

RInCE

**Revista de Investigaciones del Departamento de Ciencias Económicas de La
Universidad Nacional de la Matanza**

Artículo de investigación:

***Aplicación de Modelos Matemáticos a la Epidemiología*¹**

Autores²: (1) María Virginia Figueroa, (2) María Victoria Afonso,
(3) Verónica Lombardo

Resumen

En el presente trabajo se investiga la aplicación de modelos matemáticos al estudio de la epidemiología. Debido a que la elaboración y el análisis de los modelos matemáticos de las epidemias proporcionan abundante y valiosa información, el objetivo de esta investigación fue desarrollar una aplicación mediante una planilla de Cálculo Microsoft Excel que mediante iteraciones permita modelar la evolución de una epidemia en función del tiempo dentro de una población.

Palabras clave: Epidemiología, ecuaciones diferenciales, simulación de modelos matemáticos.

Application of Mathematical Models in Epidemiology

Abstract

This paper investigates the application of mathematical models to study the epidemiology. The development and analysis of mathematical models of epidemics provides a wealth of valuable information, that's why the aim of this research was to develop an application using a Microsoft Excel spreadsheet that allows model the evolution of an epidemic in function of time within a population.

Keywords: Epidemiology, differential equations, mathematical simulation models.

¹ Basado en la Tesis de Licenciatura en Matemática Aplicada: "Aplicación de modelos matemáticos a la epidemiología" de María Virginia Figueroa. Universidad Nacional de La Matanza. Diciembre de 2014.

² (1) María Virginia Figueroa, Lic. en Matemática Aplicada, Universidad Nacional de La Matanza, correo de contacto: vir.figueroa@hotmail.com; (2) María Victoria Afonso, Lic. en Estadística, Universidad Nacional de Tres de Febrero, correo de contacto: victoria_afonso@hotmail.com; (3) Verónica Lombardo, Lic. en Estadística, Universidad Nacional de Tres de Febrero, correo de contacto: lombardoveronica1@gmail.com

Aplicação de modelos matemáticos em Epidemiologia

Resumo

Neste trabalho a aplicação de modelos matemáticos para estudar a epidemiologia de investigação. Porque o desenvolvimento e análise de modelos matemáticos de epidemias oferece uma riqueza de informações valiosas, o objetivo deste trabalho foi desenvolver uma aplicação usando uma planilha do Microsoft Excel que permite iterações modelar a evolução de uma epidemia em função do tempo dentro uma população.

Palavras-chave: Epidemiologia, equações diferenciais, modelos de simulação matemática.

Elección del tema

Con frecuencia se desea describir el comportamiento de algún sistema o fenómeno de la vida real en términos matemáticos. La descripción matemática de un sistema o fenómeno se llama **modelo matemático** y se forma con ciertos objetivos en mente. En el presente trabajo se expondrán los modelos usados en el campo de la *epidemiología*³ y su *simulación*⁴.

Definición del Problema

La construcción de modelos matemáticos es una de las herramientas utilizadas hoy en día para el estudio de problemas en epidemiología. Sus objetivos primordiales son **describir, explicar y predecir fenómenos y procesos** en dicha área. Sin embargo, su aplicación se ve limitada con frecuencia por la falta de conocimiento e información acerca de los principios básicos del modelamiento matemático.

Antecedentes (Marco Teórico o Conceptual)

La aplicación de la matemática a la epidemiología se inicia en el año 1760 cuando Daniel Bernoulli publicó un pequeño tratado sobre la epidemia de peste que en ese entonces se desarrollaba sobre Europa. Una observación temprana⁵ que fue rápidamente

³ 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".

⁴ La simulación es la construcción de modelos informáticos que describen la parte esencial del comportamiento de un sistema de interés, así como diseñar y realizar experimentos con el modelo y extraer conclusiones de sus resultados para apoyar la toma de decisiones.

⁵ Velasco Hernández, Jorge X. (1999). *Sobre enfermedades Infecciosas*. México: Miscelánea Matemática, N° 29, pp 51-72.

puesta en términos cuantitativos, es la de que las enfermedades infecciosas se transmiten por contacto entre un individuo susceptible y uno enfermo infeccioso. Hamer en 1906 formuló la ley de acción de masas que establece que el número de contactos infecciosos por unidad de tiempo es proporcional al número total de contactos entre individuos infecciosos y sanos. Más tarde Ronald Ross en el apéndice de su libro *The Prevention of Malaria* en la edición de 1911, formuló un modelo matemático sencillo como apoyo de su argumentación acerca de que para erradicar el paludismo era suficiente con disminuir la población de mosquitos a un nivel bajo, sin necesariamente extinguirlos.

Más tarde, en 1927 Kermack y McKendrick formularon un modelo matemático bastante general y complejo para describir la epidemia de peste que sufrió la India en 1906⁶. En su trabajo también se consideraron las enfermedades endémicas y diversos hallazgos interesantes se relacionaron en datos experimentales con ratones. El resultado excepcional fue el célebre teorema umbral, según el cual la introducción de individuos infecciosos dentro de una población de susceptibles podía originar una epidemia sólo si la densidad de susceptibles rebasa un cierto valor crítico o umbral. Si el umbral se excede, entonces sobreviene el brote y, de lo contrario, desaparece. El trabajo pionero atrajo escasa atención y sólo se tomó en cuenta 20 años más tarde cuando se dispuso de métodos efectivos de procesos estocásticos⁷.

Después de la Segunda Guerra Mundial resultó necesario mejorar el entendimiento de los procesos probabilísticos y muchos nuevos avances se efectuaron a partir de procesos estocásticos. El último de ellos se produjo a finales de la década de 1990, cuando los físicos comenzaron a interesarse por el estudio de las redes complejas al advertir que era vital una perspectiva reticular para entender la dinámica de las enfermedades como el VIH/SIDA. La identificación de las redes es de gran utilidad para comprender la rápida difusión de enfermedades infecciosas, como fue el caso del síndrome respiratorio agudo grave (SRAG) en 2003, que apareció en Hong Kong, se extendió a Norteamérica y Europa y cobró un número elevado de vidas en un plazo de 15 días⁸.

⁶ Velasco Hernández, Jorge X. (1999). Sobre enfermedades Infecciosas. Departamento de Matemática, Universidad Autónoma Metropolitana –Iztapalapa, Mexico , pp 51-72

⁷ Bailey, Norman T.J. (1985), *The role of Statistics in controlling and eradicating infectious diseases*. Journal of the Royal Statistical Society, The Statistician, N° 34, pp. 3-17.

⁸ Leung, Ping Chung; Ooi, Eng Eong (2003), *SARS war: Combating the disease*. Singapore: World Scientific Publishing.

Modelización de enfermedades infecciosas

Los modelos matemáticos se clasifican en *determinísticos* y *estocásticos*.

- En un **modelo determinístico** se pueden controlar los factores que intervienen en el estudio del proceso o fenómeno y por tanto se pueden predecir con exactitud sus resultados.
- En un **modelo estocástico** no es posible controlar los factores que intervienen en el estudio del fenómeno y en consecuencia no produce simples resultados únicos. Cada uno de los resultados posibles se genera una función de probabilidad que le adjudica una probabilidad a cada uno de éstos.

Una vez construido un modelo matemático, si éste es lo suficientemente sencillo, puede ser posible trabajar con sus relaciones y cantidades para obtener una solución analítica exacta.

Si una solución analítica para un modelo matemático está disponible y es computacionalmente eficiente, es mejor estudiar el modelo de esta manera y no por la vía de la simulación. Sin embargo, muchos sistemas son altamente complejos. En este caso, el modelo debe ser estudiado por medio de una **simulación**.

Ventajas de la construcción de modelos matemáticos para el análisis de enfermedades infecciosas

Podemos considerar a continuación las siguientes ventajas a saber:

- La construcción de modelos **revela** algunas veces **relaciones** que no son obvias a primera vista.
- Una vez construido el modelo matemático es posible extraer de él **propiedades y características** de las relaciones entre los elementos que de otra forma permanecerían ocultas.
- En la mayor parte de los problemas de enfermedades infecciosas del mundo real **no es factible experimentar con la realidad**, ya que puede ser muy costoso, peligroso, inmoral o incluso imposible. Por lo tanto, es natural intentar superar esta dificultad con la construcción de un modelo que describa de manera adecuada las características básicas de la epidemia y entonces usar el modelo para predecir las consecuencias de introducir cambios específicos

- La función principal de un modelo para una enfermedad infecciosa consiste en proveer un medio que posibilita **entender la dispersión** de una enfermedad infecciosa a través de una población bajo diferentes escenarios.

Principales modelos de transmisión de enfermedades infecciosas: Modelos SI⁹, SIS¹⁰ y SIR¹¹

Supongamos una población de tamaño S inicialmente sana, en la cual se introduce un cierto número I de infectados. El objeto de estudio de la mayor parte de estos modelos lo constituyen individuos, en un sentido figurado y matemáticamente tratable, vinculados con su entorno generalmente constituido por los vecinos más cercanos. La interacción con sus vecinos es modelada matemáticamente en forma abstracta y despojada de todo aspecto psicológico o social, y está asociada al hecho de que es la proximidad espacial entre dos individuos lo que hace más probable la transmisión de la enfermedad entre ellos, en caso de ser contagiosa. Así, la distribución espacial determinará cuál es el grupo de individuos a los cuales un sujeto podrá transmitir o de los cuales podrá contagiarse la enfermedad. Existen modelos que contemplan individuos inmóviles, otros sujetos que migran desplazando la infección.

En los modelos epidemiológicos estándar se parte del supuesto de que los individuos se encuentran en uno de varios estados posibles. En función de dichos estados, la población puede incluirse en algunas categorías: individuos susceptibles (S), infectados (I) o removidos (R), etc. En la Tabla 1 se pueden apreciar diferencias y similitudes entre estos tres modelos matemáticos.

⁹ Se supone una población de N individuos, en la población pueden categorizarse: individuos susceptibles (S), infectados (I) y removidos (R). El modelo SI (Susceptible – Infectado) no considera la remoción de casos mediante aislamiento o cuarentena.

¹⁰ El modelo SIS (Susceptible – Infectado – Susceptible) se usa en casos en que la enfermedad no confiere inmunidad y el individuo pasa de estar infectado a susceptible nuevamente, saltando la etapa R (de remoción, ya que no desarrollan inmunidad después de recuperarse).

¹¹ El modelo SIR (Susceptible – Infectado – Removido) relaciona los tres estadios. Esto no quiere decir que todos los individuos de una población deban pasar por éstos, algunos no serán infectados y permanecerán sanos, o sea siempre en estado de susceptible, otros serán inmunizados artificialmente por vacunación o algún otro método y pasarán a ser del grupo de removidos (R) sin haber estado infectados.

Tabla 1: Resumen de los modelos biométricos determinísticos para enfermedades infecciosas

Modelo	SI	SIS	SIR
Características del modelo	Susceptible-Infectado. No se considera la remoción de casos mediante aislamiento o cuarentena. Una vez que el individuo está infectado no hay posibilidad de remoción de la enfermedad.	Susceptible – infectado – susceptible. Una vez recuperado el individuo, queda nuevamente susceptible a la enfermedad	Susceptible – infectado – Removido. Una vez recuperado el individuo queda inmune a la enfermedad.
Aplicación – ejemplo	VIH	Enfermedades de transmisión sexual, exceptuando VIH.	Enfermedades infantiles: varicela, paperas, etc.
Nomenclatura utilizada	<p>S(t): representa a los individuos susceptibles, es decir, aquellos que no han enfermado anteriormente y por lo tanto pueden resultar infectados al entrar en contacto con la enfermedad.</p> <p>I(t): representa a los individuos infectados y por lo tanto en condiciones de transmitir la enfermedad a los del grupo S.</p> <p>R(t): representa a los individuos recobrados de la enfermedad, y que ya no están en condiciones ni de enfermar nuevamente ni de transmitir la enfermedad a otros.</p> <p>β: ritmo de infección</p> <p>γ: ritmo a que los individuos se recuperan de la enfermedad o se convierten en susceptibles</p>		
Fórmula determinística	$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t)$ $\frac{dI}{dt} = \beta \cdot I(t) \cdot S(t)$	$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t) + \gamma \cdot I(t)$ $\frac{dI}{dt} = \beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \gamma \cdot I(t)$	$\frac{dS}{dt} = -\beta \cdot I(t) \cdot S(t)$ $\frac{dI}{dt} = \beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \gamma \cdot I(t)$ $\frac{dR}{dt} = \gamma \cdot I(t)$

Fuente: Elaboración propia a partir de información extraída de: Montesinos López, O.A., Hernández Suárez C.M. (2007), *Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas*. Salud Publica México; N° 49, pp. 218-226.

Justificación del Estudio:

En los últimos años, se han desarrollado modelos matemáticos de epidemias potenciales de algunas enfermedades comunes e importantes, con el fin de mejorar la capacidad para comprender y predecir el desarrollo de una epidemia. Se sabe que los modelos son representaciones simplificadas de la realidad (sin pretender ser una réplica) y se usan para plantear hipótesis, identificar factores en investigaciones experimentales y para desarrollar predicciones en general.

La elaboración y el análisis de los modelos matemáticos de las epidemias, proporciona abundante y valiosa información relacionada con la cantidad y eficiencia del inóculo inicial, los efectos del ambiente, la resistencia del hospedero, el tiempo de interacción entre el hospedero y el patógeno, los sistemas de predicción y la efectividad de las estrategias de manejo de la enfermedad.

Limitaciones

En general, la construcción de un modelo no es tan sencilla. Esto se puede deber a:

- la falta de conocimiento e información acerca de los principios básicos del modelamiento matemático.
- la existencia de enfermedades más complejas que causan muerte o que se propagan a lo largo de diversos lugares del mundo.

Sin embargo, el aporte que se pretende realizar es un paso importante y esencial, para luego afinar un modelo más real.

Alcances del trabajo

Se debe reconocer que los datos, valores y conclusiones obtenidos a continuación sirven para analizar todo lo que es posible rescatar de un modelo SIR determinístico, lo cual lejos está de significar que en todas las epidemias, se presenten comportamientos similares.

Objetivo

Estudiar los modelos matemáticos a fin de modelizar la transmisión de enfermedades infecciosas, para dar un panorama de las mismas y poder ejemplificar de alguna manera su nivel de predicción.

Hipótesis

Es factible simular un modelo SIR determinístico utilizando una aplicación desarrollada utilizando una planilla de cálculo Microsoft Excel mediante *iteraciones* y *diagramas de dispersión*.

Material y Métodos

Se trata de un estudio analítico para simular un modelo SIR determinístico generalizado. Se seleccionó una enfermedad infantil típica como la varicela cuyos parámetros se conocen. Se utilizaron Planilla de Cálculo Microsoft Excel y diagramas de dispersión para simular el modelo.

Resultados

Simulación de un modelo SIR

Se consideran los siguientes datos para una determinada enfermedad infecciosa¹²:

- Cantidad inicial de población susceptible: $S_0 = 10.000$
- Cantidad inicial de infectados: $I_0 = 250$
- Cantidad inicial de recuperados: $R_0 = 0$
- Tasa de infección: $\frac{\lambda}{N} = \beta = 0,0001$
- Tasa de recuperación: $\frac{\mu}{N} = \gamma = 0,5$

En primera instancia se realiza una simulación con 20 iteraciones, a los efectos de conocer que ocurre con las cantidades de sanos, infectados y recuperados a medida que transcurre el tiempo. Los *algoritmos* que se van a utilizar en cada caso se deducen a continuación.

Variación de Susceptibles por unidad de tiempo:

Para expresar la variación de susceptibles en una unidad de tiempo hay que considerar la diferencia entre la cantidad de susceptibles en el período anterior y la cantidad de nuevos infectados de acuerdo a la tasa de infección predeterminada, en

¹² Como se mencionó con anterioridad, las tasas corresponden a la varicela, cuya tasa de infección es mucho menor a la de recuperación.

donde, matemáticamente la cantidad de infectados y la cantidad de susceptibles resultan *variables inversamente proporcionales*¹³, cuya constante de proporcionalidad es el coeficiente β . En términos matemáticos se obtiene la siguiente fórmula de variación:

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t$$

Es decir, teniendo datos del tiempo inicial se puede calcular cada iteración del siguiente modo:

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t$$

$$\text{Si } t = 0 \text{ y } \Delta t = 1 \Rightarrow S(1) = S(0) - \beta \cdot I(0) \cdot S(0) \cdot 1 = 10000 - 0,0001 \cdot 250 \cdot 10000 = 9750$$

$$\text{Si } t = 1 \text{ y } \Delta t = 1 \Rightarrow S(2) = S(1) - \beta \cdot I(1) \cdot S(1) \cdot 1$$

Ahora bien, hasta acá se calculó la variación de susceptibles en cada unidad de tiempo, pero mediante el uso de concepto de *diferenciales* se puede calcular la variación instantánea de susceptibles. Para ello, hay que recordar el concepto de **diferencial de una función en un punto**¹⁴ y de este modo llevarlo a la situación de estudio en cuestión:

$$\frac{df(x)}{dx} = \lim_{\Delta x \rightarrow 0} \frac{f(x + \Delta x) - f(x)}{\Delta x}$$

En el caso de la variación de susceptibles en el tiempo t se obtiene:

$$\frac{dS(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t}$$

Utilizando la variación anteriormente indicada queda:

$$\frac{dS(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t}$$

$$\frac{dS(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{\cancel{S(t)} - \beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t - \cancel{S(t)}}{\Delta t}$$

$$\frac{dS(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{-\beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \cancel{\Delta t}}{\cancel{\Delta t}}$$

$$\frac{dS(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} -\beta \cdot I(t) \cdot S(t)$$

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

¹³ Si dos cantidades u y v son proporcionales, esto quiere decir que una cantidad es múltiplo constante de la otra: $u = k \cdot v$

¹⁴ El **diferencial en un punto** representa el incremento de la variable dependiente por cada unidad que se incrementa, en este caso, en el tiempo.

Si se observa la fórmula de variación instantánea obtenida, la misma concuerda con la fórmula incluida en la teoría del modelo SIR (Tabla 1). Ahora sabiendo que la variación por unidad de tiempo respeta el modelo SIR se está en condiciones de realizar la simulación. En la Tabla 2 se puede ver la fórmula que se utilizó en la Planilla de Cálculo Microsoft Excel que luego, mediante iteraciones, dará lugar a la cantidad de Susceptibles por unidad de tiempo.

Tabla 2: Planilla de Cálculo Microsoft Excel. Fórmula para calcular la cantidad de Susceptibles por unidad de tiempo

	A	B	C	D	E	F	G
1	t	S	I	R		β	0,0001
2	0	10000	250	0		γ	0,5
3		=B2-\$G\$1*B2*C2				N	10250
4	2						
5	3						
6	4						
7	5						
8	6						

Fuente: Elaboración propia

1. Variación de Infectados por unidad de tiempo

Del mismo modo que en el análisis anterior se puede expresar la variación de infectados en una unidad de tiempo considerando los infectados del período anterior, más los infectados de este nuevo período (de acuerdo a la tasa de infección predeterminada) menos los removidos durante el período (de acuerdo a la tasa de recuperación establecida). Matemáticamente se obtiene la siguiente fórmula de variación: $I(t + \Delta t) = I(t) + \beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t - \gamma \cdot I(t) \cdot \Delta t$

Es decir, teniendo datos del tiempo inicial se puede calcular cada iteración del siguiente modo:

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t - \gamma \cdot I(t) \cdot \Delta t$$

$$\text{Si } t = 0 \text{ y } \Delta t = 1 \Rightarrow I(1) = I(0) + \beta \cdot I(0) \cdot S(0) \cdot 1 - \gamma \cdot I(0) \cdot 1$$

$$\text{Si } t = 1 \text{ y } \Delta t = 1 \Rightarrow I(2) = I(1) + \beta \cdot I(1) \cdot S(1) \cdot 1 - \gamma \cdot I(1) \cdot 1$$

Aquí también mediante el uso de concepto de diferenciales se puede calcular la variación instantánea de infectados del siguiente modo:

$$\frac{dI(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{I(t + \Delta t) - I(t)}{\Delta t}$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{\cancel{I(t)} + \beta \cdot I(t) \cdot S(t) \cdot \Delta t - \gamma \cdot I(t) \cdot \Delta t - \cancel{I(t)}}{\Delta t}$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{[\beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \gamma \cdot I(t)] \cdot \cancel{\Delta t}}{\cancel{\Delta t}}$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \gamma \cdot I(t)$$

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

Si se observa la fórmula de variación instantánea obtenida, la misma concuerda con la fórmula incluida en la teoría del modelo SIR (Tabla 1). Por lo cual, al respetar el modelo establecido en la teoría se está en condiciones de continuar con la simulación para la cantidad de infectados en cada iteración como se muestra en la Tabla 3.

Tabla 3: Planilla de Cálculo Microsoft Excel. Fórmula para calcular la cantidad de Infectados por unidad de tiempo.

	A	B	C	D	E	F	G	
1	t	S	I	R		β	0,0001	
2	0	10000	250	0		γ	0,5	
3	1	=C2+\$G\$1*B2*C2-\$G\$2*C2					N	10250
4	2							
5	3							
6	4							
7	5							
8	6							

Fuente: Elaboración propia.

2. Variación de Removidos por unidad de tiempo

Continuando con la misma lógica de modelado y análisis podemos expresar matemáticamente la siguiente fórmula de variación de removidos por unidad de tiempo:
 $R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma \cdot I(t) \cdot \Delta t$ (Los recuperados del período anterior más los recuperados de este período).

Es decir, teniendo datos del tiempo inicial podemos ir calculando cada iteración del siguiente modo:

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma \cdot I(t) \cdot \Delta t$$

$$\text{Si } t = 0 \text{ y } \Delta t = 1 \Rightarrow R(1) = R(0) + \gamma \cdot I(0) \cdot 1$$

$$\text{Si } t = 1 \text{ y } \Delta t = 1 \Rightarrow R(2) = R(1) + \gamma \cdot I(1) \cdot 1$$

Aquí también mediante el uso de concepto de diferenciales se puede calcular la variación instantánea de infectados del siguiente modo:

$$\frac{dR(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{R(t + \Delta t) - R(t)}{\Delta t}$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{R(t) + \gamma \cdot I(t) \cdot \Delta t - R(t)}{\Delta t}$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \frac{\gamma \cdot I(t) \cdot \cancel{\Delta t}}{\cancel{\Delta t}}$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \lim_{\Delta t \rightarrow 0} \gamma \cdot I(t)$$

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

Al igual que en las situaciones anteriores la fórmula de variación instantánea obtenida, concuerda con la fórmula incluida en la teoría del modelo SIR (Tabla 1), lo que habilita a seguir con la simulación para la cantidad de recuperados en cada iteración, como se muestra en la Tabla 4.

Tabla 4: Planilla de Cálculo Microsoft Excel. Fórmula para calcular la cantidad de Removidos por unidad de tiempo

	A	B	C	D	E	F	G
1	t	S	I	R		β	0,0001
2	0	10000	250	0		γ	0,5
3	1	9750		=D2+\$G\$2*C2		N	10250
4	2						
5	3						
6	4						
7	5						
8	6						

Fuente: Elaboración propia

Tabla 5: Planilla de Cálculo Microsoft Excel. Tabla de iteraciones

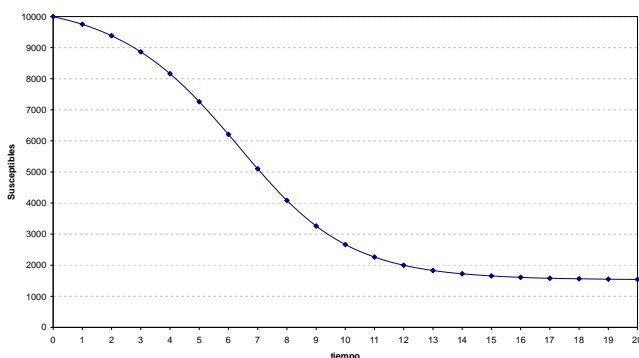
T	S	I	R
0	10000	250	0
1	9750	375	125
2	9384	553	313
3	8865	796	589
4	8160	1103	987
5	7260	1452	1538
6	6206	1780	2264
7	5101	1994	3154
8	4084	2015	4151
9	3261	1830	5159
10	2664	1512	6074
11	2261	1159	6830
12	1999	841	7409
13	1831	589	7830
...
20	1541	34	8675

Fuente: Elaboración propia

Con la Tabla 5 que se obtuvo en la Planilla de cálculo Microsoft Excel se pueden realizar los siguientes gráficos con diagramas de dispersión, a fin de analizar las curvas obtenidas.

En primer lugar se muestra en el Gráfico1 la curva de población susceptible por unidad de tiempo que se obtuvo:

Gráfico 1: Número de Susceptibles según tiempo (20 iteraciones)

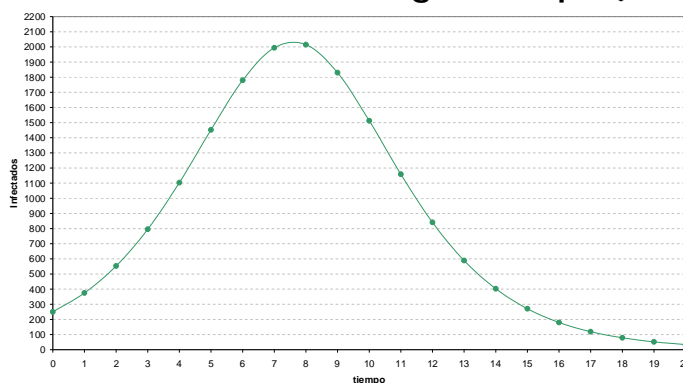


Fuente: Elaboración propia

Se observa que la curva de **sanos** respecto al tiempo es siempre **decreciente**, esto se debe a la tasa de infección negativa, pudiendo ocurrir esto a distinta intensidad y estabilizarse en un cierto valor o bien anularse, es decir, todos se infectan en algún momento.

Por otro lado, en el Gráfico 2 se puede ver la curva de Infectados por unidad de tiempo.

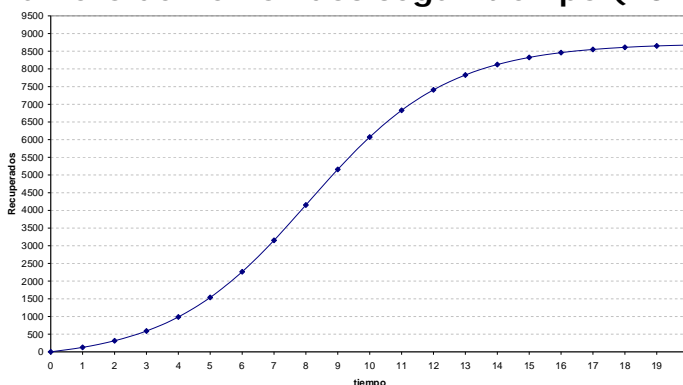
Gráfico 2: Número de Infectados según tiempo (20 iteraciones)



Fuente: Elaboración propia

La gráfica alcanza un máximo que es el tiempo de máxima incidencia, este es el punto donde se anula la ecuación diferencial de infectados respecto al tiempo. Por último, se puede realizar el diagrama de dispersión que relaciona a los removidos en función del tiempo tal como se muestra en el Gráfico 3.

Gráfico 3: Número de Removidos según tiempo (20 iteraciones)

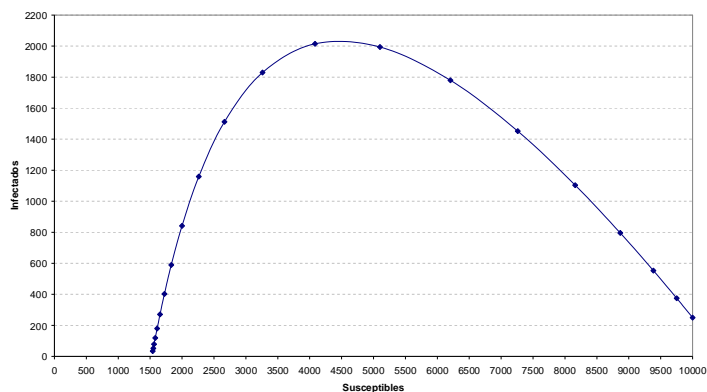


Fuente: Elaboración propia

La cantidad de **recuperados** siempre es **creciente**, aunque no necesariamente todos los integrantes de la población deben terminar recuperados.

A todo esto, el Gráfico 4 permite un análisis más sustancial, en el que se expresa la cantidad de infectados en términos de la cantidad de sanos, es decir: $I = I(S)$

Gráfico 4: Número de Infectados respecto al número de Susceptibles



Fuente: Elaboración propia

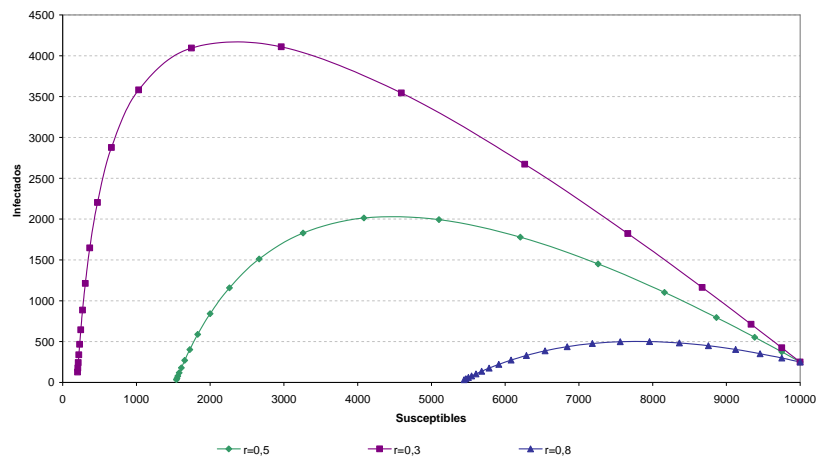
Comportamiento general de $I = I(S)$

Con respecto a la gráfica anterior se pueden plantear los siguientes interrogantes:

- Forma General de la Curva: ¿Cuándo es creciente y cuándo es decreciente? Relación con la existencia de epidemia, o bien si se extingue y cuándo.
- En caso de ser creciente, la interpretación del alcance máximo de la curva. ¿Predice esto, la peor etapa de la epidemia? ¿Nos permite dar pautas de prevención, acciones urgentes, etc.?
- ¿Todos los sanos enfermarán o puede extinguirse la epidemia antes de alcanzar a toda la población susceptible?
- ¿Cuál es el efecto de los parámetros β y γ ? ¿De ellos cuál afecta más?

Para dar respuesta a estas preguntas, se hará variar un parámetro por vez, es decir que en la gráfica anterior se varía la tasa de recuperación en los valores 0,3; 0,5 y 0,8. En base a estas tasas se obtienen el Gráfico 5.

Gráfico 5: Infectados en función de sanos para las tres tasas de recuperación



Fuente: Elaboración propia

Se pueden concluir algunas cuestiones:

- Ante igual número de sanos iniciales, y tasa de contagio, a menor número de tasa de recuperación, menor será la cantidad de susceptibles que permanezcan sin enfermarse.

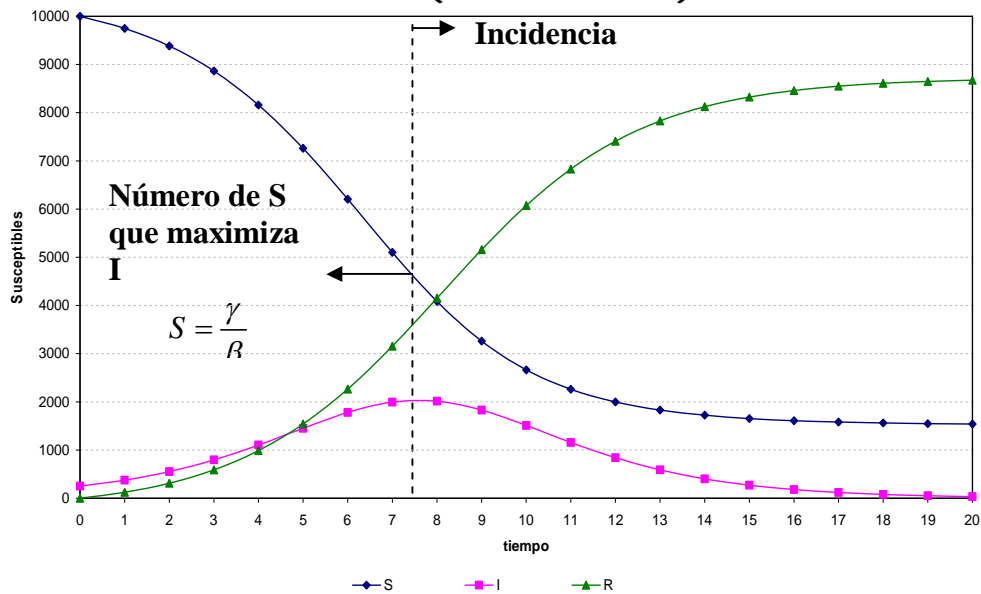
Esto se observa en la gráfica, diciendo que su máximo no alcanza un valor grande, o sea tiene poco crecimiento.

- Ante igual número de tasas, y con recuperación alta, cuando menor es el número inicial de susceptibles, la gráfica toma la forma decreciente, y no parabólica.

Discusión

A partir de la simulación anterior se obtiene Gráfico 6 que relaciona los tres estadios frente a la enfermedad infecciosa.

Gráfico 6: Número de Susceptibles, Infectados y Recuperados según tiempo (20 iteraciones)



Fuente: Elaboración propia

Se observa que:

- La curva de sanos respecto al tiempo es siempre **decreciente**, esto se debe a la tasa de infección negativa, pudiendo ocurrir esto a distinta intensidad y estabilizarse en un cierto valor o bien anularse, es decir, todos se infectan en algún momento.
- La curva de infectados respecto del tiempo presenta un punto crítico de **máxima incidencia**. Valor de t donde se anula la ecuación diferencial para infectados. Es decir, $\frac{dI(t)}{dt} = 0$. Por consiguiente,

$$\beta \cdot I(t) \cdot S(t) - \gamma \cdot I(t) = 0 \Rightarrow (\beta \cdot S(t) - \gamma) \cdot I(t) = 0$$
 Se iguala cada factor a cero, pero como no tiene sentido que la cantidad de infectados sea cero queda sólo: $\beta \cdot S(t) - \gamma = 0 \Rightarrow S(t) = \frac{\gamma}{\beta}$, queda, entonces, la cantidad de susceptibles que maximiza la cantidad de infectados.
- La cantidad de recuperados siempre es **creciente**, aunque no necesariamente todos los integrantes de la población deben terminar recuperados.

Conclusiones

El empleo de modelos matemáticos para enfermedades infecciosas ha crecido en grado significativo en los últimos años, esto se debe a que proporcionan información útil para la toma de decisiones y a la instauración de medidas operativas en el control o erradicación de una enfermedad infecciosa. Por consiguiente, los modelos matemáticos, en epidemiología, no sólo han sido descriptivos sino también predictivos.

La utilidad fundamental de estos modelos radica en la captura de propiedades esenciales de la dispersión de una enfermedad de una forma simplificada, lo que contribuye a prevenir futuras situaciones patológicas y a determinar la prevalencia e incidencia, lo cual orienta la toma de decisiones objetivas para el control o supresión de las enfermedades infecciosas. Estas propiedades que proporcionan los modelos se obtienen a partir de la modificación de los parámetros lo que le permite al modelo representar o descubrir situaciones que difícilmente se pueden obtener mediante experimentación. Esto se lleva a cabo a partir de datos iniciales que asuman realidad, y con la comparación de lo que el modelo predice con los datos experimentales existentes. De esta manera, si resulta necesario se corrige el modelo y, si se observa coincidencia entre los valores, se dice que el modelo propuesto tiene validez.

En general, un modelo no es tan sencillo como se planteó en este trabajo. Dado que existen enfermedades más complejas que causan muerte o que se propagan a lo largo de diversos lugares del mundo. Pero el aporte realizado es un paso importante y esencial, para luego afinar un modelo más real.

Bibliografía consultada

Bailey, Norman T.J. (1985), *The role of Statistics in controlling and eradicating infectious diseases*. Journal of the Royal Statistical Society, The Statistician, N° 34, pp. 3-17.

Box, G., Hunter, J.; y Hunter, W., (2008), *Estadística para Investigadores* (Segunda Edición). Barcelona: Reverté.

Hernández T., Tito A. (2006), *Epidemiología*. Fundación para la educación permanente y gestión del desarrollo andino amazónico (FEDAM). Lima, Perú.

Leung, Ping Chung; Ooi, Eng Eong (2003), *SARS war: Combating the disease*. Singapore: World Scientific Publishing.

López Moreno, Sergio; Garrido Latorre, Francisco; y Hernández Avila, Mauricio (2000), *Desarrollo histórico de la epidemiología: su formación como disciplina científica*. Salud Pública de México, 42(2), pp. 133-143. Disponible en:

<http://escuela.med.puc.cl/Recursos/recepidem/introductorios3.htm> (última fecha de acceso el 11 de septiembre de 2015).

Montesinos López, O.A., Hernández Suárez C.M. (2007), *Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas*. Salud Publica México; N° 49, pp. 218-226. Disponible en: <http://www.scielosp.org/pdf/spm/v49n3/07.pdf> (última fecha de acceso el 11 de septiembre de 2015).

Sánchez, Miguel; Frutos, Gloria; y Cuesta, Pedro L. (1996), *Estadística y matemática aplicadas*. Edición dirigida a los estudios de Farmacia", Editorial Síntesis, 1996.

Velasco Hernández, Jorge X. (1999). *Sobre enfermedades Infecciosas*. México: Miscelánea Matemática, N° 29, pp 51-72. Disponible en: <http://miscelaneamatematica.org/Misc29/velasco.pdf> (última fecha de acceso el 25 de septiembre de 2015).

Zill, Dennis G. (2002), *Ecuaciones diferenciales con aplicaciones de modelado* (Séptima edición). España: Thomson Learning.