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

Análisis de estabilidad local de la dinámica COVID-19 de un modelo SIR con tasas de transmisión no lineal

TESIS

Para optar el Título Profesional de Licenciado en Matemática

AUTOR

Javier HUAPAYA QUISPE

ASESOR

Mg. Willy David BARAHONA MARTÍNEZ

Lima, Perú

2021



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

Huapaya, J. (2021). *Análisis de estabilidad local de la dinámica COVID-19 de un modelo SIR con tasas de transmisión no lineal*. [Tesis de pregrado, Universidad Nacional Mayor de San Marcos, Facultad de Ciencias Matemáticas, Escuela Profesional de Matemática]. Repositorio institucional Cybertesis UNMSM.

Metadatos complementarios

Datos de autor	
Nombres y apellidos	Javier Huapaya Quispe
Tipo de documento de identidad	DNI
Número de documento de identidad	45491559
URL de ORCID	https://orcid.org/0000-0002-0683-2858
Datos de asesor	
Nombres y apellidos	Willy David Barahona Martínez
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	Gavino Aymituma Puma
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	08025924
Miembro del jurado 1	
Nombres y apellidos	Andrés Guardia Cayo
Tipo de documento	DNI
Número de documento de identidad	09406969
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	A.3.1.4 Matemática Aplicada

Grupo de investigación	
Agencia de financiamiento	
Ubicación geográfica de la investigación	País: Perú Departamento: Lima Provincia: Cañete Distrito: Mala Latitud: -12.655590 Longitud: -76.636360
Año o rango de años en que se realizó la investigación	2021
URL de disciplinas OCDE	Matemática Aplicada 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 MATEMÁTICA
(PROGRAMA DE TITULACIÓN PROFESIONAL 2021-I)

En la UNMSM – Ciudad Universitaria – Facultad de Ciencias Matemáticas, siendo las 20:20 horas del sábado 23 de octubre del 2021, se reunieron los docentes designados como Miembros del Jurado Evaluador (PROGRAMA DE TITULACIÓN PROFESIONAL 2021-I): Mg. Gavino Aymituma Puma (PRESIDENTE), Mg. Andrés Guardia Cayo (MIEMBRO) y el Mg. Willy David Barahona Martínez (MIEMBRO ASESOR), para la sustentación de la Tesis titulada: "**ANÁLISIS DE ESTABILIDAD LOCAL DE LA DINÁMICA COVID-19 DE UN MODELO SIR CON TASAS DE TRANSMISIÓN NO LINEAL**", presentado por el señor **Bachiller Javier Huapaya Quispe**, para optar el Título Profesional de Licenciado en Matemática.

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

Realizada la evaluación correspondiente por los Miembros del Jurado Evaluador, el expositor mereció la aprobación **sobresaliente,** con un calificativo promedio de dieciocho **(18).**

A continuación, los Miembros del Jurado Evaluador dan manifiesto que el participante **Bachiller Javier Huapaya Quispe** en vista de haber aprobado la sustentación de su Tesis, será propuesto para que se le otorgue el Título Profesional de Licenciado en Matemática.

Siendo las 20:50 horas se levantó la sesión firmando para constancia la presente Acta.

Mg. Gavino Aymituma Puma
PRESIDENTE

Mg. Andrés Guardia Cayo
MIEMBRO

Mg. Willy David Barahona Martínez
MIEMBRO ASESOR

FICHA CATALOGRÁFICA

Javier,Huapaya Quispe

Análisis de Estabilidad Local de la Dinámica COVID-19 de un Modelo SIR con Tasas de Transmisión no Lineal., (Lima) 2021
VIII.,48p.,29.7cm (UNMSM, Titulo, Matemática, 2021) Tesis, Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Facultad de Ciencias Matemáticas.
1. Matemática, UNMSM/FCM II. Título
(Series).

DEDICATORIA

Dedico este trabajo con infinito aprecio a mis padres y hermanos, por su apoyo constante, por llenar mi vida con sus valiosos consejos;además dedicarlo a la memoria de mi padrino Eloy que ahora está en la morada del Señor.

AGRADECIMIENTOS

Agradezco a Dios por guiar mis pasos día a día, ser el apoyo y fortaleza en aquellos momentos de dificultad y de debilidad.
A mis padres Matias Huapaya e Hilda Quispe quienes son mi mayor fortaleza y brindarme su apoyo incondicional.
A mis hermanos que siempre estuvieron presentes.
A mi asesor el Mg. Willy David Barahona Martínez por haber dedicado tiempo y disponibilidad orientándome con sus conocimientos y recomendaciones sobre el tema en la elaboración de mi trabajo.
A mis profesores de pregrado y estudios de posgrado de la UNMSM,en especial a la profesora Roxana y al profesor Edgar por haber dedicado tiempo orientandome con paciencia y conocimientos sobre el tema en la elaboración del presente trabajo.
A mis amigos de la universidad en especial a Alexandra, Devis, Anthony, Joe, Suzanne y José por las tertulias de conocimientos y los momentos de risas sanas.
A la Universidad Nacional Mayor de San Marcos por darme cobijo en sus aulas para poder forjarme de conocimientos y valores.

RESUMEN

Análisis de Estabilidad Local de la Dinámica COVID-19 de un Modelo SIR con Tasas de Transmisión no Lineal

Javier, Huapaya Quispe

Mayo - 2021

Asesor : Mg. Willy David, Barahona Martínez.
Título obtenido : Licenciado en Matemática.

En este trabajo de tesis, consideramos un modelo SIR modificado, implementando una población de Patógenos que interactúa con una población humana de Susceptibles, con lo cual tendremos en nuestro sistema 4 ecuaciones diferenciales ordinarias.
El objetivo de este trabajo, es analizar la estabilidad local del punto libre de enfermedad y el punto de equilibrio endémico de este modelo matemático.
Además se presentan simulaciones numéricas al modelo para contrastar los efectos de las tasas de transmisión no lineal y otros parámetros.
Palabras claves: Modelo SIR, Estabilidad, Número Básico de Reproducción, Criterio de Routh Hurwitz, Matriz de la Próxima Generación, Simulación Numérica.

ABSTRACT

Local Stability Analysis of COVID-19 Dynamics of a SIR Model with Non-Linear Transmission Rates
Javier,Huapaya Quispe

May - 2021

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

In this thesis work, we consider a modified SIR model, implementing a population of Pathogens interacting with a human population of Susceptibles, with which we will have in our system 4 ordinary differential equations.
The objective of this work is to analyze the local stability of the disease-free point and the endemic equilibrium point of this mathematical model.
In addition, numerical simulations to the model are presented to contrast the effects of nonlinear transmission rates and other parameters.
Keywords: SIR model, Stability, Basic Reproduction Number, Routh Hurwitz Criterion, Next Generation Matrix, Numerical Simulation.

INDICE GENERAL

1. Preliminares **5**

1.1. Ecuaciones Diferenciales Ordinarias-EDO 5

1.1.1. Problema de Valor Inicial 5

1.1.2. Existencia y Unicidad 6

1.1.3. Sistemas de EDOs lineales y no lineales 8

1.2. Análisis de estabilidad 11

1.2.1. Criterio de Routh Hurwitz 11

1.2.2. Número Básico de Reproducción 15

1.2.3. Matriz de la Próxima Generación 15

1.3. El Principio de invarianza de LaSalle 18

1.4. Modelo SIR 19

1.4.1. Modelo SIR con dinámica vital 21

2. Problema principal **22**

2.1. Modelo SIR-P 22

2.2. Análisis de estabilidad 24

2.2.1. Positividad y acotación del modelo 24

2.2.2. Número Básico de Reproducción ($\mathcal{R}_0$) 25

2.2.3. Existencia del punto de equilibrio endémico 27

2.2.4. Estabilidad local 28

2.2.5. Estabilidad Global del punto de equilibrio E_0 31

2.3. Simulación Numérica 33

3. Conclusiones y/o Sugerencias **41**

Introducción

Las matemáticas aplicadas a la Biología nos ayudan a entender y justificar el comportamiento de ciertos fenómenos naturales, entre ellos los fenómenos epidemiológicos que están vinculados a casos como las pandemias.

La Epidemiología Matemática es la encargada de estudiar la propagación de enfermedades, que tiene su origen a partir del modelo en ecuaciones diferenciales propuesto en 1927 por Kermarck y McKendrik [8], llamado modelo compartimental SIR, que divide a la población en tres compartimentos: Susceptibles (población que puede contraer la enfermedad), Infectados (población que tiene la enfermedad y pueden transmitirla) y Recuperados (población que se ha recuperado de la enfermedad).

En este trabajo estudiaremos la dinámica del COVID-19 mediante un modelo SIR modificado con tasa de incidencia no lineal, adicionando el contagio a través del contacto con una superficie contaminada o por aerosoles ocasionada por un patógeno. Nuestro trabajo consistirá en el estudio del cálculo del $\mathcal{R}_0$ y el análisis de estabilidad local de los puntos de equilibrio de nuestro modelo planteado y realizar algunas simulaciones numéricas al modelo planteado.

1 Preliminares

La finalidad de este capítulo es el estudio de los conceptos necesarios sobre ecuaciones diferenciales ordinarias y además el análisis de estabilidad de una EDO,para poder manejar todos estas ideas a la hora de aplicar todas estas herramientas para nuestro tema de investigación. Además en este capítulo veremos algunas definiciones y resultados de las Ecuaciones Diferenciales Ordinarias,las cuales se a tomado como referencia a [1],[2],[3],[4].

1.1. Ecuaciones Diferenciales Ordinarias-EDO

Se llama ecuacion diferencial (ED) aquella ecuación que contiene derivadas de una o más variables dependientes, con respecto a una o mas variables independientes.Se clasifica las ecuaciones diferenciales teniendo como criterio:

I **Tipo:** Si la ecuación diferencial contiene derivadas respecto a una variable independiente entonces se dice que es una ecuación diferencial ordinaria (EDO); y si contiene las derivadas parciales respecto a dos o más variables independientes será una ecuación en derivadas parciales (EDP).

II **Orden:** El orden de una EDO o EDP , es el orden de la derivada mayor que aparece en la ecuación diferencial.

1.1.1. Problema de Valor Inicial

Definición 1.1. *Sea $U \subseteq \mathbb{R}^n$ abierto y $F : U \to \mathbb{R}^n$ una función*

I. Una ecuación diferencial ordinaria (EDO) de primer orden asociada a F, es una expresión del tipo

$$w' = F(w) \tag{1.1}$$

II. Una solución de la EDO (1.1) es una función diferenciable $\phi : J \to \mathbb{R}$ es un intervalo tal que:

a. $\phi(t) \in U, \forall t \in J$

b. $\phi'(t) = F(\phi(t)), \forall t \in J$

Observación 1.1. *Si $F : U \to \mathbb{R}^n$ es contínua,entonces toda solución ϕ de la EDO (1.1) es de clase C^1.*

Definición 1.2. *Sea $F : U \subseteq \mathbb{R}^n \to \mathbb{R}^n$ una función, $w_0 \in U$ y $t_0 \in \mathbb{R}$*

I. El problema de valor inicial (PVI) o problema de Cauchy asociado a F , w_0 y $t_0 \in \mathbb{R}$ esta dado por:

$$\begin{cases} w'(t) = F(w) \\ w(t_0) = w_0 \end{cases} \tag{1.2}$$

II. Una solución del problema de valor inicial (1.2) es una función $\phi : J \to \mathbb{R}^n$ diferenciable en el intervalo J tal que:

a. $t_0 \in J$

b. $\phi(t) \in U, \forall t \in J$

c. $\phi'(t) = F(\phi(t)), \forall t \in J$

d. $\phi(t_0) = w_0$

Observación 1.2. *Considerando $F = (F_1, F_2, \ldots, F_n)$, $\phi(t) = (x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t))$ entonces*

I. La EDO (1.1) tendrá la forma de un sistema de n-EDO autónomas,como se muestra a continuación

$$\begin{cases} x_1' = F_1(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \\ x_2' = F_2(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \\ \quad \vdots \quad \vdots \qquad\qquad \vdots \\ x_n' = F_n(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \end{cases} \tag{1.3}$$

II. Sea ϕ solución de la EDO (1.3) si y sólo si:

a. $(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \in U$, $\forall t \in J$

b. $\phi'(t) = F(\phi(t))$ *satisface (1.3),* $\forall t \in J$

Observación 1.3. *Si consideramos la función $F = (F_1, F_2, \ldots, F_n)$, $w \in \mathbb{R}^n$ y $\phi(t) = (x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t))$ entonces*

I. Para el valor inicial $w_0 = (x_1^0, x_2^0, \ldots, x_n^0) \in \mathbb{R}^n$ cuando $t_0 = 0$ tenemos el PVI asociado a F

$$\begin{cases} x_1' = F_1(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \ , \ x_1(0) = x_1^0 \\ x_2' = F_2(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \ , \ x_2(0) = x_2^0 \\ \quad \vdots \quad \vdots \qquad\qquad \vdots \\ x_n' = F_n(x_1(t), x_2(t), \ldots, x_n(t)) \ , \ x_n(0) = x_n^0 \end{cases} \tag{1.4}$$

II. Una solución del PVI (1.4) es una función $\phi : J \to \mathbb{R}^n$ diferenciable en el intervalo $J \subseteq \mathbb{R}$, tal que

a. $0 \in J$

b. $\phi(t) \in U$, $\forall t \in J$

c. $\phi'(t) = F(\phi'(t)$, *satisface (1.4)* , $\forall t \in J$

d. $\phi(0) = (x_1(0), x_2(0), \ldots, x_n(0)) = (x_1^0, x_2^0, \ldots, x_n^0)$

1.1.2. Existencia y Unicidad

Antes de ahondar y dar definiciones claras sobre la existencia y unicidad de una EDO en $\mathbb{R}^n$, recordaremos algunas notaciones básicas topológicas que haremos mención a continuación.

Bola abierta y bola cerrada

a. **Bola abierta :** $B_r(w_0) = \{w \in \mathbb{R}^n : \|w - w_0\| < r\}$

b. **Bola cerrada :** $B_r[w_0] = \{w \in \mathbb{R}^n : \|w - w_0\| \leq r\}$

Intervalo abierto e Intervalo cerrado

a. **Intervalo abierto :** $I_r(x_0) = (x_0 - r; x_0 + r)$

b. **Intervalo cerrado :** $B_r[x_0] = [x_0 - r; x_0 + r]$

Definición 1.3. *Sea $U \in \mathbb{R}^n$ abierto y $F : U \to \mathbb{R}^n$ una función, se dice que F es **globalmente lipschitziana** o es **lipschitziana** en U, si existe una constante L tal que $w_1, w_2 \in U$*

$$\|F(w_1) - F(w_2)\| \leq L \|w_1 - w_2\|$$

La constante L se le conoce como **constante de lipschitz** de F en U.
La condición de Lipschitz dado en la anterior definición, puede ser una condición fuerte si es que sólo se busca estudiar un problema local, por esta razón daremos la siguiente definición.

Definición 1.4. *Sea $U \in \mathbb{R}^n$ abierto y $F : U \to \mathbb{R}^n$ una función, se dice que F es **locamente lipschitziana** en U si y sólo si$w_0 \in U$ existe $b > 0$ tales que $B_b(w_0) \subseteq U$ y la restricción*

$$F_{|B_b(w_0)} : B_b(w_0) \to \mathbb{R}^n$$

es Lipschitz en $B_b(w_0)$.

Observación 1.4. *Sea $U \in \mathbb{R}^n$ abierto y $F : U \to \mathbb{R}^n$ una función:*

$$F \text{ es globalmente Lipschitz} \Rightarrow F \text{ es localmente Lipschitz} \Rightarrow F \text{ es continua}$$

Definición 1.5. *Sea $U \in \mathbb{R}^n$ abierto y $F = (F_1, F_2, \ldots, F_n)$ tal que $F : U \to \mathbb{R}^n$ una función.Decimos que F es de **clase** C^1 en U si y sólo si, se verifican las siguientes condiciones*

a. *$\forall w \in U$, y existen las derivadas parciales $\dfrac{\partial F_i(w)}{\partial w_j}$, $\forall\ 1 \leq i, j \leq n$*

b. *$\forall\ 1 \leq i, j \leq n$ las funciones $\dfrac{\partial F_i}{\partial w_j} : U \to \mathbb{R}$ son continuas en U y lo denotamos como :*

$$J(w) = \frac{\partial(F_1, F_2, \ldots, F_n)}{\partial(w_1, w_2, \ldots, w_n)} = \begin{bmatrix} \dfrac{\partial F_1(w)}{\partial w_1} & \dfrac{\partial F_1(w)}{\partial w_2} & \cdots & \dfrac{\partial F_1(w)}{\partial w_n} \\ \dfrac{\partial F_2(w)}{\partial w_1} & \dfrac{\partial F_2(w)}{\partial w_2} & \cdots & \dfrac{\partial F_n(W)}{\partial w_n} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \dfrac{\partial F_n(w)}{\partial w_1} & \dfrac{\partial F_n(w)}{\partial w_2} & \cdots & \dfrac{\partial F_n(w)}{\partial w_n} \end{bmatrix}$$

*esta expresión se le conoce como **matriz jacobiana**.*

Proposición 1.1. ***(Cualquier función con derivada acotada es Lipschitz):*** *Sea I un intervalo, y sea $f : I \to \mathbb{R}$ una función continua en I; diferenciable en $int(I)$; y tal que su derivada es acotada. Entonces f es Lipschitz en X.*

Demostración. Ver [21],pag 2. □

Proposición 1.2. *Sea $U \subseteq \mathbb{R}^n$ un abierto y F una función de clase C^1 en U. Entonces F es localmente Lipschitz en U.*

Demostración. Ver [1],pag 171-172. □

Lema 1.1. *Sea la función $F : \mathbb{R}^n_+ \to \mathbb{R}^n$, $F(x) = (F_1(x), F_2(x), \ \dots \ , F_n(x))$ con $x = (x_1, x_2, \ \dots \ , x_n)$ son continuas y existen $\dfrac{\partial F_j}{\partial x_k}$ continuas en $\mathbb{R}^n_+ \forall\, j, k = 1, 2, \dots, n$. Entonces,$F$ localmente lipschitz continua en $\mathbb{R}^n_+$.*

Demostración. Ver Apendice del [17]. □

Teorema 1.1. ***(Existencia y unicidad) :*** *Sea $F : \mathbb{R}^n_+ \to \mathbb{R}^n$ localmente lipschitz continua para cada $j = 1; 2, \dots, n$ y sastisface $F_j(x) \geq 0$ para cualquier $x \in \mathbb{R}^n_+$, $x_j = 0$. Entonces para cada $x_0 \in \mathbb{R}^n_+$, existe una única solución de $x' = F(x)$ con $x(0) = x_0$ en $\mathbb{R}^n_+$ donde está definida en algún intervalo $(0; b]$ con $b \in (0; +\infty]$. Si $b < +\infty$; entonces*

$$\sup_{0 \leq t \leq b} \sum_{j=1}^{n} x_j(t) = +\infty$$

Demostración. Ver Apendice del [17]. □

1.1.3. Sistemas de EDOs lineales y no lineales

Consideremos el siguiente sistema de n ecuaciones diferenciales ordinarias autónomas

$$\begin{cases} w_1' &= F_1(w_1, w_2, \dots, w_n) \\ w_2' &= F_2(w_1, w_2, \dots, w_n) \\ \vdots & \qquad\qquad \vdots \\ w_n' &= F_n(w_1, w_2, \dots, w_n) \end{cases} \tag{1.5}$$

Donde $F_i : U \subseteq \mathbb{R}^n$ para $i = 1, 2, \dots, n$.

Si cada una de las componentes F_i para $i = 1, 2, \dots, n$ son lineales entonces (1.5) es llamado sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias lineales, de lo contrario se le denomina ecuaciones diferenciales no lineales.

Si utilizamos la notación matricial, nos resulta más simple de denotar los sistemas de n ecuaciones diferenciales ordinarias con los resultados previos, lo cual implica considar las siguientes funciones vectoriales.

$$w(t) = \begin{bmatrix} w_1(t) \\ w_2(t) \\ \vdots \\ w_n(t) \end{bmatrix} \quad \text{y} \quad F(w) = \begin{bmatrix} w_1(t) \\ w_2(t) \\ \vdots \\ w_n(t) \end{bmatrix}$$

entonces el sistema (1.5) tendría la siguiente forma

$$w' = F(w)$$

para el cual podemos utilizar todos los resultados anteriores
La forma general de una sistema de n *EDOs* autónomas lineales es la siguiente

$$\begin{cases} w_1' &= a_{1,1}w_1 + a_{1,2}w_2 + \cdots + a_{1,n}w_n + b_1 \\ w_2' &= a_{2,1}w_1 + a_{2,2}w_2 + \cdots + a_{2,n}w_n + b_2 \\ \vdots & \qquad\qquad \vdots \\ w_n' &= a_{n,1}w_1 + a_{n,2}w_2 + \cdots + a_{n,n}w_n + b_n \end{cases}$$

Notemos que el sistema (1.5) es lineal, entonces puede tomar la forma siguiente

$$w' = F(w) = Aw + b$$

donde

$$A(t) = \begin{bmatrix} a_{1,1} & a_{1,2} & \dots & a_{1,n} \\ a_{2,1} & a_{2,2} & \dots & a_{2,n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ a_{n,1} & a_{n,2} & \dots & a_{n,n} \end{bmatrix} \quad \text{y} \quad b = \begin{bmatrix} b_1 \\ b_2 \\ \vdots \\ b_n \end{bmatrix}$$

Si $b_i = 0$ para $i = 1, 2, \dots, n$ entonces el sistema es llamado **homogéneo** , caso contrario **no homogéneo**.

Teorema 1.2. ***(Existencia y unicidad) :*** *Sea $A \in \mathbb{R}^{n\times n}$, $x_0 \in \mathbb{R}^n$ y $t_0 \in \mathbb{R}$, entonces la única solución del PVI*

$$\begin{cases} w' &= Aw \\ w(t_0) &= w_0 \end{cases}$$

esta dado por

$$\begin{array}{rccl} \varphi : \mathbb{R} & \to & \mathbb{R}^n \\ t & \mapsto & \varphi = e^{(t-t_0)A}x_0 \end{array}$$

Demostración. Ver [1],pag 46-47. □

Definición 1.6. *Sea $U \subseteq \mathbb{R}^n$ abierto y $F : U \to \mathbb{R}^n$ una función, para los cuales tenemos la ecuación diferencial ordinaria*

$$w' = F(w)$$

*Entonces $w^* \in \mathbb{R}^n$ es llamado **punto crítico** o **singularidad** si y sólo si $F(w^*) = 0$.*

A continuación veremos algunos resultados para la linealización de sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales.Para ello, sin pérdida de generalidad,ahora consideremos el siguiente sistema autónomo.

$$\begin{cases} x' &= F_1(x, y, z) \\ y' &= F_2(x, y, z) \\ z' &= F_3(x, y, z) \end{cases} \tag{1.6}$$

con un punto crítico aislado (x^*, y^*, z^*) , es decir

$$\left|\begin{array}{ll} F_1(x^*,y^*,z^*) & =0 \\ F_2(x^*,y^*,z^*) & =0 \\ F_3(x^*,y^*,z^*) & =0 \end{array}\right.$$

Si $F_1(x,y,z)$, $F_2(x,y,z)$ y $F_1(x,y,z)$ admiten su desarrollo mediante el desarrollo en las series de Taylor de orden uno alrededor de $w^*=(u^*,v^*,s^*)$, tenemos

$$F_1(x,y,z)=F_1(w^*)+\frac{\partial F_1}{\partial x}(w^*)(x-x^*)+\frac{\partial F_1}{\partial y}(w^*)(y-y^*)+\frac{\partial F_2}{\partial z}(w^*)(z-z^*)+R_1(x,y,z)$$
$$F_1(x,y,z)=F_2(w^*)+\frac{\partial F_2}{\partial x}(w^*)(x-x^*)+\frac{\partial F_2}{\partial y}(w^*)(y-y^*)+\frac{\partial F_2}{\partial z}(w^*)(z-z^*)+R_2(x,y,z)$$
$$F_3(x,y,z)=F_3(w^*)+\frac{\partial F_3}{\partial x}(w^*)(x-x^*)+\frac{\partial F_3}{\partial y}(w^*)(y-y^*)+\frac{\partial F_3}{\partial z}(w^*)(z-z^*)+R_3(x,y,z)$$

luego tenemos

$$F_1(x,y,z)=\frac{\partial F_1}{\partial x}(w^*)(x-x^*)+\frac{\partial F_1}{\partial y}(w^*)(y-y^*)+\frac{\partial F_2}{\partial z}(w^*)(z-z^*)+R_1(x,y,z)$$
$$F_1(x,y,z)=\frac{\partial F_2}{\partial x}(w^*)(x-x^*)+\frac{\partial F_2}{\partial y}(w^*)(y-y^*)+\frac{\partial F_2}{\partial z}(w^*)(z-z^*)+R_2(x,y,z)$$
$$F_3(x,y,z)=\frac{\partial F_3}{\partial x}(w^*)(x-x^*)+\frac{\partial F_3}{\partial y}(w^*)(y-y^*)+\frac{\partial F_3}{\partial z}(w^*)(z-z^*)+R_3(x,y,z)$$

haciendo un cambio de variable $u=x-x^*$, $v=y-y^*$ y $s=z-z^*$, entonces

$$\begin{array}{rcll} u' & = & x' & =F_1(x,y,z) \\ v' & = & y' & =F_2(x,y,z) \\ s' & = & z' & =F_3(x,y,z) \end{array}$$

es decir

$$\left\{\begin{array}{ll} u' & =u\dfrac{\partial F_1}{\partial x}(w^*)+v\dfrac{\partial F_1}{\partial y}(w^*)+s\dfrac{\partial F_1}{\partial z}+R_1(x,y,z) \\ v' & =u\dfrac{\partial F_2}{\partial x}(w^*)+v\dfrac{\partial F_2}{\partial y}(w^*)+s\dfrac{\partial F_2}{\partial z}+R_2(x,y,z) \\ s' & =u\dfrac{\partial F_3}{\partial x}(w^*)+v\dfrac{\partial F_3}{\partial y}(w^*)+s\dfrac{\partial F_3}{\partial z}+R_3(x,y,z) \end{array}\right. \tag{1.7}$$

donde las derivadas parciales están evaluadas en $w^*=(x^*,y^*,z^*)$ por lo tanto son números y $R_i(x,y,z)$ para $i=1,2,\ldots,n$ denota el resto de términos en función de x,y,z. Expresando en su forma matricial, obtenemos lo siguiente

$$\begin{bmatrix} u' \\ v' \\ s' \end{bmatrix}=\begin{bmatrix} \dfrac{\partial F_1}{\partial x}(w^*) & \dfrac{\partial F_1}{\partial y}(w^*) & \dfrac{\partial F_1}{\partial z}(w^*) \\ \dfrac{\partial F_2}{\partial x}(w^*) & \dfrac{\partial F_2}{\partial y}(w^*) & \dfrac{\partial F_2}{\partial z}(w^*) \\ \dfrac{\partial F_3}{\partial x}(w^*) & \dfrac{\partial F_3}{\partial y}(w^*) & \dfrac{\partial F_3}{\partial z}(w^*) \end{bmatrix}\begin{bmatrix} u \\ v \\ s \end{bmatrix}+\begin{bmatrix} R_1(x,y,z) \\ R_2(x,y,z) \\ R_3(x,y,z) \end{bmatrix} \tag{1.8}$$

cuando$|u|$,$|v|$ y $|s|$ son valores pequeños, ósea $(u,v,s)\to(0,0,0)$ podemos apreciar que los términos $R_i(x,y,z)$, para $i=1,2,3$, del sistema (1.8), así se deduce el comportamiento cualitativo del sistema (1.8) cerca al punto crítico (x^*,y^*,z^*) es similar al del

sistema lineal asociado

$$\begin{bmatrix} u' \\ v' \\ s' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial x}(w^*) & \frac{\partial F_1}{\partial y}(w^*) & \frac{\partial F_1}{\partial z}(w^*) \\ \frac{\partial F_2}{\partial x}(w^*) & \frac{\partial F_2}{\partial y}(w^*) & \frac{\partial F_2}{\partial z}(w^*) \\ \frac{\partial F_3}{\partial x}(w^*) & \frac{\partial F_3}{\partial y}(w^*) & \frac{\partial F_3}{\partial z}(w^*) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} u \\ v \\ s \end{bmatrix} \tag{1.9}$$

donde

$$det(J_{w^*}) = \begin{vmatrix} \frac{\partial F_1}{\partial x}(w^*) & \frac{\partial F_1}{\partial y}(w^*) & \frac{\partial F_1}{\partial z}(w^*) \\ \frac{\partial F_2}{\partial x}(w^*) & \frac{\partial F_2}{\partial y}(w^*) & \frac{\partial F_2}{\partial z}(w^*) \\ \frac{\partial F_3}{\partial x}(w^*) & \frac{\partial F_3}{\partial y}(w^*) & \frac{\partial F_3}{\partial z}(w^*) \end{vmatrix} \neq 0$$

es la determinante de la matriz Jacobiana de la parte lineal,del sistema (1.8),cuando se le evalua en el punto crítico w^*.

A este proceso de transformar el sistema no lineal (1.8) a un nuevo sistema lineal (1.9) se le conoce como la linealización del sistema (1.6) en el punto crítico $w^* = (x^*, y^*, z^*)$.

1.2. Análisis de estabilidad

El análisis de estabilidad de un modelo matemático,considerando sus condiciones iniciales y además de los parámetros que intervienen en el problema, es el eje principal en el estudio de la modelización de una enfermedad a partir de las ecuaciones diferenciales.

1.2.1. Criterio de Routh Hurwitz

En esta sección mostraremos unas definiciones importantes sobre este criterio que nos ayudará a establecer las condiciones necesarias y suficientes para que todas las raíces del polinomio característico (con coeficientes reales) se encuentren en la mitad izquierda del plano complejo, es decir que tengan parte real negativa.

A pesar que el Algoritmo de Routh y el Criterio Hurwitz sean diferentes en el procedimiento, se establece una equivalencia entre los dos, estas condiciones establecidas por Routh y por Hurwitz se le conoce como **Criterio de Routh-Hurwitz**.

El criterio de Routh es un algoritmo recursivo útil para encontrar cuando todas las raíces de un polinomio característico de un sistema lineal que tienen parte real negativa. Independientemente, el matemático Hurwitz propuso que los coeficientes del polinomio característico podían disponerse en una matriz cuadrada llamada "Matriz de Hurwitz", y mostró que su solución asociada es estable si y sólo si, la secuencia de determinantes de sus principales submatrices son positivas. [5],[6].

Tenemos unos resultados asociados al criterio de Routh

Definición 1.7. *Sea el polinomio de variable real*

$$P(t) = a_0 t^n + a_1 t^{n-1} + a_2 t^{n-2} + \cdots + a_{n-1} t + a_n = 0; \quad a_0 \neq 0$$

definimos como el esquema de Routh del polinomio $P(t)$; al siguiente arreglo

$$\begin{array}{c|ccccc} t^n & a_0 & a_2 & a_4 & a_6 & \dots \\ t^{n-1} & a_1 & a_3 & a_5 & a_7 & \dots \\ t^{n-2} & b_1 & b_2 & b_3 & b_4 & \dots \\ t^{n-3} & c_1 & c_2 & c_3 & c_4 & \dots \\ \vdots & \vdots & & & & \\ t^2 & d_1 & d_2 & & & \\ t^1 & e_1 & & & & \\ t^0 & f_1 & & & & \end{array}$$

donde

$$b_1 = \frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1} \; ; \; b_2 = \frac{a_1 a_4 - a_0 a_5}{a_1} \; ; \; \dots$$

$$c_1 = \frac{b_1 a_3 - a_1 b_2}{b_1} \; ; \; c_2 = \frac{b_1 a_4 - a_1 b_3}{b_1} \; ; \; \dots$$

y así sucesivamente.

Teorema 1.3. *El número de raíces de un polinomio $P(t)$ de variable real, las cuales están en el semiplano derecho $Re(t) > 0$ es igual al número de cambios de signo en la primera columna del esquema de Routh.*

Corolario 1.1. ***(Criterio de Routh):*** *Para que todas las raíces de un polinomio $P(t)$ tengan parte real negativa, es necesario y suficiente, que todos los elementos en la primera columna del esquema de Routh tengan el mismo signo.*

Ejemplo 1.1. *Sea el polinomio*

$$P(t) = t^4 - 6t^3 + 11t^2 - 6t + 1 \tag{1.10}$$

para el cual tenemos el siguiente esquema de Routh

$$\begin{array}{c|ccc} t^4 & 1 & 11 & 1 \\ t^3 & -6 & -6 & \\ t^2 & b_1 & b_2 & \\ t^1 & c_1 & & \\ t^0 & d_1 & & \end{array}$$

donde:

$$b_1 = \frac{a_1 a_2 - a_0 a_3}{a_1} = \frac{-6(11) - 1(-6)}{-6} = 10$$

$$b_2 = \frac{a_1 a_4 - a_0 a_5}{a_1} = \frac{-6(1) - 1(0)}{-6} = 1$$

$$c_1 = \frac{b_1 a_3 - a_1 b_2}{b_1} = \frac{10(-6) - (-6)(1)}{10} = \frac{-27}{5}$$

$$d_1 = \frac{c_1 b_2 - b_1 c_2}{c_1} = \frac{\frac{-27}{5}(1) - 10(0)}{\frac{-27}{5}} = 1$$

reemplazando, tenemos:

$$\begin{array}{c|ccc} t^4 & 1 & 11 & 1 \\ t^3 & -6 & -6 & \\ t^2 & 10 & 1 & \\ t^1 & \frac{-27}{5} & & \\ t^0 & 1 & & \end{array}$$

notamos en el ejemplo,que en la primera columna del arreglo de Routh presenta dos cambios de signos,por lo tanto el polinomio característico $P(t)$ tiene dos raíces positivas además se puede deducir que la solución asociada a $P(t)$ no es estable.

Definición 1.8. *Sea el polinomio*

$$P(t) = a_0 t^n + a_1 t^{n-1} + a_2 t^{n-2} + \cdots + a_{n-1} t + a_n \ \textit{con}\ a_n \neq 0$$

entonces la matriz cuadrada de orden n

$$H = \begin{bmatrix} b_0 & b_1 & b_2 & \dots & b_{n-1} \\ a_0 & a_1 & a_2 & \dots & a_{n-1} \\ 0 & b_0 & b_1 & \dots & b_{n-2} \\ 0 & a_0 & a_1 & \dots & a_{n-2} \\ 0 & 0 & b_0 & \dots & b_{n-3} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \end{bmatrix} \quad \textit{donde} \quad \begin{cases} a_k = 0 \quad si \quad k > [\![\frac{n}{2}]\!] \\ \\ b_k = 0 \quad si \quad k > [\![\frac{n-1}{2}]\!] \end{cases}$$

es llamada la matriz de Hurwitz.

Los determinantes de las submatrices principales de H; son llamados los determinantes de Hurwitz y se denotan de la siguiente forma:

$$\Delta_1 = b_0 \ ; \ \Delta_2 = \begin{vmatrix} b_0 & b_1 \\ a_0 & a_1 \end{vmatrix} \ ; \ \Delta_3 = \begin{vmatrix} b_0 & b_1 & b_2 \\ a_0 & a_1 & a_2 \\ 0 & b_0 & b_1 \end{vmatrix}$$

en general:

$$\Delta_n = \begin{vmatrix} b_0 & b_1 & b_2 & \dots & b_{n-1} \\ a_0 & a_1 & a_2 & \dots & a_{n-1} \\ 0 & b_0 & b_1 & \dots & b_{n-2} \\ 0 & a_0 & a_1 & \dots & a_{n-2} \\ 0 & 0 & b_0 & \dots & b_{n-3} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \dots & \vdots \end{vmatrix}$$

Corolario 1.2. ***(Criterio de Routh - Hurwitz):*** *Todas las raíces del polinomio* $P(t) = a_0t^n + a_1t^{n-1} + a_2t^{n-2} + \cdots + a_{n-1}t + a_n$ *con* $a_n \neq 0$ *tienen parte real negativa,si y solo si, que se cumplen las siguientes condiciones:*

$$a_0\Delta_1 > 0 \ ; \ \Delta_2 > 0 \ ; \ a_0\Delta_3 > 0 \ ; \ \Delta_4 > 0 \ ; \ \ldots \ ; \ a_0\Delta_n > 0 \text{ cuando } n \text{ es par}$$

$$a_0\Delta_1 > 0 \ ; \ \Delta_2 > 0 \ ; \ a_0\Delta_3 > 0 \ ; \ \Delta_4 > 0 \ ; \ \ldots \ ; \ \Delta_n > 0 \text{ cuando } n \text{ es impar}$$

Hay que notar que si $a_0 > 0$*; entonces la condición del criterio de Routh - Hurwtiz se reduce a*

$$\Delta_1 > 0 \ ; \ \Delta_2 > 0 \ ; \ \Delta_3 > 0 \ ; \ \Delta_4 > 0 \ ; \ \ldots \ ; \ \Delta_n > 0$$

Observación 1.5. *Si consideramos la notación tradicional*

$$P(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \cdots + a_{n-1}\lambda + a_n$$

donde los coeficientes a_i *son constantes reales para cada* $i = 1; 2; \ldots; n$ *bajo las cuales se puede asegurar la estabilidad por el criterio de Routh - Hurwitz.*

Observación 1.6. *Este método es simple de aplicar, permite garantizar las condiciones requeridas, lo cual no es fácil de mostrar. Algunos sistemas no es posible analizarlo con este método. Así, para tal fín, se utilizará otro método para garantizar su estabilidad.*

Observación 1.7. *Una manera distinta de mostrar las determinantes de Routh-Hurwtiz sería de la siguiente manera.*

$$P(\lambda) = \lambda^n + a_1\lambda^{n-1} + a_2\lambda^{n-2} + \cdots + a_{n-1}\lambda + a_n$$

$$H_1 = a_1 \ , \ H_2 = \begin{bmatrix} a_1 & 1 \\ a_3 & a_2 \end{bmatrix} \ , \ H_3 = \begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ a_5 & a_4 & a_3 \end{bmatrix}$$

En general

$$\begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 & 0 & \ldots & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 & 1 & \ldots & 0 \\ a_5 & a_4 & a_3 & a_2 & \ldots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \ldots & a_n \end{bmatrix}$$

donde $a_j > 0$ para $j = 1; 2; \ldots; n$. Todas las raíces del polinomio $P(\lambda)$ son negativas (Raíces Reales) o tienen parte real negativa (Raíces Complejas) si las determinantes de todas las matrices de Hurwitz son positivas.

$$det(H_j) = |H_j| > 0 \quad j = 1, 2, \ldots n$$

Para un mayor entendimiento de estos detalles se puede revisar el capítulo 6 de [7] la cual también contiene demostraciones de los resultados que se mensionan en esta subsección.

1.2.2. Número Básico de Reproducción

Es importante dar a conocer un concepto trascedental en el estudio de modelos matemáticos aplicados a la Epidemiología, como es el **Número de Reproducción Básica** $\mathcal{R}_0$.

La importancia del cálculo de este número de reproducción básica $\mathcal{R}_0$ es determinante para precisar el impacto de la enfermedad, además de ser un parámetro umbral de tal forma que si $\mathcal{R}_0 > 1$ se puede interpretar que la enfermedad seguirá su curso y se propagará la epidemia,en caso contrario, es decir $\mathcal{R}_0 < 1$ la enfermedad irá apaciguándose a medida que pase el tiempo. [12],[13].

Entonces podemos definir al $\mathcal{R}_0$ como el promedio de infecciones secundarias que una persona infectada va a causar en una población totalmente susceptible, durante el período de contagio.

1.2.3. Matriz de la Próxima Generación

En las ecuaciones diferenciales ordinarias aplicada a los modelos matemáticos compartimentales, en un caso específico a los modelos epidemiológicos es usual trabajar una matriz cuya entrada (i, j) es posible obervar el número de infecciones secundarias en el comportimento i causada por un indivuo infectado en el compartimento j .

A esta matríz se le denomina **Matriz de la Próxima Generación** cuyo procedimiento nos ayuda a calcular el $\mathcal{R}_0$ de un modelo matemático y a su vez su análisis [9].

Antes de empezar con la explicación , daremos algunos conceptos previos que nos ayudarán a comprender mejor la importancia del cálculo de dicho método.

Definición 1.9. *El **radio espectral** es el supremo de los valores absolutos de los autovalores de una matriz A, es decir*

$$\rho(A) = sup\{|\lambda| : \lambda \in \sigma(A)\}$$

donde $\sigma(A)$ es el conjunto de autovalores de la matriz A.

Definición 1.10. *El **límite espectral** de una matriz A se define como el supremo de todas las partes reales de los autovalores de una matriz A, es decir*

$$m(A) = sup\{Re(\lambda) : \lambda \in \sigma(A)\}$$

donde $\sigma(A)$ es el conjunto de autovalores de la matriz A.

En el estudio de modelos comparticionales,varios autores han tratado de realizar varias técnicas para poder calcular la Matriz de la Próxima Generación,en el contexto de nuestro problema que es sobre la transmisión de una enfermedad, podemos decir que la población se individuos de dividen en dos tipos: compartimentos de infectados y compartimentos de no infectados.

El método que haremos referencia, es con respecto al trabajo de Van Den Driessche y Watmough [9], el cual a partir de un modelo donde hay "n" compartimentos de infectados y "m" compartimentos de no infectados, entonces podemos deducir que el modelo de aquel sistema de ecuaciones va a tener "$m+n$" variables dependientes con respecto al tiempo.

Sea $x \in \mathbb{R}^n$, es el vector de las variables en los compartimentos de infectados y $y \in \mathbb{R}^m$, es el vector de las variables en los compartimentos de los no infectados.

1. Se estructuran las ecuaciones de nuestro sistema EDO, de tal forma que se ubica primero las n componentes que corresponden al compartimentos de los infectados, es decir

$$\begin{aligned} x_1' &= f_1(x,y) \\ x_2' &= f_2(x,y) \\ &\vdots \qquad \vdots \\ x_n' &= f_n(x,y) \\ y_1' &= g_1(x,y) \\ y_2' &= g_2(x,y) \\ &\vdots \qquad \vdots \\ y_n' &= g_n(x,y) \end{aligned} \tag{1.11}$$

2. Ahora del segundo miembro de cada ecuación de (1.11) que representa al compartimento de los infectados se separa,lo cual nos queda expresado como

$$\begin{aligned} x_1' &= \mathcal{F}_1(x,y) - \mathcal{V}_1(x,y) \\ x_2' &= \mathcal{F}_2(x,y) - \mathcal{V}_2(x,y) \\ &\vdots \qquad \vdots \\ x_n' &= \mathcal{F}_n(x,y) - \mathcal{V}_n(x,y) \\ y_1' &= g_1(x,y) \\ y_2' &= g_2(x,y) \\ &\vdots \qquad \vdots \\ y_m' &= g_m(x,y) \end{aligned} \tag{1.12}$$

donde denotaremos con $\mathcal{F}_i(x,y)$, la tasa de infecciones secundarias que aumentan el compartimento de los infectados y en el caso de $\mathcal{V}_i(x,y)$ admite los términos restantes de la transmisión, es decir los nacimientos, muertes, progresión de la enfermedad,disminución de los recuperados del compartimento, con $i = 1, 2, \ldots, n$.

Además la ecuación (1.12) se reescribir de la siguiente forma

$$\begin{aligned} x_i' &= \mathcal{F}_i(x,y) - \mathcal{V}_i(x,y) \;\; ; \quad i = 1, 2, \ldots, n \\ y_j' &= g_j(x,y) \;\; ; \quad j = 1, 2, \ldots, m \end{aligned} \tag{1.13}$$

De esta última ecuación (1.13), se puede establecer las siguientes propiedades

a) $\mathcal{F}_i(0,y) = 0$ y $\mathcal{V}_i(0,y) = 0$; $\forall y > 0$ y $i = 1, 2, \ldots, n$.

b) $\mathcal{F}_i(x,y) \geq 0 \quad \forall x, y > 0$ y $i = 1, 2, \ldots, n$.

c) $\mathcal{V}_i(x,y) \leq 0$ cuando $x_i = 0$, $\quad \forall i = 1, 2, \ldots, n$.

d) $\displaystyle\sum_{i=1}^{n} \mathcal{V}_i(x,y) \geq 0, \quad \forall x, y \geq 0$

La primera igualdad de (a), nos indica que todas las nuevas infecciones son infecciones secundarias causadas por huespedes infectados, y en la segunda nos muestra que no hay migración de individuos susceptibles a los compartimentos de las enfermedades.

En (b) la función $\mathcal{F}$, nos representa a los nuevos infectados, por lo tanto no puede ser negativo.

En (c), cada componente de $\mathcal{V}_i$ representa una salida neta del compartimento i, la cual debe ser negativa cuando el compartimento está vacío.

En (d) representa la suma de la salida total de todos los compartimentos infectados.

3. Asumiendo que el sistema EDO, es libre de enfermedad, en consecuencia

$$y' = g(0,y)$$

tiene un único punto de equilibrio libre de enfermedad $E_0 = (0, y_0)$ que es asintóticamente estable, es decir todas las soluciones bajo las condiciones iniciales de la forma $(0, y)$ se acerca al punto $(0, y_0)$,cuando $t \to \infty$.

4. Del sistema de ecuaciones dado en (1.12) se obtiene las siguientes matrices de orden $n \times n$, cuando se evalua en el punto de equilibrio libre de enfermedad

$$F = \begin{bmatrix} \dfrac{\partial \mathcal{F}_1(0,y_0)}{\partial x_1} & \dfrac{\partial \mathcal{F}_1(0,y_0)}{\partial x_2} & \cdots & \dfrac{\partial \mathcal{F}_1(0,y_0)}{\partial x_n} \\ \dfrac{\partial \mathcal{F}_2(0,y_0)}{\partial x_1} & \dfrac{\partial \mathcal{F}_2(0,y_0)}{\partial x_2} & \cdots & \dfrac{\partial \mathcal{F}_n(0,y_0)}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \dfrac{\partial \mathcal{F}_n(0,y_0)}{\partial x_1} & \dfrac{\partial \mathcal{F}_n(0,y_0)}{\partial x_2} & \cdots & \dfrac{\partial \mathcal{F}_n(0,y_0)}{\partial x_n} \end{bmatrix}$$

y

$$V = \begin{bmatrix} \dfrac{\partial \mathcal{V}_1(0,y_0)}{\partial x_1} & \dfrac{\partial \mathcal{V}_1(0,y_0)}{\partial x_2} & \cdots & \dfrac{\partial \mathcal{V}_1(0,y_0)}{\partial x_n} \\ \dfrac{\partial \mathcal{V}_2(0,y_0)}{\partial x_1} & \dfrac{\partial \mathcal{V}_2(0,y_0)}{\partial x_2} & \cdots & \dfrac{\partial \mathcal{V}_n(0,y_0)}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ \dfrac{\partial \mathcal{V}_n(0,y_0)}{\partial x_1} & \dfrac{\partial \mathcal{V}_n(0,y_0)}{\partial x_2} & \cdots & \dfrac{\partial \mathcal{V}_n(0,y_0)}{\partial x_n} \end{bmatrix}$$

5. Se define a la Matriz de la Próxima Generación, de la siguiente manera

$$K = F.V^{-1}$$

Definición 1.11. *El número de reproducción básica $\mathcal{R}_0$ es el supremo positivo de todos los autovalores de la matriz K, es decir*

$$\mathcal{R}_0 = \rho(K) = \rho(KV^{-1})$$

donde $\rho(K)$ es el radio espectral de la matriz K.

1.3. El Principio de invarianza de LaSalle

Este principio es una herramienta matemática muy útil que a la par del Teorema de Lyapunov,el cual en ambos casos estudian la estabilidad en los puntos de equilibrio.Sin embargo los teoremas de estabilidad de Liapunov al ser difícil de encontrar la función candidata, pues es probable que la derivada de la función de Lyapunov sea sólo semi-definida negativa.

Para remediar este dilema es que se aplica el principio de invarianza de LaSalle para debilitar algunas condiciones del Teorema de Lyapunov y así encontrar la estabilidad asintótica.

Varias de las definiciones y del teorema de esta sección se han tomado como referencia [18],[19].

Consideremos la ecuación diferencial

$$\begin{cases} x'(t) = f(x) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \tag{1.14}$$

Definición 1.12. *Sea $p \in \mathbb{R}^n$, un **punto límite** si $\exists\{t_n\}$, con $t_n \to \infty$ $(n \to \infty)$ tal que $x(t_n) \to \infty$.*

Definición 1.13. *El conjunto de todos los puntos límites positivos de $x(t)$ se llama **conjunto límite positivo** de $x(t)$, y es denotado por L^+.*

Definición 1.14. *$\mathcal{M}$ será un **conjunto positivamente invariante** de (1.14), si*

$$x(T) \in \mathcal{M} \Longrightarrow x(t) \in \mathcal{M}, \forall t > T$$

Definición 1.15. *Un conjunto $\mathcal{M}$ es **asintóticamente atractivo**, si*

$$x(t) \to \mathcal{M}, cuando\ t \to \infty$$

Lema 1.2. *Si una solución $x(t)$ de (1.14) es acotada y se encuentra siempre en su dominio $\mathcal{D} \subseteq \mathbb{R}^n$, $\forall t \geq 0$, entonces su conjunto límite positivo L^+ es un conjunto invariante, no vacío y compacto.*

Demostración. Ver [19],pag 127. □

Teorema 1.4. *Sea $\Omega \subset \mathcal{D}$ compacto tal que es positivamente invariante con respecto a (1.14). Sea $V : \mathcal{D} \to \mathbb{R}$ una función continuamente diferenciable tal que $V' \leq 0$ en Ω. Sea E el conjunto de todos los puntos de Ω donde $V' = 0$. Sea $\mathcal{M}$ el mayor conjunto invariante contenido en E. Entonces, toda solución que inicia en Ω se aproxima a $\mathcal{M}$ cuando $t \to \infty$.*

Demostración. Ver [19] ,pag 128. □

1.4. Modelo SIR

El modelo SIR es un sistema de ecuaciones formado por 3 ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales. Es el modelo más básico que nos ayuda a entender el comportamiento de una enfermedad infecciosa bajo ciertos parámetros.

El modelo SIR fue propuesto en 1927 por Kermarck y McKendrick [8] lo cual dió pie a la investigación y modelización de enfermedades. El fácil entendimiento del modelo SIR nos ayuda a plantearnos modelos más complejos a partir de su extensibilidad de sus ecuaciones, por lo tanto nos ayuda para el análisis de epidemias el cual involucre otros parámetros.

Además en esta sección tomaremos algunas comentarios y referencias que se han tomado de los siguientes trabajos [14],[15].

El modelo SIR recibe su nombre debido a las iniciales de sus tres compartimentos: Susceptibles, Infectados y Recuperados,es decir:

- S(t): Población de individuos Susceptibles, aquellos que pueden ser infectados.
- I(t): Población de individuos Infectados por la enfermedad y pueden contagiar a la población Susceptible.
- R(t): Población de individuos Recuperados de la enfermedad y se han vuelto inmunes o han muerto.

Según el modelo, un individuo susceptible (S) en contacto con un individuo infectado (I), tiene probabilidad de infectarse. Sin embargo, luego de un cierto lapso de tiempo,la probabilidad de contagio desaparece, ya sea por el curso natural de la enfermedad con inmunidad adquirida, muerte (causas naturales o debidas a la infección) o cuarentena.

Enunciamos los siguientes postulados,el cual sirve como base para el modelo SIR:

- La población se mantiene constante, es decir, no se tienen en cuenta los nacimientos y muertes que se producen a lo largo del desarrollo de la enfermedad. Si denotamos por N a la población total de individuos tenemos que la suma del número de individuos de cada uno de los 3 grupos es igual al total de la población:

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

- La enfermedad se transmite por contacto directo entre las personas.

- En cuanto un individuo es infectado pasa a estar en el grupo de los infectados.
- Los individuos del grupo I(t) se acaban recuperando de la enfermedad y adquieren la inmunidad o mueren (pasando en ambos casos al grupo $R(t)$).
- La tasa de infección, que determina el número de individuos por unidad de tiempo que se transfieren del compartimento de susceptibles al de infectados, es proporcional al producto $S(t)I(t)$.

Formulación del modelo SIR

A partir de las hipótesis dadas en la introducción formularemos el modelo. La tasa de infección viene dada por $\beta S(t)I(t)$ donde β es la tasa per-cápita de transmisión de la enfermedad. Los individuos infectados padecerán la enfermedad durante un periodo de tiempo determinado hasta recuperarse y adquirir la inmunidad o morir.

El flujo de paso del compartimento de infectados al de retirados viene determinado por $\gamma I(t)$ donde $\gamma > 0$ es la tasa de recuperación. Podemos representar el sistema de EDO's que describe el modelo SIR mediante los compartimentos S, I, R y los flujos de entrada y salida como se muestra en la Figura 1.1.



Figura 1.1: ESQUEMA DEL MODELO SIR

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta SI \ ; \ S(0) = S_0 > 0 \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - \gamma I \ ; \ I(0) = I_0 > 0 \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I \ ; \ R(0) = 0 \end{aligned} \tag{1.15}$$

donde el parámetro $\beta > 0$ es la tasa de contagio de la enfermedad y $\gamma > 0$ es la tasa de recuperación ; además que la población inicial esta dado por $N = S + I + R$ la cual se mantiene constante durante el tiempo y claramente de (1.15) se obtiene que $\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0$.

Nos limitaremos hasta este punto, para más información sobre el estudio analítico de este modelo básico SIR se puede revisar la siguiente referencia [16].

1.4.1. Modelo SIR con dinámica vital

En la matematización de una enfermedad o epidemia, se suele a recurrir como base al modelo SIR, ya sea para periodos cortos o largos, según la complejidad del modelo.

A partir del modelo planteado por Kermarck y McKendrick se reformuló este modelo SIR básico, y se incluyo los nacimientos y muertes de una población,lo cual aún sigue siendo elemental pero nos ayuda a tener una mejor visión en la dinámica de alguna enfermedad.

Formulación del modelo

Este modelo SIR con nacimientos y muertes (natural y por una enfermedad) con población constante, estará formado por las siguientes ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= b - \beta SI - \mu S \ ; \ S(0) = S_0 \\ \frac{dI}{dt} &= \beta SI - (\mu + \mu_e + \gamma)I \ ; \ I(0) = I_0 \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R \ ; \ R(0) = R_0 \end{aligned} \tag{1.16}$$

Como se mensionó este modelo tiene población constante, es decir al sumar las ecuaciones de (1.16) resulta ser cero, es decir se obtendría que $\frac{S}{dt} + \frac{I}{dt} + \frac{R}{dt} = \frac{N}{dt} = 0$ por lo tanto diremos que $b = \mu N$ y además que $N = S(t) + I(t) + R(t)$ es constante y además los parámetros no negativos de este modelo serán:

- b: tasa de nacimiento.
- μ: tasa de mortalidad natural.
- μ_e: tasa de mortalidad por la enfermedad.
- β : tasa de contagio de la enfermedad.
- γ: tasa de recuperación de las personas infectadas.

Podemos representar el sistema de EDO's que describe el modelo SIR mediante los compartimentos S, I, R y los flujos de entrada y salida como se muestra en la Figura 1.2.

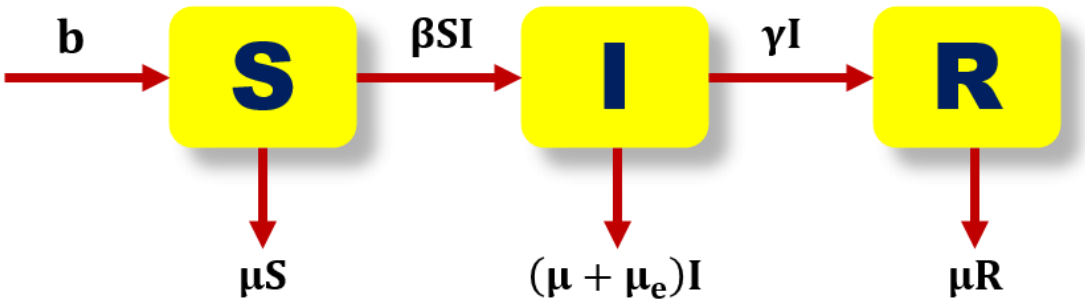

Figura 1.2: ESQUEMA DEL MODELO SIR CON DINÁMICA VITAL

2 Problema principal

En este capítulo se estudiaremos nuestro modelo matemático ,el cual se basa del modelo propuesto por Kermarck y Mackendrick [8], el modelo SIR . El cual presentará algunas variaciones en sus parámetros y agregando un compartimento, que es el de la población de patógenos, relacionado al virus que se encuentra en el medio ambiente.

2.1. Modelo SIR-P

En este estudio, se pretende modelar la propagación y transmisión de una enfermedad infecciosa, considerando dos poblaciones que interactuan entre sí, la población humana y el patógeno, en el caso de la población humana es la que hospeda al patógeno.

Además la población humana total con respecto al tiempo t es denotada como $N(t)$, la cual estará subdividida por comparticiones de la siguiente manera: Susceptible $S(t)$, Infeccioso $I(t)$ y Recuperado $R(t)$. El patógeno que se encuentra en el medio ambiente, lo denotaremos como $P(t)$.

Es decir nuestra población humana total, está dada por:

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

En este modelo consideraremos dos formas de contagios:

- De humano infectado a humano susceptible, y
- Del medio ambiente a humano susceptible .

Donde las tasas de transmisión de contagio son respectivamente $\dfrac{\beta_1 SI}{k_1 + I}$ y $\dfrac{\beta_2 SP}{k_2 + P}$.

Dado que se sabe que el patógeno $P(t)$ sobrevive en el medio ambiente durante algunos días, es probable que los individuos susceptibles $S(t)$ en contacto cercano con este medio se expongan a estos patógenos aumentando la tasa de propagación del virus. En el proceso de propagación de la enfermedad, el individuo susceptible se traslada a la población infectada $I(t)$ ya que el hospedador tiene un período de incubación .

$P(t)$ es el número o cantidad de patógenos presentes durante la interacción de los seres humanos en el tiempo t. La mayoría de los individuos infectados se recuperan y se trasladan a la población humana recuperada R (t).

El modelo compartimental que representa la interacción entre la población humana y los patógenos en el medio ambiente se muestra en la Figura 2.1.

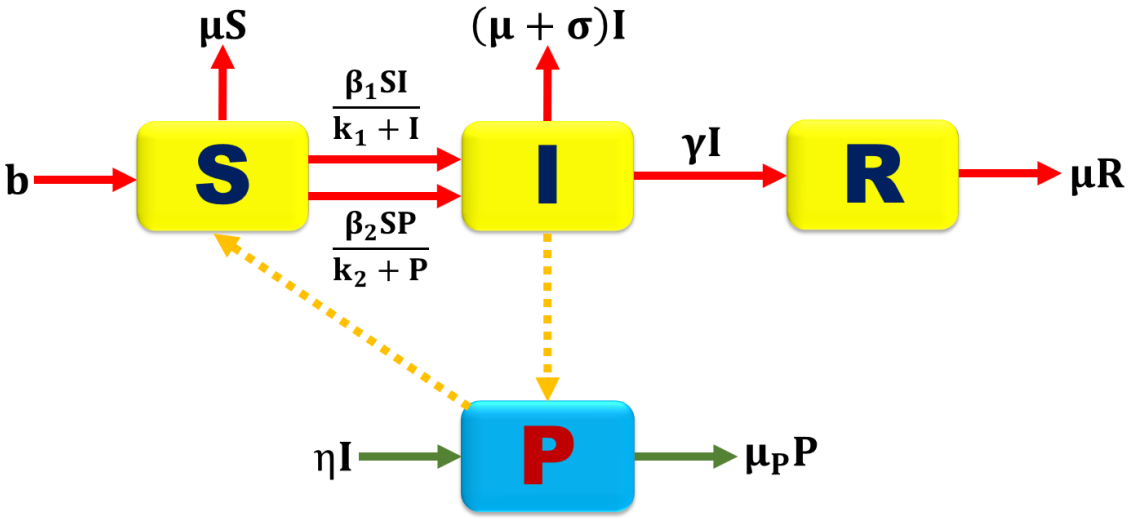

Figura 2.1: ESQUEMA DEL MODELO SIR-P

Ahora describiremos las ecuaciones del modelo matemático $SIR-P$, cuyo sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales, esta representado de la siguiente forma:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= b - \frac{\beta_1 SI}{k_1 + I} - \frac{\beta_2 SP}{k_2 + P} - \mu S \\
\frac{dI}{dt} &= \frac{\beta_1 SI}{k_1 + I} + \frac{\beta_2 SP}{k_2 + P} - (\mu + \gamma + \sigma) I \\
\frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R \\
\frac{dP}{dt} &= \eta I - \mu_p P
\end{aligned} \tag{2.2}$$

Con los siguientes parámetros:

- b: tasa de natalidad de la población humana.
- μ: tasa de mortalidad natural.
- β_1: tasa de contagio por el contacto de un Infectado I(t).
- β_2: tasa de contagio por el contacto del patógeno P(t), presente en el medio ambiente y superficies.
- γ : tasa de recuperación.
- k_1 : proporción de interacción por contacto con un Infectado I(t)
- k_2 : proporción de interacción por contacto del Patógeno P(t) en el medio ambiente y superficies.
- σ : tasa de mortalidad por la enfermedad.
- η : tasa de propagación del patógeno por los Infectados.
- μ_p : tasa de mortalidad del patógeno.

2.2. Análisis de estabilidad

En las dos primeras ecuaciones del sistema (2.2), observamos que el compartimento de los Recuperados $R(t)$ no aparece,por lo tanto por simplicidad podemos omitirlo, es decir $R(t) = N(t) - S(t) - I(t)$.

Así pues el análisis de nuestro problema se centrará en el siguiente modelo reducido:

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} &= b - \frac{\beta_1 IS}{k_1 + I} - \frac{\beta_2 PS}{k_2 + P} - \mu S \\
\frac{dI}{dt} &= \frac{\beta_1 IS}{k_1 + I} + \frac{\beta_2 PS}{k_2 + P} - (\mu + \gamma + \sigma)I \\
\frac{dP}{dt} &= \eta I - \mu_p P
\end{aligned} \tag{2.3}$$

Ahora para encontrar los puntos de equilibrio de nuestro modelo, procederemos a igualar a cero , a cada ecuación de (2.3) y resolver dicho sistema:

$$\begin{aligned}
b - \frac{\beta_1 IS}{k_1 + I} - \frac{\beta_2 PS}{k_2 + P} - \mu S = 0 \\
\frac{\beta_1 IS}{k_1 + I} + \frac{\beta_2 PS}{k_2 + P} - (\mu + \gamma + \sigma)I = 0 \\
\eta I - \mu_p P = 0
\end{aligned} \tag{2.4}$$

En el caso del punto de equilibrio libre de enfermedad esto ocurre cuando $I(t) = 0$ y $P(t) = 0$, es decir:

$$b - \mu S = 0$$

$$\Rightarrow \quad S = \frac{b}{\mu} \tag{2.5}$$

por lo cual nuestro punto de equilibrio libre de enfermedad es $E_0 = (\frac{b}{\mu}; 0; 0)$ para el modelo (2,3).

2.2.1. Positividad y acotación del modelo

Teorema 2.1. Sea el conjunto

$$\Omega = \{(S(t), I(t), P(t)) \in \mathbf{R}^3_+ \cup \{0\} : \ S(t) + I(t) \leq \frac{b}{\mu} \ \wedge \ P(t) \leq \frac{\eta b}{\mu_p \mu} \ , \ t \geq 0\}$$

es para el sistema (2.3) una región positivamente invariante. ¡

Demostración. De nuestro sistema (2.3),veamos si es positivamente invariante:

- Considerando $N = S + I$ y sumando las dos primeras ecuaciones de nuestro

sistema (2.3) obtenemos

$$\begin{aligned}
\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} &= b - \mu S - (\mu + \gamma + \sigma)I \\
\frac{dN}{dt} &\leq b - \mu N \\
\frac{dN}{dt} + \mu N &\leq b \\
\frac{d}{dt}[Ne^{\mu t}] &\leq be^{\mu t} \\
\int_0^t \frac{d}{d\tau}[Ne^{\mu \tau}]\, d\tau &\leq \int_0^t be^{\mu \tau}\, d\tau \\
N(t)e^{\mu t} - N(0) &\leq \frac{b}{\mu}e^{\mu t} - \frac{b}{\mu} \\
N(t) &\leq \frac{b}{\mu} + [N(0) - \frac{b}{\mu}]e^{-\mu t} \\
N(t) &\leq \frac{b}{\mu}
\end{aligned}$$

- Ahora veamos si es positivamente invariante con respecto a la población de los patógenos,es decir de la tercera ecuación de nuestro sistema (2.3)

$$\begin{aligned}
\frac{dP}{dt} &= \eta I - \mu_p P \\
\frac{dP}{dt} + \mu_p P &= \eta I \\
\frac{dP}{dt} + \mu_p P &\leq \eta \frac{b}{\mu} \\
\frac{d}{dt}[Pe^{\mu_p t}] &\leq \eta \frac{b}{\mu} e^{\mu_p t} \\
\int_0^t \frac{d}{d\tau}[Pe^{\mu_p \tau}]\, d\tau &\leq \int_0^t \frac{b}{\mu} e^{\mu_p \tau}\, d\tau \\
P(t)e^{\mu_p t} - P(0) &\leq \frac{\eta b}{\mu \mu_p} e^{\mu_p t} - \frac{\eta b}{\mu \mu_p} \\
P(t) &\leq \frac{\eta b}{\mu \mu_p} + [P(0) - \frac{\eta b}{\mu \mu_p}]e^{-\mu_p t} \\
P(t) &\leq \frac{\eta b}{\mu \mu_p}
\end{aligned}$$

□

2.2.2. Número Básico de Reproducción ($\mathcal{R}_0$)

Para nuestro modelo planteado,usaremos como herramienta para el cálculo del $\mathcal{R}_0$,la Matriz de la Próxima Generación [9]. Supongamos que $x = (I, P)^T$, luego del sistema (2.3), se tiene que:

$$\frac{dx}{dt} = \mathcal{F} - \mathcal{V}$$

Donde:

$$\mathcal{F} = \begin{pmatrix} \dfrac{\beta_1 IS}{k_1 + I} + \dfrac{\beta_2 PS}{k_2 + P} \\ 0 \end{pmatrix} \qquad \mathcal{V} = \begin{pmatrix} (\mu + \gamma + \sigma)I \\ -\eta I + \mu_p P \end{pmatrix}$$

Teniendo en cuenta que $C = \mu + \gamma + \sigma$, obtenemos que:

$$F = J[\mathcal{F}(E_0)] = \begin{pmatrix} \dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} & \dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \qquad V = J[\mathcal{V}(E_0)] = \begin{pmatrix} C & 0 \\ -\eta & \mu_p \end{pmatrix} \tag{2.6}$$

Ahora calculemos la inversa de V, es decir:

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \dfrac{1}{C} & 0 \\ \dfrac{\eta}{\mu_p C} & \dfrac{1}{\mu_p} \end{pmatrix} \tag{2.7}$$

$$\Rightarrow FV^{-1} = \begin{pmatrix} \dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} & \dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ 0 & 0 \end{pmatrix} \begin{pmatrix} \dfrac{1}{C} & 0 \\ \dfrac{\eta}{\mu_p C} & \dfrac{1}{\mu_p} \end{pmatrix}$$

Entonces la matriz de la próxima generación para el sistema (2.3) esta dado por :

$$K = FV^{-1} = \begin{pmatrix} \dfrac{\beta_1 b}{\mu C k_1} + \dfrac{\beta_2 b\eta}{\mu\mu_p C k_2} & \dfrac{\beta_2 b}{\mu\mu_p k_2} \\ 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Por lo tanto el radio espectral de la matriz $K = FV^{-1}$, es el número de reproducción básica, es decir $\mathcal{R}_0 = \rho(FV^{-1})$, entonces:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta_1 b}{\mu C k_1} + \frac{\beta_2 b\eta}{\mu\mu_p C k_2} \tag{2.8}$$

Denotando:

$$\mathcal{R}_0^H = \frac{\beta_1 b}{\mu C k_1}$$
$$\mathcal{R}_0^P = \frac{\beta_2 b\eta}{\mu\mu_p C k_2}$$

Entonces es preciso indicar que $\mathcal{R}_0^H$ esta vinculada a la transmisión directa y $\mathcal{R}_0^P$ esta relacionada a la transmisión indirecta.Si alguno de ellos es mayor que uno, entonces el número de reproducción básico $\mathcal{R}_0 > 1$, esto enfatiza el hecho de que para reducir la propagación del virus, se deben controlar todas las vías de transmisión.

Se puede observar que en los cálculos anteriores, el término ηI no se consideró como un nuevo término de infección. Si se considera así, siguiendo el mismo procedimiento

de la matriz de la próxima generación , la expresión del número de reproducción básico vendrá dada por

$$\widehat{\mathcal{R}_0} = \frac{\mathcal{R}_0^H + \sqrt{[\mathcal{R}_0^H]^2 + 4\mathcal{R}_0^P}}{2}$$

Sin embargo, se puede concluir que las dos expresiones del número de reproducción básico tienen el mismo umbral que el anterior, pues se cumple que $\mathcal{R}_0 > 1$ siempre que $\mathcal{R}_0^H + \mathcal{R}_0^P > 1$; lo que nos ayuda a verificar relevancia de controlar todas las formas de transmisión, ya sea por contagio con un infectado o por contacto con el patógeno a través de una superficie contaminada o aerosoles.

2.2.3. Existencia del punto de equilibrio endémico

Para encontrar el punto de equilibrio endémico tenemos que resolver en función del sistema mencionado en (2.4), es decir

$$\begin{aligned} b - \frac{\beta_1 I^* S^*}{k_1 + I^*} - \frac{\beta_2 P^* S^*}{k_2 + P^*} - \mu S^* &= 0 \\ \frac{\beta_1 I^* S^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^* S^*}{k_2 + P^*} - (\mu + \gamma + \sigma) I^* &= 0 \\ \eta I^* - \mu_p P^* &= 0 \end{aligned}$$

lo cual obtendremos respectivamente de la tercera ecuación y sumando la primera con la segunda la ecuación,lo siguiente :

$$P^* = \frac{\eta I^*}{\mu_p} \quad \wedge \quad S^* = \frac{b - CI^*}{\mu} \tag{2.9}$$

Claramente observamos que lo obtenido en (2.9) está en función de $I^*, (I^* \neq 0)$,ahora reemplazando en la primera ecuación,tendremos lo siguiente:

$$\begin{aligned} 0 =& b - \frac{\beta_1 I^* S^*}{k_1 + I^*} - \frac{\beta_2 P^* S^*}{k_2 + P^*} - \mu S^* \\ 0 =& (b - \mu S^*)(k_1 + I^*)(k_2 + P^*) - \beta_1 I^* S^* (k_2 + P^*) - \beta_2 P^* S^* (k_1 + I^*) \\ 0 =& \mu C (k_1 + I^*)(\mu_p k_2 + \eta I^*) - \beta_1 (b - CI^*)(\mu_p k_2 + \eta I^*) - \beta_2 \eta (b - CI^*)(k_1 + I^*) \end{aligned}$$

Resolviendo,nos queda la siguiente ecuación de segundo grado:

$$a_1 {I^*}^2 + a_2 I^* + a_3 = 0 \tag{2.10}$$

Donde:

- $a_1 = C\eta(\mu + \beta_1 + \beta_2)$
- $a_2 = \mu C \eta k_1 (1 - \mathcal{R}_0^H) + \mu \mu_p C k_1 k_2 (1 - \mathcal{R}_0^P) + C(\beta_1 \mu_p k_2 + \beta_2 \eta k_1)$
- $a_3 = \mu \mu_p C k_1 k_2 (1 - \mathcal{R}_0^H - \mathcal{R}_0^P)$

La solución de la ecuación (2.10) esta dado por

$$I^*_{1;2} = \frac{-a_2 \pm \sqrt{a_2^2 - 4a_1 a_3}}{2a_1}$$

Analizando cada caso:

- **Caso 1** ($\mathcal{R}_0 < 1$)**.** Tenemos que los coeficientes $a_1 > 0$ y $a_3 > 0$, por lo cual es evidente que si $a_2 \geq 0$ no tendrá raíces reales positivas, es decir el modelo no tiene punto de equilibrio endémico bajo estas condiciones.

- **Caso 2** ($\mathcal{R}_0 = 1$)**.** Observamos que $a_1 > 0$,tambien es evidente que $a_2 > 0$ y además $a_3 = \mu\mu_p Ck_1k_2(1 - \mathcal{R}_0^H - \mathcal{R}_0^P) = \mu\mu_p Ck_1k_2(1 - \mathcal{R}_0) = 0$,entonces para este caso tambien se comprueba que no tendrá raices reales positivas, es decir el modelo no tiene punto de equilibrio endémico bajo estas condiciones

- **Caso 3** ($\mathcal{R}_0 > 1$)**.** Tenemos que los coeficientes $a_1 > 0$ y $a_3 < 0$, por lo tanto $a_2^2 - 4a_1a_3 > 0$, es decir tiene raíces reales y diferentes, pero en este caso es indiferente el valor que tome el a_2 pues en cualquier caso se obtendría una única raíz real positiva. Es decir, el modelo (2.2) posee un único punto de equilibrio endémico.

2.2.4. Estabilidad local

En esta parte del trabajo,los siguientes resultados nos ayudará a asegurar que nuestro modelo planteado es estable localmente en sus puntos de equilibrio.

Teorema 2.2. Si $\mathcal{R}_0 < 1$,entonces el modelo (2.3) para el caso del punto de equilibrio libre de enfermedad es localmente estable, en caso contrario es inestable para $\mathcal{R}_0 > 1$.

Demostración. Para E_0 la matriz jacobiana $\mathcal{J}(E_0)$ del sistema (2.3) esta dado por

$$\mathcal{J}(E_0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} & -\dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ 0 & \dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} - C & \dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ 0 & \eta & -\mu_p \end{pmatrix}$$

Calculando ahora el polinomio característico asociado a $\mathcal{J}(E_0)$,obtenemos lo siguiente

$$P(\lambda) = det(\mathcal{J}(E_0) - \lambda I) = \begin{vmatrix} -\mu - \lambda & -\dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} & -\dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ 0 & \dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} - C - \lambda & \dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ 0 & \eta & -\mu_p - \lambda \end{vmatrix}$$

$$P(\lambda) = -(\lambda+\mu)[\lambda^2+(\frac{\mu Ck_1 - \beta_1 b + \mu\mu_p k_1}{\mu k_1})\lambda+\frac{\mu\mu_p Ck_1k_2 - \beta_1 b\mu_p k_2 - \beta_2 b\eta k_1}{\mu k_1 k_2}] \quad (2.11)$$

0bservamos que claramente $\lambda_1 = -\mu < 0$ es un autovalor del polinomio característico, además sabemos que para garantizar la estabilidad local de nuestro modelo dichos autovalores deben tener parte real no positiva, en el caso de los otros dos autovalores usaremos el criterio de Routh-Hurwitz [6],[10];para determinar bajo que condiciones el tiene raices con parte real no positiva, lo cual obtendremos que

- $\dfrac{\mu Ck_1 - \beta_1 b + \mu\mu_p k_1}{\mu k_1} > 0 \Rightarrow \mu Ck_1 + \mu\mu_p k_1 > \beta_1 b$

  $\Rightarrow 1 + \mu_p > \mathcal{R}_0^H$

- $\dfrac{\mu\mu_p C k_1 k_2 \beta_1 b\mu_p k_2 + \beta_2 b\eta k_1}{\mu k_1 k_2} > 0$

  $\Rightarrow \mu\mu_p C k_1 k_2 > \beta_1 b\mu_p k_2 + \beta_2 b\eta k_1$

  $\Rightarrow 1 > \mathcal{R}_0^H + \mathcal{R}_0^P$

  $\Rightarrow \mathcal{R}_0 < 1$

Por lo cual se demuestra que E_0 es localmente estable.Si $\mathcal{R}_0 > 1$ diremos que E_0 es inestable. □

Teorema 2.3. El punto de equilibrio endémico $E_1^*(S^*, I^*, P^*)$ es localmente estable si satisfacen las siguientes desigualdades (2.12),(2.13) y (2.14):

$$\frac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2} < N_1 \tag{2.12}$$

$$\begin{aligned} &\frac{\beta_1 S^* k_1 \mu_p C}{(k_1 + I^*)^2} + [\frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} + \mu)][\frac{\beta_1 S^* k_1(\mu_p + C)}{(k_1 + I^*)^2} + \mu_p C] \\ &+[\mu + \mu_p + C + \frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*}][\frac{\beta_1 S^* k_1(\mu + \mu_p)}{(k_1 + I^*)^2} + \frac{\beta_2 S^* k_2 \eta}{(k_2 + P^*)^2}] < N_2 \end{aligned} \tag{2.13}$$

$$\frac{\beta_1 S^* k_1 \mu\mu_p}{(k_1 + I^*)^2} + \frac{\beta_2 S^* k_2 \eta\mu}{(k_2 + P^*)^2} < N_3 \tag{2.14}$$

Donde

$$N_1 = \mu + \mu_p + C + \frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*}$$

$$\begin{aligned} N_2 = {} & [\mu + \mu_p + C + \frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*}][\mu_p C + (\mu_p + C)(\frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} + \mu)] \\ & + \frac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2}[\frac{\beta_1 S^* k_1(\mu + \mu_p)}{(k_1 + I^*)^2} + \frac{\beta_2 S^* k_2 \eta}{(k_2 + P^*)^2}] + \frac{\beta_1 S^* k_1 \mu\mu_p}{(k_1 + I^*)^2} + \frac{\beta_2 S^* k_2 \mu\eta}{(k_2 + P^*)^2} \end{aligned}$$

$$N_3 = (\frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} + \mu)\mu_p C$$

Demostración. Para E_1 la matriz jacobiana $\mathcal{J}(E_1)$ el sistema (2.3) esta dado por

$$\mathcal{J}(E_1) = \begin{pmatrix} -\mu - \dfrac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} - \dfrac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} & -\dfrac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2} & -\dfrac{\beta_2 S^* k_2}{(k_2 + P^*)^2} \\ \dfrac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \dfrac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} & \dfrac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2} - C & \dfrac{\beta_2 S^* k_2}{(k_2 + P^*)^2} \\ 0 & \eta & -\mu_p \end{pmatrix}$$

Calculando ahora el polinomio característico asociado a $\mathcal{J}(E_1)$,obtenemos lo siguiente

$$P(\lambda) = det(\mathcal{J}(E_1) - \lambda I) = \begin{vmatrix} -\mu - \frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} - \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} - \lambda & -\frac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2} & -\frac{\beta_2 S^* k_2}{(k_2 + P^*)^2} \\ \frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_2 + P^*} & \frac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2} - C - \lambda & \frac{\beta_2 S^* k_2}{(k_2 + P^*)^2} \\ 0 & \eta & -\mu_p - \lambda \end{vmatrix}$$

$$\Rightarrow \quad P(\lambda) = \begin{vmatrix} -\mu - Z_1 - \lambda & -Z_2 & -Z_3 \\ Z_1 & Z_2 - C - \lambda & Z_3 \\ 0 & \eta & -\mu_p - \lambda \end{vmatrix}$$

$$\Rightarrow \quad P(\lambda) = \begin{vmatrix} -(\mu + Z_1 + \lambda) & 0 & -[Z_3 + (\frac{\mu_p + \lambda}{\eta}) Z_2] \\ -(\mu + \lambda) & -(C + \lambda) & 0 \\ 0 & \eta & -(\mu_p + \lambda) \end{vmatrix}$$

Donde:

$$Z_1 = \frac{\beta_1 I^*}{k_1 + I^*} + \frac{\beta_2 P^*}{k_1 + P^*}$$
$$Z_2 = \frac{\beta_1 S^* k_1}{(k_1 + I^*)^2}$$
$$Z_3 = \frac{\beta_2 S^* k_2}{(k_2 + P^*)^2}$$

Realizando los cálculos respectivos, obtenemos

$$P(\lambda) = \lambda^3 + \alpha_1 \lambda^2 + \alpha_2 \lambda + \alpha_3 = 0 \tag{2.15}$$

Donde:

$$\alpha_1 = (\mu + \mu_p + C + Z_1) - Z_2$$

$$\alpha_2 = [\mu_p C + (\mu_p + C)(Z_1 + \mu)] - [Z_2(\mu + \mu_p) + Z_3 \eta]$$

$$\alpha_3 = \mu_p C(Z_1 + \mu) - [\mu \mu_p Z_2 + \eta \mu Z_3]$$

Por el criterio de Routh Hurwitz, analizaremos la estabilidad de la ecuación (2.15) para asegurarnos que sus raíces tengan parte real negativa.

$$\begin{array}{c|cc} \lambda^3 & 1 & \alpha_2 \\ \lambda^2 & \alpha_1 & \alpha_3 \\ \lambda^1 & b_1 & b_2 \\ \lambda^0 & c_1 & \end{array}$$

en la primera columna del arreglo de Routh debemos asegurarnos que no haya cambios de signos es decir debemos asegurar que $\alpha_1 > 0$, $b_1 > 0$ y $c_1 > 0$,donde:

$$b_1 = \frac{\alpha_1\alpha_2 - \alpha_3}{\alpha_1} \qquad \wedge \qquad c_1 = \alpha_3$$

Bajo estas condiciones se demuestra que el punto de equilibrio endémico $E_1 = (S^*, I^*, P^*)$ es localmente estable si satisfacen las ecuaciones (2.12),(2.13) y (2.14).

□

2.2.5. Estabilidad Global del punto de equilibrio E_0

Teorema 2.4. Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$,entonces el punto de equilibrio libre de enfermedad E_0 del modelo (2.2) es globalmente estable.

Demostración. Consideremos en primer lugar las matrices F y V mencionadas en la ecuación (2.6), además recordar que la matriz inversa esta dado por (2.7).

También podemos observar que $F \geq 0$ y $V^{-1} \geq 0$. Además se tiene que $x^T = (I, P)$ y $y^T = (S, R)$,lo cual nos permite expresar los compartimentos de la enfermedad de la siguiente manera

$$x' = (F - V)x - f(x, y)$$

Donde definimos $f(x, y)$ de la siguiente forma

$$f(x,y) = (F-V)x - \mathcal{F}(x,y) + \mathcal{V}(x,y)$$

$$= \begin{pmatrix} -C + \dfrac{\beta_1 b}{\mu k_1} & \dfrac{\beta_2 b}{\mu k_2} \\ \eta & -\mu_p \end{pmatrix} \begin{pmatrix} I \\ P \end{pmatrix} - \begin{pmatrix} \dfrac{\beta_1 IS}{k_1 + I} + \dfrac{\beta_2 PS}{k_2 + P} \\ 0 \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} CI \\ -\eta I + \mu_p P \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} -CI + \dfrac{\beta_1 bI}{\mu k_1} + \dfrac{\beta_2 bP}{\mu k_2} \\ \eta I - \mu_p P \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} CI - \dfrac{\beta_1 IS}{k_1 + I} - \dfrac{\beta_2 PS}{k_2 + P} \\ -\eta I + \mu_p P \end{pmatrix}$$

$$= \begin{pmatrix} \beta_1 I \left[\dfrac{b}{\mu k_1} - \dfrac{S}{K_1 + I} \right] + \beta_2 P \left[\dfrac{b}{\mu k_2} - \dfrac{S}{K_2 + P} \right] \\ 0 \end{pmatrix}$$

Se sabe que $S \leq \dfrac{b}{\mu}$, por lo cual se deduce que

- $\dfrac{b}{\mu k_1} - \dfrac{S}{K_1 + I} = \dfrac{(b - S\mu)k_1 + bI}{\mu K_1(K_1 + I)} \geq 0$
- $\dfrac{b}{\mu k_2} - \dfrac{S}{K_2 + P} = \dfrac{(b - S\mu)k + bP}{\mu K_2(K_1 + P)} \geq 0$

Con lo cual podemos ver claramente que $f(x, y) \geq 0$. Con lo cual podemos construir una función de Lyapunov como nos hace referencia el teorema 2.1 en [11],es decir

$$Q(t) = \omega^T V^{-1} x(t) \tag{2.16}$$

Donde ω es el autovector a la izquierda de la matriz no negativa $V^{-1}F$ con autovalor $\mathcal{R}_0$,donde haciendo el cálculo respectivo encontramos que

$$\omega^T = \begin{bmatrix} \dfrac{\beta_1 k_2}{\beta_2 k_1} & 1 \end{bmatrix}$$

Derivando Q de la ecuación (2.16),obtenemos

$$\begin{aligned} Q'(t) &= \omega^T V^{-1} x'(t) \\ &= \omega^T V^{-1} \left[(F - V)x(t) - f(x, y)\right] \\ &= \omega^T V^{-1}(F - V)x(t) - \omega^T V^{-1} f(x, y) \\ &\leq \omega^T (V^{-1}F - I_2)x(t) \end{aligned}$$

Donde

$$\omega^T(V^{-1}F - I_2) = \begin{bmatrix} \dfrac{\beta_1 k_2}{\beta_2 k_1} & 1 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} \mathcal{R}^H - 1 & \dfrac{\mu_p}{\eta}\mathcal{R}^P \\ \dfrac{\eta}{\mu_p}\mathcal{R}^H & \mathcal{R}^P - 1 \end{pmatrix}$$

$$\begin{aligned} &= \begin{bmatrix} \dfrac{\beta_1 k_2}{\beta_2 k_1}(\mathcal{R}_0 - 1) & (\mathcal{R}_0 - 1) \end{bmatrix} \\ &= (\mathcal{R}_0 - 1) \begin{bmatrix} \dfrac{\beta_1 k_2}{\beta_2 k_1} & 1 \end{bmatrix} \end{aligned}$$

De esta última expresión podemos deducir que

$$\Rightarrow Q' \leq (\mathcal{R}_0 - 1)\omega^T x(t)$$

tal que I_2 es la matriz identidad de orden 2. Para demostrar que el punto de equilibrio libre de infección E_0 es globalmente estable, se necesita demostrar que $\mathcal{R}_0 \leq 1$ implica que $x = 0$.

Si $\mathcal{R}_0 < 1$,es evidente que $Q' \leq 0$, pero en el caso particular que $Q' = 0$ esto implica que $x = 0$ por lo tanto $f(0, y) = 0$. Si $\mathcal{R}_0 = 1$, en el caso que $Q' = 0$ implica también que $x = 0$.

Además por el principio de invarianza de LaSalle, teniendo en cuenta que E_0 es el mayor conjunto invariante $\Omega_0 = \{(S, I, R, P) \in \Omega, Q' = 0\}$, se puede concluir que E_0 es un punto atractor, y por lo tanto es globalmente estable cuando $\mathcal{R}_0 \leq 1$. □

2.3. Simulación Numérica

La simulación Numérica es muy útil a la hora de buscar un respaldo a los resultados teóricos, pues nos ayudan a predecir,analizar y tomar medidas que nos permitan anticiparnos a los hechos de una situación modelada matematicamente.

En esta parte mostraremos la simulación numérica del modelo planteado (2.2), haciendo uso del lenguaje de programación Python,para obtener gráficos que nos ayuden a interpretar nuestro modelo.

Los parámetros del Cuadro (2.1) en su mayor parte,han sido tomados de un artículo de Samuel Mwalili [20] y los valores de los parámetros k_1 y k_2 se han asumido, teniendo en cuenta que se ajuste al modelo con respecto a su $\mathcal{R}_0$, además hemos tomado como datos iniciales de cada compartimentos de nuestro modelo, los siguientes valores: $S(0) = 93000, I(0) = 50, R(0) = 0, P(0) = 500$, en este caso inicial el valor del número básico de reproducción será aproximadamente $\mathcal{R}_0 = 0{,}615 < 1$ bajo los parámetros mencionados.

Nombre del parámetro	**Símbolo**	**Valor**
Tasa de Natalidad de la población humana	b	0.00018 $tiempo^{-1}$
Tasa de mortalidad natural de la población humana	μ	0.000046 $tiempo^{-1}$
Tasa de contagio de I(t) a S(t)	β_1	0.0115
Tasa de contagio de P(t) a S(t)	β_2	0.00414
Tasa de recuperación	γ	0.05 $tiempo^{-1}$
Proporción de interacción por contacto con un I(t)	k_1	2
Proporción de interaccipon por contacto con P(t)	k_2	1
Tasa de mortalidad por la enfermedad	σ	0.0018
Tasa de propagación del P(t) en el medio ambiente	η	0.1 $tiempo^{-1}$
Tasa de mortalidad del patógeno	μ_p	0.1724 $tiempo^{-1}$

Cuadro 2.1: Parámetros del modelo.

En la Figura 2.2 observamos parte del código Python que hemos utilizado para este trabajo de simulación, teniendo en cuenta en un primer momento los parametros que hemos hecho referencia en el Cuadro (2.1) y además de las condiciones iniciales $S(0) = 93000$,$I(0) = 50$,$R(0) = 0$ y $P(0) = 500$.

In [1]:
```
b=0.00018
mu=0.000046
beta1=0.0115
beta2=0.00414
gamma=0.05
k1=2
k2=1
sigma=0.0018
eta=0.1
mup=0.1724
R=b*beta1/(mu*(mu+gamma+sigma)*k1)+b*beta2*eta/(mu*mup*(mu+gamma+sigma)*k2)
print(eval('R'))
```

```
0.6152210727951859
```

In [3]:
```
import math
import numpy as np
from scipy.integrate import odeint

def dU_dt(U,t):
 return[b-(beta1*U[0]*U[1]/(k1+U[1]))-(beta2*U[0]*U[3]/(k2+U[3]))-mu*U[0],(beta1*U[0]*U[1]/(k1+U[1]))
        +beta2*U[0]*U[3]/(k2+U[3])-(mu+gamma+sigma)*U[1],gamma*U[1]-mu*U[2],eta*U[1]-mup*U[3]]
U0=[93000,50,0,500]
b,mu,beta1,beta2,gamma,k1,k2,sigma,eta,mup = 0.00018,0.000046,0.0115,0.00414,0.05,2,1,0.0018,0.1,0.1724
ts=np.arange(0,200,0.01)
Us=odeint(dU_dt,U0,ts)
S,I,R,P=Us[:,0],Us[:,1],Us[:,2],Us[:,3]

import matplotlib.pyplot as plt
fig=plt.subplots(figsize=(12,8))
plt.plot(ts,S,linewidth=2.5,label='Susceptible')
plt.plot(ts,I,linewidth=2.5,label='Infectados')
plt.plot(ts,R,linewidth=2.5,label='Recuperados')
plt.plot(ts,P,linewidth=2.5,label='Patógeno')
plt.legend(fontsize=15)
plt.xlabel("Tiempo", size = 16,)
plt.ylabel("Humanos y Patógenos", size = 16)
plt.savefig("ModeloSIRP.jpg")
plt.show()
```

Figura 2.2: Códigos usados para calcular el $\mathcal{R}_0$ y para realizar la simulación

Ahora mostraremos las simulaciones de 4 escenarios de nuestro modelo,haciendo variar los parámetros de las tasas de contagios en un primer momento para luego realizar su respectiva interpretación, y además de mostrar el $\mathcal{R}_0$ y su variación en los diferentes escenarios.

En este primer escenario (Figura 2.3) de la simulación epidemiológica,el cual se está trabajando con respecto a los parámetros iniciales del Cuadro (2.1), se puede observar que el $\mathcal{R}_0^H = 0{,}434$ y el $\mathcal{R}_0^P = 0{,}1812$,es decir $\mathcal{R}_0 = 0{,}6152 < 1$,podemos también indicar que los humanos susceptibles y los humanos recuperados bajan y suben moderamente con el transcurso del tiempo respectivamente,además los humanos infectados llegan a su mayor cantidad el día 33 con un total de 16700 individuos,luego de esto comienzan a descender hasta desaparecer con el transcurso del tiempo.

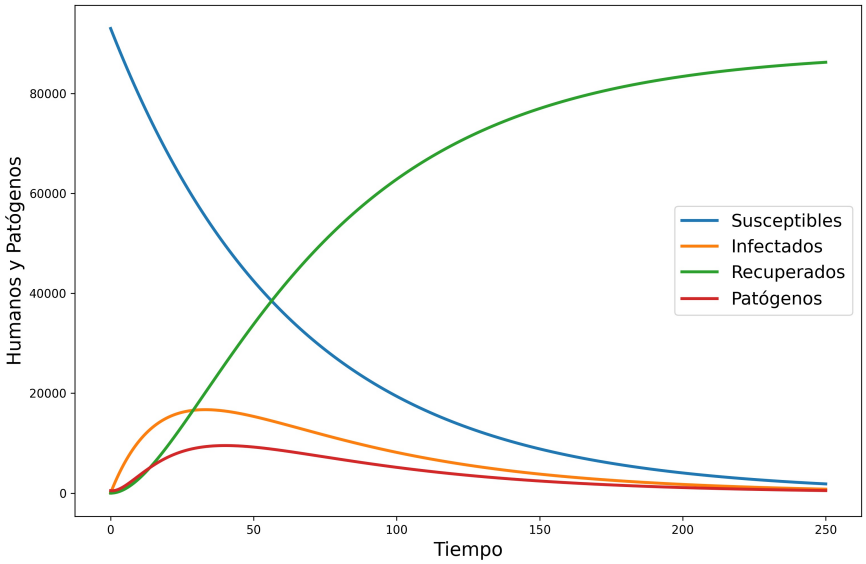

Figura 2.3: Simulación de la población humana con el patógeno, cuando $\mathcal{R}_0 = 0{,}6152$

En este segundo escenario (Figura 2.4),se ha realizado una variación en los parámetros de las tasas de contagio $\beta_1 = 0{,}01$ y $\beta_2 = 0{,}01$ con respecto a los parámetros iniciales del Cuadro (2.1),se puede verificar que en el caso del $\mathcal{R}_0^H = 0{,}3774$ y el $\mathcal{R}_0^P = 0{,}4378$,es decir $\mathcal{R}_0 = 0{,}8152 < 1$,podemos también indicar que los humanos susceptibles y los humanos recuperados bajan y suben moderamente con el transcurso del tiempo, respectivamente aunque un poco más rápido que en el primer escenario,además los humanos infectados llegan a su mayor cantidad el día 30 con un total de 19707 individuos,luego de esto comienzan a descender hasta desaparecer con el transcurso del tiempo.

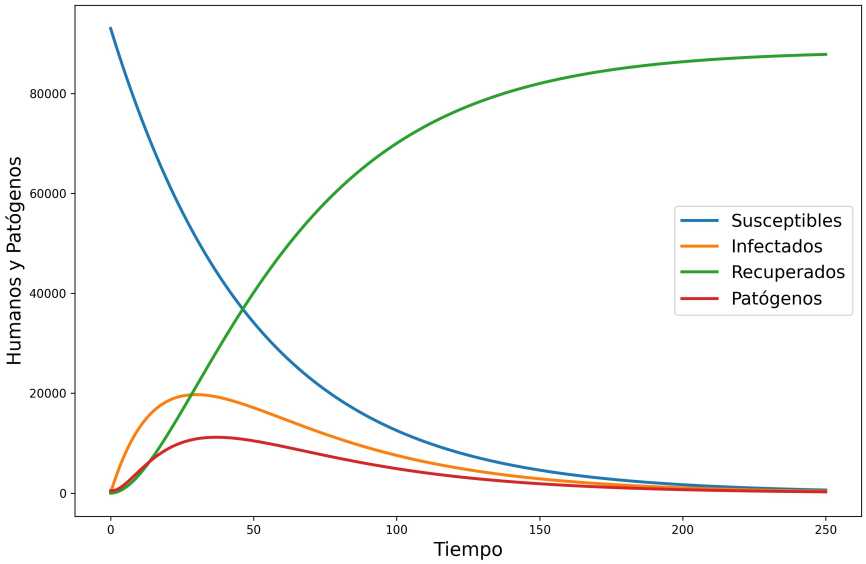

Figura 2.4: Simulación de la población humana con el patógeno, cuando $\mathcal{R}_0 = 0{,}8152$

En este tercer escenario (Figura 2.5),de igual manera se ha realizado una variación en los parámetros de las tasas de contagio $\beta_1 = 0{,}01$ y $\beta_2 = 0{,}02$ con respecto a los parámetros iniciales del Cuadro (2.1),se puede verificar que en el caso del $\mathcal{R}_0^H = 0{,}3774$ y el $\mathcal{R}_0^P = 0{,}8755$,es decir $\mathcal{R}_0 = 1{,}2529 > 1$,podemos también indicar que los humanos susceptibles decaen de manera rápida a comparación de los dos primeros escenarios y los humanos recuperados ascienden significativamente a comparación de los dos escenarios anteriores con el transcurso del tiempo, respectivamente aunque un poco más rápido que en el primer escenario,además los humanos infectados llegan a su mayor cantidad el día 25 con un total de 25370 individuos,luego de esto comenzarán a descender hasta desaparecer con el transcurso del tiempo.

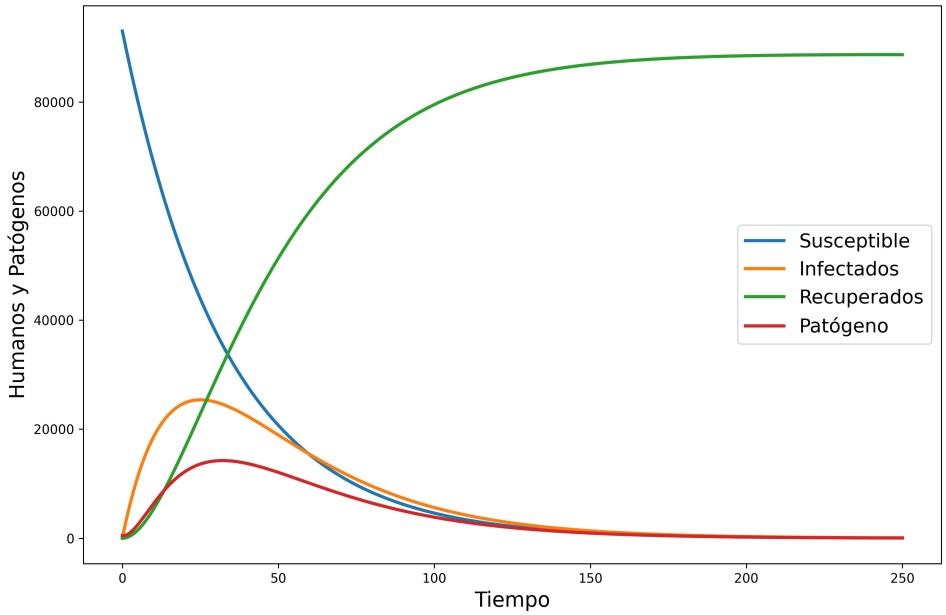

Figura 2.5: Simulación de la población humana con el patógeno, cuando $\mathcal{R}_0 = 1{,}2529$

En este cuarto escenario (Figura 2.6),como se ha mencionado se ha realizado un a modificación en las tasas de contagio $\beta_1 = 0{,}1$ y $\beta_2 = 0{,}05$ con respecto a los parámetros iniciales del Cuadro (2.1), se puede verificar que en el caso del $\mathcal{R}_0^H = 3{,}7737$ y el $\mathcal{R}_0^P = 2{,}1819$,es decir $\mathcal{R}_0 = 5{,}9626 < 1$,se puede observar que el número de susceptible decae considerablemente en los primeros 20 días,además en el caso de los humanos infectados aumenta rápidamente en los primeros días,siendo su máximo valor en el día 11 con 53049 individuos,luego de esto comienza a descender de manera rápida, en cambio los humanos recuperados aumenta de manera rápida con el transcurso del tiempo, respectivamente aunque un poco más rápido que en los anteriores escenarios.

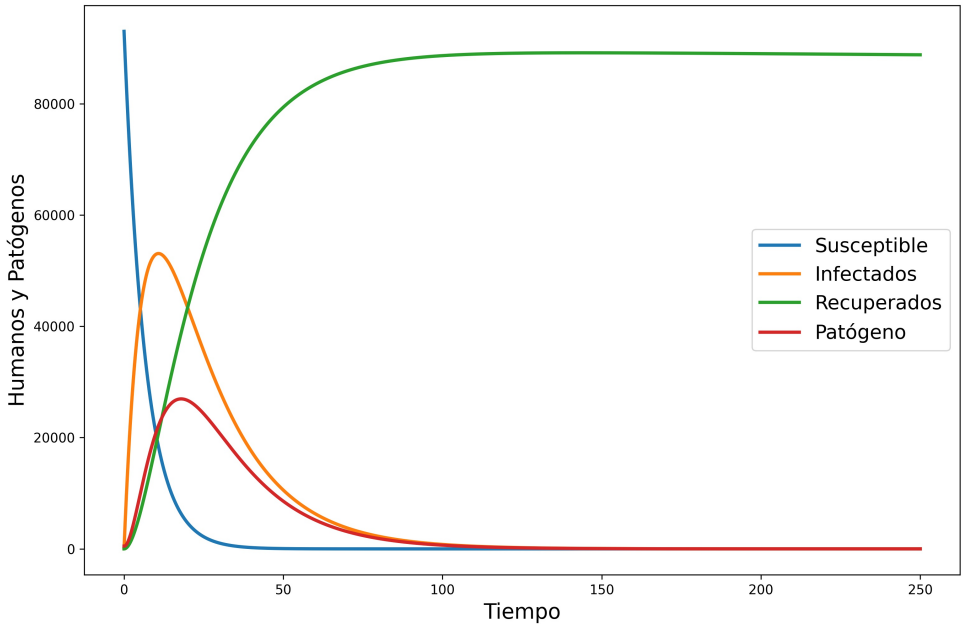

Figura 2.6: Simulación de la población humana con el patógeno, cuando $\mathcal{R}_0 = 5{,}9626$

En las siguientes gráficas (Figura 2.7,2.8,2.9,2.10) se pueden observar mejor cada compartimento (Susceptibles,Infectados,Recuperados y Patógenos) en los 4 escenarios de simulación de nuestro modelo epidemiológico con las variaciones de tasas de contagio que se planteo.

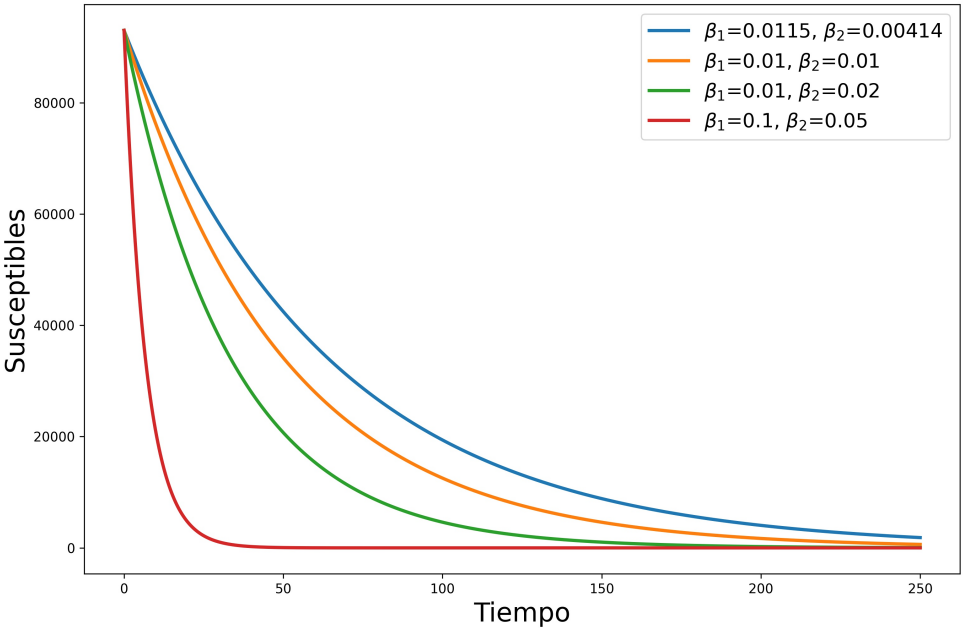

Figura 2.7: Población de Susceptibles variando las tasas de contagios

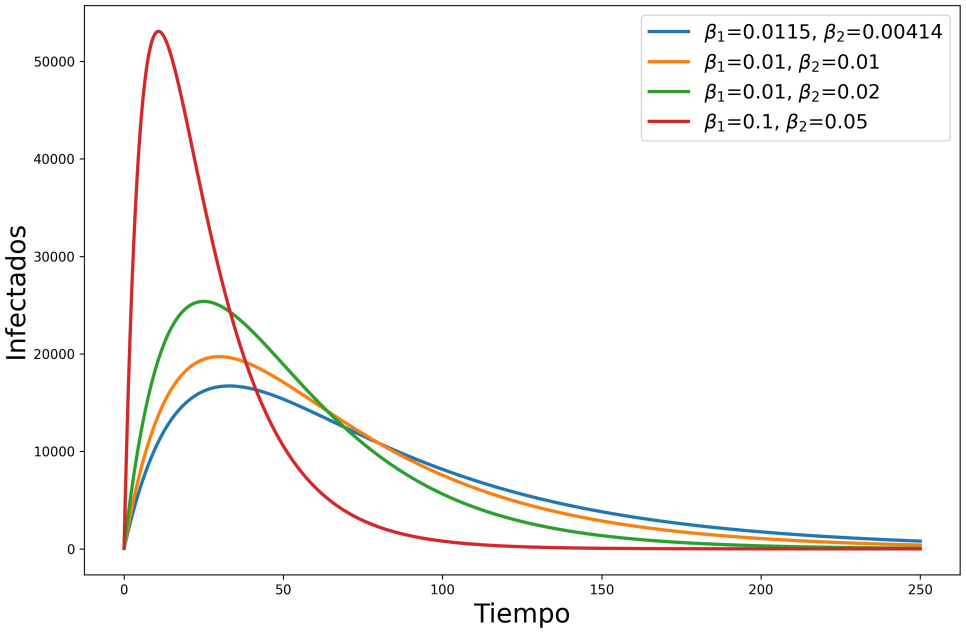

Figura 2.8: Población de Infectados variando las tasas de contagios.

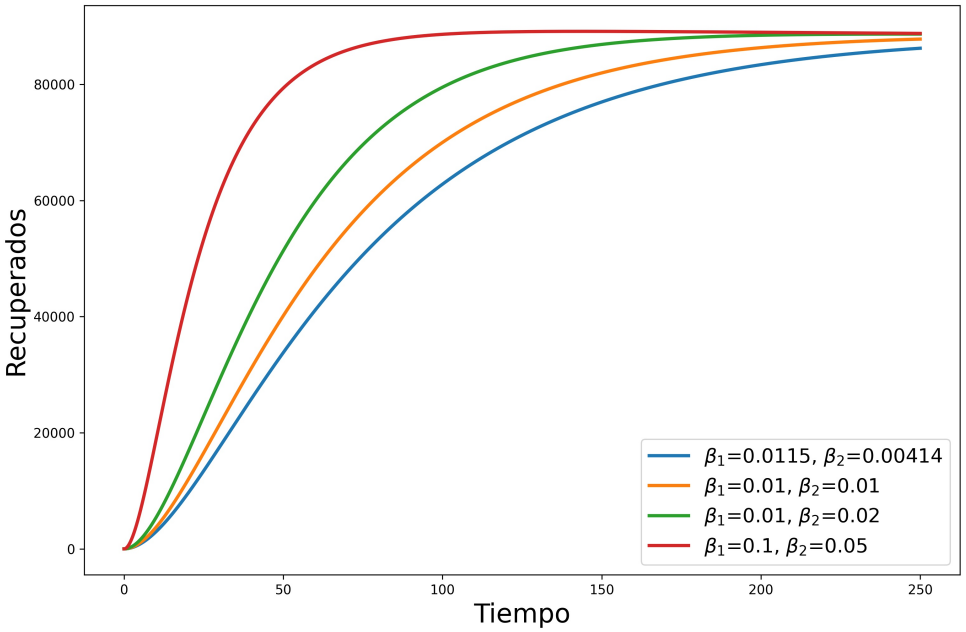

Figura 2.9: Población de Recuperados variando las tasas de contagios.

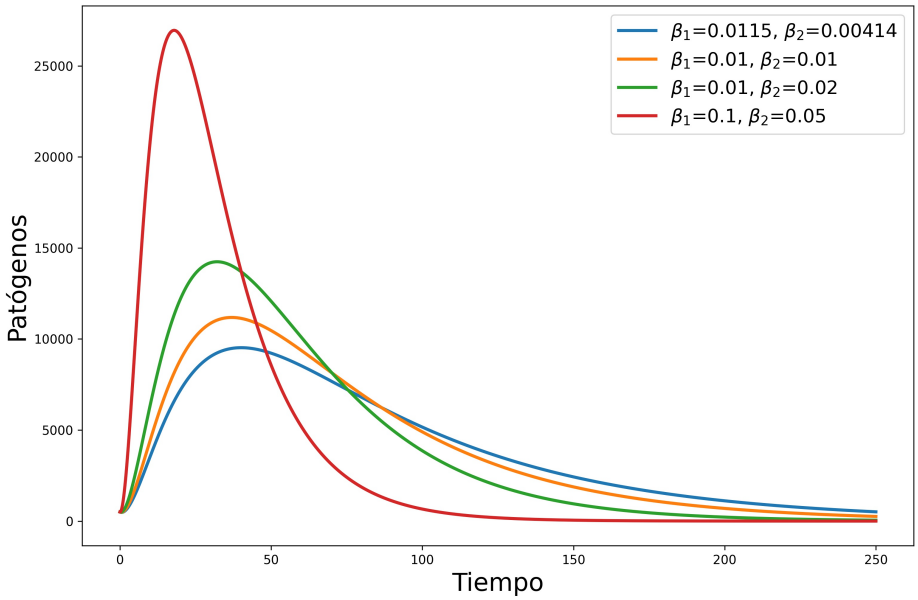

Figura 2.10: Población de Patógenos variando las tasas de contagios.

A parte de la simulación de los 4 escenarios, se quizó observar las consecuencias de la variación de la tasa de recuperación con respecto a los humanos recuperados como se muestra en la Figura 2.11 y también la variación de la tasa de propagación del virus en el medio ambiente,la cual se observa que si hay un cierto impacto en el crecimiento poblacional del patógeno, mientras aumenta dicha tasa como se verifica en la Figura 2.12.

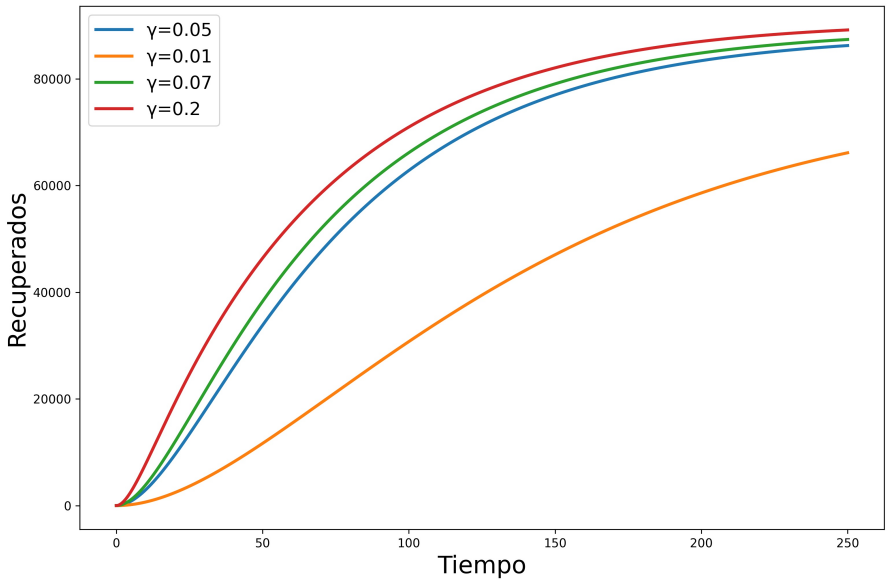

Figura 2.11: Población de Recuperados variando las tasas de recuperación

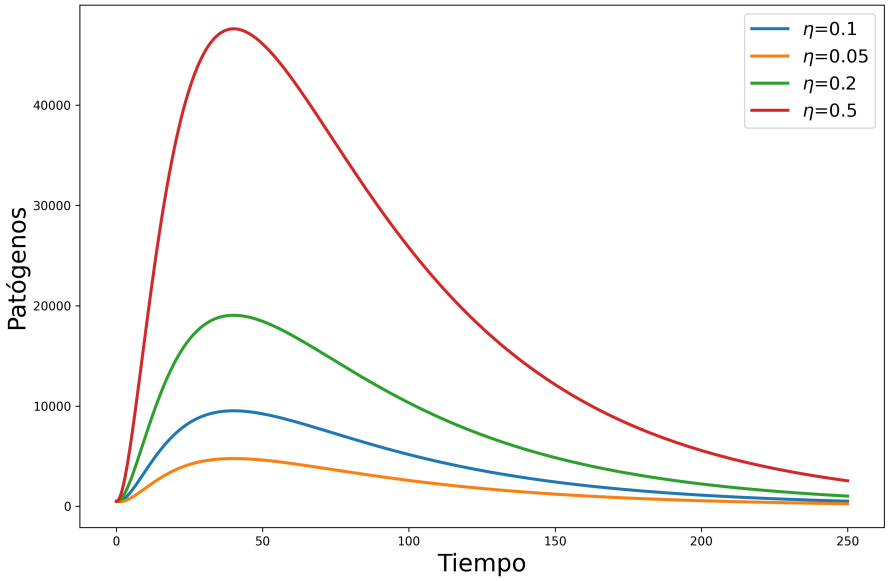

Figura 2.12: Población de Patógenos variando la tasa de propagación

3 Conclusiones y/o Sugerencias

- El auge de la modelización matemática a través del estudio de las ecuaciones diferenciales, es una herramienta muy poderosa a la hora de analizar,plantear y prevenir las enfermedades.En este trabajo de investigación se ha presentado un modelo SIR con la interacción del virus que se encuentra en el medio ambiente con el fin de poder modelar la dinámica del COVID-19 y establecer medidas de prevención frente el avance de esta nueva pandemia .
- Las simulaciones que se han mostrado en esta investigación nos sirven para optar cual seria el mejor escenario para hacer frente a esta enfermedad y también estar preparados a un escenario que colapse el sistema de salud.
- El análisis de estabilidad es primordial para el estudio de nuestro modelo matemático, en esta investigación se ha realizado el análisis de estabilidad del punto libre de infección tanto local como global, y en el caso del punto endémico se ha realizado la estabilidad local.
- En este trabajo se ha variado los parámetros para ver el impacto en nuestro modelo epidemiológico,lo cual en un inicio se ha considerado como referencias un estudio realizado en un artículo [20].
- El número básico de reproducción es trascedental, ya que nos ayuda a medir el impacto de la enfemedad infecciosa, en nuestro modelo hemos mensionado el $\mathcal{R}_0^H$ que esta relacionado con la población humana y el $\mathcal{R}_0^P$ que esta relacionado con el virus en el medio ambiente, en ambos casos es importante el control para que la pandemia en un determinado tiempo desaparezca.
- Las medidas de prevención, como el distanciamiento social,el uso de mascarillas o el lavado de manos toman relevancia en nuestro modelo, pues ayuda a que no se propague con intensidad el virus, por lo cual ayudará que esta enfermedad emergente se mitigue durante el transcurso de un cierto tiempo.

Bibliografía

[1] Benazic, R. (2007). "Tópicos de ecuaciones diferenciales ordinarias".Primera Edicion. Universidad Nacional de Ingeniería. Lima Perú.: Grupo Editorial FABET.

[2] Zill, D. G., Cullen, M. R., Hernández, A.E.G., & López, E.F.(2002). "Ecuaciones diferenciales con problemas de valores en la frontera".Thomson.

[3] Molero, M., Salvador, A., Menarguez, T., & Garmendia, L. (2007). "Análisis matemático para Ingenieria". Capítulo, 8.

[4] Blanchard, P., Devaney, R. L., & Hall, G. R. (1998). "Differential Equations, Brooks". Cole, Pa

[5] Rocha Nuñez, José Manuel,Lara Hernandez, Elizabeth.(2008)"Criterio de Estabilidad de Routh. Ingeniería de Control". Universidad Autónoma de Nuevo León.

[6] Allen, L. J. (2007). "Introduction to mathematical biology ". Pearson/Prentice Hall.

[7] Gantmacher, F. R., & Brenner, J. L. (2005). "Applications of the Theory of Matrices". Courier Corporation.

[8] Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). "A contribution to the mathematical theory of epidemics". Proceedings of the royal society of london. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character, 115(772), 700-721.

[9] Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2002). "Reproduction numbers and subthreshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission". Mathematical biosciences, 180(1-2), 29-48.

[10] Bolton, W., & Ramírez, F. J. R. (2001). "Ingeniería de control"(pp. 1-3). Mexico: Alfaomega.

[11] Shuai, Z., & van den Driessche, P. (2013). "Global stability of infectious disease models using Lyapunov functions". SIAM Journal on Applied Mathematics, 73(4), 1513-1532.

[12] Van den Driessche, P., & Watmough, J. (2008). "Further notes on the basic reproduction number". In Mathematical epidemiology (pp. 159-178). Springer, Berlin, Heidelberg.

[13] Castillo-Chavez, C., Feng, Z., & Huang, W. (2002). "On the computation of R 0 and its role in global stability". IMA Volumes in Mathematics and Its Applications, 125, 229-250.

[14] García Piñera, A. (2014). "Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas".

[15] Brauer, F., Castillo Chávez, C., De La Pava, E., Barley, K., Castillo Garsow, C. W., Chowell, D., & Moreno, V. M. (2015). "Modelos de la propagación de enfermedades infecciosas". Universidad Autónoma de Occidente.

[16] Hernández López, Á., Gaspar Lorenz, F. J., & Rodrigo Cardiel, C. "Estudio numérico de un modelo de propagación de enfermedades".

[17] Thieme, H. R. (2018). "Mathematics in population biology". Princeton University Press.

[18] López-Cruz, R. (2006). "Structured SI epidemic models with applications to HIV epidemic ". Arizona State University.

[19] Khalil, H. K.,& Grizzle, J. W. (2002). "Nonlinear Systems". Upper Saddle River, NJ: Prentice Hall.

[20] Mwalili, S., Kimathi, M., Ojiambo, V., Gathungu, D., & Mbogo, R. (2020). "SEIR model for COVID-19 dynamics incorporating the environment and social distancing". BMC Research Notes, 13(1), 1-5.

[21] Maximenko, E. (2014). "Teorema del valor medio (repaso) y funciones Lipschitz continuas". Recuperado de `http://esfm.egormaximenko.com/numerical_methods/Lipschitz_continuous_functions_es.pdf`