Universidad Nacional Mayor de San Marcos
Universidad del Perú. Decana de América
Facultad de Ciencias Matemáticas
Escuela Profesional de Computación Científica

Sobre una aplicación de los sistemas de EDOs No Lineales para describir modelos epidemiológicos SIR utilizando Matlab

TESIS

Para optar el Título Profesional de Licenciada en Computación Científica

AUTOR

Magna Estefanía Teófila HUAYTA CASTILLO

ASESOR

Mg. Willy David BARAHONA MARTÍNEZ

Lima, Perú

2022



Reconocimiento - No Comercial - Compartir Igual - Sin restricciones adicionales

https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/

Usted puede distribuir, remezclar, retocar, y crear a partir del documento original de modo no comercial, siempre y cuando se dé crédito al autor del documento y se licencien las nuevas creaciones bajo las mismas condiciones. No se permite aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros a hacer cualquier cosa que permita esta licencia.

Referencia bibliográfica

Huayta, M. (2022). *Sobre una aplicación de los sistemas de EDOs No Lineales para describir modelos epidemiológicos SIR utilizando Matlab*. [Tesis de pregrado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Matemáticas, Escuela Profesional de Computación Científica]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Magna Estefanía Teófila Huayta Castillo
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	45582213
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Willy David Barahona Martinez
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	10078450
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0001-9177-1561
Datos del jurado	
Presidente del jurado	
Nombres y apellidos	Carlos Augusto Ruiz de la Cruz Melo
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	08249640
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Leonardo Henry Alejandro Aguilar
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	43069051
Miembro del jurado 2	
Nombres y apellidos	Willy David Barahona Martínez
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	10078450
Datos de investigación	
Línea de investigación	Matemática aplicada: Ecuaciones Diferenciales y Análisis Funcional
Grupo de investigación	No aplica.
Agencia de financiamiento	No aplica.

Ubicación geográfica de la investigación	Edificio: Universidad Nacional Mayor de San Marcos País: Perú Departamento: Lima Provincia: Lima Distrito: Lima Latitud: 12.059032 Longitud: -77.082164
Año o rango de años en que se realizó la investigación	Abril – julio 2022
URL de disciplinas OCDE	https://purl.org/pe-repo/ocde/ford#1.01.02

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS EN LA MODALIDAD VIRTUAL PARA LA OBTENCIÓN DEL TÍTULO PROFESIONAL DE LICENCIADO(A) EN COMPUTACIÓN CIENTÍFICA
(PROGRAMA DE TITULACIÓN PROFESIONAL 2022-I)

En la UNMSM – Ciudad Universitaria – Facultad de Ciencias Matemáticas, siendo las 12:00 horas del sábado 23 de julio del 2022, se reunieron los docentes designados como Miembros del Jurado Evaluador (PROGRAMA DE TITULACIÓN PROFESIONAL 2022-I): Lic. Carlos Augusto Ruiz De La Cruz Melo (PRESIDENTE), Dr. Leonardo Henry Alejandro Aguilar (MIEMBRO) y el Mg. Willy David Barahona Martínez (MIEMBRO ASESOR), para la sustentación de la Tesis titulada: "**SOBRE UNA APLICACIÓN DE LOS SISTEMAS DE EDOS NO LINEALES PARA DESCRIBIR MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS SIR UTILIZANDO MATLAB**", presentado por la señorita **Bachiller Magna Estefanía Teófila Huayta Castillo**, para optar el Título Profesional de Licenciada en Computación Científica.

Luego de la exposición de la Tesis, el Presidente invitó a la expositora a dar respuesta a las preguntas formuladas.

Realizada la evaluación correspondiente por los Miembros del Jurado Evaluador, la expositora mereció la aprobación **sobresaliente,** con un calificativo promedio de **diecisiete (17).**

A continuación, los Miembros del Jurado Evaluador dan manifiesto que la participante **Bachiller Magna Estefanía Teófila Huayta Castillo** en vista de haber aprobado la sustentación de su Tesis, será propuesta para que se le otorgue el Título Profesional de Licenciada en Computación Científica.

Siendo las 12:30 horas se levantó la sesión firmando para constancia la presente Acta.

Lic. Carlos Augusto Ruiz De La Cruz Melo
PRESIDENTE

Dr. Leonardo Henry Alejandro Aguilar
MIEMBRO

Mg. Willy David Barahona Martínez
MIEMBRO ASESOR

UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS

Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA

FACULTAD DE CIENCIAS MATEMÁTICAS

Escuela Profesional de Computación Científica

"Año del Bicentenario del Perú: 200 años de Independencia"

INFORME DE EVALUACIÓN DE ORIGINALIDAD

La directora de la Escuela Profesional de Computación Científica informa lo siguiente:

1. Operador del programa informático de similitudes: Dra. María Natividad Zegarra Garay.

2. Documento Evaluado:
   Trabajo de Suficiencia Profesional para obtener título de licenciado en Computación, titulado «SOBRE UNA APLICACIÓN DE LOS SISTEMAS EDOS NO LINEALES PARA DESCRIBIR MODELOS EPIDEMIOLÓGICOS SIR UTILIZANDO MATLAB».

3. Autor del TSP: Huayta Castillo, Magna Estefanía Teófila.

4. Fecha de recepción del TSP: 12 de julio del 2022.

5. Fecha de aplicación del programa informático de similitudes: 12 de julio del 2022
   - Software utilizado: Turnitin

6. Configuración del programa detector de similitudes:
   - Excluye textos entrecomillados
   - Excluye bibliografía
   - Excluye cadenas menores a 40 palabras

7. Porcentaje de similitudes según programa detector de similitudes: ocho por ciento (8%)

8. Fuentes originales de las similitudes encontradas:
   - Fuentes de internet: 8%
   - Publicaciones: 1%
   - Trabajos del estudiante: 1%

9. Calificación de originalidad:
   - Documento cumple criterios de originalidad, sin observaciones.

Lima, 14 de octubre del 2022.

UNMSM
Firmado digitalmente por ZEGARRA GARAY Maria Natividad FAU 20148092282 soft
Motivo: Soy el autor del documento
Fecha: 17.10.2022 06:34:40 -05:00

Dra. María Natividad Zegarra Garay
Directora

/spv

DEDICATORIA

El presente trabajo lo dedico a mis padres Mariano Huayta Mamani e Teófila Castillo Espinoza y hermanas quienes me apoyaron e inculcaron a seguir adelante con mis objetivos a pesar de las dificultades.

AGRADECIMIENTOS

El agradecimiento a Dios pues es el guia de mi camino día a día, es mi respaldo espiritual que me fortalece en las situaciones más complicadas.

Sin mis padres Mariano Huayta Mamani y Teófila Castillo Espinoza este esfuerzo no se habría terminado, ellos son mi mayor orgullo y, siempre me brindaron su apoyo a cambio de nada, por eso mi agradecimiento eterno.

Mi gratitud a mis hermanas, fueron el aliento diario, en los momentos más difíciles ellas siempre estuvieron presentes.

Al docente Mg. Willy David Barahona Martínez, por su paciencia y tiempo que dedicó orientándome con sus conocimientos en el tema, para la elaboración del presente trabajo de tesis, así mismo por el valioso tiempo que invirtió en revisar y corregir el presente trabajo. A todos y cada uno de mis maestros por sus enseñanzas, gracias por todos los consejos y haberme brindado todos sus conocimientos, que me dieron a lo largo de mi vida como estudiante.

El aprecio a las personas y amigos que me alentaron para la conclusión de este trabajo.

Gracias a todos por ayudarme a concluir esta etapa de mi vida.

RESUMEN

Sobre una Aplicación de los Sistemas de EDOs No Lineales para Describir Modelos Epidemiológicos SIR utilizando Matlab

Magna Estefanía Teófila Huayta Castillo

Julio - 2022

Asesor : Mg. Willy David, Barahona Martínez.

Titulo obtenido : Licenciada en Computación Científica.

En el presente trabajo presentamos algunas aplicaciones de los sistemas de EDOs no lineales de primer orden, para explicar un modelo epidemiológico simple compartimental de tipo SIR. Haciendo uso del software Matlab, mostraremos la simulación del Modelo de Propagación del COVID-19 sin Demografía, La Influenza tipo C , El virus A(H1N1), Epidemia del COVID-19, utilizaremos los gráficos para interpretar dichos modelos.

El objetivo de plantear un modelo SIR es brindar una herrramienta eficaz para la predicción de eventos futuros. Asimismo mostramos que mediante hipótesis convenientes dichos modelos resultan adaptables a las circunstancias que se presentan, sobretodo cuando estos ocurren en intervalos pequeños de tiempo.

Palabras Clave: Epidemiología, Modelo SIR, COVID-19, Simulación.

ABSTRACT

On an Application of Nonlinear ODE Systems to Describe SIR Epidemiological Models using Matlab
Huayta Castillo Magna Estefanía Teófila

July - 2022

Adviser : Mg. Willy David, Barahona Martínez.
Obtained : Graduate in Scientific Computing.

In this paper we present some applications of nonlinear first-order ODE systems to explain a simple compartmental epidemiological model of the SIR type. Using the Matlab software, we will show the simulation of the COVID-19 Propagation Model without Demography, Type C Influenza, A(H1N1) Virus, COVID-19 Epidemic, we will use the graphs to interpret these models.

The objective of proposing a SIR model is to provide a tool effective for predicting future events. Likewise, we show that through convenient hypotheses, these models are adaptable to the circumstances that arise, especially when they occur in small time intervals.

Keywords: Epidemiology, SIR Model, COVID-19, Simulation.

INDICE GENERAL

1. Conceptos Básicos **10**

1.1. Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (EDO) 10

1.1.1. EDO de Primer Orden 10

2. Preliminares **15**

2.1. Compartimentos e Hipótesis del Modelo SIR 15

2.1.1. Formulación del Modelo: Estudio Analítico 16

3. Problema Principal **26**

3.1. Modelado y Propagación del COVID-19 sin Demografia 26

3.2. Epidemia de Influenza tipo C, Londres (Inglaterra), 1978. 31

3.3. El virus A(H1N1), La Gloria, Veracruz(Mexico) 2009. 32

3.4. Epidemia del COVID-19 en la ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Argentina 2020. 34

4. Simulación Numérica **35**

5. Conclusiones **45**

6. Bibliografia **45**

Introducción

Durante muchos años los matemáticos se han ocupado de estudiar enfermedades epidemiológicas mediante modelos matemáticos. La Epidemiología tiene la finalidad de analizar y describir la dinámica de la salud en una población identificando las variables y elementos que forman parte de ella y entender las fuerzas que la gobiernan. El interés de estudiar estas enfermedades mediante modelos matemáticos surgió por la preocupación de que se dieran lugar pandemias o plagas en poblaciones enteras. Asimismo, su importancia ha sido buscar soluciones factibles para controlar estas enfermedades y que los daños y pérdidas que puedan causar sea menor.

En términos históricos las enfermedades infecciosas han constituido una permanente amenaza para la sociedad, en todas las épocas de la historia de la humanidad las pandemias han causado muerte y perdidas incalculables, por esta razón el hombre estimó necesario conocer más sobre ellas, para así combatir de alguna manera su acelerado mortal avance.

Sólo por mencionar un ejemplo, recordemos los devastadores efectos de la peste negra en Europa, en el siglo XIV de la edad media. Esta mortal enfermedad acabo con las tres cuartas partes de la población de ese continente, es decir más de 21 millones de personas.

Los orígenes de la modelación moderna de epidemias datan desde 1927, con la propuesta de Kermack y McKendrick llamado modelo compartimental SIR (Susceptible, Infectado y Recuperado). Este enfoque ha impactado positivamente el área de mode-

lación y control de epidemias.

Durante la mayor parte del siglo XX las pandemias (epidemias que se propagan por áreas y poblaciones) de enormes tamaño se habían ya considerado amenazas del pasado, de carácter contagioso. No obstante, los cambios ambientales actuales han propiciado cambios en la distribución geográficas de organismo en general.

Presentamos un análisis teórico y analítico del modelo matemático SIR sobre una Aplicación de los Sistemas de EDOS No Lineales para describir Modelos Epidemiológicos SIR utilizando algunas simulaciones numéricas al modelo planteado en Matlab, el estudio se realizará para la Epidemia de Influenza tipo C, que ocurrió en Londres (Inglaterra, 1978), El virus de la Influenza A(H1N1), La Gloria Veracruz (México - 2009) y finalmente para la Epidemia del COVID-19 en la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Argentina 2020.

1 Conceptos Básicos

Desde mucho tiempo atrás, se vienen planteando modelos matemáticos para describir la dinámica de epidemias, estos modelos fueron progresando desde principios del siglo XX, que a su vez se debió a las diferentes epidemias que sufrió la humanidad y, a esto le sumamos el avance vertiginoso y acelerado de las ciencias. En estos tiempos existe una diversidad y una gran cantidad de modelos matemáticos que permiten el estudio de la dinámica del crecimiento del contagio, su propagación en la población y, la erradicación de la enfermedad o ente patológico que lo ocasione.

1.1. Ecuaciones Diferenciales Ordinarias (EDO)

Definición 1. *Llamaremos Ecuación Diferencial Ordinaria (EDO), a la ecuación que tiene como términos, a las derivadas de la función incógnita con respecto a una variable independiente.*

$$F(t, x', x'', ..., x^{(n)}) = 0,\ n \in \mathbb{N}. \tag{1.1}$$

El mayor orden de las derivadas presentes en la EDO, determina el *orden* de la ecuación diferencial ordinaria, en el caso de la ecuación anterior, dicho orden es n.

1.1.1. EDO de Primer Orden

La *ecuación diferencial ordinaria de primer orden*, es denotada en forma abreviada por

$$x' = F(t, x)$$

La teoría de ecuaciones diferenciales ordinarias, nos conduce a su estudio mediante dos caminos:

1. *El Cualitativo*, el cual se basa en el Teorema de Existencia y Unicidad de la solución, a pesar que sucede que no se tiene conocimiento de estas en su forma explícita

2. *El Numérico*, que nos da una aproximación de las soluciones con la exactitud que deseamos.

Problema de Valor Inicial (PVI)

Definición 2. *Llamamos problema de valores iniciales(PVI), al problema compuesto por una ecuación diferencial ordinaria y una condición inicial.*

Lo expresamos explícitamente de la siguiente manera:

$$(PVI) \quad \left| \begin{array}{l} x' = F(t,x). \\ \\ x(t_0) = x_0. \end{array} \right. \tag{1.2}$$

Sistemas de EDO

A lo largo del desarrollo de esta monografía, utilizaremos definiciones, teoremas y sus consecuencias, muchas de ellas referentes a los Sistemas de EDOs de Primer Orden, y de manera particular los no lineales, que tienen la siguiente forma:

$$x'(t) = F(t,x),\ (t,x) \in \Omega \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{E} \tag{1.3}$$

donde $\mathbb{E} = \mathbb{R}^n$; $(t,x), t \in \mathbb{R}$ y $x = (x_1, x_2, ..., x_n)$ adoptaremos en $\mathbb{R} \times \mathbb{E}$ la norma:

$$\|(t,x)\| = max\{|t|, |x|\}$$

siendo $|x|$ la norma de $\mathbb{E}$.

Consideraremos a Ω como un subconjunto abierto y conexo, salvo se indique lo contrario.

Definición 3. *La función $\varphi : I \subseteq \mathbb{R} \longrightarrow \mathbb{E}$ es solución en sobre I, de la ecuación diferencial ordinaria $\dfrac{dx}{dt} = F(t,x)$, si:*

1. *El $graf(\varphi)$ está definido en I.*
2. $\dfrac{d\varphi}{dt}(t) = F(t, \varphi(t)),\ \forall t \in I.$

El Problema de Cauchy

Un problema de Cauchy para (1.3), es tal que, dados t_0 y x_0 fijos, buscamos determinar si existe por lo menos una solución de (1.3) que en el punto t_0 asuma el valor x_0 y, además saber si esa solución es única. El problema de Cauchy para (1.3) con condiciones iniciales (t_0, x_0) es denotado de manera abreviada por

$$(PVI) \quad \left| \begin{array}{l} x' = F(t,x), \quad \text{en } \Omega. \\ \\ x(t_0) = x_0, \quad \text{sobre } I. \end{array} \right. \tag{1.4}$$

Teoremas de Picard y Peano

Definición 4. *La aplicación $f : \Omega \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$ es llamada Lipschitziana en Ω realitivamente a la segunda variable , si $\exists\, K > 0$ tal que:*

$$|f(t,x) - f(t,y)| \leq K|x - y|$$

$\forall\, (t,x), (t,y) \in \Omega$; K es llamada constante de Lipschitz de f.

Definición 5. *Una aplicación f es llamada localmente Lipschitziana en Ω si para cada (t_0, x_0), existe una vecindad $V = V(t_0, x_0)$ tal que $f|_V$ es de Lipschitz en V.*

Lema 1. ***(Lema de Contracción)*** *Sea (X, d) un espacio métrico completo, esto es, $d(F(x), F(y)) \leq Kd(x,y), 0 \leq K < 1$. Existe un único punto fijo p, por F, esto es $F(p) = p$. Más aún, p es un atractor de F, esto es, $F^n(x) \to p$ cuando $n \to \infty$, para todo $x \in X$, $F_n(x)$ es definido por $F(F^{n-1}(x))$.*

Demostración: Ver [5] pág. 12.

Corolario 1. *Sea (X, d) un espacio métrico completo. Si la aplicación $F : X \to X$ es continua y, para algún m, F^m es una contracción, entonces existe un único punto p fijo por F. Más aún, p es un atractor de F.*

Demostración: Ver [5] pág. 13.

Teorema 1. ***(Teorema de Picard)*** *Sea f continua y Lipschitziana en $\Omega = I_a \times B_b$, donde $I_a = \{t : |t - t_0| \leq a\}, B_b = \{x; |x - x_0| \leq b$. Si $|F| \leq M$ en Ω, existe una única solución de*

$$x' = F(t,x), \quad x(t_0) = x_0$$

en I_a *, donde* $\alpha = min\{a, b/M\}$

Demostración: Ver [5] pág. 13.

Corolario 2. *Sea* $\Omega \subseteq \mathbb{R} \times \mathbb{E}$ *y* $f : \Omega \to \mathbb{E}$ *continua con* $D_2 f$ *continua, entonces* $\forall\,(t_0, x_0) \in \Omega$, *existe una vecindad* $V = I(t_0) \times B(x_0)$ *donde el PVI* $x' = F(t, x), x(t_0) = x_0$ *posee solución única en* $I(t_0)$*, donde el gráfico de la solución está contenido en V.*

Demostración: Ver [5] pág. 14.

Proposición 1. *Sea F continua y Lischitziana en* $\Omega = [a, b] \times \mathbb{E}$*. Entonces, para todo* $(t_0, x_0) \in \Omega$ *existe una única solución de (1.3) en* $I = [a, b]$*.*

Demostración: Ver [5] pág. 15.

Corolario 3. ***(Ecuaciones Lineales)*** *Sean* $A(t)$ *y* $b(t)$ *respectivamente matrices* $n \times n$ *y* $n \times 1$ *de funciones continuas en un intervalo I. Para todo* $(t_0, x_0) \in I \times \mathbb{R}^n$ *existe una única solución de* $x' = A(t)x + b(t), x(t_0) = x_0$ *definida en I.*

Demostración: Ver [5] pág. 16.

Teorema 2. ***(Teorema de Peano)*** *Sea F continua en* $\Omega = I_a \times B_b$ *como en el Teorema 1. Si* $|F| < M$ *en* Ω*, (1.3) tiene por lo menos una solución en* I_a*, donde* I_α*, donde* $\alpha = min\{a, b/M\}$

Demostración: Ver [5] pág. 18.

Teorema 3. *(TVI) Sea* $f : [0, T] \to \mathbb{R}$*, una función continua, entonces*

$$f([0, T]) = [m, M] con\ m < M.$$

Demostración: Ver [12] pág. 86.

Del teorema de Valor Intermedio deducimos el siguiente colorario.

Corolario 4. *Sea* $f : [0, T] \to \mathbb{R}$ *una función continua y* $T, m, M \in \mathbb{R}$*, tales que* $T > 0$ *y* $m < M$ *y* $f([0, T]) = [m, M]$*. Entonces se cumple:*

$$m.T \leq \int_0^T f(t)d(t) \leq M.T \tag{1.5}$$

Demostración: Ver [12] pág.91.

Sistemas de EDOs Autónomos

A las ecuaciones que son independientes de la variable independiente t, se les conoce como ecuaciones autónomas. El siguiente es un sistema de EDOs autónomas

$$\begin{cases} x_1' = X_1(x_1, ..., x_n), \\ x_2' = X_2(x_1, ..., x_n), \\ \vdots \\ x_n' = X_n(x_1, ..., x_n). \end{cases}$$

En la teoría cualitativa, el interés es el estudio de las propiedades de X_i con su respectivo diagrama de fase correspondiente. Para mayor información ver [5].

2 Preliminares

2.1. Compartimentos e Hipótesis del Modelo SIR

Todo modelo SIR es compartimental y determinístico ya que se estudia el comportamiento de la enfermedad en un cierto periodo de tiempo. El modelo SIR divide a la población en tres compartimentos poblacionales.

1. **Susceptibles** (S): Número de personas que son propensas a la enfermedad.
2. **Infectados** (I): Son las personas que tienen la enfermedad y pueden contagiar a otros.
3. **Recuperados** (R): Número de personas que no tienen la enfermedad porque se han recuperado completamente o son inmunes.

El modelo SIR se basa en las siguientes hipótesis:

- La enfermedad es transmitida mediante contacto directo entre las personas; en cuanto esta persona es infectada, inmediatamente pasa al grupo de los infectados y lo hace a una tasa constante α.

$$S \overrightarrow{\alpha} I$$

- Luego abandonarán su clase para pertenecer a la de los recuperados y lo hace a una tasa constante β.

$$I \overrightarrow{\beta} R$$

- La tasa de transmisión de la enfermedad que determina, el número de individuos por unidad de tiempo que se trasladan del compartimiento de susceptibles al de infectados es proporcional al producto $S(t).I(t)$.

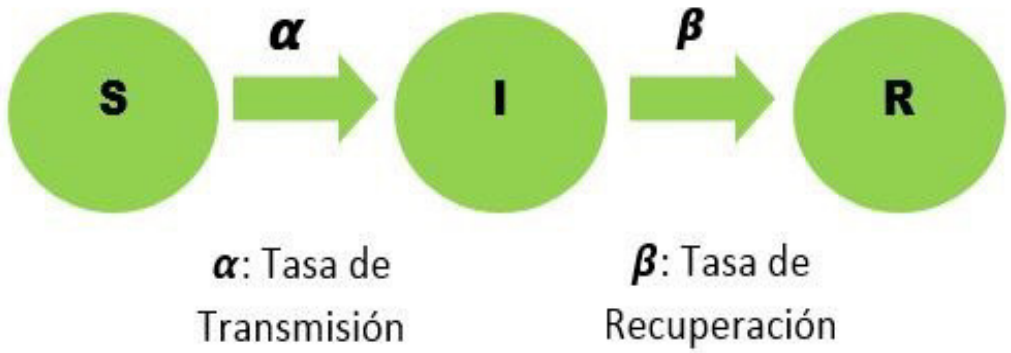
- La **tasa de transmisión** α, describe que tan rápido se transmite la infección de un individuo a otro.

- La **tasa de recuperación** β, describe que tan rápido un individuo infectado se recupera.
- La Ley de acción de masas en epidemiología, acevera que, la tasa de propagación de una enfermedad es directamenta proporcional al número de individuos susceptibles por el número de individuos infectados (o infecciosos).
- La población perdura constante, y su tamaño es igual a N.

$$N = N(t) = S(t) + I(t) + R(t) \tag{2.1}$$

- Los que se recuperan de la enfermedad y se vuelven inmunes, pasarán de $I(t)$ al grupo $R(t)$.

Según las suposiciones anteriores se darán las EDOs que modelan la epidemia,en base a la división que se hizo de la población total, tenemos el siguiente esquema:



Modelo SIR.

2.1.1. Formulación del Modelo: Estudio Analítico

La tasa de transmisión de la enfermedad que determina, el número de individuos por unidad de tiempo que se trasladan del compartimiento de susceptibles al de infectados es proporcional al producto $S(t).I(t)$. Este proceso se muestra en la siguiente imagen:

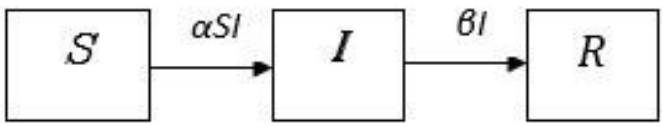


Figura de Compartimentos.

Para describir el modelo SIR, mostramos el siguiente sistema de EDOs

$$\frac{dS}{dt} = -\alpha \cdot S(t) \cdot I(t) \qquad S(0) = S_0 \tag{1}$$

$$\frac{dI}{dt} = \alpha \cdot S(t) \cdot I(t) - \beta \cdot I(t) \qquad I(0) = I_0 \tag{2}$$

$$\frac{dR}{dt} = \beta \cdot I(t) \qquad R(0) = R_0 \tag{3}$$

donde $\alpha > 0$, $\beta > 0$ y S_0, I_0 y R_0 es el número inicial de personas susceptibles, infectadas y recuperadas o retiradas (respectivamente) en una población cuya cantidad de habitantes es

$$N = S_0 + I_0 + R_0.$$

Notemos que $S_0^{'} + I_0^{'} + R_0^{'} = 0$, por lo que la suma $S(t) + I(t) + R(t)$ es constante (ver (2.1)), aunque el número de individuos en cada compartimento es un número natural (entero), las variables S, I, R pueden ser tratadas como variables continuas, cuando la población total es suficientemente grande.

Estudio Analítico del Modelo SIR

El tiempo aproximado de duración de la enfermedad está dado por $\frac{1}{\beta}$. De(3), para un h muy pequeño, tenemos

$$\beta \cdot I(t) = R' \approx \frac{R(t+h) - R(t)}{h}$$

Hacemos, $h = 1/\beta$ y despejando:

$$R(t + \frac{1}{\beta}) = R(t) + I(t) \tag{4}$$

el número de individuos recuperados en el instante $(t + \frac{1}{\beta})$ es la suma de los que ya se habían recuperado en el instante t más todos los individuos que estaban infectados en el instante t, es decir, que $\frac{1}{\beta}$ es el tiempo promedio que tardan en recuperarse los individuos infectados.

Existencia y Unicidad (TEU)

Dado el problema de Cauchy :

$$\begin{cases} x' = f(t,x) \quad x \in \mathbb{R}^n \\ x(t_0) = x_0 \end{cases} \tag{5}$$

con $f : U \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$ y U un abierto de $\mathbb{R}^{n+1}$. Si f es una función continua en U, entonces para cualquier $(t_0, x_0) \in U$ existe $\epsilon > 0$ tal que (5) posee una solución definida al menos en un cierto intervalo de la forma $[t_0 - \epsilon, t_0 + \epsilon]$. Aplicaremos este resultado a nuestro caso concreto con $x = (S, I, R)$ y $f = (-\alpha SI, \alpha SI - \beta I, \beta I)$. Como f es continua en $\mathbb{R}^4$ podemos afirmar que existe solución local a nuestro problema (1)-(2)-(3) definida para todo $t > 0$ en $[0, T]$.

Si f cuenta con derivada parcial respecto a x continua en U, entonces $\forall\, (t_0, x_0) \in U$, $\exists\, \epsilon > 0$ tal que (5) tiene solución única definida en el intervalo $[t_0 - \epsilon, t_0 + \epsilon]$.
Ahora calculemos la matriz Jacobiana de $f = (-\alpha SI, \alpha SI - \beta I, \beta I)$

$$\begin{pmatrix} -\alpha I & \alpha S & -0 \\ -\alpha I & \alpha S - \beta & 0 \\ 0 & \beta & 0 \end{pmatrix} \tag{6}$$

Debido a que todas las entradas de la matriz Jacobiana de f son continuas en $\mathbb{R}^4$, y el TEU, existe solución única del problema (1)- (2)- (3) en algún intervalo de la forma $[0, T]$.

A continuación mostraremos que $S(t), I(t), R(t) > 0,\ \forall t \in [0, T]$.

Teorema 4. *Dado el problema de valores iniciales:*

$$\begin{cases} x'(t) = a(t)x(t) \\ x(t_0) = x_0 > 0 \end{cases} \tag{7}$$

donde $a \in C([0, T])$. *Se cumple que* $x(t) > 0$, $\forall t \in [0, T]$.

Demostración:

La solución única para (7) está dada por :

$$x(t) = x_0 e^{\int_0^t a(s)d(s)} \tag{2.2}$$

Por la continuidad de a en $[0,T]$, y aplicando el Colorario 4, tenemos

$$\int_0^t a(s)d(s)$$

está acotada inferior y superiormente, luego

$$e^{\int_0^t a(s)d(s)} \geqslant 0$$

y podemos afirmar que:

$$x(t) = x_0 e^{\int_0^t a(s)d(s)} > 0$$

Como, $x_0 > 0$, veamos que $S(t) > 0$, $\forall t \geqslant 0$ con $S_0 > 0$. De (1) obtenemos:

$$S'(t) = a(t)S(t) \tag{2.3}$$

Por otro lado $S(t) > 0, \forall t \in [0,T]$, veamos que $I(t) > 0, \forall t \in [0,T]$ con $I_0 > 0$. De (2) tenemos que:

$$I'(t) = a(t)I(t) \tag{2.4}$$

con $a(t) = \alpha S(t) - \beta$ continua en $[0,T]$; además $S(t) > 0, \forall t \in [0,T]$.

Ahora veamos que $R(t) > 0, \forall t \in [0,T]$: Como $R(t) \geqslant 0$ y $\dfrac{dR}{dt} = \beta I > 0$, $\beta > 0$, por hipótesis tenemos $I(t) > 0, \forall t \in [0,T]$, esto implica que $R(t)$ es estríctamente creciente. Por lo que podemos concluir que $R(t) > 0, \forall t \in [0,T]$.

Como $S(t) + I(t) + R(t) = N$ y $S(t), I(t), R(t) > 0 \, \forall t \in [0,T]$, concluimos que

$$S(t), I(t), R(t) < N, \ \forall t \in [0,T].$$

Por lo tanto, las soluciones estan acotadas en $[0,T]$, además la misma propiedad se cumple $\forall t \geqslant 0$.

$$0 < S(t) < N, \quad \forall t > 0 \tag{8}$$

$$0 < I(t) < N, \quad \forall t > 0 \tag{9}$$

$$0 < R(t) < N, \quad \forall t > 0 \tag{10}$$

Por otro lado, de(8), (9) y (1) tenemos

$$\frac{dS}{dt} < 0$$

entonces $S(t)$ es estríctamente decreciente $\forall t > 0$, luego $0 < S(t) < S_0 < N$.
Por (8) y (3),

$$\frac{dR}{dt} > 0$$

entonces $R(t)$ es estríctamente creciente $\forall t > 0$ entonces $0 < R_0 < R(t) < N$.

A continuación demostraremos detalladamente que, $S(t), I(t)$ y $R(t)$ tienen limite. En efecto:

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

donde

$$S_\infty = \inf_{t\in[0,\infty)} S(t)$$

dicho infimo existe porque S está acotada inferiormente en $[0, +\infty)$. Por la definición de infimo, tenemos

$$\forall \epsilon > 0, \exists\, \hat{t} > 0 : S_\infty \leq S(\hat{t}) \leq S_\infty + \epsilon$$

Como $S(t)$ es decreciente

$$\forall t > \hat{t}, S_\infty \leq S(t) \leq S(\hat{t}) \leq S_\infty + \epsilon \tag{11}$$

restando S_∞ a la ecuación (11), obtenemos que :

$$\forall \epsilon > 0, \exists \hat{t} > 0 : 0 \leq \mid S(t) - S_\infty \mid \leq \epsilon,\ \forall t > \hat{t} \Rightarrow \lim_{t\to\infty} S(t) = S_\infty$$

Veamos que:

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

donde

$$R_\infty = \sup_{t\in[0,\infty)} R(t)$$

dicho supremo existe, puesto que R es acotada superiormente en $[0, +\infty)$. Por definición de supremo, se tiene

$$\forall \epsilon > 0, \exists \hat{t} > 0 : R_\infty - \epsilon \leq R(\hat{t}) \leq R_\infty$$

Como $R(t)$ es creciente:

$$\forall t > \hat{t},\ R_\infty - \epsilon \leq R(\hat{t}) \leq R(t) \leq R_\infty \tag{12}$$

restando R_∞ a la ecuación (12), obtenemos que :

$$\forall \epsilon > 0, \exists \hat{t} > 0 :\ -\epsilon \leq R(t) - R_\infty \leq 0\ \Rightarrow \mid R(t) - R_\infty \mid \leq \epsilon,\ \ \forall t > \hat{t}.$$

Finalmente veamos que $I(t)$ también tiene un limite I_∞ cuando $t \to +\infty$, y además $I_\infty = 0$. Sabemos que $S(t) + I(t) + R(t) = N$ luego, $I(t) = N - S(t) - R(t)$; ahora

$$\lim_{t\to\infty} I(t) = \lim_{t\to\infty} N - S(t) - R(t) = N - S_\infty - R_\infty$$

entonces:

$$I_\infty = N - S_\infty - R_\infty.$$

Por demostrar que $I_\infty = 0$

$$\lim_{t\to\infty} I(t) = 0 \Longleftrightarrow \lim_{t\to\infty} R'(t) = 0 \text{ ya que } R'(t) = \beta I(t)$$

Por la reducción al absurdo, supongamos que:

$$\lim_{t\to\infty} I(t) = I_\infty \text{ con } I_\infty \in (0, N] \tag{14}$$

Entonces:

$$\lim_{t\to\infty} R'(t) = \lim_{t\to\infty} \beta I_\infty \Longrightarrow \forall \epsilon > 0, \exists \hat{t} > 0 : \mid R'(t) - \beta I_\infty \mid < \epsilon,\ \ \forall t > \hat{t}$$

Tomando: $\epsilon = \frac{\beta I_\infty}{2}$

$$-\frac{\beta I_\infty}{2} < R'(t) - \beta I_\infty < \frac{\beta I_\infty}{2}\, \forall t > \hat{t} \Rightarrow R'(t) > \frac{\beta I_\infty}{2}, \forall t > \hat{t}$$

Integrando, tenemos

$$\forall t > \hat{t},\ R(t) > \frac{\beta I_\infty}{2} t + k;\ k \text{ constante.}$$

cuando $t \to +\infty$, entonces $R(t) \to +\infty$. Lo cual contradice el hecho de que $R(t)$ está acotada, luego podemos concluir que

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

A continuación analizaremos las condiciones iniciales que se tienen que dar para que se produzca o no una epidemia. Estudiaremos el modelo SIR en el plano $S - I$ como (1) y (2) no dependen de R podemos considerar solo el sistema de ecuaciones dado por (2) y (3) ya que una vez conocidos $S(t)$ e $I(t)$, podemos calcular

$$R(t) = N - S(t) - I(t).$$

Las orbitas del sistema (1)- (2) son curvas integrales de la EDO de primer orden:

$$\frac{dI}{dS} = \frac{\frac{dI}{dt}}{\frac{dS}{dt}} = \frac{\alpha SI - \beta I}{-\alpha SI} = -1 + \frac{\beta}{\alpha S} \tag{15}$$

integrando en (15), obtenemos

$$I(S) = \int (-1 + \frac{\beta}{\alpha S})dS = -S + \frac{\beta}{\alpha}\ln S + C$$

$$I(S) = -S + \frac{\beta}{\alpha}\ln S + C \tag{2.5}$$

con $C \in \mathbb{R}$, para $t = 0$

$$I_0 = -S_0 + \frac{\beta}{\alpha}\ln S_0 + C \tag{16}$$

Despejando C obtenemos:

$$C = I_0 + S_0 - \frac{\beta}{\alpha}\ln S_0 \tag{2.6}$$

Ahora remplazemos el valor de C de (2.6) en (2.5) y obtenemos :

$$I(S) = -S + \frac{\beta}{\alpha}\ln S + I_0 + S_0 - \frac{\beta}{\alpha}\ln S_0$$

$$I(S) = I_0 + S_0 - S + \frac{\beta}{\alpha}\ln S - \frac{\beta}{\alpha}\ln S_0$$

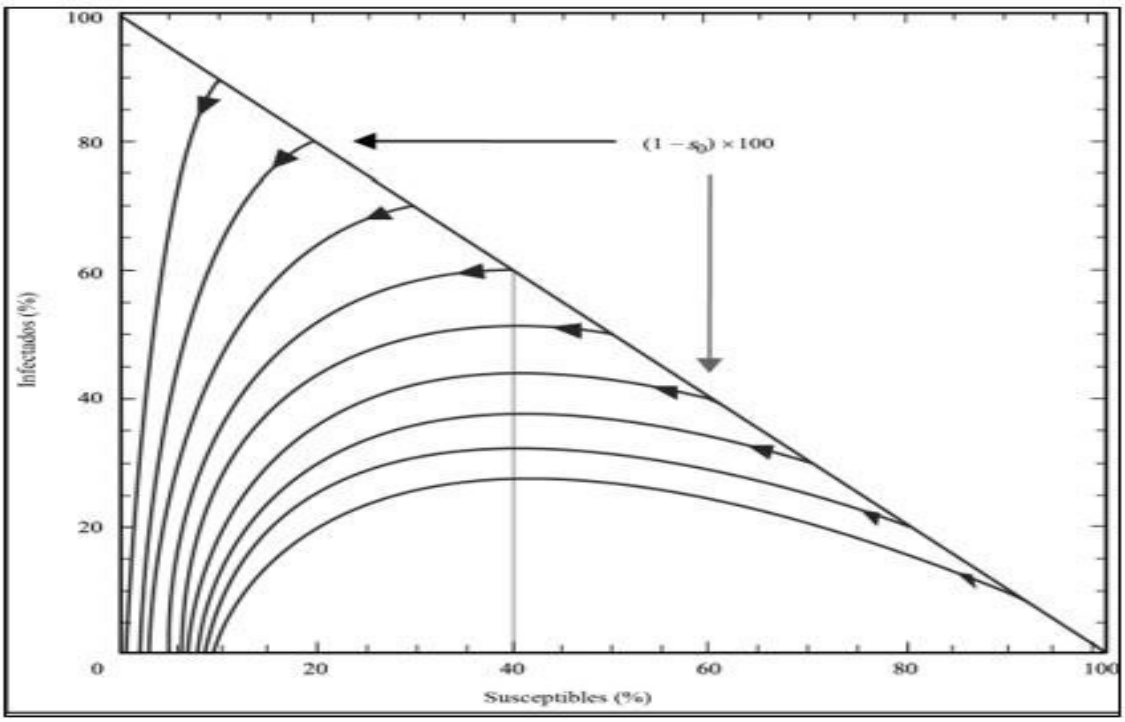
Realizando el siguiente cambio $r = \frac{\beta}{\alpha}$

$$I(S) = I_0 + S_0 - S + r\ln\frac{S}{S_0} \tag{18}$$

donde S_0, I_0 son suceptibles e infectados en el instante $t = 0$ y $r = \frac{\beta}{\alpha}$. Como $S(t)$ es estríctamente decreciente, conforme t tiende de cero a infinito, el punto $(S(t), I(t))$ se mueve a lo largo de la curva (18) en la dirección en la que S decrece.

Con las condiciones iniciales I_0 y S_0 se satisface $S_0 + I_0 = N$, ya que $R(0) = 0$, por eso, para $0 \leq S + I \leq N$, $t > 0$ de donde obtenemos la recta $N = S + I$, que se observa

en la figura (2.1). Dicha figura representa las trayectorias en el plano fase dependiendo de las diferencias de valores iniciales, que permiten visualizar el comportamiento de las ecuaciones (1), (2) y (3) como se quería obtener. En la figura, se puede observar que la línea vertical separa las curvas de tipo epidemias (el lado derecho) de las no epidémicas (lado izquierdo)Ver: Galindo Uribarri(2013).



Fuente: La matemática de las epidemias. Galindo Urribarri pág. 241

Figura (2.1) **Trayectoria del Plano Fase (S,I)**.

Para determinar el número máximo de infectados en el tiempo, en (18) derivamos I respecto de S

$$I'(S) = -1 + \frac{r}{S}.$$

El punto crítico se alcanza en $S = r$ dado que

$$I'(S) = -1 + \frac{r}{S} = 0 \Leftrightarrow \ S = r$$

Siendo $I'(S) = -1 + \frac{r}{S} > 0$ para $S < r$ y $I'(S) = -1 + \frac{r}{S} < 0$, para $S > r$ lo que implica que el número máximo de infectados a un cierto tiempo t si conocemos el número inicial de individuos suceptibles S_0 y el parámetro $S = r$, se alcanza cuando se verifica que $S = r$.

Analizaremos el número máximo de la función $I(S)$, este se alcanza en $S = r$, es interesante determinar cual será efectivamente el número máximo de personas infectadas. El número máximo de infectados se alcanza cuando $S = r$, en dicho punto $I' = 0$, $I \neq 0$ y hay cambio en el sentido del crecimiento de izquierda y derecha de r. Reemplazaremos $S = r$ en la ecuación (18).

$$I_{max} = (I_0 + S_0) - r + r \ln \frac{r}{S_0} \tag{2.7}$$

$$\boxed{I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}}$$

con $N = S_0 + I_0$.

Las epidemias tienden a desarrollarse rapidamente cuando la densidad de susceptibles es alta, como es el caso de la sobrepoblación, y si la tasa de retiro β, es baja por ejemplo podemos considerar que el tratamiento médico es insuficiente.

Buscamos el número total de susceptibles que terminaran siendo contagiados; de (1) y (3) del sistema EDOs con $S \neq 0$, $I \neq 0$ y dividiendo las ecuaciones (1) y (3), obtenemos lo siguiente:

$$\frac{dS}{dR} = \frac{\frac{dS}{dt}}{\frac{dR}{dt}} = \frac{-\alpha SI}{\beta I} = \frac{-\alpha S}{\beta} \tag{19}$$

Resolviendo la EDO (18) obtenemos, $\ln S = -\frac{\alpha}{\beta} R + c$, por lo que $S = S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta} R}$, es decir:

$$\boxed{S = S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta} R}} \tag{20}$$

Si llamamos $I(\infty)$ a $\lim_{t \to \infty} I(t) = 0$ y tomando en cuenta que podemos calcular $R(t)$, despejandola de $N = S(t) + I(t) + R(t)$, entonces $R(t) = N - S(t) - I(t)$, realizaremos el análisis para un $t \to \infty$, por lo que $R(\infty) = N - S(\infty)$. Concluimos que $S(\infty)$ es igual a :

$$S(\infty) = S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta} R(\infty)} = S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta}(N - S(\infty))}$$

$$S(\infty) = S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta}(N - S(\infty))} \tag{21}$$

de donde se obtiene, el número total de susceptibles que adquieren la infección, y está dado por:

$$\boxed{I_{total} = I_0 + S_0 - S(\infty)} \tag{22}$$

donde $S(\infty)$ es la solución de la ecuación (21).

Buscamos el número de personas recuperadas $R(t)$ por unidad de tiempo, es decir, $\frac{dR}{dt}$ se puede obtener a partir de la ecuación (3) del sistema de ecuaciones diferenciales, así como de la ecuación (20) y del hecho de que $N = I(t) + S(t) + R(t)$ despejando en función de $I(t)$ obtenemos lo siguiente $I(t) = N - S(t) - R(t)$ y reemplazamos en (4):

$$\frac{dR}{dt} = \beta I = \beta(N - R(t) - S(t)) = \beta(N - R(t) - S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta}R})$$

Así, tenemos que

$$\boxed{\frac{dR}{dt} = \beta I = \beta(N - R(t) - S_0 e^{-\frac{\alpha}{\beta}R}),\ R(0) = 0} \tag{23}$$

Retornando al Modelo SIR, podemos afirmar que el modelo SIR sin demografía, es una ampliación de los modelos del tipo SI y del tipo SIS, con la caracteristica escencial, que los individuos que salen de la clase de infectados pasan a la clase de los recuperados (R), es decir no pueden ser infectados otra vez, son considerados inmunes, muertos debido a la enfermedad, o aislados por cuarentenas u otros hasta que alcancen la inmunidad permanente deseada.

Desde el punto de vista del análisis cualitativo, el modelo SIR no presenta una solución analítica explícita, tomando vital importancia el estudio cualitativo del sistema o tomar un auxilio mediante algún software de comptación científica para obtener simulaciones numéricas; en el año 2014 Harko, probó que el modelo SIR presenta una solución paramétrica.

3 Problema Principal

Aplicaciones Reales del Modelo SIR

El objetivo del modelo SIR planteado en el capitulo anterior es brindar una herrramienta eficaz para vaticinar eventos futuros. Bajo ciertas condiciones, estos modelos se ajustan muy bien a las circunstancias que en el momento se presentan en intervalos pequeños de tiempo.

3.1. Modelado y Propagación del COVID-19 sin Demografia

Consideramos $s(t)$, $i(t)$ y $r(t)$ a las variables respecto al tiempo que representan el número de integrantes de la población, la cual es cerrada, por lo que

$$N = s(t) + i(t) + r(t).$$

Consideramos lo siguiente:

$$\frac{ds}{dt} = -\alpha \cdot s(t) \cdot \tfrac{i(t)}{N} \tag{1}$$

$$\frac{di}{dt} = \alpha \cdot s(t) \cdot \tfrac{i(t)}{N} - \beta \cdot i(t) \tag{2}$$

$$\frac{dr}{dt} = \beta \cdot i(t) \tag{3}$$

1) Se considera que todos los individuos son susceptibles y, tienen las mismas probabilidades de contagiarse.

2) Una sola infección puede ocasionar un proceso infeccioso en otro individuo cercano, de allí la importancia del número básico de reproducción $R_0 = \frac{\alpha}{\beta}$, el cual se define como el número medio de infecciones secundarias que ocurren cuando un individuo infeccioso es introducido en una población susceptible.

En otras palabras R_0 nos indica la cantidad de individuos que van a infectar directamente el paciente cero.

3) El proceso infeccioso sólo terminará con la inmunidad o recuperación.

4) La tasa de contagio, está dada por

$$c(t) = \alpha \frac{i(t)}{N},\ \alpha > 0$$

.

5) La razón de cambio de susceptible a infectado es directamente proporcional a la tasa de contagio y al número de susceptibles, es decir $\alpha s(t)\frac{i(t)}{N}$, con $\alpha > 0$ que es conocida, como la velocidad de infección o velocidad de contacto. El número de susceptibles disminuye con su misma tasa.

6) El número de susceptibles $s(t)$ al transcurrir un tiempo $\triangle t$ está dado por:

$$s(t + \triangle t) = s(t) - \alpha \cdot s(t) \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot \triangle t \tag{3.1}$$

Demostración 1)

De la ecuación (3.1) tenemos:

$$s(t + \triangle t) - s(t) = -\alpha \cdot s(t) \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot \triangle t \tag{3.2}$$

como,

$$\triangle s = s(t + \triangle t) - s(t) \tag{3.3}$$

de (3.3) y la ecuación (3.2), resulta

$$\triangle s = s(t + \triangle t) - s(t) = -\alpha \cdot s(t) \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot \triangle t \tag{3.4}$$

al dividir (3.4) por $\triangle t$, obtenemos

$$\frac{\triangle s}{\triangle t} = \frac{s(t + \triangle t) - s(t)}{\triangle t} = -\alpha \cdot s(t) \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot \frac{\triangle t}{\triangle t} \tag{3.5}$$

haciendo tender t a 0, resulta

$$\lim_{t \to 0}(\frac{\triangle s}{\triangle t}) = \lim_{t \to 0}(\frac{s(t + \triangle t) - s(t)}{\triangle t})$$

de donde, tenemos que

$$\frac{ds}{dt} = -\alpha \cdot s(t) \cdot \frac{i(t)}{N}$$

■

7) Los individuos infectados padeceran de la enfermedad durante un periodo de tiempo hasta recuperarse o adquirir inmunidad. El cambio del paso de compartimiento de infectados al de recuperados esta dado por $\beta \cdot i(t)$, donde $\beta > 0$, esta definida como la tasa de recuperación.

8) El número de infectados $i(t)$ al transcurrir un tiempo $\triangle t$ está dado por:

$$i(t + \triangle t) = i(t) + \alpha \frac{i(t)}{N} s(t) \triangle t - \beta i(t) \triangle t \tag{3.6}$$

Demostración (2) :

De la ecuación (3.6) obtenemos

$$i(t + \triangle t) - i(t) = \alpha \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot s(t) \cdot \triangle t - \beta \cdot i(t) \cdot \triangle t \tag{3.7}$$

como,

$$\triangle i = i(t + \triangle t) - i(t) \tag{3.8}$$

de (3.8) y la ecuación (3.7)

$$\triangle i = i(t + \triangle t) - i(t) = \alpha \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot s(t) \cdot \triangle t - \beta \cdot i(t) \cdot \triangle t \tag{3.9}$$

al dividir (3.9)por $\triangle t$, se tiene

$$\frac{\triangle i}{\triangle t} = \frac{i(t + \triangle t) - i(t)}{\triangle t} = \alpha \cdot \frac{i(t)}{N} \cdot s(t) \cdot \frac{\triangle t}{\triangle t} - \beta \cdot i(t) \cdot \frac{\triangle t}{\triangle t} \tag{3.10}$$

Tomando limite cuando $t \to 0$, tenemos

$$\lim_{t \to 0}(\frac{\triangle i}{\triangle t}) = \lim_{t \to 0}(\frac{i(t + \triangle t) - i(t)}{\triangle t})$$

de donde

$$\frac{di}{dt} = \alpha \cdot s(t) \cdot \tfrac{i(t)}{N} - \beta \cdot i(t)$$

■

9) El número de recuperados $r(t)$ al transcurrir un tiempo $\triangle t$ está dado por

$$r(t + \triangle t) = r(t) - \beta \cdot i(t) \cdot s(t) \cdot \triangle t \tag{3.11}$$

Demostración (3) :

De la ecuación (3.11) obtenemos

$$r(t+\triangle t) - r(t) = \beta \cdot i(t) \cdot s(t) \cdot \triangle t \tag{3.12}$$

como,

$$\triangle r = r(t+\triangle t) - r(t) \tag{3.13}$$

de (3.13) y la ecuación (3.12)

$$\triangle r = r(t+\triangle t) - r(t) = \beta \cdot i(t) \cdot s(t) \cdot \triangle t \tag{3.14}$$

al dividir (3.14) por $\triangle t$, obtenemos

$$\frac{\triangle r}{\triangle t} = \frac{r(t+\triangle t) - r(t)}{\triangle t} = -\alpha \cdot r(t) \cdot \frac{I(t)}{N} \cdot \frac{\triangle t}{\triangle t} \tag{3.15}$$

Tomando limite cuando $t \to 0$

$$\lim_{t\to 0}(\frac{\triangle r}{\triangle t}) = \lim_{t\to 0}(\frac{r(t+\triangle t) - r(t)}{\triangle t})$$

de donde , obtenemos:

$$\frac{dr}{dt} = \beta \cdot i(t)$$

■

Por lo tanto, el modelo descrito es expresado por el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\frac{ds}{dt} = -\alpha \cdot s(t) \cdot \tfrac{i(t)}{N} \tag{1}$$
$$\frac{di}{dt} = \alpha \cdot s(t) \cdot \tfrac{i(t)}{N} - \beta \cdot i(t) \tag{2}$$
$$\frac{dr}{dt} = \beta \cdot i(t) \tag{3}$$

donde la tasa de infección está dada por $\alpha > 0$ y la tasa de recuperación por $\beta > 0$, además

$$S(t) = \tfrac{s(t)}{N}, \qquad I(t) = \tfrac{i(t)}{N}, \qquad R(t) = \tfrac{r(t)}{N}$$

Derivando cada ecuación respecto de t en ambos miembros y reemplazando en las ecuaciones (1),(2) y (3) obtenemos lo siguiente:

$$S'(t) = \frac{dS}{dt} = \frac{1}{N} \cdot \frac{ds}{dt} = -\alpha \cdot S(t) \cdot I(t) \tag{3.16}$$

$$I'(t) = \frac{dI}{dt} = \frac{1}{N} \cdot \frac{di}{dt} = -\alpha \cdot S(t) \cdot I(t) - \beta \cdot i(t) \tag{3.17}$$

$$R'(t) = \frac{dR}{dt} = \frac{1}{N} \cdot \frac{dr}{dt} = \beta \cdot i(t) \tag{3.18}$$

En el mundo científico y del modelamiento matemático (médicos, biólogos, matemáticos, etc), el parámetro β del modelo cuenta con mucha aceptación, mientras que α no tiene la misma aceptación, pues es muy cambiante durante la epidemia, debido a medidas de contención sanitaria (cuarentenas, cercos, vacunas, etc) que se puedan aplicar.

El valor de R_0 cobra mucha atención, pues es de gran importancia en el estudio de la epidemiología, pues en pocas palabras, nos indica si la infección crecerá, va a desaparecer o no se producirá epidemia.

- Si $R_0 > 1$, se producirá un brote epidémico
- Si $R_0 < 1$, la enfermedad desaparecerá
- Si $R_0 = 1$, no se producirá epidemia.

Con estas conclusiones, se obtiene un resultado importante, llamado **Teorema Umbral para el modelo SIR**.

A continuación presentaremos las Aplicaciones Reales del Modelo SIR.

1) La Epidemia de la Influenza tipo C, Londres (Inglaterra), 1978.

2) El Virus A(H1N1), La Gloria, Veracruz(México) 2009.

3) Epidemia del Covid-19 Ciudad Autónoma de Buenos Aires, Argentina 2020.

3.2. Epidemia de Influenza tipo C, Londres (Inglaterra), 1978.

Una de las enfermedades más comunes que existe es la influenza de tipo C o resfriado común. Por lo general se trata de una enfermedad no letal y, tiene un periodo de tiempo promedio de 3 a 6 días, durante ese tiempo es removida por el sistema inmunológico humano, pero se trata de una enfermedad altamente virulenta y similar al sarampión. En enero de 1978, la revista inglesa "The Lancet", publicó la existencia de una epidemia de influenza en un internado estudiantil masculino de Londres, donde 763 estudiantes de edades entre 10 y 18 años, fueron los afectados, 30 de ellos tenían entrada y salida libre.

Todo inició al llegar un estudiante desde Hong Kong presentó fiebre del 15 al 18 de enero y cuatro días después, tres internos ya estaban contagiados. La propagación fue tan rápida y afectó a 512 personas del internado y solo una persona adulta presentó síntomas.

Al inicio los síntomas de fatiga y cansancio afectó a la mayoría de los infectados, luego fue el dolor de cabeza e irritación en la garganta, la temperatura corporal osciló entre $38^{\underline{o}}$C y 39 °C, finalizando el 04 de febrero del mismo año, al parecer el nuevo estudiante llegado de Hong Kong, que tenía la enfermedad, transmitió el fuerte virus por todo el internado en un tiempo muy corto. Con estos antecedentes, podemos afirmar que esta epidemia cumple con los requerimientos asumidos por el Modelo SIR.

Escenario 1: La tasa de transmisión $\alpha = 0.00218$, la tasa de recuperación $\beta = 0.44036$, la tasa de reproducción $R_0 = 0.0049$. El valor de $N = 763$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

Tenemos el siguiente comportamiento de la epidemia de Tipo C, con $N = 763$, en la **figura** (4.1) se denotan las trayectorias, tenemos que la curva verde son de los susceptibles, la roja de los infectados y la azul de los recuperados. Es importante mencionar que en este caso los removidos no son decesos, sino más bien jóvenes que se curaron

o que fueron aislados del campo de acción de la enfermedad, particularmente los que guardaron reposo en cama pasaban a ser removidos. Esta gráfica nos permite hacer conclusiones muy significativas, empecemos mencionando la buena aproximación que ofrece el modelo respecto a los datos reales y resaltar que el Modelo SIR es adaptable a una situación real y determinar ciertos datos que predecirá el modelo. Sea cual sea el tipo de problema al cual nos enfrentamos, vemos que este es un instrumento eficiente para predecir o inferir resultados importantes en la vida práctica.

3.3. El virus A(H1N1), La Gloria, Veracruz(Mexico) 2009.

El Sistema Nacional de Notificación y Vigilancia Epidemiológica de México, el 18 de marzo de 2009, reportó un acelerado incremento en el número de infecciones respiratorias causadas por diversos agentes virales. Se comunicó y alertó a todo México sobre dichas infecciones con la finalidad de que se avisen oportunamente la aparición de casos nuevos. La Organización Panamericana de la Salud, el 12 de abril fue comunicada por la Secretaría de Salud, sobre el incremento extraño e inusual en el número de infecciones respiratorias agudas. Ese mismo día, informaron que una mujer de 39 años ingresó al Hospital y debido a una neumonía grave, falleció al día siguiente.

Estudio de laboratorio alertaban la presencia de una infección respiratoria del tipo coronavirus, y el 16 de abril se decretó la alerta epidemiológica. El 20 de abril, el Centro de Prevención y Control de Enfermedades (cdc) de Estados Unidos de América informó, que se ha propagado el virus de influenza del tipo AH1N1 y que este tiene un componente porcino.

El 11 de abril en el estado mexicano de Veracruz, fueron detectados los primeros casos de influenza en México. Al mes se extendió por varios estados de México, Estados Unidos y Canadá y luego apareció el virus en otras zonas del mundo a causa de pacientes que viajaron desde México. El estudio que mostramos aquí, es el sucedido en el poblado La Gloria, Veracruz, México.

A inicios de marzo, una gripe que derivaba en muchos casos en problemas respiratorios afectó por lo menos a los tres quintos de la población de La Gloria, Veracruz, México. La Gloria está localizada cerca de una granja de cerdos, esta granja tiene aproximadamente una población anual de un millón de cerdos. El propietario de la granja manifestó, no haber, encontrado signos clínicos o síntomas de presencia de la gripe porcina en sus cerdos y menos en sus empleados, aseveró que su compañía vacuna a su piara oportunamente contra dicho virus, mensualmente se realizan análisis para detectar la presencia de la gripe porcina.

Los investigadores de la UNAM se concluyeron que La Gloria fue el lugar del origen del virus, en ese año la población aproximada era de 2100 habitantes y se encuentra aproximadamente a 2460 msnm, las bajas temperaturas que se presentaron en la mencionada época del año contribuyeron a la expansión de la epidemia. Los investigadores de la UNAM aplicaron el modelo SIR.

Los modelos matemáticos, estadísticos y el análisis de los datos presentes, fueron de gran ayuda para los investigadores, que llegaron a la conclusión siguiente: Realmente, los supuestos efectos de la epidemia eran producto del miedo injustificado y el periodismo sensacionalista de los medios de comunicación.

En la **figura (4.2)**, representamos de color verde, a la trayectoria que representa la cantidad de Susceptibles $S(t)$, con rojo la trayectoria que representa los infectados $I(t)$ y azul la trayectoria de la cantidad de Recuperados $R(t)$. El objetivo fundamental de los investigadores de la UNAM, fue determinar la cantidad máxima del infectados para un tiempo t, de tal manera que esta simulación coincide con los datos reales de los investigadores de la UNAM.

Escenario 2: La tasa de transmisión $\alpha = 0.0009625$, la tasa de recuperación $\beta = 0.25$, la tasa de reproducción $R_0 = 0.00385$. El valor de $N = 2100$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

3.4. Epidemia del COVID-19 en la ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), Argentina 2020.

En esta primera parte de la simulación realizada en el ámbito de la Ciudad Autónoma de Buenos Aires (CABA), tenía aproximadamente de 3.0 millones de habitantes según las proyecciones del Instituto Nacional de Censos y Estadística de la República de Argentina en el año 2020. El parámetro α va cambiando según los escenarios a medida que se fue desarrollando la epidemia, atendiendo a medidas de contención sanitaria y demográficas aplicadas, como se mencionó en la simulación anterior.

Escenario 3: La tasa de transmisión $\alpha = 0.3314$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, la tasa de reproducción $R_0 = 2.32$. El valor de $N = 1000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

Escenario 4: La tasa de transmisión $\alpha = 0.357$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, la tasa de reproducción $R_0 = 2.5$. El valor de $N = 3'000,000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

Escenario 5: La tasa de transmisión $\alpha = 0.3314$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, la tasa de reproducción $R_0 = 2.32$. El valor de $N = 3'000,000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

Escenario 6: La tasa de transmisión $\alpha = 0.357$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, la tasa de reproducción $R_0 = 2.5$. El valor de $N = 1000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

Escenario 7: La tasa de transmisión $\alpha = 0.2998$, la tasa de recuperación $\beta = 0.0833$, la tasa de reproducción $R_0 = 3.6$. El valor de $N = 1000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$.

En el capítulo cuatro se hará una interpretación detallada de estos escenarios presentados en este capitulo.

4 Simulación Numérica

Es de mucha utilidad, la simulación numérica sobre todo a la hora de obtener resultados teóricos, pues contribuyen en la predicción, análisis, toma de decisiones y medidas que permitan anticiparnos a los hechos de una situación modelada matemáticamente.

Para la simulación numérica del modelo planteado (SIR), utilizamos el software Matlab, con la necesidad de obtener gráficos que contribuyan en la interpretación del modelo.

- Para la **Influenza** los párametros considerados, son los tomados por Fajardo Patiño [11] siendo estos valores $\alpha = 0.00218$, $\beta = 0.44036$, $I(0) = 1$, $N = 763$, $S(0) = 762$, $R(0) = 0$, $R_0 = 0.0049 < 1$.

- Para el **virus H1N1** los párametros considerados, son los tomados por Fajardo Patiño [11] ysiendo estos valores $\alpha = 0.0009625$, $\beta = 0.25$, $I(0) = 1$, $N = 2100$, $S(0) = 2099$, $R(0) = 0$, $R_0 = 0.00385 < 1$.

- Para el **Covid-19** los párametros considerados, son los tomados por Bianco, M. J., Cruz [1] siendo estos valores $\alpha = 0.357$, $\beta = 0.14286$, $I(0) = 1$, $N = 3'000,000$, $R(0) = 0$, $R_0 = 2.5 > 1$.

- Para el **Covid-19** los párametros considerados, son los tomados por Bianco, M. J., Cruz [1] siendo estos valores $\alpha = 0.3313$, $\beta = 0.14286$, $I(0) = 1$, $N = 3'000,000$, $R(0) = 0$, $R_0 = 2.32 > 1$.

Las gráficas muestran el desarrollo poblacional de las clases Susceptibles, Infectados y Recuperados con respecto al tiempo.

- Si $R_0 > 1$, se producirá un brote epidémico. Por tanto, la población susceptible decrecerá, mientras que la población infectada deberá aumentar en número conforme al tiempo.

- Si $R_0 < 1$, la enfermedad desaparecerá. Pensaremos entonces que la clase susceptible no decrecerá tanto, y que la clase infectada tenderá a decrecer.

Para realizar estas simulaciones se utilizó el programa MATLAB y el Método de Runge-Kutta este método es muy utilizado en métodos numéricos iterativos, usados para la solución de ecuaciones diferenciales ordinarias.

```
clear,clc
syms t s i r

alfa=input('Ingrese alfa: ');
beta=input('Ingrese beta: ');
N=input('Ingrese el tamaño de la población N: ');

fun1=-alfa*s*i/N;    %Paso 1
fun2=alfa*s*i/N-beta*i;  %Paso 2
fun3=beta*i;  %Paso 3
a=0;  %Paso 4
b=120; %Paso 5
%N=1000; %Paso 6
h=1; %Paso 7
r0=0; % Paso 8
i0=1; %Paso 9
s0=N-i0; %Paso 10
M=(b-a)/h;  %Paso 11
T(1)=a;  %Paso 12
I(1)=i0; %Paso 13
S(1)=s0; %Paso 14
R(1)=r0; %Paso 15
f1=inline(fun1,'t','s','i','r');
f2=inline(fun2,'t','s','i','r');
f3=inline(fun3,'t','s','i','r');
```

```
disp('   it          T            S             I             R')   %Paso 16
fprintf('\n %3d   %10.3f   %10.3f   %10.3f   %10.3f\n',0,T(1), S(1), I(1),R(1)) ;
for j=1:M  % Paso 18
    k1=h*f1(T(j),S(j),I(j),R(j));   %Paso 19
    n1=h*f2(T(j),S(j),I(j),R(j));   %Paso 20
    m1=h*f3(T(j),S(j),I(j),R(j));  %Paso 21

    k2=h*f1(T(j)+h/2,S(j)+k1/2,I(j)+n1/2,R(j)+m1/2);   %Paso 22
    n2=h*f2(T(j)+h/2,S(j)+k1/2,I(j)+n1/2,R(j)+m1/2);   %Paso 23
    m2=h*f3(T(j)+h/2,S(j)+k1/2,I(j)+n1/2,R(j)+m1/2);  %Paso 24

    k3=h*f1(T(j)+h/2,S(j)+k2/2,I(j)+n2/2,R(j)+m2/2);    %Paso 25
    n3=h*f2(T(j)+h/2,S(j)+k2/2,I(j)+n2/2,R(j)+m2/2);    %Paso 26
    m3=h*f3(T(j)+h/2,S(j)+k2/2,I(j)+n2/2,R(j)+m2/2);   %Paso 27

    k4=h*f1(T(j)+h,S(j)+k3,I(j)+n3,R(j)+m3);    %Paso 28
    n4=h*f2(T(j)+h,S(j)+k3,I(j)+n3,R(j)+m3);    %Paso 29
    m4=h*f3(T(j)+h,S(j)+k3,I(j)+n3,R(j)+m3);    %Paso 30

    S(j+1)=S(j)+(1/6)*(k1+2*k2+2*k3+k4);       %Paso 31
    I(j+1)=I(j)+(1/6)*(n1+2*n2+2*n3+n4);         %Paso 32
    R(j+1)=R(j)+(1/6)*(m1+2*m2+2*m3+m4);    %Paso 33


    T(j+1)=a+j*h;
    fprintf(' %3d   %10.3f   %10.3f   %10.3f   %10.3f\n',j,T(j+1), S(j+1), I(j+1),R(j+1)) ;
end
    figure(gcf)

    plot(T,S,'g',T,I,'--r',T,R,'.-b','Linewidth',2); hold on;
    %plot(T,S,'g','Linewidth',2); hold on;
    xlabel('Tiempo (días)','fontsize',12,'FontWeight','bold')
    ylabel('Número de personas (N)','fontsize',12,'FontWeight','bold');
    %Propiedades de los ejes
    set(gca,'linew',1.5,'fontsize',12,'FontWeight','bold')

    text(T(15)+1,S(15),'Suceptibles','fontsize',12,'FontWeight','bold');
    text(T(50)+1,I(50), 'Infectados','fontsize',12,'FontWeight','bold');
    text(T(50)+1,R(50),'Recuperados','fontsize',12,'FontWeight','bold');
```

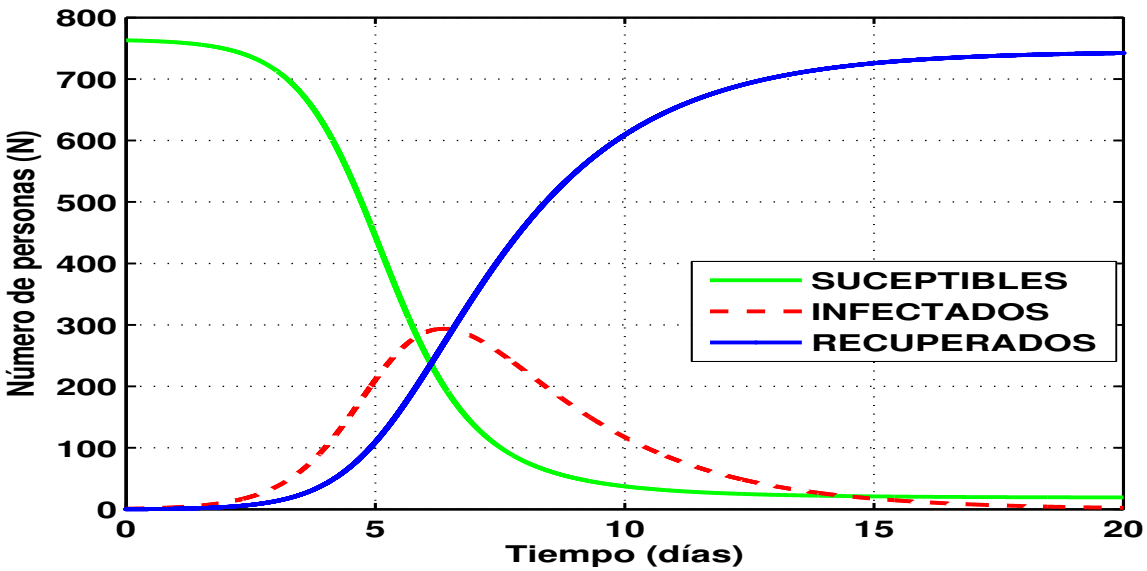
Ahora mostramos las simulaciones de siete escenarios posibles, variando las tasas de contagio para luego realizar su respectiva interpretación.

En un **primer escenario** para el caso de la Epidemia Influenza **figura** (4.1) Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.00218$, la tasa de recuperación $\beta = 0.44036$, la tasa básica de reproducción $R_0 = 0.0049$. El valor de $N = 763$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los de los individuos infectados se produce al sexto día que registra un total aproximado de 292 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$
$$I_{max} = 763 - 202 + 202 \ln \frac{202}{762}$$
$$I_{max} = 292$$

Figura 4.1:

Influenza Tipo C en el internado de Londres - Evolución de la Influenza



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.00218$, $\beta = 0.44036$, $R_0 = 0.0049$ **y** $N = 763$

Parámetros tomados del autor [11]

En un **segundo escenario** para el caso del Virus AH1N1 **figura** (4.2) Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.0009625$, la tasa de recuperación $\beta = 0.25$, a tasa básica de reproducción $R_0 = 0.00385$. El valor de $N = 2100$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los individuos infectados se produce al sexto día que registra un total aproximado de 1297 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

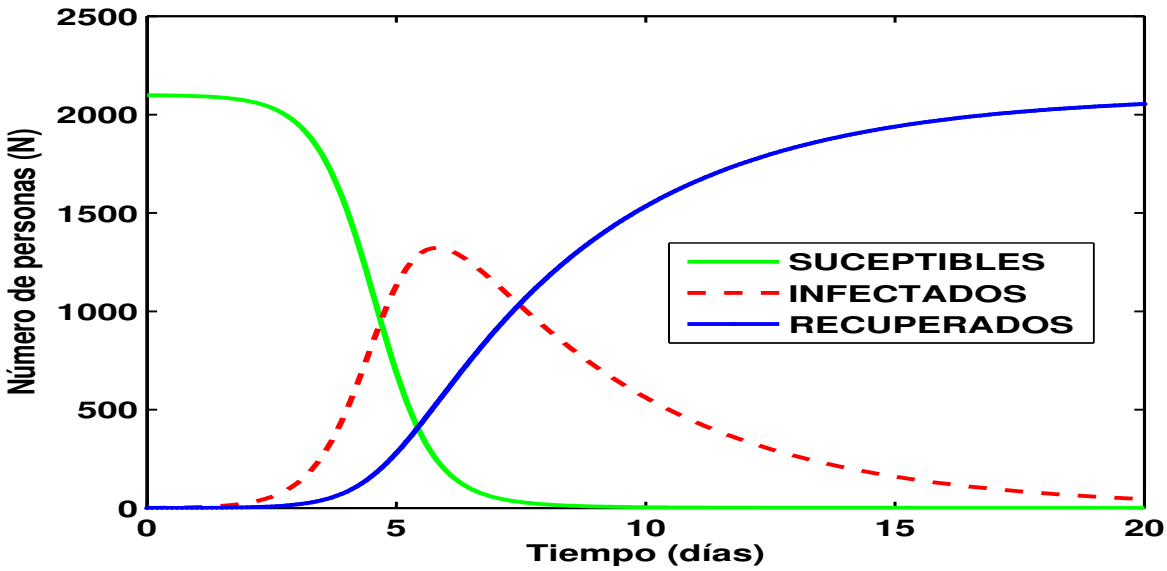
$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$

$$I_{max} = 2100 - 259.74 + 259.74 \ln \frac{259.74}{2099}$$

$$I_{max} = 1297$$

Figura 4.2:

Evolución del virus A(H1N1)



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.0009625$, $\beta = 0.25$, $R_0 = 0.00385$ **y** $N = 2100$

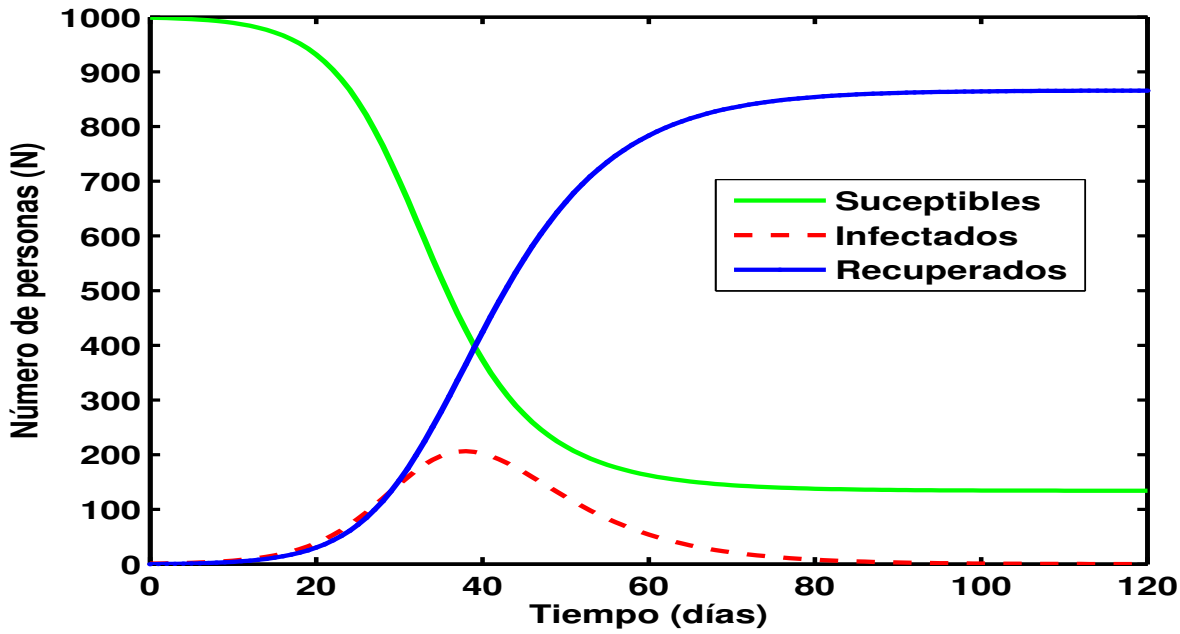
Parámetros tomados del autor [11]

En un **tercer escenario** para el caso del COVID19 **figura** (4.3) Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.3314$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, a tasa básica de reproducción $R_0 = 2.32$. El valor de $N = 1000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los individuos infectados se produce al cuarentavo día que registra un total aproximado de 206 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$
$$I_{max} = 1000 - 431.08 + 431.08 \ln \frac{431.08}{999}$$
$$I_{max} = 206$$

Figura 4.3:

Dinámica esperada del COVID-19 según los parámetros indicados



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.3314$, $\beta = 0.14286$, $R_0 = 2.32$ **y** $N = 1000$

En un **cuarto escenario** para el caso del COVID19 **figura** (4.4) Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.357$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, a tasa básica de reproducción $R_0 = 2.5$. El valor de $N = 3'000,000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los individuos infectados se produce al setenta y cinco avo día que registra un total aproximado de 699,989.817 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

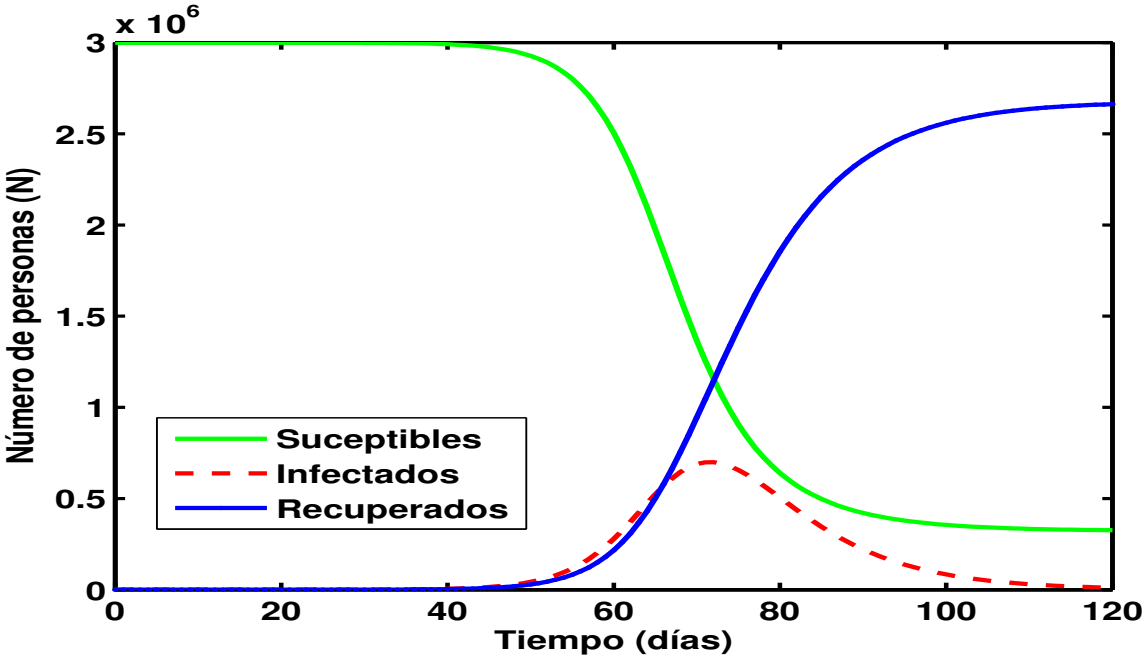
$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$

$$I_{max} = 3'000,000 - 1'200,504 + 1'200,504 \ln \frac{1'200,504}{2'999,999}$$

$$I_{max} = 699,989.817$$

Figura 4.4:

Dinámica esperada del COVID-19 según los parámetros indicados



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.357$, $\beta = 0.14286$, $R_0 = 2.5$ **y** $N = 3'000,000$

En un **quinto escenario** para el caso del COVID19 **figura** (4.5) Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.3313$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, a tasa básica de reproducción $R_0 = 2.32$. El valor de $N = 3'000,000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los individuos infectados se produce al setenta y cinco-avo día que registra un total aproximado de 619,219.690 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

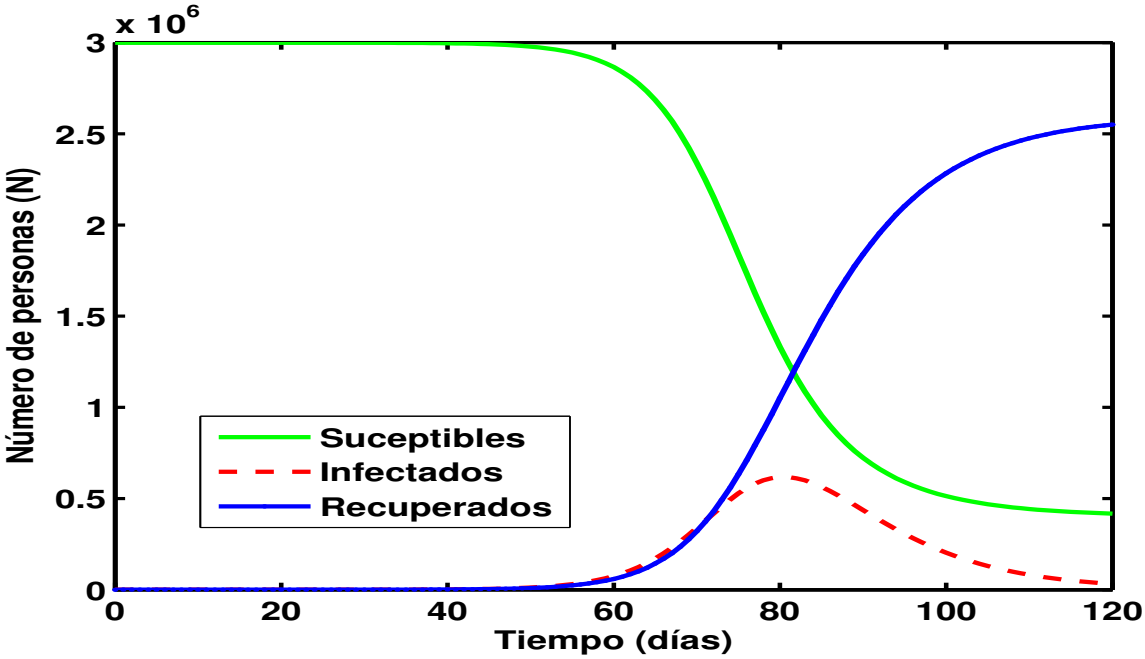
$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$

$$I_{max} = 3'000,000 - 1'293,631 + 1'293,631 \ln \frac{1'293,631}{2'999,999}$$

$$I_{max} = 619,219.690$$

Figura 4.5:

Dinámica esperada del COVID-19 según los parámetros indicados



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.3313$, $\beta = 0.14286$, $R_0 = 2.32$ **y** $N = 3'000,000$

A continuación, presentaremos un segundo escenario de simulación de evolución del COVID -19 en una región con una población no real en donde el número de infectados es de 1 persona. Asimismo, se ha supuesto una tasa de transmisión y tasa de recuperación α y β respectivamente, para una población de 1000 personas en un periodo de 120 días.

En un **sexto escenario** para el caso del COVID19 **figura** (4.6) Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.357$, la tasa de recuperación $\beta = 0.14286$, a tasa básica de reproducción $R_0 = 2.5$. El valor de $N = 1000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los individuos infectados se produce al treinta y ocho avo día que registra un total de 240 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

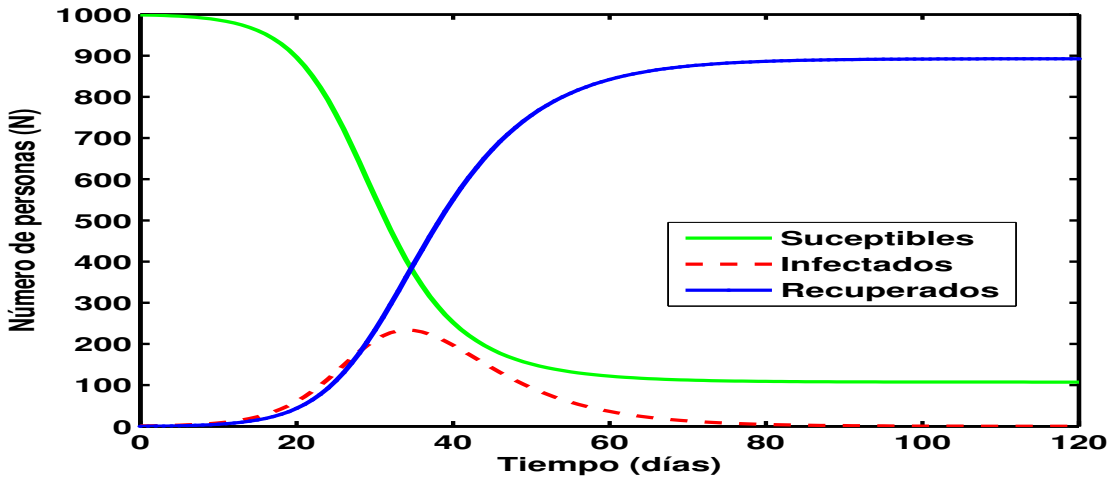
$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$

$$I_{max} = 1000 - 401.168 + 401.168 \ln \frac{401.168}{999}$$

$$I_{max} = 231$$

Figura 4.6:

Dinámica esperada del COVID19 según los parámetros indicados



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.357$, $\beta = 0.14286$, $R_0 = 2.5$ **y** $N = 1000$

En un **séptimo escenario** para el caso del COVID19 **figura** 4.7 Se trabajó con una tasa de transmisión $\alpha = 0.2998$, la tasa de recuperación $\beta = 0.0833$, a tasa básica de reproducción $R_0 = 3.6$. El valor de $N = 1000$, $S = N - I$, $I = 1$, $R = 0$, podemos indicar que los individuos susceptibles y los individuos recuperados decrecen y crecen en el transcurso del tiempo respectivamente, además el pico máximo de los individuos infectados se produce aproximadamente en el cuarentavo día que registra un total aproximado de 366 infectados, luego de esto comienza a descender hasta desaparecer en el transcurso del tiempo.

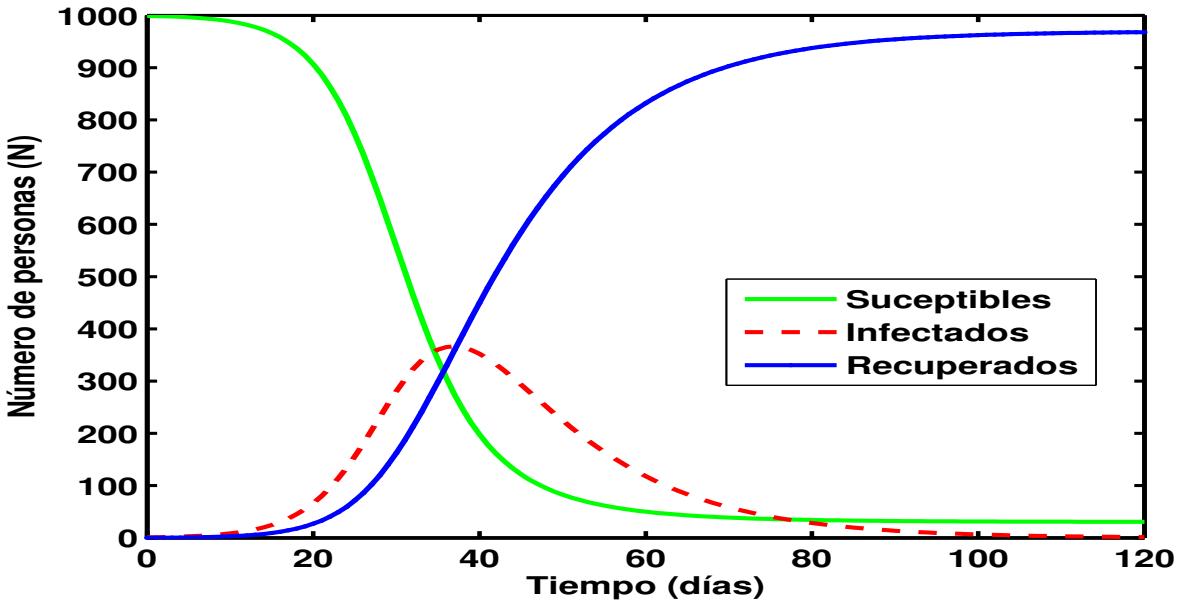
$$I_{max} = N - r + r \ln \frac{r}{S_0}$$

$$I_{max} = 1000 - 277.851 + 277.851 \ln \frac{277.851}{999}$$

$$I_{max} = 366$$

Figura 4.7:

Dinámica esperada del COVID19 según los parámetros indicados



Fuente: Elaboración Propia

$\alpha = 0.2998$, $\beta = 0.0833$, $R_0 = 3.6$ **y** $N = 1000$

5 Conclusiones

1. Los estudiosos en epidemiología consideran valioso el apoyo de las matemáticas en las predicciones que son importantes en el estudio del comportamiento del virus o una enfermedad en una determinada población, así como las consecuencias que pueda tener en el futuro. Hemos presentado un modelo del tipo SIR que describe la interacción del virus en el medio ambiente, para poder modelar la dinámica de la Influenza, AH1N1 y el COVID-19 a fin de proponer medidas oportunas para hacerle frente a la epidemia.

2. Las predicciones realizadas serían de mucha utilidad para valorar la validez de las medidas y las políticas sanitarias que sean adoptadas por las autoridades.

3. En este trabajo hicimos variaciones a los parámetros a fin de notar el impacto del modelo epidemiológico SIR, el cual fue estudiado considerando la referencia [1] para el caso del COVID-19 y el artículo [11] para el caso de la Influenza y el AH1N1.

4. Con los resultados obtenidos, nos permitimos recomendar algunas medidas de prevención, tales como: el aislamiento social, el uso de mascarillas, cercos biológicos, distanciamiento social, o el lavado de manos que toman importancia en el modelo, esto permitirá frenar el avance acelerado del virus.

Bibliografía

[1] Bianco, M. J., Cruz, P. D., Fraquelli, A. D., Gache, A. L. (2020).,"Modelo epidemiológico SIR: Una aplicación de las ecuaciones diferenciales al SARS-CoV-2 (COVID-19). Revista de Investigación en Modelos Matemáticos aplicados a la Gestión y la Economía, 7(1), "16-38.

[2] Pablo Amster, Haim.,"Revista de Educación Matemática Volumen 35, N° 2 (2020),V Unión Matemática Argentina - Famaf (UNC).".

[3] Pliego, E. C., Fraguela, A. (2011).,"Modelos epidemiológicos de enfermedades virales infecciosas."Diss., Benemérita Universidad Autónoma de Puebla.

[4] Homero Wilches Visbal, J.,Castillo Pedraza, M. C. (2020).,"Aproximación matemática del modelo epidemiológico SIR para la comprensión de las medidas de contención contra la COVID-19. Rev. esp. salud pública, ". 0-0.

[5] Uribarri, S. G., Meza, M. A. R., Cota, J. L. C. (2013).,"Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. Ciencia ergo-sum, Revista Científica Multidisciplinaria de Prospectiva, 20(3),". 238-246.

[6] Víctor Martín Barroso, "Una breve introducción al modelo sir aplicado al caso del covid-19, (2020).".

[7] M. Braun.,"Ecuaciones diferenciales y sus aplicaciones. Grupo Editorial Iberoamericana, S.A. (1990).".

[8] Rodríguez-Troncoso, J. (2020).,"Pandemia por nuevo coronavirus: El amor en tiempos del Covid19. Revista chilena de pediatría, 91(2),"177-178.

[9] Borrelli, R. L. (2002).,"Ecuaciones diferenciales: una perspectiva de modelación (No. 517.38 B6Y.)"

[10] S.Novo, R. Obaya, J. Rojo.,"Ecuaciones y sistemas diferenciales, McGraw - Hill, Madrid, (1995).".

[11] Fajardo Patiño, J. M. (2010).,"Modelos determinísticos y estocásticos SI y SIR para difusión de enfermedades contagiosas. Departamento de Matemáticas."

[12] Organización Mundial de la Salud, (3 de marzo de 2021). Cáncer. https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/cancer

[13] Lages Lima, E. (2005). Análisis Real. IMCA.

[14] Perko, L. (2000). Differential Equations and Dynamical Systems. Springer.

[15] Guedes de Figueiredo, D. y Freiria Neves, A. (2002). Equacoes Diferenciais Aplicadas. IMPA.

[16] Braun, M. (1993). Differential Equations and Their Applications. Springer.

[17] Edelstein-Keshet, L. (2005). Mathematical: Models in Biology. SIAM.

[18] Gutiérrez Ortega, R., Sánchez Soto, J., Gaona Bernal, J., Absalón Constantino, A. y Herrera Rodríguez S. (2017). El cáncer de próstata y un virus oncolítico como alternativa de tratamiento. Salud Jalisco, 192-200. https://www.medigraphic.com/pdfs/saljalisco/sj-2017/sj173g.pdf