan el día a día. Además, los modelos deterministas no incluyen ningún tipo de azar y por tanto no reflejan la incertidumbre que existe en el mundo real.

Tipos de modelos

Para (Curth de Torres, 2015) en el ámbito de los modelos matemáticos existe un sinnúmero de clasificaciones, cada uno enfatiza un aspecto distinto de los mismos. De este modo se pueden diferenciar modelos deterministas y estocásticos, dependiendo si aplican o no probabilidades y según si sus resultados son únicos y determinados.

A nivel epidemiológico se deben considerar los siguientes tipos de modelos matemáticos Deterministas y Estocásticos:

Determinístico son modelos continuos que utiliza como variable fracciones de la población en un determinado estado infecto-lógico o compartimental, los cambios en los estados infecto-lógicos de los individuos son modelados como tasas de variación entre las variables a través de ecuaciones diferenciales (Pesco, 2017).

Estocástico en estos modelos alguna de las variables que forman el mismo son variables aleatorias, por lo que cada uno de los resultados se genera con una función de probabilidad. Se aplica en poblaciones pequeñas cuando las variaciones pueden ser importantes (Magro Garcia, 2016), (Pesco, 2017).

La diferencia entre estos dos modelos es muy evidente, debido a que un modelo determinístico en el ámbito epidemiológico; un solo individuo causa una epidemia generalizada, mientras que desde las perspectivas del modelo estocástico probablemente la epidemia se extinga según (Montesinos & Hernandez, 2007).

Modelos epidemiológicos

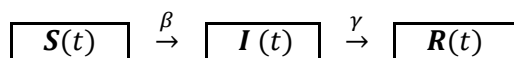
Para (Yingcun Xia, 2009) la modelización epidemiológica se refiere a modelos dinámicos deterministas compartimentales según su estado epidemiológico por Ej. Susceptible, infeccioso, recuperado etc. En donde la interrelación entre compartimentos ocasiona que la población se infecte, progrese, recupere, migre o muera estos modelos se especifican mediante ecuaciones diferenciales.

Para (Magro Garcia, 2016) los modelos matemáticos epidemiológicos ayudan a establecer los puntos críticos de una epidemia que afectan a una población, así como también determinar los valores umbrales de población y poder establecer si se producirá una epidemia o acabará desapareciendo.

Modelo SIR

El modelo (SIR) lo propusieron en 1927 Kermack and Mc Kendrick (Kermack & McKendrick, 1927), (Bacaer, 2012), (Brauer et al., 2019), (Liu et al., 2020), para explicar la rápida crecida y posterior caída en el número de pacientes infectados en epidemias como la de peste de Londres (1665-1666) y Bombay (1906) o la de cólera en Londres (1865). Se denomina SIR porque se clasifica a la población en tres posibles “compartimentos”.

El siguiente esquema gráfico representa la clasificación de la población en compartimentos de Individuos Susceptibles (**S(t)**), Infectados (**I(t)**) y Retirados (**R(t)**)



Donde:

S(t) = Individuos **Susceptibles** de contraer la enfermedad en tiempo t .

I(t) = Individuos **Infectados** con la enfermedad en tiempo t y que pueden contagiar a los individuos del grupo $S(t)$.

R(t) = Individuos **Removidos**, que ya no pueden contagiarse ni transmitir la enfermedad, porque se han inmunizado o porque han muerto.

β = Taza de infección.

γ = Taza de retiro.

N = Población total.

Población total que se asume como constante, es decir no se toma en cuenta los nacimientos y muertes en el intervalo de tiempo en el cual transcurre la epidemia, entonces:

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

Hipótesis del modelo SIR (Brauer et al., 2015, p. 6).

- La población se considera constante y su tamaño iguala N esta suposición implica la relación $d(S, +I, +R)/dt = 0$, se consideran tasas iguales de nacimientos y muertes en el proceso de propagación de la enfermedad es decir se supone el tiempo de duración de la epidemia es corto, por lo tanto:

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

- La transmisión de la enfermedad se supone regida por la **ley de acción de masas** entre infectados y susceptibles, siendo la tasa de nuevas infecciones proporcional al número total de contactos entre individuos susceptibles e infectados. Esta suposición es reflejada en los términos $-\beta \cdot S(t) \cdot I(t)$ y $\beta \cdot S(t) \cdot I(t)$ en las ecuaciones (1) y (2) para $S(t)$ e $I(t)$ respectivamente, donde $\beta \cdot S(t) \cdot I(t)$ es el número de miembros que pasa de la clase susceptible a la infectada por unidad de tiempo; es decir, lo que los matemáticos llaman la **incidencia**.
- También se puede suponer que la transmisión de la enfermedad está regida por lo que ahora llaman "**incidencia común**" entre infectados y susceptibles, donde la tasa de nuevas infecciones es proporcional al número total de contactos entre individuos susceptibles y la proporción infectada de la población. Esta suposición es reflejada en los términos $-\beta \cdot S(t) \cdot I(t)/N(t)$ y $\beta \cdot S(t) \cdot I(t)/N(t)$ en las ecuaciones para $S(t)$ e $I(t)$ respectivamente, donde $\beta \cdot S(t) \cdot I(t)/N(t)$ es el número de miembros que pasa

de la clase susceptible a la infectada por unidad de tiempo, es decir, lo que los matemáticos llaman “incidencia”.

- La tasa de remoción de individuos infectados es constante e igual a $1/\tau$; es decir, una fracción $1/\tau$ de miembros infectados pasa a la clase de removidos por unidad de tiempo. Los cuales ya no pueden contagiarse ni transmitir la enfermedad, porque se han inmunizado o porque han muerto.
- En la versión del modelo de Kermack y Mc Kendrick descrita en esta sección, la población $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$ es constante y, por lo tanto, matemáticamente hablando, no hay diferencia entre la ley de **acción de masas** y la llamada **incidencia común**. Sin embargo, la diferencia conceptual es significativa y muy importante cuando la población es variable; es decir, el caso cuando la diferencia entre muertes y nacimientos es significativa.

Ecuaciones diferenciales modelo SIR

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \\ I'(t) = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) \\ R'(t) = \gamma \cdot I(t) \end{cases}$$

Algo fundamental de este modelo es si conocemos los parámetros β, γ y las condiciones iniciales S_0 e I_0 , podemos analizar si se producirá o no una epidemia en caso de producirse, cuando la infección se propagará a la población, y sobre todo conocer el comportamiento de la epidemia, es decir, el probable curso que tendrá y cuándo comenzará a declinar el brote epidémico.

Para conocer si se producirá un brote epidémico analicemos la ecuación (2). Para dos casos.

Caso 1.

Si $I' > 0$ en el tiempo t_0 , se tendrá que, $I'(0) = I_0(\beta \cdot S_0 - \gamma) > 0$, entonces, si $S_0 > \gamma/\beta$,

el número de infecciosos aumentará y habrá una epidemia. Entonces, para algún $t > 0$, existirá un brote epidémico si $I(t) > I_0$, como se mencionó anteriormente $I_0 > 0$.

- Por las condiciones iniciales sabemos $I_0 > 0$, por lo tanto, $I'(0) = I_0 \cdot (\beta \cdot S_0 - \gamma) > 0$, podemos obtener la siguiente condición:

$$\beta \cdot S_0 > \gamma$$

$$\frac{\beta \cdot S_0}{\gamma} > 1$$

¡Por lo tanto, se dará un brote epidémico!

Caso 2.

Si $I' < 0$ en el tiempo t_0 , se tendrá que, $I'(0) = I_0(\beta \cdot S_0 - \gamma) < 0$, entonces, si $S_0 < \gamma/\beta$, esto implica que no habrá una epidemia, analizando en la ecuación (1) que $S' < 0$ para cualquier instante de tiempo t , implica $S'(t) \leq S_0$ para cualquier tiempo $t \geq 0$ considerando la condición inicial $S_0 \leq \gamma/\beta$, siempre se cumplirá que:

$$I'(0) = I_0(\beta \cdot S_0 - \gamma) \leq 0, \text{ por lo tanto, } I_0 \geq I(t), \text{ para cualquier } t \geq 0.$$

- Por las condiciones iniciales sabemos que $I_0 > 0$, entonces:

$$I'(0) = I_0 \cdot (\beta \cdot S_0 - \gamma) < 0 \text{ si } (\beta \cdot S_0 - \gamma) < 0 \text{ lo cual implica que podemos}$$

obtener la siguiente condición:

$$\beta \cdot S_0 < \gamma$$

$$\frac{\beta \cdot S_0}{\gamma} < 1, \text{ Por lo tanto, si cumple esta condición, no habrá brote epidémico.}$$

A este cociente se lo conoce como **número reproductivo básico** (R_0) de la infección y lo denotamos como R_0 y su expresión matemática es:

$$R_0 = \frac{\beta \cdot S_0}{\gamma}$$

Si consideramos inicialmente un tiempo $t_0 = 0$ una población donde no existan individuos infecciosos tendremos que considerar $S_0 = N$.

El periodo que permanece un individuo en la etapa infecciosa es $\frac{1}{\gamma}$ el mismo que se lo obtiene realizando el siguiente análisis.

Según (Brauer et al., 2019) la rapidez de cambio de los individuos infectados $x(t)$, es proporcional al decrecimiento de los individuos infectados en el tiempo t , que abandonan la clase infecciosa para pasar a la clase de recuperados o muertos a una razón de γ , esta dada por la expresión:

$$x'(t) = -\gamma \cdot x(t)$$

Resolviendo la integral indefinida tenemos una solución general:

$$x(t) = k \cdot e^{-\gamma \cdot t}$$

De la expresión anterior $e^{-\gamma \cdot t}$ denota la proporción de personas expuestas a la enfermedad que pasarán a ser infecciosos en el tiempo t_0 y seguirán siendo infecciosos hasta el tiempo $t_0 + t$ donde $t \in [0, \infty)$. Puesto que el periodo de infección se distribuye de manera exponencial con una media o esperanza matemática $\int_0^{\infty} t \cdot \gamma \cdot e^{-\gamma \cdot t} dt = \frac{1}{\gamma}$ que es el periodo de permanencia en la clase infecciosa.

Demostremos la integral descrita resolviendo por Integración por partes donde:

$$u = t; du = dt; \int dv = \int \gamma \cdot e^{-\gamma \cdot t} dt; v = -e^{-\gamma \cdot t}$$

$$\int_0^{\infty} t \cdot \gamma \cdot e^{-\gamma \cdot t} dt = -t \cdot e^{-\gamma \cdot t} - \int_0^{\infty} -e^{-\gamma \cdot t} dt$$

$$\int_0^{\infty} t \cdot \gamma \cdot e^{-\gamma \cdot t} dt = -t \cdot e^{-\gamma \cdot t} - \frac{1}{\gamma} e^{-\gamma \cdot t} \Big|_0^{\infty}$$

$$\int_0^{\infty} t \cdot \gamma \cdot e^{-\gamma \cdot t} dt = -0 + 0 - 0 + \frac{1}{\gamma} (1)$$

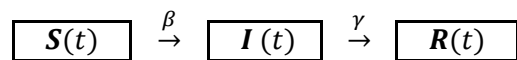
$$\int_0^{\infty} t \cdot \gamma \cdot e^{-\gamma \cdot t} dt = \frac{1}{\gamma} \blacksquare$$

Capítulo III

Modelo SIR

Introducción

Como se mencionó anteriormente Kermack y McKendrick en 1927 crearon el modelo determinista, donde consideraban una población fija y la clasificaban en tres estados compartimentales como: susceptibles(S), infectados(I), Removidos(R), de aquí el nombre del modelo **SIR**.



Donde:

$S(t)$ = Individuos **Susceptibles** de contraer la enfermedad en tiempo t .

$I(t)$ = Individuos **Infectados** con la enfermedad en tiempo t y que pueden contagiar a los Individuos del grupo $S(t)$.

$R(t)$ = Individuos **Removidos**, que ya no pueden contagiarse ni transmitir la enfermedad, porque se han inmunizado o porque han fallecido.

β = Taza de infección.

γ = Taza de retiro.

$N = S(t) + I(t) + R(t)$, Población total.

Hipótesis del modelo SIR

- La población se asume como constante, es decir no se toma en cuenta los nacimientos y muertes. en el intervalo de tiempo en el cual transcurre la epidemia, entonces:

$$N = S(t) + I(t) + R(t)$$

- La transmisión de la enfermedad se produce por contacto directo entre las personas.
- Un individuo cuando es infectado sale del grupo de los susceptibles y entra al grupo de los infectados.
- Los individuos del compartimento de $I(t)$ se recuperan y adquieren la inmunidad de la

enfermedad o mueren, en los dos casos pasan al compartimento de retirados.

- La transmisión de la enfermedad se supone regida por la **ley de acción de masas** entre infectados y susceptibles, siendo la tasa de nuevas infecciones proporcional al número total de contactos entre individuos susceptibles e infectados. Esta suposición es reflejada en los términos $-\beta.S(t).I(t)$ y $\beta.S(t).I(t)$.

Ecuaciones diferenciales ordinarias del modelo SIR

Formulación del modelo

Las ecuaciones diferenciales que rigen el modelo determinista compartimental SIR están sustentadas en las hipótesis explicadas en la introducción, según la ley de acción de masas mencionada anteriormente, estipula la tasa de variación de las personas susceptibles que pasan a convertirse en infecciosos es proporcional al decrecimiento del producto de individuos susceptibles por infecciosos, así obtenemos la primera ecuación que describe a los individuos susceptibles.

$$S'(t) = -\beta.S(t)I(t)$$

Así mismo $\beta.S(t).I(t)$ en la ecuación diferencial de individuos infectados $I'(t)$ representa también la tasa de crecimiento de individuos infecciosos por la ley de acción de masas, a su vez γ representa la tasa de crecimiento de individuos recuperados, entonces, $\gamma.I$ indica la salida de la clase infecciosa, de esta forma obtenemos la ecuación diferencial para los infectados.

$$I'(t) = \beta.S(t)I(t) - \gamma.I(t)$$

La expresión matemática que describe a los individuos recuperados, y a su vez representa la salida de del compartimento infeccioso con una tasa γ positiva es:

$$R'(t) = \gamma.I(t)$$

De las hipótesis anteriores se obtuvieron las ecuaciones diferenciales que rigen el modelo determinista compartimental conocido como modelo clásico de Kermack y McKendrick

(Kermack & McKendrick, 1927), que están dadas por las ecuaciones diferenciales:

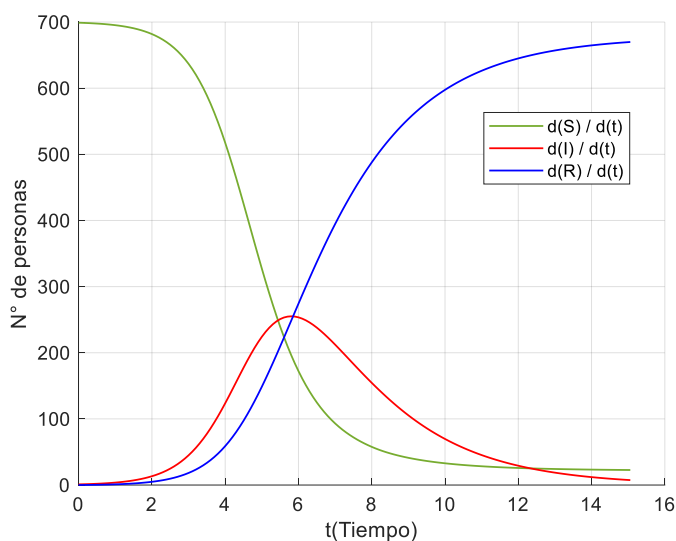
$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) \quad (1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) \quad (2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I(t) \quad (3)$$

Figura 1

Gráfico de ecuaciones diferenciales modelo SIR



En el inicio de la enfermedad en el tiempo $t_0 = 0$, constituirá las condiciones iniciales, en esta etapa sólo existirán individuos susceptibles e infecciosos es decir no habrá individuos recuperados, entonces, $R_0 = 0$ es decir la población total estará dada por la expresión $N = S_0 + I_0$, donde β y γ representan la tasa de interacción de susceptibles e infecciosos y la tasa de individuos recuperados de la infección.

El principal parámetro utilizado en epidemiología es el número reproductivo básico R_0 , porque este indicador nos permite analizar si una enfermedad se convertirá en epidemia o desaparecerá:

- Si $R_0 > 1$ se producirá una epidemia.

- Si $R_0 < 1$ la enfermedad desaparecerá.

El número reproductivo básico está definido por:

$$R_0 = \frac{\beta \cdot S_0}{\gamma} \quad (4)$$

Donde:

R_0 = Número reproductivo básico.

β = Tasa de infección.

γ = Tasa de retiro.

S_0 = Individuos susceptibles iniciales.

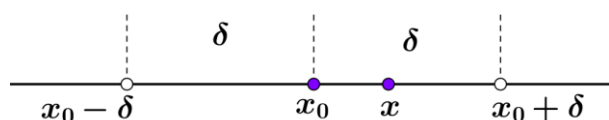
Conceptos preliminares

Teorema: Entorno de un punto

Cuando x esta en la cercanía de x_0 , $f(x)$ está en la cercanía de L

Figura 2

Entorno de un punto



$$x \in \text{"entorno de } x_0\text{"} \equiv x_0 - \delta < x < x_0 + \delta$$

El entorno centrado en x_0 y de radio δ , donde $x_0 \in R$ se define como:

$E(x_0, \delta) = \{x \in R / d(x, x_0) < \delta\}$ donde $d(x, x_0) = |x - x_0|$, entonces, el entorno será:

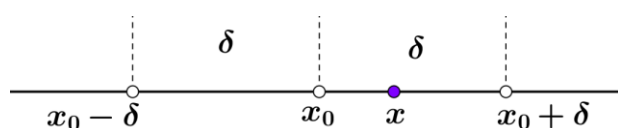
$$|x - x_0| < \delta$$

Teorema: Entorno reducido de un punto

Cuando a un entorno cualquiera le extraigo el centro a eso se le llama entorno reducido

Figura 3

Entorno reducido de un punto



$$x \in \text{“entorno reducido de } x_0\text{”} \equiv x_0 - \delta < x < x_0 + \delta$$

El entorno reducido centrado en x_0 y de radio δ donde $x_0 \in R$ se define como:

$E^*(x_0, \delta) = \{x \in R / d(x, x_0) < \delta\}$ en donde $d(x, x_0) = |x - x_0|$, entonces:

$$E^*(x_0, \delta) = |x - x_0| < \delta \wedge x \neq x_0$$

$$E^*(x_0, \delta) = 0 < |x - x_0| < \delta$$

$$0 < |x - x_0| < \delta$$

Teorema: Punto de acumulación

Un punto x_0 es de acumulación del conjunto x si para todo entorno reducido E^* con centro (x_0, δ) tiene intersección no vacía con el conjunto.

- $\forall \delta > 0, \exists x_0 \in x$ tal que $x_0 \in x \cap E^*(x_0, \delta)$

$$x \cap E^*(x_0, \delta) \neq \emptyset.$$

- $\forall \delta > 0, \exists x_0 \in X$ si y solo si

$$0 < |x - x_0| < \delta \text{ donde } x \neq x_0.$$

Teorema: Definición formal de límite (George, 2006, p. 92)

Sea $f(x)$ definida en un intervalo abierto que contiene a x_0 , excepto posiblemente en el mismo x_0 , entonces, se dice que el límite de $f(x)$ cuando x tiende a x_0 es L

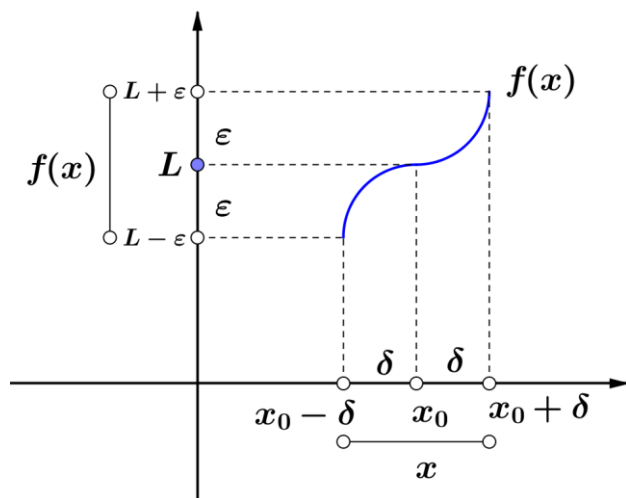
$$\lim_{x \rightarrow x_0} f(x) = L$$

Si para cada número $\varepsilon > 0$, existe un número $\delta > 0$ tal que para toda x se cumple:

$$0 < |x - x_0| < \delta \implies |f(x) - L| < \varepsilon$$

Figura 4

Límites de una función



Demostración:

$x \in I: x_0 - \delta < x < x_0 + \delta$, restando x_0 a cada lado de la desigualdad

$-\delta < x - x_0 < \delta$, aplicando propiedades del valor absoluto

$|x - x_0| < \delta$, por ser un punto de acumulación se tendrá, $0 < |x - x_0| < \delta$ ■

$f(x) \in I: L - \varepsilon < f(x) < L + \varepsilon$, restando L a cada lado de la desigualdad

$-\varepsilon < f(x) - L < \varepsilon$, aplicando propiedades del valor absoluto $|f(x) - L| < \varepsilon$ ■

Teorema: Definición función continua (Hernández, 2013)

Se dice que una función $f(x)$ es continua en x_0 si y solo si se cumplen las tres condiciones siguientes:

- $f(x_0)$ está definida, o sea, $x_0 \in \text{Dom } f$.
- $\lim_{x \rightarrow x_0} f(x)$ existe.
- $\lim_{x \rightarrow x_0} f(x) = f(x_0)$.

Teorema: Continuidad en un intervalo $[a, b]$ (Hernández, 2013)

Una función f definida en un intervalo $[a, b]$, es continua en el intervalo si:

- $\lim_{x \rightarrow x_0} f(x) = f(x_0), \forall x_0 \in]a, b[$.

- $\lim_{x \rightarrow a^+} f(x) = f(a)$.
- $\lim_{x \rightarrow b^-} f(x) = f(b)$.

Teorema: Definición función Lipschitziana (Escobar, 2009)

Se dice que $f(x)$ es Lipschitz en un intervalo I , si i solo si, $\forall x, x_0 \in I$ se cumple:

$$|f(x) - f(x_0)| \leq L|x - x_0|$$

Donde L es la constante Lipschitz, $L \in \mathbb{R}^+ \wedge L > 0$, entonces, por la definición:

- Si $f(x)$ es Lipschitz en un intervalo I , es continua en ese intervalo.
- Basta que sea Lipschitz en ese intervalo I , para que sea continua en I .

Teorema: Existencia y unicidad (Picard - Lindelóf) (Espinosa et al., 2010, p. 32)

Sea $R \subset \mathbb{R}^2$ un rectángulo abierto $R = \{(x, y) / a < x < b, c < y < d\}$ que contiene al punto $p(x_0, y_0)$ en su interior se cumple:

- Si f es continua en R , entonces, el PVI problema de Cauchy

$$\begin{cases} y' = f(x, y) \\ y(x_0) = y_0 \end{cases}$$

Tiene alguna solución $\phi(x)$ definida en algún intervalo $I = \subset \mathbb{R}$.

- Si $f(x, y)$ y $\frac{\partial f}{\partial y}(x, y)$ son continuas en R , entonces, el PVI tiene solución única $y = \phi(x)$ definida en algún intervalo abierto $\hat{x} \subset R / \hat{x} \in [x_0 + \delta < x < x_0 - \delta]$, para algún $\delta > 0$.

Teorema: Valor intermedio para integrales (Larson et al., 2001, p. 318)

Si f es continua en el intervalo cerrado $[a, b]$, existe un número $c \in [a, b]$ tal que:

$$\int_a^b f(x) dx = f(c)(b - a)$$

Demostración:

Caso 1: Si f es constante en el intervalo $[a, b]$, el teorema es obviamente cierto, porque c puede tomar cualquier punto de $[a, b]$.

Caso 2: Si f no es constante en el intervalo $[a, b]$ por el teorema de los valores extremos se puede elegir, m y M como valores máximo y mínimo de $f \in I [a, b]$, donde $a, b, m, M \in \mathbb{R}$ y $m < M$, por lo tanto, $f(m) \leq f(x) \leq f(M)$ donde $f(m) = m$ y $f(M) = M$, entonces:

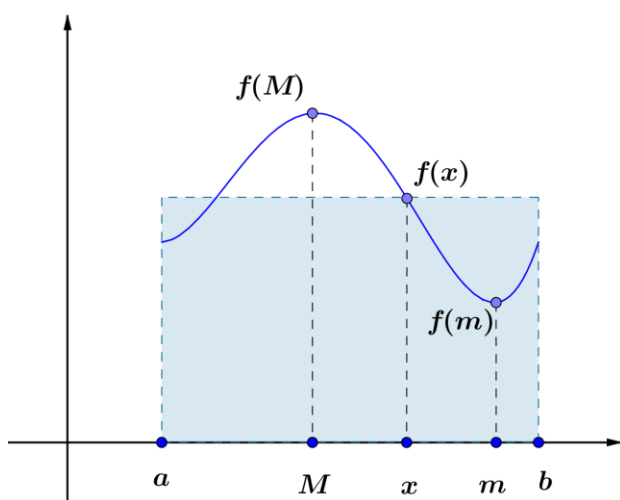
$$\int_a^b f(m).d(x) \leq \int_a^b f(x).d(x) \leq \int_a^b f(M).d(x)$$

$$m(b - a) \leq \int_a^b f(x).d(x) \leq M(b - a)$$

$$m \leq \frac{1}{b - a} \int_a^b f(x).d(x) \leq M$$

Figura 5

Valor intermedio para integrales



Aplicando el teorema anterior al modelo **SIR** podemos obtener la deducción:

Deducción 1.- Sea una función continua $f \in I [0, T]$ donde $T, M, m \in \mathbb{R}$, donde $T > 0$ y $m < M$ por el teorema de valores extremos tenemos $f(0) = m$ y $f(T) = M$, valores mínimos y máximos, por lo tanto, $f(0) \leq f(x) \leq f(T)$, aplicando integrales se tendrá:

$$\int_0^T m.d(x) \leq \int_0^T f(x).d(x) \leq \int_0^T M.d(x)$$

$$m.T \leq \int_0^T f(x).d(x) \leq M.T$$

$$m \leq \frac{1}{T} \int_0^T f(x) \cdot d(x) \leq M$$

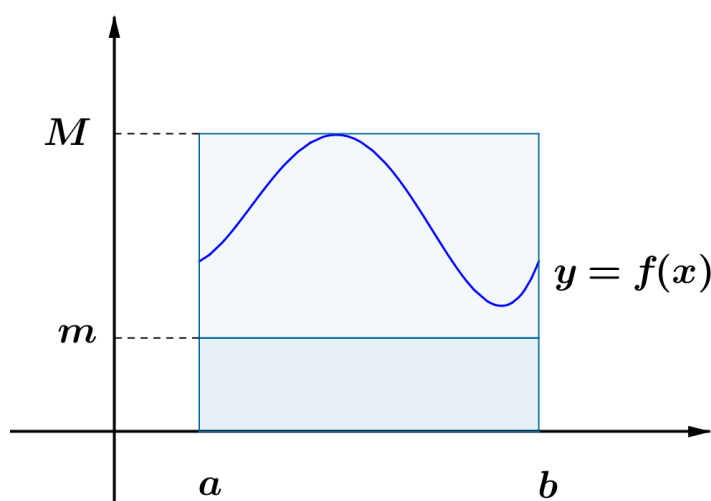
Teorema: Acotamiento (Purcell et al., 2007, p. 236)

Si f es integrable en $[a, b]$ y $m \leq f(x) \leq M$ para todo x en $[a, b]$, entonces:

$$m(b - a) \leq \int_a^b f(x) dx \leq M(b - a)$$

Figura 6

Función acotada



Demostración:

Para demostrar asumamos $M = g(x)$ y $m = h(x)$, entonces:

$$h(x) \leq f(x) \leq g(x)$$

$$\int_a^b h(x) dx \leq \int_a^b f(x) dx \leq \int_a^b g(x) dx$$

$$m \cdot x|_a^b \leq \int_a^b f(x) dx \leq M \cdot x|_a^b$$

$$m(b - a) \leq \int_a^b f(x) dx \leq M(b - a) \quad \blacksquare$$

Teorema: Estabilidad de sistemas lineales (Braun, 1990, p. 373)

Sea el sistema de la forma:

$$x' = A \cdot x \quad (5)$$

Donde:

$$x' = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \cdots & a_{nn} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_1(t) \\ x_2(t) \\ \vdots \\ x_n(t) \end{pmatrix}$$

- a) Toda solución, $x = \phi(t)$ es estable si todos los valores característicos de **A** tienen parte real negativa.
- b) Toda solución, $x = \phi(t)$ es inestable si al menos un valor característico de **A** tiene parte real positiva.
- c) Supóngase que todos los valores característicos de **A** tienen parte real ≤ 0 y $\lambda_1 = i\sigma_1, \dots, \lambda_l = i\sigma_l$ tienen parte real igual a cero. Supóngase además que $\lambda_j = i\sigma_j$ tiene multiplicidad k_j . Eso significa que el polinomio característico de **A** se puede factorizar como

$$p(\lambda) = (\lambda - i\sigma_1)^{k_1} \dots (\lambda - i\sigma_l)^{k_l} q(\lambda)$$

donde todas las raíces de $q(\lambda)$ tienen parte real negativa. Entonces, toda solución, $x = \phi(t)$ es estable si **A** tiene k_j vectores característicos, linealmente independientes para cada valor característico $\lambda_j = i\sigma_j$. De otro modo, todas las soluciones, $\phi(t)$ son inestables.

Teorema: Estabilidad de sistemas no lineales (Braun, 1990, p. 381)

Sea el sistema:

$$x' = A \cdot x + G(x) \quad (6)$$

$$x' = \begin{pmatrix} a_{11} & a_{12} & \cdots & a_{1n} \\ a_{21} & a_{22} & \cdots & a_{2n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n1} & a_{n2} & \cdots & a_{nn} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} x_1 \\ x_2 \\ \vdots \\ x_n \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} G_1(x) \\ G_2(x) \\ \vdots \\ G_n(x) \end{pmatrix}$$

Donde $G(x)$ es un polinomio que representan los términos de segundo grado o superior, y es muy pequeño comparado con x . Específicamente son funciones continuas de x_1, x_2, \dots, x_n que

se anula para $x = 0$, por lo tanto:

$$\lim_{\|x\| \rightarrow 0} \frac{\|G(x)\|}{\|x\|} = 0 \quad (7)$$

- a) La solución de equilibrio $x(t) = 0$ de (6) es asintóticamente estable si la solución de equilibrio $x(t) = 0$ de la ecuación linealizada $x' = A \cdot x$ es asintóticamente estable. De manera equivalente, la solución $x(t) = 0$ de (6) es asintóticamente estable si todos los valores propios de **A** tienen parte real negativa.
- b) La solución de equilibrio $x(t) = 0$ de (6) es inestable si al menos un valor propio de **A** tiene parte real positiva.
- c) La estabilidad de la solución de equilibrio $x(t) = 0$ de (6) no se puede determinar a partir de la estabilidad de la solución de equilibrio $x(t) = 0$ de $x' = A \cdot x$ si todos los valores propios de **A** tienen parte real ≤ 0 pero al menos uno de ellos tiene parte real igual a 0.

Teorema: Liapunov (Escobar, 2009, p. 312), (Simmos, 1998, p. 490), (Bravo Yuste, 2005, p. 311)

Establece un punto es estable, si la energía total de un sistema físico tiene un mínimo local en un cierto punto de equilibrio. Consideremos un sistema autónomo que, además posee en el origen un punto crítico aislado, supongamos que $E(x, y)$ es una función de clase C^1 en una región que contenga al origen tal que $E(0, 0) = 0$ y E es definida positiva en un entorno reducido del origen:

$$\begin{cases} \frac{dx}{dt} = F(x, y) \\ \frac{dy}{dt} = G(x, y) \end{cases} \quad (8)$$

Sea $E(x, y)$ una función definida en una región que contenga a **C**. Llamamos velocidad de cambio de $E[x(t), y(t)] = E(t)$ a lo largo de la trayectoria **C**, a la función dE/dt evaluada sobre la trayectoria **C**: $[dE/dt]_C$. Esta función podemos expresarla así:

$$E'(x, y) = \left[\frac{dE}{dt} \right]_c = \frac{\partial E}{\partial x} \left[\frac{dx}{dt} \right]_c + \frac{\partial E}{\partial y} \left[\frac{dy}{dt} \right]_c$$

$$E'(x, y) = \frac{\partial E}{\partial x} F + \frac{\partial E}{\partial y} G \quad (9)$$

Función de Liapunov.

Asumiendo que $E(0, 0) = 0$ y sea R una región que rodea al punto $(0, 0)$ en un entorno reducido. Diremos que $E(x, y)$ es:

- Definida positiva en R si $E(x, y) > 0$ para todo punto $(x, y) \neq (0, 0)$ de R .
- Definida negativa en R si $E(x, y) < 0$ para todo punto $(x, y) \neq (0, 0)$ de R .
- Semidefinida positiva en R si $E(x, y) \geq 0$ para todo punto $(x, y) \neq (0, 0)$ de R .
- Semidefinida negativa en R si $E(x, y) \leq 0$ para todo punto $(x, y) \neq (0, 0)$ de R .

Sea $E(x, y)$ una función continua y con las primeras derivadas parciales $\partial E/\partial x, \partial E/\partial y$ continuas en una cierta región R que rodea al punto $(0, 0)$. Decimos que $E(x, y)$ es una **función débil de Liapunov** del sistema (8) en R si, en esta región R , es **definida positiva** y si su velocidad de cambio $E'(x, y) = \frac{\partial E}{\partial x} F + \frac{\partial E}{\partial y} G$ es **semidefinida negativa**. Si su velocidad de cambio $E'(x, y) = \frac{\partial E}{\partial x} F + \frac{\partial E}{\partial y} G$ es **definida negativa**, entonces, decimos que $E(x, y)$ es una función fuerte de Liapunov del sistema (8) en R .

Criterio de Liapunov (Maria & Bernis, 2013)

- Si existe una función débil de Liapunov $E(x, y)$ para el sistema (8) en una región R que rodea al punto crítico $(0, 0)$, entonces, el punto crítico $(0, 0)$ es, al menos, **estable**.
- Si existe una función fuerte de Liapunov $E(x, y)$ para el sistema (8) en una región R que rodea al punto crítico $(0, 0)$, entonces, $(0, 0)$ es asintóticamente **estable**.
- Si $E'(x, y)$ es definida positiva, entonces, $(0, 0)$ es un punto crítico **inestable**.

Estudio de existencia y unicidad de soluciones modelo SIR.

Empleando los postulados del teorema 3.3.7 al modelo epidemiológico determinista

compartimental SIR:

$$y = (S, I, R)$$

$$f = (-\beta \cdot S \cdot I; \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I; \gamma \cdot I)$$

- Como f es función continua en \mathbb{R}^4 podemos afirmar que existe al menos una solución definida en el rectángulo $[0, T]$, donde $T > 0$.
- Como f y la derivada parcial respecto de y (f_y) son continuas en \mathcal{R} , entonces, para cualquier $(t_0, y_0) \in \mathcal{R}$ existe $\delta > 0$ tal que el PVI tiene solución única definida en algún intervalo de la forma $[t_0 + \delta, t_0 - \delta]$.

Por condiciones propias del modelo conocemos $0 < S(t), I(t), R(t) < N, \forall t > 0$, por lo tanto, las soluciones se encuentran en el primer cuadrante y no salen nunca de él.

Analicemos un PVI similar al modelo SIR ecuación (1) $S'(t) = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t)$

Teorema: PVI similar $S'(t)$

Dado el PVI similar $S'(t)$

$$\begin{cases} y'(t) = a(t) \cdot y(t) \\ y(0) = y_0 > 0 \end{cases}$$

Se cumple la condición $y(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ donde $a \in C[0, T]$ resolviendo el PVI por separación de variables tenemos:

$$\frac{dy}{y(t)} = a(t) \cdot dt$$

$$\int_{y_0}^y \frac{dy}{y(t)} = \int_0^t a(s) \cdot ds$$

$$y = y_0 \cdot e^{\int_0^t a(s) \cdot ds}$$

Por 3.3.8 y 3.3.9 teorema del valor intermedio para integrales y teorema de acotamiento respectivamente demostrados anteriormente, como a es una función continua se puede deducir que la integral de la forma $\int_0^t a(s) \cdot ds$, esta acotada inferior y superiormente, por lo tanto, $e^{\int_0^t a(s) \cdot ds} \geq 0$ y teniendo presente las condiciones iniciales $y_0 > 0$ se puede afirmar que:

$$y(t) = y_0 \cdot e^{\int_0^t a(s).ds} > 0$$

Examinemos un PVI similar al modelo SIR ecuación (2) $I'(t) = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t)$

Teorema: PVI similar $I'(t)$

Dado el PVI similar $I'(t)$

$$\begin{cases} y'(t) = a(t) \cdot y(t) + b(t) \\ y(0) = y_0 \geq 0 \end{cases}$$

Dada la condición $y(t) > 0 \forall t \in [0, T]$ donde a y $b \in C[0, T]$, desarrollando el PVI por variación de parámetros tenemos:

$$y'(t) - a(t) \cdot y(t) = b(t)$$

$$p(x) = -a(t) \quad u(x) = e^{\int_0^t a(s).ds} \quad g(x) = b(s)$$

La solución está dada por:

$$y = \frac{1}{u(x)} \int_a^b [q(x) \cdot u(x)]$$

$$y = \frac{1}{e^{-\int_0^t a(s).ds}} \left[\int_0^t b(s) \cdot ds \cdot e^{-\int_0^t a(s).ds} + c \right]$$

$$y = \left[\int_0^t e^{-\int_0^t a(r).dr} b(s) \cdot ds + y_0 \right] e^{\int_0^t a(s).ds}$$

$$y(t) = \left[\int_0^t \frac{b(s) \cdot ds}{e^{\int_0^t a(r).dr}} + y_0 \right] e^{\int_0^t a(s).ds}$$

Observemos las funciones para que sean estrictamente positivas tienen que cumplir las siguientes condiciones $e^{\int_0^t a(r).dr} > 0$ y $b > 0$, y vemos que se tratan de dos funciones continuas y positivas y por propiedad de funciones su cociente es una función continua

mayor que cero, por lo tanto, se cumple la condición:

$$y(t) = \left[\int_0^t \frac{b(s) \cdot ds}{e^{\int_0^t a(r).dr}} + y_0 \right] e^{\int_0^t a(s).ds} > 0$$

Capítulo IV

Estudio analítico modelo SIR

Analicemos y comprobemos como lo hace en su investigación (Garcia, 2014), en el supuesto que se produzca una epidemia tiene que existir:

- Existir población susceptible, por lo tanto: $S(t) > 0, \forall t \geq 0$, en la ecuación (1)

reemplacemos $a(t) = -\beta \cdot I(t)$ función continua en el intervalo $[0, T]$, entonces:

$$S'(t) = a(t) \cdot S(t)$$

Aplicando 3.4.1 teorema PVI similar $S'(t)$, tenemos que, $S(t) > 0, \forall t \geq 0$ ■

- Haber por lo menos un infectado, entonces, $I(t) > 0, \forall t > 0$ en la ecuación(2)

reemplacemos $a(t) = \beta \cdot S(t) - \gamma$, función continua en el intervalo $[0, T]$, por lo tanto:

$$I'(t) = a(t) \cdot I(t)$$

Aplicando el teorema PVI similar $S'(t)$, tenemos que, $I(t) > 0, \forall t \geq 0$ ■

- Para que existan individuos recuperados tiene que haberse dado la epidemia, entonces, $R(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, en consecuencia $R_0 \geq 0$, además conocemos que $R'(t) = \gamma \cdot I > 0$, entonces, $\gamma \cdot I > 0$, por lo tanto, $\gamma > 0$ por hipótesis demostradas anteriormente $I(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, esto implica que $R(t)$ es estrictamente creciente, entonces, concluimos que:

$$R(t) > 0, \forall t \in (0, T] \blacksquare$$

Así mismo como $S(t) + I(t) + R(t) = N$ y además $S(t), I(t), R(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, entonces, $S(t), I(t), R(t) < N, \forall t \in (0, T]$.

Lo cual demuestra que las soluciones en el intervalo $(0, T]$ siempre se mantienen acotadas, examinemos ahora que esta misma propiedad se cumpla para $\forall t \geq 0$. Aplicando 3.3.9 teorema de acotamiento para integrales y 3.3.7 teorema de existencia y unicidad, además tomando como condición inicial $t = T$, podemos deducir la existencia y unicidad de solución en el intervalo $[0, T + \delta]$, entonces, los estados compartimentales pertenecen al intervalo de

individuos de $0 < S(t), I(t), R(t) < N, \forall t \in [T, T + \delta]$. Repitiendo el mismo proceso se puede probar la existencia y unicidad de solución para el intervalo $(0, +\infty]$, por aplicación reiterada del teorema de existencia y unicidad de solución para el problema de Cauchy, por lo tanto, concluye:

$$0 < S(t) < N, \forall t > 0 \quad (10)$$

$$0 < I(t) < N, \forall t > 0 \quad (11)$$

$$0 < R(t) < N, \forall t > 0 \quad (12)$$

Por lo tanto, se puede establecer que las ecuaciones diferenciales que conforman el modelo determinista compartimental SIR poseen un ínfimo o un máximo dependiendo del signo que tenga la ecuación diferencial tal que (10), (11) y (12) $\in I(0, N)$.

Estudio de monotonía de la derivada como función

La ecuación que representa la tasa de variación en función del tiempo de los individuos susceptibles está dada por (1), analizando (10) y (11) y además conociendo que la derivada de $S'(t) < 0$, entonces, $S(t)$ es una función **estrictamente decreciente** $\forall(t) > 0$.

La ecuación (3) representa la tasa de variación en función del tiempo de los individuos recuperados y está dada por expresión matemática (3), examinando (12) y teniendo conocimiento que la derivada de $R'(t) > 0$, podemos establecer que $R(t)$ es una función **estrictamente creciente**. $\forall(t) > 0$

Estudio de los límites de $S(t), I(t), R(t)$:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S(\infty) = S_{\infty}$$

$\forall \delta > 0, \exists \varepsilon > 0$ tal que para todo \hat{t} se cumple que $t_{\infty} - \delta < \hat{t} < t_{\infty} + \delta$, por ser t_{∞} un punto de acumulación tenemos:

$$0 < |\hat{t} - t_{\infty}| < \delta \Rightarrow |S(\hat{t}) - S(t_{\infty})| < \varepsilon \Rightarrow \forall t > \hat{t} \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_{\infty} \blacksquare$$

Donde S por estar acotada inferiormente en el intervalo $[0, +\infty)$ existe un **ínfimo**

$S_{\infty} = \text{Inf}_{t \in [0, \infty)} S(t)$, definido por:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \hat{t} > 0 \text{ tal que: } S_\infty \leq S(\hat{t}) \leq S_\infty + \varepsilon$$

Como $S(t)$ es decreciente tenemos:

$$\forall t > \hat{t}, S_\infty \leq S(t) \leq S(\hat{t}) \leq S_\infty + \varepsilon \quad (13)$$

A continuación, analicemos:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R(\infty) = R_\infty$$

$\forall \delta > 0, \exists \varepsilon > 0$ tal que para todo \hat{t} se cumple que $t_\infty - \delta < \hat{t} < t_\infty + \delta$, por ser t_∞ un punto de acumulación tenemos:

$$0 < |\hat{t} - t_\infty| < \delta \Rightarrow |R(\hat{t}) - R(t_\infty)| < \varepsilon \Rightarrow \forall t > \hat{t} \Rightarrow \lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty = N \blacksquare$$

Donde R por estar acotada superiormente en el intervalo $[0, +\infty)$ existe un **supremo**

$R_\infty = \text{Sup}_{t \in [0, \infty)} R(t)$ definido por:

$$\forall \varepsilon > 0, \exists \hat{t} > 0 \text{ tal que: } R_\infty - \varepsilon \leq R(\hat{t}) \leq R_\infty$$

Como $R(t)$ es creciente tenemos:

$$\forall t > \hat{t}, R_\infty - \varepsilon \leq R(\hat{t}) \leq R(t) \leq R_\infty \quad (14)$$

Para finalizar estudiemos:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I(\infty) = I_\infty = 0$$

Cuando $t \rightarrow +\infty$ los infectados serán igual a cero

$$I(t) = N - S(t) - R(t), \text{ aplicando límites}$$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = N - \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) - \lim_{t \rightarrow \infty} R(t)$$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = N - S_\infty - R_\infty$$

$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$ si y solo si el $\lim_{t \rightarrow \infty} R'(t) = 0$ puesto que sabemos $R'(t) = \gamma \cdot I(t)$, por lo tanto,

demostramos el límite por reducción al absurdo en consecuencia asumimos que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = I_\infty, \text{ donde } I_\infty \in (0, N]$$

Aplicando el límite a $R'(t) = \gamma \cdot I(t)$ tenemos que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R'(t) = R'(t_\infty) = \lim_{t \rightarrow \infty} \gamma \cdot I(t) = \gamma \cdot I_\infty$$

$\forall \delta > 0, \exists \varepsilon > 0$ tal que para todo $t > \hat{t}$ se cumple que:

$$t_{\infty} - \delta < t < t_{\infty} + \delta$$

$-\delta < t - t_{\infty} < +\delta$, por ser t_{∞} un punto de acumulación tenemos que $0 < |t - t_{\infty}| < \delta$ si y solo

si $|R'(t) - R'(t_{\infty})| < \varepsilon$, remplacemos $R'(t_{\infty})$ y azumamos que $\varepsilon = \frac{\gamma I_{\infty}}{2}$, entonces:

$-\frac{\gamma I_{\infty}}{2} < R'(t) - \gamma \cdot I_{\infty} < \frac{\gamma I_{\infty}}{2}$ sumemos $\gamma \cdot I_{\infty}$ para resolver la desigualdad

$\frac{\gamma I_{\infty}}{2} < R'(t) < \frac{3\gamma I_{\infty}}{2}$, por lo tanto, $R'(t) < \frac{3\gamma I_{\infty}}{2}$ Integrando tendremos:

$$\int dR = \frac{3\gamma I_{\infty}}{2} \int dt$$

$$R(t) = \frac{3\gamma I_{\infty}}{2} t + k$$

Lo cual es un absurdo porque contradice el hecho de que $R(t)$ está acotada por lo expuesto concluimos que:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$$

Estudio del teorema del umbral en epidemiología (Braun, 1990, p. 451)

Para empezar con el estudio consideremos el siguiente sistema formado por las ecuaciones (1) y (2) ya que no dependen de $R(t)$, y una vez conocida $S(t), I(t)$ podemos calcular $R(t)$, por lo tanto, $R(t) = N - S(t) - I(t)$ dividamos las dos ecuaciones para encontrar la relación entre personas infectadas y susceptible, entonces, tendremos:

$$\frac{I'(t)}{S'(t)} = \frac{\frac{dI}{dt}}{\frac{dS}{dt}} = \frac{dI}{dS} = \frac{\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I}{-\beta \cdot S \cdot I} = \left(-1 + \frac{\gamma}{\beta \cdot S}\right)$$

$$\frac{dI}{dS} = \left(-1 + \frac{\gamma}{\beta \cdot S}\right) \quad (15)$$

$$\int_{I_0}^I dI = \int_{S_0}^S \left(-1 + \frac{\gamma}{\beta \cdot S}\right) dS$$

$$I|_{I_0}^I = -S + \frac{\gamma}{\beta} \cdot \ln \cdot S \Big|_{S_0}^S$$

$$I - I_0 = -S + S_0 + \frac{\gamma}{\beta} \cdot \ln \frac{S}{S_0}$$

$$I = I_0 + S_0 + \frac{\gamma}{\beta} \cdot \ln \frac{S}{S_0} - S$$

$$I = I_0 + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S}{S_0} - S \quad (16)$$

El cociente $\frac{\gamma}{\beta}$ en epidemiología se conoce como **valor del umbral** y lo denotamos con ρ , por lo

tanto, $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$

Donde:

- S_0, I_0 son individuos susceptibles e infectados en el instante t_0 donde $t = 0$ y $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$.
- Para analizar el comportamiento de las curvas (16), se calcula $I'(S) = \left(-1 + \frac{\rho}{S}\right)$. La cantidad $-1 + \frac{\rho}{S}$ es negativa para $S > \rho$ y positiva para $S < \rho$. Por lo tanto, $I(S)$ es una función creciente de S para $S < \rho$, y una función decreciente de S para $S > \rho$.

A continuación, se analizarán las implicaciones de estos resultados sobre la propagación de una enfermedad en una población

- Como $S(t)$ es estrictamente decreciente, conforme t tiende de **cero a infinito** el punto $P(S(t), I(t))$ se mueve en la dirección en la que S decrece a lo largo de la curva (16)
- Si $S_0 < \rho$, $I(t)$ **decrece monótonamente** a cero y $S(t)$ **decrece monótonamente** a S_∞ . Así mismo si se introduce un pequeño grupo de infecciosos I_0 en un grupo de susceptibles S_0 , con $S_0 < \rho$, entonces, la enfermedad desaparecerá rápidamente.
- Cuando $S_0 > \rho$, $I(t)$ crece mientras que $S(t)$ decrece hasta el valor de ρ , momento en el que $I(t)$ alcanza su valor máximo cuando $S = \rho$, $I(t)$ empieza a decrecer solamente cuando el número de susceptibles se encuentra por abajo del valor del umbral ρ .

Teorema del umbral en epidemiología (Braun, 1990, p. 453)

Teniendo presente la notación de las ecuaciones (1), (2), (3), Sean $\rho = \frac{\gamma}{\beta}$ y $S_0 = \rho + \varepsilon$, y asumiendo que $\frac{\varepsilon}{\rho}$ es muy pequeño comparado con uno, asúmase además que el número inicial de infecciones I_0 es muy pequeño, entonces, el número de individuos que finalmente contraerán la enfermedad es 2ε .

Demostración: Partimos de la ecuación (16) donde al tender t al **infinito**, entonces, $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty$ y $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$, límites demostrados anteriormente, por lo tanto, tenemos:

$$\begin{aligned} S(t) &= S_\infty, & I(t) &= 0 \\ I &= I_0 + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S}{S_0} - S \\ I(t) &= I_0 + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S(t)}{S_0} - S(t) \\ 0 &= I_0 + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S_\infty}{S_0} - S_\infty \end{aligned} \tag{17}$$

En un tiempo inicial $t = 0$, I_0 es muy pequeño en comparación con S_0 , entonces, podemos despreciar $\langle I_0 \rangle$

$$-S_\infty + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S_\infty}{S_0} = 0$$

A continuación, sumamos y restamos S_0/S_0 dentro del logaritmo tenemos

$$-S_\infty + S_0 + \rho \cdot \ln \left(1 - \frac{S_0 - S_\infty}{S_0} \right) = 0 \tag{18}$$

Ahora bien, si $S_0 - \rho$ es muy pequeño comparado con ρ , entonces, $S_0 - S_\infty$ será muy pequeño comparado con S_0 . Por lo tanto, es posible truncar la serie de Taylor después del segundo término en nuestro caso.

$$\ln(1 - x) = - \sum_{n=1}^{\infty} \frac{x^n}{n} = - \frac{x}{1!} - \frac{x^2}{2!} - \frac{x^3}{3!} - \dots - \frac{x^n}{n!}$$

$$\ln\left(1 - \frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right) \approx -\frac{\left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right)}{1!} - \frac{\left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right)^2}{2!}$$

$$\ln\left(1 - \frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right) \approx -\left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right) - \frac{1}{2}\left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right)^2 \quad (19)$$

Remplazando ecuación (19) en la ecuación (18) tenemos:

$$S_0 - S_\infty - \rho \cdot \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right) - \frac{\rho}{2} \left(\frac{S_0 - S_\infty}{S_0}\right)^2 \approx 0$$

$$(S_0 - S_\infty) \left[1 - \frac{\rho}{S_0} - \frac{\rho}{2S_0^2} (S_0 - S_\infty)\right] \approx 0$$

Despejando $S_0 - S_\infty$:

$$S_0 - S_\infty = \frac{1 - \frac{\rho}{S_0}}{\frac{\rho}{2S_0^2}} = \frac{\frac{S_0 - \rho}{S_0}}{\frac{\rho}{2S_0^2}} = \frac{2 \cdot S_0(S_0 - \rho)}{\rho} = 2 \cdot S_0 \left(\frac{S_0}{\rho} - 1\right)$$

por condiciones iniciales $S_0 = \rho + \varepsilon$, al remplazar en la ecuación anterior se tendrá:

$$S_0 - S_\infty = 2(\rho + \varepsilon) \left(\frac{\rho + \varepsilon}{\rho} - 1\right) = 2(\rho + \varepsilon) \left(\frac{\varepsilon}{\rho}\right) = 2\rho \left(1 + \frac{\varepsilon}{\rho}\right) \cdot \frac{\varepsilon}{\rho}$$

$$0 = 2\rho \left(1 + \frac{\varepsilon}{\rho}\right) \cdot \frac{\varepsilon}{\rho} \quad \begin{cases} 2\varepsilon \approx 0 \\ \varepsilon = -\rho \end{cases}$$

Por lo tanto, $2\varepsilon \approx 0$ y $\varepsilon = -\rho$, descartamos el valor negativo de épsilon, entonces:

$$S_0 - S_\infty \approx 2\varepsilon \blacksquare$$

Estudio de los puntos críticos y estabilidad del modelo SIR

Puntos críticos del modelo SIR

Las soluciones de interés son las positivas, y en las ecuaciones se observa que el eje S es invariante, y el eje I es positivamente invariante. Además, como $S(t) + I(t) + R(t) = N$, una vez que se determina $I(t)$ y $S(t)$, se puede hallar $R(t) = N - S(t) - I(t)$. De esta manera, se puede considerar el sistema formado por las ecuaciones (1) y (2).

En este caso como $R(t) = N - S(t) - I(t)$, por lo tanto, el sistema de tres ecuaciones del modelo **SIR** se reduce a dos, obteniéndose el sistema formado por las ecuaciones (1) y (2):

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta \cdot S(t) \cdot I & (1) \\ I'(t) = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) & (2) \end{cases}$$

Para obtener los puntos de equilibrio hacemos $S'(t) = 0, I'(t) = 0$

$0 = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t)$, por lo tanto, $S(t) = 0, I(t) = 0$ obteniendo $P_c(S_c, I_c), P_c(0, 0)$

$0 = (\beta \cdot S(t) - \gamma) \cdot I(t)$, por lo tanto, $S(t) = \frac{\gamma}{\beta}, I(t) = 0$ obteniendo $P_c(S_c, I_c) P_c\left(\frac{\gamma}{\beta}, 0\right)$

Entonces, los puntos críticos de interés son de la forma $(S_c, 0)$, para todo $S_c \in]0, N[$.

Estabilidad del modelo SIR

Aplicaremos lo teoremas 3.3.11 teorema de estabilidad de sistemas no lineales y 3.3.12 teorema de Liapunov, antes de examinar la estabilidad del punto crítico $P_c(S_c, I_c), P_c(S_c, 0)$ lo trasladamos al origen mediante el siguiente cambio de variables.

$$\begin{aligned} S^* &= S - S_c \\ I^* &= I - I_c \end{aligned} \quad (20)$$

Analicemos la estabilidad del punto crítico $P_c(S_c, 0)$

$$\begin{aligned} \begin{pmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} &= A \begin{pmatrix} S - S_c \\ I - I_c \end{pmatrix} + L(S - S_c, I - I_c), \\ \begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' &= A \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + L(S^*, I^*) \end{aligned} \quad (21)$$

Cálculo de la matriz Jacobiana $A = \begin{vmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma \end{vmatrix}_{(S_c, 0)} = \begin{vmatrix} 0 & -\beta \cdot S_c \\ 0 & \beta \cdot S_c - \gamma \end{vmatrix}$

Donde $L(S, I)$ son funciones de segundo grado o más del sistema, por lo tanto:

$$\begin{aligned} L(S, I) &= \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix} \\ \begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' &= \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma \end{vmatrix} \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix} \end{aligned}$$

Donde los valores propios de la matriz Jacobiana los hallamos con la expresión $|A - \lambda \cdot I|$

$$\begin{vmatrix} 0 & -\beta \cdot S_c \\ 0 & \beta \cdot S_c - \gamma \end{vmatrix} - \lambda \begin{vmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\lambda & -\beta \cdot S_c \\ 0 & \beta \cdot S_c - \gamma - \lambda \end{vmatrix} = -\lambda(\beta \cdot S_c - \gamma - \lambda), \text{ donde } \begin{cases} \lambda_1 = 0 \\ \lambda_2 = \beta \cdot S_c - \gamma \end{cases}$$

Verifiquemos que se cumplan las hipótesis necesarias para aplicar el teorema de linealización:

$$\lim_{\|S^*, I^*\| \rightarrow 0} \frac{\|L(S^*, I^*)\|}{\|(S^*, I^*)\|} = 0 \quad (22)$$

$$\lim_{\|S^*, I^*\| \rightarrow 0} \frac{|-\beta \cdot S^* \cdot I^*| + |\beta \cdot S^* \cdot I^*|}{|S^*| + |I^*|} = \lim_{\|S^*, I^*\| \rightarrow 0} \frac{2 \cdot |\beta \cdot S^* \cdot I^*|}{|S^*|} = \lim_{\|S^*, I^*\| \rightarrow 0} 2|\beta \cdot I^*| = 0$$

Dado que $L(0, 0) = (0, 0)$ recordemos que el origen $P_c(0, 0)$ se trata de un punto crítico aislado y se cumple (22), por lo tanto, podemos aplicar el 3.3.11 teorema de estabilidad de sistemas no lineales. Conocemos los valores propios de la matriz jacobiana A son: $\lambda_1 = 0$ y $\lambda_2 = \beta \cdot S_c - \gamma$.

Analicemos el valor propio $\lambda_2 = \beta \cdot S_c - \gamma$

- Para $\lambda_2 > 0 \Leftrightarrow S_c > \frac{\gamma}{\beta}$. Aplicando 3.3.11 teorema de estabilidad de sistemas no lineales para este caso $p(0,0)$ es un punto crítico inestable para el sistema (21), por lo tanto, al rehacer el cambio de variable efectuado en (20), tenemos que el punto crítico $P_c(S_c, 0)$ es inestable para el sistema formado por las ecuaciones (1) y (2)
- Para $\lambda_2 \leq 0 \Leftrightarrow S_c \leq \frac{\gamma}{\beta}$ no podemos aplicar el teorema de estabilidad de sistemas no lineales, por lo que aplicaremos 3.3.12 teorema de Liapunov.

Para aplicar el teorema antes mencionado utilizaremos la ecuación (16) deducida anteriormente dada por la expresión $I = I_0 + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S}{S_0} - S$, donde I_0 lo desechamos por ser muy pequeño en comparación con S_0 para $t = 0$ sabemos que $\rho = \frac{\gamma}{\beta} = S_c$, reemplazando en (16) tendremos:

$$E(S, I) = S + I - S_c - S_c \cdot \ln \frac{S}{S_c}$$

Evaluando $E(S_c, 0)$ en la ecuación anterior, donde $S \approx S_c$ y $I \approx 0$ tendremos

$$E(S_c, 0) = S_c + 0 - S_c - S_c \cdot \ln \frac{S_c}{S_c} = 0, \text{ por lo tanto, se cumple:}$$

- $E(S_c, 0) = 0$, en consecuencia E es definida positiva en un entorno reducido de $(S_c, 0)$

$$E(S, I) = I + S - I_c - S_c - S_c \cdot \ln(S) + S_c \cdot \ln(S_c)$$

$$\frac{d\{E[S(t), I(t)]\}}{dt} = \frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) \begin{cases} \frac{\partial E}{\partial S} = 1 - \frac{S_c}{S} \\ \frac{\partial E}{\partial I} = 1 \end{cases}$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) = \left(1 - \frac{S_c}{S}\right) (-\beta \cdot S \cdot I) + (\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I)$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) = \left(\frac{S - S_c}{S}\right) (-\beta \cdot S \cdot I) + \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I = \beta \cdot I(S - S + S_c) - \gamma \cdot I$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) = (\beta \cdot S_c - \gamma) \cdot I \leq 0$$

El resultado obtenido de $\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t)$ es semidefinido negativo, por lo tanto, el punto explícito $P_c(S_c, 0)$ es estable.

Deducción de solución analítica paramétrica para el modelo SIR

Para calcular una solución analítica exacta de forma paramétrica al modelo epidemiológico determinista compartimental seguiremos las referencias (Harko et al., 2014)(Garcia, 2014).

Del sistema de ecuaciones del modelo SIR de la ecuación (1) despejar la variable $I(t)$:

$$I(t) = -\frac{S'(t)}{\beta \cdot S(t)} \quad (23)$$

En la ecuación (1) encontrar la segunda derivada $S''(t)$

$$S''(t) = -\beta \cdot S'(t) \cdot I(t) - \beta \cdot S(t) \cdot I'(t) \quad (24)$$

Reemplazar la ecuación (1) y (23) en la ecuación (24)

$$S''(t) = -\beta(-\beta \cdot S(t) \cdot I(t)) \cdot I(t) - \beta \cdot S(t) \cdot I'(t)$$

$$S''(t) = \beta^2 \cdot S(t) \cdot \left(-\frac{S'(t)}{\beta \cdot S(t)}\right)^2 - \beta \cdot S(t) \cdot I'(t)$$

Despejar la variable $I'(t)$

$$\beta \cdot S(t) \cdot I'(t) = S(t) \cdot \left(\frac{S'(t)}{S(t)}\right)^2 - S''(t)$$

$$I'(t) = \frac{1}{\beta} \left[\left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 - \frac{S''(t)}{S(t)} \right] \quad (25)$$

Remplazar la ecuación (1) y (23) en la ecuación (2)

$$\begin{aligned} I'(t) &= \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) \\ I'(t) &= \beta \left(-\frac{S'(t)}{\beta \cdot I(t)} \right) I(t) - \gamma \left(\frac{-S'(t)}{\beta \cdot S(t)} \right) \\ I'(t) &= -\frac{1}{\beta} \left(\beta \cdot S'(t) - \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} \right) \end{aligned} \quad (26)$$

Igualar las ecuaciones (25) y (26):

$$\begin{aligned} \cancel{\frac{1}{\beta}} \left[\left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 - \frac{S''(t)}{S(t)} \right] &= -\cancel{\frac{1}{\beta}} \left(\beta \cdot S'(t) - \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} \right) \\ \frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 + \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} - \beta \cdot S'(t) &= 0 \end{aligned} \quad (27)$$

Remplazar la ecuación (23) en la ecuación (3)

$$\begin{aligned} R'(t) &= \gamma \cdot I(t) \\ R'(t) &= -\frac{\gamma}{\beta} \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right) \end{aligned} \quad (28)$$

Integrar la ecuación (28)

$$\begin{aligned} \frac{S'(t)}{R'(t)} &= \frac{dS/dt}{dR/dt} = -\frac{\beta}{\gamma} S(t) \\ \frac{dS}{S(t)} &= -\frac{\beta}{\gamma} dR(t) \\ S(t) &= C_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \end{aligned} \quad (29)$$

Analizando en $t = 0$ se tiene la siguiente expresión para la constante de integración inicial

$$C_0 = S \cdot e^{\frac{\beta}{\gamma} R_0} \quad (30)$$

Determinar la derivada de la ecuación (29)

$$S'(t) = -C_0 \frac{\beta}{\gamma} R'(t) e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \quad (31)$$

Hallar la segunda derivada de la ecuación (28)

$$R''(t) = -\frac{\gamma}{\beta} \left[\frac{S(t) \cdot S''(t) - S'(t) \cdot S'(t)}{(S(t))^2} \right]$$

$$R''(t) = -\frac{\gamma}{\beta} \left[\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] \quad (32)$$

Las ecuaciones (28), (31), (32) las podemos despejar de manera que permitan operar con la ecuación (27), por lo tanto, se tendrá:

$$\gamma \frac{S'(t)}{S(t)} = -\beta \cdot R'(t) \quad (33)$$

$$-\beta S'(t) = \frac{\beta^2 \cdot C_0}{\gamma} R'(t) e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \quad (34)$$

$$\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 = -R''(t) \frac{\beta}{\gamma} \quad (35)$$

Reemplazar (33), (34), (35) en la ecuación (27) e igualar a cero:

$$\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 + \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} - \beta \cdot S'(t) = 0$$

$$-R''(t) \frac{\beta}{\gamma} - \beta \cdot R'(t) + \frac{\beta^2 \cdot C_0}{\gamma} R'(t) e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} = 0$$

Despejar $R''(t)$:

$$R''(t) = -\gamma \cdot R'(t) + \beta \cdot C_0 \cdot R'(t) e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \quad (36)$$

La ecuación (36) se trata de una EDO no lineal, la misma que para resolverla se aplicará un cambio de variable:

$$u(t) = e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \quad (37)$$

En el cambio de variable propuesto despejar $R(t)$ y hallar la primera derivada $R'(t)$ y segunda derivada $R''(t)$:

$$R(t) = -\frac{\gamma}{\beta} \ln u(t)$$

$$R'(t) = -\frac{\gamma}{\beta} \frac{u'(t)}{u(t)} \quad (38)$$

$$R''(t) = -\frac{\gamma}{\beta} \left[\frac{u(t) \cdot u''(t) - u'(t) \cdot u'(t)}{(u(t))^2} \right]$$

$$R''(t) = \frac{\gamma}{\beta} \left[\left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 - \frac{u''(t)}{u(t)} \right] \quad (39)$$

Reemplazar la ecuación (38) y (39) en la ecuación (36) e igualar a cero

$$R''(t) + \gamma \cdot R'(t) - \beta \cdot C_0 \cdot R'(t) e^{\frac{\beta}{\gamma} R(t)} = 0$$

$$\frac{\gamma}{\beta} \left[\left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 - \frac{u''(t)}{u(t)} \right] - \gamma \frac{\gamma}{\beta} \frac{u'(t)}{u(t)} + \beta \cdot C_0 \cdot \frac{\gamma}{\beta} \frac{u'(t)}{u(t)} \cdot u(t) = 0$$

Para eliminar denominadores multiplicar toda la ecuación por $(u(t))^2$:

$$\left\{ \left[\left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 - \frac{u''(t)}{u(t)} \right] - \gamma \frac{u'(t)}{u(t)} + \beta \cdot C_0 \cdot \frac{\gamma}{\beta} u'(t) \right\} (u(t))^2 = 0$$

$$(u'(t))^2 - u''(t) \cdot u(t) - \gamma \cdot u'(t) \cdot u(t) + \beta \cdot C_0 \cdot u'(t) \cdot (u(t))^2 = 0$$

$$u \cdot \frac{d^2u}{dt^2} - \left(\frac{du}{dt} \right)^2 + (\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u) u \cdot \frac{du}{dt} = 0 \quad (40)$$

La ecuación matemática (40) es una EDO de segundo orden

$$\phi = \frac{dt}{du} \quad (41)$$

De la expresión matemática (41) determinar la primera derivada $u'(t)$ y la segunda derivada

$$u''(t)$$

$$u'(t) = \frac{1}{\phi} \quad (42)$$

$$u''(t) = -\frac{\phi'(t)}{(\phi(t))^2} \quad (43)$$

$$\frac{u''(t)}{(u(t))^2} = \frac{-\frac{\phi'(t)}{(\phi(t))^2}}{\frac{1}{(\phi(t))^2}}$$

$$\frac{d\phi}{du} = -\frac{u''(t)}{(u(t))^2} \quad (44)$$

Hallar la derivada de ϕ respecto a u aplicando la regla de la cadena:

$$\frac{d\phi}{du} = \frac{d\phi}{dt} \cdot \frac{dt}{du}$$

$$\frac{d\phi}{du} = -\frac{u''(t)}{(u(t))^2} \cdot \phi \quad (45)$$

Multiplicar la ecuación (40) por $\frac{1}{\left(u\left(\frac{du}{dt}\right)\right)^2}$

$$\left[u \cdot \frac{d^2u}{dt^2} - \left(\frac{du}{dt}\right)^2 + (\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u)u \cdot \frac{du}{dt} \right] \frac{1}{\left(u\left(\frac{du}{dt}\right)\right)^2} = 0$$

$$\frac{\frac{d^2u}{dt^2}}{\left(\frac{du}{dt}\right)^2} - \frac{1}{u} + \frac{(\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u)}{\frac{du}{dt}} = 0 \quad (46)$$

Reemplazar (42), (45) en la ecuación (46) y multiplicar por $(-\phi)$ obtenemos la ecuación de

Bernoulli:

$$\frac{d\phi}{du} + \frac{1}{u}\phi = (\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u) \cdot \phi^2 \quad (47)$$

Operando la ecuación de Bernoulli con $n = 2$ se tendrá:

$$\omega = \phi^{1-n} = \phi^{-1}$$

$$\frac{d\omega}{d\phi} = -\phi^{-2}$$

$$\frac{d\omega}{du} = \frac{d\omega}{d\phi} \cdot \frac{d\phi}{du}$$

$$\frac{d\omega}{du} = -\phi^{-2} \cdot \frac{d\phi}{du}$$

Multiplicando cada término de la ecuación por $\frac{d\omega}{d\phi}$ que es $(-\phi^{-2})$ se tendrá:

$$(-\phi^{-2}) \frac{d\phi}{du} + (-\phi^{-2}) \frac{1}{u} \phi = (-\phi^{-2})(\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u) \cdot \phi^2$$

$$(-\phi^{-2}) \frac{d\phi}{du} - (\phi^{-1}) \frac{1}{u} = -(\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u)$$

$$\frac{d\omega}{du} - \frac{1}{u} \omega = -(\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u) \quad (48)$$

La expresión matemática (48) es una EDO lineal de forma $\omega' + p(u) \cdot \omega = g(u)$ que tiene solución directa aplicando el método de variación de parámetros y la solución está dada por:

$$\omega = \sigma(u) \cdot v(u)$$

Calcular el factor integrante:

$$\sigma(u) = e^{-\int p(u) \cdot du}$$

$$\sigma(u) = e^{-\int \frac{1}{u} \cdot du} = e^{\ln(u)} = u$$

Determinar $v(u)$

$$v(u) = \int \frac{g(u)}{\sigma(u)} \cdot du$$

$$v(u) = -\int \frac{(\gamma - \beta \cdot C_0 \cdot u)}{u} \cdot du = -\gamma \cdot \ln(u) + \beta \cdot C_0 \cdot u + C_1$$

Solución de la ecuación diferencial ordinaria:

$$\omega = \sigma(u) \cdot v(u)$$

$$\omega = u(-\gamma \cdot \ln(u) + \beta \cdot C_0 \cdot u + C_1)$$

Revertir el cambio de variable $\omega = \phi^{-1}$ efectuado:

$$\phi = \frac{1}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)} \quad (49)$$

Por lo tanto, la solución exacta del sistema de ecuaciones diferenciales, que describe el modelo compartimental epidémico SIR, dado en función del parámetro u .

Para hallar la solución de $S(u)$, reemplazar la ecuación (37) en la ecuación (29) obteniéndose:

$$S(u) = C_0 \cdot u \quad (50)$$

Para la solución de $R(u)$. Aplicamos la regla de la cadena y despejamos $R'(t)$ a continuación reemplazamos la ecuación (38) y realizamos operaciones correspondientes:

$$\frac{dR}{du} = \frac{dR}{dt} \cdot \frac{dt}{du}$$

$$\frac{dR}{dt} = \frac{dR}{du} \cdot \frac{du}{dt}$$

$$R'(t) = R'(u) \cdot u'(t)$$

Reemplazando Ecuación (38) en la expresión anterior

$$-\frac{\gamma}{\beta} \frac{u'(t)}{u(t)} = R'(u) \cdot u'(t)$$

$$\int R'(u) \cdot du = -\frac{\gamma}{\beta} \int \frac{du}{u}$$

$$R(u) = -\frac{\gamma}{\beta} \cdot \ln(u) + C_2$$

Para obtener el valor de C_2 para $t = 0$ reemplazar (37) en la ecuación anterior:

$$R_0 = -\frac{\gamma}{\beta} \cdot \ln \cdot e^{-\frac{\beta}{\gamma} R_0} + C_2 = \cancel{-\frac{\gamma}{\beta}} \left(\cancel{-\frac{\beta}{\gamma}} R_0 \right) + C_2 = R_0 + C_2$$

$$C_2 = 0$$

Luego la solución de $R(u)$ estará dada por:

$$R(u) = -\frac{\gamma}{\beta} \ln(u) \quad (51)$$

Para obtener la solución de $I(u)$, calcular la derivada de I respecto de u aplicando la regla de la cadena y a continuación reemplazar las ecuaciones (41), (49), (50)

$$\frac{dI}{du} = \frac{dI}{dt} \cdot \frac{dt}{du}$$

$$\frac{dI}{du} = (\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I) \cdot \phi$$

$$\frac{dI}{du} = \frac{I \cdot (\beta \cdot S - \gamma)}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)} = \frac{I \cdot (\beta \cdot C_0 \cdot u - \gamma)}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)}$$

$$\frac{dI}{du} = \frac{I \cdot (\beta \cdot C_0 - \gamma/u)}{(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)} \quad (52)$$

Resolver la ecuación diferencial aplicando el método de variables separables tenemos:

$$\int \frac{dI}{I} = \int \frac{(\beta \cdot C_0 - \gamma/u) \cdot du}{(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)}$$

$$\ln|I| = \ln|C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u| + \ln|K|$$

$$I(u) = (C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u) \cdot K \quad (53)$$

Como K es una constante arbitraria y la población constante representada por N tenemos:

$$S(u) + I(u) + R(u) = N$$

Donde N es el tamaño de la población reemplazando (50), (51), (53) en la ecuación anterior se tiene:

$$C_0 \cdot u + (C_1 - \gamma \cdot \ln u + C_0 \cdot \beta \cdot u) \cdot K - \frac{\gamma}{\beta} \ln u = N$$

Para resolver la expresión anterior la constante debe ser $K = -\frac{1}{\beta}$ al reemplazar se tiene:

$$C_0 \cdot u - \frac{C_1}{\beta} + \frac{\gamma}{\beta} \cdot \ln u - C_0 \cdot u - \frac{\gamma}{\beta} \ln u = N$$

$$C_1 = -\beta \cdot N, \quad K = -\frac{1}{\beta}$$

Entonces, la solución de $I(u)$ al reemplazar k en la ecuación (53) será:

$$I(u) = \frac{\gamma}{\beta} \ln u - \frac{C_1}{\beta} - C_0 \cdot u \quad (54)$$

Donde C_0 representa la población susceptible inicial ($C_0 = S_0$) y C_1 representa la población total ($C_1 = -\beta \cdot N$), así mismo se ha obtenido la solución explícita en forma paramétrica del sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR, y está dado por las expresiones

matemáticas (50), (51), (54), a continuación relacionemos los parámetros t y u mediante las ecuaciones (41) y (49). Entonces:

$$\phi = \frac{1}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)}$$

$$\frac{dt}{du} = \frac{1}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)} \quad (55)$$

$$t - t_0 = \int_{u_0}^u \frac{du}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)}$$

$$t = \int_1^u \frac{1}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)} \quad (56)$$

Hallemos la solución explícita de la expresión (55)

$$\int_{t_0}^t dt = \int_{u_0}^u \frac{du}{u(C_1 - \gamma \cdot \ln(u) + C_0 \cdot \beta \cdot u)}$$

$$t - t_0 = \frac{1}{C_1} \int_{u_0}^u \frac{du}{u} - \frac{1}{\gamma} \int_{u_0}^u \frac{du}{u \cdot \ln(u)} + \frac{1}{C_0 \cdot \beta} \int_{u_0}^u \frac{du}{u^2}$$

$$t = \frac{1}{C_1} \ln(u) - \frac{1}{\gamma} \ln(\ln(u)) - \frac{1}{C_0 \cdot \beta} \left(\frac{1}{u} \right) \Big|_{u_0}^u \quad (57)$$

Capítulo V

Validación, calibración y aplicación del modelo SIR con datos reales en epidemias de corta duración

Epidemia de influenza en internado inglés 1978

El 4 de marzo de 1978 la revista British Medical Journal (Anonymous, 1978) publica conforme al informe proporcionado, el brote de una epidemia de influenza en un internado al norte de Inglaterra, el mismo que alojaba 763 estudiantes.

El inicio de clases fue el 10 de enero. Los estudiantes retornaron de sus vacaciones que fueron en diferentes partes del mundo. Un estudiante que retornaba de Hong Kong mostró signos de temperatura elevada del 15 al 18 de enero. El 22 de enero, tres niños estaban enfermos, el tiempo que estuvieron enfermos fue un promedio de 5-6 días. Sin embargo, dado que los niños fueron aislados en la enfermería, pasaron tal vez alrededor de 2 días como infecciosos.

Además, como se ha explicado anteriormente, los estudiantes infectados no se retiraron de la población hasta 1 o 2 días después de haberse infectado. Por lo tanto, no sólo eran contagiosos y estaban infectando a más estudiantes.

Tabla 1

Número diario de estudiantes infectados por la influenza

Fecha	Días	Infectados	Recuperados
18/01/1978	0	1	0
22/01/1978	1	3	0
23/01/1978	2	8	0
24/01/1978	3	25	0
25/01/1978	4	75	0
26/01/1978	5	227	9
27/01/1978	6	296	17

Fecha	Días	Infectados	Recuperados
28/01/1978	7	258	105
29/01/1978	8	236	162
30/01/1978	9	192	176
31/01/1978	10	126	166
01/02/1978	11	71	150
02/02/1978	12	28	85
03/02/1978	13	11	47
04/02/1978	14	7	20

Nota. Tomado de British Medical Journal, 4 de marzo de 1978 "Influenza in a Boarding School"

Calcular una estimación inicial de las tasas de infección (β) y retiro (γ).

Tasa de infección (β)

Tendremos presente que en un tiempo inicial $t_0 = 0$ tiene que haber por lo menos un infectado $I_0 = 1$ para que inicie una epidemia, así mismo el parámetro de la tasa de recuperación es muy pequeño por lo que tiende a cero $\gamma \rightarrow 0$, aplicando estas condiciones a la ecuación (2) y despejando β tenemos:

$$I'(t) = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t)$$

$$\beta = \frac{I'(t)}{S(t) \cdot I(t)} \quad (58)$$

Conocemos que la derivada es igual a la tangente por lo que $I'(t)$ se puede aproximar por:

$$I'(t) \approx \frac{I(t) - I(t_0)}{t - t_0} \quad (59)$$

De la tabla 1 observamos que al transcurrir 1 día existen 3 infectados de un total de 763 estudiantes, por lo tanto, $I(t_0) = 1$, $I(t_1) = 3$, reemplazando estos datos en la ecuación (59) tendremos:

$$I'(t) \approx \frac{I(1) - I(0)}{1 - 0}$$

$$I'(t) \approx \frac{3 - 1}{1} \approx 2$$

Sustituyendo $S_0 = 763 - 1$, $I_0 = 1$ y $I'(t) \approx 2$ en la ecuación (58) obtenemos el valor de β

$$\beta = \frac{I'(t)}{S_0 \cdot I_0}$$

$$\beta = \frac{2}{762 * 1}$$

$$\beta = 0.002625$$

Taza de retiro (γ)

Para estimar el parámetro de la tasa de recuperación tenemos dos alternativas

Empleando la ecuación (1) integrando $S(t)$ y asumiendo que conocemos $I(t)$ tenemos:

$$\frac{ds}{S(t)} = -\beta \cdot I(t) dt$$

$$\int_{s_0}^s \frac{ds}{S} = -\beta \int_{t_0=0}^t I(S) \cdot ds$$

$$\ln \frac{S}{S_0} = -\beta \int_0^t I(S) \cdot ds$$

$$S(t) = S_0 \cdot e^{-\beta \int_0^t I(S) \cdot ds} \quad (60)$$

Consideramos t^* el tiempo que la función $f(t)$ alcanza su máximo valor cuando su derivada es

igual a cero, por lo tanto, $f'(t^*) = 0$, aplicando en la ecuación (2) tendremos que $I'(t^*) = 0$,

entonces:

$$I'(t^*) = \beta \cdot I(t^*) \cdot S(t^*) - \gamma \cdot I(t^*)$$

$$0 = I(t^*) (\beta \cdot S(t^*) - \gamma)$$

$$\gamma = \beta \cdot S(t^*)$$

En la ecuación (60) sustituimos $t = t^*$ y multipliquemos por β , entonces, tenemos:

$$\beta \cdot S(t^*) = \beta \cdot S_0 \cdot e^{-\beta \int_0^{t^*} I(S) \cdot ds}$$

$$\gamma = \beta \cdot S_0 \cdot e^{-\beta \int_0^{t^*} I(S) \cdot ds} \quad (61)$$

Para calcular la integral $\int_0^{t^*} I(S) \cdot ds$ que es exponente de la ecuación (61), aplicamos la regla del trapecio compuesta

$$\int_a^b f(x) dx \approx \frac{b-a}{n} \left(\frac{f(a) + f(b)}{2} + \sum_{i=1}^{n-1} f(x_i) \right)$$

Donde:

$$x_i = a + i * h, \quad i = 1, 2, \dots, n$$

$$a = x_0$$

$$b = x_n$$

$$h = \frac{b-a}{n}$$

En la tabla 1 podemos observar que el máximo número de infectados es a los 6 días, por lo tanto, $t_0 = 0$ y $t^* = 6$, entonces, aproximemos la integral para $n = 6$ donde $a = t_0$ y $b = t^*$

$$\int_a^b I(S) ds \approx \frac{b-a}{n} \left(\frac{I(a) + I(b)}{2} + \sum_{i=1}^5 f(I(t_i)) \right)$$

$$\int_0^6 I(S) ds \approx \frac{(6-0)}{6} \cdot \left(\frac{1+296}{2} + 3 + 8 + 25 + 75 + 227 \right) = 486.5$$

Reemplacemos los valores obtenidos en la ecuación (61) para obtener un valor estimado para el parámetro de la tasa de recuperación γ :

$$\gamma = \beta \cdot S_0 \cdot e^{-\beta \int_0^{t^*} I(S) \cdot ds}$$

$$\gamma = 0.002625 * 762 * e^{-0.002625 * 486.5}$$

$$\gamma = 0.5592$$

Validación del modelo

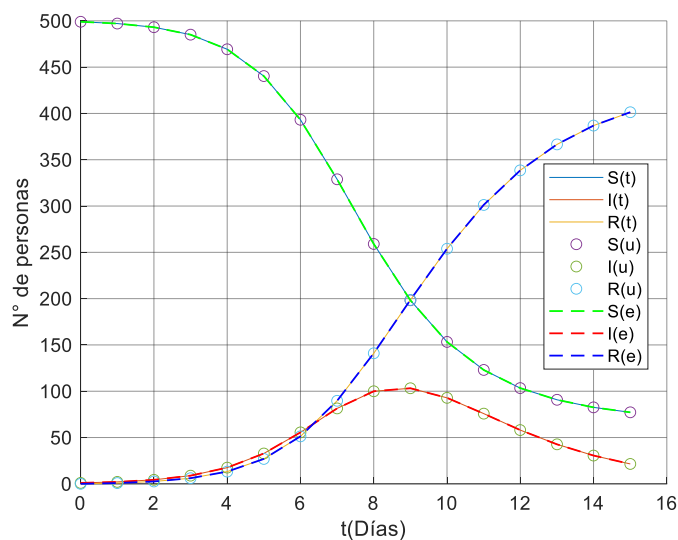
Una vez halladas las tasas de Infección (β) y de Recuperación (γ) vamos a calibrar el modelo con los datos de la tabla 1, considerando una población de 500 individuos, comparando los resultados obtenidos al usar la solución analítica explícita dada por (50), (51) y (54), con la

solución obtenida por integración numérica del sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR dada por (1), (2), (3) con los valores iniciales $S_0 = 499, I_0 = 1, R_0 = 0$, así como $N = 500$ y las tasas de infección y recuperación obtenidas anteriormente $\gamma = 0.5592$ y $\beta = 0.0026$, para lo cual aplicamos programación en Matlab según (Cápsulas MultiON, 2020) y seguimos el siguiente orden:

- Solución numérica del sistema de ecuaciones diferenciales (1), (2) y (3) del modelo SIR tradicional en el intervalo de tiempo, 0 a 15 días, donde $t \in [0, 15]$.
- Obtención del parámetro (u), aplicando la ecuación (37) en el intervalo $t \in [0, 15]$, por condiciones iniciales conocemos que $t_0 = 0, R_0 = 0$ es decir en el inicio de la epidemia no existirán individuos recuperados y de la solución numérica obtenemos $t_{15} = 15, R_{15} = 398.16$, reemplazando en (37) tenemos para $t_0 = 0, u_0 = 1$ y para $t_{15} = 15, u_{15} = 0.1612$, por lo tanto, $u \in [1, 0.1612]$.
- Cálculo de $S(u), I(u), R(u)$ en el intervalo $u \in [1, 0.1612]$, aplicando la solución explícita dado por (50), (51) y (54) para el modelo SIR.
- Relación del tiempo(t) en función del parámetro (u), aplicando la ecuación (56).
- Resolvemos nuevamente el sistema de ecuaciones (1), (2) y (3) para el tiempo obtenido en función del parámetro u .
- Grafica de la solución numérica y explícita del modelo SIR.
- Comparación de resultados obtenidos.

Figura 7

Solución conjunta del Modelo SIR, solución numérica, paramétrica y explícita



Nota. Donde la solución Numérica es $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$, paramétrica, $S(u)$, $I(u)$ y $R(u)$ y explícita, $S(e)$, $I(e)$, $R(e)$, además se observa como las soluciones siguen la misma tendencia.

Para obtener la **Figura 7** se aplicaron los siguientes parámetros, $S_0 = 499$, $I_0 = 1$, $R_0 = 0$, así $N = 500$, para un intervalo de tiempo de 15 días y las tasas de infección y recuperación obtenidas anteriormente $\gamma = 0.5592$ y $\beta = 0.0026$.

En la **Figura 7** podemos observar las gráficas, donde la solución numérica representada por línea continua, solución paramétrica representada por círculos y la solución explícita representada por líneas entrecortadas, siguen la misma tendencia y se sobreponen tanto para individuos Susceptibles, Infectados y Recuperados, a simple vista parecen tener resultados iguales pero existen diferencias mínimas que se pueden analizar en la siguiente tabla obtenida al momento de ejecutar el programa elaborado en Matlab.

Tabla 2

Modelo SIR solución numérica y explícita, epidemia de influenza en el internado Ingles 1978

t	S(t)	I(t)	R(t)	te	S(te)	I(te)	R(te)
0,0000	499,0000	1,0000	0,0000	0,0000	499,0000	1,0000	0,0000
1,0000	497,0857	2,0876	0,8267	1,0002	497,0853	2,0879	0,8269
2,0000	493,1275	4,3264	2,5461	2,0000	493,1276	4,3263	2,5461
3,0000	485,0850	8,8319	6,0831	3,0000	485,0847	8,8321	6,0832
4,0000	469,3072	17,4979	13,1949	4,0000	469,3066	17,4982	13,1951
5,0000	440,3476	32,7620	26,8903	5,0002	440,3405	32,7657	26,8938
6,0000	393,1433	55,5808	51,2760	6,0005	393,1169	55,5927	51,2904
7,0000	328,8632	81,4657	89,6710	7,0007	328,8110	81,4838	89,7052
8,0000	259,0491	99,9592	140,9917	8,0008	258,9939	99,9686	141,0375
9,0000	198,2130	103,2258	198,5613	9,0011	198,1564	103,2210	198,6226
10,0000	153,2737	92,8608	253,8655	10,0010	153,2384	92,8466	253,9151
11,0000	123,0078	75,8161	301,1760	11,0033	122,9288	75,7570	301,3142
12,0000	103,3893	58,0655	338,5452	11,9974	103,4292	58,1086	338,4622
13,0000	90,7569	42,6730	366,5701	13,0036	90,7204	42,6229	366,6568
14,0000	82,5768	30,5364	386,8868	13,9988	82,5848	30,5493	386,8659
15,0000	77,2250	21,4771	401,2979	15,0031	77,2118	21,4536	401,3346

Nota. Donde la solución numérica S(t), I(t) y R(t) y la solución explícita S(te), I(te) y R(te).

Una vez analizado el gráfico de la **Figura 7** y los resultados obtenidos en la Tabla 2, al momento de ejecutar el programa elaborado en Matlab nos da la certeza de que la solución explícita en formas paramétrica del modelo SIR es adecuada, por lo tanto, nos permite validar el modelo matemático para epidemias de corta duración.

Calibración del modelo

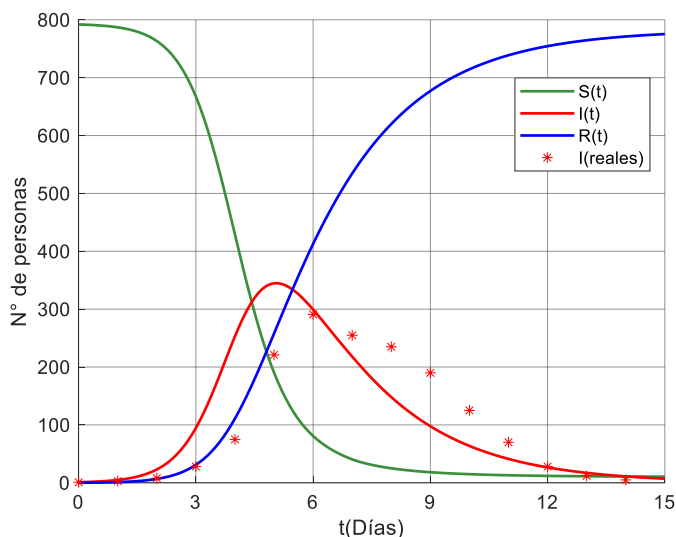
Para calibrar el modelo considere la población total, $N = 763$, $S_0 = 762$, $I_0 = 1$, $R_0 = 0$, $\beta = 0.0026$, $\gamma = 0.5592$, con estos datos, resolver el sistema y obtenga la solución y el gráfico conjunto de los datos reales representados por asteriscos (*) de la

Tabla 1 del número de estudiantes infectados por la influenza y la solución explícita paramétrica dada por las

ecuaciones (50), (51) y (54), entonces, la solución del modelo SIR sin ajuste este dado:

Figura 8

Modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de los individuos infectados



Nota. Evolución de la epidemia de influenza internado inglés 1978.

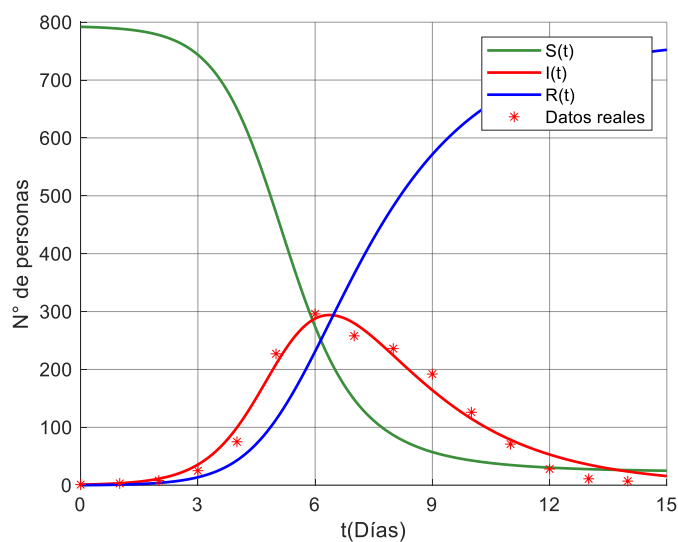
Como podemos observar en la **Figura 8**, la aproximación entre Infectados reales (*) y el modelo SIR sin ajustes línea roja continua no es lo ideal, entonces, el siguiente paso será realizar un ajuste de las tasas de infección y retiro β y γ del modelo que permitan una tendencia más acorde a la realidad, para lo que aplicaremos programación en Matlab, a través de funciones anidadas y el método iterativo `fminsearch`.

Por lo que una vez ejecutado el programa obtenemos los nuevos valores de las tasas de infección y retiro que están dadas por $\beta = 0.4421$ y $\gamma = 0.0022$, con estos nuevos valores

procedemos a ejecutar nuevamente el programa en Matlab para obtener valores predictivos que se ajusten más a la realidad con los datos reales de los individuos infectados, así mismo obtendremos la gráfica del desarrollo predictivo del modelo SIR versus los datos reales de Individuos infectados, lo que permitirá realizar un análisis tanto gráfico como numérico de los resultados obtenidos.

Figura 9

Solución del modelo explícito SIR con ajustes versus datos infectados reales



Observando la **Figura 9** podemos establecer, que el gráfico del modelo predictivo SIR con ajustes representado por la línea roja y los Infectados reales representados por (*) siguen una misma tendencia, por consiguiente, la predicción del modelo es aceptable y podemos establecer que los datos son subyacentes debido a que el modelo es suave y es un buen ajuste.

Para corroborar lo expuesto anteriormente analicemos los datos numéricos obtenidos al momento de ejecutar el programa y a continuación el plano fase de esta epidemia.

Tabla 3*Datos del modelo explícito SIR con ajustes vs datos reales*

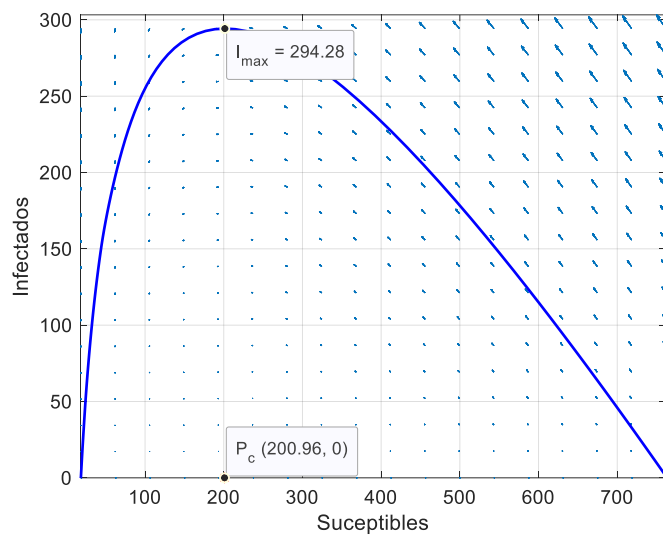
Fecha	t	I(t) Reales	I(t) Modelo
18/01/1978	0	1	1,00
22/01/1978	1	3	3,42
23/01/1978	2	8	11,57
24/01/1978	3	25	37,32
25/01/1978	4	75	104,87
26/01/1978	5	227	216,48
27/01/1978	6	296	290,29
28/01/1978	7	258	277,26
29/01/1978	8	236	221,14
30/01/1978	9	192	162,31
31/01/1978	10	126	114,20
01/02/1978	11	71	78,69
02/02/1978	12	28	53,63
03/02/1978	13	11	36,27
04/02/1978	14	7	24,56

Nota. Infectados reales vs predicción de infectados modelo SIR explícito.

Analizando los resultados obtenidos de la Tabla 3 del modelo SIR con ajustes frente a los datos reales deducimos que es una estimación aceptable, por lo tanto, podemos establecer que el modelo SIR explícito aplicado a epidemias de corta duración es aceptable.

Figura 10

Plano Fase S-I del modelo SIR explícito de la epidemia de influenza en internado inglés 1978



Capítulo VI

Calibración y aplicación del modelo SIR explícito con datos reales del Covid-19

Epidemia Covid-19 México

Como indica (Escudero et al., 2020) En México el primer caso confirmado se declaró el 27 de febrero del 2020 en el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias en la Ciudad de México, y fue un pasajero procedente de Italia, el primer deceso ocurrió el 18 de marzo de 2020.

Validación del modelo

Para la validación del modelo aplicaremos un periodo de latencia o recuperación de 12 a 15 días, por existir, cierto consenso en la comunidad médica, además la OMS opera bajo el supuesto de que el período de incubación es de uno a 15 días según (Quezada et al., 2020), por lo tanto, asumiremos una tasa de infección $\beta = 1/15$ y una tasa de recuperación de $\gamma = 1/6$, consideremos una población de, $N = 730000$ individuos, tomemos como infectados iniciales $I_0 = 100$, al inicio de la epidemia no existen recuperados iniciales, por lo tanto, $R_0 = 0$, por lo tanto, la población susceptible inicial será $S_0 = 729900$ obtenida al remplazar los valores en la expresión matemática $S_0 = N - I_0 - R_0$. una vez establecidos los valores β , γ además de las condiciones iniciales.

Vamos en primer lugar a validar el modelo matemático y luego a calibrar el mismo con la información obtenida de la base de datos del Covid-19 de la (Universidad Johns Hopkins, 2020) lo haremos comparando los resultados obtenidos al aplicar la solución analítica explícita dada por (50), (51) y (54), con la solución obtenida por integración numérica del sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR dado por las ecuaciones (1), (2) y (3).

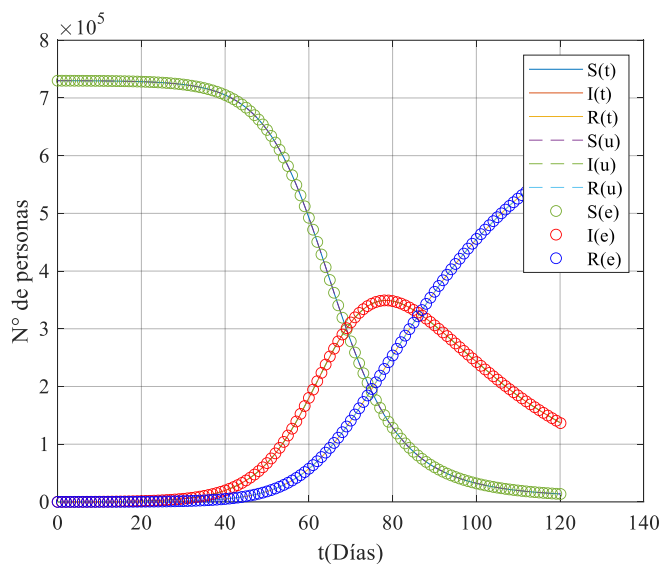
Para lo cual aplicamos programación en Matlab que sigue la siguiente secuencia:

- Solución del sistema de ecuaciones de ecuaciones diferenciales (1), (2) y (3) del modelo SIR en el intervalo donde, $t \in [0,120]$.

- Obtención del parámetro (u) en función del tiempo(t) aplicando la ecuación (37) para el intervalo $t \in [0,120]$, por condiciones iniciales conocemos que $t_0 = 0, R_0 = 0$ es decir en el inicio de la epidemia no existirá individuos recuperados y de la solución numérica obtenemos $t_{120} = 120, R_{120} = 579348.1$, reemplazando en (37) tenemos $t_0 = 0, u_0 = 1$ para $t_{120} = 120, u_{120} = 0.018908$, por lo tanto, $u \in [1, 0.0189]$.
- Cálculo de $S(u), I(u), R(u)$ en el intervalo $u \in [1, 0.0189]$, aplicar la solución explícita dado por (50), (51) y (54) del modelo SIR explícito.
- Relación del tiempo(t) en función del parámetro (u) Aplicando la ecuación (56).
- Resolvemos nuevamente el sistema de ecuaciones (1), (2) y (3) para el tiempo obtenido en función del parámetro (u).
- Solución numérica y explícita del modelo SIR.

Figura 11

Solución conjunta del modelo SIR Covid-19, solución numérica, paramétrica y explícita



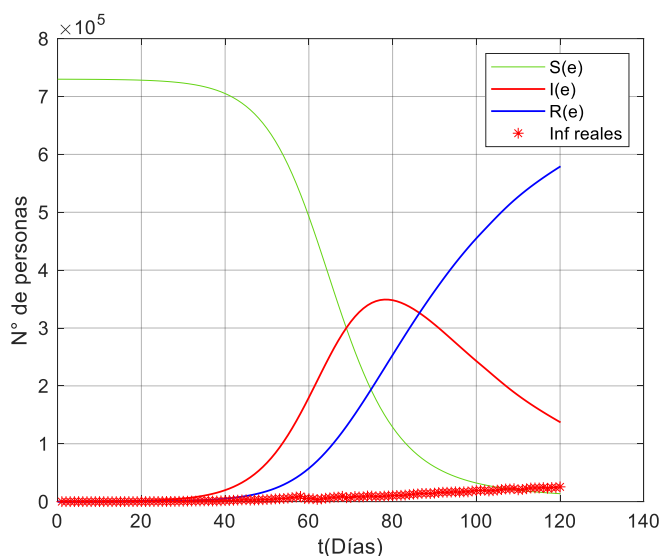
Nota. Donde $S(t), I(t)$ y $R(t)$ es la solución numérica, $S(u), I(u)$ y $R(u)$ es la solución paramétrica y la solución explícita está representada por $S(e), I(e)$ y $R(e)$.

En la **Figura 11** podemos observar que las gráficas tanto de la solución numérica

representada por línea continua, solución paramétrica representada por líneas entrecortadas y la solución explícita representada por círculos, podemos deducir que todas las soluciones siguen la misma tendencia y se sobreponen tanto para individuos Susceptibles, Infectados y Recuperados, a simple vista parecen tener resultados iguales pero existen diferencias muy pequeñas, al momento de ejecutar el programa elaborado en Matlab, lo que nos da la certeza de que la solución explícita en formas paramétrica del modelo SIR es adecuada, por lo tanto, nos permite validar el modelo matemático para epidemias desarrolladas en intervalo de tiempo más amplio.

Figura 12

Solución del modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de México



Como podemos observar en el gráfico de **Figura 12**, la aproximación entre Infectados reales (*) y el modelo predictivo SIR sin ajustes línea roja continua no es nada ideal, por lo que el siguiente paso será recalcularse las tasas de infección y retiro β y γ del modelo que permitan un ajuste más acorde a la realidad, para lo que aplicaremos programación en Matlab, a través de funciones anidadas y el método iterativo `fminsearch`.

Calibración del modelo

Calibraremos el modelo para los datos de México para un intervalo de tiempo de 120 días, con los siguientes datos $N = 730000$, $I_0 = 100$, $S_0 = 729900$, $\beta = 1/6$ y $\gamma = 1/30$, resolvamos el sistema y obtengamos el gráfico conjunto de los datos reales representados por asteriscos (*) y la solución explícita del modelo SIR dada las por las ecuaciones (50), (51) y (54) del modelo explícito SIR.

Por lo que una vez ejecutado el programa en Matlab calcula nuevos valores para las tasas de infección y retiro que están dadas por $\beta = 0.2582$ y $\gamma = 0.1972$, para un periodo de latencia o recuperación de 5.07 días, el radio de infección $r_0 = 1.3093$ es decir una persona infecciosa infectará a 1.31 personas susceptibles de contraer la enfermedad.

Lo que permite mejorar el ajuste, entre los datos reales y la solución explícita del modelo SIR compartimental, de esta forma se puede obtener valores predictivos más confiables, así mismo obtendremos la gráfica del desarrollo predictivo del modelo explícito SIR versus los datos reales de individuos infectados, retirados, confirmados, lo que permitirá realizar un análisis tanto gráfico como numérico de los resultados obtenidos.

Figura 13

Solución del modelo explícito SIR infectados de México versus datos reales

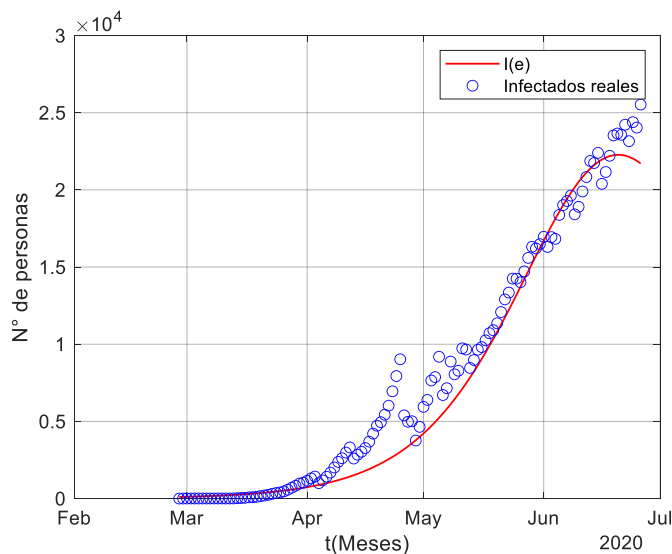
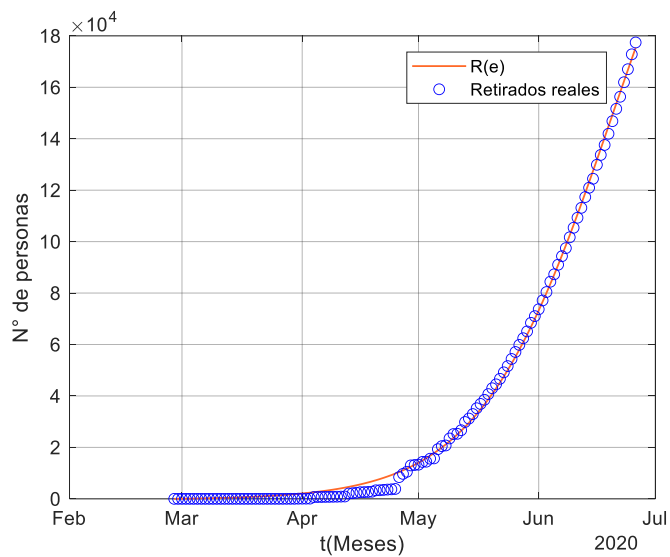
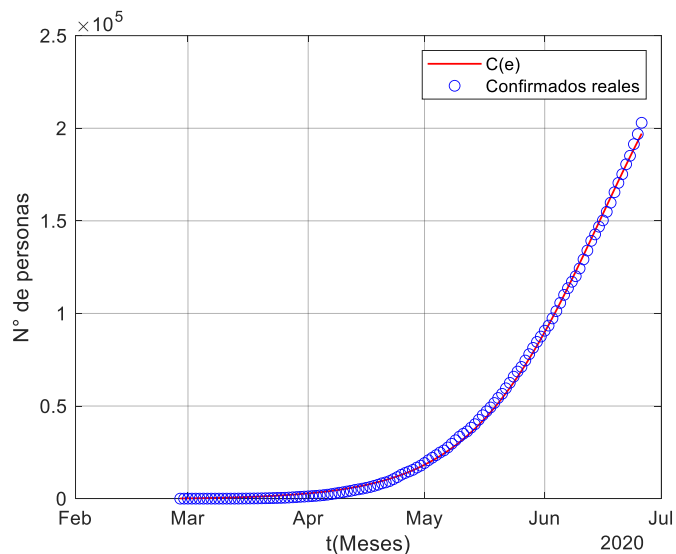


Figura 14

Solución del modelo explícito SIR retirados de México versus datos reales

**Figura 15**

Solución del modelo explícito SIR confirmados de México versus datos reales



Nota. Los círculos representan los confirmados reales de México y la línea continua roja los confirmados según el modelo SIR explícito.

Epidemia Covid-19 Colombia

Según Rosselli (Rosselli, 2020) la epidemia de covid-19 en Colombia oficialmente, se inició el viernes 6 de marzo 2020 cuando se confirmó el primer caso, hasta el 19 de mayo 2022 Colombia registra, más de 6099111 contagios y 139833 muertes relacionadas al SARS- CoV-2.

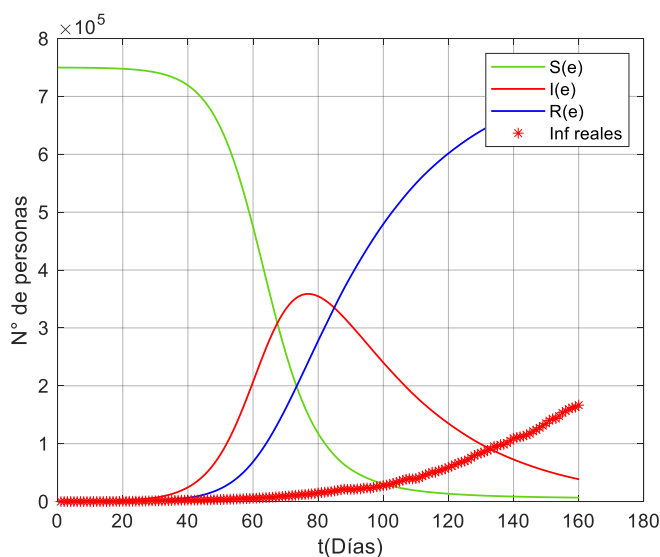
En su investigación Caicedo *et al.* (Caicedo-ochoa et al., 2020) establece en las primeras dos semanas, el número reproductivo básico (R_0) se estimó en 2,28.

Calibración del modelo

Antes de calibrar el modelo, en primer lugar, ejecutamos el programa en Matlab sin ningún ajuste para los siguientes parámetros, para un intervalo de tiempo de 180 días, $N = 805000$, $I_0 = 35$, $S_0 = 804965$, $R_0 = 0$, $\beta = 1/6$ y $\gamma = 1/30$, $\mu = 0$

Figura 16

Solución del modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de Colombia



Como podemos observar en el gráfico de la **Figura 16**, la aproximación entre Infectados reales (*) y el modelo explícito predictivo SIR sin ajustes línea roja continua no es nada ideal, por lo que el siguiente paso será recalculando las tasas de infección y retiro β y γ del modelo de modo que permitan un ajuste más acorde a la realidad, para lo que aplicaremos programación en Matlab, a través de funciones anidadas y el método iterativo `fminsearch`.

Calibraremos el modelo para los datos de Colombia para un intervalo de tiempo de 180 días, con los siguientes datos $N = 805000$, $I_0 = 35$, $S_0 = 804965$, $\beta = 1/6$, $\gamma = 1/30$ y $\mu = 0$, obtengamos la solución y el gráfico conjunto de los datos reales representados por asteriscos (*) y la solución explícita del modelo SIR representada por líneas continuas dada por las ecuaciones (50), (51) y (54).

Figura 17

Solución del modelo explícito SIR infectados de Colombia versus datos reales

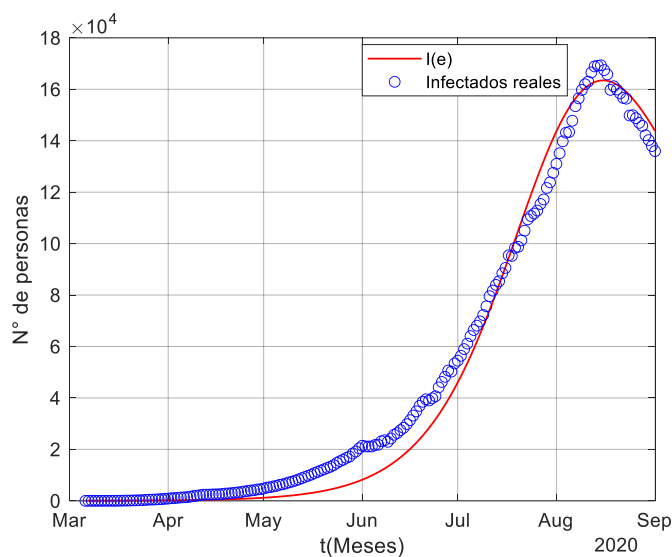
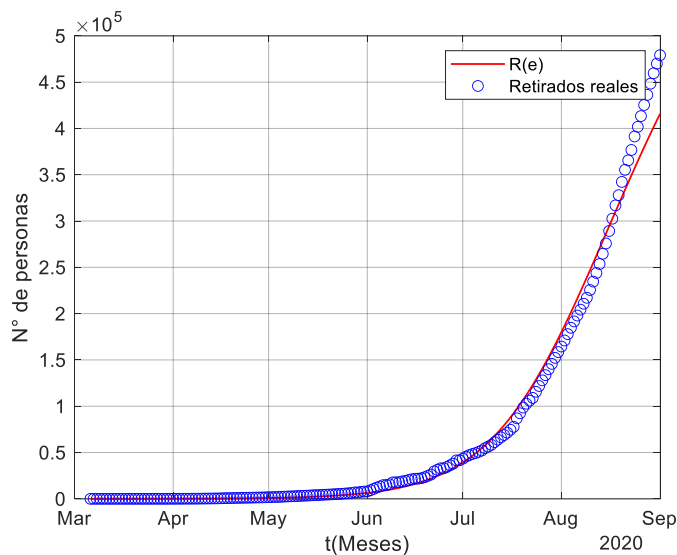
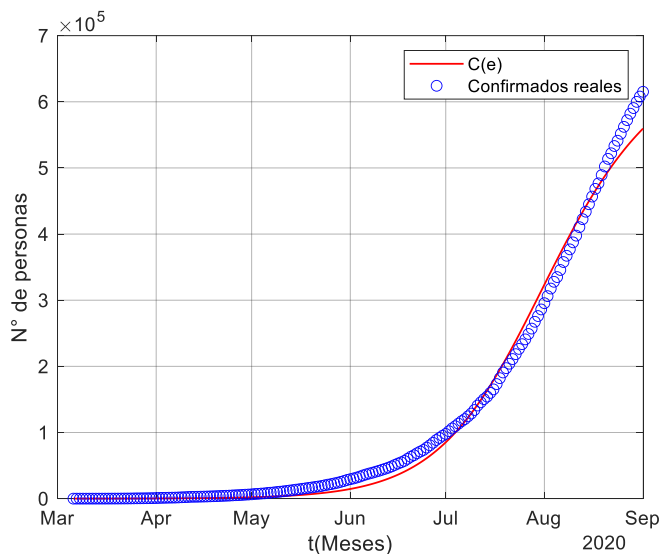


Figura 18

Solución del modelo explícito SIR retirados de Colombia versus datos reales

**Figura 19**

Solución del modelo explícito SIR confirmados de Colombia versus datos reales



Ejecutado el programa, Matlab calcula nuevos valores para las tasas de infección y retiro que están dadas por $\beta = 0.111665$, $\gamma = 0.04856$ para un periodo de latencia o recuperación de 20.60 días, el radio de infección $r_0 = 2.2995$ es decir una persona infecciosa infectará a 2,3 personas susceptibles de contraer la enfermedad.

Este proceso mejora el ajuste, entre los datos reales y la solución explícita del modelo SIR compartimental, de esta forma se puede obtener valores predictivos más acercados a la realidad, así mismo obtendremos la gráfica del desarrollo predictivo del modelo explícito SIR versus los datos reales de individuos infectados, retirados, confirmados, lo que permitirá realizar un análisis tanto gráfico como numérico de los resultados obtenidos.

Epidemia Covid-19 Ecuador

En Ecuador el primer caso confirmado se declaró el 29 de febrero del 2020, y fue una pasajera de 71 años procedente de España, la ciudadana ecuatoriana residente en España, arribó al país el 14 de febrero, presentando síntomas días más tarde, en la actualidad Ecuador registra hasta la fecha de este reporte, más de 873609 contagios y 35613 muertes relacionadas al SARS- CoV-2.

Tabla 4

Datos de Ecuador del Covid-19 periodo 29/02/2020 – 31/03/2020

Fecha	Días	Confirmados	Recuperados	Fallecidos
29/2/2020	0	1	0	0
01/3/2020	1	6	0	0
02/3/2020	2	6	0	0
03/3/2020	3	7	0	0
04/3/2020	4	10	0	0
05/3/2020	5	13	0	0
06/3/2020	6	13	0	0
07/3/2020	7	13	0	0
08/3/2020	8	14	0	0
09/3/2020	9	15	0	0
10/3/2020	10	15	0	0
11/3/2020	11	17	0	0

Fecha	Días	Confirmados	Recuperados	Fallecidos
12/3/2020	12	17	0	0
13/3/2020	13	20	0	1
14/3/2020	14	28	0	2
15/3/2020	15	37	0	2
16/3/2020	16	58	0	2
17/3/2020	17	111	0	2
18/3/2020	18	155	0	3
19/3/2020	19	199	3	4
20/3/2020	20	367	3	7
21/3/2020	21	506	3	7
22/3/2020	22	789	3	14
23/3/2020	23	981	3	18
24/3/2020	24	1082	3	27
25/3/2020	25	1173	3	29
26/3/2020	26	1403	3	34
27/3/2020	27	1595	3	41
28/3/2020	28	1823	3	48
29/3/2020	29	1924	3	58
30/3/2020	30	1962	54	62
31/3/2020	31	2240	58	79

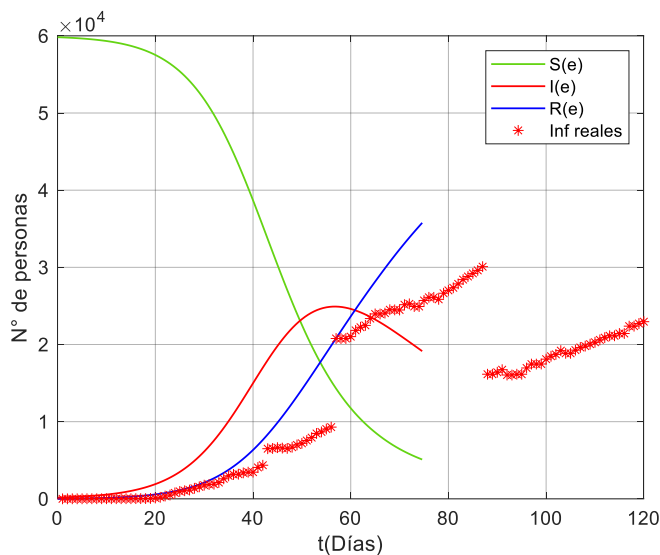
Nota. Información obtenida de la base de datos de la Universidad Johns Hopkins.

Calibración del modelo

Primero ejecutemos el programa en Matlab sin ningún ajuste con los siguientes parámetros, un intervalo de tiempo de 120 días, $N = 60000$, $I_0 = 175$, $S_0 = 59825$, $R_0 = 0$, $\beta = 1/6$ y $\gamma = 1/30$, $\mu = 0$, obtenemos el gráfico de la solución explícita del modelo SIR sin ajuste de datos vs los datos reales.

Figura 20

Solución del modelo explícito SIR sin ajustes versus datos reales de Ecuador

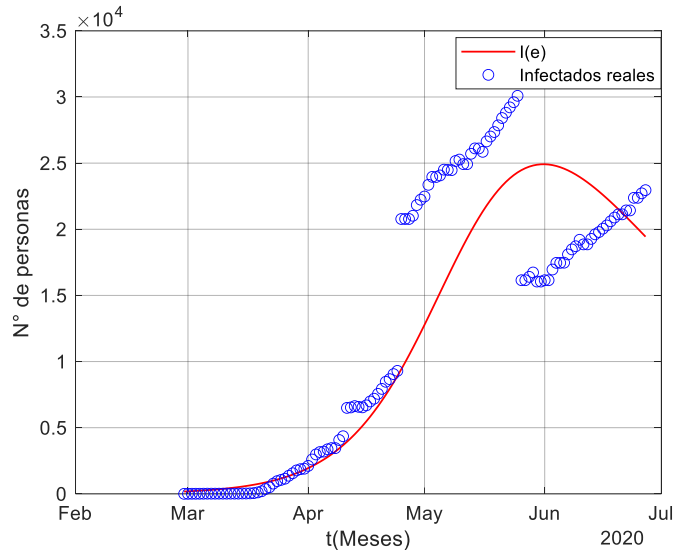


Como podemos observar la **Figura 20**, la aproximación entre Infectados reales (*) y el modelo explícito predictivo SIR sin ajustes línea roja continua no es ideal, por lo que el siguiente paso será calcular las tasas de infección y retiro β y γ del modelo que permitan un ajuste más acorde a la realidad, para lo que aplicaremos programación en Matlab, a través de funciones anidadas y el método iterativo `fminsearch`.

Calibraremos el modelo para los datos de Ecuador para un intervalo de tiempo de 120 días, con los siguientes datos $N = 60000$, $I_0 = 175$, $S_0 = 59825$, $\beta = 1/6$ y $\gamma = 1/30$, obtengamos el gráfico conjunto de los datos reales representados por asteriscos (*) y la solución explícita del modelo SIR representada por líneas continuas dada por las ecuaciones (50), (51) y (54).

Figura 21

Solución del modelo explícito SIR infectados de Ecuador versus datos reales



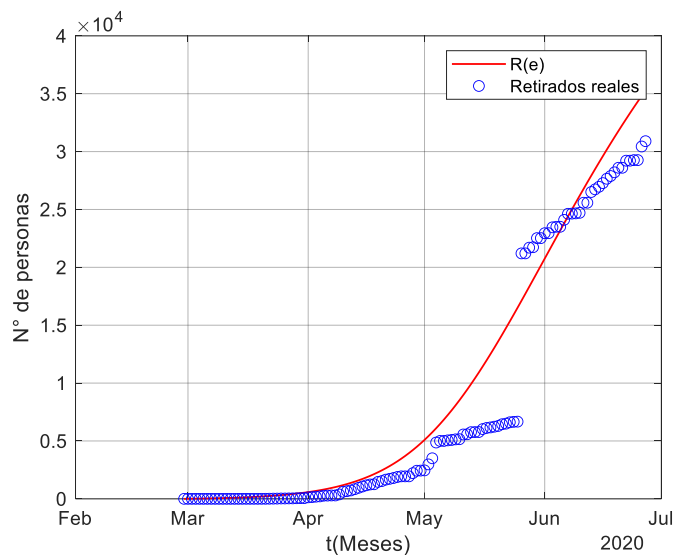
En la **Figura 21** se puede apreciar dos saltos muy evidentes de más de 10000, infectados reales lo cual puede ser producto de un manejo inadecuado en la recolección de datos, dando como resultado una base de datos con inconsistencias y poco fiable.

Ejecutado el programa, Matlab calcula nuevos valores para las tasas de infección y retiro que están dadas por $\beta = 0.1013$, $\gamma = 0.0245$ para un periodo de lactancia o recuperación de 40.77 días, el radio de infección $r_0 = 4.1312$ es decir una persona infecciosa infectará a 4,1 personas susceptibles de contraer la enfermedad.

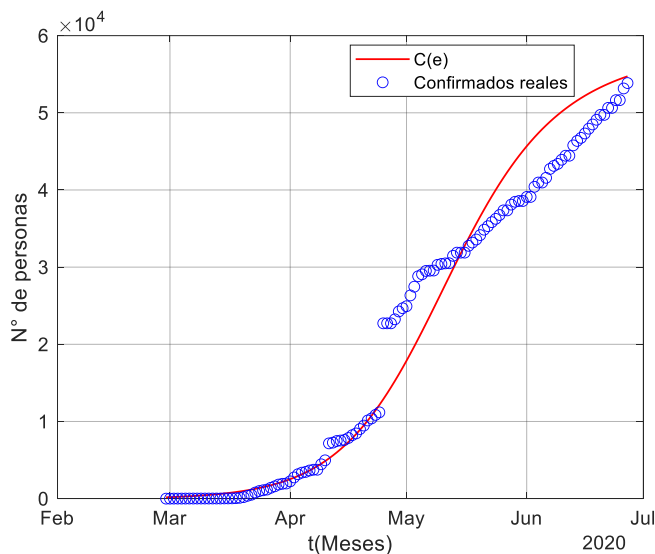
Este proceso mejora el ajuste, entre los datos reales y la solución explícita del modelo SIR compartimental, de esta forma se puede obtener valores predictivos más confiables, así mismo obtendremos la gráfica del desarrollo predictivo del modelo explícito SIR versus los datos reales de individuos infectados, retirados, confirmados, lo que permitirá realizar un análisis tanto gráfico como numérico de los resultados obtenidos.

Figura 22

Solución del modelo explícito SIR retirados de Ecuador versus datos reales

**Figura 23**

Solución modelo explícito SIR confirmados de Ecuador versus datos reales



Nuevamente se evidencia en la **Figura 22** y **Figura 23**, un salto muy evidente en el gráfico de datos reales de más de 10000 individuos retirados y confirmados, lo cual puede ser producto de un manejo inadecuado en la recolección de datos, dando como resultado una base de datos con inconsistencias y poco fiable como se aprecia en la figura antes mencionada.

CAPÍTULO VII

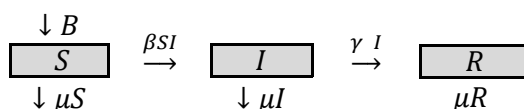
Modelo SIR con dinámica vital

Introducción

En este capítulo aplicaremos el modelo SIR con dinámica vital a enfermedades endémicas, denominadas así porque se extienden durante mucho tiempo, por lo tanto, considera los nacimientos y muertes por causas naturales al momento de formular el sistema de Ecuaciones diferenciales. Entonces, se considera incrementar una misma tasa o razón de cambio, $\mu > 0, \in R^+$, para nacimientos y muertes, lo que implica que la población total sea constante, entonces, la población total será igual que del modelo SIR sin dinámica vital, $N = S + I + R$.

Formulación del modelo

El siguiente esquema gráfico representa el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo compartimental S, I, R con dinámica vital y el paso de individuos de un compartimento a otro, y las respectivas tasas de variación representadas $\gamma, \beta, \mu \in R$.



Donde:

βSI = Tasa de pérdida y ganancia de individuos susceptibles.

μN = Tasa de nacimientos los cuales pertenecen a la clase de susceptibles, ($B = \mu N$).

μS = Tasa de mortalidad de los individuos susceptibles.

γI = Tasa de recuperación o abandono de la clase infecciosa.

μI = Tasa de mortalidad de individuos infecciosos.

μR = Tasa de mortalidad de los individuos recuperados.

$N = S(t) + I(t) + R(t)$, población total.

Ecuaciones diferenciales del modelo SIR con dinámica vital, según Brauer [23, pag. 30]

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I + B - \mu S \quad (62)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I - \mu \cdot I \quad (63)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I - \mu \cdot R \quad (64)$$

Estudio analítico modelo SIR con dinámica vital

Sumando las ecuaciones (62), (63) y (64) tendremos:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} &= 0 \\ -\beta \cdot S \cdot I + B - \mu S + \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I - \mu \cdot I + \gamma \cdot I - \mu \cdot R &= 0 \\ B &= \mu(S + I + R) \\ B &= \mu N \end{aligned}$$

Por lo que podríamos reescribir a la ecuación (62) como:

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

Lo que nos interesa saber de este modelo es que si conocemos los parámetros β , γ y las condiciones iniciales S_0 e I_0 , cuando la infección se propagará a la población, y sobre todo conocer el comportamiento de la epidemia, es decir, el probable curso que tendrá y cuándo comenzará a declinar el brote epidémico.

Para saber si habrá un brote epidémico haremos el análisis para dos casos. Al igual que en el modelo SIR sin dinámica vital, para obtener el número reproductivo básico se analizará la ecuación que representa a la clase de individuos infecciosos que está dada por la ecuación (63)

Caso 1.

Si $I'(t) > 0$ en el tiempo t_0 , se tendrá que, $I'(0) = I_0(\beta \cdot S_0 - \gamma - \mu) > 0$, entonces:

$S_0 > (\gamma + \mu)/\beta$, el número de infecciosos aumentará y habrá una epidemia. Entonces, para algún $t > 0$, existirá un brote epidémico si $I(t) > I_0$, por lo tanto, $I_0 > 0$

Por lo tanto, tenemos $I'(0) = I_0 \cdot (\beta \cdot S_0 - \gamma - \mu) > 0$, entonces:

$$S_0 > \frac{\gamma + \mu}{\beta}$$

Caso 2.

Si $I'(t) < 0$ en el tiempo t_0 , se tendrá que, $I'(0) = I_0(\beta \cdot S_0 - \gamma - \mu) < 0$, entonces:

$S_0 < (\gamma + \mu)/\beta$, el número de infecciosos no aumentará y no habrá una epidemia.

Por lo tanto, tenemos $I'(0) = I_0 \cdot (\beta \cdot S_0 - \gamma - \mu) < 0$, entonces:

$$S_0 < \frac{\gamma + \mu}{\beta}$$

De lo anterior podemos concluir:

- $\frac{\gamma + \mu}{\beta} S_0 > 1$, indica que se dará un brote epidémico.
- $\frac{\gamma + \mu}{\beta} S_0 < 1$, indica que no habrá un brote epidémico.

Por lo tanto, el número reproductivo básico R_0 para este modelo:

$$R_0 = \frac{\beta \cdot S_0}{\gamma + \mu} \quad (65)$$

En un inicio podemos considerar a $S_0 = N$, entonces, $R_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \mu}$

Estudio de existencia y unicidad de soluciones modelo SIR con dinámica vital

Empleando nuevamente los postulados del teorema 3.3.7 a las ecuaciones (62), (63) y (64) del modelo epidemiológico determinista compartimental SIR con dinámica vital tenemos que:

$$y = (S, I, R)$$

$$f = (-\beta \cdot S \cdot I - \mu \cdot S + \mu \cdot N; \beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I - \mu \cdot I; \gamma \cdot I - \mu \cdot R)$$

- Como f es función continua en R^4 podemos afirmar que existe al menos una solución local a nuestro problema definida en el rectángulo $[0, T]$, donde $T > 0$.
- Como f y la derivada parcial respecto de y (f_y) son continuas en \mathcal{R} , entonces, para cualquier $(t_0, y_0) \in \mathcal{R}$ existe $\delta > 0$ tal que el PVI tiene solución única definida en algún

intervalo de la forma $[t_0 + \delta, t_0 - \delta]$.

Obtengamos la matriz Jacobiana de la función f :

$$\begin{pmatrix} -\beta \cdot I - \mu & -\beta \cdot S & 0 \\ \beta \cdot I & \beta \cdot S - \gamma - \mu & 0 \\ 0 & \gamma & -\mu \end{pmatrix}$$

Observando la matriz jacobiana de la función f podemos determinar que todos los términos o coeficientes son continuos en R^4 , por el teorema 3.3.7 existe una única solución al sistema de ecuaciones (62), (63) y (64) en el intervalo $(0, T]$.

Notemos que $S(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, por lo tanto, $S_0 \geq 0$ asumiendo que:

$a(t) = -\beta \cdot I(t) - \mu$, función continua en $[0, T]$ y $b(t) = B$, con $B > 0$, entonces, (62) será:

$S'(t) = a(t) \cdot S(t) + b(t)$. Por el teorema 3.4.2, $S(t) > 0, \forall t \in (0, T]$ ■

Notemos que $I(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, por lo tanto, $I_0 > 0$ asumiendo que:

$a(t) = \beta \cdot I(t) - \gamma - \mu$, función continua en $[0, T]$, entonces, (63) será:

$I'(t) = a(t) \cdot I(t)$. Por el teorema 3.4.1, $I(t) > 0, \forall t \in [0, T]$ ■

Notemos que $R(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, por lo tanto, $R_0 > 0$ asumiendo que:

$a(t) = -\mu$, función continua y $b(t) = \gamma \cdot I(t)$ función continua y positiva en $(0, T]$, reemplazando en (63) tendremos:

$R'(t) = a(t) \cdot R(t) + b(t)$. Por el teorema 3.4.2 tenemos $R(t) > 0, \forall t \in (0, T]$ ■

Por condiciones del modelo $S(t) + I(t) + R(t) = N$, además $S(t), I(t), R(t) > 0, \forall t \in (0, T]$, entonces, $S(t), I(t), R(t) < N \forall t \in (0, T]$.

Por lo tanto, se puede establecer por aplicación reiterada del teorema de existencia y unicidad de solución para el Problema de Cauchy, el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR con dinámica vital (62), (63) y (64) posee solución única, definida para todo $t \geq 0$, entonces,

$$0 < S(t), I(t), R(t) < N, \forall t > 0.$$

Estudio de los puntos críticos y estabilidad del modelo SIR con dinámica vital

Puntos críticos $P_c(S_c, I_c)$, del modelo SIR con dinámica vital

Las soluciones de interés son las positivas, y en las ecuaciones se observa que el eje S es invariante, y el eje I es positivamente invariante. Además, como $S(t) + I(t) + R(t) = N$, una vez que se determina $I(t)$ y $S(t)$, se puede hallar $R(t) = N - S(t) - I(t)$. Por lo tanto, el sistema de tres ecuaciones del modelo SIR con dinámica vital se reduce a dos, obteniéndose el sistema formado por las ecuaciones (63) y (64)

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \mu \cdot S(t) + \mu \cdot N & (62) \\ I'(t) = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \gamma \cdot I(t) - \mu \cdot I(t) & (63) \end{cases}$$

Para obtener los puntos de equilibrio hacemos $S'(t) = 0, I'(t) = 0$

$$0 = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \mu \cdot S(t) + \mu \cdot N, \text{ por lo tanto, } I(t) = -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu \cdot N}{\beta \cdot S}, S(t) = \frac{\mu \cdot N}{\beta + \mu}$$

$$0 = (\beta \cdot S(t) - \gamma - \mu) \cdot I(t), \text{ por lo tanto, } S(t) = \frac{\gamma + \mu}{\beta}, I(t) = 0$$

Obteniendo los siguientes puntos críticos:

$$P_c(N, 0), P_c\left(\frac{\mu \cdot N}{\beta + \mu}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu \cdot N}{\beta \cdot S}\right), P_c\left(\frac{\mu \cdot N}{\beta + \mu}, 0\right)$$

Estabilidad del modelo SIR con dinámica vital

Vamos a estudiar la estabilidad del primer punto crítico $P_c(N, 0)$ que es de la forma $P_c(S_c, I_c)$. Analizaremos el punto crítico aplicando los teoremas 3.3.11 teorema de estabilidad de sistemas no lineales y 3.3.12 teorema de Liapunov, antes de examinar la estabilidad del mismo lo trasladamos al origen mediante el siguiente cambio de variables:

$$\begin{cases} S^* = S - S_c \\ I^* = I - I_c \end{cases}$$

Analicemos la estabilidad del punto crítico $P_c(N, 0)$

$$\begin{pmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} S - S_c \\ I - I_c \end{pmatrix} + L(S - S_c, I - I_c)$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = A \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + L(S^*, I^*) \quad (66)$$

$$\text{Matriz Jacobiana } A = \begin{vmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix}_{(N,0)} = \begin{vmatrix} -\mu & -\beta \cdot N \\ 0 & \beta \cdot N - \gamma - \mu \end{vmatrix}$$

Donde $L(S, I)$ son funciones de segundo grado o más del sistema, por lo tanto:

$$L(S, I) = \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix} \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

Donde los valores propios de la matriz Jacobiana los hallamos con la expresión $|A - \lambda \cdot I|$

$$\begin{vmatrix} -\mu & -\beta \cdot N \\ 0 & \beta \cdot N - \gamma - \mu \end{vmatrix} - \lambda \begin{vmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\mu - \lambda & -\beta \cdot N \\ 0 & \beta \cdot N - \gamma - \mu - \lambda \end{vmatrix} = -(\mu + \lambda)(\beta \cdot N - \gamma - \mu - \lambda), \text{ donde}$$

los valores propios de la matriz jacobiana están dados por:

$$\begin{cases} \lambda_1 = -\mu \\ \lambda_2 = -(\gamma + \mu) + \beta \cdot N \end{cases}$$

Puesto que $L(0, 0) = (0, 0)$ recordemos que el origen $P_c(0, 0)$ es un punto crítico aislado y se cumple (22), por lo tanto, podemos aplicar 3.3.11 teorema estabilidad de sistemas no lineales.

Conocemos los valores propios de la matriz jacobiana \mathbf{A} son: $\lambda_1 = -\mu, \lambda_2 = -(\gamma + \mu) + \beta \cdot N$

Analicemos $\lambda_2 = -(\gamma + \mu) + \beta \cdot N$

- $\lambda_2 < 0 \Leftrightarrow \gamma + \mu > \beta \cdot N$, entonces, $R_0 < 1$. Para este caso, por el teorema 3.3.11 el punto $(0,0)$ es asintóticamente estable para el sistema (66), por lo tanto, al rehacer el cambio de variable efectuado en (20), tenemos que el punto crítico $P_c(N, 0)$ es estable para el sistema formado por las ecuaciones (62) y (63).
- $\lambda_2 > 0 \Leftrightarrow \gamma + \mu < \beta \cdot N$, entonces, $R_0 > 1$. Para este caso, por el teorema 3.3.11 el punto $(0,0)$ es inestable para el sistema (66), por lo tanto, al rehacer el cambio de variable efectuado en (20), tenemos que el punto crítico $P_c(N, 0)$ es inestable para el sistema formado por las ecuaciones (63) y (64).

- $\lambda_2 = 0 \Leftrightarrow \gamma + \mu = \beta \cdot N$, entonces, $R_0 = 1$. Al no poder determinar la estabilidad aplicando el teorema 3.3.11, lo haremos aplicando el **teorema de Liapunov** dado por teorema 3.3.12, para lo cual utilizaremos la ecuación (16) deducida anteriormente $I = -S + I_0 + S_0 + \rho \cdot \ln \frac{S}{S_0}$, para $t_0 = 0$ asumimos que $I_0 = 0$, $S_0 = N$, reemplazando en (16) tenemos:

$$E(S, I) = S + I - N - \rho \cdot \ln \frac{S}{N}$$

$$E(N, 0) = N + 0 - N - \rho \cdot \ln \frac{N}{N} = 0$$

Por lo tanto, se cumple 3.3.12 teorema de Liapunov $E(N, 0) = 0$, consecuentemente E es definida positiva en un entorno reducido de $(N, 0)$, para $I \approx 0, S \approx N$

$$E(N, 0) = S - N - N \cdot \ln \frac{S}{N}$$

$$0 = S - N - N \cdot \ln \frac{S}{N}$$

$S - N - N \cdot \ln \frac{S}{N} > 0$, tomando como factor común N se tendrá:

$N(\frac{S}{N} - 1 + \ln \frac{S}{N}) > 0$, haciendo cambio de variables $z = \frac{S}{N}$

$f(z) = z - 1 + \ln(z)$, lo cual se cumple para todo $f(z) > 0, \forall z > 0$, con $z \neq 1$ en consecuencia E es definida positiva en un entorno reducido del punto critico $(N, 0)$.

$$E(S, I) = I + S - I_c - S_c - S_c \cdot \ln(S) + S_c \cdot \ln(S_c)$$

$$E(N, 0) = I + S - N - N \cdot \ln(S) + N \cdot \ln(N)$$

$$\frac{d\{E[S(t), I(t)]\}}{dt} = \frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) \begin{cases} \frac{\partial E}{\partial S} = 1 - \frac{N}{S} \\ \frac{\partial E}{\partial I} = 1 \end{cases}$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) = \left(1 - \frac{N}{S}\right) (-\beta SI - \mu S + \mu N) + (\beta \cdot S \cdot I - \gamma \cdot I - \mu \cdot I)$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) = -\cancel{\beta SI} - \mu S + \mu N + \beta NI + \mu N - \frac{\mu N^2}{S} + \cancel{\beta SI} - \gamma I - \mu I$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I(t) = (\beta N - (\gamma + \mu))I - \mu \left(S - 2N + \frac{N^2}{S} \right) \frac{S}{S} = -\frac{\mu}{S} (S^2 - 2NS + N^2)$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I(t) = -\frac{\mu}{S} (S - N)^2 \leq 0$$

El resultado obtenido de $\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I(t)$ es semidefinido negativo, por lo tanto, el punto crítico $P_c(N, 0)$ es estable.

Analicemos la estabilidad del segundo punto crítico $P_c \left(\frac{\mu \cdot N}{\beta \cdot I + \mu}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu \cdot N}{\beta \cdot S} \right)$, para lo cual trasladamos al origen mediante el siguiente cambio de variables:

$$\begin{cases} S^* = S - S_c \\ I^* = I - I_c \end{cases}$$

$$\begin{pmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} S - S_c \\ I - I_c \end{pmatrix} + L(S - S_c, I - I_c)$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = A \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + L(S^*, I^*) \quad (67)$$

$$\text{Matriz Jacobi } A = \begin{vmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix}_{\left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu \cdot N}{\beta \cdot S} \right)} = \begin{vmatrix} -\frac{\beta \mu N}{\gamma + \mu} & -\gamma - \mu \\ -\mu + \frac{\mu \beta N}{\gamma + \mu} & 0 \end{vmatrix}$$

Donde $L(S, I)$ son funciones de segundo grado o más del sistema, por lo tanto:

$$L(S, I) = \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix} \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

Los valores propios de la matriz Jacobiana los determinamos con la expresión $|A - \lambda \cdot I|$

$$\begin{vmatrix} -\frac{\beta \mu N}{\gamma + \mu} & -\gamma - \mu \\ -\mu + \frac{\mu \beta N}{\gamma + \mu} & 0 \end{vmatrix} - \lambda \begin{vmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\frac{\beta \mu N}{\gamma + \mu} - \lambda & -\gamma - \mu \\ -\mu + \frac{\mu \beta N}{\gamma + \mu} & -\lambda \end{vmatrix}$$

Recordando que $R_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \beta}$, al remplazar en la matriz jacobiana tendremos

$$\begin{vmatrix} -R_0\mu & -\gamma - \mu \\ -\mu + R_0\mu & 0 \end{vmatrix} - \lambda \begin{vmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -R_0\mu - \lambda & -\gamma - \mu \\ -\mu + R_0\mu & -\lambda \end{vmatrix}$$

$$\begin{vmatrix} -R_0\mu - \lambda & -\gamma - \mu \\ -\mu + R_0\mu & -\lambda \end{vmatrix} = -\lambda(-R_0\mu - \lambda) - (-\gamma - \mu)(-\mu + R_0\mu)$$

$$\begin{vmatrix} -R_0\mu - \lambda & -\gamma - \mu \\ -\mu + R_0\mu & -\lambda \end{vmatrix} = \lambda^2 + \lambda R_0\mu + \mu(\gamma + \mu)(R_0 - 1) = \mathbf{a}\lambda^2 + \mathbf{b}\lambda + \mathbf{c}$$

Donde $\mathbf{a} = 1$, $\mathbf{b} = R_0\mu$, $\mathbf{c} = \mu(\gamma + \mu)(R_0 - 1)$, si $R_0 \geq 1$, donde $a, b, c \in R^+$ sí y solo si $a > 0, b > 0$ y $c > 0$, entonces, los valores característicos de A tienen parte real negativa, por lo tanto, tendremos dos casos si $R_0 \geq 1$.

Para $R_0 > 1$, los valores característicos de **A** tienen parte real negativa si $R_0 > 1$. Aplicando 3.3.10 teorema de linealización al punto $p(0, 0)$, el punto antes mencionado es asintóticamente estable para el sistema (67) si y solo si $R_0 > 1$, por lo tanto, al rehacer el cambio de variable efectuado en (20) tenemos que el punto crítico $P_c \left(\frac{\mu N}{\beta + \mu}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu N}{\beta S} \right)$ es asintóticamente estable del sistema (63) y (64), cuando $R_0 > 1$.

Para $R_0 = 1$, las coordenadas del punto crítico se los estudio anteriormente, puesto que al realizar las operaciones correspondientes obtenemos que $I_c = 0$, por lo tanto, $S_c = 0$ por lo que estaríamos en el caso $P_c(N, 0)$.

De lo anterior podemos establecer el siguiente teorema

Teorema endémico, no endémico del modelo SIR con dinámica vital

Al aplicar el modelo matemático SIR con dinámica vital a enfermedades tendremos tres casos, dependiendo del valor de R_0 .

- En el primer caso, si $R_0 < 1$ la enfermedad no se convertirá en epidemia y desaparecerá tendiendo al punto crítico o de equilibrio $P_c(N, 0)$.
- En el segundo caso, si $R_0 > 1$ la enfermedad se convertirá en epidemia tendiendo al punto crítico o de equilibrio $P_c \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu N}{\gamma + \mu} \right)$ durante un tiempo indefinido.

- En el tercer caso, si $R_0 = 0$ la enfermedad se mantendrá estable alrededor del punto crítico o de equilibrio $P_c(N, 0)$.

Aplicación del modelo SIR con dinámica vital

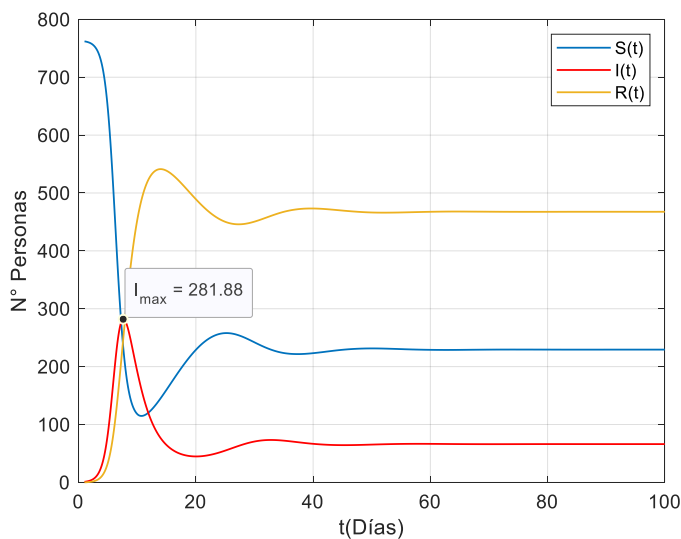
Aplicando el modelo a la epidemia de influenza del internado inglés 1978, para un intervalo de tiempo de 100 días y con los siguientes parámetros, $N = 763$, $I_0 = 1$, $S_0 = 762$, $\beta = 0.0022$, $\gamma = 0.4421$ y $\mu = 0.0625$.

Para obtener el valor de μ , calcular el inverso de la esperanza media, según (Alldatanow, 2021) la esperanza media de vida en 1978 del Reino Unido es de 73.18 años, para el modelo consideremos 73 años, por lo tanto:

$$\mu = \frac{1}{73 \text{ años} \cdot \frac{365 \text{ días}}{1 \text{ año}}} = 3.75 \times 10^{-5} \text{ días}^{-1}$$

Figura 24

Modelo SIR con dinámica vital, epidemia de influenza del internado inglés de 1978

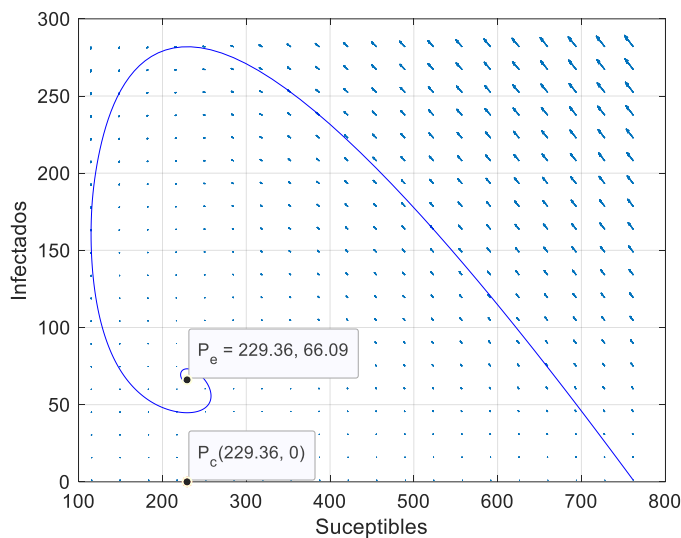


Nota. Solución modelo SIR, infectados máximos.

En la **Figura 24** observamos que al inicio la epidemia en los primeros 15 días se comporta como en el modelo SIR tradicional, después de ese tiempo, el modelo empieza a oscilar para posteriormente estabilizarse hacia un valor constante.

Figura 25

Plano fase S-I del modelo SIR con dinámica vital



En la **Figura 25** del plano de fase S-I aplicamos programación en Matlab con los siguientes parámetros $N = 763$, $I_0 = 1$, $S_0 = 762$, $\beta = 0.0022$, $\gamma = 0.4421$ y $\mu = 0.0625$ para determinar y analizar el punto de equilibrio, calcular el valor del número reproductivo básico $R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$, para aplicar el teorema 8.5.3, por lo tanto:

$$R_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \mu} = \frac{0.0026 * 763}{0.4421 + 0.0625}$$

$$R_0 = \frac{0.0026 * 763}{0.4421 + 0.0625}$$

$$R_0 = 3.93$$

Conociendo que $R_0 > 1$ y aplicando el teorema 7.5.3 podemos establecer que estamos en el caso 2 del teorema antes mencionado, por lo tanto, el punto de equilibrio esta dado por la expresión matemática:

$$P_E \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, -\frac{\mu}{\beta} + \frac{\mu \cdot N}{\gamma + \mu} \right)$$

$$P_E \left(\frac{0.4421 + 0.0625}{0.0022}, -\frac{0.0625}{0.0026} + \frac{0.0625 * 763}{0.4421 + 0.0625} \right)$$

$$P_E \left(\frac{0.4421 + 0.0625}{0.0022}, -\frac{0.0625}{0.0026} + \frac{0.0625 * 763}{0.4421 + 0.0625} \right)$$

$$P_E(229.36, 66.10)$$

Lo cual se puede comprobar observando la **Figura 25**, donde las líneas de campo y la espiral convergen al punto de equilibrio $P_E(229.36, 66.10)$ aproximadamente.

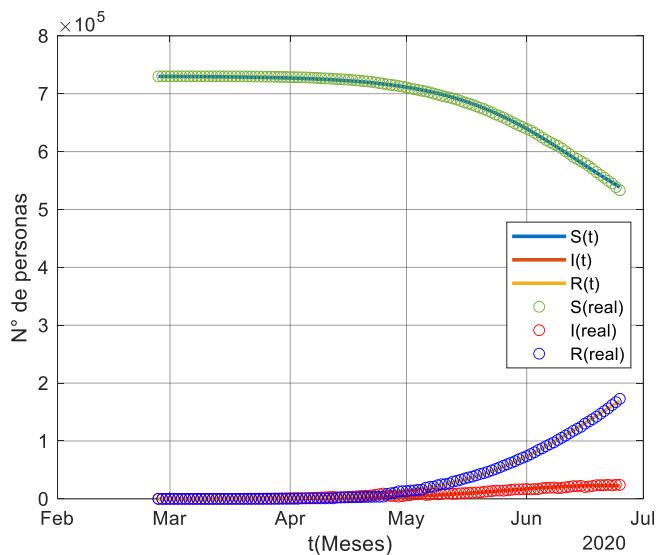
Aplicación del modelo SIR con dinámica vital al Covid-19 México

Aplicando el modelo para México en un intervalo de tiempo de 120 días, con los siguientes, datos iniciales, $N = 730000$, $I_0 = 100$, $S_0 = 729900$, $beta = 0.2582$, $gamma = 0.1972$ y $miu = 3.65 \times 10^{-5} \text{días}^{-1}$. Para obtener el valor de μ , calculamos el inverso de la esperanza media, según (Alldatanow, 2021) la esperanza media de vida para México es de 75.5 años, para el modelo consideremos 75 años, por lo tanto:

$$\mu = \frac{1}{75 \text{ años} \cdot \frac{365 \text{ días}}{1 \text{ año}}} = 3.65 \times 10^{-5} \text{días}^{-1}$$

Figura 26

Modelo SIR con dinámica vital México



Ejecutado el programa, Matlab calcula nuevos valores para las tasas de infección, retiro, nacimiento y fallecimiento, que están dadas por $\beta = 0.2581$, $\gamma = 0.1958$ y $\mu = 0.0015$ para un periodo de latencia o recuperación de 5.0681 días, el radio de infección $r_0 = 1.3081$ es decir una persona infecciosa infectara a 1,3 personas susceptibles de contraer la enfermedad.

Capítulo VIII

Modelo SIR con dinámica vital incluyendo la vacunación

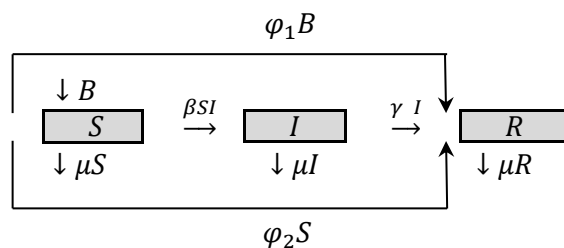
Introducción

En su investigación (Keeling et al., 2013) el pionero en investigación sobre las vacunas y autor de la vacuna contra la viruela fue el científico Ingles, Edward Jenner a fines del siglo XVIII. La vacunación es uno de los principales avances médicos del siglo XX donde gracias a los avances dados en el campo de la bioquímica se empezaron a producir vacunas baratas y seguras en grandes cantidades, que a la vez se convirtió en una herramienta muy eficaz, con el que cuentan los sistemas médicos de salud pública que permiten, la prevención masiva de infecciones en lugar de tratar los síntomas de la infección.

Las vacunas actúan forzando al cuerpo a tener reacción inmune ante futuras infecciones causadas por un agente biológico patógeno. Generalmente se supone que esta inmunidad dura toda la vida.

Formulación del modelo

El siguiente esquema gráfico representa el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo compartimental SIR con dinámica vital incluyendo la vacunación y el paso de individuos de un compartimento a otro, donde las tasas de variación dadas por $\gamma, \beta, \mu, \varphi_1, \varphi_2 \in R$



Donde:

βSI = Tasa de pérdida y ganancia de individuos susceptibles.

μN = Tasa de nacimientos los cuales pertenecen a la clase de susceptibles, ($B = \mu N$).

μS = Tasa de mortalidad de los individuos susceptibles.

$\varphi_1 B$ = Tasa de recién nacidos vacunados.

$\varphi_2 S$ = Tasa de individuos susceptibles vacunados.

γI = Tasa de recuperación o abandono de la clase infecciosa.

μI = Tasa de mortalidad de individuos infecciosos.

μR = Tasa de mortalidad de los individuos recuperados.

N = Población total, ($N = S(t) + I(t) + R(t)$).

Según (Keeling et al., 2013), las ecuaciones diferenciales del modelo epidemiológico SIR con dinámica vital incluyendo la vacunación están dadas por:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot S \cdot I - \mu S + B - \varphi_1 B - \varphi_2 S \quad (68)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \cdot S \cdot I - \gamma I - \mu I \quad (69)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R + \varphi_1 B + \varphi_2 S \quad (70)$$

Estudio analítico modelo SIR con dinámica vital y vacunación

Para saber si habrá un brote epidémico haremos el análisis para dos casos. Al igual que en el modelo SIR sin dinámica vital, para obtener el número reproductivo básico se analizará la ecuación que representa a la clase de individuos infecciosos que está dada por la ecuación (69).

Estudio de existencia y unicidad de soluciones modelo SIR con dinámica vital y vacunación

Empleando nuevamente los postulados del teorema 3.3.7 a las ecuaciones (68), (69) y (70) del modelo epidemiológico determinista compartimental SIR con dinámica vital y vacunación tenemos que:

$$y = (S, I, R)$$

$$f = (-\beta \cdot S \cdot I - \mu S + B - \varphi_1 B - \varphi_2 S; \beta \cdot S \cdot I - \gamma I - \mu I; \gamma I - \mu R + \varphi_1 B + \varphi_2 S)$$

- Como f es función continua en R^4 podemos afirmar que existe al menos una solución local a nuestro problema definida en el rectángulo $[0, T]$, donde $T > 0$.
- Como f y la derivada parcial respecto de y (f_y) son continuas en \mathcal{R} , entonces, para cualquier $(t_0, y_0) \in \mathcal{R}$ existe $\delta > 0$ tal que el PVI tiene solución única definida en algún intervalo de la forma $[t_0 + \delta, t_0 - \delta]$.

Obtengamos la matriz de Jacobi de la función f :

$$\begin{vmatrix} -\beta I - \mu - \varphi_2 & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \gamma - \mu & 0 \\ \varphi_2 & \gamma & -\mu \end{vmatrix}$$

Puntos críticos y estabilidad del modelo SIR con dinámica vital y vacunación

Estudio de los puntos críticos del modelo SIR con dinámica vital y vacunación

Las soluciones de interés son las positivas, y en las ecuaciones se observa que el eje S es invariante, y el eje I es positivamente invariante. Además, como $S(t) + I(t) + R(t) = N$, una vez que se determina $I(t)$ y $S(t)$, se puede hallar $R(t) = N - S(t) - I(t)$. Por lo tanto, el sistema de tres ecuaciones del modelo SIR con dinámica vital se reduce a dos, obteniéndose el sistema formado por las ecuaciones (68) Y (69)

$$\begin{cases} S'(t) = -\beta \cdot S \cdot I - \mu S + B - \varphi_1 B - \varphi_2 S & (68) \\ I'(t) = \beta \cdot S \cdot I - \gamma I - \mu I & (69) \end{cases}$$

Para obtener los puntos de equilibrio hacemos $S'(t) = 0, I'(t) = 0$

$$0 = -\beta \cdot S \cdot I - \mu S + B - \varphi_1 B - \varphi_2 S = -S(\beta I + \mu + \varphi_2) + B(1 - \varphi_1)$$

$$S(t) = \frac{B(1-\varphi_1)}{\beta I + \mu + \varphi_2}, \text{ para } t_0 = 0 \text{ el número de infectados es tan pequeño que } I_0 = 0,$$

$$\text{por lo tanto, } S = \frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, \text{ obteniendo el primer } P_c \left(\frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, 0 \right).$$

$$0 = (\beta \cdot S - \gamma - \mu) \cdot I, \text{ por lo tanto, } S(t) = \frac{\gamma + \mu}{\beta}, I(t) = 0, \text{ donde el segundo } P_c \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, 0 \right)$$

De la ecuación (68) despejamos I , agrupamos B y S y realizamos el cambio $\mu N = B$.

$$\beta \cdot S \cdot I = -\mu S + B - \varphi_1 B - \varphi_2 S = B(1 - \varphi_1) - S(\mu + \varphi_2), \text{ despejando } I \text{ tenemos}$$

$$I = \frac{B(1-\varphi_1)}{\beta \cdot S} - \frac{S(\mu+\varphi_2)}{\beta \cdot S} = \frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\gamma+\mu} - \frac{\mu+\varphi_2}{\beta} \text{ donde, el tercer } P_c \left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}, \frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\gamma+\mu} - \frac{\mu+\varphi_2}{\beta} \right).$$

Obteniendo los siguientes puntos críticos:

$$P_c \left(\frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2}, 0 \right), P_c \left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}, 0 \right) \text{ y } P_c \left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}, \frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\gamma+\mu} - \frac{\mu+\varphi_2}{\beta} \right)$$

Estudio de estabilidad del modelo SIR con dinámica vital y vacunación

La estabilidad de los puntos críticos $P_c (S_c, I_c)$, los vamos a estudiar para el primer cuadrante, puesto que para que exista una epidemia tiene que existir población susceptible y por lo menos un infectado por consiguiente $S > 0, I > 0, \varphi_1 > 1, \varphi_2 > 1$, donde $S, I, \varphi_1, \varphi_2 \in R$.

Vamos a estudiar la estabilidad del primer punto crítico $P_c \left(\frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2}, 0 \right)$. Analizaremos el punto crítico aplicando los teoremas 3.3.11 y 3.3.12, antes de examinar la estabilidad del mismo lo trasladamos al origen mediante el siguiente cambio de variables:

$$\begin{cases} S^* = S - S_c = S - \frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2} \\ I^* = I - I_c = I - 0 \end{cases}$$

$$\begin{pmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} S - S_c \\ I - I_c \end{pmatrix} + L(S - S_c, I - I_c),$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = A \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + L(S^*, I^*) \quad (71)$$

$$\text{Matriz Jacobi } A = \begin{vmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{vmatrix}$$

$$A = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu - \varphi_2 & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix} \Big|_{\left(\frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2}, 0 \right)} = \begin{vmatrix} -\mu - \varphi_2 & -\frac{\beta \mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2} \\ 0 & \frac{\beta \mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2} - \gamma - \mu \end{vmatrix}$$

Donde $L(S, I)$ son funciones de segundo grado o más del sistema, por lo tanto:

$$L(S, I) = \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu - \varphi_2 & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix} \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

Cálculo de valores propios de la matriz Jacobi los hallamos con la expresión $|A - \lambda \cdot I|$

$$\begin{vmatrix} -\mu - \varphi_2 & -\frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} \\ 0 & \frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} - \gamma - \mu \end{vmatrix} - \lambda \begin{vmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\mu - \varphi_2 - \lambda & -\frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} \gamma - \mu \\ 0 & \frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} - \gamma - \mu - \lambda \end{vmatrix}$$

$$\begin{vmatrix} -\mu - \varphi_2 - \lambda & -\frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} \gamma - \mu \\ 0 & \frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} - \gamma - \mu - \lambda \end{vmatrix} = (-\mu - \varphi_2 - \lambda) \left(\frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} - \gamma - \mu - \lambda \right)$$

Obtenemos los valores propios al igualar a cero el resultado de la matriz

$$\lambda_1 = -\mu - \varphi_2$$

$$\lambda_2 = \frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} - \gamma - \mu$$

Examinemos cuando $\lambda_2 < 0$ tendremos:

$$\frac{\beta\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2} - \gamma - \mu < 0$$

$$\frac{\beta N}{\gamma + \mu} < \frac{\mu + \varphi_2}{\mu(1 - \varphi_1)}$$

$$R_0 < \frac{\mu + \varphi_2}{\mu(1 - \varphi_1)}$$

Estudiemos los casos cuando:

- $\lambda_2 < 0$ se dará, si y solo si $R_0 < \frac{\mu + \varphi_2}{\mu(1 - \varphi_1)}$. Aplicando 3.3.10 teorema de linealización el punto $(0, 0)$ para el sistema (71) es asintóticamente estable. Rehaciendo el cambio de variable obtenemos que el $P_c \left(\frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, 0 \right)$ es **asintóticamente estable** para el sistema compuesto por las ecuaciones (68) y (69).

- $\lambda_2 > 0$ se dará, si y solo si $R_0 > \frac{\mu + \varphi_2}{\mu(1 - \varphi_1)}$. Aplicando 3.3.10 teorema de linealización el punto $(0, 0)$ para el sistema (71) **es inestable**. Rehaciendo el cambio de variable obtenemos que el $P_c \left(\frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, 0 \right)$ es inestable para el sistema compuesto por las ecuaciones (68) y (69).
- $\lambda_2 = 0$ se dará, si y solo si $R_0 = \frac{\mu + \varphi_2}{\mu(1 - \varphi_1)}$, por lo tanto, el punto crítico $P_c \left(\frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, 0 \right)$ al hacer un remplazo de variables lo podemos expresar como $P_c \left(\frac{N}{R_0}, 0 \right)$, al no poder determinar la estabilidad empleando 3.3.10 teorema de linealización, utilizaremos 3.3.12 teorema de Liapunov. Haciendo uso nuevamente de (16) dada por la expresión $I = S - I_0 - S_0 - \rho \cdot \ln \frac{S}{S_0}$, desechamos I_0 por ser muy pequeño en comparación con S_0 para $t_0 = 0$, entonces:

$$E(S, I) = S + I - \frac{N}{R_0} - \frac{N}{R_0} \cdot \ln \frac{S}{\frac{N}{R_0}}$$

$$E \left(\frac{N}{R_0}, 0 \right) = \frac{N}{R_0} + 0 - \frac{N}{R_0} - \frac{N}{R_0} \cdot \ln \frac{\frac{N}{R_0}}{\frac{N}{R_0}} = 0$$

Entonces, por 3.3.12 teorema de Liapunov se cumple $E \left(\frac{N}{R_0}, 0 \right) = 0$, por lo tanto:

E es definida positiva en un entorno reducido $\left(\frac{N}{R_0}, 0 \right)$

$$\frac{d\{E[S(t), I(t)]\}}{dt} = \frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) \begin{cases} \frac{\partial E}{\partial S} = 1 - \frac{N}{R_0 S} \\ \frac{\partial E}{\partial I} = 1 \end{cases}$$

$$\frac{\partial E}{\partial S} S'(t) + \frac{\partial E}{\partial I} I'(t) = \left(1 - \frac{N}{R_0 S} \right) (-\beta SI - \mu S + \mu N - \mu N \varphi_1 - \varphi_2 S) + (\beta SI - \gamma I - \mu I),$$

$$-\beta SI - \mu S + \mu N - \mu N \varphi_1 - \varphi_2 S + \frac{\beta NI}{R_0} + \frac{\mu N}{R_0} - \frac{\mu N^2}{R_0 S} + \frac{\mu N^2 \varphi_1}{R_0 S} + \frac{N \varphi_2}{R_0} + \beta SI - \gamma I - \mu I = 0$$

$$\left(\frac{\beta N}{R_0} - (\gamma + \mu)\right)I + \mu N(1 - \varphi_1) - S(\mu + \varphi_2) + \frac{N}{R_0}(\mu + \varphi_2) - \frac{\mu N^2}{R_0 S}(1 - \varphi_1) = 0$$

$$0 = -(\mu + \varphi_2)\left(S - \frac{N}{R_0}\right) + \mu N(1 - \varphi_1)\left(1 - \frac{N}{R_0 S}\right)$$

$$0 = -\frac{(\mu + \varphi_2)}{R_0}(R_0 S - N) + \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{R_0 S}(R_0 S - N) = -(\mu + \varphi_2) + \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{S}$$

Como $S = \frac{N}{R_0}$, tenemos:

$$-(\mu + \varphi_2) + \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\frac{N}{R_0}} = -(\mu + \varphi_2) + \mu(1 - \varphi_1)R_0 = 0$$

$R_0 = \frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}$, por lo tanto, el punto crítico $\left(\frac{N}{R_0}, 0\right)$ que es de la forma $\left(\frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{(\mu + \varphi_2)}, 0\right)$ por el teorema

de Liapunov es estable.

Estudiemos la estabilidad del segundo punto crítico $P_c\left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta}\right)$

analizando el mismo aplicando los teoremas 3.3.11 y 3.3.12, antes de examinar la estabilidad del mismo lo trasladamos al origen mediante el siguiente cambio de variables:

$$\begin{cases} S^* = S - S_c = S - \frac{\gamma + \mu}{\beta} \\ I^* = I - I_c = I - \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta} \end{cases}$$

$$\begin{pmatrix} \frac{dS}{dt} \\ \frac{dI}{dt} \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} S - S_c \\ I - I_c \end{pmatrix} + L(S - S_c, I - I_c),$$

$$\begin{pmatrix} S \\ I \end{pmatrix}' = A \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + L(S^*, I^*) \quad (72)$$

Matriz Jacobi $A = \begin{vmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} \end{vmatrix}$

$$A = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu - \varphi_2 & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix} \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta} \right) = \begin{vmatrix} -\frac{\beta \mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} & -\gamma - \mu \\ \frac{\beta \mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \gamma - \mu & 0 \end{vmatrix}$$

Donde $L(S, I)$ son funciones de segundo grado o más del sistema, por lo tanto:

$$L(S, I) = \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

$$(S') = \begin{vmatrix} -\beta \cdot I_c - \mu - \varphi_2 & -\beta \cdot S_c \\ \beta \cdot I_c & \beta \cdot S_c - \gamma - \mu \end{vmatrix} \begin{pmatrix} S^* \\ I^* \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} -\beta \cdot S^* \cdot I^* \\ \beta \cdot S^* \cdot I^* \end{pmatrix}$$

Cálculo de valores propios de la matriz Jacobi los hallamos con la expresión $|A - \lambda \cdot I|$

$$\begin{vmatrix} -\frac{\beta \mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} & -(\gamma + \mu) \\ \frac{\beta \mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - (\mu + \varphi_2) & 0 \end{vmatrix} - \lambda \begin{vmatrix} 1 & 0 \\ 0 & 1 \end{vmatrix} = \begin{vmatrix} -\frac{\beta \mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \lambda & -(\gamma + \mu) \\ \frac{\beta \mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - (\mu + \varphi_2) & -\lambda \end{vmatrix}$$

Como $R_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \mu}$ reemplazando en la matriz obtenida tenemos:

$$\begin{vmatrix} -R_0 \mu (1 - \varphi_1) - \lambda & -(\gamma + \mu) \\ R_0 \mu (1 - \varphi_1) - (\mu + \varphi_2) & -\lambda \end{vmatrix} = \lambda^2 + \lambda R_0 \mu (1 - \varphi_1) + (\gamma + \mu)(R_0 \mu (1 - \varphi_1) - \mu - \varphi_2)$$

Finalmente $a = 1$, $b = R_0 \mu (1 - \varphi_1)$ y $c = -(\gamma + \mu)(\mu + \varphi_2 - R_0 \mu (1 - \varphi_1))$, donde $a, b, c \in R^+$

si y solo si $a > 0, b > 0$ y $c > 0$, entonces, los valores característicos de A tienen parte real

negativa, por lo tanto, tendremos dos casos si:

$$R_0 \geq \frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}.$$

Para $R_0 > \frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}$ los valores característicos de A tienen parte real negativa, por lo tanto,

aplicando 3.3.10 teorema de estabilidad de sistemas lineales al punto $p(0, 0)$, es

asintóticamente estable para el sistema (72), entonces, al rehacer el cambio de variable

efectuado en (20) tenemos que el punto crítico $P_c \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta} \right)$ es asintóticamente

estable del sistema formado por las ecuaciones (68) y (69).

Para $R_0 = \frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}$ se trata del caso estudiado anteriormente del $P_c \left(\frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{(\mu + \varphi_2)}, 0 \right)$

De lo anterior podemos establecer el siguiente enunciado:

Teorema endémico, no endémico del modelo SIR con dinámica vital y vacunación

Al aplicar el modelo matemático SIR con dinámica vital y vacunación a enfermedades tendremos tres casos, dependiendo del valor de R_0 .

- En el primer caso, si $R_0 < \frac{(\mu+\varphi_2)}{\mu(1-\varphi_1)}$ la enfermedad no se convertirá en epidemia y desaparecerá tendiendo al punto crítico o de equilibrio $P_c \left(\frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\mu+\varphi_2}, 0 \right)$.
- En el segundo caso, si $R_0 > \frac{(\mu+\varphi_2)}{\mu(1-\varphi_1)}$ la enfermedad se convertirá en epidemia tendiendo al punto crítico o de equilibrio $P_c \left(\frac{\gamma+\mu}{\beta}, \frac{\mu N(1-\varphi_1)}{\gamma+\mu} - \frac{\mu+\varphi_2}{\beta} \right)$.
- En el tercer caso, si $R_0 = \frac{(\mu+\varphi_2)}{\mu(1-\varphi_1)}$ la enfermedad se mantendrá estable alrededor del punto crítico o de equilibrio $P_c \left(\frac{\mu N(1-\varphi_1)}{(\mu+\varphi_2)}, 0 \right)$.

Aplicación del modelo SIR con dinámica vital y vacunación

Aplicando el modelo a la enfermedad de influenza del internado inglés 1978 asumiendo que no se convertirá en epidemia, para un intervalo de tiempo de 100 días y con los siguientes parámetros, $N = 763$, $I_0 = 1$, $S_0 = 762$, $\beta = 0.0022$, $\gamma = 0.4421$ y $\mu = 0.0137$, $\varphi_1 = 0.08$, $\varphi_2 = 0.04$. Para obtener el valor de μ , calcular el inverso de la esperanza de vida media, según (Alldatanow, 2021) la esperanza media de vida en 1978 para el Reino Unido es de 73.18 años

$$\mu = \frac{1}{\text{Esperanza de vida}}$$

$$\mu = \frac{1}{73.18} = 0.0137$$

$$\mu = 0.0137$$

Para obtener los parámetros φ_1, φ_2 emplearemos el teorema 8.5.3 que para el caso de

enfermedades no endémicas establece que, $R_0 < \frac{(\mu+\varphi_2)}{\mu(1-\varphi_1)}$, y la enfermedad tienda al punto de

equilibrio $P_c \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta} \right)$, conociendo el valor de $R_0 = 3.68$, resolver la inecuación

anterior para determinar los parámetros φ_1, φ_2 que permiten cumplir esta condición, entonces:

$$3.68 < \frac{0.0137 + \varphi_2}{0.0137(1 - \varphi_1)}$$

$$0.0504 - 0.0504 * \varphi_1 < 0.0137 + \varphi_2$$

$$0.0367 < 0.0504 * \varphi_1 + \varphi_2$$

Probemos con $\varphi_1 = 0.08$ y $\varphi_2 = 0.04$ reemplazando en la inecuación anterior

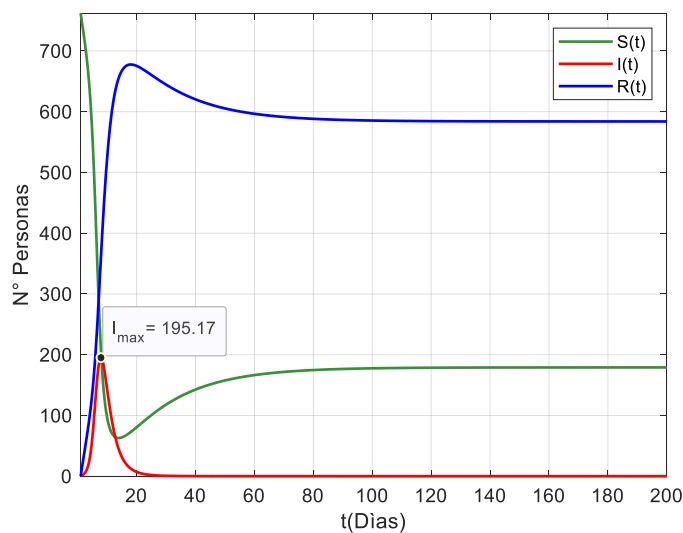
$$0.0367 < 0.0504(0.08) + 0.04$$

$$0.0367 < 0.0440$$

Como la condición se cumple adoptamos los valores de $\varphi_1 = 0.08$ y $\varphi_2 = 0.04$

Figura 27

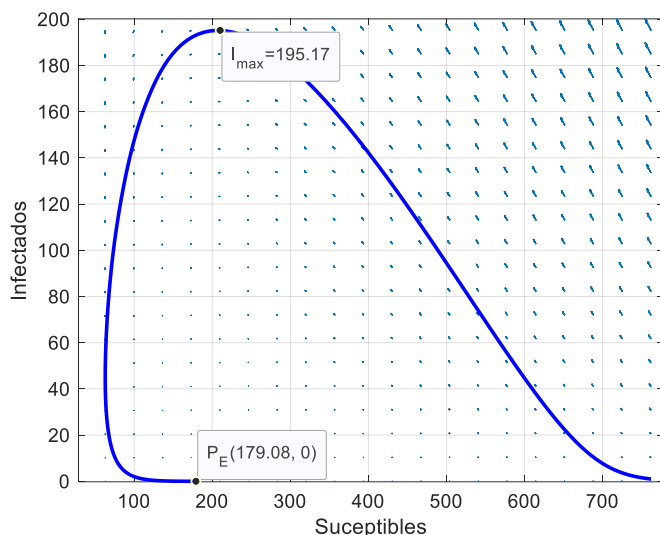
Solución numérica del modelo SIR con dinámica vital y vacunación, enfermedad no endémica



Nota. Infectados máximos, enfermedad de influenza internado inglés 1978.

Figura 28

Plano fase S-I modelo SIR con dinámica vital y vacunación, enfermedad Influenza no endémica



La **Figura 28** representa el plano de fase del modelo SIR con dinámica vital y vacunación, donde se emplearon los siguientes parámetros $N = 763$, $I_0 = 1$, $S_0 = 762$, $\beta = 0.0022$, $\gamma = 0.4421$, $\mu = 0.0137$, $\varphi_1 = 0.08$ y $\varphi_2 = 0.04$. Para determinar y analizar el punto de equilibrio, en primer lugar, calcular el valor del número reproductivo básico $R_0 = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$, y el valor de la expresión matemática $\frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}$, para aplicar el teorema 8.5.3, por lo tanto:

$$R_0 = \frac{\beta * N}{\gamma + \mu} = \frac{0.0022 * 763}{0.4421 + 0.0137} = 3.68$$

$$\frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)} = \frac{0.0137 + 0.04}{0.0137(1 - 0.08)} = 4.26$$

Estableciendo que $R_0 < \frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}$, por el teorema 8.5.3, la enfermedad no se convertirá en

epidemia y acabará desapareciendo tendiendo al punto de equilibrio, $P_E \left(\frac{uN(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, 0 \right)$

establecido como caso 1 del teorema antes mencionado, donde el punto de equilibrio es:

$$P_E \left(\frac{uN(1 - \varphi_1)}{\mu + \varphi_2}, 0 \right)$$

$$P_E \left(\frac{0.0137 * 763(1 - 0.08)}{0.0137 + 0.04}, 0 \right)$$

$$P_E(179.08, 0)$$

Lo cual se puede observar en la **Figura 28**, donde las líneas de campo y la espiral convergen al punto de equilibrio $P_E(179,08, 0)$ aproximadamente, además se puede apreciar el número de infectados máximos $I_{max} = 195.17$.

Analicemos el caso donde la enfermedad se convierta en epidemia para lo cual según el teorema 8.5.3 debe cumplir la siguiente condición $R_0 > \frac{(\mu + \varphi_2)}{\mu(1 - \varphi_1)}$ y la enfermedad tienda al punto de equilibrio $P_c \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta} \right)$, conociendo el valor de $R_0 = 3.68$, resolver la inecuación para establecer parámetros φ_1, φ_2 que permiten cumplir esta condición, entonces:

$$3.68 > \frac{0.0137 + \varphi_2}{0.0137(1 - \varphi_1)}$$

$$0.0504 - 0.0504\varphi_1 > 0.0137 + \varphi_2$$

$$0.0367 > 0.0504 * \varphi_1 + \varphi_2$$

Probemos con $\varphi_1 = 0.04$ y $\varphi_2 = 0.02$ reemplazando en la inecuación anterior tenemos

$$0.0367 < 0.0504(0.04) + 0.02$$

$$0.0367 < 0.0220$$

Como la condición se cumple la enfermedad se convertirá en epidemia tendiendo al punto equilibrio

$$P_c \left(\frac{\gamma + \mu}{\beta}, \frac{\mu N(1 - \varphi_1)}{\gamma + \mu} - \frac{\mu + \varphi_2}{\beta} \right)$$

$$P_E \left(\frac{0.4421 + 0.0137}{0.0022}, \frac{0.0137 * 763(1 - 0.04)}{0.4421 + 0.0137} - \frac{0.0137 + 0.02}{0.0022} \right)$$

$$P_E \left(\frac{0.4558}{0.0022}, \frac{10.0350}{0.4558} - \frac{0.0337}{0.0022} \right)$$

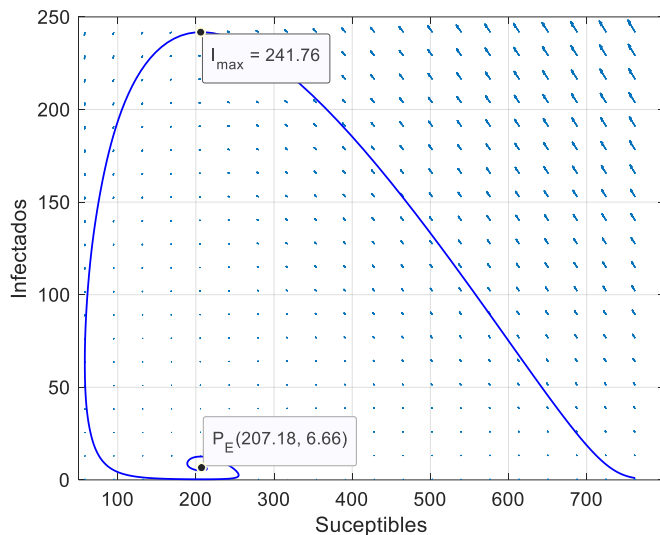
$$P_E(207.18, 22.0162 - 15.3182)$$

$$P_E(207.18, 6.698)$$

En la **Figura 29**, se observa como las líneas de campo y la espiral convergen al punto de equilibrio $P_E(207.18, 6.698)$, como también el número máximo de infectados $I_{max} = 241.76$, con lo cual se verifica el teorema 8.5.3.

Figura 29

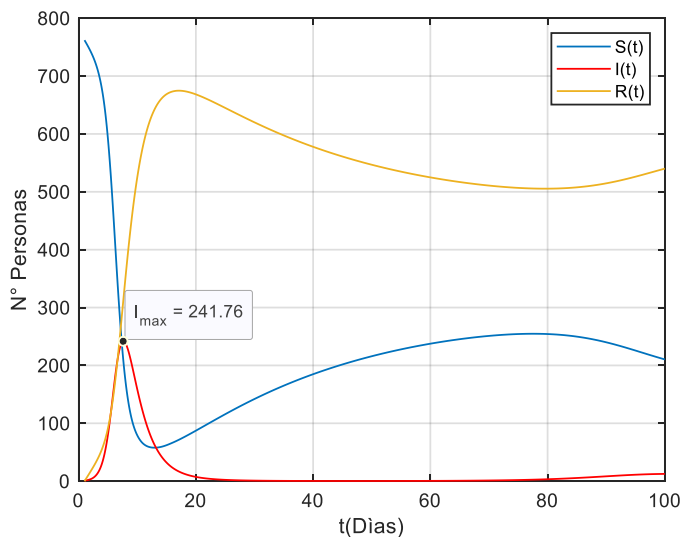
Plano Fase Modelo SIR endémico con dinámica vital y vacunación



Nota. Infectados máximos y punto de equilibrio de enfermedad endémica.

Figura 30

Solución numérica del modelo SIR endémico con dinámica vital y vacunación



En la **Figura 29**, se observa como las líneas de campo y la espiral convergen al punto de equilibrio $P_E(207.18, 6.698)$, como también el número máximo de infectados $I_{max} = 241.76$, obtenidos tanto en el plano de fase como en la solución del modelo SIR, por lo tanto, se verifica los enunciados del teorema 8.5.3.

Para la programación en Matlab seguimos la referencia (Cápsulas MultiON, 2020)

Capítulo IX

Conclusiones y recomendaciones

Conclusiones

En el presente trabajo se considera el modelo epidemiológico determinista compartimental SIR tradicional, del cual se obtuvo la solución analítica exacta en forma paramétrica del sistema de ecuaciones del modelo antes mencionado.

Para validar la solución explícita, se procedió a resolver en primer lugar el modelo SIR aplicando métodos numéricos, resolver el modelo SIR en forma paramétrica y finalmente resolver la solución explícita del modelo SIR, Se procedió a comparar los gráficos y soluciones numérica, paramétrica y exacta, dando como resultado diferencias mínimas, por lo tanto, se validó el modelo.

Se investigo numéricamente y gráficamente la solución exacta analítica obtenida, en epidemias de corta duración y en epidemias más largas como el Covid-19, aplicando programación en Matlab, se mostró que para epidemias de corta duración reproduce la solución numérica de las ecuaciones diferenciales del modelo, con diferencias mínimas.

Al aplicar el modelo a Epidemias de duración más extensa como es el Covid-19, y realizar la investigación numérica y gráfica en base de datos de otros países, para intervalos de dos hasta tres meses, se puede observar que los datos siguen la tendencia del modelo, por lo tanto, resulta de gran utilidad para comprender el desarrollo de la epidemia en etapas tempranas, para ello es importante:

- La base de datos sea producto de un registro confiable, que haya concordancia y no existan inconsistencia en los mismos.
- La calidad en la estimación de parámetros, depende en gran medida de la calidad de los datos que el sistema de salud pueda proporcionar.
- Entender y poder interpretar los parámetros que rigen este modelo.
- El parámetro del número reproductivo básico R_0 es muy importante.

- El tiempo de simulación del Covid-19 depende de la calidad de la base de datos.
- El plano de Fase brinda información valiosa como el número de infectados máximo, Puntos críticos, Punto de Equilibrio que es hacia donde converge una epidemia dependiendo del número reproductivo básico.
- Tener claro **3.1.1** Hipótesis del modelo SIR, establece que dentro del compartimento de individuos retirados están incluidos los individuos recuperados y fallecidos.
- Siempre existirán algunos susceptibles en la población que se escapan de la infección.
- La cadena de transmisión se rompe con el tiempo debido a la disminución de los infecciosos y no por falta de individuos susceptibles.

Recomendaciones

- Contar con una base de datos confiable.
- Tener cuidado en la obtención de datos, dado que, si no es la correcta, generará incoherencias en los mismos y como consecuencia el modelo matemático propuesto se alejará cada vez más de los datos reales.
- Calidad en la estimación de parámetros es algo fundamental, para lo cual se debe contar con una base de datos confiable.
- Es muy importante tener presente, que en el compartimento de los individuos removidos o retirados están incluidos los individuos recuperados y fallecidos.

Bibliografía

- Alldatanow. (2021). *datosmacro.com*. Online. <https://datosmacro.expansion.com/>
- Anonymous. (1978). Influenza in a boarding school. *British Medical Journal*, 1(March), 587.
http://math.unm.edu/~sulsky/mathcamp/Anon_InfluenzaBoardingSchool_BMJ_1978.pdf
- Argueta, C. E. (2020). El COVID-19 y el número reproductivo básico y efectivo en El Salvador: Una propuesta para su medición. *Fundaungo*, 177–182.
- Bacaer, N. (2012). *El modelo de Kermack y McKendrick para la peste en Bombay y la reproducibilidad de un tipo con estacionalidad*. 64. https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-01340008v5/file/2012JMB2_es.pdf
- Ballesteros, A., Blasco, A., & Gutierrez-Sagredo, I. (2020). Exact closed-form solution of a modified SIR model. *ArXiv*, 1–17.
- Bernal Torres, C. A. (2010). *Metodología de la investigación* (Pearson Educación (ed.); 3 ed.). <https://abacoenred.com/wp-content/uploads/2019/02/El-proyecto-de-investigación-F.G.-Arias-2012-pdf.pdf>
- Brauer, F., Castillo, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical Models in Epidemiology* (Springer (ed.)). Springer. <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9>
- Brauer, F., Castillo Chávez, C., De La Pava, E., Barley, K., Castillo Garsow, C., Chowell, D., Espinoza, B., Gonzalez Parra, P., Hernandez Suarez, C., & Moreno, V. (2015). *Modelos De La Propagación De Enfermedades Infecciosas* (J. Salazar Ferro (ed.)). <https://doi.org/10.13140/2.1.4882.5929>
- Braun, M. (1990). *Ecuaciones diferenciales y sus aplicaciones* (N. Grepe P (ed.)). Grupo Editorial Iberoamérica, S.A.de C.V. https://www.academia.edu/14793157/Ecuaciones_diferenciales_y_sus_aplicaciones_M_Braun
- Bravo Yuste, S. (2005). *Métodos matemáticos avanzados para científicos e ingenieros* (1 ed.). Universidad de Extremadura. Servicio de Publicaciones.
- Caicedo-choa, Y., Rebellón-sánchez, D. E., Peñaloza-rallón, M., Cortés-motta, H. F., &

- Méndez-fandiño, Y. R. (2020). Effective Reproductive Number estimation for initial stage of COVID-19 pandemic in Latin American Countries. *International Journal of Infectious Diseases*, 95, 316–318. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.04.069>
- Cápsulas MultiON. (2020). *Sistemas Dinámicos MATLAB&Simulink para entender la epidemia: Ajuste del Modelo SIR a datos reales*. Carlos Jimenez. <https://www.youtube.com/watch?v=-pRZLgV8Pks&list=PLfTYzSDIdgNDXG5kJBN4H96xx4xL9ZXdL&index=4>
- Castro, C. A. De. (2020). *Modelo SIR de la epidemia de COVID-19 en Colombia - Proyección según diversos escenarios*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.23247.23201>
- Cervantes Gómez, L. (2015). *Modelización matemática Principios y aplicaciones*. <https://www.fcfm.buap.mx/assets/docs/publicaciones/Modeliza.pdf>
- Curth de Torres, M. (2015). *Modelos Matematicos en las Ciencias* (1 ed.). <https://www.fundacionazara.org.ar/img/libros/modelos-matematicos.pdf>
- Daley, D. ., & Gani, J. (1999). *Epidemic Modeling: An Introduction*. www.cambridge.org/9780521640794
- Escobar, J. (2009). *Ecuaciones Diferenciales con aplicaciones en Maple* (1ra ed). <http://matematicas.udea.edu.co/jescobar/>
- Escudero, X., Guarner, J., Galindo-Fraga, A., Escudero-Salamanca, M., Alcocer-Gamba, M. A., & Del-Río, C. (2020). The SARS-CoV-2 (COVID-19) coronavirus pandemic: Current situation and implications for Mexico. *Archivos de Cardiología de Mexico*, 90, 7–14. <https://doi.org/10.24875/ACM.M20000064>
- Espinosa, E., Canals, I., Ismael, Muñoz, I., Pérez, R., Prado, C., Santiago Acosta, R., & Ulín, C. (2010). *Ecuaciones diferenciales ordinarias* (Reverté).
- Ferrández, M., Ivorra, B., Redondo, J., Ramos, A., & Ortigosa, P. (2020). *A multi-objective approach to estimate parameters of compartmental epidemiological models. Application to Ebola Virus Disease epidemics*. <https://doi.org/10.13140/RG.2.2.25778.56006>
- Garcia, A. (2014). *Modelo de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades*

- infecciosas*. [https://repositorio.unican.es/xmlui/bitstream/handle/10902/7125/Andrea Garcia Piñera.pdf](https://repositorio.unican.es/xmlui/bitstream/handle/10902/7125/Andrea_Garcia_Piñera.pdf)
- George, T. (2006). Cálculo una variable I. In E. Pearson (Ed.), *Yunus A. Cengel* (11 ed.). Pearson, Educacion. https://www.academia.edu/10463072/Calculo_una_variable_11vo_edicic3b3n_george_b_thomas
- Harko, T., Lobo, F., & Mark, M. (2014). *Exact analytical solutions of the Susceptible-Infected-Recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal death and birth rates. March*. <https://doi.org/10.1016/j.amc.2014.03.030>
- Hernández, E. (2013). Cálculo Diferencial e Integral. In *Journal of Chemical Information and Modeling* (1ra ed., Vol. 1, Issue 9).
- Keeling, M., Tildesley, M., House, T., & Danon, L. (2013). The Mathematics of Vaccination. *Mathematics Today, February*, 40–43. https://ima.org.uk/wp/wp-content/uploads/2016/06/Mathematics_of_Vaccination.pdf
- Kermack, W., & McKendrick, A. (1927). A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics. *Stor*, 115. <https://royalsocietypublishing.org/doi/pdf/10.1098/rspa.1927.0118>
- Larson, R., Hostetler, R., & Edwards, B. (2001). *Cálculo y Geometría analítica I* (6 ed.). Mc Graw Hill.
- Liu, M., Cao, J., Liang, J., & Chen, M. (2020). *Epidemic-logistics Modeling : A New Perspective on Operations Research* (Springer (ed.); 1 ed.). <https://doi.org/https://doi.org/10.1007/978-981-13-9353-2>
- Magro Garcia, J. (2016). Modelización matemática de la propagación de enfermedades humanas. Aplicación a diversos casos. [UNIVERSIDAD POLITECNICA DE MADRID]. In *La tesis doctoral en teorico y empirico*. <https://doi.org/ISBN: 978-84-693-1123-3>
- Maria, J., & Bernis, F. (2013). *Ecuaciones diferenciales ordinarias y en diferencias finitas*. (1 ed.).
- Ministerio de Salud Publica Ecuador. (2020, August 27). *Coronavirus Ecuador - Portal con*

- información oficial sobre la pandemia que afecta al Ecuador*. Online. <https://www.coronavirusecuador.com/>
- Montesinos, O., & Hernandez, C. (2007). *Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas*. 49, 218–226.
- Organización Mundial de la Salud. (2020, August 27). *Preguntas y respuestas sobre la enfermedad por coronavirus (COVID-19)*. Online. <https://tinyurl.com/y5my2xgw>
- Peng, L., Yang, W., Zhang, D., Zhuge, C., & Hong, L. (2020). *Epidemic analysis of COVID-19 in China by dynamical modeling(Análisis de la epidemia de COVID-19 en China mediante modelado dinámico)*. 22–24.
- Pesco, P. (2017). *Modelos estocásticos para epidemias recurrentes(Thesis Doctoral)* [UNIVERSIDAD NACIONAL DE LA PLATA]. <http://sedici.unlp.edu.ar/handle/10915/64320>
- Pliego Pliego, E. C. (2011). *Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas*. BENEMÉRITA UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE PUEBLA.
- Purcell, E., Varberg, D., & Rigdon, S. (2007). *Cálculo diferencial e integral* (9 ed.). Pearson Educación.
- Quezada, J., López, A., & Gil, V. et al. (2020). Período de incubación de la COVID-19: revisión sistemática y metaanálisis. *Ann Oncol, January*, 19–20.
- Rosselli, D. (2020). Covid-19 en Colombia: los primeros 90 días. *Acta Neurológica Colombiana*, 36(2 Supl. 1), 1–6. <https://doi.org/10.22379/24224022287>
- Sanz, I. (2016). Modelos epidemiológicos basados en ecuaciones diferenciales.[UNIVERSIDAD DE LA RIOJA]. In *Universidad de Rioja*.https://biblioteca.unirioja.es/tfe_e/TFE002211.pdf
- Shabbir, G., Khan, H., & Sadiq, M. A. (2010). *A note on Exact solution of SIR and SIS epidemic models*. 1–6. <http://arxiv.org/abs/1012.5035>
- Simmos, G. F. (1998). *Ecuaciones diferenciales con aplicaciones y notas historicas* (2 ed.). <https://librosolucionarios.org/download.php?id=23005>

Since January 2020 Elsevier has created a COVID-19 resource centre with free information in English and Mandarin on the novel coronavirus COVID- 19 . The COVID-19 resource centre is hosted on Elsevier Connect , the company's public news and information we. (2020). January.

Universidad Johns Hopkins. (2020). *Repositorio de datos COVID-19 del Centro de ciencia e ingeniería de sistemas (CSSE) de la Universidad Johns Hopkins*. Online. <https://github.com/CSSEGISandData/COVID-19>

Vera, F. (2020). Modelación de COVID-19 en Ecuador. "*Matemática*" *ESPOL-FCNM JOURNAL*, Vol. 18(2), Catorce. <http://www.revistas.espol.edu.ec/index.php/matematica/article/view/751/792>

Villalobos Arias, M. (2020). *Estimación de población contagiada por Covid-19 usando regresión Logística generalizada y heurísticas de optimización*. 1–16. <http://arxiv.org/abs/2004.01207>

World Health Organization. (2020, August 27). *Panel de control de la enfermedad por coronavirus de la OMS (COVID-19)*. Online. <https://covid19.who.int/>

Yingcun Xia, S. M. (2009). *Mathematical understandig of infectious disease dynamics* (S. M. Yingcun Xia (Ed.); 16 ed.).