



UNIVERSIDAD TECNOLÓGICA DE LA MIXTECA

Instituto de Física y Matemáticas
Licenciatura en Matemáticas Aplicadas

**Análisis y comparativa de modelos SIRS aplicados en el COVID-19
en la localidad de Huajuapán de León.**

TESIS
para obtener el título de
Licenciado en Matemáticas Aplicadas
presenta

Roberto García Ojeda

Director de tesis:
Dr. Emmanuel Abdías Romano Castillo

Huajuapán de León, Oaxaca

Abril de 2024

Dedicatoria

*A mis padres: Roberto Pedro García López y Rosario
Ojeda Alavéz.*

Agradecimientos

Con este trabajo, he avanzado una fracción del largo camino que aún me queda por recorrer, y deseo expresar mi sincero agradecimiento a aquellas personas que contribuyeron a su elaboración. Su apoyo y colaboración han sido fundamentales en este proceso.

A mis padres, quienes siempre han confiado en mí y han brindado un apoyo incondicional en cada paso de mi formación académica y personal. Su amor y dedicación son fundamentales en mi camino, y les estoy eternamente agradecido por todo lo que hacen por mí. Los quiero mucho. A Jasmín Martínez Espinosa, una persona muy especial que tuve la fortuna de encontrar en mi estancia en la Universidad, presente en gran parte de la carrera, tanto en momentos buenos como en momentos malos. Agradezco su comprensión y sobre todo, su apoyo incondicional, sabes que es recíproco.

Al director de este trabajo de tesis, Dr. Emmanuel Abdías Romano Castillo, por haber aceptado ser mi director de tesis. Su disposición y dedicación fueron fundamentales para la realización de este proyecto. Sin su orientación experta y compromiso, este trabajo no habría sido posible. Estoy profundamente agradecido por su invaluable apoyo a lo largo de este proceso.

A los revisores de la tesis, Dr. Alejandro Iván Aguirre Salado, Dr. Tomás Pérez Becerra y Dr. Virgilio Vázquez Hipólito, por tomarse el tiempo en sus agendas para revisar mi tesis. Sus valiosas observaciones y comentarios han contribuido significativamente a mejorar este trabajo.

A todos los profesores que tuve la oportunidad de conocer en mi estancia en la Universidad. Cada uno de ustedes aportó de manera invaluable a mi formación académica, compartiendo su conocimiento, experiencia y dedicación.

A los amigos que hice a lo largo de mi carrera universitaria. Su compañerismo y apoyo fueron fundamentales en la creación de grandes experiencias y recuerdos inolvidables.

A la Universidad Tecnológica de la Mixteca.

Índice general

Introducción	VII
1. Preliminares	1
1.1. Teoría básica de sistemas no lineales, el teorema fundamental de existencia y unicidad	1
1.2. Puntos de equilibrio de sistemas no lineales	5
1.3. Estabilidad local de sistemas no lineales	6
1.3.1. Polinomios de Hurwitz	6
1.4. Estabilidad global de sistemas no lineales	10
1.4.1. Ceroclinas	10
1.4.2. Funciones de Liapunov	11
2. Una introducción a la epidemiología matemática	13
2.1. Antecedentes históricos de la epidemiología	13
2.2. Conceptos básicos de medición; variables y términos de relevancia	15
2.3. Matriz de la siguiente generación	16
3. Modelos SIRS con incidencia simple y estándar	21
3.1. Modelo SIRS con inmigración e incidencia simple.	21
3.2. Modelo SIRS con inmigración e incidencia estándar.	37
3.3. Modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.	41
3.4. Modelo SIRS con nacimientos e incidencia estándar	47
4. Análisis y simulación numérico	51
4.1. Análisis numérico del modelo SIRS con inmigración e incidencia estándar.	52
4.2. Análisis numérico del modelo SIRS con inmigración e incidencia simple.	56
4.3. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia estándar.	58
4.4. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.	61
Conclusiones	65
Índice alfabético	67

Anexo 1	69
Anexo 2	71
Anexo 3	77
Anexo 4	81

Introducción

Las enfermedades infecciosas son, por lo general, provocadas por microorganismos que invaden el cuerpo y se multiplican en él. Muchos son los ejemplos del como un microorganismo entra a nuestro sistema inmunológico, un individuo puede llegar a infectarse con microorganismos ya sea bebiendo agua contaminada, comiendo alimentos contaminados, inhalando polvo o gotitas expulsadas por la tos o los estornudos de otros individuos, o teniendo contacto directo con objetos o personas contaminadas (enfermas). Después de invadir el cuerpo del sujeto estos deben multiplicarse para producir una infección ([4],[7]).

Muchas de las enfermedades infecciosas que han asolado a la humanidad han desaparecido gradualmente del mundo moderno gracias a los programas de vacunación y a la medicina preventiva. Sin embargo, otras más persisten en gran escala, algunas de ellas se han convertido en endémicas, esto es, aquellas que están presentes en una zona de manera permanente en todo momento, como por ejemplo la malaria o el dengue en regiones tropicales. Existen algunas enfermedades que se creían controladas, pero han resurgido poniendo en entredicho los sistemas y programas de salud, ejemplo de estas son el sarampión y la tuberculosis. A este panorama hay que añadir el surgimiento de nuevas enfermedades de naturaleza epidémica, recordando que una epidemia es un aumento importante del número de personas afectadas por una enfermedad infecciosa en un territorio y momento determinado, como por ejemplo el VIH/sida (1983), la gripe aviar (H5N1) (1997) o la influenza A H1N1 (2009). Una epidemia que ocurre “en todo el mundo más o menos al mismo tiempo” se le llama pandemia. Un claro ejemplo de una pandemia es el COVID-19 (2019).

A continuación se describe de manera breve el surgimiento de la pandemia provocada por la enfermedad llamada COVID-19, que en el desarrollo de la tesis interesará estudiar su respuesta evolutiva en la localidad de Huajuapán de León, Oaxaca. A principios de diciembre del 2019 fue detectado un caso de neumonía de origen desconocido en la ciudad de Wuham (China), las autoridades sanitarias de aquel país se vieron sorprendidas, pues a raíz de ese caso se dio comienzo a una serie de casos de neumonía de origen desconocido cuya capacidad de expansión era muy rápida. Mediante estudios realizados encontraron cierto paralelismo con epidemias previas del coronavirus del Síndrome Respiratorio Agudo Severo (SARS-CoV) producida en 2003 y del Síndrome Respiratorio del Medio Oriente (MERS) ocurrida en 2012. Al virus causante, perteneciente a la familia *Coronaviridae* se

le denominó Coronavirus 2 de Síndrome Respiratorio Agudo Grave (SARS-CoV-2), y a la enfermedad, COVID-19 (Coronavirus Disease, 2019). A pesar de que se implementaron extensas medidas sanitarias la enfermedad continuó avanzando hasta afectar al resto de los países de Asia, Medio Oriente y Europa. El 11 de marzo del 2020 mediante una rueda de prensa mundial, el director general de la OMS Tedros Adhanom Ghebreyesus declaró al COVID-19 como pandemia. El primer caso reportado en la República mexicana ocurrió el 27 de febrero del 2020 en el Instituto Nacional de Enfermedades Respiratorias en la Ciudad de México, se trató de un joven de 35 años con antecedente de haber viajado a Italia, y el primer fallecimiento ocurrió el 18 de marzo del 2020. El 24 de marzo, con 475 casos confirmados, se decretó la Fase 2 de "contingencia sanitaria", con medidas más estrictas de distanciamiento social, confinamiento y restricción laboral. La propagación de la enfermedad ocurrió sin excepción alguna en todos los estados de la República.

Desde el primer caso confirmado en la República mexicana, hasta el 25 de junio del 2023 se han reportado de manera oficial 7,633,355 casos acumulados confirmados, se recomienda consultar la página donde muestra de manera actualizada casos confirmados, sospechosos, recuperados y defunciones causadas por el Covid-19, disponible en la dirección:

<https://datos.covid-19.conacyt.mx/>.

Actualmente, nuestro país ha relajado las medidas de seguridad, al igual que el resto del mundo, gracias a las campañas de vacunación.

La conexión entre la relajación de las medidas de seguridad y el avance de la vacunación puede ser comprendida a través de la lente de la epidemiología matemática. Esta disciplina emplea modelos matemáticos para analizar la propagación de enfermedades infecciosas y evaluar el impacto de diferentes estrategias de mitigación. En particular, utiliza compartimientos para representar la población en estudio, como los susceptibles (S), los infectados (I) y los recuperados (R), lo que permite analizar el comportamiento de las enfermedades en un tiempo determinado. En los modelos epidemiológicos, los individuos pasan por diferentes compartimientos que representan su estado en relación con una enfermedad infecciosa. Sin embargo, un aspecto crucial es que, una vez recuperados de la enfermedad, los individuos pueden volver a ser susceptibles a la misma en el futuro debido a la pérdida de inmunidad. Este ciclo repetitivo de susceptibilidad, infección y recuperación genera modelos de tipo SIRS. La introducción de la pérdida de inmunidad añade una dimensión dinámica al modelo, reflejando con mayor precisión la realidad de la propagación de enfermedades infecciosas en una población.

Distintos modelos, como por ejemplo, el propuesto por Kermack y McKendrick han surgido con el fin de analizar la propagación de una enfermedad infecciosa en una población que esté bajo la influencia de parámetros demográficos como lo son la tasa de natalidad, mortalidad y la inmigración ([12]), de aquí la razón de la elaboración de la presente tesis.

El presente trabajo de tesis está organizado de la siguiente manera:

El Capítulo 1 aborda una revisión exhaustiva de la teoría básica de ecuaciones diferenciales ordinarias. Se discuten diversos aspectos, que van desde los fundamentos de los

sistemas dinámicos continuos hasta la teoría de estabilidad local y global, incluyendo sus caracterizaciones.

El Capítulo 2 ofrece una introducción a la epidemiología, comenzando con un resumen histórico y la exposición de términos y conceptos básicos fundamentales en esta disciplina. Además, se presenta un método matemático para el cálculo del número reproductivo básico \mathcal{R}_0 , el cual desempeña un papel crucial en la epidemiología.

El Capítulo 3 se centra en la presentación y análisis de cuatro modelos tipo SIRS. Se llevará a cabo un análisis del comportamiento cualitativo de cada uno de estos modelos, utilizando la teoría de estabilidad en sistemas dinámicos como herramienta principal. Se calculará el valor de \mathcal{R}_0 para cada modelo. Este capítulo constituye una parte central de la tesis, ya que en él se presentarán y discutirán los resultados más relevantes obtenidos a partir de estos modelos.

El Capítulo 4 se enfoca en la aplicación práctica de los conceptos y modelos presentados en el tercer capítulo. Se emplean herramientas del lenguaje de programación Python y Matlab para llevar a cabo la simulación de los sistemas descritos previamente. El objetivo principal es analizar la respuesta evolutiva de estos sistemas mediante simulaciones computacionales.

Análisis y comparativa de modelos SIRS aplicados en el COVID-19 en la localidad de Huajuapán de León

Roberto García Ojeda

Abril de 2024

Capítulo 1

Preliminares

En este capítulo se presentan conceptos básicos y teoremas (sin demostración) que se utilizan a lo largo del trabajo de tesis. La información recolectada fue obtenida de (D.K. Arrowsmith, C.M. Place, [2]), (F. Brauler, Carlos Castillo-Chavez, [3]), (Morris W Hirsch, Stephen Smale, and Robert L Devaney, [14]) y (Lawrence Perko, [15]).

1.1. Teoría básica de sistemas no lineales, el teorema fundamental de existencia y unicidad

Las ecuaciones diferenciales consideran una herramienta matemática muy importante para la modelación de fenómenos biológicos, por ejemplo: la dinámica poblacional, interacción entre dos especies y epidemias que se desarrollan en alguna región. En este capítulo se presenta la teoría sobre los sistemas no lineales de ecuaciones diferenciales ordinarias y el análisis que se realiza de forma local y/o global para conocer la estabilidad de sus puntos críticos.

Considere un sistema de ecuaciones diferenciales no lineales **autónomo** en su forma vectorial

$$\dot{X} = f(X), \tag{1.1.1}$$

donde $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ y E es un subespacio de \mathbb{R}^n . El opuesto a un sistema autónomo es de la forma

$$\dot{X} = f(X, t), \tag{1.1.2}$$

donde la función f depende de la variable independiente t . ¿Será posible transformar un sistema no autónomo en uno autónomo con $X \in \mathbb{R}^{n+1}$?, la respuesta es si, pues basta considerar $X_{n+1} = t$ y $X'_{n+1} = 1$. La teoría fundamental de (1.1.1) y (1.1.2) no difiere significativamente, aunque es posible obtener la existencia y unicidad de soluciones del sistema (1.1.2) bajo hipótesis un poco más débiles sobre f en función de t .

Note que la existencia de la solución del problema de valor inicial

$$\dot{x} = f(t), x(0) = x_0,$$

está dada por la expresión

$$x(t) = x_0 + \int_0^t f(s)ds,$$

siempre y cuando f sea integrable. En general, los sistemas (1.1.1) y (1.1.2) tienen solución si f es continua. Sin embargo, la continuidad de la función f en (1.1.1) no es suficiente para garantizar la unicidad de la solución del sistema de ecuaciones diferenciales.

Antes de enunciar el teorema fundamental de existencia y unicidad para el sistema no lineal (1.1.1) será necesario definir algunos términos y notaciones sobre continuidad y diferenciabilidad.

Definición 1.1.1. La función $f : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$ es diferenciable en $X_0 \in \mathbb{R}^n$ si existe una transformación lineal $Df(X_0) \in \mathcal{L}(\mathbb{R}^n)$ que satisface

$$\lim_{|h| \rightarrow 0} \frac{|f(X_0 + h) - f(X_0) - Df(X_0)h|}{|h|} = 0,$$

donde $Df(X_0)$ es la transformación lineal llamada *derivada de f en X_0* y $\mathcal{L}(\mathbb{R}^n)$ denota al espacio lineal de operadores lineales sobre \mathbb{R}^n .

La definición de derivadas parciales se hace de manera similar a la definición anterior. Estas se definen considerando una función $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$, donde E es un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n . Sea $\{e_1, \dots, e_n\}$ la base canónica de \mathbb{R}^n . Las componentes de f son funciones reales f_1, \dots, f_n definidas como

$$f(X) = \sum_{i=1}^n f_i(X)e_i,$$

con $X \in E$, o, de manera equivalente por $f_i(X) = f(X)e_i$, con $i = 1, \dots, n$. De tal forma que para todo $X \in E$, $i \geq 1$ y $n \geq j$ se define

$$(D_j f_i)(X) = \lim_{h \rightarrow 0} \frac{f_i(X + he_j) - f_i(X)}{h},$$

siempre cuando el límite exista. Observe que la expresión $D_j f_i$ denotará la derivada de f_i con respecto a X_j , usualmente se usa la notación $\frac{\partial f_i}{\partial X_j}$. De echo, de aquí en adelante se usará dicha notación para hacer referencia a derivada parciales.

Como se mencionó anteriorente, la derivada de una función f y sus derivadas parciales se definen de manera similar, y la relación que existe entre ambas partes se enuncia en el siguiente teorema.

Teorema 1.1.2. Sea $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ una función donde E es un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n . Si f es diferenciable en un punto $X_0 \in E$, entonces las derivadas parciales $\frac{\partial f_i}{\partial X_j}$ existen, y

$$Df(X_0)e_j = \sum_{i=1}^n \frac{\partial f_i}{\partial X_j}(X_0)e_i,$$

con $j = 1, \dots, n$.

Observación 1.1.3. Si f es una función diferenciable, la derivada Df está dada por la matriz Jacobiana de tamaño $n \times n$:

$$Df = \left[\frac{\partial f_i}{\partial X_j} \right] = \begin{bmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial x_1} & \frac{\partial f_1}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_1}{\partial x_n} \\ \frac{\partial f_2}{\partial x_1} & \frac{\partial f_2}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_2}{\partial x_n} \\ \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{\partial f_n}{\partial x_1} & \frac{\partial f_n}{\partial x_2} & \cdots & \frac{\partial f_n}{\partial x_n} \end{bmatrix}.$$

En la mayoría de los teoremas que se mencionan mas adelante, se pide la condición de continuamente diferenciable, es por ello que se hace mención de la siguiente definición.

Definición 1.1.4. Suponga que $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ es diferenciable sobre E . Se dice que f es continuamente diferenciable sobre E si Df es una función continua de E sobre $\mathcal{L}(\mathbb{R}^n)$.

Nota 1. Si f es continuamente diferenciable, se dice que f es de clase C^1 sobre E y se denota como $f \in C^1(E)$.

El siguiente teorema da una prueba para mostrar si una función es de clase C^1 o no.

Teorema 1.1.5. Suponga que E es un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n y que $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$. Se cumple que $f \in C^1(E)$ si y sólo si las derivadas parciales $\frac{\partial f_i}{\partial X_j}$, $i, j = 1, \dots, n$, existen y son continuas sobre E .

Observación 1.1.6. Para E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n , la derivada de orden superior $D^k f(X_0)$ de una función $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$ se define de manera similar a la derivada parcial antes mostrada, de hecho, puede mostrarse que $f \in C^k(E)$ si y sólo si las derivadas parciales

$$\frac{\partial^k f_i}{\partial X_{j_1} \cdots \partial X_{j_k}},$$

con $i \in \{1, \dots, n\}$, y $j_1, \dots, j_k \in \{1, \dots, n\}$, existen y son continuas sobre E .

Antes de enunciar el teorema fundamental de existencia y unicidad para sistemas no lineales, es necesario hacer del conocimiento la siguiente definición, la cual fue tomada de ([15], p.71).

Definición 1.1.7. Considere E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n . Suponga que $f \in C^1(E)$, se dice que $X(t)$ es una **solución** del sistema (1.1.1) en un intervalo I si $X(t)$ es diferenciable en I y si para todo $t \in I$, se cumple que $X(t) \in E$ y además dado $X_0 \in E$, $X(t)$ es una solución del problema de valor inicial

$$\begin{aligned} \dot{X} &= f(X), \\ X(t_0) &= X_0, \end{aligned}$$

sobre un intervalo I si $t_0 \in I$, $X(t_0) = X_0$ y $X(t)$ es una solución de (1.1.1).

A continuación, se enuncia el teorema de existencia y unicidad para sistemas no lineales.

Teorema 1.1.8 (Existencia y unicidad para sistemas no lineales). Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene a X_0 , y suponga que $f \in C^1(E)$, entonces, existe un $a > 0$ tal que el problema de valor inicial

$$\begin{aligned} \dot{X} &= f(X), \\ X(0) &= X_0, \end{aligned}$$

tiene una solución única $X(t)$, donde $t \in [-a, a]$.

La prueba del teorema anterior se puede ver en ([14]) o en ([15]).

Observación 1.1.9. En el teorema anterior, la condición inicial se toma en el tiempo $t = 0$, pero también se puede tomar en $t = t_0$, con $t_0 \neq 0$, de tal manera que ahora para el problema de valor inicial

$$\begin{aligned} \dot{X} &= f(X), \\ X(t_0) &= X_0, \end{aligned}$$

se tiene que existe una solución única $X(t)$ sobre el intervalo $t \in [t_0 - a, t_0 + a]$.

El teorema (1.1.8) garantiza la existencia y unicidad de una solución al problema de valor inicial en un intervalo determinado.

También es importante conocer si la solución sigue siendo única si se varía la condición inicial. El teorema que se muestra a continuación responde dicha cuestión.

Teorema 1.1.10 (Dependencia sobre la condición inicial). Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene a $X_0 \in E$ y suponga que $f \in C^1(E)$, entonces, existe un $a > 0$ y un $\delta > 0$ tal que para toda $Y \in N_\delta(X_0)$, el problema de valor inicial

$$\begin{aligned}\dot{X} &= f(X), \\ X(0) &= Y,\end{aligned}$$

tiene una solución única $u(t, Y)$, con $u \in C^1(G)$ donde $G = [-a, a] \times N_\delta(X_0) \subset \mathbb{R}^{n+1}$; más aún, para cada $Y \in N_\delta(X_0)$, $u(t, Y)$ es una función dos veces continuamente diferenciable de t para toda $t \in [-a, a]$.

La demostración del teorema se puede encontrar en ([15]).

Dado que un PVI puede también venir acompañado de parámetros, es de gran importancia saber si su solución sigue siendo única si varían los parámetros. El teorema que se enuncia a continuación fue recopilado de ([15]). También da una sugerencia de su demostración, muestra que a pesar de ello la solución sigue siendo única.

Teorema 1.1.11 (Dependencia sobre los parámetros). Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^{n+m} , (X_0, μ_0) , donde $X_0 \in \mathbb{R}^n$ y $\mu_0 \in \mathbb{R}^m$ y $f \in C^1(E)$. Entonces existe un $a > 0$ y un $\delta > 0$ tal que para toda $Y \in N_\delta(\mu_0)$, el problema de valor inicial

$$\begin{aligned}\dot{X} &= f(X, u), \\ X(0) &= Y,\end{aligned}$$

tiene una solución única $u(t, Y, \mu)$, con $u \in C^1(G)$ donde $G = [-a, a] \times N_\delta(X_0) \times N_\delta(\mu_0)$.

1.2. Puntos de equilibrio de sistemas no lineales

Una buena forma de comenzar el análisis de sistemas no lineales de la forma:

$$\dot{X} = f(X), \tag{1.2.1}$$

es determinando sus puntos de equilibrio para después describir el comportamiento de sus soluciones alrededor de dichos puntos. Mostrar que el comportamiento local de los sistemas no lineales cercano a un punto de equilibrio X_0 es determinado cualitativamente por el comportamiento del sistema lineal

$$\dot{X} = AX, \tag{1.2.2}$$

cerca del origen, donde la matriz A es el resultado $A = Df(X_0)$. La función $A = Df(X_0)$ es llamada la **parte lineal de f en X_0** .

A continuación, tomando como base la información proporcionada en ([15], p.102), se enuncia la siguiente definición.

Definición 1.2.1. Sea $f : E \rightarrow \mathbb{R}^n$, con E un subespacio de \mathbb{R}^n .

1. Un punto $X_0 \in \mathbb{R}^n$ es llamado **punto de equilibrio** o **punto crítico** de (1.2.1) si $f(X_0) = 0$.
2. Un punto de equilibrio X_0 es llamado punto de equilibrio **hiperbólico** de (1.2.1) si ningún valor propio de la matriz $Df(X_0)$ tiene parte real cero.
3. El sistema (1.2.2) con matriz $A = Df(X_0)$ es llamada la **linealización** de (1.2.1) en X_0 .

1.3. Estabilidad local de sistemas no lineales

Una vez mencionado la definición de punto de equilibrio. En la definición siguiente, extraída de ([15], p.102), se proporciona una clasificación de estos puntos de equilibrio en función de los signos de las partes reales de los valores propios de la matriz jacobiana evaluada en el punto de equilibrio, denotada como $Df(X_0)$.

Definición 1.3.1. Un punto de equilibrio X_0 de (1.2.1) es llamado:

- **Sumidero o atractor** si todos los valores propios de la matriz $Df(X_0)$ tienen parte real negativa.
- **Fuente** si todos los valores propios de la matriz $Df(X_0)$ tienen parte real positiva.
- **Punto silla** si éste es un punto de equilibrio hiperbólico y $Df(X_0)$ tiene al menos un valor propio con parte real positiva y al menos uno con parte real negativa.

Dado que el estudio de los puntos de equilibrio juega un papel crucial en el análisis de ecuaciones diferenciales ordinarias y sus aplicaciones, se presenta una clasificación sobre la estabilidad local de los puntos de equilibrio hiperbólicos mediante el siguiente teorema.

Teorema 1.3.2. Sea X_0 un punto de equilibrio hiperbólico de (1.2.1).

- El punto de equilibrio X_0 es **localmente asintóticamente estable** si y sólo si X_0 es un sumidero.
- El punto de equilibrio X_0 es **localmente inestable** si y sólo si X_0 es una fuente o punto silla.

1.3.1. Polinomios de Hurwitz

La información que se presenta a continuación fué recolectada de ([1]).

Para un polinomio característico de grado 2, encontrar sus raíces no representa una gran dificultad, ya que existen diversos métodos que pueden resolver este problema. Estos

incluyen el método de factorización, completar cuadrados y, el más comúnmente utilizado, la fórmula general.

Para polinomios de grado mayor o igual a 3 la situación se complica un poco. El problema de analizar la parte real de las raíces de un polinomio $p(t)$ sin calcularlas analíticamente fué formulado por primera vez en 1868 por J. Maxwell, quien obtuvo una solución para polinomios de grado $n = 3$. En el año de 1877, J. Routh fue capaz de resolver de forma más general este problema. Su solución fue algorítmica, en ella se formularon condiciones explícitas para polinomios de grado $n = 4$ y $n = 5$.

La solución analítica del problema la obtuvo A. Hurwitz en 1895. Esto da pie al criterio de Routh-Hurwitz, quizá el criterio más conocido, pues es un criterio completamente algebraico y como se verá más adelante, es de mucha utilidad para polinomios de grados superiores.

Definición 1.3.3 (Polinomio Hurwitz). Se dice que un polinomio $H(t)$ con coeficientes reales es de **Hurwitz** si todas sus raíces tienen parte real negativa.

Ejemplo 1.3.4. El polinomio $H(t) = t^2 + 3t + 2$ es de Hurwitz, pues $H(t)$ se puede expresar como $H(t) = (t + 2)(t + 1)$, y de aquí que sus raíces son $t_1 = -2$ y $t_2 = -1$, ambas con parte real negativa.

Para polinomios de grado 1 y 2 se tiene la siguiente observación.

Observación 1.3.5. Para polinomios no mónicos de grado 1 y 2 puede verificarse lo siguiente:

1. $H(t) = a_0t + a_1$ es de Hurwitz si y sólo si a_0 y a_1 tienen el mismo signo.
2. $H(t) = a_0t^2 + a_1t + a_2$ es de Hurwitz si y sólo si a_0 , a_1 y a_2 tienen el mismo signo.

Su demostración se puede ver en ([9], p.3).

El siguiente teorema es de utilidad para polinomios de grado n a la hora de determinar si es o no de Hurwitz.

Teorema 1.3.6. Si $H(t)$ es un polinomio de Hurwitz de grado n , entonces todos sus coeficientes son del mismo signo.

Ver demostración en ([9], p.5).

Con el siguiente ejemplo, se puede observar que el teorema anterior da una condición necesaria pero no suficiente para verificar que un polinomio es de Hurwitz.

Ejemplo 1.3.7. Considere al polinomio $H(t) = t^3 + 2t^2 + 5t + 174$. Dicho polinomio se puede expresar como:

$$H(t) = (t^2 - 4t + 29)(t + 6) = (t - (2 - 5i))(t - (2 + 5i))(t + 6),$$

luego, $H(t)$ no es de Hurwitz.

El siguiente teorema permite tener condiciones necesarias y suficientes para polinomios de grado $n = 3$ y $n = 4$.

Teorema 1.3.8. Para polinomios de grado 3 y 4 se cumple lo siguiente:

- a) El polinomio $H(t) = t^3 + a_1t^2 + a_2t + a_3$ es de Hurwitz si y sólo si $a_1, a_2, a_3 > 0$ y $(a_1a_2 - a_3) > 0$.
- b) El polinomio $H(t) = t^4 + a_1t^3 + a_2t^2 + a_3t + a_4$ es de Hurwitz si y sólo si $a_1, a_2, a_3, a_4 > 0$ y $(a_1a_2a_3 - a_3^2 - a_1^2a_4) > 0$.

Ver demostración en ([9], pp.5-6).

Ejemplo 1.3.9. Sea $H(t) = t^3 + 3t^2 + 3t + 1$. Se cumple que todos sus coeficientes son positivos y además

$$a_1a_2 - a_3 = 3(3) - 1 = 8 > 0.$$

Por lo tanto, del inciso a) del teorema anterior, se concluye que $H(t)$ es de Hurwitz.

Ejemplo 1.3.10. Sea $H(t) = t^4 + 4t^3 + 6t^2 + 4t + 1$. Se cumple que todos sus coeficientes son positivos y además

$$a_1a_2a_3 - a_3^2 - a_1^2a_4 = (4)(6)(4) - 4^2 - 4^2(1) = 64 > 0.$$

Por lo tanto, del inciso b) del teorema anterior, se concluye que $H(t)$ es de Hurwitz.

Del teorema anterior, se deriva el siguiente corolario cuya demostración se puede encontrar en ([9], pp.7-8)

Corolario 1.3.11. Para polinomios de grado 3 y 4 se cumple lo siguiente:

- a) El polinomio $H(t) = a_0t^3 + a_1t^2 + a_2t + a_3$ es de Hurwitz si y sólo si a_0, a_1, a_2 y a_3 son del mismo signo y además $a_1a_2 - a_3a_0 > 0$.
- b) El polinomio $H(t) = a_0t^4 + a_1t^3 + a_2t^2 + a_3t + a_4$ es de Hurwitz si y sólo si a_0, a_1, a_2, a_3 y a_4 son del mismo signo y además $(a_1a_2a_3 - a_3^2a_0 - a_1^2a_4)/a_0 > 0$.

Se presenta a continuación un resultado muy importante para llegar al criterio de Routh-Hurwitz.

Teorema 1.3.12. Si $H(t) = a_0 + a_1t + a_2t^2 + \dots + a_nt^n$ es de Hurwitz y $\xi \in \mathbb{C}$ se tiene que:

- a) Si $Re(\xi) > 0$ entonces $H(\xi) > H(-\xi)$.
- b) Si $Re(\xi) = 0$ entonces $H(\xi) = H(-\xi)$.

c) Si $Re(\xi) < 0$ entonces $H(\xi) < H(-\xi)$.

Ver demostración en ([9], pp.13-14).

Observación 1.3.13. Si $H(t)$ no cumple alguno de los incisos del teorema anterior, entonces $H(t)$ no es de Hurwitz.

Ahora la cuestión es la siguiente. Si $H(t)$ es un polinomio que cumple los tres incisos del teorema anterior, ¿ $H(t)$ será de Hurwitz?. La respuesta es que de manera general no ocurre eso, por ejemplo, el polinomio $H(t) = t^n(t - 1)$ satisface todos los incisos del teorema, pero curiosamente no es de Hurwitz. De manera que conduce al siguiente cuestionamiento: ¿Qué condición extra se deben agregar a los incisos a), b) y c) con la finalidad de obtener un criterio para decidir si un polinomio es de Hurwitz?.

En la búsqueda de la localización de las raíces se formuló la siguiente pregunta: ¿Cómo se puede saber si un polinomio $H(t) = a_0 + a_1t + a_2t^2 + \dots + a_nt^n$ es de Hurwitz?. A finales del siglo XIX el ingeniero austriaco A. Stodola, sin conocer los trabajos de Routh propuso el problema de encontrar condiciones bajo las cuáles todas las raíces de una ecuación algebraica tuvieran parte real negativa. En 1895, A. Hurwitz dio una solución al problema (independiente del trabajo de Routh).

El criterio de Routh-Hurwitz, proporciona condiciones necesarias y/o suficientes para responder a la pregunta de analizar la parte real de las raíces de un polinomio. A continuación se presenta dicho criterio.

Teorema 1.3.14 (Criterio de Routh-Hurwitz). Dado un polinomio con coeficientes reales $H(t) = b_0t^n + b_1t^{n-1} + \dots + b_{n-1}t + b_n$, se define la matriz Hurwitz asociada a este polinomio de la siguiente forma:

$$\begin{bmatrix} b_1 & b_0 & 0 & \dots & 0 \\ b_3 & b_2 & b_1 & \dots & 0 \\ \vdots & \vdots & \vdots & \ddots & \vdots \\ b_{2n-3} & b_{2n-4} & b_{2n-5} & \dots & b_{n-2} \\ b_{2n-1} & b_{2n-2} & b_{2n-3} & \dots & b_n \end{bmatrix}$$

donde $b_k = 0$ si $k > n$. Para que tal polinomio tenga todas sus raíces con parte real negativa es necesario y suficiente que se satisfaga lo siguiente:

$$\begin{cases} b_0\Delta_1 > 0, \Delta_2 > 0, b_0\Delta_3 > 0, \Delta_4 > 0, \\ \vdots \\ b_0\Delta_n > 0 \quad si \quad n \text{ es impar} \\ \Delta_n > 0 \quad si \quad n \text{ es par,} \end{cases}$$

donde los Δ_i son los menores principales de la matriz Hurwitz, es decir:

$$\Delta_1 = [b_1], \Delta_2 = \begin{bmatrix} b_1 & b_0 \\ b_3 & b_2 \end{bmatrix}, \dots$$

En caso de que $b_0 = 1$, la condición nos dice que los menores principales deben ser positivos, es decir,

$$\begin{aligned} \Delta_1 &> 0, \Delta_2 > 0, \Delta_3 > 0, \Delta_4 > 0, \\ &\vdots \\ \Delta_n &> 0. \end{aligned}$$

Ver demostración en ([9], pp.25-26).

1.4. Estabilidad global de sistemas no lineales

1.4.1. Ceroclinas

Una de las herramientas más útiles para analizar sistemas no lineales es empleando la técnica de las ceroclinas. Dado un sistema de la forma

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= f_1(x_1, \dots, x_n), \\ &\vdots \\ \dot{x}_n &= f_n(x_1, \dots, x_n), \end{aligned}$$

la x_j -ceroclina es el conjunto de puntos donde \dot{x}_j se anulan, de tal manera que la x_j -ceroclina es el conjunto de puntos determinado por la expresión $f_j(x_1, \dots, x_n) = 0$, con $j = 1, \dots, n$.

Las x_j -ceroclina suelen separar a \mathbb{R}^n en un conjunto de regiones en las que las componentes x_j del campo vectorial apuntan en dirección ya sea positiva o negativa. Si se determinan todas las ceroclinas, estos nos va a permitir poder descomponer a \mathbb{R}^n en una colección de conjuntos abiertos, donde en cada uno de ellos, su correspondiente campo vectorial apunta en una cierta dirección.

Para una mejor comprensión, es común visualizar el funcionamiento en el plano \mathbb{R}^2 . Por ejemplo, considerando el sistema

$$\begin{aligned} \dot{x}_1 &= f_1(x_1, x_2), \\ \dot{x}_2 &= f_2(x_1, x_2). \end{aligned}$$

En la x_1 -ceroclina, se tiene que \dot{x}_1 se anula, con ello el campo vectorial apunta ya sea hacia arriba o hacia abajo, y estos son los únicos puntos en los que esto sucede. En consecuencia, la x_1 -ceroclina dividen a \mathbb{R}^2 en regiones donde el campo vectorial apunta hacia la izquierda o hacia la derecha. De manera análoga, con la x_2 -ceroclina, su campo vectorial está en dirección horizontal, por lo que la x_2 -ceroclina particiona a \mathbb{R}^2 en regiones

donde el campo vectorial apunta hacia arriba o hacia abajo. Las intersecciones de las x_1 -ceroclinas y x_2 -ceroclinas dan como producto los puntos de equilibrio.

A su vez los campos vectoriales nos dicen mucho del comportamiento de un sistema no lineal de ecuaciones diferenciales.

1.4.2. Funciones de Liapunov

En las secciones anteriores, se han abordado herramientas fundamentales para analizar un sistema de ecuaciones diferenciales no lineales a través de sus puntos de equilibrio. La característica principal de estos puntos es que son de tipo hiperbólico, lo que implica que la parte real de los valores propios de su polinomio característico es distinta de cero.

En esta subsección, se abordará un método para analizar el caso en el que los puntos de equilibrio de un sistema no lineal no sean hiperbólicos. Se trata de las funciones de Liapunov.

Las funciones de Liapunov se utilizan para determinar si un sistema dinámico converge o diverge hacia un estado de equilibrio o punto fijo. En resumen, su objetivo es establecer criterios para determinar si un sistema permanecerá cerca de su estado de equilibrio a lo largo del tiempo (estabilidad) o si se alejará de él (inestabilidad).

A continuación, se presentan las siguientes definiciones, las cuáles se pueden encontrar en ([2], p.199).

Definición 1.4.1. Una función de valor real $L : N \subseteq \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$, donde N es una vecindad de $0 \in \mathbb{R}^2$, se dice que es positiva (negativa) en N si $L(x) > 0$ ($L(x) < 0$) para $x \in N - \{0\}$ y $L(0) = 0$.

Definición 1.4.2. Una función de valor real $L : N \subseteq \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$, donde N es una vecindad de $0 \in \mathbb{R}^2$, se dice que es semi-definida positiva (semi-definida negativa) en N si $L(x) \geq 0$ ($L(x) \leq 0$) para $x \in N - \{0\}$ y $L(0) = 0$.

Definición 1.4.3. La derivada de $L : N \subseteq \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$ a lo largo de una curva parametrizada dada por $x(t) = (x_1(t), x_2(t))$ se define por la expresión

$$\dot{V}(x(t)) = \frac{\partial L(x(t))}{\partial x_1} \dot{x}_1(t) + \frac{\partial L(x(t))}{\partial x_2} \dot{x}_2(t).$$

El teorema que se presenta a continuación será simplemente enunciado. Su demostración se puede encontrar en ([2], p. 201), así como la definición que se enunciará posteriormente.

Teorema 1.4.4 (teorema de estabilidad de Liapunov). Supóngase que el sistema $\dot{x} = f(x)$, con $x \in S \subseteq \mathbb{R}^2$ tiene un punto de equilibrio en el origen. Si existe una función de valor real L en una vecindad N del origen tal que:

1. Las derivadas parciales $\frac{\partial L}{\partial x_1}$, $\frac{\partial L}{\partial x_2}$ existen y son continuas.
2. L es definida positiva.

Entonces, el origen es un punto de equilibrio estable del sistema $\dot{x} = f(x)$ si $\dot{L}(x)$ es semi-definida negativa.

Por otro lado, el origen es un punto de equilibrio asintóticamente estable si $\dot{L}(x)$ es definida negativa.

Definición 1.4.5. Una función $L : N \subseteq \mathbb{R}^2 \rightarrow \mathbb{R}$, donde N es una vecindad de $0 \in \mathbb{R}^2$, que satisface las tres primeras hipótesis del teorema anterior recibe el nombre de **función débil de Liapunov**. Si la tercera hipótesis se sustituye por la cuarta entonces L es una **función fuerte de Liapunov**.

Teorema 1.4.6. Si existe una función débil de Liapunov L para el sistema $\dot{x} = f(x)$ en una vecindad de un punto aislado del origen, entonces, siempre que $L(x)$ no desaparezca de manera idéntica en ninguna trayectoria, que no sea el punto fijo en sí, el origen es asintóticamente estable.

Teorema 1.4.7. Supóngase que el sistema $\dot{x} = f(x)$, con $x \in S \subseteq \mathbb{R}^2$ tiene un punto de equilibrio en el origen. Si existe una función de valor real L tal que:

1. El dominio de L contiene a $N = \{x : |x| \geq r\}$ para algún $r > 0$;
2. Existen puntos arbitrarios cercanos al origen en el que L es positivo;
3. $\dot{L}(x)$ es definida positiva; y
4. $L(0) = 0$,

entonces el origen es inestable.

Las demostraciones de los dos teoremas anteriores se pueden ver en ([2], pp.202-203).

Las funciones de Liapunov se aplican a puntos de equilibrio no hiperbólicos, lo que permite establecer la estabilidad, estabilidad asintótica y/o inestabilidad. Los teoremas mencionados anteriormente tienen la característica de analizar el punto de origen como punto de equilibrio. Sin embargo, surge la pregunta de qué ocurre para cualquier punto de equilibrio x_0 distinto del origen. El siguiente teorema, obtenido de ([15], pp. 131-132), resuelve dicha cuestión.

Teorema 1.4.8. Sea E un subconjunto abierto de \mathbb{R}^n que contiene a x_0 . Suponga que $f \in C^1(E)$ y $f(x_0) = 0$. Además que existe una función $L \in C^1(E)$ que satisface $L(x_0) = 0$ y $L(x) > 0$ para cada $x \neq x_0$, entonces:

1. Si $\dot{L}(x) \leq 0$ para cada $x \in E$, entonces x_0 es un punto globalmente estable.
 2. Si $\dot{L}(x) < 0$ para cada $x \in E - \{x_0\}$, entonces x_0 es un punto globalmente asintóticamente estable.
 3. Si $\dot{L}(x) > 0$ para cada $x \in E - \{x_0\}$, entonces x_0 es un punto globalmente inestable.
-

Capítulo 2

Una introducción a la epidemiología matemática

2.1. Antecedentes históricos de la epidemiología

Existen incontables escritos que relatan los inicios y la evolución de la epidemiología. En esta sección, ([10]) se toma como referencia principal.

La reflexión sobre las enfermedades como fenómenos colectivos es casi tan antigua como la escritura, y las primeras descripciones de padecimientos que afectan a poblaciones enteras posiblemente se refieren a enfermedades de naturaleza infecciosa. El papiro de Ebers, que menciona unas fiebres pestilentes (probablemente malaria) que asolaron a la población de las márgenes del Nilo alrededor del año 1500 a.C., es probablemente el texto en el que se hace la referencia más antigua a un padecimiento colectivo. La aparición periódica de plagas a partir del momento en la historia en el que los grupos adquirieron cierta densidad poblacional parece indiscutible. Por ejemplo, en Egipto, hace 3000 años, se veneraba a una diosa, llamada *Sekmeth*, que se suponía capaz de provocar la peste; también existen momias de entre dos mil y tres mil años de antigüedad que muestran afecciones que sugieren infecciones transmisibles, como la poliomielitis.

La aparición de plagas a lo largo de la historia también fue registrada en la mayor parte de los libros sagrados, en especial en la Biblia, el Talmud y el Corán, que curiosamente contienen las primeras normas para prevenir las enfermedades contagiosas. Muchos escritores griegos y latinos se refirieron a menudo al surgimiento de lo que denominaron pestilencias. La más famosa de estas descripciones es quizás la de la plaga de Atenas, que asoló esta ciudad durante la Guerra del Peloponeso entre los años 430-427 a. C, otros escritores occidentales como Homero, Herodoto, Lucrecio, Ovidio y Virgilio⁷⁻⁹ se refieren al desarrollo de procesos morbosos colectivos que, sin duda, pueden considerarse fenómenos epidémicos. Una de las características más notables de estas descripciones es que dejan muy claro que la mayoría de la población creía firmemente que muchos padecimientos eran contagiosos. Las acciones preventivas y de control de las afecciones contagiosas recomiendan numerosas prácticas sanitarias preventivas, como el lavado de manos y alimentos, la circuncisión, el aislamiento de enfermos, la inhumación o cremación de los cadáveres y el uso del condón. Por ejemplo, algunos enfermos contagiosos, como los leprosos, eran inva-

riablemente aislados y tenían prohibido establecer comunicación con la población sana. Por su parte, el uso del condón puede documentarse en épocas tan antiguas como 1000 a.C., pues se sabe que los antiguos egipcios utilizaban fundas de lino probablemente como protección contra enfermedades.

La palabra epidemiología, que proviene de los términos griegos “*epi*” (encima), “*demos*” (pueblo) y “*logos*” (estudio), etimológicamente significa el estudio de “*lo que está sobre las poblaciones*”. La primera referencia propiamente médica de un término análogo se encuentra en Hipócrates (460-385 a.C.), quien usó las expresiones epidémico y endémico para referirse a los padecimientos según fueran o no propios de determinado lugar.

Las grandes epidemias han influido en la historia de algunos países, se tiene la teoría de que la caída de algunos imperios ha sido atribuida directa o indirectamente a las enfermedades epidémicas. Por ejemplo, en el siglo II d.c. la plaga de Antonino ([16]). Una de las grandes epidemias fue la peste negra, que se propagó de Asia hasta Europa en el siglo XIV, fue la causante de hasta un tercio de muertes en la población europea, la enfermedad siguió apareciendo por más de 300 años en diversas partes de Europa. Saliéndonos un poco de Europa y entrando al continente americano quizá la epidemia más recordada fue la fiebre amarilla en 1793 en el territorio de los Estados Unidos, la cual produjo la muerte de alrededor de 5000 personas.

El impacto que genera una epidemia va más allá de lo poblacional, también tiene repercusiones en ámbitos políticos, sociales, económicos, por lo que el análisis de enfermedades infecciosas en una población se ha vuelto de vital importancia.

Funciones fundamentales de la epidemiología moderna.

- **Determinación de riesgos:**

La epidemiología ha vuelto a jugar un papel fundamental, al mostrar la relación que existe entre determinadas condiciones del medio ambiente físico o social, estilo de vida y carga genética, y la aparición de daños específicos en las poblaciones en riesgo.

- **Identificación de marcadores de enfermedad:**

El campo de acción de la epidemiología se amplía permanentemente. Con el surgimiento de la genética y la biología molecular, los epidemiólogos han podido plantearse y responder nuevas preguntas.

- **Comprensión de la dinámica general de la enfermedad:**

La identificación del comportamiento epidemiológico de los padecimientos según la edad, el género y la región que afectan ha contribuido a la elaboración de teorías generales sobre la dinámica espacial y temporal de la enfermedad, considerada como un fenómeno natural y social.

- **Diseño y evaluación de la respuesta social a los problemas de salud:**

La epidemiología también se ha usado como instrumento en la planificación de los servicios sanitarios, mediante la identificación de los problemas prioritarios de salud,

las acciones y recursos que son necesarios para atenderlos, y el diseño de programas para aplicar estas acciones y recursos.

2.2. Conceptos básicos de medición; variables y términos de relevancia

En epidemiología, el proceso de investigación es similar al utilizado en el resto de las ciencias. Cuando se investiga la salud de la población, también se proponen una o varias explicaciones hipotéticas que, posteriormente son sometidas a contrastación empírica. En este proceso, los conceptos de medición y de variable resultan fundamentales ([13]).

Algunos de los términos incluidos en esta sección permitirán al lector comprender los conceptos utilizados en el área de la epidemiología, ya que gran parte de ellos, se aplican en el contexto de la vigilancia, investigación y control de las enfermedades transmisibles y no transmisibles.

- **Tasa:** Las tasas describen la dinámica de un evento a lo largo del tiempo en una población de interés. De manera más específica, las tasas se definen como la magnitud del cambio de una variable (ya sea enfermedad o muerte) por unidad de cambio de otra (normalmente el tiempo) en relación con el tamaño de la población que va a experimentar el evento.

Las tasas se expresan como un cociente, donde el numerador denota el número de eventos acaecidos durante un periodo en un número determinado de sujetos observados, mientras que el denominador expresa el tiempo durante el cual tales sujetos estuvieron en riesgo de sufrir el evento. Numéricamente queda expresado como:

- **Mortalidad:** El concepto de mortalidad expresa la magnitud con la que se presenta la muerte en una población en un momento determinado. Visto desde otro punto de vista la mortalidad expresa la dinámica de muertes acaecidas en una población a través del tiempo y espacio. Se puede estimar la mortalidad para todos o algunos grupos de edad, uno o ambos sexos para una, varias o todas las enfermedades. La mortalidad se clasifica de la siguiente manera:
 - **Mortalidad general:** Representa el volumen de muertes ocurridas por todas las causas de enfermedad, en todos los grupos de edad y para ambos sexos. Normalmente se expresa en términos de tasas.
 - **Mortalidad específica:** Cuando existen razones para suponer que la mortalidad puede variar entre los distintos subgrupos de la población ésta se divide para su estudio. Es ahí donde entra la mortalidad específica. Por ejemplo, si las tasas de mortalidad se calculan para diferentes grupos de edad, serán denominadas como tasas de mortalidad por edad.
-

- **Incidencia:** La incidencia expresa el volumen de casos nuevos que aparecen en un periodo determinado, así como la velocidad con la que lo hacen, esta medida epidemiológica indica la frecuencia con que ocurren nuevos eventos. Los estudios de incidencia inician con poblaciones de susceptibles libres del evento en donde se observa la presentación de casos nuevos a lo largo de un periodo de seguimiento. Los resultados obtenidos nos van a permitir establecer relaciones de causa-efecto entre determinadas características de la población y enfermedades específicas. Siendo más breves, la incidencia se define como el número de casos de individuos infectados en una población por unidad de tiempo.
- **Periodo de latencia:** Entenderemos como periodo de latencia al tiempo que le toma al individuo infectado para pasar a ser un individuo infeccioso.
- **Periodo infeccioso:** Es el tiempo en el que el individuo infectado es capaz de transmitir la enfermedad. Éste periodo inicia una vez que termine el periodo de latencia.
- **Inmunidad:** La inmunidad es un conjunto de mecanismos de defensa de los seres vivos frente a un agente extraño y externo al organismo.
- **Número reproductivo básico:** El número reproductivo básico \mathcal{R}_0 se define como el número promedio de infecciones secundarias producidas por un individuo en el transcurso de su periodo infeccioso en una población susceptible.

La importancia del número reproductivo \mathcal{R}_0 básico radica en que en base a él, se puede determinar si existirá un brote epidémico. Si $\mathcal{R}_0 > 1$ habrá un brote epidémico, y si $\mathcal{R}_0 < 1$ entonces no habrá un brote epidémico ([16], pág. 74).

Es por ello que se dedica una sección en particular para describir un método matemático que permita encontrar dicho número. Específicamente, se abordará en la sección que se muestra a continuación.

2.3. Matriz de la siguiente generación

La información presentada a continuación fue obtenida de la tesis *Análisis de R_0 para el modelo epidemiológico de transmisión directa con enfoque euleriano* (Sinai Hernández Gonzáles, [8]) y de ([11]).

Para modelos compartimentales de EDO's, es posible definir una matriz cuya entrada (i, j) es el número de infecciones secundarias dado en el compartimento i por un individuo infectado en el compartimento j . Esta matriz es llamada *Matriz de la siguiente generación*. El procedimiento para hallar dicha matriz se aplica a modelos epidemiológicos.

Aproximación de Van Den Driessche y Watmough

Para calcular la matriz de la siguiente generación es necesario definir algunos conceptos que serán de gran relevancia para lograr el objetivo de esta sección.

Definición 2.3.1. El radio espectral de una matriz A se define como el máximo de los valores absolutos de los valores propios de A , es decir,

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

donde $\sigma(A)$ es el conjunto de valores propios de A .

Definición 2.3.2. El límite espectral de una matriz A se define como la máxima parte real de todos los valores propios de A , es decir,

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

donde $\sigma(A)$ es el conjunto de valores propios de A .

Definición 2.3.3. Una matriz A es llamada un M-matriz si

1. La matriz A tiene un Z-patrón, es decir, los elementos fuera de la diagonal de la matriz son negativos.
2. Existe la inversa de la matriz A y sus entradas son mayores o iguales a cero.

A continuación, se describe uno de los métodos llamado Aproximación de Van Den Driessche y Watmough para obtener la matriz de la siguiente generación.

En un modelo compartimental de transmisión de enfermedades los individuos se clasifican en dos clases: compartimentos infectados y compartimentos no infectados. Un compartimento es llamado infectado si los individuos en ese compartimento están infectados. Este compartimento también incluye aquellos individuos que están infectados pero no son infecciosos, es decir, individuos latentes. Los compartimentos restantes en los cuales los individuos no están infectados son los compartimentos no infectados.

Suponga que existen n compartimientos infectados y m no infectados, de aquí que el modelo de EDO's tiene $n + m$ variables dependientes. Sea $x \in \mathbb{R}^n$, el vector de variables dependientes en los comportamientos infectados y $y \in \mathbb{R}^m$, el vector de variables en los compartimientos no infectados.

Los pasos a seguir para encontrar la matriz consisten en lo siguiente:

1. Se ordenan las ecuaciones de tal modo que las primeras n componentes del sistema EDO's corresponden a los compartimentos infectados. Así, un sistema de EDO's se escribe como

$$\begin{aligned} x'_1 &= f_1(x, y), \\ &\vdots \\ x'_n &= f_n(x, y), \\ y'_1 &= g_1(x, y), \\ &\vdots \\ y'_m &= g_m(x, y). \end{aligned} \tag{2.3.1}$$

2. Se descompone el lado derecho de los comportamientos infectados de la expresión (2.3.1) de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
 x'_1 &= \mathcal{F}_1(x, y) - \mathcal{V}_1(x, y), \\
 &\vdots \\
 x'_n &= \mathcal{F}_n(x, y) - \mathcal{V}_n(x, y), \\
 y'_1 &= g_1(x, y), \\
 &\vdots \\
 y'_m &= g_m(x, y),
 \end{aligned} \tag{2.3.2}$$

donde $\mathcal{F}_i(x, y)$ es la tasa de aparición de nuevos contagios, mientras que $\mathcal{V}_i(x, y)$ incorpora los términos restantes de transición, es decir, nacimientos, muertes, evolución de la enfermedad y recuperación, para cada compartimento i , con $i = 1, \dots, n$.

La descomposición en (2.3.2) satisface las siguientes propiedades:

- i) $\mathcal{F}_i(0, y) = 0, \mathcal{V}_i(0, y) = 0, \forall y \geq 0$ e $i=1, \dots, n$.
- ii) $\mathcal{F}_i(x, y) \geq 0, \forall x, y \geq 0$, e $i = 1, \dots, n$.
- iii) $\mathcal{V}_i(x, y) \leq 0$ cuando $x_i = 0, \forall i = 1, \dots, n$.
- iv) $\sum_{i=1}^n \mathcal{V}_i(x, y) \geq 0, \forall x, y \geq 0$.

La primera igualdad de *i*) establece que todas las nuevas infecciones son secundarias y provienen de huéspedes ya infectados. La condición $\mathcal{V}_i(0, y) = 0$, indica que no hay inmigración de individuos susceptibles en los compartimentos de enfermedades.

En *ii*), la función \mathcal{F}_i representa nuevas infecciones, por lo que no puede ser negativa, para todo $i = 1, \dots, n$.

En *iii*), cada componente \mathcal{V}_i representa la salida neta de un compartimento y debe dar entrada (ser negativo) solamente si el compartimento está vacío.

En *iv*), se representa la salida de todos los compartimentos infectados, por lo que la suma de los \mathcal{V}_i para $i = 1, \dots, n$ es positiva.

3. Suponga que el sistema libre de enfermedad, es decir,

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

tiene un único punto de equilibrio libre de enfermedad $\epsilon_0 = (0, y_0)$ que es estable, es decir, todas las soluciones con condiciones iniciales de la forma $(0, y)$ se aproxima a $(0, y_0)$ cuando $t \rightarrow \infty$.

4. El sistema (2.3.2) es linealizado y evaluado en el punto de equilibrio libre de enfermedad, con lo que se obtienen las siguientes matrices de tamaño $n \times n$

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

y

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

5. La matriz de la siguiente generación se define como

$$K = FV^{-1}.$$

Definición 2.3.4. El número reproductivo básico o tasa de reproducción básica de la infección es el número promedio de infecciones secundarias producidas por un individuo durante su periodo infeccioso en una población totalmente susceptible.

Finalmente, el número reproductivo básico \mathcal{R}_0 , se determina matemáticamente utilizando la siguiente definición.

Definición 2.3.5. El número reproductivo básico \mathcal{R}_0 , es el valor propio máximo positivo de la matriz de la siguiente generación K , esto es,

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

Capítulo 3

Modelos SIRS con incidencia simple y estándar

La incidencia en un modelo epidemiológico es la tasa a la que los susceptibles se vuelven infecciosos. Si la unidad de tiempo son días, entonces la incidencia es el número de nuevas infecciones por día. La tasa de contacto diario λ se define como el número promedio de contactos adecuados por unidad de tiempo (como días, semanas, meses o años) con otros individuos del compartimiento infeccioso. Puesto que $S(t)/N(t)$ representa la fracción de individuos susceptibles de la población total $N(t)$, $\lambda S(t)/N(t)$ es el número promedio de transmisiones de infección por infectado por día. Luego, la incidencia estándar $\lambda S(t)I(t)/N(t)$, se define como el número promedio de transmisiones de infección de los infectados $I(t)$ por unidad de tiempo. Nótese que esta misma incidencia resulta si λ es el número promedio de contactos adecuados de un susceptible con otras personas por día ya que $I(t)/N(t)$ es la fracción infecciosa de la población.

Una forma alternativa de formular la incidencia es utilizar la incidencia simple βSI , donde β se denomina coeficiente de transmisión. Cuando se compara con la incidencia estándar, la incidencia simple implica que $\beta = \lambda/N$, lo que quiere decir que la tasa de contacto λ es proporcional al tamaño de la población.

A continuación se realiza un análisis cualitativo de los primeros cuatro modelos recopilados en ([12]).

3.1. Modelo SIRS con inmigración e incidencia simple.

El primer modelo a analizar tuvo su inicio aproximadamente en el año 1979, creado por *Roy M. Anderson* y *Robert M. May*. Este modelo surgió a partir de experimentos realizados con poblaciones de ratones, en los cuales se introdujo la bacteria *Pasteurella muris*. Los ratones contagiados que lograron recuperarse mostraron cierta inmunidad, la cual con el tiempo iban perdiendo. Posteriormente, se experimentó utilizando la inmigración como parámetro demográfico ([12]).

Para llegar al modelo, a continuación se definen las variables y parámetros de interés.

Definición de variables y parámetros del modelo.

Suponga que los miembros de una población se dividen en tres compartimientos. Los individuos susceptibles a una enfermedad infecciosa se denotan como S , aquellos que han contraído la enfermedad y pueden esparcirla se llaman infectados y se denotan como I , y finalmente, están los recuperados, que consisten en aquellos que se han recuperado de la enfermedad infecciosa y se denotan como R . El interés radica en analizar la dinámica poblacional a lo largo del tiempo de estos tres compartimientos cuando se introduce un agente infeccioso que provoca una pandemia. Por lo tanto, la variable independiente será el tiempo (denotado por t) y las variables dependientes serán S , I y R .

Los parámetros a utilizar en el modelo son los siguientes:

1. La tasa de inmigración A .
2. La tasa de mortalidad d de la población total.
3. El coeficiente de transmisión β .
4. La tasa de mortalidad α relacionada con la enfermedad.
5. La tasa de recuperación γ de la enfermedad infecciosa.
6. La tasa de pérdida de inmunidad δ a la enfermedad.

Note que las letras en alfabeto romano son usadas para los parámetros demográficos, mientras que las letras en alfabeto griego son usadas para parámetros epidemiológicos.

Planteamiento de las hipótesis del modelo.

El modelo correspondiente a esta sección se basa en las siguientes suposiciones:

1. Los individuos pertenecientes a los compartimientos S , I y R comparten el mismo espacio.
 2. Las poblaciones S , I y R son homogéneas; es decir, no se toma en cuenta distinciones como el sexo, edad u otra característica.
 3. Se considera únicamente a la inmigración y a la mortalidad como parámetros demográficos.
 4. El proceso de transmisión de la enfermedad está regido por la **ley de acción de masas**. Esta ley se puede reinterpretar en términos epidemiológicos de la siguiente manera: *La tasa a la cual una enfermedad se propaga es proporcional al producto del número de individuos susceptibles por el número de individuos infecciosos.*
 5. Los individuos infecciosos abandonarán su compartimiento a una tasa γ para pasar a pertenecer al compartimiento de los recuperados.
-

6. Los individuos recuperados pueden pasar a pertenecer al compartimiento de los susceptibles con una tasa de proporcionalidad δ .

Formulación del modelo.

Sean $S(t)$ la población de individuos susceptibles, $I(t)$ la población de individuos infectados y $R(t)$ la población de individuos recuperados en el tiempo $t > 0$. Teniendo en cuenta las suposiciones anteriores, se pueden construir las ecuaciones diferenciales que modelan el curso de una enfermedad infecciosa de la siguiente manera:

Anteriormente se hizo mención sobre la ley de acción de masas en términos epidemiológicos, la cuál menciona que el número de personas susceptibles que pasan a ser infectadas es proporcional al producto del número de individuos susceptibles por infectados (hipótesis 4), matemáticamente, se expresa como βSI , y los individuos recuperados que pasan a ser susceptibles nuevamente se expresan mediante δR (hipótesis 6), además, tomando la hipótesis 3, se tiene que la ecuación que representa la dinámica poblacional del compartimiento de los susceptibles es:

$$S'(t) = A - dS - \beta SI + \delta R.$$

El signo menos representa la pérdida de individuos susceptibles y el signo $+$ representa la ganancia a partir de los recuperados.

Por la hipótesis 4, la tasa de encuentros efectivos entre los compartimientos de susceptibles e infectados es βSI . Además, teniendo en cuenta que algunos individuos infectados pueden no sobrevivir a la enfermedad infecciosa, junto con las hipótesis 3 y 5, se obtiene la siguiente ecuación diferencial:

$$I'(t) = \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I.$$

Por último, para modelar la dinámica poblacional de los recuperados, se toma en cuenta que γI representa la ganancia de individuos recuperados (hipótesis 5). Considerando también las hipótesis 3 y 6, se obtiene la siguiente ecuación diferencial:

$$R'(t) = \gamma I - (\delta + d)R.$$

Basándonos en las hipótesis mencionadas anteriormente, se deriva un sistema de ecuaciones diferenciales que describe el modelo SIRS con incidencia simple, así como inmigración y defunción como parámetros demográficos, el cual está dado por:

$$\begin{aligned} S'(t) &= A - dS - \beta SI + \delta R, \\ I'(t) &= \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I, \\ R'(t) &= \gamma I - (\delta + d)R, \end{aligned} \tag{3.1.1}$$

Variables y parámetros	Dimensiones
S	<i>Individuos</i>
I	<i>Individuos</i>
R	<i>Individuos</i>
t	<i>tiempo</i>
$S'(t)$	$\frac{\text{Individuos}}{\text{tiempo}}$
$I'(t)$	$\frac{\text{Individuos}}{\text{tiempo}}$
$R'(t)$	$\frac{\text{Individuos}}{\text{tiempo}}$
A	$\frac{\text{Individuos}}{\text{tiempo}}$
d	$\frac{1}{\text{tiempo}}$
β	$\frac{1}{(\text{Individuo})(\text{tiempo})}$
α	$\frac{1}{\text{tiempo}}$
γ	$\frac{1}{\text{tiempo}}$
δ	$\frac{1}{\text{tiempo}}$

Cuadro 3.1.1: Tabla de variables y parámetros

donde todos los parámetros A , d , β , α , γ y δ son positivos.

Graficamente, el sistema (3.1.1) se puede interpretar de acuerdo al siguiente diagrama de transferencia:

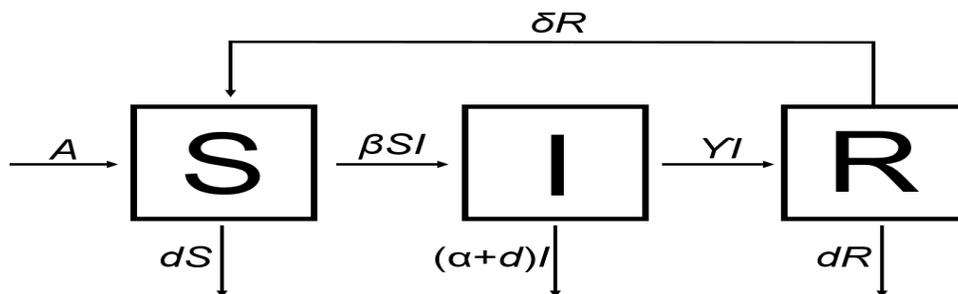


Figura 3.1: Diagrama de transferencia correspondiente al sistema (3.1.1).

Es importante notar que el sistema (3.1.1) está dimensionalmente correcto. En el Cuadro (3.1.1) se muestra las dimensiones de las variables y parámetros del modelo (3.1.1).

Como se están considerando poblaciones no negativas, la región de interés para posibles interpretaciones biológicas será el conjunto

$$\Omega = \{(S, I, R) \in \mathbb{R}^3 : S, I, R \geq 0\}.$$

Observe que si $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$, entonces se cumple que

$$N'(t) = A - dN - \alpha I,$$

en ausencia de la enfermedad (cuando $I(t) = 0$), de la expresión anterior resulta que

$$N'(t) = A - dN,$$

luego, se infiere que $\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = A/d$, lo cual significa que, en ausencia de la enfermedad, el número total de la población se aproxima a A/d .

Cabe notar que si $N > A/d$, entonces $N'(t) < 0$. De manera que todas las trayectorias en el primer octante del plano SIR se aproximan, entran o permanecen dentro de la región $T \subset \mathbb{R}^3$ definido como

$$T = \{(S, I, R) : S + I + R \leq A/d, S, I, R \geq 0\}.$$

Ahora, interesa saber si el sistema (3.1.1) es significativo en T ; es decir, se demostrará que tiene una única solución en T . Para lograr esto, se utilizará el Teorema Fundamental de Existencia y Unicidad con Dependencia en los Parámetros (ver 1.1.11).

Se definen

$$X = \begin{pmatrix} S \\ I \\ R \end{pmatrix}, f(X, \mu) = \begin{pmatrix} f_1(X, \mu) \\ f_2(X, \mu) \\ f_3(X, \mu) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} A - dS - \beta SI + \delta R \\ \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I \\ \gamma I - (\delta + d)R \end{pmatrix},$$

donde $\mu \in \mathbb{R}^6$ es el vector que contiene a los parámetros de (3.1.1) ($A, d, \beta, \alpha, \gamma, \delta$).

Se considera a

$$O = \mathbb{R}^3 \times \{(A, d, \beta, \alpha, \gamma, \delta) : A, d, \beta, \alpha, \gamma, \delta > 0\}$$

un subconjunto de \mathbb{R}^9 . Sea (X_0, μ_0) arbitrario. Para el sistema (3.1.1), su matriz jacobiana está dada por

$$Df(X, \mu) = \begin{pmatrix} \frac{\partial f_1}{\partial S} & \frac{\partial f_1}{\partial I} & \frac{\partial f_1}{\partial R} & \frac{\partial f_1}{\partial A} & \frac{\partial f_1}{\partial d} & \frac{\partial f_1}{\partial \beta} & \frac{\partial f_1}{\partial \alpha} & \frac{\partial f_1}{\partial \gamma} & \frac{\partial f_1}{\partial \delta} \\ \frac{\partial f_2}{\partial S} & \frac{\partial f_2}{\partial I} & \frac{\partial f_2}{\partial R} & \frac{\partial f_2}{\partial A} & \frac{\partial f_2}{\partial d} & \frac{\partial f_2}{\partial \beta} & \frac{\partial f_2}{\partial \alpha} & \frac{\partial f_2}{\partial \gamma} & \frac{\partial f_2}{\partial \delta} \\ \frac{\partial f_3}{\partial S} & \frac{\partial f_3}{\partial I} & \frac{\partial f_3}{\partial R} & \frac{\partial f_3}{\partial A} & \frac{\partial f_3}{\partial d} & \frac{\partial f_3}{\partial \beta} & \frac{\partial f_3}{\partial \alpha} & \frac{\partial f_3}{\partial \gamma} & \frac{\partial f_3}{\partial \delta} \end{pmatrix},$$

donde:

$$\begin{array}{lll} \frac{\partial f_1}{\partial S} = -d - \beta I, & \frac{\partial f_2}{\partial S} = \beta I, & \frac{\partial f_3}{\partial S} = 0, \\ \frac{\partial f_1}{\partial I} = -\beta S, & \frac{\partial f_2}{\partial I} = \beta S - (\gamma + \alpha + d), & \frac{\partial f_3}{\partial I} = \gamma, \\ \frac{\partial f_1}{\partial R} = \delta, & \frac{\partial f_2}{\partial R} = 0, & \frac{\partial f_3}{\partial R} = -(\delta + d), \\ \frac{\partial f_1}{\partial A} = 1, & \frac{\partial f_2}{\partial A} = 0, & \frac{\partial f_3}{\partial A} = 0, \\ \frac{\partial f_1}{\partial d} = -S, & \frac{\partial f_2}{\partial d} = -I, & \frac{\partial f_3}{\partial d} = -R, \\ \frac{\partial f_1}{\partial \beta} = -SI, & \frac{\partial f_2}{\partial \beta} = SI, & \frac{\partial f_3}{\partial \beta} = 0, \\ \frac{\partial f_1}{\partial \alpha} = 0, & \frac{\partial f_2}{\partial \alpha} = -I, & \frac{\partial f_3}{\partial \alpha} = 0, \\ \frac{\partial f_1}{\partial \gamma} = 0, & \frac{\partial f_2}{\partial \gamma} = -I, & \frac{\partial f_3}{\partial \gamma} = I, \\ \frac{\partial f_1}{\partial \delta} = R, & \frac{\partial f_2}{\partial \delta} = 0, & \frac{\partial f_3}{\partial \delta} = -R, \end{array}$$

Es importante notar que todas las derivadas parciales de $Df(X, \mu)$ son funciones polinomiales o constantes, lo que implica que todas son continuas en O .

En consecuencia, $f \in C^1(O)$. Luego, por el teorema (1.1.11), el sistema (3.1.1) tiene una única solución en O .

Es crucial examinar los puntos de equilibrio del sistema que estamos analizando. El siguiente lema nos muestra quiénes son estos puntos de equilibrio.

Lema 3.1.1. Los puntos de equilibrio del sistema (3.1.1) son $P_0 = \left(\frac{A}{d}, 0, 0\right)$ y $P_1 = (S_1, I_1, R_1)$, donde:

$$S_1 = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}, I_1 = \frac{A - dS_1}{\alpha + d \left(1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right)}, R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

Demostración. Los puntos de equilibrio del sistema (3.1.1) corresponden a la solución del sistema no lineal

$$\begin{aligned} A - dS - \beta SI + \delta R &= 0, \\ \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I &= 0, \\ \gamma I - (\delta + d)R &= 0. \end{aligned} \tag{3.1.2}$$

De la segunda ecuación del sistema anterior, factorizando a I , se tiene la siguiente expresión:

$$I[\beta S - (\gamma + \alpha + d)] = 0.$$

Luego $I = 0$ o $\beta S - (\gamma + \alpha + d) = 0$.

Si $I = 0$, de la tercera ecuación de (3.1.2) se obtiene que $R = 0$, y así reemplazando $I = 0 = R$ en la primera ecuación de (3.1.2) se llega a que $S = A/d$. De aquí que el primer punto de equilibrio de (3.1.1) es:

$$P_0 = \left(\frac{A}{d}, 0, 0\right).$$

Ahora se considera el caso cuando $\beta S - (\gamma + \alpha + d) = 0$. Despejando a S se tiene que $S = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}$. De la tercera ecuación de (3.1.2) despejando a la componente que corresponde a los recuperados, queda que el valor de R , en términos de I es:

$$R = \frac{\gamma I}{\delta + d}.$$

Solo resta hallar el valor de I , para ello, se considera la primera ecuación de (3.1.2) ($A - dS - \beta SI + \delta R = 0$) y se procede a hacer lo siguiente: Sin sustituir el valor encontrado para S y escribiendo el valor encontrado para R , sin olvidar que está en términos de I , en la ecuación a analizar, se obtiene la siguiente expresión

$$A - dS - \beta SI + \frac{\delta\gamma}{\delta + d}I = 0.$$

Agrupando en un lado de la igualdad a los términos que contengan a I y el resto del otro lado de la igualdad, queda lo siguiente:

$$\beta SI - \frac{\delta\gamma}{\delta + d}I = A - dS,$$

luego, factorizando en el lado izquierdo a I , para posteriormente despejarlo, queda que la expresión para I es de la siguiente forma:

$$I = \frac{A - dS}{\beta S - \frac{\delta\gamma}{\delta + d}}.$$

Para terminar la demostración, falta reescribir el denominador de la expresión anterior. Se tiene que

$$\begin{aligned} \beta S - \frac{\delta\gamma}{\delta + d} &= (\gamma + \alpha + d) - \frac{\delta\gamma}{\delta + d}, \\ &= \alpha + \left[(\gamma + d) - \frac{\delta\gamma}{\delta + d} \right], \\ &= \alpha + \left(\frac{\gamma d + \delta d + d^2}{\delta + d} \right), \\ &= \alpha + d \left(\frac{\delta + d + \gamma}{\delta + d} \right), \\ &= \alpha + d \left(1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right). \end{aligned}$$

Con lo anterior, I toma la forma

$$I = \frac{A - dS}{\alpha + d \left(1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right)}.$$

Por lo tanto, el segundo punto de equilibrio del sistema (3.1.1) es $P_1 = (S_1, I_1, R_1)$, donde

$$S_1 = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}, I_1 = \frac{A - dS_1}{\alpha + d \left(1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right)}, R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

■

Cuando ocurre que si al menos una coordenada de un punto de equilibrio es igual a cero entonces éste punto será llamado **punto de equilibrio trivial**, caso contrario, recibe el nombre de **punto de equilibrio no trivial**. De manera que P_0 es un punto de equilibrio trivial y P_1 es no trivial.

Epidemiológicamente, el punto de equilibrio P_0 va a denotar el punto de equilibrio libre de la enfermedad, pues la componente perteneciente a los infectados de dicho punto es igual a cero. Este punto será de gran utilidad para hallar el número reproductivo básico \mathcal{R}_0 del sistema (3.1.1).

El número reproductivo \mathcal{R}_0 , es un parámetro umbral muy importante, pues a raíz de dicho número, se puede determinar si un agente infeccioso provocará una pandemia dentro de una población. Para el modelo (3.1.1), se calcula \mathcal{R}_0 utilizando el método de la matriz de la siguiente generación mencionada en el capítulo anterior.

Lema 3.1.2. El número reproductivo \mathcal{R}_0 de (3.1.1) es:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta \left(\frac{A}{d}\right)}{\gamma + \alpha + d}.$$

Demostración. Para el cálculo de \mathcal{R}_0 , se considerará el punto de equilibrio P_0 , que, para la demostración, se renombrará como \mathcal{E}_0 .

Primero, se define a \mathcal{F}_1 y \mathcal{V}_i como

$$\begin{aligned}\mathcal{F}_1 &= \beta SI, \\ \mathcal{V}_1 &= (\gamma + \alpha + d)I.\end{aligned}$$

Luego, las matrices F y V en términos de \mathcal{F}_1 y \mathcal{V}_1 quedan definidas de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}F &= \left[\frac{\partial \mathcal{F}_1}{\partial I}\right]_{\mathcal{E}_0} = [\beta S]_{\mathcal{E}_0} = \beta \left(\frac{A}{d}\right), \\ V &= \left[\frac{\partial \mathcal{V}_1}{\partial I}\right]_{\mathcal{E}_0} = [\gamma + \alpha + d]_{\mathcal{E}_0} = \gamma + \alpha + d.\end{aligned}$$

Así, la matriz de próxima generación se define como:

$$K = FV^{-1} = \left[\frac{\beta \left(\frac{A}{d}\right)}{\gamma + \alpha + d}\right],$$

de aquí que el número reproductivo es:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta \left(\frac{A}{d}\right)}{\gamma + \alpha + d}.$$



Regresando a los puntos de equilibrio obtenidos en el lema (3.1.1), en término de \mathcal{R}_0 , las componentes de P_1 quedan rescritas como:

$$S_1 = \frac{A}{d\mathcal{R}_0}, I_1 = \frac{A(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0})}{\alpha + d(1 + \frac{\gamma}{\delta+d})}, R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

Observación 3.1.3. La estabilidad de los puntos de equilibrio del sistema (3.1.1) va a depender del valor de \mathcal{R}_0 .

Antes de analizar la estabilidad de P_0 y P_1 es necesario hacer notar lo siguiente:

- Si $\mathcal{R}_0 \in (0, 1)$, entonces las componentes del punto de equilibrio P_1 satisfacen que:

$$S_1 > 0, I_1 < 0, R_1 < 0.$$

- Si $\mathcal{R}_0 = 1$, entonces el punto de equilibrio P_1 pasa a convertirse en P_0 .
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$, entonces las componentes del punto de equilibrio P_1 satisfacen que:

$$S_1 > 0, I_1 > 0, R_1 > 0.$$

Con lo anterior, el análisis de estabilidad para P_1 considerará el caso cuando $\mathcal{R}_0 > 1$, mientras que para P_0 no habrá restricción alguna en \mathcal{R}_0 .

Teorema 3.1.4. Los puntos de equilibrio correspondientes a (3.1.1) cumplen lo siguiente:

- Si $\mathcal{R}_0 < 1$, entonces P_0 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.
- Si $\mathcal{R}_0 = 1$, entonces P_0 es un punto de equilibrio no hiperbólico.
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$, entonces P_0 es un punto de equilibrio localmente inestable.

Los anteriores puntos analizan solo a P_0 . El siguiente y último punto analiza la estabilidad de P_1 .

- Si $\mathcal{R}_0 > 1$ entonces P_1 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.

Demostración. Para demostrar los tres primeros puntos del teorema, es necesario calcular los valores propios de la matriz jacobiana de (3.1.1) evaluado en P_0 .

La jacobiana de (3.1.1) está dada por

$$J(S, I, R) = \begin{bmatrix} -d - \beta I & -\beta S & \delta \\ \beta I & \beta S - (\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix},$$

evaluando P_0 en $J(S, I, R)$ queda:

$$J(P_0) = \begin{bmatrix} -d & -\beta \left(\frac{A}{d}\right) & \delta \\ 0 & \beta \left(\frac{A}{d}\right) - (\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix}.$$

Luego, el polinomio característico de $J(P_0)$ resulta ser la expresión

$$P(\lambda) = [-d - \lambda] \left[\beta \left(\frac{A}{d}\right) - (\gamma + \alpha + d) - \lambda \right] [-(\delta + d) - \lambda],$$

cuyas raíces son:

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= -d < 0, \\ \lambda_2 &= \beta \left(\frac{A}{d}\right) - (\gamma + \alpha + d), \\ \lambda_3 &= -(\delta + d) < 0. \end{aligned}$$

λ_2 en término de \mathcal{R}_0 queda expresado como $\lambda_2 = (\gamma + \alpha + d)(\mathcal{R}_0 - 1)$.

De manera que ocurre lo siguiente:

- Si $\mathcal{R}_0 < 1$ se cumple que $\lambda_2 < 0$, con esto, $Re(\lambda_i) < 0$, para $i = 1, 2, 3$. Luego, P_0 es un sumidero, en consecuencia, P_0 es un punto de equilibrio asintóticamente estable.
- Si $\mathcal{R}_0 = 1$ se tiene que $\lambda_2 = 0$, con esto, al menos una raíz de $P(\lambda)$ tiene parte real igual a cero, de manera que P_0 es un punto de equilibrio no hiperbólico.
- Si $\mathcal{R}_0 > 1$ se sigue que $\lambda_2 > 0$, luego, como $\lambda_1, \lambda_3 < 0$, se sigue que P_0 es un punto silla, y por lo tanto, P_0 es un punto de equilibrio inestable.

Para demostrar el último punto del teorema, se tiene que el jacobiano evaluado en P_1 queda determinado por la matriz

$$J(P_1) = \begin{bmatrix} -d - \beta I_1 & -\beta S_1 & \delta \\ \beta I_1 & \beta S_1 - (\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix}.$$

Resulta que su correspondiente polinomio característico es:

$$P(\lambda) = \lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3,$$

donde

$$\begin{aligned}
a_1 &= \beta I_1 + \delta + 2d > 0, \\
a_2 &= (\gamma + \alpha + d)\beta I_1 + (\delta + d)(\beta I_1 + d) > 0, \\
a_3 &= (\delta + d)(\gamma + \alpha + d)\beta I_1 - \delta\gamma\beta I_1.
\end{aligned}$$

De la siguiente cadena de equivalencias

$$\begin{aligned}
&\iff (\delta + d)(\alpha + d) + d\gamma > 0, \\
&\iff \delta\alpha + \delta d + d\gamma + d\alpha + d^2 > 0, \\
&\iff \delta\gamma + \delta\alpha + \delta d + d\gamma + d\alpha + d^2 > \delta\gamma, \\
&\iff (\delta + d)(\gamma + \alpha + d) > \delta\gamma, \\
&\iff (\delta + d)(\gamma + \alpha + d) - \delta\gamma > 0,
\end{aligned}$$

se obtiene que $a_3 > 0$.

Para utilizar el criterio de Routh-Huwirtz se procede a construir las siguientes matrices,

$$\begin{aligned}
\Delta_1 &= [a_1], \\
&= \beta I_1 + \delta + 2d > 0, \\
\Delta_2 &= \begin{bmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{bmatrix}, \\
&= \begin{bmatrix} a_1 & 1 \\ a_3 & a_2 \end{bmatrix}, \\
&= a_1 a_2 - a_3, \\
&= \Delta_1 [(\gamma + \alpha + d)\beta I_1 + (\delta + d)(\beta I_1 + d)] - (\delta + d)(\gamma + \alpha + d)\beta I_1 + \delta\gamma\beta I_1, \\
&= (\beta I_1 + d)[\beta I_1(\gamma + \alpha + d) + \Delta_1(\gamma + d)] + \delta\gamma\beta I_1 > 0, \\
\Delta_3 &= \begin{bmatrix} a_1 & a_0 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ 0 & 0 & a_3 \end{bmatrix}, \\
&= \begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ 0 & 0 & a_3 \end{bmatrix}, \\
&= a_1 a_2 a_3 - a_3^2, \\
&= a_3 [a_1 a_2 - a_3], \\
&= a_3 \Delta_2 > 0,
\end{aligned}$$

luego, dado que $\Delta_i > 0$ para $i = 1, 2, 3$, por el criterio de Routh-Huwirtz, todas las raíces de $P(\lambda)$ tienen parte real negativa, de aquí que P_1 es un sumidero. Por lo tanto P_1 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.

■

Parte del resultado anterior analizó la estabilidad local del punto de equilibrio P_0 , pero esto no exenta a que bajo ciertas condiciones dicho punto también sea analizado desde el punto de vista de estabilidad global. A continuación se enuncia el siguiente teorema de estabilidad global para el punto de equilibrio libre de enfermedad.

Teorema 3.1.5. Si $\mathcal{R}_0 \leq 1$, entonces el punto de equilibrio P_0 correspondiente al sistema (3.1.1) es un punto de equilibrio globalmente asintóticamente estable.

Demostración. Considere la región T subconjunto de \mathbb{R}^3 donde P_0 está contenido en T . Se propone la función $L \in C^1(T)$ definida como $L(t) = I(t)$, dicha función cumple que $L(P_0) = 0$ y $L(P) > 0$ para cualquier $P \neq P_0$ en T . Dado que $L(t) = I(t)$, se sigue que:

$$L'(t) = I'(t) = I[\beta S - (\gamma + \alpha + d)],$$

de $L'(t)$ se tiene que $L'(P_0) = I'(P_0) = 0$. Solo resta mostrar que $L'(P) < 0$ para cualquier $P \neq P_0$ en T . Bajo la condición impuesta para \mathcal{R}_0 , se cumple la siguiente desigualdad:

$$S - \frac{N}{\mathcal{R}_0} < 0,$$

luego,

$$\begin{aligned} S - \frac{A}{d\mathcal{R}_0} &< 0, \\ S &< \frac{A}{d\mathcal{R}_0} = S_1, \\ S &< \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}, \\ \beta S &< (\gamma + \alpha + d), \\ \beta S - (\gamma + \alpha + d) &< 0, \end{aligned}$$

con ello, $L' < 0$ para cualquier $P \neq P_0$ en T . Por lo tanto, por el teorema (1.4.8) el punto de equilibrio P_0 es un punto de equilibrio globalmente asintóticamente estable.

■

El modelo SIRS con inmigración e incidencia simple (3.1.1) cuenta con la característica de que la inmunidad es temporal (donde el parámetro δ describe esa pérdida de inmunidad), lo cual para analizar la dinámica de una población que es azotada por una enfermedad infecciosa es bastante razonable, pero existen ciertas enfermedades infecciosas que a la hora de recuperarse adquieren inmunidad permanente.

Ahora bien, si la inmunidad es permanente ($\delta = 0$), el sistema (3.1.1) queda reescrito de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
S'(t) &= A - dS - \beta SI, \\
I'(t) &= \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I, \\
R'(t) &= \gamma I - dR.
\end{aligned}
\tag{3.1.3}$$

Transformandose en un modelo tipo SIR. Para este nuevo modelo el valor de \mathcal{R}_0 es el mismo. El punto P_1^* definido como

$$P_1^* = (S_1^*, I_1^*, R_1^*) = \left(\frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}, \frac{A - dS_1^*}{\gamma + \alpha + d}, \frac{\gamma I_1^*}{d} \right),$$

es un punto de equilibrio correspondiente a (3.1.3). Desde el punto de vista de estabilidad global el punto de equilibrio P_1^* va a cumplir lo siguiente.

Teorema 3.1.6. Si $\mathcal{R}_0 > 1$ entonces P_1^* es un punto de equilibrio globalmente asintóticamente estable.

Demostración. La técnica que se va a emplear para demostrar esta afirmación será bajo una transformación trasladar a P_1^* al origen para así, en vez de analizar la estabilidad global de P_1^* , se estudiará al origen. El resultado obtenido tendrá la misma interpretación para P_1^* .

Se propone la traslación

$$\begin{aligned}
U(t) &= \frac{S}{S_1^*} - 1, \\
V(t) &= \frac{I}{I_1^*} - 1, \\
W(t) &= \frac{R}{R_1^*} - 1,
\end{aligned}$$

derivando respecto a t , se tiene lo siguiente:

$$\begin{aligned}
U'(t) &= \frac{S'}{S_1^*}, \\
V'(t) &= \frac{I'}{I_1^*}, \\
W'(t) &= \frac{R'}{R_1^*}.
\end{aligned}$$

Se desarrollará cada una de las ecuaciones anteriores.

Para $W'(t)$,

$$\begin{aligned}
 W'(t) &= \frac{R'}{R_1^*}, \\
 &= \frac{\gamma I - dR}{\frac{\gamma I_1^*}{d}}, \\
 &= d \left(\frac{\gamma I - dR}{\gamma I_1^*} \right), \\
 &= d \left(\frac{I}{I_1^*} - \frac{d}{\gamma I_1^*} R \right), \\
 &= d \left(\frac{I}{I_1^*} - 1 - \frac{d}{\gamma I_1^*} R + 1 \right), \\
 &= d \left[\left(\frac{I}{I_1^*} - 1 \right) - \left(\frac{d}{\gamma I_1^*} R - 1 \right) \right], \\
 &= d(V - W).
 \end{aligned}$$

Para $V'(t)$, y ocupando el hecho de que $S_1^* I_1^* = \frac{A - dS_1^*}{\beta}$,

$$\begin{aligned}
 V'(t) &= \frac{I'}{I_1^*}, \\
 &= \frac{\beta SI - (\gamma + \alpha + d)I}{\frac{A - dS_1^*}{\gamma + \alpha + d}}, \\
 &= (\gamma + \alpha + d) \left[\frac{\beta SI - (\gamma + \alpha + d)I}{A - dS_1^*} \right], \\
 &= \beta S_1^* \left(\frac{\beta SI}{A - dS_1^*} - \frac{(\gamma + \alpha + d)I}{A - dS_1^*} \right), \\
 &= \beta S_1^* \left(\frac{SI}{S_1^* I_1^*} - \frac{I}{I_1^*} \right), \\
 &= \beta S_1^* \left(\frac{SI}{S_1^* I_1^*} - \frac{I}{I_1^*} + \frac{S}{S_1^*} - \frac{S}{S_1^*} - 1 + 1 \right), \\
 &= \beta S_1^* \left[\left(\frac{S}{S_1^*} - 1 \right) \left(1 + \frac{I}{I_1^*} - 1 \right) \right], \\
 &= \beta S_1^* U(1 + V).
 \end{aligned}$$

Para $U'(t)$, y auxiliándose del hecho de que $V + UV = \frac{\beta SI}{A - dS_1^*} - \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d}$,

$$\begin{aligned}
U'(t) &= \frac{S'}{S_1^*}, \\
&= \frac{A - dS - \beta SI}{\frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}}, \\
&= \beta \left(\frac{A - dS - \beta SI}{\gamma + \alpha + d} \right), \\
&= \beta I_1^* \left(\frac{A - dS - \beta SI}{A - dS_1^*} \right), \\
&= -\beta I_1^* \left(\frac{\beta SI + dS - A}{A - dS_1^*} \right), \\
&= -\beta I_1^* \left(\frac{\beta SI}{A - dS_1^*} + \frac{dS - A}{A - dS_1^*} - \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} \right), \\
&= -\beta I_1^* \left(V + UV + \frac{dS - A}{A - dS_1^*} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} \right), \\
&= -\beta I_1^* \left(V + UV + \frac{dS}{A - dS_1^*} - \frac{A}{A - dS_1^*} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} \right), \\
&= -\beta I_1^* \left(V + UV + \frac{dS}{A - dS_1^*} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} - \frac{dS_1^* + A - dS_1^*}{A - dS_1^*} \right), \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + \frac{dS}{A - dS_1^*} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} - \left(\frac{dS_1^*}{A - dS_1^*} + 1 \right) \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + \frac{dS}{A - dS_1^*} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} - \left(\frac{d(\gamma + \alpha + d)}{\beta(A - dS_1^*)} + 1 \right) \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + \frac{dS}{A - dS_1^*} + \frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} - \frac{d(\gamma + \alpha + d)}{\beta(A - dS_1^*)} - 1 \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + \frac{dS}{\beta S_1^* I_1^*} + \frac{S}{S_1^*} - \frac{d}{\beta I_1^*} - 1 \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + \frac{d}{\beta I_1^*} \left(\frac{S}{S_1^*} - 1 \right) + \left(\frac{S}{S_1^*} - 1 \right) \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + \left(\frac{S}{S_1^*} - 1 \right) \left(\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 \right) \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[V + UV + U \left(\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 \right) \right], \\
&= -\beta I_1^* \left[\left(\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 \right) U + V + UV \right].
\end{aligned}$$

Así, bajo la traslación $U = \frac{S}{S_1^*} - 1$, $V = \frac{I}{I_1^*} - 1$ y $W = \frac{R}{R_1^*} - 1$, el sistema (3.1.3) asume la forma

$$\begin{aligned}
U'(t) &= -\beta I_1^* \left[\left(\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 \right) U + V + UV \right], \\
V'(t) &= \beta S_1^* U (1 + V), \\
W'(t) &= d(V - W),
\end{aligned}$$

dicho sistema está definida en la región

$$T^* = \{U, V, W : U, V, W \geq -1, S_1^* U + I_1^* V + R_1^* W \leq A/d - N_1\},$$

con $N_1 = S_1^* + I_1^* + R_1^*$, dicha región es positivamente invariante con respecto al sistema anterior. Este modelo tiene a $(0, 0, 0)$ como punto de equilibrio. De manera que si se puede analizar la estabilidad global alrededor del origen, entonces sus traslaciones que lleva de $(0, 0, 0)$ a (S_1^*, I_1^*, R_1^*) será la estabilidad global cercana a (S_1^*, I_1^*, R_1^*) del sistema (3.1.3).

Se propone la función $L \in C'(T^*)$ definida como

$$L(t) = \frac{U^2}{2\beta I_1^*} + \frac{V - \ln(1 + V)}{\beta S_1^*},$$

esta función cumple que $L(0, 0, 0) = 0$ y también $L(u, v, w) > 0$ para cualquier $(u, v, w) \neq (0, 0, 0)$ en T^* . Con lo anterior L es una función definida positiva. La derivada de L con respecto a t se define de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}
L'(t) &= \frac{2UU'(2\beta I_1^*)}{4\beta^2 I_1^{*2}} + \frac{\beta S_1^* [V' - \frac{V'}{1+V}]}{\beta^2 S_1^{*2}}, \\
&= \frac{U \left(-\beta I_1^* \left[\left(\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 \right) U + V + UV \right] \right)}{\beta I_1^*} + \frac{[\beta S_1^* U [1 + V] - \frac{\beta S_1^* U [1 + V]}{1 + V}]}{\beta S_1^*}, \\
&= -U \left[\left(\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 \right) U + V + UV \right] + U[1 + V] - U, \\
&= -\frac{d}{\beta I_1^*} U^2 - U^2 - UV - U^2 V + U + UV - U, \\
&= -\frac{d}{\beta I_1^*} U^2 - U^2 - U^2 V, \\
&= -U^2 \left[\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 + V \right].
\end{aligned}$$

Observe que $L'(0, 0, 0) = 0$. Resta mostrar que $L' < 0$ para cualquier punto (u, v, w) distinto del origen en T^* . En la región T^* se considera a $U \geq -1$, por lo que $-U^2 \leq -1$, I_1^* en términos de \mathcal{R}_0 queda expresado como $I_1^* = \frac{A(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0})}{\gamma + \alpha + d}$, y dado que $\mathcal{R}_0 > 1$ se sigue que $I_1^* > 0$, de modo que

$$\frac{d}{\beta I_1^*} + 1 + V > 0,$$

para $V \geq -1$. Así $L' < 0$, con ello, L' es una función definida negativa. Luego, por el teorema (1.4.8) el origen es un punto globalmente asintóticamente estable en el espacio UVW .

Por lo tanto, bajo la traslación que va del espacio UVW al espacio SIR se concluye que el punto (S_1^*, I_1^*, R_1^*) es un punto globalmente asintóticamente estable. ■

3.2. Modelo SIRS con inmigración e incidencia estándar.

Este modelo SIRS difiere del anterior de una sola manera. Se utiliza la incidencia estándar $\lambda SI/N$ en lugar de la incidencia simple βSI . El parámetro λ va a denotar la tasa mínima de contacto, tendrá como dimensión *individuo/(individuo)(tiempo)*.

Las hipótesis de este modelo son similares a la del anterior, la diferencia radica en la hipótesis 4, pues ahora se considerará a la población total N , que es la suma de la población de los tres compartimientos.

Las ecuaciones diferenciales para este modelo son

$$\begin{aligned} S'(t) &= A - dS - \lambda SI/N + \delta R, \\ I'(t) &= \lambda SI/N - (\gamma + \alpha + d)I, \\ R'(t) &= \gamma I - (\delta + d)R. \end{aligned} \tag{3.2.1}$$

Usando las dimensiones de los parámetros utilizados en el modelo anterior y agregando el parámetro λ con su respectiva dimensión se muestra que el modelo está dimensionalmente bien planteado.

Note que en ausencia de la enfermedad, la ecuación diferencial que modela la dinámica poblacional de N es

$$N'(t) = A - dN,$$

esto quiere decir que en ausencia de la enfermedad, la población total N tiende a A/d .

Ahora, como en la sección anterior, se dan a conocer los puntos de equilibrio correspondientes al sistema (3.2.1) a través del siguiente lema.

Lema 3.2.1. Los puntos de equilibrio del sistema (3.2.1) son $P_0 = (\frac{A}{d}, 0, 0)$ y $P_1 = (S_1, I_1, R_1)$ donde:

$$S_1 = \frac{A(\gamma + \alpha + d)}{d\lambda}, I_1 = \frac{A}{d} \left[1 - \frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda} \right] \left[\frac{1}{\left[1 + \frac{\alpha}{d} \right] + \frac{\gamma}{\delta + d}} \right], R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

Demostración. Los puntos de equilibrio de (3.2.1) corresponden a la solución del sistema no lineal

$$\begin{aligned} A - dS - \lambda SI/N + \delta R &= 0, \\ \lambda SI/N - (\gamma + \alpha + d)I &= 0, \\ \gamma I - (\delta + d)R &= 0. \end{aligned} \tag{3.2.2}$$

Factorizando a I de la segunda ecuación de (3.2.2) se obtiene la siguiente expresión:

$$I[\lambda S/N - (\gamma + \alpha + d)] = 0,$$

de donde $I = 0$ o $\lambda S/N - (\gamma + \alpha + d) = 0$.

Si $I = 0$, de la tercera ecuación de (3.2.2), se llega a que $R = 0$. Luego, reemplazando los valores $I = 0 = R$ en la primera ecuación de (3.2.2), conduce a que $S = A/d$. Con esto, el primer punto de equilibrio de (3.2.1) es:

$$P_0 = \left(\frac{A}{d}, 0, 0 \right).$$

Ahora, considere el caso cuando $\lambda S/N - (\gamma + \alpha + d) = 0$. Despejando a S de la expresión anterior se verifica que $S = \frac{N(\gamma + \alpha + d)}{\lambda}$. Luego, dado que $\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = A/d$, se sigue que $S = \frac{A(\gamma + \alpha + d)}{d\lambda}$.

En términos de I , de la tercera ecuación de (3.2.2), la componente que corresponde a los recuperados queda de la siguiente manera:

$$R = \frac{\gamma I}{\delta + d}.$$

Solo resta hallar el valor de I , para ello, con los valores obtenidos para S y R , reemplazando en la primera igualdad de (3.2.2) resulta que:

$$A - d \left[\frac{A(\gamma + \alpha + d)}{d\lambda} \right] - \frac{\lambda}{N} \left[\frac{A(\gamma + \alpha + d)}{d\lambda} \right] I + \frac{\delta \gamma I}{\delta + d} = 0,$$

simplificando y agrupando en un lado de la igualdad a los términos que contengan a I y el resto del otro lado de la igualdad, queda lo siguiente:

$$A - \frac{A(\gamma + \alpha + d)}{\lambda} = I \left[\frac{A(\gamma + \alpha + d)}{dN} - \frac{\delta \gamma}{\delta + d} \right].$$

Puesto que $\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = A/d$, se sigue que:

$$\begin{aligned} A \left[1 - \frac{(\gamma + \alpha + d)}{\lambda} \right] &= I \left[(\gamma + \alpha + d) - \frac{\delta\gamma}{\delta + d} \right], \\ &= I \left[\frac{(\gamma + \alpha + d)(\delta + d) - \delta\gamma}{\delta + d} \right], \\ &= I \left[\frac{\alpha(\delta + d) + d(\delta + d) + \gamma d}{\delta + d} \right], \end{aligned}$$

luego,

$$\begin{aligned} I &= A \left[1 - \frac{(\gamma + \alpha + d)}{\lambda} \right] \left[\frac{\delta + d}{\alpha(\delta + d) + d(\delta + d) + \gamma d} \right], \\ &= A \left[1 - \frac{(\gamma + \alpha + d)}{\lambda} \right] \left[\frac{1}{\alpha + d + \frac{\gamma d}{\delta + d}} \right], \\ &= \frac{A}{d} \left[1 - \frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda} \right] \left[\frac{1}{\left[1 + \frac{\alpha}{d} \right] + \frac{\gamma}{\delta + d}} \right]. \end{aligned}$$

Por lo tanto, el segundo punto de equilibrio del sistema (3.2.1) es $P_1 = (S_1, I_1, R_1)$, donde

$$S_1 = \frac{A(\gamma + \alpha + d)}{d\lambda}, I_1 = \frac{A}{d} \left[1 - \frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda} \right] \left[\frac{1}{\left[1 + \frac{\alpha}{d} \right] + \frac{\gamma}{\delta + d}} \right], R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

■

El número reproductivo correspondiente al sistema (3.2.1) se dará a conocer en el siguiente lema.

Lema 3.2.2. El número reproductivo \mathcal{R}_0 para el sistema (3.2.1) esta dada por la expresión

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\lambda}{\gamma + \alpha + d}.$$

Demostración. Observe que el punto de equilibrio libre de enfermedad del sistema (3.2.1) es $\mathcal{E}_0 = (A/d, 0, 0)$, el cual se obtuvo en el lema anterior. Se utilizará como herramienta matemática la matriz de la siguiente generación para el cálculo de \mathcal{R}_0 .

De acuerdo a la teoría que hay detrás de la matriz de la siguiente generación, las matrices F y V quedan definidas de la siguiente manera:

$$F = [\frac{\lambda}{N}S|\varepsilon_0] = \left(\frac{\lambda}{N}\right) \left(\frac{A}{d}\right),$$

$$V = [\gamma + \alpha + d|\varepsilon_0] = \gamma + \alpha + d.$$

Luego, la matriz de próxima generación queda como:

$$K = FV^{-1} = \left[\frac{(\frac{\lambda}{N})(\frac{A}{d})}{\gamma + \alpha + d}\right],$$

de aquí que el número reproductivo es:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{(\frac{\lambda}{N})(\frac{A}{d})}{\gamma + \alpha + d}.$$

Pero como $\lim_{t \rightarrow \infty} N(t) = \frac{A}{d}$, se sigue que

$$\mathcal{R}_0 = \frac{(\frac{\lambda}{N})(N)}{\gamma + \alpha + d} = \frac{\lambda}{\gamma + \alpha + d}.$$

■

Se obtuvo que para el sistema (3.2.1) los puntos de equilibrio están dados por los puntos $P_0 = (A/d, 0, 0)$ y

$$P_1 = (S_1, I_1, R_1) = \left(\frac{A(\gamma + \alpha + d)}{d\lambda}, \frac{A}{d} \left[1 - \frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda} \right] \left[\frac{1}{\left[1 + \frac{\alpha}{d} \right] + \frac{\gamma}{\delta + d}} \right], \frac{\gamma I}{\delta + d} \right),$$

En términos de \mathcal{R}_0 , el punto de equilibrio P_1 queda reescrito de la siguiente forma:

$$P_1 = (S_1, I_1, R_1) = \left(\frac{A}{d\mathcal{R}_0}, \frac{A(1 - \frac{1}{\mathcal{R}_0})}{\alpha + d(1 + \frac{\gamma}{\delta + d})}, \frac{\gamma I}{\delta + d} \right),$$

Cabe destacar que tanto el punto de equilibrio P_0 como P_1 correspondientes al sistema (3.2.1) coinciden con los puntos de equilibrio del sistema (3.1.1). Por lo tanto, los resultados de estabilidad local y global enunciados para el sistema (3.1.1) también son aplicables a los puntos de equilibrio del sistema (3.2.1).

Esto simplifica el trabajo al escribir nuevos teoremas sobre la estabilidad local y global de los puntos de equilibrio correspondientes al sistema (3.2.1).

En la siguiente tabla se resume la estabilidad de los puntos de equilibrio correspondiente a (3.2.1).

	P_0	P_1
$\mathcal{R}_0 < 1$	localmente asintóticamente estable *	no definido
$\mathcal{R}_0 = 1$	punto de equilibrio no hiperbólico	P_1 pasa a convertirse en P_0
$\mathcal{R}_0 > 1$	localmente inestable	localmente asintóticamente estable

Cuadro 3.2.1: Estabilidad local y global del sistema (3.2.1)

En el cuadro (3.2.1) * va a denotar que P_0 se clasifica como un punto de equilibrio globalmente asintóticamente estable cuando $\mathcal{R}_0 \leq 1$.

3.3. Modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.

Para los modelos de las secciones 3.1 y 3.2 se consideraron únicamente a la inmigración y a la mortalidad como parámetros demográficos. Ahora, la inmigración será sustituida por la natalidad.

Utilizando los parámetros definidos al comienzo del capítulo, reemplazando la inmigración por la tasa de natalidad, denotado por b , las ecuaciones diferenciales para este nuevo modelo son

$$\begin{aligned}
 S'(t) &= bN - dS - \beta SI + \delta R, \\
 I'(t) &= \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I, \\
 R'(t) &= \gamma I - (\delta + d)R.
 \end{aligned}
 \tag{3.3.1}$$

Note que la ecuación diferencial que modela la dinámica poblacional de la población total N , está dada por la expresión

$$N'(t) = (b - d)N - \alpha I.$$

En ausencia de enfermedad, la ecuación diferencial que modela la dinámica poblacional de la población total N resulta ser la ecuación de Malthus. Poniendo $r = b - d$, se obtiene el siguiente resultado.

- Si $r < 0$ entonces $N \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$.
- Si $r = 0$ entonces N permanece constante cuando $t \rightarrow \infty$.
- Si $r > 0$ entonces $N \rightarrow \infty$ cuando $t \rightarrow \infty$.

A continuación, se enuncia por medio de un lema los puntos de equilibrio correspondientes al sistema (3.3.1).

Lema 3.3.1. Los puntos de equilibrio del sistema (3.3.1) son $P_0 = (0, 0, 0)$ y $P_1 = (S_1, I_1, R_1)$ donde:

$$S_1 = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}, I_1 = \frac{(b-d)S}{\alpha + (d-b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta+d}\right]}, R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

Demostración. Los puntos de equilibrio de (3.3.1) corresponden a la solución del sistema no lineal

$$\begin{aligned} bN - dS - \beta SI + \delta R &= 0, \\ \beta SI - (\gamma + \alpha + d)I &= 0, \\ \gamma I - (\delta + d)R &= 0. \end{aligned} \tag{3.3.2}$$

Factorizando a I de la segunda ecuación de (3.3.2), se obtiene la expresión mostrada a continuación:

$$I[\beta S - (\gamma + \alpha + d)] = 0,$$

de donde se tienen dos casos, los cuáles son $I = 0$ o $\beta S - (\gamma + \alpha + d) = 0$.

Si $I = 0$, de la tercera ecuación de (3.3.2), se llega a que $R = 0$. Luego, reemplazando $I = 0 = R$ en la primera ecuación de (3.3.2), se tiene que

$$bN - dS = 0.$$

Pero como $N = S + I + R$, se sigue que $b(S + I + R) - dS = 0$. Ahora, dado que $I = 0 = R$, la ecuación anterior se resume a $(b-d)S = 0$, de aquí que $S = 0$. Por lo tanto, el primer punto de equilibrio de (3.3.1) es

$$P_0 = (0, 0, 0).$$

Ahora, se analiza el caso cuando $\beta S - (\gamma + \alpha + d) = 0$. Si $\beta S - (\gamma + \alpha + d) = 0$, se obtiene que $S = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}$.

En términos de I , de la tercera ecuación de (3.3.2), la componente correspondiente a los recuperados queda como:

$$R = \frac{\gamma I}{\delta + d}.$$

Solo resta hallar el valor de I , para ello, con los valores obtenidos para R , y utilizando el hecho de que $N = S + I + R$ reemplazando en la primera igualdad de (3.3.2) resulta que:

$$b \left(S + I + \frac{\gamma I}{\delta + d} \right) - dS - \beta SI + \frac{\delta \gamma I}{\delta + d} = 0,$$

desarrollando toda la expresión y agrupando en un lado de la igualdad a los términos que contengan a I , y el resto del otro lado de la igualdad, queda lo siguiente:

$$I \left[\beta S - \left(\frac{\delta\gamma + b\gamma}{\delta + d} \right) - b \right] = (b - d)S,$$

luego,

$$I = \frac{(b - d)S}{\left(\beta S - \frac{\delta\gamma}{\delta + d} \right) - \left(\frac{b\gamma}{\delta + d} + b \right)}.$$

Puesto que $S = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}$, se sigue que $\beta S - \frac{\delta\gamma}{\delta + d} = \alpha + d \left(1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right)$, así I queda como sigue:

$$\begin{aligned} I &= \frac{(b - d)S}{\alpha + d \left(1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right) - \frac{b\gamma}{\delta + d} - b}, \\ &= \frac{(b - d)S}{\alpha + d + \frac{d\gamma}{\delta + d} - \frac{b\gamma}{\delta + d} - b}, \\ &= \frac{(b - d)S}{\alpha + (d - b) + \left(\frac{d\gamma - b\gamma}{\delta + d} \right)}, \\ &= \frac{(b - d)S}{\alpha + (d - b) + \gamma \left(\frac{d - b}{\delta + d} \right)}, \\ &= \frac{(b - d)S}{\alpha + (d - b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right]}. \end{aligned}$$

Por lo tanto, el segundo punto de equilibrio del sistema (3.3.1) es $P_1 = (S_1, I_1, R_1)$, donde

$$S_1 = \frac{\gamma + \alpha + d}{\beta}, I_1 = \frac{(b - d)S}{\alpha + (d - b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right]}, R_1 = \frac{\gamma I_1}{\delta + d}.$$

■

A continuación, se presenta el número reproductivo básico para el modelo correspondiente a esta sección.

Lema 3.3.2. El número reproductivo \mathcal{R}_0 correspondiente al sistema (3.3.1) está dado por:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\beta N}{\gamma + \alpha + d}.$$

Demostración. Para hallar el valor de \mathcal{R}_0 , en esta ocasión no se hará uso del método de la matriz de la siguiente generación. Así que para demostrar la afirmación se procede al siguiente análisis.

Se escribe la ecuación diferencial que describe el cambio en el número de individuos pertenecientes al comportamiento infeccioso de la siguiente manera:

$$\frac{dI}{dt} = [\beta S - (\gamma + \alpha + d)]I.$$

Un brote epidémico se iniciará cuando el número de personas infectadas se incremente una vez que los primeros casos son introducidos en la población. En términos de la ecuación anterior la condición enunciada significa que se buscan condiciones para que

$$\frac{dI}{dt} = [\beta S - (\gamma + \alpha + d)]I > 0.$$

Manipulando algebraicamente, queda que

$$\frac{\beta S}{\gamma + \alpha + d} > 1.$$

Basta decir aquí que si al inicio del brote epidémico casi todos los individuos eran susceptibles (y, en consecuencia, solo unas cuantas personas estaban enfermas) la condición para que la desigualdad anterior se satisfaga es necesario que

$$\mathcal{R}_0 := \frac{\beta N}{\gamma + \alpha + d}$$

sea mayor que uno. Este parámetro, \mathcal{R}_0 resulta ser el número reproductivo. ■

Continuando con el trabajo realizado en los dos modelos anteriores, se presenta a continuación la clasificación de los puntos de equilibrio obtenidos anteriormente mediante el siguiente teorema.

Teorema 3.3.3. Los puntos de equilibrio correspondientes al sistema (3.3.1) cumplen lo siguiente:

- El punto de equilibrio P_0 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.
- Si $b - d < 0$ y $\alpha < (b - d) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right]$ entonces P_1 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.
- Si $b - d > 0$ y $\alpha > (b - d) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right]$ entonces P_1 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.

Demostración. El procedimiento para determinar la estabilidad local de los puntos de equilibrio consistirá en hallar los valores propios correspondientes a la evaluación de cada punto de equilibrio en la matriz jacobiana de (3.3.1), la cuál es

$$J(S, I, R) = \begin{bmatrix} -d - \beta I & -\beta S & \delta \\ \beta I & \beta S - (\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix},$$

evaluando $P_0 = (0, 0, 0)$ en $J(S, I, R)$, queda:

$$J(P_0) = \begin{bmatrix} -d & 0 & \delta \\ 0 & -(\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix},$$

luego, el correspondiente polinomio característico asociado a P_0 está representado por la siguiente expresión:

$$P(\lambda) = [-d - \lambda][-(\gamma + \alpha + d) - \lambda][-(\delta + d) - \lambda].$$

Las raíces de $P(\lambda)$ son:

$$\lambda_1 = -d < 0,$$

$$\lambda_2 = -(\gamma + \alpha + d) < 0,$$

$$\lambda_3 = -(\delta + d) < 0.$$

Como todas las raíces de $P(\lambda)$ son negativas, se sigue que P_0 es un sumidero, y por lo tanto, P_0 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.

En el caso del punto de equilibrio P_1 , se tiene que P_1 evaluado en $J(S, I, R)$ queda expresado por la siguiente matriz

$$J(P_1) = \begin{bmatrix} -d - \beta I_1 & -\beta S_1 & \delta \\ \beta I_1 & \beta S_1 - (\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix}.$$

Resulta que su correspondiente polinomio característico es:

$$P(\lambda) = \lambda^3 + a_1\lambda^2 + a_2\lambda + a_3,$$

donde

$$a_1 = \beta I_1 + \delta + 2d,$$

$$a_2 = (\gamma + \alpha + d)\beta I_1 + (\delta + d)(\beta I_1 + d),$$

$$a_3 = (\delta + d)(\gamma + \alpha + d)\beta I_1 - \delta\gamma\beta I_1.$$

- Se analiza el caso cuando $\alpha < (b-d) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta+d}\right]$. Se sigue que $\alpha < -(d-b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta+d}\right]$, o bien, $-\alpha > (d-b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta+d}\right]$, de donde $\alpha + (d-b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta+d}\right] < 0$, y como $b-d < 0$ se infiere que $I_1 > 0$, con ello a_1 y a_2 son positivos. De la siguiente cadena de equivalencias

$$\begin{aligned}
&\iff (\delta + d)(\alpha + d) + d\gamma > 0, \\
&\iff \delta\alpha + \delta d + d\gamma + d\alpha + d^2 > 0, \\
&\iff \delta\gamma + \delta\alpha + \delta d + d\gamma + d\alpha + d^2 > \delta\gamma, \\
&\iff (\delta + d)(\gamma + \alpha + d) > \delta\gamma, \\
&\iff (\delta + d)(\gamma + \alpha + d) - \delta\gamma > 0,
\end{aligned}$$

se obtiene que $a_3 > 0$. Se procede a continuación a calcular los siguientes determinantes:

$$\begin{aligned}
\Delta_1 &= [a_1], \\
&= \beta I_1 + \delta + 2d > 0, \\
\Delta_2 &= \begin{bmatrix} a_1 & a_0 \\ a_3 & a_2 \end{bmatrix}, \\
&= \begin{bmatrix} a_1 & 1 \\ a_3 & a_2 \end{bmatrix}, \\
&= a_1 a_2 - a_3, \\
&= \Delta_1 [(\gamma + \alpha + d)\beta I_1 + (\delta + d)(\beta I_1 + d)] - (\delta + d)(\gamma + \alpha + d)\beta I_1 + \delta\gamma\beta I_1, \\
&= (\beta I_1 + d)[\beta I_1(\gamma + \alpha + d) + \Delta_1(\gamma + d)] + \delta\gamma\beta I_1 > 0, \\
\Delta_3 &= \begin{bmatrix} a_1 & a_0 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ 0 & 0 & a_3 \end{bmatrix}, \\
&= \begin{bmatrix} a_1 & 1 & 0 \\ a_3 & a_2 & a_1 \\ 0 & 0 & a_3 \end{bmatrix}, \\
&= a_1 a_2 a_3 - a_3^2, \\
&= a_3 [a_1 a_2 - a_3], \\
&= a_3 \Delta_2 > 0,
\end{aligned}$$

se mostró que tanto Δ_1 , Δ_2 y Δ_3 son todos positivos, utilizando el criterio de Routh-Huwirtz, se concluye que todas las raíces de $P(\lambda)$ tienen parte real negativa, de aquí que P_1 es un sumidero. Por lo tanto el punto de equilibrio P_1 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.

- Ahora, se analiza el caso cuando $\alpha > (b - d) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right]$. Se sigue que $\alpha > -(d - b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right]$, o bien, $-\alpha < (d - b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right]$, de aquí que $\alpha + (d - b) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d}\right] > 0$, y como $b - d > 0$ obtenemos que $I_1 > 0$. Bajo el mismo procedimiento empleado en el punto anterior, a_1 , a_2 y a_3 son positivos, lo que nos lleva a que también Δ_1 , Δ_2 y Δ_3 sean todos positivos. Así, por el criterio de Routh-Huwirtz todas las raíces de $P(\lambda)$ poseen parte real negativa, con ello P_1 es un sumidero. Por lo tanto P_1 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.

■

3.4. Modelo SIRS con nacimientos e incidencia estándar

Al igual que en la Sección 3.2, el parámetro β es sustituido por λ/N , de modo que el modelo ahora queda de la forma

$$\begin{aligned} S'(t) &= bN - dS - \lambda SI/N + \delta R, \\ I'(t) &= \lambda SI/N - (\gamma + \alpha + d)I, \\ R'(t) &= \gamma I - (\delta + d)R. \end{aligned} \tag{3.4.1}$$

A continuación, se presenta los puntos de equilibrio del sistema (3.4.1) mediante el siguiente lema.

Lema 3.4.1. El único punto de equilibrio correspondiente al sistema (3.4.1) es $P_0 = (0, 0, 0)$.

Demostración. Los puntos de equilibrio de (3.4.1) provienen de la solución del sistema no lineal

$$\begin{aligned} bN - dS - \lambda SI/N + \delta R &= 0, \\ \lambda SI/N - (\gamma + \alpha + d)I &= 0, \\ \gamma I - (\delta + d)R &= 0. \end{aligned} \tag{3.4.2}$$

Factorizando a I de la segunda ecuación del sistema homogéneo anterior, se obtiene la siguiente expresión

$$[\lambda S/N - (\gamma + \alpha + d)] I = 0.$$

Se tienen dos casos, uno es que $I = 0$ y el otro es que $\lambda S/N - (\gamma + \alpha + d) = 0$.

Si $I = 0$, de la tercera ecuación de (3.4.2) se tiene que $R = 0$. Luego, considerando que $I = 0 = R$, tomando la primera ecuación del sistema (3.4.2) se llega a que

$$bN - dS = 0.$$

Considerando que $N = S + I + R$, y además que $I = 0 = R$, entonces

$$(b - d)S = 0,$$

de donde $S = 0$. De aquí que el primer punto equilibrio correspondiente al sistema (3.4.1) es $P_0 = (0, 0, 0)$.

Ahora, se procede a analizar el caso cuando $\lambda S/N - (\gamma + \alpha + d) = 0$. Puesto que $S + I + R = N$, se tiene las siguientes igualdades:

$$\begin{aligned} \frac{\lambda S}{S + I + R} - (\gamma + \alpha + d) &= 0, \\ \frac{\lambda S}{S + I + R} &= (\gamma + \alpha + d), \\ \lambda S &= (S + I + R)(\gamma + \alpha + d), \\ \lambda S &= S(\gamma + \alpha + d) + I(\gamma + \alpha + d) + R(\gamma + \alpha + d), \\ \lambda S - S(\gamma + \alpha + d) &= (I + R)(\gamma + \alpha + d), \\ S[\lambda - (\gamma + \alpha + d)] &= (I + R)(\gamma + \alpha + d), \\ S &= (I + R) \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right]. \end{aligned}$$

Ahora, de la tercera ecuación de (3.4.2), el valor de R , en términos de I , queda como

$$R = \frac{\gamma I}{\delta + d}.$$

Reemplazando el valor de R en la ecuación resultante para S , y manipulando algebraicamente queda lo siguiente:

$$\begin{aligned} S &= (I + R) \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right], \\ S &= \left[I + \frac{\gamma I}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right], \\ S &= I \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right]. \end{aligned}$$

Solo resta hallar el valor de I . Para ello, con los valores obtenidos de S y R , reemplazando en la primera ecuación del sistema homogéneo (3.4.2), y del hecho que $S + I + R = N$, se tiene lo siguiente:

$$\begin{aligned}
 & b(S + I + R) - dS - \frac{\lambda}{N}SI + \delta R = 0, \\
 & b \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] I + bI + \frac{b\gamma I}{\delta + d} - d \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] I \\
 & - \frac{\lambda}{\left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] I + I + \frac{\gamma I}{\delta + d}} I^2 \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] + \frac{\delta\gamma I}{\delta + d} = 0, \\
 & (b - d) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] I + b \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] I - \frac{\lambda \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right]}{\left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] + \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right]} I \\
 & + \frac{\delta\gamma}{\delta + d} I = 0, \\
 & I \left[(b - d) \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] b \left[1 + \frac{\gamma}{\delta + d} \right] - \frac{\lambda \left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right]}{\left[\frac{\gamma + \alpha + d}{\lambda - (\gamma + \alpha + d)} \right] + 1} + \frac{\delta\gamma}{\delta + d} \right] = 0.
 \end{aligned}$$

Lo que lleva a que $I = 0$. Y dado que $I = 0$, entonces $R = 0 = S$, resultando en el punto de equilibrio P_0 .

Por lo tanto, el único punto de equilibrio de (3.4.1) es $P_0 = (0, 0, 0)$. ■

Al igual que en las secciones anteriores, se dá a conocer el número reproductivo básico asociado al modelo (3.4.1) mediante el siguiente lema.

Lema 3.4.2. El número reproductivo \mathcal{R}_0 correspondiente al sistema (3.4.1) está dado por:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{\lambda}{\gamma + \alpha + d}.$$

Demostración. La demostración sigue la misma idea que la del lema 3.3.2. ■

Por último, considerando que el único punto de equilibrio del modelo (3.4.1) es $P_0 = (0, 0, 0)$ se procede a analizar su estabilidad.

Teorema 3.4.3. El punto de equilibrio P_0 correspondiente al sistema (3.4.1) satisface lo siguiente: Si $b - d < 0$ entonces P_0 es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable, mientras que si $b - d > 0$ entonces P_0 es un punto de equilibrio inestable.

Demostración. Para demostrar el teorema es necesario calcular el jacobiano correspondiente a (3.4.1). El cuál está dado por

$$J(S, I, R) = \begin{bmatrix} (b - d) - \frac{\lambda I(S+I+R) - \lambda SI}{(S+I+R)^2} & b - \frac{\lambda S(S+I+R) - \lambda SI}{(S+I+R)^2} & (b + \delta) - \frac{-\lambda SI}{(S+I+R)^2} \\ \frac{\lambda I(S+I+R) - \lambda SI}{(S+I+R)^2} & \frac{\lambda S(S+I+R) - \lambda SI}{(S+I+R)^2} - (\gamma + \alpha + d) & \frac{-\lambda SI}{(S+I+R)^2} \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix},$$

evaluando $P_0 = (0, 0, 0)$ en $J(S, I, R)$, queda

$$J(P_0) = \begin{bmatrix} (b-d) & b & (b+\delta) \\ 0 & -(\gamma + \alpha + d) & 0 \\ 0 & \gamma & -(\delta + d) \end{bmatrix}.$$

Luego, su correspondiente polinomio característico está dado por la expresión

$$P(\lambda) = [(b-d) - \lambda][-(\gamma + \alpha + d) - \lambda][-(\delta + d) - \lambda].$$

Las raíces de $P(\lambda)$ son

$$\begin{aligned} \lambda_1 &= b - d, \\ \lambda_2 &= -(\gamma + \alpha + d) < 0, \\ \lambda_3 &= -(\delta + d) < 0. \end{aligned}$$

- Si $b-d < 0$, entonces todas las raíces de $P(\lambda)$ son negativas. Luego P_0 es un sumidero y por lo tanto es un punto de equilibrio localmente asintóticamente estable.
- Si $b-d > 0$, entonces dos de las raíces de $P(\lambda)$ tienen parte real negativa y una tiene parte real positiva, de aquí que P_0 es un punto silla. Por lo tanto, el punto de equilibrio P_0 es inestable.

■

Capítulo 4

Análisis y simulación numérico

En este capítulo se muestra el uso de los cuatro modelos analizados cualitativamente en el capítulo anterior para simular la propagación del COVID-19 en la localidad de Huajuapán de León; se obtienen cantidades importantes en epidemiología como son el número reproductivo básico, coeficiente de transmisión, tasa de mortalidad y tiempo de recuperación. Los datos proporcionados en la siguiente página <https://datos.conacyt.mx/> permiten hallar los parámetros que acompañan a las ecuaciones diferenciales no lineales de los modelos SIRS. Así mismo, se presentan resultados fundamentados en algoritmos en lenguaje Python ([6]) particularmente sobre el compartimiento de los infectados de los modelos SIRS.

De acuerdo a los datos proporcionados por el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), en el año 2020 la población objetivo de Huajuapán de León ascendió a la cantidad de $N = 78313$ habitantes.

En los modelos (3.1.1), (3.2.1), (3.3.1) y (3.4.1) planteados en el capítulo anterior, que no incluyen una estrategia de vacunación, vienen incluidos los parámetros $A, d, b, \beta, \lambda, \delta, \gamma$ y α , donde A, d y b representan parámetros demográficos de la población mientras que $\beta, \lambda, \delta, \gamma$ y α representan parámetros epidemiológicos. En el capítulo 3 vienen enunciados su significado así como sus magnitudes físicas. La unidad de tiempo manejada para el análisis de los modelos corresponde a *semanas*.

Para el análisis del comportamiento de una enfermedad infecciosa es de vital importancia el cálculo o una aproximación del valor de los parámetros que contienen dichos modelos. Como se disponen de datos reales, los cuáles fueron obtenidos de ([5]), para contrastar con la realidad, fué posible el cálculo de algunos parámetros, como por ejemplo de γ, δ y α , vease Anexo 2. Otra alternativa de estimación de parámetros consiste en hacer uso del método de diferencias finitas. El método de diferencias finitas permite discretizar ecuaciones diferenciales y permitir un tratamiento más simple del problema diferencial parcial. El principio del método comprende la definición de la derivada de la función $f(t)$, como se presenta en la siguiente ecuación:

$$\frac{df}{dt} \approx \frac{f(t_{n+1}) - f(t_n)}{t_{n+1} - t_n},$$

donde los intervalos de tiempo t_i están igualmente espaciados. Por ejemplo, en los Anexos 2 y 3 se hizo uso de este método para estimar a γ y β .

4.1. Análisis numérico del modelo SIRS con inmigración e incidencia estándar.

Tomando como referencia el Anexo 2, se tiene que el valor de los parámetros para el modelo (3.2.1) son:

$$A = 1.6065, d = 0.0104, \lambda = 0.6271, \delta = 1/34, \gamma = 0.4 \text{ y } \alpha = 0.00166.$$

De modo que el sistema (3.2.1) queda escrito (sin simplificar cantidades) como:

$$\begin{aligned} S'(t) &= 1.6065 - 0.0104S - \frac{0.6271}{78313}SI + \frac{1}{34}R, \\ I'(t) &= \frac{0.6271}{78313}SI - (0.4 + 0.00166 + 0.0104)I, \\ R'(t) &= 0.4I - \left(\frac{1}{34} + 0.0104\right)R. \end{aligned} \tag{4.1.1}$$

El número reproductivo \mathcal{R}_0 de (4.1.1), por el Lema 3.2.2, está dado por el siguiente valor:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{0.6271}{0.4 + 0.00166 + 0.0104} = 1.5218 > 1.$$

Como $\mathcal{R}_0 > 1$, se espera que se inicie un brote y que progrese la epidemia.

En el Cuadro 4.1.1 se muestran los puntos de equilibrio del sistema (4.1.1) así como su tipo de estabilidad. Los valores de los puntos de equilibrio y su clasificación sobre estabilidad provienen de hacer uso del Lema 3.2.1 y del Cuadro 3.2.1.

Punto de equilibrio	Valor del punto de equilibrio	Estabilidad
P_0	(154.4711, 0, 0)	L.I
P_1	(101.5011, 3.5863, 36.0327)	L.A.E

Cuadro 4.1.1: *L.I* significa *localmente inestable*. *L.A.E* significa *localmente asintóticamente estable*.

El objetivo fundamental del proyecto de investigación consiste en analizar la respuesta evolutiva de los modelos SIRS mostrados a lo largo de la sección anterior, esto con el fin

de obtener resultados que permita evaluar el estado de la epidemia y compararlo posteriormente con los datos disponibles emitidos por fuentes oficiales. Para ello, se pretende dividir el análisis en dos partes.

El primer caso de estudio consiste en la comparación de los modelos SIRS con respecto a los datos oficiales, que se obtuvieron de ([5]) y están mostrados en Anexo 1. Se considera solamente las semanas transcurridas desde que se reportó el primer caso confirmado de COVID-19 hasta el comienzo de las campañas de vacunación, pues la vacunación se puede considerar como un agente externo que altera o modifica la dinámica poblacional.

A diferencia del caso anterior, como segundo caso de estudio, sin tomar en cuenta las campañas de vacunación, el intervalo de tiempo a considerar va desde la fecha en que fue reportado el primer caso de COVID-19 hasta el 25 de junio del 2023 (fecha que corresponde a la actualización de datos oficiales expedidos por los institutos de salud, tomadas de ([5])).

- Solución numérica del compartimiento de los infectados del modelo (4.1.1) contra datos oficiales de las primeras 50 semanas de confinamiento.

A continuación, se describe la solución numérica de la ecuación diferencial de los infectados usando Runge-kutta de orden cuatro.

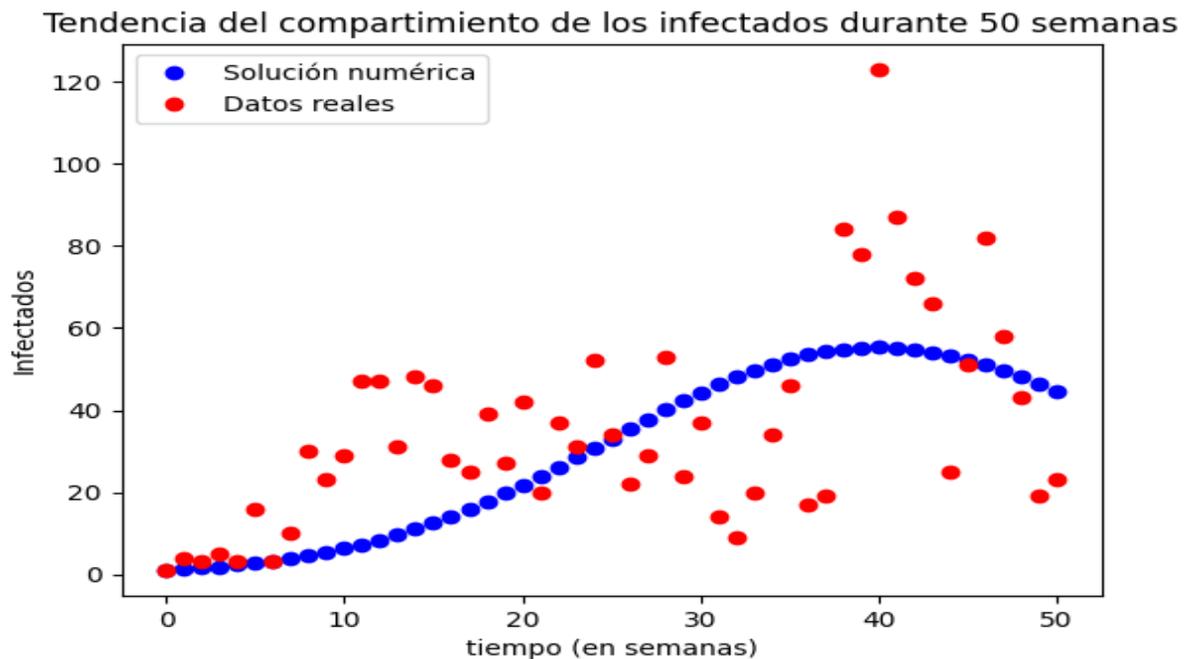


Figura 4.1: Dinámica poblacional del compartimiento de los infectados.

Los puntos rojos de la Figura 4.1 describen todos aquellos casos nuevos de infectados de COVID-19 (por semana) hasta antes del comienzo de las campañas de vacunación al grupo de edad perteneciente a los adultos de 60 años y más. Se puede observar que

en la semana 41 (17/01/2021-23/01/2021) el número de casos positivos se disparó a 123 individuos, ocasionando un pico muy alto en la curva de los infectados.

Mientras que la curva continúa en color azul corresponde a la solución numérica del compartimiento de infectados del modelo (4.1.1), y un valor de inmunidad de 34 semanas, usando el método de aproximación Runge-Kutta de orden 4 (Véase anexo 4). Visualmente, se observa que la solución numérica tiende asintóticamente a cero cuando t tienda a infinito, lo que significa que la pandemia termine, cosa que en la realidad no ocurre.

- Solución numérica de los infectados del modelo (4.1.1) contra datos oficiales a partir de la aparición de infectados hasta la fecha de donde se tienen registro de datos oficiales.

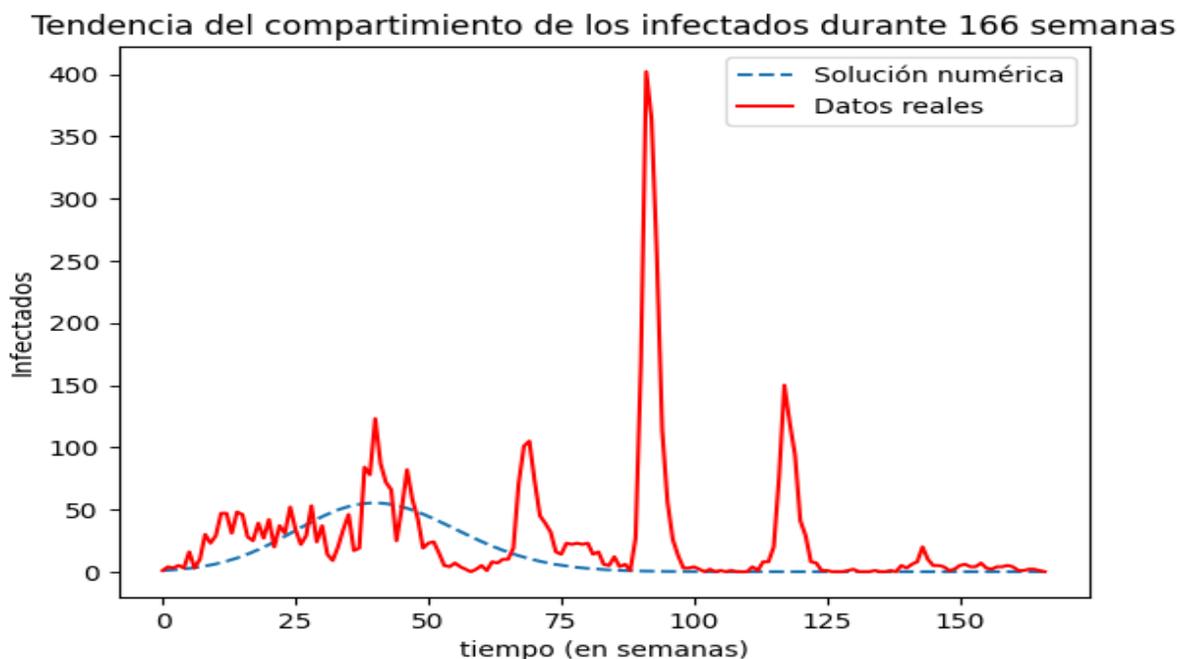


Figura 4.2: Dinámica poblacional del compartimiento de los infectados.

En la gráfica de la Figura 4.2 se puede observar que pasando la semana 50, en la curva de los infectados, aparecen “picos” con menor frecuencia. En términos de salud pública equivale a que a pesar de que hay intervalos de semanas donde se dispara de manera considerable el número de infectados, estos aparecen con menor frecuencia, resultado que se esperaba al momento de realizar campañas de vacunación anti-COVID y de refuerzo.

Como se supuso en el análisis de la gráfica de la Figura 4.1, se esperaba que la tendencia de la curva de la solución numérica de los infectados, sin tomar en cuenta la vacunación, tienda asintóticamente a cero, el efecto de inmunidad de 34 semanas

reduce el número de susceptibles, ocasionando que en un determinado tiempo se reduzcan los infectados, numericamente sucedió, cosa contraria a lo que se vivió en realidad.

4.2. Análisis numérico del modelo SIRS con inmigración e incidencia simple.

La diferencia del modelo (3.1.1) respecto al modelo (3.2.1) es que el término $\frac{\lambda SI}{N}$ es sustituido βSI , lo que lleva a pensar que $\beta = \lambda/N$.

En la sección anterior se mostró que $\lambda = 0.6271$. De manera que

$$\beta = \frac{0.6271}{78313} = 0.00000800761 = 8.00761 \times 10^{-6}.$$

El valor obtenido para β se puede reescribir como:

$$\beta = \frac{0.6271}{78313} \left(\frac{0.6271}{0.6271} \right) \approx \frac{0.3932}{49110},$$

lo obtenido en la expresión anterior se lee como sigue: de 49110 encuentros de individuos susceptibles con infectados, se infectan 0.39 individuos por semana.

Sabiendo los valores de los parámetros del sistema (3.1.1), queda escrito (sin simplificar cantidades) como:

$$\begin{aligned} S'(t) &= 1.6065 - 0.0104S - 8.00761 \times 10^{-6}SI + \frac{1}{34}R, \\ I'(t) &= 8.00761 \times 10^{-6}SI - (0.4 + 0.00166 + 0.0104)I, \\ R'(t) &= 0.4I - \left(\frac{1}{34} + 0.0104 \right) R. \end{aligned} \tag{4.2.1}$$

El número reproductivo \mathcal{R}_0 de (4.2.1), por el Lema 3.1.2 está dado por el siguiente valor:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{8.00761 \times 10^{-6} \left(\frac{1.6065}{0.0104} \right)}{0.4 + 0.00166 + 0.0104} = 0.003001 < 1.$$

El hecho de que $\mathcal{R}_0 < 1$ significa que un individuo infectado no es capaz de producir infecciones secundarias en la población.

En el Anexo 3 se determinó otro posible valor para β , el cuál es $\beta = 5.53363 \times 10^{-5}$.

Con este nuevo valor para β , se calcula el nuevo valor para \mathcal{R}_0 haciendo de nueva cuenta el uso del Lema 3.1.2.

$$\mathcal{R}_0 = \frac{5.53363 \times 10^{-5} \left(\frac{1.6065}{0.0104} \right)}{0.4 + 0.00166 + 0.0104} = 0.020744 < 1.$$

El valor de \mathcal{R}_0 aún sigue siendo menor que 1, como en el caso cuando $\beta = 8.00761 \times 10^{-6}$. Aún sabiendo que el modelo (4.2.1) describe una pandemia, los datos reales, y las condiciones, no permiten que $\mathcal{R}_0 > 1$. Mientras que si cambiamos por los datos de la

Ciudad de Oaxaca de Juárez, por ejemplo, el valor de \mathcal{R}_0 cumpla que $\mathcal{R}_0 > 1$, esto podría deberse a que el coeficiente de transmisión β en la Ciudad de Oaxaca de Juárez sea mucho más grande que el comparado con el coeficiente de transmisión de Huajuapa de León.

A continuación, se presenta la respuesta evolutiva de los infectados del modelo SIRS (4.2.1) con $\beta = 5.53363 \times 10^{-5}$.

En la Figura 4.3, la curva continua en color verde corresponde a la solución numérica del compartimiento de los infectados del modelo (4.2.1) durante las primeras 50 semanas a partir del primer caso de COVID-19 registrado en Huajuapan de León. Se observa que no tiene que transcurrir muchas semanas (aproximadamente de 10 a 15 semanas) para que la cantidad de infectados tienda asintóticamente a cero, y en consecuencia, no se desatará una pandemia. Además, el máximo de la curva ocurre en la semana 4 (véase Figura 4.4), esto significa que la gran mayoría de la población de Huajuapan contrajo el virus, y considerando que el periodo de inmunidad del COVID-19, de acuerdo al valor de δ , es de aproximadamente 34 semanas, al menos en el transcurso de las primeras 50 semanas, la cantidad de nuevos contagiados no se disparará.

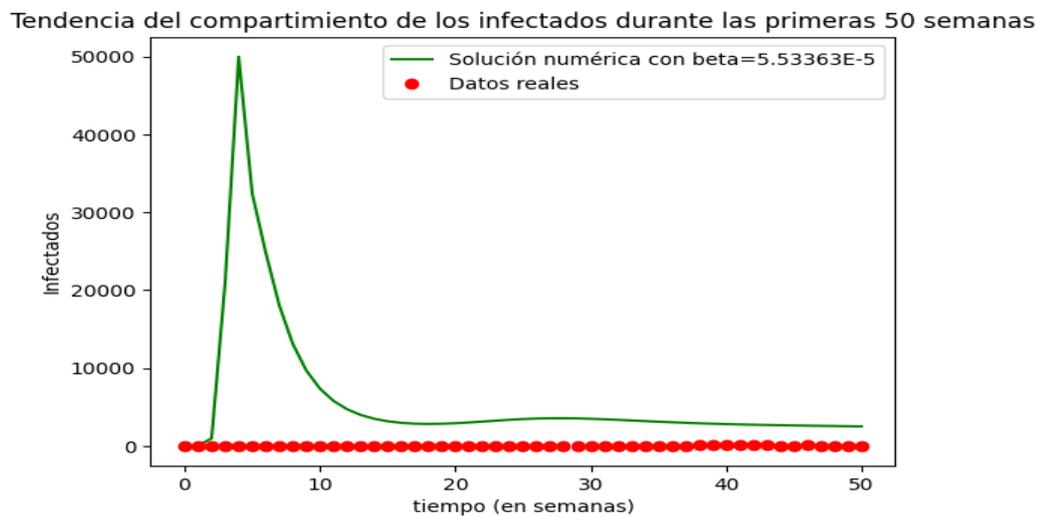


Figura 4.3: Dinámica poblacional del compartimiento de los infectados.

Ahora, la simulación más allá de las primeras 50 semanas de confinamiento, sin tomar en cuenta la vacunación, la evolución de la solución numérica de los infectados coincide con el de la Figura 4.3, en el sentido de que se aproxima de manera asintótica a cero (véase Figura 4.5).

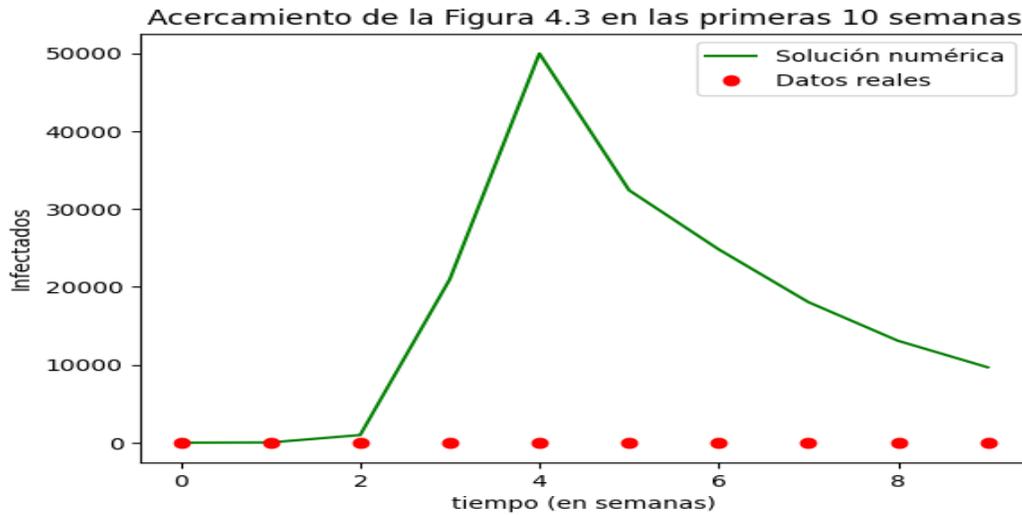


Figura 4.4: Acercamiento de la Figura 4.3 en las primeras 10 semanas.

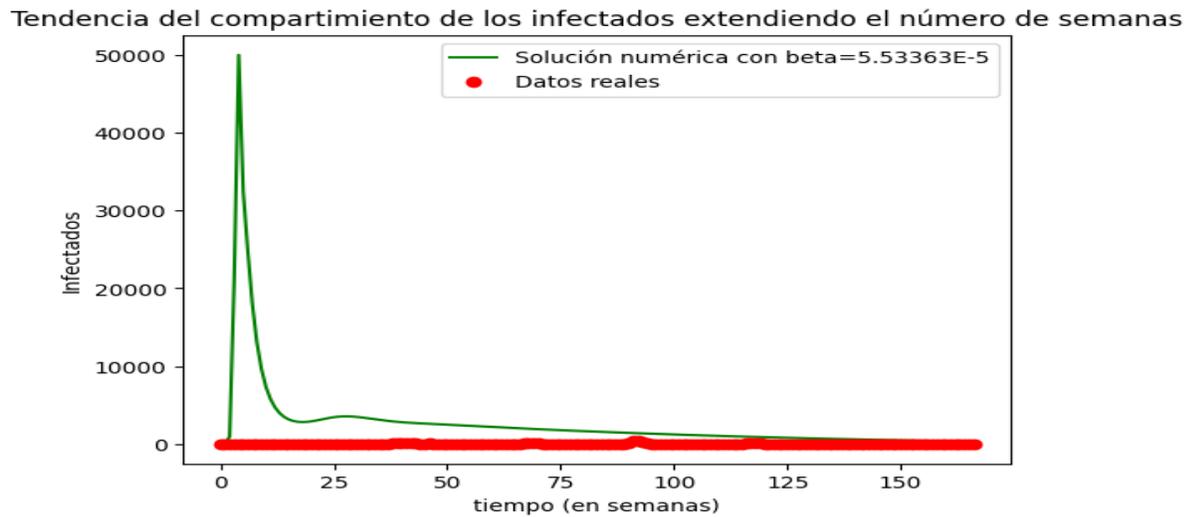


Figura 4.5: Dinámica poblacional del compartimiento de los infectados.

4.3. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia estándar.

Tomando como referencia el Anexo 2, se determinó que los valores de los parámetros del modelo (3.4.1) son:

$$b = 0.3147, d = 0.9774, \lambda = 4.3571, \delta = 1/34, \gamma = 0.4 \text{ y } \alpha = 0.00166.$$

De modo que el sistema (3.4.1) queda escrito (sin simplificar cantidades) como:

$$\begin{aligned}
S'(t) &= 0.3147N - 0.9774S - \frac{4.3571}{78313}SI + \frac{1}{34}R, \\
I'(t) &= \frac{4.3571}{78313}SI - (0.4 + 0.00166 + 0.9774)I, \\
R'(t) &= 0.4I - \left(\frac{1}{34} + 0.9774\right)R.
\end{aligned} \tag{4.3.1}$$

El número reproductivo básico \mathcal{R}_0 de (4.3.1), de acuerdo al Lema 3.4.2 viene dado por el siguiente valor:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{4.3571}{0.4 + 0.00166 + 0.9774} = 3.1594 > 1.$$

El resultado obtenido significa que un individuo infectado es capaz de infectar a aproximadamente 3 personas, y siguiendo esa cadena de contagios, evidentemente se presentará una pandemia.

De acuerdo al Lema 3.4.1 de la Sección 3.4, el único punto de equilibrio de (4.3.1) es $P_0 = (0, 0, 0)$, y dado que $b < d$ entonces, por el Teorema 3.4.3, el punto de equilibrio P_0 es un punto de equilibrio localmente **asintóticamente estable**.

A continuación, se muestran las soluciones numéricas del compartimiento de los infectados del modelo (4.3.1) usando el método numérico Runge-Kutta de orden 4 bajo los siguientes escenarios.

- Solución numérica del compartimiento de los infectados del modelo (4.3.1) contra datos oficiales de las primeras 50 semanas de confinamiento.

En la gráfica (los puntos en color rojo) que se muestra en la Figura 4.6, se proyecta los infectados por semana de COVID-19 en Huajuapán de León.

Mientras que la curva continua en color azul, describe la solución numérica del compartimiento de los infectados del modelo (4.3.1) usando el método de aproximación Runge-Kutta de orden 4. Cabe observar que a diferencia de la gráfica mostrada en la Figura 4.1, que corresponde al modelo (4.1.1), esta sigue un comportamiento creciente, lo que hace pensar que en algún momento se esperaría que la gran mayoría de la población llegue a formar parte de los infectados.

- Solución numérica del compartimiento de infectados del modelo (4.3.1) contra datos oficiales a partir de la aparición de casos confirmados hasta la fecha donde se tienen registro de datos oficiales.

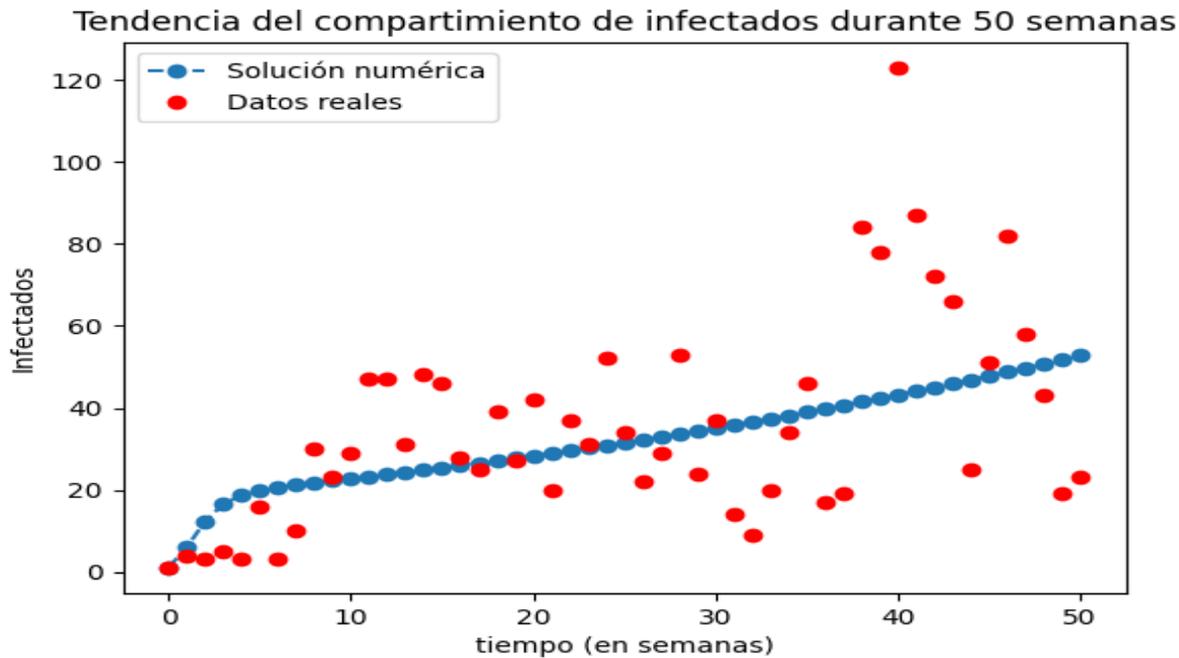


Figura 4.6: Dinámica poblacional perteneciente al compartimiento de los infectados.

La descripción de la curva de los datos reales de la Figura 4.7 es la misma que la de la gráfica en color rojo de la Figura 4.2.

Por otro lado, la curva en color azul de la Figura 4.7 corrobora lo que se pronunció en el análisis de la curva color azul de la Figura 4.6, refiriéndose a que en un determinado tiempo la población de infectados por COVID-19 llegue a ser considerable respecto a la población total.

Las gráficas mostradas en la Figura 4.7 distan de tener similitud alguna, pues en la curva de color rojo, a raíz de la semana 50 se puede ver el efecto que causaron las campañas de vacunación realizadas en Huajuapán de León, mientras que la curva en color azul omiten la vacunación, y al no considerarla, la población sería más propensa a contraer el virus.

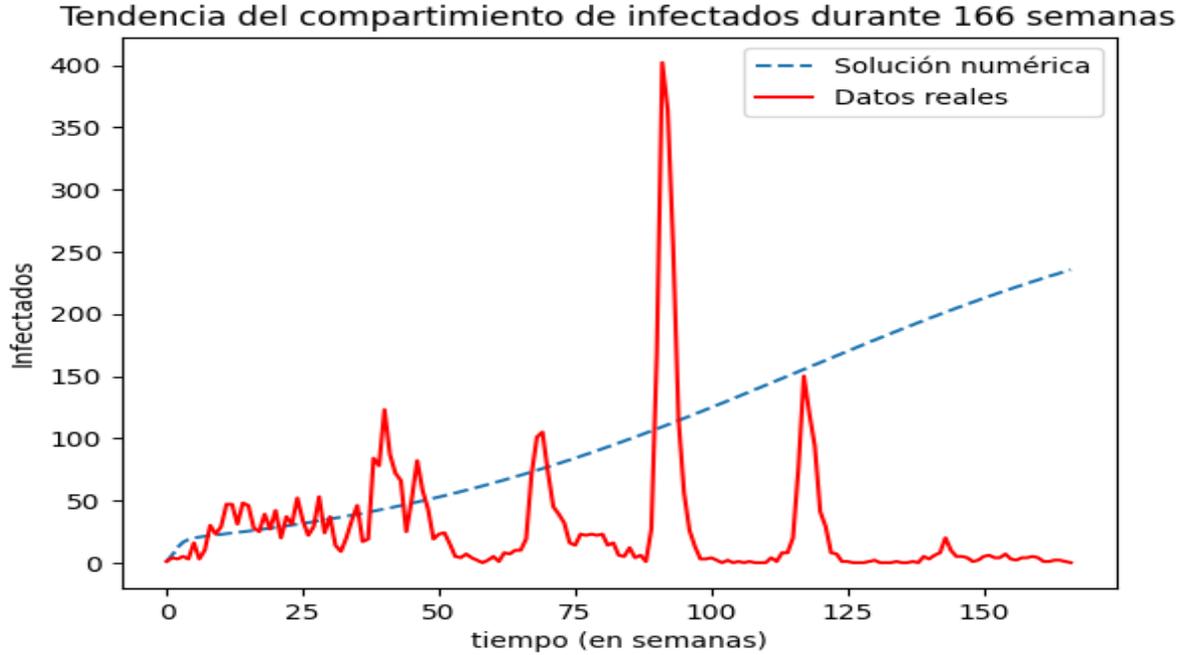


Figura 4.7: Dinámica poblacional perteneciente al compartimiento de los infectados

4.4. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.

A diferencia del modelo (3.4.1), el modelo (3.3.1) utiliza la expresión βSI en vez de $\lambda SI/N$, lo cual nos lleva a pensar que $\beta = \lambda/N$. En la sección anterior se mostró que $\lambda = 4.3571$, de modo que

$$\beta = \frac{4.3571}{78313} = 5.563699 \times 10^{-5}.$$

Así, el sistema (3.3.1), sin simplificar cantidades, queda escrito como:

$$\begin{aligned} S'(t) &= 0.3147N - 0.9774S - (5.563699 \times 10^{-5})SI + \frac{1}{34}R, \\ I'(t) &= (5.563699 \times 10^{-5})SI - (0.4 + 0.00166 + 0.9774)I, \\ R'(t) &= 0.4I - \left(\frac{1}{34}R + 0.9774 \right)R. \end{aligned} \quad (4.4.1)$$

El número reproductivo básico \mathcal{R}_0 de (4.4.1), de acuerdo al Lema 3.3.2, está dado por el siguiente valor:

$$\mathcal{R}_0 = \frac{4.3571}{0.4 + 0.00166 + 0.9774} = 3.1594 > 1.$$

4.4. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.

El resultado obtenido significa que un individuo infectado, en promedio, es capaz de infectar a aproximadamente 3 personas, y siguiendo esa cadena de contagios, evidentemente se presentará una pandemia.

En el siguiente Cuadro se muestra la clasificación de estabilidad del punto de equilibrio P_0 del sistema (4.4.1) haciendo uso del Teorema 3.3.3.

Punto de equilibrio	Valor del punto de equilibrio	Estabilidad
P_0	(0, 0, 0)	L.A.E

Cuadro 4.4.1: *L.A.E* significa *localmente asintóticamente estable*.

Se omite calcular el punto de equilibrio P_1 , pues su valor correspondiente al compartimiento de los infectados es negativa, quedando fuera de la región biológicamente interpretable.

Al igual que en las secciones anteriores, se procede a realizar un comparativo de los casos de COVID-19 en Huajuapán de León contra los casos estimados proporcionados por el modelo (4.4.1) variando el parámetro β .

- Solución numérica del compartimiento de los infectados del modelo (4.3.1) contra datos oficiales en las primeras 50 semanas de confinamiento

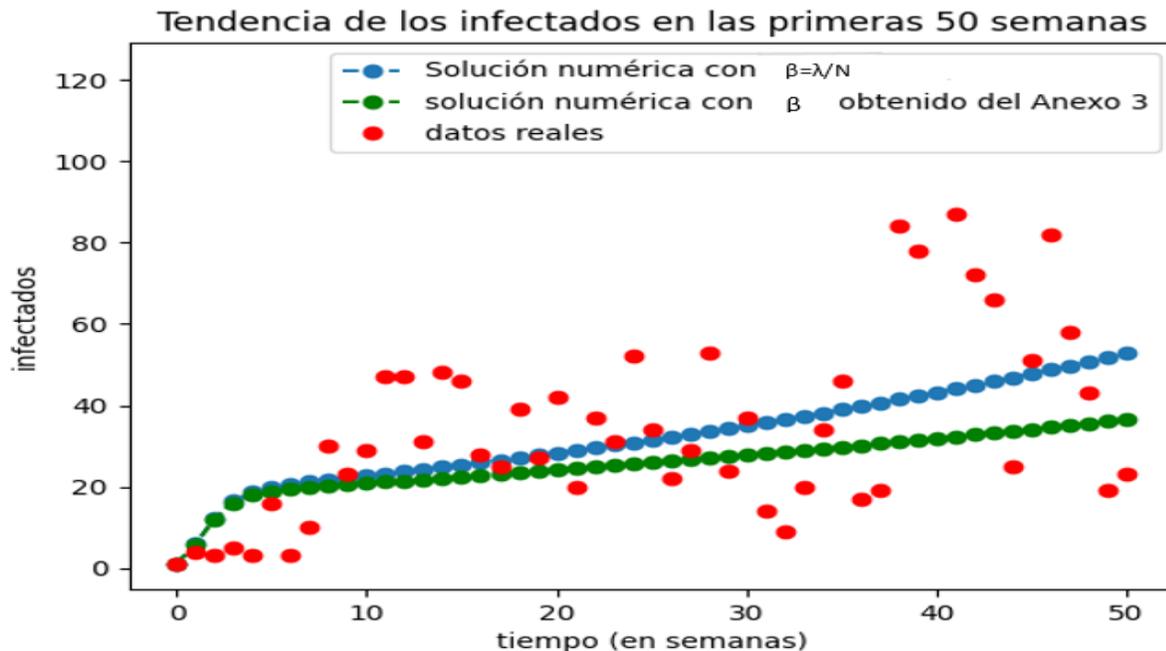


Figura 4.8: Dinámica poblacional perteneciente al compartimiento de los infectados variando a β

Lo que se puede observar en las curvas mostradas en la Figura 4.8 es que cuando $\beta = \lambda/N$ (tasa de contacto proporcional al tamaño total de la población), la curva que describe la dinámica poblacional de los infectados crece a mayor velocidad comparada con la curva que describe a los infectados cuando se considera a β el valor obtenido en el Anexo 3.

- Solución numérica del compartimiento de los infectados del modelo (4.3.1) contra datos oficiales a partir de la aparición de casos confirmados hasta la fecha de donde se tienen registro de datos oficiales.

Las curvas de la Figura 4.9 sugieren que, sobre todo las de color azul y verde, que corresponden al aplicar el método numérico Runge-Kutta de orden 4 al modelo (4.3.1), variando al parámetro β (utilizando el valor propuesto al comienzo de la sección y el valor obtenido en el Anexo 3) puede notarse que cuando $\beta = \lambda/N$ la población perteneciente al grupo de los infectados crece de manera más rápida a comparación de cuando $\beta = 5.53363 \times 10^{-5}$ (proveniente del Anexo 3), de manera que de momento λ/N resulta ser un mejor estimador para β .

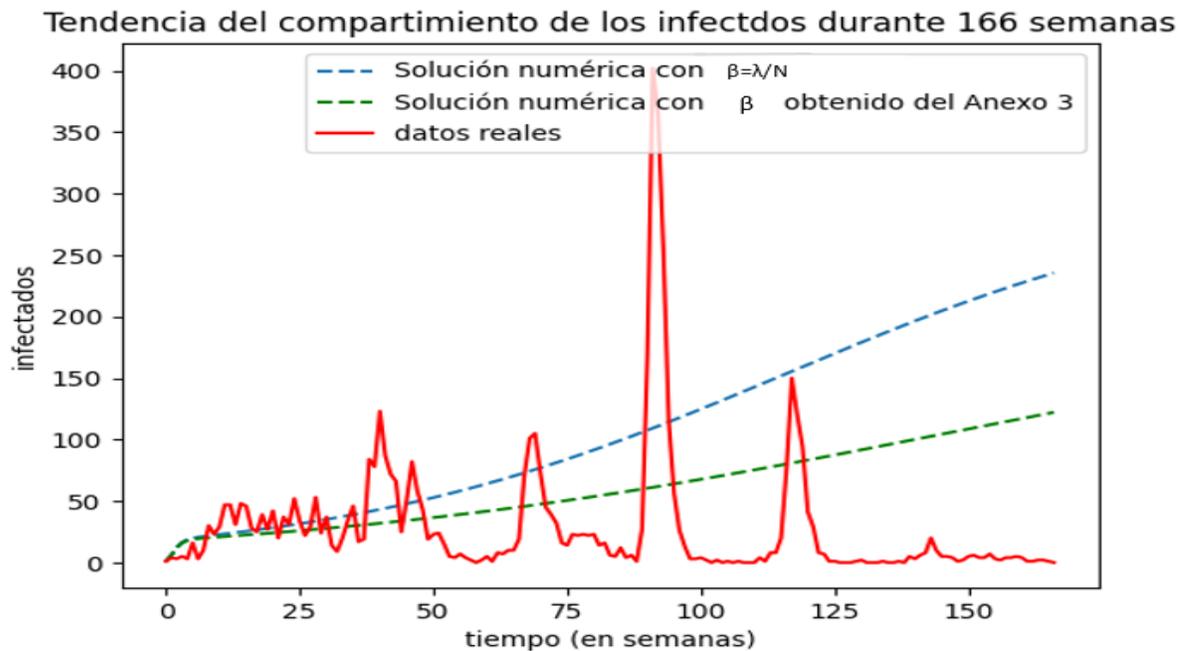


Figura 4.9: Dinámica poblacional perteneciente al compartimiento de los infectados variando a β

64.4. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.

Conclusiones

En este trabajo de tesis se realizó el análisis de cuatro modelos de tipo SIRS. Los modelos (3.1.1) y (3.2.1) planteados en la sección anterior utilizan la ley de acción de masa simple y estándar, respectivamente. Donde la *ley de acción de masas* en términos epidemiológicos dice que:

- La tasa a la cuál una enfermedad se propaga es proporcional al número de individuos susceptibles por el número de individuos infecciosos.

La característica que relaciona a ambos modelos es que utilizan como parámetros demográficos a la inmigración y la mortalidad.

A diferencia de (3.1.1) y (3.2.1), los modelos (3.3.1) y (3.4.1), a pesar de que también utilizan la ley de acción de masa simple y estándar, respectivamente, estos utilizan a la tasa de natalidad y mortalidad como parámetros demográficos.

Con respecto a la parte analítica, se obtienen los puntos de equilibrio y se determina su estabilidad para los cuatro modelos. Se estudió también el concepto de *número reproductivo básico* y la forma de calcularlo. Se utilizó como herramienta principal para el cálculo de \mathcal{R}_0 el método llamado *matriz de la siguiente generación*. Con la distinción de que para los primeros dos modelos de la Sección 3 no hubo problemas con aplicar la teoría que hay detrás del método de la matriz de la siguiente generación, caso contrario para los dos últimos modelos, que para el cálculo de \mathcal{R}_0 bastó con analizar la ecuación diferencial perteneciente al compartimiento de los infectados.

El poder contar con una base de datos de fuentes confiables que permitan generar métodos de estimación de parámetros para algunos de los coeficientes en los distintos modelos permitieron obtener simulaciones para que se puedan comparar con la situación (pandemia causada por el COVID-19) ocurrida en Huajuapán de León. En el capítulo 4 se puede visualizar con más detalle los resultados obtenidos a partir de las simulaciones; quizá contrastado con la situación real no tengan mucha similitud, esto se puede deber a varios factores, como, por ejemplo:

- Al no considerar las campañas de vacunación en los modelos SIRS, éstos describen parte de la evolución de la infección, es por ello que en las gráficas de las Figuras 4.2, 4.7 y 4.9 a partir de la semana 50, mientras en la realidad ocurrió que los picos de

6.4. Análisis numérico del modelo SIRS con nacimientos e incidencia simple.

infectados se presentan con menor frecuencia (esto gracias a las medidas sanitarias, de confinamiento y a las campañas de vacunación), en las simulaciones, por ejemplo, de las secciones 4.3 y 4.4 del Capítulo 4, arroja que la cantidad de infectados sigue un comportamiento creciente llegando al punto que en un determinado tiempo gran parte de la población pasarían a ser infectados. Esto se debe a que los modelos de tipo SIRS analizados no cuentan con esquemas de vacunación.

- Para cada modelo, se calcularon en función de la base de datos y del modelo de ecuaciones diferenciales el valor de los parámetros. En todos los casos se obtuvo una constante. Una mejora a futuro es proponer a los parámetros en términos de funciones, ya sea de tipo lineal, exponencial o logarítmico, por mencionar a algunos ejemplos. Pero esto queda fuera del alcance de este trabajo de tesis.

En el análisis de la respuesta evolutiva de los infectados de los modelos (3.1.1), (3.2.1), (3.3.1) y (3.4.1) resultó más apropiado usar la tasa de natalidad de la población total. Pues cuando fue utilizada la inmigración y tasa de mortalidad como parámetros demográficos en los modelos (3.1.1) y (3.2.1) se observó que la curva de los contagiados se aproximaba a cero en un lapso de tiempo muy corto cosa que biológicamente no puede ocurrir si hay una pandemia. Caso contrario cuando en los modelos (3.3.1) y (3.4.1) fueron utilizados la tasa de natalidad y mortalidad como parámetros demográficos. El comportamiento de la población infectada, en las simulaciones mostraron una tendencia de tipo creciente ocasionando que en un determinado tiempo gran parte de la población pasa a ser infectada. Situación que, sin considerar la vacunación, acabaría ocurriendo, pues los modelos carecen del efecto vacunación.

Para otro trabajo de tesis, se puede considerar la inclusión de campañas de vacunación, duración y efectividad de la vacuna, etc., ya sea por medio de una constante o agregando nuevos compartimientos llamados vacunados y/o infectados. Realizar modificaciones a los modelos SIRS, conducen a modelos por ejemplo de tipo SEIRS. Y a raíz de la inclusión de nuevas constantes o compartimientos surgen nuevas preguntas como las siguientes:

- ¿Las campañas de vacunación en verdad fueron eficaces?.
 - Si fueron eficaces, ¿modificaría la evolución de los infectados si se hubieran aplicado antes o después de lo estipulado?.
 - ¿El agregar nuevos compartimientos dará una mejora a la dinámica evolutiva de una infección?.
-

Bibliografía

- [1] AGUIRRE-HERNÁNDEZ, B., L.-V. C. D.-G. E. C.-C. E. Estabilidad de sistemas por medio de polinomios hurwitz. *Revista de Matemáticas: Teoría y Aplicaciones*, 24(1), 61-77 (2017).
- [2] ARROWSMITH, D. K. Y PLACE, C. M. *Ordinary Differential Equations: A qualitative approach with applications*. CHAPMAN AND HALL, 1982.
- [3] BRAUER, F. Y CASTILLO CHAVEZ, C. *Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology*. Springer, 2012.
- [4] CONNECT, E. Categorías de agentes infecciosos para el ser humano. *Elsevier* (25 de mayo de 2018).
- [5] DE SALUD, S. Covid-19 México, 2023.
- [6] DIEGO ARÉVALO OVALLE, M. B. Y., AND RESTREPO, J. A. P. *Métodos numéricos con Python*. Editorial Politécnico Gran Colombiano, 2021.
- [7] GARCÍA PALOMO, J.D, A. B. J. P. B. J. Y. S. B. M. Enfermedades infecciosas. concepto. clasificación. aspectos generales y específicos de las infecciones. criterios de sospecha de enfermedad infecciosa. pruebas diagnósticas complementarias. criterios de indicación. *National Center for Biotechnology Information, PMC7144102 (32287884)* (8 de abril de 2020).
- [8] HERNÁNDEZ G, S. *Análisis de R_0 para el modelo epidemiológico de transmisión directa con enfoque Euleriano*. Tesis de licenciatura, Benemérita Universidad de Puebla, Abril 2019.
- [9] LOREDO, C. *Criterios para determinar si un polinomio es polinomio Hurwitz*. Reporte de los Seminarios de Investigación I y II. UAM-Iztapalapa, México, D.F., 2004.
- [10] LÓPEZ MORENO, S. GARRIDO LATORRE, F. H. A. M. Global dynamics of a generalized sirs epidemic model with constant immigration. *Salud Pública de México*, 2020 (7845390) (2020).

- [11] MARTCHEVA, M. *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. (Vol. 61). New York: Springer, 2015.
 - [12] MENA-LORCAT, J., AND HETHCOTE, H. Dynamic models of infectious diseases as regulators of population sizes. *Journal of Mathematical Biology*, 30(7), 693-716 (1992).
 - [13] MORENO ALTAMIRANO, A. LÓPEZ MORENO, S. C. B. A. Principales medidas en epidemiología. *Salud pública de México* (2000).
 - [14] MORRIS W HIRSCH, S. S., AND DEVANEY, R. L. *Differential equations, dynamical system, and introduction to chaos*. Academic press, 2012.
 - [15] PERKO, L. *Differential Equations and Dynamical Systems*. Springer, 2001.
 - [16] PLIEGO P, E. C. *Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas*. Tesis de licenciatura, Benemérita Universidad de Puebla, Junio 2011.
-

Anexo 1

Tabla de casos confirmados, recuperados y defunciones a causa del Covid-19 en Huajuapán de León, Oaxaca, considerando como semana 0 el periodo 12/04/2020 - 18/04/2020 hasta la semana 50, correspondiente al periodo 28/03/2021 - 03/04/2021.

Semana	Confirmados	Recuperados	Defunciones
0	1	0	1
1	4	0	0
2	3	0	0
3	5	1	1
4	3	3	3
5	16	1	1
6	3	1	1
7	10	2	2
8	30	3	3
9	23	1	1
10	29	2	2
11	47	3	3
12	47	4	4
13	31	3	3
14	48	3	3
15	46	0	0
16	28	5	5
17	25	4	4
18	39	3	3
19	27	2	2
20	42	3	3
21	20	1	1
22	37	3	3
23	31	1	1

Continúa en la siguiente página

Cuadro 4.4.2 – Continuación de la página anterior

Semana	Confirmados	Recuperados	Defunciones
24	52	0	0
25	34	1	1
26	22	3	3
27	29	4	4
28	53	4	4
29	24	4	4
30	37	3	3
31	14	2	2
32	9	0	0
33	20	0	0
34	34	5	5
35	46	3	3
36	17	3	3
37	19	2	2
38	84	3	3
39	78	3	3
40	123	4	4
41	87	6	6
42	72	3	3
43	66	8	8
44	25	2	2
45	51	4	4
46	82	2	2
47	58	1	1
48	43	3	3
49	19	3	3
50	23	4	4

Anexo 2

Estimación de parámetros para el modelo (3.2.1) y (3.4.1).

- Estimación del parámetro γ discretizando la expresión $\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t)$.

Semana	Confirmados	Recuperados	$R(t_{i+1}) - R(t_i)$	Valor de γ_i
0	1	0	0	0
1	4	0	0	0
2	3	0	1	0.3333333333
3	5	1	2	0.4
4	3	3	-2	-0.6666666667
5	16	1	0	0
6	3	1	1	0.3333333333
7	10	2	1	0.1
8	30	3	-2	-0.0666666667
9	23	1	1	0.043478261
10	29	2	1	0.034482759
11	47	3	1	0.021276596
12	47	4	-1	-0.021276596
13	31	3	0	0
14	48	3	-3	-0.0625
15	46	0	5	0.108695652
16	28	5	-1	-0.035714286
17	25	4	-1	-0.04
18	39	3	-1	-0.025641026
19	27	2	1	0.037037037
20	42	3	-2	-0.047619048
21	20	1	2	0.1
22	37	3	-2	-0.054054054
23	31	1	-1	-0.032258065

Continúa en la siguiente página

Cuadro 4.4.3 – Continuación de la página anterior

Semana	Confirmados	Recuperados	$R(t_{i+1}) - R(t_i)$	Valor de γ_i
24	52	0	1	0.019230769
25	34	1	2	0.058823529
26	22	3	1	0.045454545
27	29	4	0	0
28	53	4	0	0
29	24	4	-1	-0.041666667
30	37	3	-1	-0.027027027
31	14	2	-2	-0.142857143
32	9	0	0	0
33	20	0	5	0.25
34	34	5	-2	-0.058823529
35	46	3	0	0
36	17	3	-1	-0.058823529
37	19	2	1	0.052631579
38	84	3	0	0
39	78	3	1	0.012820513
40	123	4	2	0.016260163
41	87	6	-3	-0.034482759
42	72	3	5	0.069444444
43	66	8	-6	-0.090909091
44	25	2	2	0.08
45	51	4	-2	-0.039215686
46	82	2	-1	-0.012195122
47	58	1	2	0.034482759
48	43	3	0	0
49	19	3	1	0.052631579

Resumen estadístico de la tabla anterior:

Media	0.012900398
Error típico	0.020216608
Mediana	0
Moda	0
Desviación estándar	0.142953006
Varianza de la muestra	0.020435562
Curtosis	11.23074263
Coefficiente de asimetría	-1.322555575
Rango	1.066666667
Mínimo	-0.666666667
Máximo	0.4
Suma	0.645019892
Cuenta	50
Nivel de confianza(95.0%)	0.040626795

Tomando el máximo (igual a 0.4) como valor asignado para γ la interpretación que le podemos dar es que el tiempo de recuperación para una persona infectada de COVID-19 es de $1/0.4 = 2.5$ semanas. Por lo tanto $\gamma = 0.4$.

- Estimación del parámetro δ .

Tomando como referencia la información proporcionada por la *National Institutes of Health*, la cuál se puede encontrar en el siguiente link

<https://salud.nih.gov/recursos-de-salud/nih-noticias-de-salud/cuanto-tiempo-dura-la-proteccion-despues-del-covid-19#:~:text=Disminuyeron%20ligeramente%20de%20seis%20a,inmunes%20tambi%C3%A9n%20se%20mantuvieron%20altos..>

establece que el periodo de pérdida de inmunidad es de aproximadamente 8 meses (equivalentemente aproximadamente 34 semana). Por lo tanto, la tasa de pérdida de inmunidad toma el valor de $\delta = 1/34$.

- Estimación del parámetro α .

De acuerdo a la tabla del anexo 1, se contabilizaron 130 defunciones en el periodo de análisis. Por lo tanto

$$\alpha = (130/78313) = 0.00166.$$

Lo cuál nos dice que de cada 1000 habitantes de Huajuapán de León, casi dos mueren a causa del COVID-19.

- Estimación de los parámetros λ , d , A y b .

```

1 %% sirs.m
2 function f = sirs(t,y,pars)
3
4     %sirs modelo 2
5     f=zeros(3,1); %arreglo de 3*1 de puros ceros
6     landa = pars(1);
7     d = pars(2);
8     A = pars(3);
9
10    %sirs modelo 4
11    f=zeros(3,1); %arreglo de 3*1 de puros ceros
12    landa = pars(1);
13    d = pars(2);
14    b = pars(3);
15
16
17
18    S=y(1);
19    I=y(2);
20    R=y(3);
21
22    %Modelo 2
23    f(1)=( A-d*S-(landa*S*I/78313)+(1/34)*R );
24    f(2)=( (landa*S*I/78313)-(0.4+0.00166 + d)*I );
25    f(3)=( 0.4*I - ((1/34)+d)*R );
26
27
28
29    %Modelo 4
30    f(1)=( b*78313-d*S-(landa*S*I/78313)+(1/34)*R );
31    f(2)=( (landa*S*I/78313)-(0.4+0.00166 + d)*I );
32    f(3)=( 0.4*I - ((1/34)+d)*R );

```

```

1 %% error_sum_of_squares.m
2 function ESS = error_sum_of_squares(input_pars)
3
4 %SIRS modelo 2
5 landa = input_pars(1);
6 d = input_pars(2);
7 A = input_pars(3);
8

```

```

9 %SIRS modelo 4
10 landa = input_pars(1);
11 d = input_pars(2);
12 b = input_pars(3);
13
14
15
16
17
18 data=[1,4 ,3 ,5 ,3 ,16 ,3 ,10 ,30 ,23 ,29 ,47 ,47 ,31 ,48 ,46
19 ,28 ,25 ,39 ,27 ,42 ,20 ,37 ,31 ,52 ,34 ,22 ,29 ,53 ,24 ,37
20 ,14 ,9 ,20 ,34 ,... , 46 ,17 ,19 ,84 ,78 ,123 ,87 ,72 ,66 ,25
21 ,51 ,82 ,58 ,43 ,19 ,23 ].';
22
23
24 tspan=linspace(1,length(data),length(data));
25 N=78313;
26 y0=[78312 ; 1;0];
27
28 [t,y]=ode45(@sirs,tspan,y0,[],[landa,d,A]);%sirs modelo 2
29 [t,y]=ode45(@sirs,tspan,y0,[],[landa,d,b]);%sirs modelo 4
30
31 diff=data -y(:,2);
32 ESS = sum(diff.^2);
33 end

```

Para el modelo (3.2.1):

```

>> [theta_hat]=fminsearch(@error_sum_of_squares,[1,1,1])

theta_hat =

    0.6271    0.0104    1.6065

```

Se tiene que $\lambda = 0.6271$, $d = 0.0104$ y $A = 1.6065$.

Para el modelo (3.4.1):

```

theta_hat =

    4.357080875199873    0.977406104746109    0.314680898781156

```

Anexo 3

Estimación del parámetro β discretizando la expresión $\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t)$ para el sistema (3.1.1) y (3.3.1).

Semana	Susceptibles	Infectados	$S(t_i)I(t_i)$	$I(t_{i+1}) - I(t_i)$	Valor de β_i
0	78313	1	78313	3	3.83078E-05
1	78312	4	313248	-1	-3.19236E-06
2	78311	3	234933	2	8.51307E-06
3	78310	5	391550	-2	-5.1079E-06
4	78309	3	234927	13	5.53363E-05
5	78308	16	1252928	-13	-1.03757E-05
6	78307	3	234921	7	2.97973E-05
7	78306	10	783060	20	2.55408E-05
8	78305	30	2349150	-7	-2.9798E-06
9	78304	23	1800992	6	3.3315E-06
10	78303	29	2270787	18	7.92677E-06
11	78302	47	3680194	0	0
12	78301	47	3680147	-16	-4.34765E-06
13	78300	31	2427300	17	7.00367E-06
14	78299	48	3758352	-2	-5.32148E-07
15	78298	46	3601708	-18	-4.99763E-06
16	78297	28	2192316	-3	-1.36842E-06
17	78296	25	1957400	14	7.15234E-06
18	78295	39	3053505	-12	-3.92991E-06
19	78294	27	2113938	15	7.09576E-06
20	78293	42	3288306	-22	-6.69037E-06
21	78292	20	1565840	17	1.08568E-05
22	78291	37	2896767	-6	-2.07127E-06
23	78290	31	2426990	21	8.65269E-06
24	78289	52	4071028	-18	-4.42149E-06

Continúa en la siguiente página

Cuadro 4.4.4 – Continuación de la página anterior

Semana	Susceptibles	Infectados	$S(t_i)I(t_i)$	$I(t_{i+1}) - I(t_i)$	Valor de β_i
25	78288	34	2661792	-12	-4.50824E-06
26	78287	22	1722314	7	4.0643E-06
27	78286	29	2270294	24	1.05713E-05
28	78285	53	4149105	-29	-6.98946E-06
29	78284	24	1878816	13	6.91925E-06
30	78283	37	2896471	-23	-7.9407E-06
31	78282	14	1095948	-5	-4.56226E-06
32	78281	9	704529	11	1.56133E-05
33	78280	20	1565600	14	8.94226E-06
34	78279	34	2661486	12	4.50876E-06
35	78278	46	3600788	-29	-8.05379E-06
36	78277	17	1330709	2	1.50296E-06
37	78276	19	1487244	65	4.3705E-05
38	78275	84	6575100	-6	-9.12534E-07
39	78274	78	6105372	45	7.37056E-06
40	78273	123	9627579	-36	-3.73926E-06
41	78272	87	6809664	-15	-2.20275E-06
42	78271	72	5635512	-6	-1.06468E-06
43	78270	66	5165820	-41	-7.93678E-06
44	78269	25	1956725	26	1.32875E-05
45	78268	51	3991668	31	7.76618E-06
46	78267	82	6417894	-24	-3.73954E-06
47	78266	58	4539428	-15	-3.30438E-06
48	78265	43	3365395	-24	-7.13141E-06
49	78264	19	1487016	4	2.68995E-06
50	78263	23	1800049		

Resumen estadístico de la tabla anterior:

Media	4.48711E-06
Error típico	1.91068E-06
Mediana	-2.66074E-07
Moda	#N/A
Desviación estándar	1.35105E-05
Varianza de la muestra	1.82535E-10
Curtosis	4.588421657
Coefficiente de asimetría	2.037621761
Rango	6.5712E-05
Mínimo	-1.03757E-05
Máximo	5.53363E-05
Suma	0.000224356
Cuenta	50
Mayor (1)	5.53363E-05
Menor(1)	-1.03757E-05
Nivel de confianza(95.0 %)	3.83965E-06

Considerando el máximo (es decir a 5.53363×10^{-5}) como valor aproximado para β .
Se determina que $\beta = 5.53363 \times 10^{-5}$.

Anexo 4

Ejemplo de implementación de un algoritmo en Python para soluciones numéricas del modelo (3.2.1).

```
1
2 #Importando modulos necesarios
3 import matplotlib.pyplot as plt
4 import numpy as np
5 import sympy
6 from mpl_toolkits.mplot3d import Axes3D
7 import scipy.stats as st
8 from sympy import *
9 from IPython.display import Latex
10
11 #Parametros
12 A=1.6065
13 d=0.0104
14 landa=0.6271
15 delta=1/34
16 gama=0.4
17 alfa=0.00166
18 N=78313
19
20 # Definimos el sistema de ecuaciones
21 def f1(x,y,z):
22     return( A-d*x-(landa/N)*x*y+delta*z )
23
24 def f2(x,y,z):
25     return( (landa/N)*x*y-(gama+alfa+d)*y )
26
27 def f3(x,y,z):
28     return( gama*y-(delta+d)*z )
29
```

```

30 #RKO4
31 def RKO4(f1 , f2 , f3 , x0 , y0 , z0 , a , b , n ) :
32     X=np.zeros (n+1)
33     X[0]= x0
34     #print (X)
35     Y=np.zeros (n+1)
36     Y[0]= y0
37     print (Y[0])
38     Z=np.zeros (n+1)
39     Z[0]= z0
40     h=(b-a)/n
41     for i in range (1 ,n+1):
42         l1=h*f1 (X[i -1] ,Y[i -1] ,Z[i -1])
43         m1=h*f2 (X[i -1] ,Y[i -1] ,Z[i -1])
44         n1=h*f3 (X[i -1] ,Y[i -1] ,Z[i -1])
45
46         l2=h*f1 (X[i -1]+l1 /2 , Y[i -1]+m1 /2 , Z[i -1]+n1 /2 )
47         m2=h*f2 (X[i -1]+l1 /2 , Y[i -1]+m1 /2 , Z[i -1]+n1 /2 )
48         n2=h*f3 (X[i -1]+l1 /2 , Y[i -1]+m1 /2 , Z[i -1]+n1 /2 )
49
50         l3=h*f1 (X[i -1]+l2 /2 , Y[i -1]+m2 /2 , Z[i -1]+n2 /2 )
51         m3=h*f2 (X[i -1]+l2 /2 , Y[i -1]+m2 /2 , Z[i -1]+n2 /2 )
52         n3=h*f3 (X[i -1]+l2 /2 , Y[i -1]+m2 /2 , Z[i -1]+n2 /2 )
53
54         l4=h*f1 (X[i -1]+l3 , Y[i -1]+m3 , Z[i -1]+n3)
55         m4=h*f2 (X[i -1]+l3 , Y[i -1]+m3 , Z[i -1]+n3)
56         n4=h*f3 (X[i -1]+l3 , Y[i -1]+m3 , Z[i -1]+n3)
57
58         X[i]=X[i -1]+(1/6)*( l1 + 2*l2 + 2*l3 + l4)
59         Y[i]=Y[i -1]+(1/6)*( m1 + 2*m2 + 2*m3 + m4)
60         Z[i]=Z[i -1]+(1/6)*( n1 + 2*n2 + 2*n3 + n4)
61
62         #print ( X[i] , Y[i] ,Z[i])
63         print (Y[i])
64
65     return X,Y,Z
66
67 x,y,z=RKO4(f1 , f2 , f3 ,78312 ,1 ,0 ,0 ,50 ,50)
68
69 def main ( ) :
70     x0=78312
71     y0=1
72     z0=0

```

```
73     a=0
74     b=50
75     n=50
76     x,y,z=RKO4(f1 ,f2 ,f3 ,x0 ,y0 ,z0 ,a ,b ,n)
77     print ('y=',y)
78
79
80     data=np. array ([1 ,4 ,3 ,5 ,3 ,16 ,3 ,10 ,30 ,23 ,29 ,47 ,47 ,31 ,48 ,46 ,28 ,25 ,39
81     ,27 ,42 ,20 ,37 ,31 ,52 ,34 ,22 ,29 ,53 ,24 ,37 ,14 ,9 ,20 ,34 ,46 ,17 ,19 ,84 ,78 ,
82     123 , 87 ,72 ,66 ,25 ,51 ,82 ,58 ,43 ,19 ,23])
83     print (len (data))
84
85     #graficas
86     tiempo=np. linspace (0 ,50 ,51)
87     fig=plt. figure ()
88     plt. plot (tiempo ,y , '-- ' ,label='Solucion numerica ')
89     #print (tiempo)
90     plt. plot (data , 'ro ' ,label='Datos reales ')
91     plt. title ('Tendencia del compartimiento de los infectados durante
92     50 semanas ')
93     plt. xlabel ('tiempo (en semanas)')
94     plt. ylabel ('Infectados ')
95     plt. legend ()
96     #plt. plot (Y , 'r* ')
97
98     #plt. title ('casos confirmados ')
99     plt. show ()
100
101
102     AHORA PARA 168 SEMANAS
103
104     #Importando modulos necesarios
105     import matplotlib. pyplot as plt
106     import numpy as np
107     import sympy
108     from mpl_toolkits. mplot3d import Axes3D
109     import scipy . stats as st
110     from sympy import *
111     from IPython. display import Latex
112
113     #Parametros
114     A=1.6065
115     d=0.0104
```

```

116 | landa=0.6271
117 | delta=1/34
118 | gama=0.4
119 | alfa=0.00166
120 | N=78313
121 |
122 | # Definimos el sistema de ecuaciones
123 | def f1(x,y,z):
124 |     return( A*d*x-(landa/N)*x*y+delta*z )
125 |
126 | def f2(x,y,z):
127 |     return( (landa/N)*x*y-(gama+alfa+d)*y )
128 |
129 | def f3(x,y,z):
130 |     return( gama*y-(delta+d)*z )
131 |
132 | #RKO4
133 | def RKO4(f1 ,f2 ,f3 ,x0 ,y0 ,z0 , a ,b ,n):
134 |     X=np.zeros(n+1)
135 |     X[0]= x0
136 |     #print(X)
137 |     Y=np.zeros(n+1)
138 |     Y[0]= y0
139 |     print(Y[0])
140 |     Z=np.zeros(n+1)
141 |     Z[0]= z0
142 |     h=(b-a)/n
143 |     for i in range(1,n+1):
144 |         l1=h*f1(X[i-1],Y[i-1],Z[i-1])
145 |         m1=h*f2(X[i-1],Y[i-1],Z[i-1])
146 |         n1=h*f3(X[i-1],Y[i-1],Z[i-1])
147 |
148 |         l2=h*f1(X[i-1]+l1/2 , Y[i-1]+m1/2 , Z[i-1]+n1/2 )
149 |         m2=h*f2(X[i-1]+l1/2 , Y[i-1]+m1/2 , Z[i-1]+n1/2 )
150 |         n2=h*f3(X[i-1]+l1/2 , Y[i-1]+m1/2 , Z[i-1]+n1/2 )
151 |
152 |         l3=h*f1(X[i-1]+l2/2 , Y[i-1]+m2/2 , Z[i-1]+n2/2 )
153 |         m3=h*f2(X[i-1]+l2/2 , Y[i-1]+m2/2 , Z[i-1]+n2/2 )
154 |         n3=h*f3(X[i-1]+l2/2 , Y[i-1]+m2/2 , Z[i-1]+n2/2 )
155 |
156 |         l4=h*f1(X[i-1]+l3 , Y[i-1]+m3 , Z[i-1]+n3)
157 |         m4=h*f2(X[i-1]+l3 , Y[i-1]+m3 , Z[i-1]+n3)
158 |         n4=h*f3(X[i-1]+l3 , Y[i-1]+m3 , Z[i-1]+n3)

```

```
159
160     X[i]=X[i-1]+(1/6)*( l1 + 2*l2 + 2*l3 + l4 )
161     Y[i]=Y[i-1]+(1/6)*( m1 + 2*m2 + 2*m3 + m4)
162     Z[i]=Z[i-1]+(1/6)*( n1 + 2*n2 + 2*n3 + n4)
163
164     #print( X[i] , Y[i] ,Z[i])
165     print(Y[i])
166
167     return X,Y,Z
168
169 x,y,z=RKO4(f1 , f2 , f3 ,78312 ,1 ,0 ,0 ,166 ,166)
170
171
172 def main():
173     x0=78312
174     y0=1
175     z0=0
176     a=0
177     b=166
178     n=166
179     x,y,z=RKO4(f1 , f2 , f3 ,x0 ,y0 ,z0 , a , b ,n)
180     print(y)
181
182
183 data1 = np.array([1,4,3,5,3,16,3,10,30,23,29,47,47,31,48,46,28,25
184 ,39,27,42,20,37,31,52,34,22,29,53,24,37,14,9,20,34,46,17,19,84,78
185 ,123,87,72,66,25,51,82,58,43,19,23,24,15,5,4,7,4,2,0,2,5,1,8,7,10
186 ,10,19,71,101,105,73,45,39,32,16,14,23,22,23,22,23,14,16,6,5,12,
187 4,6,1,27,168,402,364,254,114,56,26,13,3,3,4,2,0,2,0,1,0,1,0,0,0,
188 4,1,8,8,20,76,150,120,94,41,29,8,7,1,1,0,0,0,1,2,0,0,0,1,0,0,
189 1,0,5,3,6,8,20,10,5,5,4,1,2,5,6,4,4,7,3,2,4,4,5,4,1,1,2,2,1,
190 0])
191 print(len(data1))
192
193
194 #graficas
195 tiempo=np.linspace(0,166,167)
196 fig=plt.figure()
197 plt.plot(tiempo,y,'--',label='Solucion numerica')
198 #print(tiempo)
199 plt.plot(data1,'r-',label='Datos reales')
200 plt.title('Tendencia del compartimiento de los infectados durante
201 166 semanas')
```

```
202 plt.xlabel('tiempo (en semanas)')
203 plt.ylabel('Infectados ')
204 plt.legend()
205 #plt.plot(Y, 'r*')
206
207 #plt.title('casos confirmados ')
208 plt.show()
```
