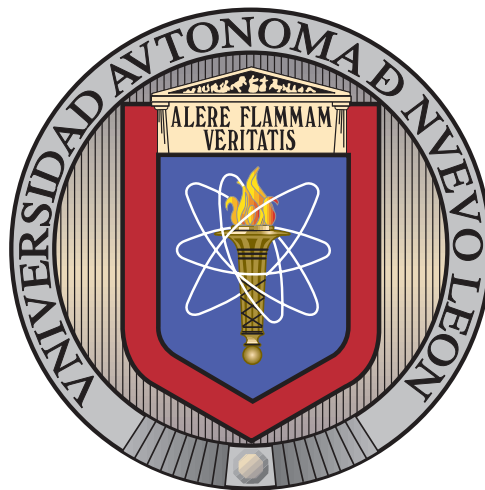


UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE NUEVO LEÓN
FACULTAD DE CIENCIAS FÍSICO MATEMÁTICAS



MODELACIÓN SIR DETERMINISTA DE DATOS
EPIDEMIOLÓGICOS COVID-19

POR

SOTO ROCHA MARÍA VALENTINA IRÉNDIRA

EN OPCIÓN AL GRADO DE
MAESTRÍA EN CIENCIAS
CON ORIENTACIÓN EN MATEMÁTICAS

SAN NICOLÁS DE LOS GARZA, NUEVO LEÓN

SEPTIEMBRE 2021.

Universidad Autónoma de Nuevo León
Facultad de Ciencias Físico Matemáticas

Los miembros del Comité de Tesis recomendamos que la Tesis *Modelación SIR determinista de datos epidemiológicos COVID-19*, realizada por la alumna Soto Rocha María Valentina Iréndira, con número de matrícula 1565625, sea aceptada para su defensa como opción al grado de Maestría en Ciencias con Orientación en Matemáticas.

El Comité de Tesis

Dr. Almaguer Martínez Francisco Javier
Director

Dra. Grimaldo Reyna María Esther
Revisor

Dr. Hernández Cabrera Francisco
Revisor

Vo. Bo.

Dr. Ibarra Rojas Jorge Omar
Coordinador del Posgrado en Ciencias con
Orientación en Matemáticas

Agradecimientos

A mi madre por hacerme creer que soy su gran orgullo y por enseñarme a salir adelante bajo cualquier circunstancia, con la mejor sonrisa que tenga que ofrecerle a este mundo. A mi padre, quién me enseña que a veces es mejor ver la vida de la manera más fría y tomar decisiones, cuyos consejos han significado mucho en mi vida. ¡Los amo!

Al CICFIM y todos mis profesores. Gracias por ayudarme a crecer tanto intelectual como personalmente. Al CONACyT por el apoyo económico para que pudiera realizar esta maestría a través del CVU No. 1003629, la cual no solo facilito en gran medida mis estudios sino que me impulso a mi independencia.

A mi asesor, Dr. F. Javier Almaguer, por su orientación y paciencia.

Al Dr. Francisco Cabrera, por las observaciones que realizo sobre mi trabajo, fueron de gran apoyo para la realización de mi tesis.

A la Dra. Esther Grimaldo, no solo por su guía y apoyo en mi tesis, si no por inspirarme a ser una mejor estudiante, probablemente nunca tendré las palabras adecuadas para expresarle mi gratitud y admiración.

Al Dr. Roberto Cantú, gracias por formar parte del comité evaluador, cada una de sus consejos han sido de gran apoyo.

A la mujer que me mostró que la vida no es una carrera, que uno debe de disfrutar cada aspecto de la vida, a ella que me da una y mil razones para ser la mejor versión de mí. No sé que nos aguarda la vida pero sin duda lo quiero vivir a tu lado Yuliana Rodríguez Durán (Mi Yuli).

Y a Opa quien me motiva día a día, para no dejarlo sin sus whiskas.

Índice general

Resumen	7
Introducción	8
1 Antecedentes	10
1.1 Historia de los modelos epidemiológicos	11
1.2 COVID-19	14
1.2.1 Origen de la enfermedad	14
1.2.2 Impacto del COVID-19 en la salud mental, educación y en la economía	18
1.2.3 El COVID-19 en México	20
2 Modelo SIR	24
2.1 Introducción	24
2.2 Modelo SIR	27
2.2.1 Modelo Kermack Mckendrick	29
2.2.2 Propiedades del modelo	31
2.2.3 Modelo SIR que satisface la Ley de Acción de masa	33
2.2.4 Solución analítica del modelo Kermack-McKendrick	34
2.2.5 Solución numérica del modelo Kermack Mckendrick	39
3 Estudio numérico del modelo SIR para el COVID-19	42
3.1 Solución del modelo SIR	42
3.2 Análisis de la curva de los reportados infectados de COVID-19 a Nivel Nacional	43
3.2.1 1 de Enero 2020 - 1 de Marzo 2020	43
3.2.2 28 de Febrero 2020 - 28 de Abril 2020	45
3.2.3 28 de Febrero 2020-28 de Junio 2020	51
3.2.4 28 Febrero 2020-28 Agosto 2020 (Primer pico de infección)	56
Conclusiones y trabajo futuro	60

Índice de figuras

1.1	Registro de mortalidad del año 1665	12
1.2	Wuhan, China.	14
1.3	Histograma de frecuencia sobre las edades de las personas infectadas de COVID-19	21
1.4	Histograma de frecuencia sobre las edades de los hombre y las mujeres infectadas de COVID-19	22
1.5	Histograma de edades de las defunciones a nivel nacional en México por COVID-19	22
1.6	Histograma de frecuencia sobre las edades de los hombre y las mujeres fallecidos por COVID-19	23
2.1	Proceso de transmisión de una enfermedad infecciosa	24
2.2	Compartimentos del modelo SIR	27
2.3	Diagrama de transferencia del modelo SIR	28
2.4	Sistema de ecuaciones del modelo SIR	29
2.5	Diagrama de transferencia con tasas de nacimiento y defunción iguales	30
2.6	Sistema de ecuaciones del modelo SIR con tasas de nacimiento y defunción iguales	31
2.7	Diagrama de transferencia del modelo SIR, el cual satisface la ley de acción de masas.	33
2.8	Ejemplo de la solución analítica del modelo SIR	39
2.9	Ejemplo de la solución numérica del modelo SIR	41
3.1	Infectados reportados diariamente desde el 1 de Enero 2020-1 Marzo 2020	44
3.2	Tasa de infección y recuperación del 1 de Enero 2020-1 Marzo 2020	44
3.3	Infectados reportados diariamente desde el 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020	45
3.4	Tasa de infección y recuperación del 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020	45
3.5	Tasa de infección del 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020	46
3.6	Ajuste del parámetro β suponiendo un ajuste (3.2.1) para 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020 utilizando el método de regresión	47
3.7	Ajuste del parámetro β suponiendo un ajuste (3.2.1) para 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020 utilizando un algoritmo evolutivo	48
3.8	Ajuste del parámetro β suponiendo un ajuste (3.2.7) para 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020 utilizando un algoritmo evolutivo	49
3.9	Tasa de recuperación del 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020	49
3.10	Ajuste del parámetro γ suponiendo (3.2.8)	50

3.11	Ajuste de los infectados reportados diariamente del 28 de Febrero 2020 - 28 de Abril 2020	51
3.12	Infectados reportados diariamente desde el 28 de Febrero 2020-28 de Abril 2020	52
3.13	Gráfica de barras de los datos reportados diariamente a nivel nacional de COVID-19 desde el 28 de Febrero del 2020 al 28 de Mayo del 2020.	52
3.14	Valores diarios de β de los primeros cuatro meses utilizando la ecuación (3.1.5).	53
3.15	Ajuste de curva de los valores de β utilizando un algoritmo evolutivo.	54
3.16	Valores diarios de γ de los primeros cuatro meses utilizando la ecuación (3.1.6).	54
3.17	Ajuste del parámetro γ para los primeros cuatro meses.	55
3.18	Ajuste de curva de los infectados reportados diariamente a nivel Nacional en México del día 28 Febrero 2020 - 28 Junio 2020 utilizando la ecuación (3.2.10)	55
3.19	Gráfica de barras de los datos reportados infectados de COVID-19 diariamente a nivel Nacional del 28 de Febrero de 2020 al 28 de Agosto de 2021.	56
3.20	Valores de los parámetros β y γ obtenidos con las ecuaciones (3.1.5)-(3.1.6), respectivamente.	56
3.21	Valores diarios de β de los primeros seis meses utilizando la ecuación (3.1.5).	57
3.22	Ajuste de curva de los valores de β utilizando un algoritmo evolutivo.	58
3.23	Valores diarios de γ de los primeros seis meses utilizando la ecuación (3.1.6).	58
3.24	Ajuste del parámetro γ para los primeros seis meses.	59
3.25	Ajuste de curva de los infectados reportados diariamente a nivel Nacional en México del día 28 Febrero 2020 - 28 Agosto 2020 utilizando la ecuación (3.2.10).	59



Resumen

1 En el presente trabajo se puede encontrar una breve introducción de la historia de los mode-
2 los epidemiológicos, de cómo estos fueron surgiendo debido a la necesidad de poder predecir
3 como una enfermedad se comportará en una población de estudio. También se habla sobre
4 la enfermedad de mayor interés actual, el COVID-19, establecemos su origen, el modo de
5 transmisión, así como el diagnóstico y tratamiento. Se sabe que esta enfermedad ha causado
6 un sin fin de inconvenientes en el mundo debido a que, lo que parecía un pequeño brote
7 de neumonía en Wuhan se convirtió en una de las pandemias más trascendentes del siglo
8 XXI hasta el momento, causando conflictos en el área de salud, economía, educación y la
9 salud mental de la población de cada país afectado, con el fin de establecer información a las
10 autoridades responsables de tomar decisiones en los gobiernos. Se realiza un análisis de la
11 curva de infectados de COVID-19 reportados diariamente en México, utilizando el modelo
12 SIR, modelo que se explica detalladamente en este trabajo.

13

14 En el análisis se establece un criterio para ajustar el parámetro de infección y recuperación
15 en donde se encuentra que la tasa de infección no se comporta de una manera constante,
16 si no que tiene una tendencia que ajustamos con una función. Para la tasa de recuperación
17 encontramos que al menos para el primer pico de infección que se analiza, esta parece no
18 tener tendencia diferente a la **constante**, en los resultados además de obtener estos ajustes
19 de los parámetros, se encontraron buenos ajustes para los datos de infectados reportados
20 diariamente, es decir, se encontró una función que ajusta al primer pico de infección en
21 México.



Introducción

22 El método científico es un método o procedimiento que ha caracterizado a las ciencias natu-
23 rales desde el siglo XVII, el cual consiste en la observación, medición, experimentación sis-
24 temática, formulación, comprobación y modificación de hipótesis, sin embargo este método
25 no puede ser aplicado en el caso de la epidemiología, ya que uno de los pasos más importantes
26 para llevar a cabo el método, es la experimentación, la cual no es posible ya que experimentar
27 colocando una enfermedad infecciosa en una población de seres humanos, para ver cómo se
28 comporta el agente infeccioso no es ético, sin embargo, buscar la forma para dar respuestas a
29 preguntas como: ¿Qué tanta estadía tendrá la enfermedad? ¿Qué medidas se deben tomar?
30 ¿Cuál será el porcentaje de mortalidad de la enfermedad?, entre otras.

31
32 Estas no son preguntas nuevas, al comienzo de la historia para comprender las enfermedades
33 infecciosas se trabajaba con registros [5] de defunciones para establecer la esperanza de vida
34 de un individuo dado que se tomarán ciertas medidas, esto y el trabajo de Ross [22] con su
35 demostración de la dinámica de la transmisión de la malaria entre mosquitos y humanos dio
36 origen a la modelación matemática como herramienta para poder observar cómo se comporta
37 una enfermedad infecciosa en una población.

38
39 Si se tiene un modelo bien planteado, entonces es posible simular diferentes escenarios para
40 así establecer medidas de prevención que intenten erradicar o disminuir el brote de la enfer-
41 medad, estos modelos epidemiológicos parten del hecho que los individuos pasan por diferentes
42 estados de la enfermedad, lo que lleva a la separación de la población de estudio en grupos
43 específicos y mutuamente excluyentes, ya que los individuos sólo pueden estar en un estado
44 de la enfermedad a la vez.

45
46 La modelación de enfermedades tiene principalmente tres enfoques [14], la parte estadística
47 [16], estocástica [5] y determinista [13]. A pesar de que cada una de ellas tiene sus ventajas y
48 desventajas, la modelación determinista ha demostrado ser una excelente herramienta para
49 la predicción del comportamiento de la enfermedad. En estos modelos deterministas se con-

50 sidera que se tiene el control y conocimiento absoluto de los factores que interfieren. Por ello,
51 estos modelos nos permiten determinar para cualquier tiempo t el número o proporción de
52 individuos que se encuentran en cada uno de los grupos en los que se divide la población. En
53 estos modelos existe un parámetro clave conocido como el número de reproducción básico,
54 denotado como \mathcal{R}_0 [21], el cual establece la cantidad de infecciones secundarias que puede
55 hacer un infectado, por lo que con el se puede determinar si el número de infectados decre-
56 cerá rápidamente ($\mathcal{R}_0 < 1$) o si la enfermedad se propagará por gran parte de la población
57 ($\mathcal{R}_0 > 1$).

58

59 El objetivo principal de este trabajo es realizar una análisis sobre la propagación de la
60 pandemia COVID-19 en México, con el fin de realizar un ajuste de la curva de infectados
61 reportados diariamente en el país, esperando que con ello se pueda ayudar a predecir cómo se
62 comportará en los días posteriores a los que se realiza el análisis, esto con el fin de establecer
63 medidas de prevención o relajar estas medidas. Los modelos deterministas han demostrado
64 ser una excelente herramienta para predecir cómo se comporta la propagación de una epi-
65 demia, más específicamente, los modelos compartimentales SIR y sus variantes son de los
66 más conocidos y estudiados, así que se opta por utilizar este modelo, en el se tiene como
67 hipótesis que los individuos tienen inmunidad a la enfermedad una vez que se recuperan
68 de esta, además se trabaja con una población de estudio aislada, es decir, no hay ingresos
69 ni salidas de individuos. En diferentes análisis se ha demostrado que a pesar de que esta
70 última hipótesis es difícil de cumplir, se obtienen excelentes resultados. En el caso de los
71 datos que se van a trabajar, se tiene que hay un porcentaje muy bajo de individuos que se
72 reinfectan de COVID-19, por lo que podríamos suponer que el flujo de la enfermedad es: ser
73 susceptible, infectarse y una vez que se recupera de la enfermedad o fallece el individuo pasa
74 a ser recuperado. El modelo SIRS se descarta en este trabajo debido a que no sólo hay muy
75 pocos datos reportados de reinfección, sino que además, esta no se ha comprobado [7], más
76 bien se atribuye que la infección se queda por un período mas prolongado de tiempo dando
77 falsos positivos en determinado momento.

78

79 El trabajo se divide en tres capítulos:

80 En el Capítulo 1, se establecen los antecedentes históricos de los modelos epidemiológicos, así
81 como el origen, el impacto en la salud mental, la educación y la economía de la enfermedad
82 COVID-19.

83

84 En el Capítulo 2, se hace una descripción del modelo compartimental SIR, además se da un
85 análisis del sistema de ecuaciones que describe el modelo, así como la solución analítica y
86 numérica del modelo.

87

88 En el Capítulo 3, se describen los resultados obtenidos al utilizar este modelo, resaltando que
89 sólo se realiza el análisis del primer pico de infección presentado en México.

90

91 Por último, una sección de conclusiones.

Antecedentes

92 Al principio de la historia, los seres humanos se cambiaban constantemente de lugar, esto
93 con el fin de buscar mayores posibilidades de sobrevivir, ya que se huía de climas extremos,
94 escasez de comida, agua, e incluso para huir de depredadores. Se vivía en pequeños grupos
95 y se dejaba atrás a aquellos que no podían seguir el paso, sin embargo, con el tiempo se
96 fueron recaudando muchos conocimientos, los cuales eran transferidos de un individuo a otro
97 a través de las generaciones, cosas como qué alimentos comer y cuáles no, cómo hacer que
98 un alimento se conservara en buen estado por más tiempo, el fuego, tratamiento del agua,
99 precaución con los animales peligrosos y depredadores, esto permitió que los grupos se pu-
100 dieran establecer en un lugar solo, dejando así de ser nómadas, se crearon refugios que los
101 protegiera del clima y algunos depredadores, se aprendió a cultivar alimentos, por lo que ya
102 no era necesario salir lejos del grupo a buscarlos, también se domesticaron algunos animales
103 con el fin de alimentarse de ellos, otros para protección o incluso mascotas, esto le dio el
104 ambiente perfecto a los virus y bacterias para nuevas enfermedades [3], enfermedades a las
105 cuales ni nosotros ni los animales con los que convivíamos, estábamos preparados, cuando
106 una enfermedad comenzaba en el grupo, algunos individuos morían debido a los síntomas
107 mientras que otros adquirían cierta inmunidad hacia la enfermedad después de pasar por los
108 síntomas, también gracias a que los grupos eran de mayor tamaño, la enfermedad tenía una
109 estadía más larga en la población, ya que había más individuos susceptibles. Con el tiempo,
110 fuimos capaces de crear medicamentos para poder sobrellevar los síntomas o eliminar el vi-
111 rus, sin embargo algunos virus mutaron creando resistencia a los medicamentos por lo que
112 las enfermedades se hicieron endémicas, es decir, que permanecen en la población por un
113 largo periodo de tiempo.

114

115 Hoy en día, gracias a la globalización, es aún más sencillo que una pequeña enfermedad en
116 un pueblo se salga de control por todo el mundo. A lo largo de la historia este ha sido un
117 problema terrible para la especie humana, ya que hay enfermedades como la peste negra
118 [5], la cual acabó con entre el 30 % y 60 % de la población de Europa. Con el fin de poder
119 predecir cómo se comportará una enfermedad infecciosa en una población, se utilizan los

120 modelos epidemiológicos, los cuales están basados en ciertas hipótesis sobre el comporta-
121 miento de la enfermedad y pueden establecer en qué momento se tendrá la mayor cantidad
122 de infectados en la población de estudio, así como predecir los resultados del tiempo de
123 estadía de la enfermedad de acuerdo a diferentes panoramas, es decir, pueden establecer qué
124 tanto durará la enfermedad así como qué tan grave será esta si en la población se realiza
125 una cuarentena, o en cambio si no se realiza, o tal vez si la población es vacunada, entre otras.
126

127 1.1. Historia de los modelos epidemiológicos

128 Las enfermedades infecciosas han sido, son y serán parte de nuestra historia como humani-
129 dad, desde el comienzo de los registros históricos [18] existen epidemias que han arrasado con
130 poblaciones enteras, algunas de estas enfermedades no desaparecen, sino que el ser humano
131 crea cierta inmunidad a ellas, un ejemplo es la *Gripe Española* de 1918-1919, la cual causó
132 más de 50,000,000 de muertes en todo el mundo, también hay epidemias anuales de gripe
133 estacional que causan hasta 35,000 muertes en todo el mundo [4], así como la gripe, hay otras
134 enfermedades que se han vuelto endémicas, las cuales causan anualmente muchas muertes.

135
136 La Organización Mundial de la Salud (OMS) [43], ha estimado que en el 2019, la tuberculosis
137 causó 1.4 millones de muertes, y la malaria causó 409,000 muertes [44]. Se estima que en
138 1980 hubo 2.6 millones de muertes por sarampión en el mundo, sin embargo 31 años después
139 en 2011, se reportaron 160,000 defunciones debido a la creación y difusión de la vacuna [34].
140 Hay tres objetivos principales de la epidemiología:

- 141 1. Comprender las causas de una enfermedad.
- 142 2. Predecir el curso que tomará la enfermedad en una población.
- 143 3. Desarrollar formas de control, haciendo comparaciones con diferentes enfoques.

144 El primer estudio reportado de enfermedades infecciosas, fue el trabajo de John Graunt
145 (Londres, 24 de abril de 1620 - Londres, 18 de abril 1674) con su libro *Natural and Political*
146 *Observations Made upon the Bills of Mortality* (1662) [9], los *Bills of Mortality* eran registros
147 semanales de mortalidad en donde se colocaban el número de muertes y la causa en las
148 parroquias de Londres (Figura 1.1). Estos registros comenzaron en el año 1592, sin embargo
149 se escribieron continuamente hasta el año 1603 en adelante, estos fueron los datos que utilizó
150 el estadístico Graunt, él analizó las diversas causas de muerte estableciendo un método para
151 estimar los registros comparativos de morir por diversas causas, dando así el primer enfoque
152 a la teoría de riesgos comparativos.

153

154 El primer trabajo que se describe como un modelo epidemiológico es el de Daniel Bernoulli
155 (Groninga, 29 de enero 1700-Basilea, 17 de marzo 1782) sobre inoculación de la viruela [8].
156 En el siglo XVII la viruela era una enfermedad endémica, la inoculación con una sepa suave,
157 se introdujo como una forma de producir inmunidad de por vida contra esta enfermedad
158 con un pequeño riesgo de infección y muerte, sin embargo sobre esta práctica, Bernoulli fue

The Diseases and Casualties this Week,

Diseases and Casualties		Count
Bothers		6
Aged		50
Ague		1
Apoplexie		3
Cholera		42
Cholera		11
Cholera		11
Cold		1
Consumption		99
Convulsion		63
Cough		1
Drople		22
Drownd at St. Martin in the Fields		1
Feaver		268
Fistula		3
Flox and Small-pox		4
Flax		1
Found dead in the Fields at St. Mary Illigence		1
Frighted		1
Goyle		1
Grief		1
Grising in the Gun		33
Jaundies		2
Impositione		8
Infants		2
Kingfevd		2
Misgroone		2
Plague		553
Purples		2
Rickets		10
Rising of the Light		13
Rupture		1
Scurvy		5
Spotted Feaver		65
Stillborn		10
Stoore		3
Stopping of the Stomach		6
Suddenly		1
Sarfeir		36
Teeth		112
Thrush		3
Tifick		5
Voening		4
Winde		1
Woemes		12

Christned	Males — 63	Buried	Males — 3012	Plague — 553
	Females — 78		Females — 3248	
	In all — 146		In all — 6460	

Deceased in the Burial: this Week — 1837
Parishes clear of the Plague — 7 Parishes Infected — 123

*The Affize of Bread set forth by Order of the Lord Mayor and Court of Aldermen,
A penny Wheaten Loaf to contain Nine Ounces and a half, and three
half-penny White Loaves the like weight.*

Figura 1.1: Un proyecto de registro de mortalidad para la ciudad de Londres, Inglaterra. Se muestra la semana del 26 de septiembre al 3 de Octubre de 1665. Esta fotografía fue tomada por Claire Lees en el Guildhall de Londres, Inglaterra, con permiso del bibliotecario [5].

159 severamente cuestionado, obligándolo a estudiar si la práctica de inoculación realmente era
160 adecuada.

161

162 Su enfoque consistió en calcular el aumento en la esperanza de vida del individuo si a este
163 se le podía eliminar el riesgo de contraer viruela de por vida, este análisis en la esperanza
164 de vida llevó a Bernoulli a publicar sus resultados en 1761 [11], el cual recibió gran aceptación.

165

166 Con el fin de describir un modelo matemático para describir la propagación de una enferme-
167 dad infecciosa, se necesita primero realizar ciertas suposiciones sobre el modo de transmisión
168 de la enfermedad. En 1906, W.H. Hamer (Mettmann, 17 de mayo de 1935-Noruega, 2 de
169 julio de 2017) propuso que la propagación de la infección debía depender del número de
170 individuos susceptibles y el número de individuos infecciosos [33], sugirió una ley de acción
171 de masas para la tasa de nuevos infectados, y esta idea ha sido la base en los modelos com-
172 partimentales desde entonces.

173

174 Sin embargo, cabe resaltar que las bases de todo el enfoque de la epidemiología basada en
175 modelos compartimentales fueron sentadas, no por matemáticos, sino por médicos de la sa-

176 lud pública como Sir. R.A. Ross, W.H. Hamer, A.G. McKendrick y W.O. Kermack entre
177 los años 1900-1935. El Dr. Ross fue galardonado con el Premio Nobel de Medicina en 1902
178 por su demostración de la dinámica de la transmisión de la malaria entre los mosquitos y
179 los humanos [8], [22]. En general, se creía que mientras los mosquitos estuvieran presentes
180 en una población, la malaria no podría eliminarse, sin embargo, Ross estableció un modelo
181 compartimental simple [22] que incluía mosquitos y humanos, este mostraba que la reduc-
182 ción de la población de mosquitos por debajo de un nivel crítico sería suficiente para detener
183 la propagación, esta fue la primera introducción del concepto del número de reproducción
184 básico, la cual ha sido una idea central en la epidemiología matemática desde ese momento.
185 Los modelos compartimentales básicos, los cuales describen la transmisión de enfermedades
186 infecciosas están descritos en la secuencia de artículos de Kermack y McKendrick [32], [31]
187 y [30].

188
189 En el modelo SIR se hace la suposición de que la cantidad de individuos que hay en los
190 compartimentos de susceptibles e infectados es suficientemente grande como para que la
191 mezcla entre ellos sea homogénea, sin embargo en la práctica esto difícilmente es cierto,
192 ya que usualmente se comienza con una cantidad pequeña de individuos infectados, por lo
193 que la transmisión de la enfermedad más bien es un evento estocástico ya que este depende
194 del tipo de contacto que se haya establecido entre los individuos, por lo que el modelo que
195 describa la enfermedad debe tomar en cuenta este patrón de comportamiento.

196 Una descripción estocástica del proceso de transmisión de la enfermedad comienza con el
197 supuesto de que existe una red de contactos de individuos, el cual puede describirse con
198 ayuda de un grafo donde los vértices representan a la población, mientras que las aristas
199 son los contactos entre individuos, estas redes se piensan bidireccional, por lo que existe la
200 posibilidad de transmitir la enfermedad en cualquier dirección. Vamos a definir el modelo
201 SIR como CMTD¹ [5] sea $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ las variables aleatorias discretas para el número
202 de susceptibles, infectados y recuperados respectivamente al tiempo t , este es un proceso de
203 dos variables, ya que hay dos variables independientes: $S(t)$ y $I(t)$, y la variable aleatoria
204 $R(t) = N - S(t) - I(t)$, donde N representa a la cantidad total de individuos en la población.
205 El proceso bivariado $\{(S(t), I(t))\}_{t=0}^{\infty}$ tiene una probabilidad conjunta dada por.

$$p_{(s,i)}(t) = Prob\{S(t) = s, I(t) = i\} \quad (1.1.1)$$

206 Este proceso bivariado cumple con la propiedad de Markov y es de tiempo homogéneo. La
207 probabilidades de transición pueden ser definidas con las suposiciones del modelo SIR. Pri-
208 mero asumimos que Δt puede ser escogido lo suficientemente pequeño tal que haya a lo más
209 un cambio de estado de un nacimiento, una defunción o una recuperación. Las probabilidades
210 de transición están denotadas por:

$$p_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = Prob\{(\Delta S, \Delta I) = (k, j) | (S(t), I(t)) = (s, i)\} \quad (1.1.2)$$

¹Cadenas de Markov en tiempo discreto

211 Donde $\Delta S = S(t + \Delta t) - S(t)$, entonces:

$$p_{(s+k,i+j),(s,i)}(\Delta t) = \begin{cases} \frac{\beta s}{N} \Delta t & (k, j) = (-1, 1) \\ \gamma i \Delta t & (k, j) = (0, -1) \\ b i \Delta t & (k, j) = (1, -1) \\ b(N - s - i) \Delta t & (k, j) = (1, 0) \\ 1 - \frac{\beta s}{N} \Delta t - [\gamma i + b(N - s)] \Delta t & (k, j) = (0, 0) \\ 0 & \text{cualquier otro modo} \end{cases} \quad (1.1.3)$$

212 Los tamaños de pasos Δt deben ser tomados lo suficientemente pequeños para que las proba-
 213 bilidades de transición se encuentren en el intervalo $[0, 1]$. Aplicando la propiedad de Markov,
 214 tenemos que:

$$\begin{aligned} p_{(s,i)}(t + \Delta t) &= p_{(s+1,i-1)}(t) \frac{\beta}{N} (i-1)(s+1) \Delta t + p_{(s,i+1)}(t) \gamma (i+1) \Delta t \\ &\quad + p_{(s-1,i+1)}(t) b (i+1) \Delta t + p_{(s-1,i)}(t) b (N - s + 1 - i) \Delta t + \\ &\quad p_{(s,i)}(t) \left(1 - \left[\frac{\beta}{N} i s + \gamma i + b(N - s) \right] \Delta t \right) \end{aligned} \quad (1.1.4)$$

215 1.2. COVID-19

216 1.2.1. Origen de la enfermedad

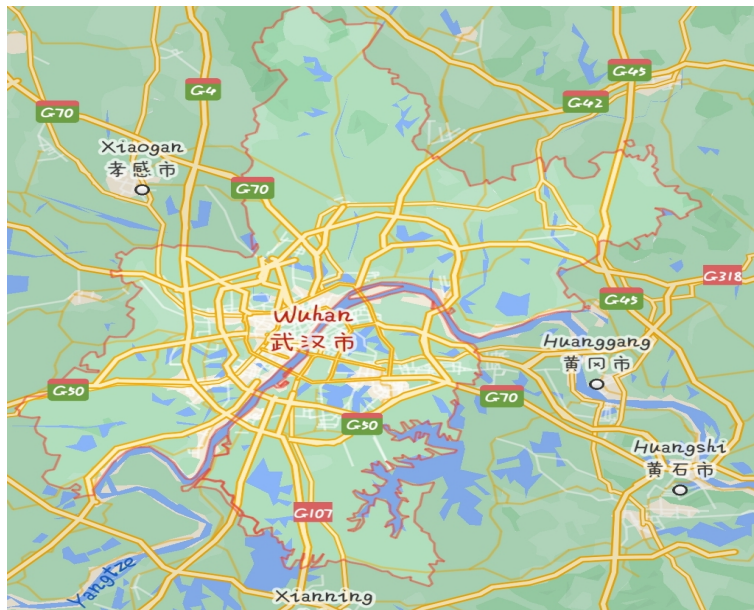


Figura 1.2: Wuhan, China. *Google Maps*. 2021

217

218 En diciembre de 2019, se identificaron en Wuhan (China) una serie de casos de neumonía
219 originados por un nuevo coronavirus. Este nuevo coronavirus tiene distintas denominaciones:
220 2019-nCoV según la OMS, y SARS-CoV-2 según el Comité Internacional de Taxonomía de
221 Virus. [17]

222
223 Para el 31 de diciembre, la Comisión Mundial de la Salud de Wuhan notificó una cantidad
224 de casos considerable de neumonía en la ciudad y el día 13 de enero del 2020 se identifica en
225 Tailandia el primer registro fuera de China sin embargo para estas fechas aún se desconocía
226 tanto el origen de la enfermedad como el modo de transmisión de la misma, el 22 de enero se
227 demuestra la transmisión entre seres humanos en Wuhan teniendo 7,818 casos confirmados
228 en todo el mundo para el 30 de enero, la mayoría de ellos en China y 82 casos en otros 18
229 países, y para el día 11 de marzo la OMS tras superarse los 100,000 casos de infección en
230 más de 100 territorios, se declara la enfermedad como pandemia [41].

231
232 Una incógnita que continúa siendo investigada es el reconocimiento del origen zoonótico de
233 dicho virus, pero debido a su estrecha similitud con los coronavirus de murciélago, es proba-
234 ble que estos sean el reservorio primario del virus, pues con la reaparición de esta nueva clase
235 de coronavirus se realizaron diversos estudios y se descubrió que el 2019-nCoV es un 96 %
236 idéntico a nivel del genoma a un coronavirus de murciélago [36]; el mismo estudio reveló que
237 dicho virus pertenece a la especie de SARS-CoV.

238
239 Los informes documentaron que muchos de los primeros pacientes identificados tenían co-
240 mo factor común, el haber tenido el contacto con un mercado de mariscos y animales, sin
241 embargo, otros no establecieron contacto con dicho lugar en ningún momento, lo que dio
242 evidencia de la infección de persona a persona después de identificar grupos de casos entre
243 familias, así como la transmisión de pacientes a trabajadores de la salud. A su vez, un estudio
244 publicado recientemente estimó que un 95 % de los casos de infecciones por 2019-nCoV en
245 Wuhan presentaron síntomas antes del 12 de enero de 2020, dato que asociado a su período
246 de incubación sugiere una alta posibilidad de riesgos de propagación de la enfermedad, ya
247 que los síntomas en un infectado se presentan días después de tener la infección, en donde
248 ya se puede transmitir a otros individuos susceptibles [17].

249 **Transmisión**

250 Usualmente los coronavirus se replican primordialmente en las células epiteliales del tracto
251 respiratorio inferior y en menor medida en las células de las vías respiratorias superiores; es
252 por eso que la transmisión ocurre principalmente de pacientes con enfermedad reconocida
253 y no de pacientes con signos leves e inespecíficos, es decir, que se cree que la propagación
254 ocurre sólo después de que se presentan signos de enfermedad del tracto respiratorio inferior
255 [6]. Sin embargo, los pacientes con infección por 2019-nCoV detectados en estado severo o
256 fatal tienen una mayor probabilidad de transmitir este virus, ya que eliminan una mayor
257 cantidad de partículas infectivas en comparación con los pacientes que presentan la infección
258 de forma leve o asintomática.

259
260 De acuerdo con los datos disponibles, el virus COVID-19 se transmite principalmente entre
261 personas a través del contacto y de gotículas respiratorias. En un análisis realizado en China

262 en Febrero del 2020, el cual incluyó a 75,465 casos de la enfermedad no se notificó transmi-
263 sión área [42].

264

265 El virus del COVID-19 se puede contagiar por contacto directo con una persona infectada
266 y de forma indirecta, por contacto con superficies que se encuentren en su entorno inme-
267 diato o con objetos que haya utilizado (por ejemplo, un estetoscopio o un termómetro). La
268 transmisión por gotículas es distinta de la transmisión aérea, pues esta última tiene lugar
269 a través de núcleos goticulares que contienen microbios. Los núcleos goticulares, que tienen
270 un diámetro inferior a $5 \mu m$, pueden permanecer en el aire durante periodos prolongados y
271 llegar a personas que se encuentren a más de un metro de distancia. La transmisión aérea
272 del virus de la COVID-19 podría ser posible en circunstancias y lugares específicos en que
273 se efectúan procedimientos o se administran tratamientos que pueden generar aerosoles. Se
274 han presentado algunas pruebas de que el virus de la COVID-19 puede producir infección
275 intestinal y estar presente en las heces. Sin embargo, sólo un estudio ha cultivado este virus
276 a partir de una sola muestra de heces y, hasta la fecha, no se ha notificado transmisión
277 fecal-oral.

278 Susceptibles a la enfermedad

279 El nuevo coronavirus puede infectar a personas de todas las edades, aunque las personas
280 mayores y aquellas con afecciones médicas preexistentes (como asma, diabetes y enfermeda-
281 des cardíacas) parecen ser más vulnerables al virus, reportándose así una tasa de mortalidad
282 mayor a 8% en personas mayores a 70 años. Según informes, la mayoría de los pacientes
283 fallecidos tenían una edad promedio de 56 años, y en gran parte padecían otras enfermeda-
284 des (cardíacas, accidente cerebrovascular, diabetes, etc.) que pudieron haberlos hecho más
285 vulnerables al virus.

286

287 El Centro Chino para el Control y la Prevención de Enfermedades dijo que aproximada-
288 mente había 2 hombres infectados por cada mujer, los informes clínicos sugirieron que la
289 enfermedad infectaba por igual a los individuos independientemente del sexo, sin embargo
290 estudios posteriores sugirieron que existen diferencias de sexo tanto en mortalidad como en
291 la susceptibilidad, se especula que la poca susceptibilidad de las mujeres a las infecciones
292 virales puede deberse a la protección del cromosoma X «extra» con el que cuentan en com-
293 paración con los hombres [12]. Por su parte, los niños comprenden una población peculiar
294 que posee un sistema inmune distinto al de los adultos, por lo que la transmisión del virus a
295 través de sus madres con infección sospechada o confirmada ocurre fácilmente. Sin embargo,
296 se ha observado una severidad menor y una mortalidad extremadamente baja [17, 19].

297 Cuadro clínico

298 Un estudio detallado de los primeros 99 pacientes atendidos en el Hospital Wuhan Jinyintan,
299 que se llevó a cabo del 1 al 20 de enero de 2020, arrojó que de los 99 pacientes con neumonía
300 [17] 2019-nCoV, el 49% tenían antecedentes de exposición al mercado de mariscos de Huanan
301 y el 51% tenían enfermedades crónicas. La edad promedio de estos pacientes fue de 55.5
302 años, incluidos 67 hombres y 32 mujeres, y el período de incubación del virus se estimó fue
303 de 7 a 14 días. Los pacientes estudiados tenían manifestaciones clínicas de fiebre (83%),

304 tos (82 %), dificultad para respirar (31 %), dolor muscular (11 %), confusión (9 %), dolor
305 de cabeza (8 %), dolor de garganta (5 %), rinorrea (pasajes nasales inflamados debido al
306 fluido en ellos), (4 %), dolor en el pecho (2 %), diarrea (2 %), náuseas y vómitos (1 %).
307 Según el examen por imágenes, el 75 % de estos pacientes presentaron neumonía bilateral, el
308 14 % mostró moteado múltiple y opacidad en vidrio esmerilado y el 1 % tenía neumotórax.
309 Igualmente, el 17 % desarrolló síndrome de dificultad respiratoria aguda, y de ellos el 11 %
310 empeoraron en un corto período de tiempo y murieron por insuficiencia orgánica múltiple.
311 A su vez, los leucocitos estaban por debajo del rango normal en el 9 % de los pacientes y por
312 encima del rango normal en el 24 %, y el 38 % de ellos tenían neutrófilos por encima del rango
313 normal. Por su parte, los linfocitos y la hemoglobina estuvieron por debajo del rango normal
314 en muchos pacientes, y las plaquetas estaban por debajo del rango normal en el 12 % de
315 ellos y por encima del rango normal en el 4 %; 43 de estos pacientes tenían diferentes grados
316 de anormalidad de la función hepática, con alanina aminotransferasa (ALT) o aspartato
317 aminotransferasa (AST) por encima del rango normal; y un paciente tenía daño grave de la
318 función hepática.

319 Diagnóstico y tratamiento

320 En diferentes centros médicos se comenzaron a observar que los pacientes de COVID-19 se
321 agravaban rápidamente, muchos de ellos adultos jóvenes o jóvenes aparentemente sanos, que
322 hicieron un desenlace fatal, se consideró que podrían haber tenido una respuesta inmune
323 exagerada responsable de estos desenlaces. En ellos se encontró:

- 324 ■ Proliferación incontrolada de células T.
- 325 ■ Activación excesiva de los macrófagos.
- 326 ■ Hipersecreción de citoquinas proinflamatorias interleuquinas como IL- β , IL-6, inter-
327 ferón y el factor tumoral (TNF).

328 Todas estas alteraciones fueron encontradas en muchos pacientes con formas graves de la en-
329 fermedad, por lo que su hallazgo temprano es fundamental para disminuir la mortalidad. El
330 mejor indicador de la presencia de esta respuesta inmune exagerada es la hiperferritinemia,
331 por lo que se recomienda la medicación en estos pacientes.

332
333 El diagnóstico de esta respuesta inmune trombótica asociada con el COVID-19 (RITAC) [2]
334 presenta uno o más de los siguientes criterios:

- 335 ■ Dímero D mayor de 1000 ng/ml.
- 336 ■ Ferritina mayor de 500 ng/ml.
- 337 ■ Disnea de rápida progresión.
- 338 ■ Hipoxemia refractaria.
- 339 ■ Fenómenos trombóticos.
- 340 ■ Shock.

341 Se recomienda que además de tratarlos con el tratamiento establecido de cada gobierno,
342 se les administre metotrexate y heparina de bajo peso molecular con la idea de detener la
343 respuesta inmunotrombótica asociada al virus.

344
345 Todos los pacientes hospitalizados con COVID-19 y presencia de al menos uno de los factores
346 de mayor riesgo de trombosis deben recibir Heparinas de bajo peso molecular HBPM a dosis
347 profiláctica ajustada al peso (o para pacientes de mayor riesgo trombótico) de forma precoz,
348 a menos que haya contraindicación. Este tratamiento se debe mantener hasta el alta del
349 paciente y en caso de alergia o trombocitopenia inducida por heparina, se debe emplear
350 fondaparinux a las dosis indicadas anteriormente. Posterior al alta, se mantendrá la HBPM
351 en la dosis habitual de profilaxis en los pacientes que tengan que permanecer encamados
352 o con restricción de la deambulación o con persistencia de los factores de mayor riesgo de
353 trombosis, por lo menos una semana o hasta que se consiga una adecuada movilidad del
354 paciente [23].

355 1.2.2. Impacto del COVID-19 en la salud mental, educación y en 356 la economía

357 Salud mental

358 Pronósticos inciertos que hablan sobre la severa escasez de recursos para pruebas, trata-
359 mientos, alimento, así como de socorristas y personal médico, imposición de desconocidas
360 medidas de salud pública que atentan contra las libertades personales, pérdidas económicas,
361 cierre de empresas proveedoras de empleo, cierre de planteles educativos, contradicciones
362 de las autoridades, estos puntos se encuentran entre los principales factores de estrés que
363 contribuyen a la angustia emocional generalizada y a un mayor riesgo para enfermedades
364 psiquiátricas asociadas al COVID-19 [1].

365
366 Una emergencia médica como la que estamos viviendo, puede afectar no sólo la salud, sino
367 también la seguridad y el bienestar tanto para cada una de las personas, causando insegur-
368 dad, confusión, aislamiento emocional y estigma, también afecta a la comunidad debido a
369 las posibles pérdidas económicas, el cierre de escuelas y trabajos, todos estos efectos pueden
370 traducirse como una variedad de reacciones emocionales que conllevan a comportamientos
371 poco saludables.

372
373 Las personas suelen sentirse ansiosas e inseguras cuando su entorno cambia, en el caso de los
374 brotes de enfermedades infecciosas, conforme la enfermedad avanza y los resultados no son
375 claros, los rumores comienzan a surgir dado origen al pánico. Por ejemplo, en Hong Kong,
376 alrededor del 70 % de las personas expresaron ansiedad por contraer el SARS. La ansiedad y
377 el miedo relacionados con la infección pueden dar lugar a actos de discriminación como se está
378 viviendo en esta pandemia donde la gente de Wuhan fue atacada y culpada por el brote de
379 COVID-19, desde entonces, los chinos han sido estigmatizados internacionalmente [10], por
380 ejemplo, llamar al COVID-19 el *virus de China* o *virus de Wuhan* dan pie a la discriminación
381 de la cual se habla. El miedo es una respuesta común en los brotes de enfermedades infecciosas
382 debido a la amenaza de infectarse, una respuesta del miedo puede ser la hipervigilancia la
383 cual puede resultar en un trastorno de estrés postraumático y/o depresión, estas respuestas

384 al miedo aumentan los sentimientos de alarma y con el fin de aminorar este sentimiento,
385 las personas realizan acciones que pueden perjudicar a los demás individuos, por ejemplo,
386 en la pandemia actual así como en los desastres naturales se ve a los individuos comprando
387 alimentos de manera excesiva lo que da como resultado la escasez de alimentos para toda la
388 población, este tipo de comportamiento se dice que ocurre por dos razones:

389 1. La amenaza de la enfermedad se percibe real.

390 2. Un medio para recuperar el control.

391 Lo que puede empeorar este miedo a tal punto de causar un pánico masivo es cuando se
392 establece una cuarentena, como es el caso de lo que se vivió a principio de la pandemia, lo
393 cual lleva a las personas a experimentar aislamiento social y una incapacidad para tolerar la
394 angustia, la cual aumenta la ansiedad, el miedo a quedar atrapado y la pérdida de control.

395

396 Debido a la rápida propagación de la enfermedad por el contacto entre un individuo infectado
397 y alguien que no lo está, se recomienda que cuando un individuo se encuentre enfermo, este se
398 aisle de los demás por lo menos 14 días, el miedo y el aislamiento de quienes están enfermos
399 pueden colapsar a los individuos provocando secuelas severas, las cuales pueden llegar hasta
400 al suicidio. La falta de vínculos interpersonales está relacionada con una mala salud física,
401 emocional y mental, por lo que establecer llamadas telefónicas o videoconferencias regulares
402 con familiares, amigos y colegas puede salvar las brechas provocadas por el distanciamiento
403 social. Como seres sociales, nos necesitamos unos a otros.

404 **Educación**

405 La expansión acelerada de la pandemia ha resultado en estrictas medidas, las cuales han
406 llevado a cerrar las escuelas de cualquier nivel. Según estudios, los estudiantes mentalmente
407 afectados durante la pandemia pueden presentar síntomas de depresión, ansiedad y estrés
408 [28]. Las investigaciones apuntan que al menos el 24.9% de los estudiantes universitarios
409 sufren depresión, algunos de los factores que denota esto es debido a la impresión de que
410 se verá comprometido su futuro debido a la posible escasez de empleo. Otro factor para
411 la afección de la salud mental del estudiante independientemente del género, es el posible
412 ingreso de algún pariente cercano como paciente COVID-19.

413

414 La etapa escolar es un período entretenido en donde se tiene la oportunidad perfecta para
415 mejorar las habilidades sociales, así como la conciencia social. Debido a la pandemia se ha
416 optado por establecer el modo de educación a distancia, aunque teóricamente esta modalidad
417 es excelente, en la práctica no lo es tanto, ya que se enfrenta a diferentes problemas como el
418 hecho de que no todos los estudiantes y profesores cuentan con las herramientas tecnológicas
419 para proceder a esta modalidad, también tenemos la complejidad del uso de tecnologías y la
420 falta de guías. Otro problema al que nos enfrentamos, es la violencia intrafamiliar, la cual
421 puede empeorar con el aislamiento, ya que las víctimas se encuentran encerradas con su
422 agresor.

423 Economía

424 Debido a la desaceleración de producción en China, las empresas en todo el mundo tuvieron
425 problemas considerables, ya que este país representa más del 16 % del PIB mundial [20], no
426 sólo fue la desaceleración de producción, sino también el transporte de mercancía restringido
427 o en algunos casos, nulo transporte de mercancía ralentizó la economía del mundo. Más
428 importante aún, cierto pánico entre los consumidores y las empresas ha distorsionado los
429 patrones de consumo habituales y ha creado anomalías en el mercado [29].

430 Las perturbaciones temporales en la producción de bienes y componentes podrían poner en
431 tensión a algunas empresas, en particular a las que no tienen una liquidez suficiente, un
432 posible acontecimiento derivado de ello sería una importante perturbación de los mercados
433 de valores, a medida que aumente la preocupación por el riesgo.

434 1.2.3. El COVID-19 en México

435 Según datos proporcionados por el gobierno de México, el primer paciente registrado en
436 México fue el 28 de febrero de 2020 [24], fue un mexicano el cual había viajado a Italia y
437 este tenía síntomas leves. Poco tiempo después se comenzaron a detectar otros casos por
438 diferentes lugares del país, ocurriendo el primer fallecimiento por esta enfermedad el 18 de
439 marzo del 2020 [25]. Para esta fecha ya se superaban los 100 infectados en el país por lo
440 que para el 24 de marzo del 2020 el gobierno federal decretó el comienzo de la fase 2 de la
441 pandemia, en donde se implementaron las siguientes medidas:

- 442 ■ Distanciamiento social, las personas deben permanecer por lo menos 1.5 metros alejadas
443 de los demás.
- 444 ■ Suspensión temporal de actividades no esenciales y escolares.
- 445 ■ Filtros sanitarios en las entradas de inmuebles.
- 446 ■ Suspensión de eventos masivos en espacios cerrados y abiertos.

447 Y tan solo 6 días después, se decretó *emergencia sanitaria*, habiendo para entonces más
448 de mil infectados y 28 fallecidos. Para el 1 de mayo de 2020, nuestro el país se encontraba
449 en el lugar número 23 con mayor cantidad de infectados de COVID-19. El día 8 de mayo
450 el reconocido periódico *New York Times* publicó un artículo argumentando que las cifras
451 oficiales de México se encontraban muy por debajo de la realidad, tan solo dos meses después,
452 México sube 12 lugares colocándose en el lugar número 10 de mayor cantidad de infectados
453 en el mundo.

454 **Análisis estadístico de las comorbilidades de los infectados a Nivel Nacional en** 455 **México.**

456 Este trabajo se enfocó inicialmente a un primer análisis de los datos sobre los individuos que
457 se realizaron la prueba de COVID-19 en un centro oficial, esta base de datos es proporcionada
458 por el gobierno de México [37] (última actualización: 11 de noviembre de 2020), en ella se
459 encuentra el estado clínico de 957,532 pacientes a los cuales se les realizó la prueba del
460 COVID-19, alguna información que se encuentran en esta base de datos es:

- 461 ■ Resultado de la prueba, si esta fue positiva o negativa.
- 462 ■ Edad.
- 463 ■ Sexo.
- 464 ■ Lugar de origen.
- 465 ■ De haber fallecido, se encuentra la fecha de defunción.
- 466 ■ Enfermedades crónicas como:
 - 467 ● Diabetes.
 - 468 ● Hipertensión.
 - 469 ● Insuficiencia renal.

470 Cabe resaltar que estos datos sólo son de instituciones certificadas por el gobierno de México.
 471 Del análisis obtuvimos que:

- 472 ■ El 48.7% de los infectados son mujeres.
- 473 ■ El 51.2% de los infectados son hombres.

474 Se encontró que la edad en que más personas se infectaban, se encontraba entre los 25 y 50
 475 años (Figura 1.3). Y este rango de edades se mantiene cuando separamos a los infectados
 476 entre hombres y mujeres, es decir, en ambos casos, en los infectados que son hombres y los
 477 infectados que son mujeres se tiene que la mayor cantidad de infectados se encuentra entra
 478 entre los 25-50 años (Figura 1.4).

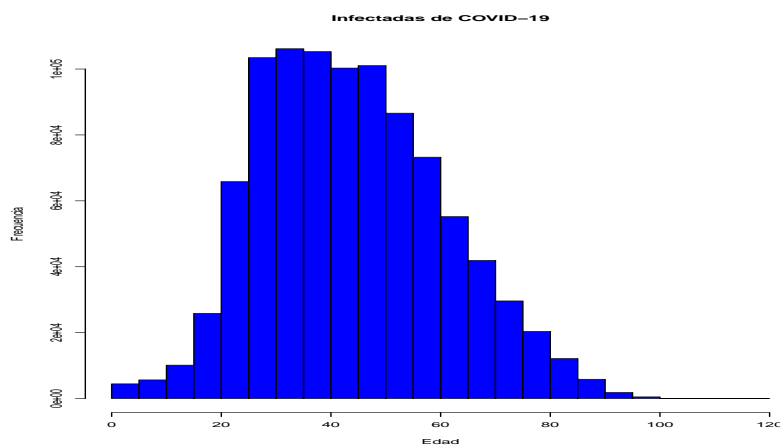


Figura 1.3: Histograma de frecuencia de las edades de personas infectadas de COVID-19

479 En el caso de las defunciones, las personas que se encuentran en el rango de edad en el que
 480 se concentran más es entre los 55 y 70 años (Figura 1.5), mientras que cuando separamos
 481 por sexo en el caso de las mujeres, la edad se encuentra entre los 60 y 70 años, mientras que

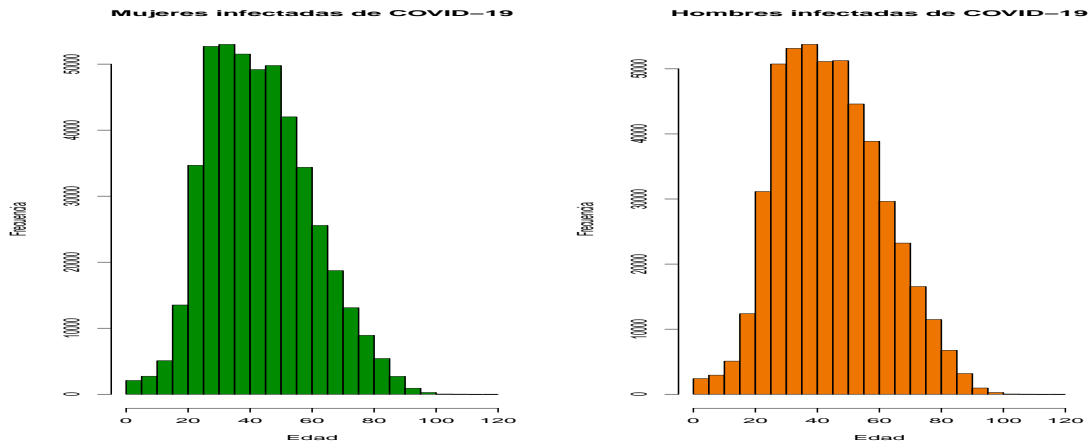


Figura 1.4: Histograma de frecuencia de las edades de personas infectadas que son mujeres y hombres respectivamente.

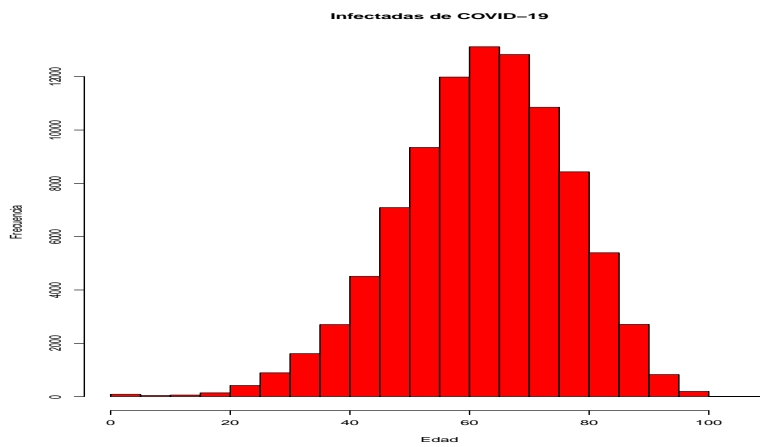


Figura 1.5: Histograma de edades de las defunciones a nivel nacional en México por COVID-19.

482 en los hombres entre los 55 y 70 años (Figura 1.6).

483

484 Se observa que las distribuciones de las edades de los infectados que fallecieron, se encuentran
 485 sesgadas a la izquierda, sin embargo, se piensa que este sesgo puede ser debido a que una de
 486 las enfermedades crónicas de las personas pueda influir considerablemente con el hecho de
 487 fallecer.

488

489 A las distribuciones que obtuvimos, les aplicamos una prueba de normalidad con el fin de
 490 poder obtener ciertas probabilidades de interés como:

491 ■Cuál es la probabilidad de que al elegir una persona al azar y que esta esté infectada

492 • ¿Cuál es la probabilidad de que sea hombre?

493 • ¿Cuál es la probabilidad de que sea mujer?

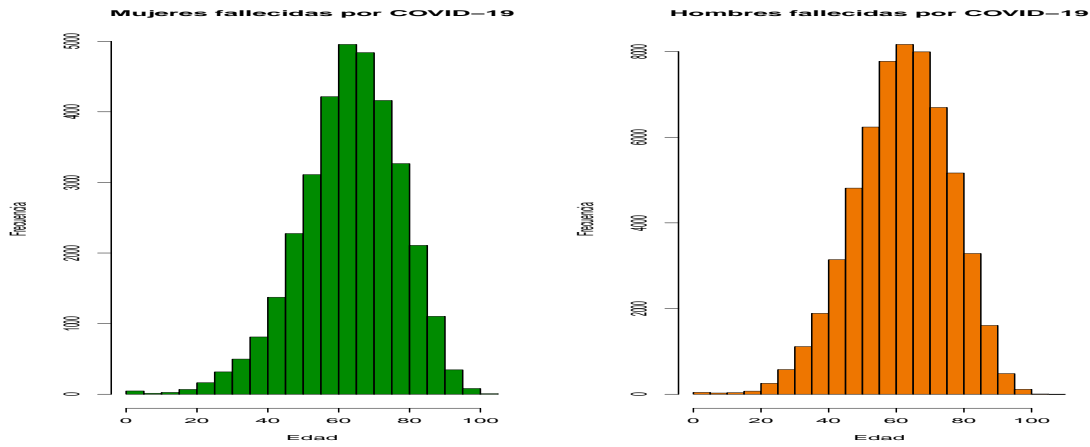


Figura 1.6: Histograma de frecuencia de las edades de personas infectadas que fallecieron las cuales son mujeres y hombres, respectivamente.

- 494 ■ ¿Cuál es la probabilidad de que al elegir una persona al azar y que esta esté infectada?
- 495 ¿Cuál es la probabilidad de que padezca una enfermedad crónica?

496 De las pruebas que le aplicamos, tenemos que los infectados mujeres e infectados hombres
 497 sí provienen de una distribución normal, mientras que las distribuciones de infectados que
 498 fallecieron, tanto en general como en hombres y mujeres, no provienen de una distribución
 499 normal.

500
 501 Lo primero que suponemos, es que esto se debe al sesgo debido a alguna o algunas enferme-
 502 dades asociadas, por ello, se buscó obtener los valores de riesgo atribuible por cada una de
 503 las enfermedades, así como de varias de ellas en conjunto.

504
 505 El mayor riesgo atribuible a fallecer que obtuvimos es de 0.44, cuando la persona tiene dia-
 506 betes, hipertensión, insuficiencia renal y obesidad.

Modelo SIR

2.1. Introducción

Los modelos epidemiológicos describen el proceso de transmisión de una enfermedad infecciosa en una población. En la literatura [14], una enfermedad se considera que es infecciosa si el agente causante (virus, bacteria u otros patógenos) puede pasar de un huésped a otro mediante diferentes modos de transmisión como el contacto físico, agua, comida o de una madre a un recién nacido.

El objetivo de los modelos matemáticos es describir el proceso de transmisión de una determinada enfermedad infecciosa, por lo que primero debemos establecer a que se le conoce como una enfermedad infecciosa. El proceso de transmisión de una enfermedad de este tipo se ilustra en la Figura 2.1

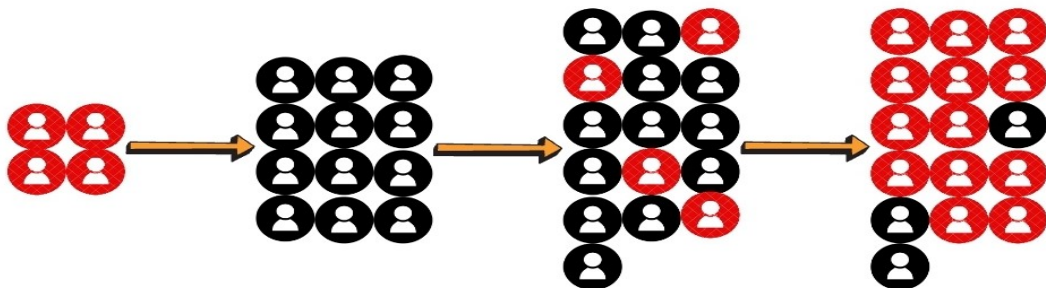


Figura 2.1: En el proceso general de la transmisión de una enfermedad se tiene un grupo de individuos susceptibles (los negros) al cual ingresan un grupo de individuos infectados (los rojos), de tal manera que la enfermedad se transmite a lo largo de la población bajo los criterios de transmisión que tenga dicha enfermedad.

520 A un grupo de individuos susceptibles ingresa un grupo de individuos infectados y la pobla-
521 ción susceptible se va infectando bajo ciertos criterios de transmisión de la enfermedad, esta
522 transmisión puede ocurrir a través de diferentes modos, según el medio de transmisión, las
523 enfermedades infecciosas se clasifican de la siguiente manera [13]:

- 524 ■ **Directo** o transmisión de persona a persona, son enfermedades que requieren contacto
525 directo con el individuo infectado para infectarse. El contacto directo incluye tocar o
526 tener contacto sexual. Las enfermedades que se transmiten a través del contacto sexual,
527 se denominan enfermedades de transmisión sexual, las enfermedades de transmisión
528 sexual; VIH, gonorrea sífilis, etc.
- 529 ■ **Indirecto** la transmisión ocurre cuando se realiza un intercambio de un objeto infec-
530 tado por sangre u otros fluidos corporales.
- 531 ■ **Transmisión por aire**, esta ocurre por inhalación de aire infectado, es decir, aire que
532 contiene gotículas que transportan el agente infeccioso, ejemplos de estas enfermedades
533 son: Influenza, viruela, sarampión, varicela, tuberculosis, entre otras.
- 534 ■ **Por alimento o agua contaminados**, estas enfermedades se transmiten a través de
535 la ingestión de comida o agua. El cólera es una enfermedad transmitida por el agua,
536 las enfermedades transmitidas por alimentos incluyen salmonella y gripe estomacal.
- 537 ■ **Vectores**, las enfermedades transmitidas por vectores son transmitidas con frecuencia
538 por un artrópodo, mosquito, garrapata o un molusco como un caracol, algunos ejemplos
539 de enfermedades que se transmiten por este medio son la malaria, el dengue y el virus
540 del Nilo Occidental.
- 541 ■ **Transmisión vertical**, esta ocurre cuando una enfermedad se trasmite a través de la
542 placenta de una madre a un hijo al nacer, por ejemplo, las enfermedades como el VIH,
543 hepatitis B, sífilis y rubéola.

544 Dependiendo de como la enfermedad se esparce sobre la población susceptible, esta pasa por
545 diferentes etapas:

- 546 ■ Si el número de casos aumenta por encima del promedio habitual dentro de un corto
547 periodo de tiempo, se dice que está ocurriendo un **brote de enfermedad**, por ejemplo,
548 cuando se produce una intoxicación alimentaria debido al consumo de cierto alimento
549 en mal estado o la ingesta de agua contaminada que provoque que aparezcan casos
550 durante dos o tres días, así hasta que se elimina la fuente de origen. También es el caso
551 del sarampión o la meningitis.
- 552 ■ Cuando en cambio la enfermedad se propaga rápidamente a muchas personas se conoce
553 como **epidemia**.
- 554 ■ Si hay nuevos susceptibles en la población, ya sea por el nacimiento o migración, la
555 epidemia puede persistir y la infección puede permanecer en la población durante un
556 largo período de tiempo. En este caso, se dice que la enfermedad es **endémica**, un
557 ejemplo de ello es la gripe o la varicela.

558 ■ Si la enfermedad se propaga a escala mundial, es decir, a varios o todos los países y
559 continentes, se produce una **pandemia**.

560 Si en la población surge una epidemia inminente, las autoridades de salud pública buscarán
561 respuestas a ciertas preguntas, como:

562 ■ ¿Qué tan severa será la epidemia? La severidad de ella se puede medir de dos formas:

563 • El número total de infectados que requerirán cuidado médico.

564 • El número máximo de infectados en un momento dado.

565 ■ ¿Qué tanto tiempo durará?

566 ■ ¿Cuándo se dará el número máximo de individuos infectados?

567 ■ ¿Qué tan efectiva será una vacuna o una cuarentena?

568 ■ ¿Cuáles son las medidas efectivas para contener, controlar y erradicar la enfermedad?

569 El modelado matemático ha demostrado ser una herramienta muy importante para ayudar
570 a las autoridades a tomar decisiones informadas, dicha herramienta está constituida por seis
571 etapas:

572 1. Hacer suposiciones sobre el proceso de transmisión de la enfermedad.

573 2. Configurar modelos matemáticos existentes para el proceso de transmisión de acuerdo
574 a las suposiciones realizadas.

575 3. Realizar análisis matemático sobre el modelo para comprender todos los posibles re-
576 sultados.

577 4. Interpretar los hallazgos matemáticos obtenidos con el modelo usado.

578 5. Recopilar datos de enfermedades disponibles para validar el modelo propuesto.

579 6. Mejorar el modelo.

580 Para la modelación matemática de enfermedades infecciosas existen tres enfoques principales,
581 los cuales mencionaremos brevemente a continuación

582 1. **Modelos estadísticos:**

583 Estos modelos están orientados a los datos, los cuales son construidos para manejar
584 un conjunto específico de datos, las ventajas de estos modelos es que son ampliamente
585 utilizados para la investigación de epidemias y salud pública, por lo que hay gran
586 cantidad de información sobre ellos, sin embargo, una desventaja es que se necesita
587 una gran cantidad de datos.

588 **2. Modelos estocásticos:**

589 Este tipo de modelo trata a la enfermedad como un proceso estocástico. Los modelos
590 describen interacciones dinámicas de sus distribuciones de probabilidad. Una gran ven-
591 taja de estos modelos es que se puede tratar con pequeños grupos de población como
592 la descripción de la transmisión de una enfermedad en un hospital, en una pequeña
593 comunidad o en donde se encuentran algunos individuos altamente infecciosos con una
594 gran cantidad de contactos infecciosos, sin embargo, una desventaja de estos modelos
595 es que el análisis matemático se vuelve difícil debido a la falta de maquinaria matemática,
596 ya que el modelo depende en gran medida de las observaciones de un número de
597 simulaciones numéricas.

598 **3. Modelos deterministas:**

599 Estos modelos típicamente utilizan ecuaciones diferenciales de varias formas. La cla-
600 ve de estos modelos se encuentra en que el tamaño de la población de infectados y
601 susceptibles es una función continua con el tiempo. El modelo describe la interacción
602 dinámica entre las tasas de cambio y el tamaño de la población, una ventaja de estos
603 modelos es que su teoría matemática se encuentra más desarrollada comparada con los
604 otros dos enfoques y además la cantidad de datos de los que depende es mucho menor
605 a la cantidad de datos que son necesarios en el enfoque estadístico. Estos modelos han
606 sido ampliamente utilizado para realizar predicciones de una enfermedad.

607 En este trabajo nos enfocaremos en el modelo determinista, más específicamente en los
608 modelos SIR.

609 **2.2. Modelo SIR**

610 El modelo SIR se conoce como un modelo por compartimentos, ya que la población que
611 se va a estudiar, se divide en tres grupos, los cuales son mutuamente excluyentes, es decir,
612 un individuo puede pertenecer únicamente a un compartimento. Los grupos en los cuales se
613 divide el modelo son: Susceptibles (S), Infectados (I) y Recuperados (R), como se muestra
614 en la Figura 2.2.



Figura 2.2: Los compartimentos en los cuales se divide la población en los modelos SIR son susceptibles, infectados y recuperados, estos se representan con la letra S, I, R, respectivamente, en donde el modelo toma el nombre.

616 Los individuos susceptibles (S) son aquellos que son propensos a infectarse, los individuos
617 infectados (I) representan a aquellos que pueden esparcir la enfermedad, es decir, aquellos
618 que pueden infectar a los individuos susceptibles y los recuperados (R) son aquellos que
619 estuvieron infectados pero ya no pueden transmitir la enfermedad ni infectarse.

620

621 El objetivo del modelo es poder rastrear a los individuos en cada uno de los compartimen-
622 tos en cualquier tiempo t , para ello, una excelente herramienta visual es un diagrama de
623 transferencia, la cual se muestra en la Figura 2.3.

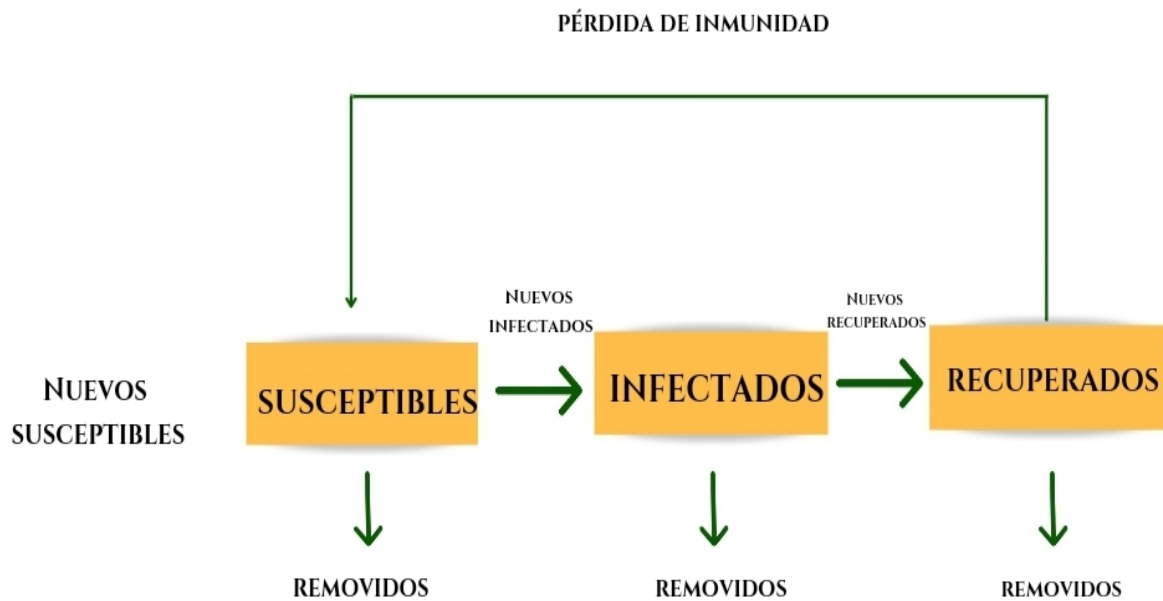


Figura 2.3: El diagrama de transferencia entre los compartimentos de individuos susceptibles, infectados, y recuperados. Las flechas indican movimiento entre cada uno de los compartimentos, las flechas que están hacia abajo indican a los individuos removidos, quiere decir que son aquellos que salen de la población de estudio, ya sea por fallecimiento o migración.

624

625 Para comenzar con la modelación, denotamos a $S(t)$ como la cantidad de individuos que se
626 encuentran en el compartimento S en el tiempo t , $I(t)$ representa la cantidad de individuos
627 que se encuentran infectados en el tiempo t y $R(t)$ es la cantidad de individuos recuperados
628 para el tiempo t , dado que se busca establecer como cambia la cantidad de individuos en
629 cada compartimento conforme pasa el tiempo, consideramos un pequeño intervalo del tiempo
630 $[t, t + \Delta t]$ así como el cambio neto, es decir, la cantidad de individuos que entran menos los
631 que salen del compartimento, aplicando este principio y tomando en cuenta el diagrama de
632 transferencia (Figura 2.3) tenemos que:

$$\begin{aligned}\Delta S(t) &= \text{Nuevos susceptibles} + \text{Transferidos de R} - \text{Nuevos infectados} - \text{Removidos de S} \\ \Delta I(t) &= \text{Nuevos infectados} - \text{Transferidos a R} - \text{Removidos de I} \\ \Delta R(t) &= \text{Transferidos de I} - \text{Transferidos a S} - \text{Removidos de R}\end{aligned}$$

633 Ahora dividimos a ambos lados de estas ecuaciones por Δt y hacemos que $\Delta t \rightarrow 0$, por
634 lo que del lado izquierdo de las ecuaciones que representa a los susceptibles, tendremos lo
635 siguiente:

$$\frac{\Delta S(t)}{\Delta t} = \frac{S(t + \Delta t) - S(t)}{\Delta t} \rightarrow S'(t) \quad \text{cuando} \quad \Delta t \rightarrow 0 \quad (2.2.1)$$

636 De la misma forma obtenemos $I'(t)$ y $R'(t)$, los términos del lado derecho se convertirá
637 automáticamente en tasas de incidencia, por lo que tenemos el siguiente sistema de ecuaciones
638 diferenciales (Figura 2.4):

$$\begin{aligned}S'(t) &= \text{Flujo de nuevos susceptibles} + \text{Tasa de transferencia de R} - \text{Tasa de incidencia} - \text{Tasa de eliminación de S} \\ I'(t) &= \text{Tasa de incidencia} - \text{Tasa de transferencia a R} - \text{Tasa de eliminación de I} \\ R'(t) &= \text{Tasa de transferencia de I} - \text{Tasa de transferencia a S} - \text{Tasa de eliminación de R}\end{aligned}$$

Figura 2.4: Sistema de ecuaciones diferenciales que modela el movimiento de individuos de la población que se estudia entre cada uno de los compartimentos, donde $S'(t)$ representa el cambio de la cantidad de individuos que se encuentra en el compartimento de susceptibles por unidad de tiempo, $I'(t)$ es el cambio de la cantidad de individuos infectados que se encuentran en el compartimento por unidad de tiempo y $R'(t)$ representa el cambio de la cantidad de individuos recuperados por unidad de tiempo.

639

640 Dependiendo de las hipótesis que se tomen de los comportamientos de la enfermedad, el
641 modelo SIR tiene diferentes representaciones, las cuales presentaremos con mayor detalle a
642 continuación.

643 2.2.1. Modelo Kermack Mckendrick

644 Este modelo también es conocido como modelo Kermack-McKendrick y fue propuesto en
645 1927 [32], las hipótesis del modelo son:

- 646 1. La transmisión ocurre de manera horizontal, es decir, solo ocurre por contacto directo
647 con una persona infectada.

- 648 2. El número de contactos entre infectados y los individuos de los demás compartimentos
649 depende únicamente del número de individuos que hay en cada uno de los comparti-
650 mentos, por ejemplo, la cantidad de nuevos infectados por unidad de tiempo está dada
651 por $\lambda I(t)S(t)$, donde λ es llamado el coeficiente de transmisión y $I(t)S(t)$ representa
652 la cantidad de encuentros posibles que hay entre infectados y susceptibles.
- 653 3. La tasa de transmisión entre cada compartimento es proporcional a la población total
654 de cada compartimento, es decir, la tasa de recuperación está dada por $\gamma I(t)$, donde
655 γ es el coeficiente de recuperación.
- 656 4. No hay un periodo de latencia de la enfermedad, es decir, una vez que un individuo no
657 infectado se encuentra en contacto con otro infectado, este automáticamente se vuelve
658 un individuo infectado.
- 659 5. No hay pérdida de inmunidad, es decir, una vez que un individuo infectado se recupera
660 este adquiere una inmunidad a la enfermedad.
- 661 6. No hay ingresos ni removidos en la población, es decir la población permanece cons-
662 tante.

663 Del diagrama de transferencia que observamos en la Figura 2.3, varias de las flechas que
664 representan movimiento entre los compartimentos son canceladas por lo que para este caso
665 nos queda el siguiente diagrama de tranferencia (Figura 2.5):
666

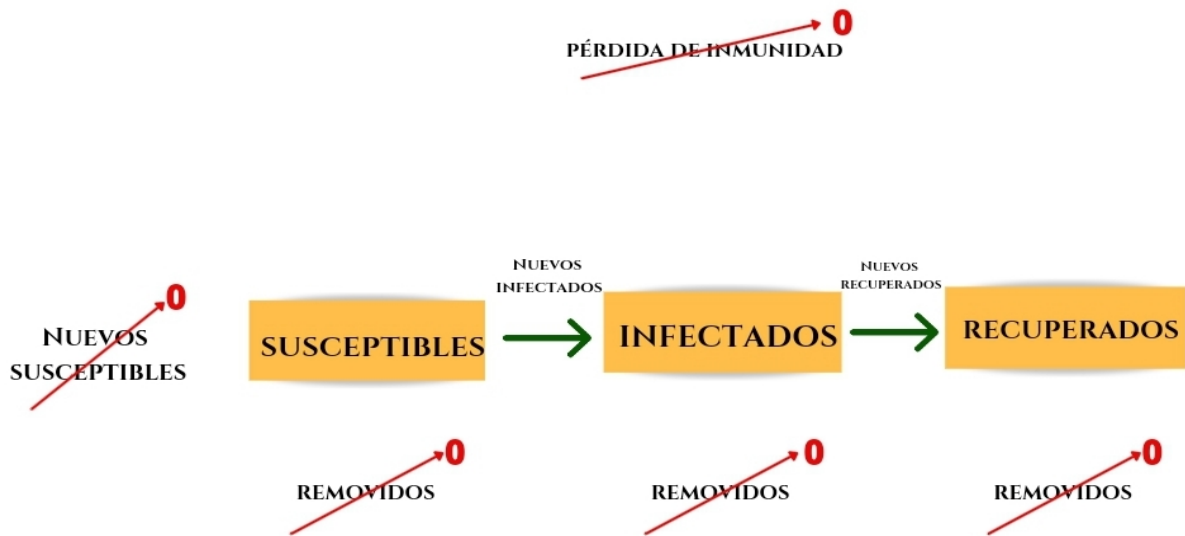


Figura 2.5: Diagrama de transferencia para el modelo SIR con tasas de nacimientos y muertes iguales.

667

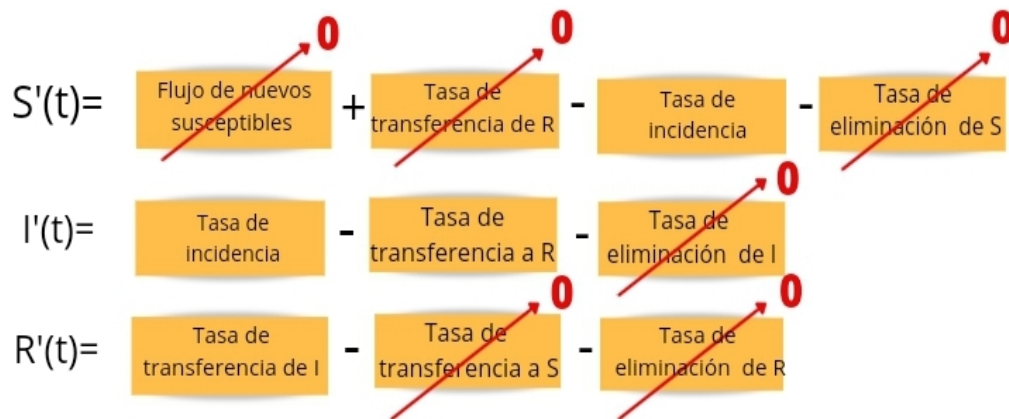


Figura 2.6: Sistema de ecuaciones que describe el movimiento de los individuos entre cada compartimento con las hipótesis dadas anteriormente para el modelo SIR con población constante.

668 Como se cancelaron algunas entradas y salidas para cada compartimento, entonces también
 669 se cancelan estas entradas y salidas en el sistema de ecuaciones (Figura 2.6).

670

671 Ya que λ representa el coeficiente de infección y γ el coeficiente de recuperación, entonces el
 672 sistema de ecuaciones diferenciales del modelo está dado por:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\beta S(t)I(t) \\ \frac{dI}{dt} &= \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I(t) \end{aligned} \tag{2.2.2}$$

673 Con las condiciones iniciales, $S(0) = N_1$, $I(0) = N_2$ y $R(0) = N_3$ de tal manera que la
 674 población total es $N = N_1 + N_2 + N_3$.

675 2.2.2. Propiedades del modelo

676 Propiedad 1

677 El sistema (2.2.2) está bien planteado, es decir, cuando tenemos condiciones iniciales $S(0) \geq$
 678 0 , $I(0) \geq 0$ y $R(0) \geq 0$ se tienen $S(t) \geq 0$, $I(t) \geq 0$, $R(t) \geq 0$ para cualquier $t \geq 0$

679 **Propiedad 2**

680 La población total de estudio permanece constante, es decir, para cualquier $t \geq 0$ se tiene
681 que $S(t) + I(t) + R(t) = N$. Esto debido a que:

$$N'(t) = 0 \quad (2.2.3)$$

682 **Propiedad 3**

683 De la ecuación del cambio de susceptibles del sistema (2.2.3), tenemos que:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta I(t)S(t) \leq 0 \quad (2.2.4)$$

684 dado que $\beta \in [0, 1]$, y por la Propiedad 1. Por lo tanto $S(t)$ es una función decreciente y
685 acotada por abajo por cero, por lo que $\lim_{t \rightarrow \infty} S(t)$ existe y es mayor o igual a cero. De la misma
686 forma ahora observamos el cambio de los recuperados con respecto al tiempo del sistema
687 (2.2.3):

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(t) \geq 0 \quad (2.2.5)$$

688 dado que $\gamma \in [0, 1]$ y por la Propiedad 1. Por lo que $R(t)$ es creciente y acotada por N ,
689 entonces $\lim_{t \rightarrow \infty} R(t)$ existe y es mayor o igual a cero. Ahora por la propiedad 2 tenemos que:

$$I(t) = N - S(t) - R(t) \quad (2.2.6)$$

690 entonces $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t)$ existe. Por lo tanto $\lim_{t \rightarrow \infty} (S(t), I(t), R(t))$ existe.

691 **Propiedad 4**

692 Supongamos que $S(0) > 0$, $I(0) > 0$ y $R(0) = 0$, entonces $S(t) > 0$, $I(t) > 0$, $R(t) \geq 0$ para
693 cualquier $t > 0$, esto por la propiedad 1. Al dividir el cambio de los susceptibles y el cambio
694 de los recuperados con respecto al tiempo del sistema (2.2.3), tenemos:

$$\frac{dS}{dR} = -\frac{\beta}{\gamma} S(t) \quad (2.2.7)$$

695 ecuación que se puede resolver utilizando el método de variables separables:

$$\begin{aligned} \int \frac{dS}{S} &= -\frac{\beta}{\gamma} \int dR \\ \ln(S(t)) &= -\frac{\beta}{\gamma} R(t) + S_0 \\ S(t) &= S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R} \end{aligned} \quad (2.2.8)$$

696 Ya que $R(t) \leq N$ por Propiedad 3, entonces:

$$S(t) \geq S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} N} > 0 \quad (2.2.9)$$

697 Por lo tanto observamos que $0 < \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) < S_0$

2.2.3. Modelo SIR que satisface la Ley de Acción de masa

Se tienen las mismas hipótesis que el modelo Kermack-Mckendrick con una variante y es que se satisface la ley de acción de masas [26], entonces para este modelo tenemos que:

1. La transmisión ocurre de manera horizontal.
2. Los encuentros entre los individuos infectados y susceptibles ocurre a una tasa proporcional a la cantidad de individuos que haya en la población.
3. La tasa de transmisión entre cada compartimento es proporcional a la población total de cada compartimento.
4. No hay un periodo de latencia de la enfermedad.
5. No hay pérdida de inmunidad.
6. La población permanece constante.

Por lo que nos quedaría el siguiente diagrama de transferencia Figura 2.7.



Figura 2.7: Diagrama de transferencia del modelo SIR el cual satisface la ley de acción de masas.

Por lo que el sistema de ecuaciones que describe este modelo es:

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta \frac{SI}{N} \\ I'(t) &= \beta \frac{SI}{N} - \gamma I \\ R'(t) &= \gamma I \end{aligned} \tag{2.2.10}$$

2.2.4. Solución analítica del modelo Kermack-McKendrick

Como se mencionó anteriormente, el modelo SIR [32] fue propuesto en el año de 1927, después de ello se dieron soluciones analíticas para diferentes valores específicos de β y γ así como soluciones numéricas y en el año 2014 Tiberiu Harko, Francisco S.N. Lobo, M.K. Mak [27], 87 años después que se conoció la solución analítica del modelo para cualesquiera valores de los parámetros de infección y recuperación.

Tenemos que el modelo SIR está dado por el sistema (2.2.3) con $S(0) = N_1$, $I(0) = N_2$ y $R(0) = N_3$ donde $N_i \geq 0$ para $i = 1, 2, 3$ y $\beta, \gamma > 0$. Se debe satisfacer además que:

$$N_1 + N_2 + N_3 = N \quad (2.2.11)$$

donde N es la población total, β es al tasa de contacto y γ la tasa de transmisión entre compartimentos.

- $S(t)$ representa los individuos que aún no se han infectado en el tiempo t .
- $I(t)$ representa los individuos que están infectados en el tiempo t y los cuales pueden transmitir la enfermedad a aquellos que se encuentran en la categoría de susceptibles.
- $R(t)$ representa los individuos que de estar infectados se recuperaron de la infección o bien fallecieron, en esta categoría los individuos no pueden infectar a otros.

Además:

- β es la tasa de contagio.
- γ tasa de recuperación.

Si tenemos que D es la duración de la enfermedad, entonces:

$$\gamma = \frac{1}{D}$$

ya que un individuo se recupera de la enfermedad en D unidades de tiempo, además como β y γ son probabilidades, entonces:

$$0 \leq \beta \leq 1 \quad , \quad 0 \leq \gamma \leq 1$$

Ahora dado que la población permanece constante, entonces:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (2.2.12)$$

De la primera ecuación del sistema (2.2.2), despejamos $I(t)$:

$$I(t) = -\frac{1}{\beta} \frac{S'(t)}{S(t)} \quad (2.2.13)$$

737 Obtenemos la derivada de (2.2.13)

$$\begin{aligned}
 I'(t) &= \frac{-\beta S(t)S''(t) + \beta[S'(t)]^2}{\beta^2 S^2(t)} \\
 &= -\frac{1}{\beta} \frac{S''(t)}{S(t)} + \frac{1}{\beta} \left[\frac{S'(t)}{S(t)} \right]^2 \\
 &= -\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right]
 \end{aligned} \tag{2.2.14}$$

738 Igualando (2.2.14) e $I(t)$ del sistema (2.2.2), tenemos:

$$-\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t) \tag{2.2.15}$$

739 Ahora sustituimos (2.2.13) en (2.2.15)

$$\begin{aligned}
 -\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] &= \beta S(t) \left[-\frac{1}{\beta} \frac{S'(t)}{S(t)} \right] - \gamma \left[-\frac{1}{\beta} \frac{S'(t)}{S(t)} \right] \\
 -\frac{1}{\beta} \left[\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] &= -S'(t) + \frac{\gamma S'(t)}{\beta S(t)} \\
 \frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 &= \beta S'(t) - \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} \\
 \frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 + \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} - \beta S'(t) &= 0
 \end{aligned} \tag{2.2.16}$$

740 Sustituimos (2.2.13) en $R(t)$ del sistema (2.2.2), tenemos entonces que:

$$R'(t) = -\frac{\gamma}{\beta} \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right) \tag{2.2.17}$$

741 Integramos la función (2.2.16)

$$\begin{aligned}
 \int R'(t) &= -\frac{\gamma}{\beta} \int \frac{S'(t)}{S(t)} dt \\
 R(t) + C_1 &= -\frac{\gamma}{\beta} (\ln(S(t)) + C_2) \\
 R(t) &= -\frac{\gamma}{\beta} \ln(S(t)) + C_3 \\
 -\frac{\beta}{\gamma} R(t) &= \ln(S(t)) + C_3 \\
 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} &= e^{\ln(S(t)) + C_3} \\
 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} &= C_4 S(t) \\
 S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} &= S(t)
 \end{aligned} \tag{2.2.18}$$

742 Para obtener S_0 , evaluamos la ecuación (2.2.18) en $t = 0$, donde $S(0) = N_1$, $R(0) = N_3$,
 743 entonces:

$$\begin{aligned} S_0 e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(0)} &= S(0) \\ S_0 &= N_1 e^{\frac{\beta}{\gamma} N_3} \end{aligned} \quad (2.2.19)$$

744 obtenemos la primera derivada de (2.2.18)

$$\begin{aligned} S'(t) &= S_0 \left[-\frac{\beta}{\gamma} R'(t) \right] e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \\ &= -\frac{S_0 \beta}{\gamma} R'(t) e^{-\frac{\beta}{\gamma} R(t)} \end{aligned} \quad (2.2.20)$$

745 obtenemos la segunda derivada de la ecuación (2.2.17)

$$\begin{aligned} R''(t) &= -\frac{\gamma}{\beta} \left[\frac{S(t)S''(t) - S'(t)S'(t)}{S^2(t)} \right] \\ &= -\frac{\gamma}{\beta} \left[\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \right] \end{aligned} \quad (2.2.21)$$

746 De la ecuación (2.2.21), tenemos que:

$$-\frac{\beta}{\gamma} R''(t) = \frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 \quad (2.2.22)$$

747 ahora de la ecuación (2.2.17)

$$-\beta R'(t) = \gamma \frac{S'(t)}{S(t)} \quad (2.2.23)$$

748 y de la ecuación (2.2.15)

$$\frac{S''(t)}{S(t)} - \left(\frac{S'(t)}{S(t)} \right)^2 = -S(t)I(t) + \beta\gamma I(t) \quad (2.2.24)$$

749 Sustituimos (2.2.24) en (2.2.22)

$$-\frac{\beta}{\gamma} R''(t) = -S(t)I(t) + \beta\gamma I(t) \quad (2.2.25)$$

750 Sustituimos las ecuaciones (2.2.18), (2.2.13), (2.2.20) en (2.2.25)

$$\begin{aligned}
-\frac{\beta}{\gamma}R''(t) - \beta R'(t) - \beta \left(-\frac{S_0\beta}{\gamma}R'(t)e^{-\frac{\beta}{\gamma}R(t)} \right) &= 0 \\
-\beta \left[\frac{1}{\gamma}R''(t) + R'(t) + \left(-\frac{S_0\beta}{\gamma}R'(t)e^{-\frac{\beta}{\gamma}R(t)} \right) \right] &= 0 \\
R''(t) + \gamma R'(t) + \left(-S_0\beta R'(t)e^{-\frac{\beta}{\gamma}R(t)} \right) &= 0 \quad \text{Multiplicando por } \gamma \\
R''(t) &= S_0\beta R'(t)e^{-\frac{\beta}{\gamma}R(t)} - \gamma R(t) \quad (2.2.26)
\end{aligned}$$

751 Del sistema de ecuaciones (2.2.2) que teníamos, ahora sólo nos queda una ecuación diferencial
752 no lineal, para eliminar este término no lineal (2.2.26) definimos:

$$u = e^{-\frac{\beta}{\gamma}R(t)} \quad (2.2.27)$$

753 derivando (2.2.27)

$$\begin{aligned}
u'(t) &= R'(t)e^{-\frac{\beta}{\gamma}R} \\
&= R'(t)u(t) \quad (2.2.28)
\end{aligned}$$

754 Despejando de (2.2.28) $R'(t)$, tenemos:

$$R'(t) = \frac{u'(t)}{u(t)} \quad (2.2.29)$$

755 entonces:

$$R''(t) = \frac{u''(t)}{u'(t)} - \left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 \quad (2.2.30)$$

756 Sustituimos (2.2.27), (2.2.29) y (2.2.30) en (2.2.26):

$$\begin{aligned}
\frac{u''(t)}{u'(t)} - \left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 &= S_0\beta \frac{u'(t)}{u(t)}u(t) - \gamma \frac{u'(t)}{u(t)} \\
\frac{u''(t)}{u'(t)} - \left(\frac{u'(t)}{u(t)} \right)^2 &= S_0\beta u'(t) - \gamma \frac{u'(t)}{u(t)} \\
u(t)u''(t) - (u'(t))^2 &= S_0\beta u'(t)u^2(t) - \gamma u'(t)u(t) \\
u(t)u''(t) - (u'(t))^2 + (\gamma - S_0\beta u(t))u(t)u'(t) &= 0 \quad (2.2.31)
\end{aligned}$$

757 Ahora nos queda la ecuación diferencial (2.2.31), la cual sigue sin ser lineal, por lo que
758 definimos:

$$\phi = \frac{dt}{du} \quad (2.2.32)$$

759 Relizando este cambio de variable, tenemos:

$$u(t) \left(-\frac{1}{\phi^2} \frac{d\phi}{dt} \right) - \left(\frac{1}{\phi} \right)^2 + (\gamma - S_0\beta u(t)) u(t) \frac{1}{\phi} = 0$$

$$\phi \frac{d\phi}{dt} + \frac{\phi}{u(t)} - (\gamma - S_0\beta u(t)) \phi^2 = 0$$

760 Donde:

$$\phi \frac{d\phi}{dt} = \frac{d\phi}{du} \quad (2.2.33)$$

761 Entonces, tenemos que:

$$\frac{d\phi}{dt} + \frac{\phi}{u(t)} = (\gamma - S_0\beta u(t)) \phi^2 \quad (2.2.34)$$

762 Observamos que la ecuación diferencial (2.2.34) es una ecuación tipo Bernoulli y su solución
763 está dada por:

$$\phi = \frac{1}{u(t)(C_1 - \gamma \ln(u(t)) + S_0\beta u(t))} \quad (2.2.35)$$

764 Al integrar la ecuación (2.2.35) con respecto a u , obtenemos la representación del tiempo.

$$t - t_0 = \int_{u_0}^u \frac{1}{u(t)(C_1 - \gamma \ln(u(t)) + S_0\beta u(t))} \quad (2.2.36)$$

765 Sin pérdida de generalidad, podemos considerar a $t_0 = 0$. Con ello obtenemos la solución
766 exacta del sistema de ecuaciones (2.2.3) que describe el modelo epidémico SIR:

$$S(t) = S_0 u(t)$$

$$I(t) = \frac{\gamma}{\beta} \ln(u(t)) - S_0 u(t) - \frac{C_1}{\beta} \quad (2.2.37)$$

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

767 donde:

$$C_1 = -\beta N \quad (2.2.38)$$

768 dado que la población permanece constante para cualquier tiempo t .

769 Ejemplo 1

770 Si tomamos en cuenta una población de tamaño $N = 45$, donde la cantidad de susceptibles
771 en el tiempo $t = 0$ es de 20, con 15 infectados y 10 individuos recuperados, además, se sabe
772 que la tasa de infección es de 0.01 y la tasa de recuperación es de 0.02, se obtiene la siguiente
773 solución (Figura 2.8) de acuerdo al sistema de ecuaciones (2.2.38) tomando el tiempo con
774 (2.2.36).

775

Solución exacta del modelo SIR

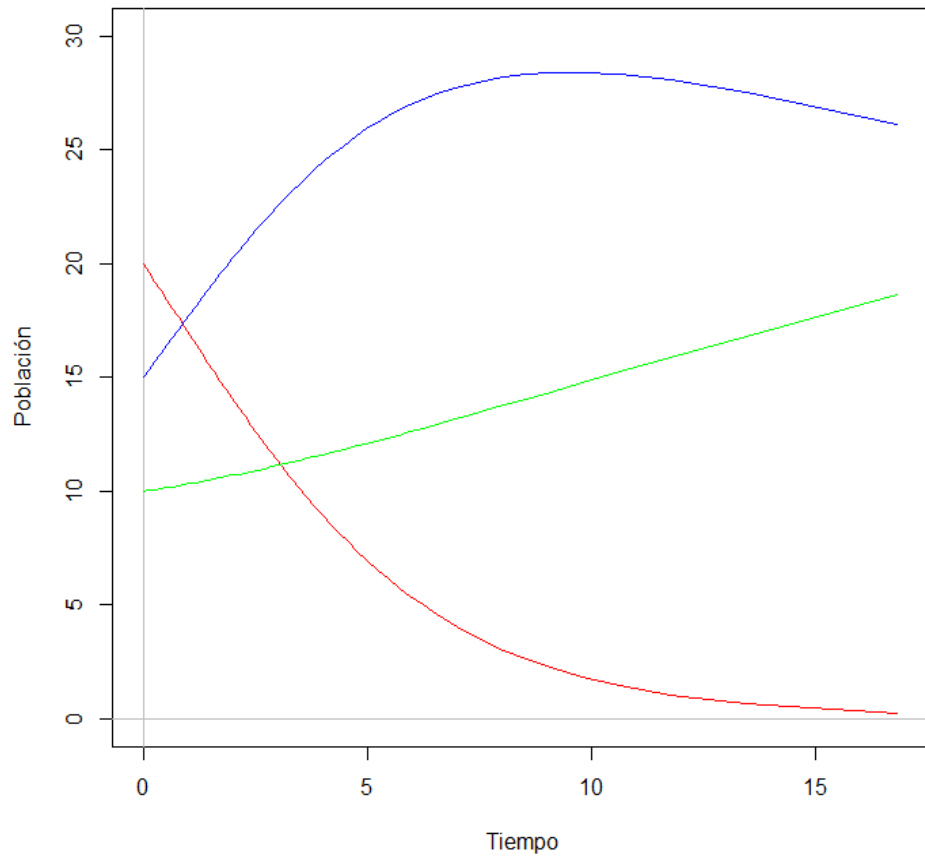


Figura 2.8: La curva roja denota los **Susceptibles**, la azul **Infectados** y la curva verde **Recuperados** donde $S(0) = 20$, $I(0) = 15$, $R(0) = 10$, $\beta = 0,01$ y $\gamma = 0,02$. Esta solución se obtiene utilizando las ecuaciones (2.2.38) y (2.2.36).

776 2.2.5. Solución numérica del modelo Kermack Mckendrick

777 Tenemos el sistema de ecuaciones (2.6) con las condiciones iniciales $S(0) = S_0$, $I(0) = I_0$
778 y $R(0) = R_0$. Este sistema lo resolveremos utilizando el método numérico de Runge-Kutta
779 de orden cuatro, con el fin de simplificar la escritura reescribimos el sistema de la siguiente
780 manera:

$$f_1 = -SI \tag{2.2.39}$$

$$f_2 = \beta SI - \gamma I \tag{2.2.40}$$

$$f_3 = \gamma I \tag{2.2.41}$$

781 Aplicando el método de Runge-Kutta, tenemos que:

$$k_1 = hf_1(t_0, S_0, I_0, R_0) \quad (2.2.42)$$

$$l_1 = hf_2(t_0, S_0, I_0, R_0) \quad (2.2.43)$$

$$m_1 = hf_3(t_0, S_0, I_0, R_0) \quad (2.2.44)$$

$$k_2 = hf_1\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{k_1}{2}, I_0 + \frac{l_1}{2}, R_0 + \frac{m_1}{2}\right) \quad (2.2.45)$$

$$l_2 = hf_2\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{k_1}{2}, I_0 + \frac{l_1}{2}, R_0 + \frac{m_1}{2}\right) \quad (2.2.46)$$

$$m_2 = hf_3\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{k_1}{2}, I_0 + \frac{l_1}{2}, R_0 + \frac{m_1}{2}\right) \quad (2.2.47)$$

$$k_3 = hf_1\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{k_2}{2}, I_0 + \frac{l_2}{2}, R_0 + \frac{m_2}{2}\right) \quad (2.2.48)$$

$$l_3 = hf_2\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{k_2}{2}, I_0 + \frac{l_2}{2}, R_0 + \frac{m_2}{2}\right) \quad (2.2.49)$$

$$m_3 = hf_3\left(t_0 + \frac{h}{2}, S_0 + \frac{k_2}{2}, I_0 + \frac{l_2}{2}, R_0 + \frac{m_2}{2}\right) \quad (2.2.50)$$

$$k_4 = hf_1(t_0 + h, S_0 + k_3, I_0 + l_3, R_0 + m_3) \quad (2.2.51)$$

$$l_4 = hf_2(t_0 + h, S_0 + k_3, I_0 + l_3, R_0 + m_3) \quad (2.2.52)$$

$$m_4 = hf_3(t_0 + h, S_0 + k_3, I_0 + l_3, R_0 + m_3) \quad (2.2.53)$$

782 Donde $t_0 = 0$ y h denota el tamaño de paso. Entonces, tenemos la siguiente solución del
783 sistema de ecuaciones:

$$S_i = S_{i-1} + \frac{1}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4) \quad (2.2.54)$$

$$I_i = I_{i-1} + \frac{1}{6}(l_1 + 2l_2 + 2l_3 + l_4) \quad (2.2.55)$$

$$R_i = R_{i-1} + \frac{1}{6}(m_1 + 2m_2 + 2m_3 + m_4) \quad (2.2.56)$$

784 Ejemplo 2

785 Utilizamos los mismo parámetros del Ejemplo 1 para la solución analítica y obtenemos la
786 Figura 2.9. Podemos observar que hay un parecido con la solución analítica mostrada en
787 la Figura 2.8, sin embargo, para el caso de la solución numérica marca que la cantidad de
788 susceptibles practicamente es cero para el tiempo $t \approx 5$, mientras que en el caso de la solución
789 analítica, los suceptibles tienden a cero cuando $t \approx 10$, a pesar de ello, la solución numérica
790 arroja una muy buena aproximación.

791

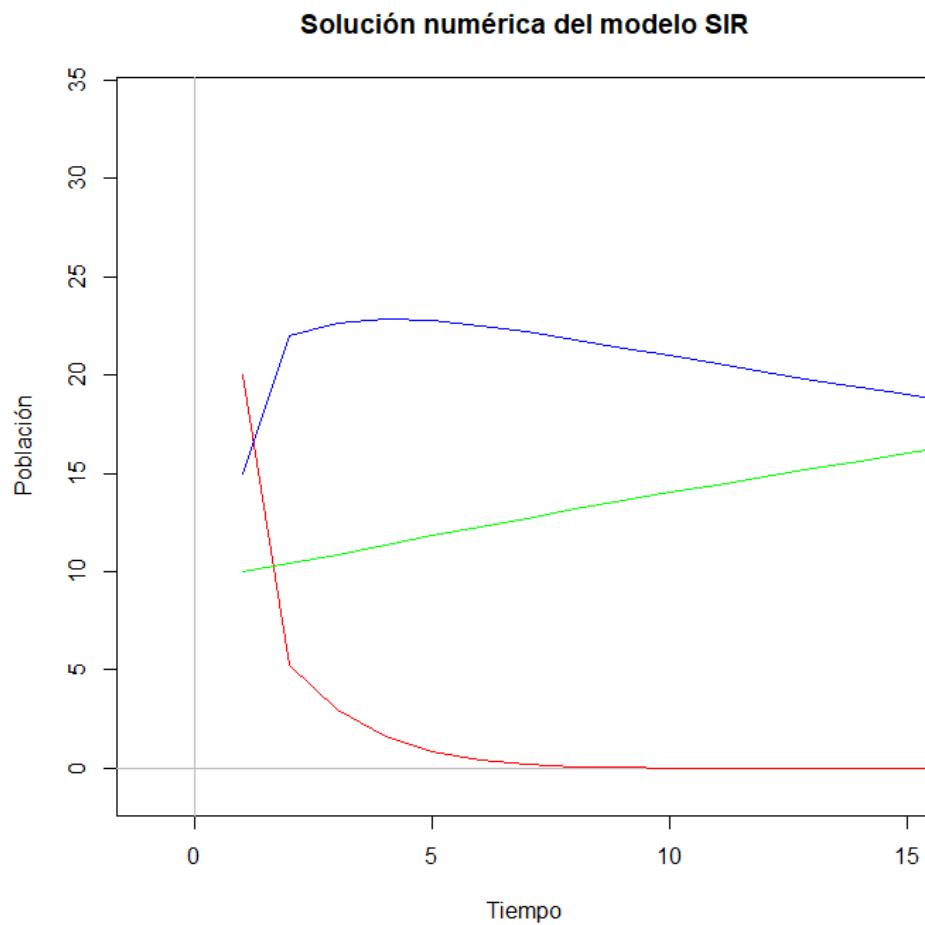


Figura 2.9: La curva roja denota los **Susceptibles**, la azul **Infectados** y la curva verde **Recuperados** donde $S(0) = 20$, $I(0) = 15$, $R(0) = 10$, $\beta = 0,01$ y $\gamma = 0,02$. Esta solución se obtiene utilizando las ecuaciones (2.2.38) y (2.2.36).

Estudio numérico del modelo SIR para el COVID-19

3.1. Solución del modelo SIR

Para los fines de este trabajo no se realizó un análisis de la población susceptible, por lo que la población susceptible se considera que es toda la población de estudio, que según el censo de población y vivienda [39] del año 2020 es de 126,014,024 habitantes. Además de los datos reportados [40] se tiene que aproximadamente solo el 2.5% de la población mundial se ha infectado mientras que en México es del 1.9% de la población (última actualización en julio de 2021). Suponemos por lo tanto que $\frac{S(t)}{N} \approx 1$ para cualquier t , donde N representa a la población total de estudio, por lo que del sistema (2.2.11), la ecuación que representa a los infectados queda dada por:

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta I(t) - \gamma(t)I(t) \quad (3.1.1)$$

A los parámetros β y γ los ponemos como dependientes del tiempo, ya que no sabemos como se comportan exactamente. Podemos observar que esta ecuación puede ser resuelta por el método de variables separables, entonces:

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} &= I(t)[\beta(t) - \gamma(t)] \\ \int_0^t \frac{dI}{I(t)} &= \int_0^t [\beta(t) - \gamma(t)]dt \\ \ln[I(t)] - \ln[I_0] &= \int_0^t [\beta(t) - \gamma(t)]dt \\ I(t) &= e^{\int_0^t [\beta(t) - \gamma(t)]dt + \ln[I_0]} \\ I(t) &= I_0 e^{\int_0^t [\beta(t) - \gamma(t)]dt} \end{aligned} \quad (3.1.2)$$

804 Por otro lado se observa de la Figura 2.7, basada en la ecuación (3.1.1) que la cantidad de
805 ingresos por unidad de tiempo al compartimento de individuos infectados está dada por:

$$F(t) = \beta I(t) \quad (3.1.3)$$

806 Mientras que la cantidad de individuos removidos del compartimento de infectados por
807 unidad de tiempo está dada por:

$$G(t) = \gamma I(t) \quad (3.1.4)$$

808 Por lo que

$$\beta = \frac{F(t)}{I(t)} \quad (3.1.5)$$

$$\gamma = \frac{G(t)}{I(t)} \quad (3.1.6)$$

809 Se busca que con las ecuaciones (3.1.5) y (3.1.6) así como con los datos proporcionados [37]
810 - [38] podamos observar como se comportan estos parámetros a lo largo del tiempo con el
811 fin de tener un ajuste de estas tasas y poder obtener $I(t)$ de la ecuación (3.1.2).

812 **3.2. Análisis de la curva de los reportados infectados** 813 **de COVID-19 a Nivel Nacional**

814 Para obtener $F(t)$ y $G(t)$ es necesario conocer la cantidad de individuos que se reportan
815 infectados, recuperados y fallecidos cada día en México. Utilizamos dos bases de datos, los
816 datos proporcionados por el Gobierno [37], en donde podemos encontrar la cantidad infec-
817 tados y las defunciones reportadas diariamente, tanto a nivel nacional como a nivel estatal,
818 y en la base de datos de la UNAM [38] en donde se reportan la cantidad de infectados,
819 recuperados y defunciones diarias a nivel nacional.

820

821 A la fecha del 29 de Mayo de 2021, la base de datos del gobierno [37] sobre los confirmados
822 comienza a su reporte desde el día 31 de Diciembre de 2019 hasta el 27 de Mayo del 2021, en
823 el caso de las defunciones se reportan desde el día 6 de Febrero del 2020 al 26 de Mayo del
824 2021, mientras que la base de datos de la UNAM [38] presenta datos desde el día 1 de Enero
825 del 2020 al 27 de Mayo del 2021. Se busca tomar en cuenta todos los datos presentados en
826 las bases de datos. El análisis mostrado a continuación se realizó cada dos meses desde el
827 inicio de las bases de datos, abarcando hasta el primer pico de infección, es decir, del 1 de
828 Enero 2020 hasta el 28 de Agosto del 2020 .

829 **3.2.1. 1 de Enero 2020 - 1 de Marzo 2020**

830 En la Figura 3.1, podemos observar una gráfica de barras en donde se muestra la cantidad
831 de infectados reportados diariamente a nivel Nacional en México desde el día 1 de Enero
832 2020 al 1 de Marzo del 2020, podemos observar que no parece que estos datos tengan una
833 tendencia, es decir, una función que se ajuste a esos datos. Al graficar los valores de β y γ de

834 acuerdo a la ecuaciones (3.1.5) y (3.1.6), respectivamente, obtenemos la Figura 3.2 en donde
 835 al igual que en la gráfica de barras de los infectados, estas no parecen tener un patron de
 836 tendencia.

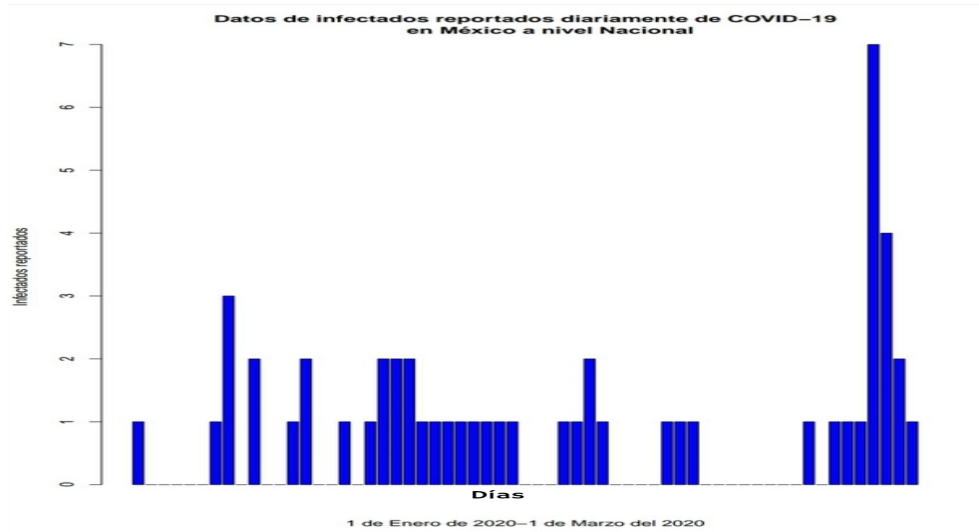


Figura 3.1: Gráfica de barras donde se muestran la cantidad de infectados reportados diariamente de COVID-19 a nivel Nacional en México del día 1 de Enero del 2020 al 1 de Marzo del 2020.

837

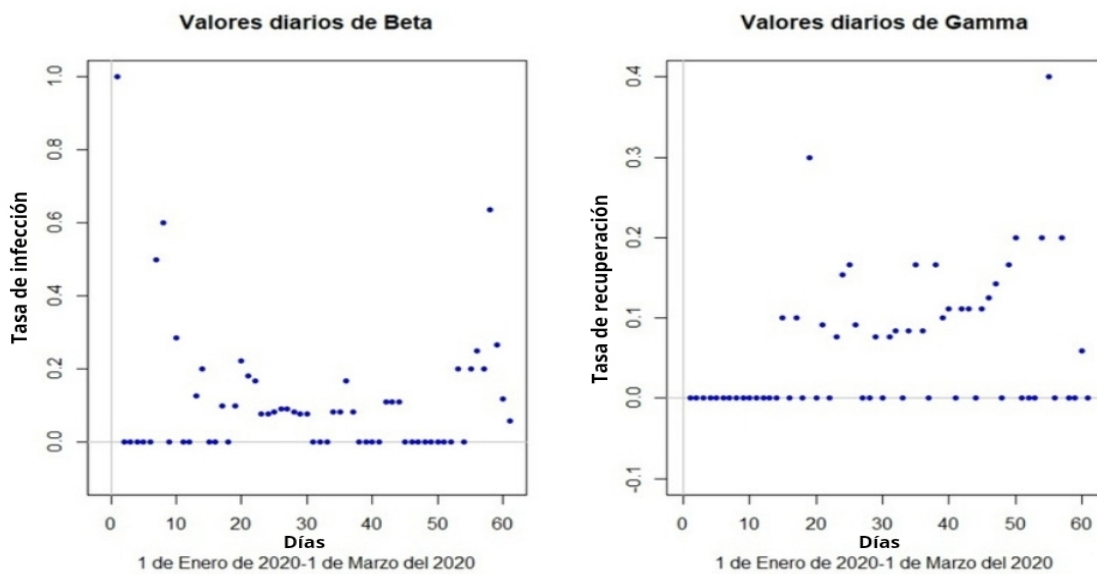


Figura 3.2: Gráfica de los valores de β y γ , respectivamente, obtenidos utilizando las ecuaciones (3.1.5) y (3.1.6). (Datos del 1 de Enero 2020 al 1 de Marzo 2020)

838

839 Con el fin de obtener un mejor análisis, se optó por probar con diferentes fechas después del
840 1 de Enero y realizar el análisis cada dos meses.

841 3.2.2. 28 de Febrero 2020 - 28 de Abril 2020

842 En la Figura 3.3, observamos los datos reportados diariamente de COVID-19 a nivel nacional.
843 En este caso podemos observar que sí tienen una tendencia, al igual que las tasas de infección
844 y recuperación en la Figura 3.4.

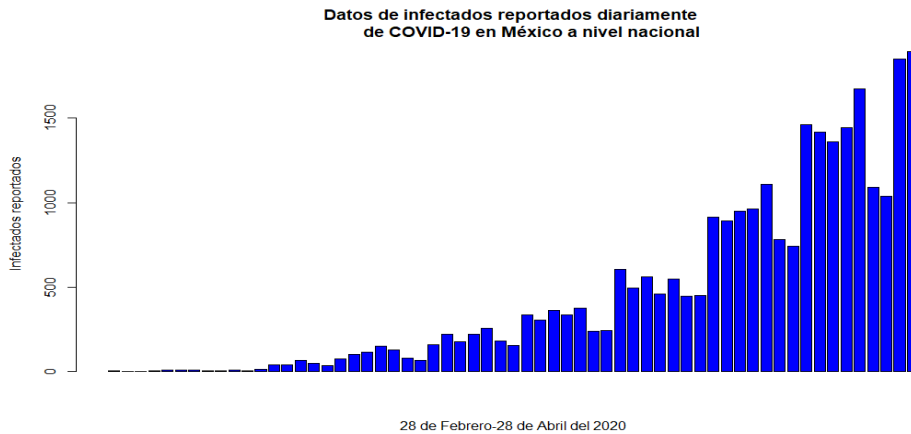


Figura 3.3: Gráfica de barras donde se muestran los infectados diarios reportados diariamente de COVID-19 a nivel Nacional en México del día 28 de Febrero del 2020 al 28 de Abril del 2020.

845

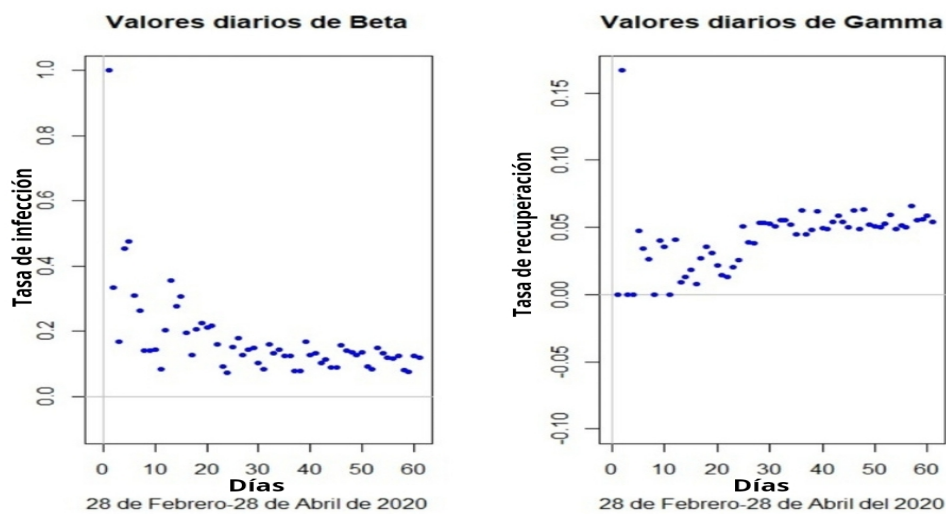


Figura 3.4: Gráfica de los valores de β y γ , respectivamente, obtenidos utilizando las ecuaciones (3.1.5) y (3.1.6). Datos del 28 de Febrero 2020 al 28 de Abril del 2020.

846

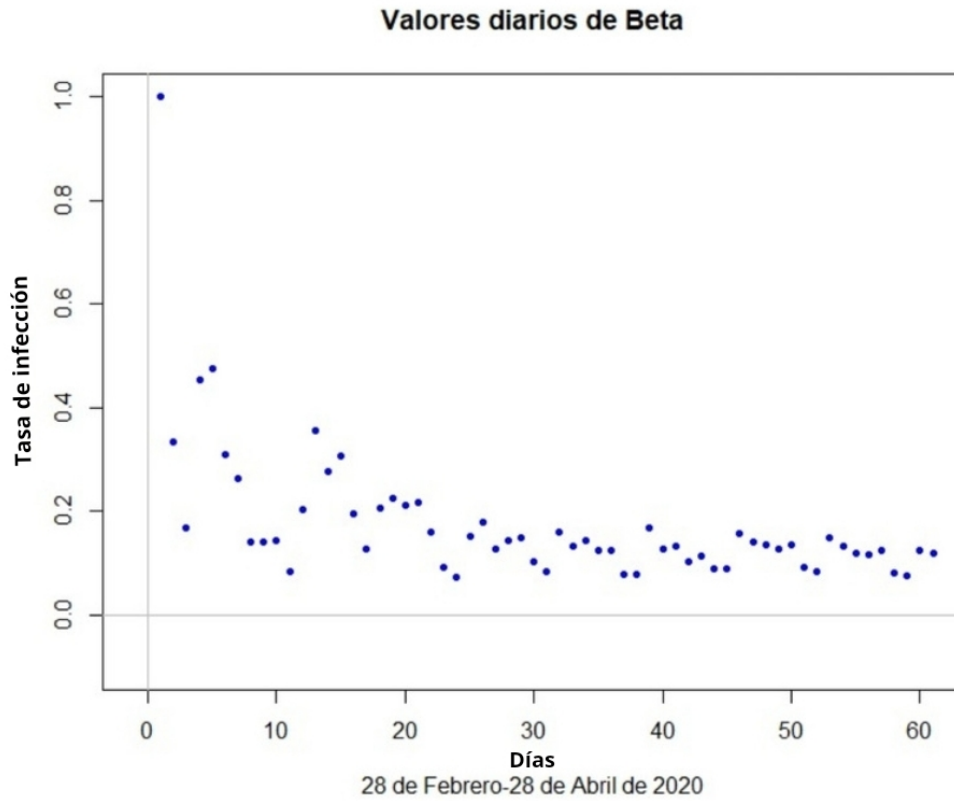


Figura 3.5: Gráfica de los valores de β . Datos del 28 de Febrero 2020 al 28 de Abril del 2020.

848

849 Al observar la dispersión de la Figura 3.5 como primera opción, optamos que se tiene una
850 tendencia de decaimiento exponencial, es decir, una ecuación de la forma:

$$\beta(t) = ae^{bt} \quad (3.2.1)$$

851 Para obtener los parámetros a y b , primero utilizamos el método de regresión lineal, sin
852 embargo, ya que la ecuación (3.2.1) no es lineal, la linealizamos aplicando logaritmo a ambos
853 lados de la ecuación, obteniendo (3.2.2)

$$\begin{aligned} \ln(\beta(t)) &= \ln(ae^{bt}) \\ &= \ln(a) + \ln(e^{bt}) \\ &= \ln(a) + bt \end{aligned} \quad (3.2.2)$$

854 Ahora redefinimos $\ln(\beta(t))$ como x y $\ln(a)$ como A de (3.2.2), entonces:

$$x = bt + A \quad (3.2.3)$$

855 donde según el método de regresión lineal [15], tenemos que:

$$b = \frac{n \sum tx + \sum t \sum y}{n \sum t^2 - (\sum t)^2} \quad (3.2.4)$$

$$A = \frac{\sum x - b \sum t}{n} \quad (3.2.5)$$

856 Donde n denota la cantidad total de datos que se tienen, en este caso, es la cantidad total
 857 de días que se analizan. Ahora tenemos que:

$$SSE = \sum_{i=1}^N (y_i - Y_i)^2 \quad (3.2.6)$$

858 Mientras que y_i es el valor experimental, es decir, el $\beta(i)$ obtenido con (3.1.5) y Y_i es el
 859 obtenido con la regresión lineal. Utilizando (3.2.6) el error obtenido con este método es de
 860 0.803 cuyo ajuste se muestra en la Figura 3.6.

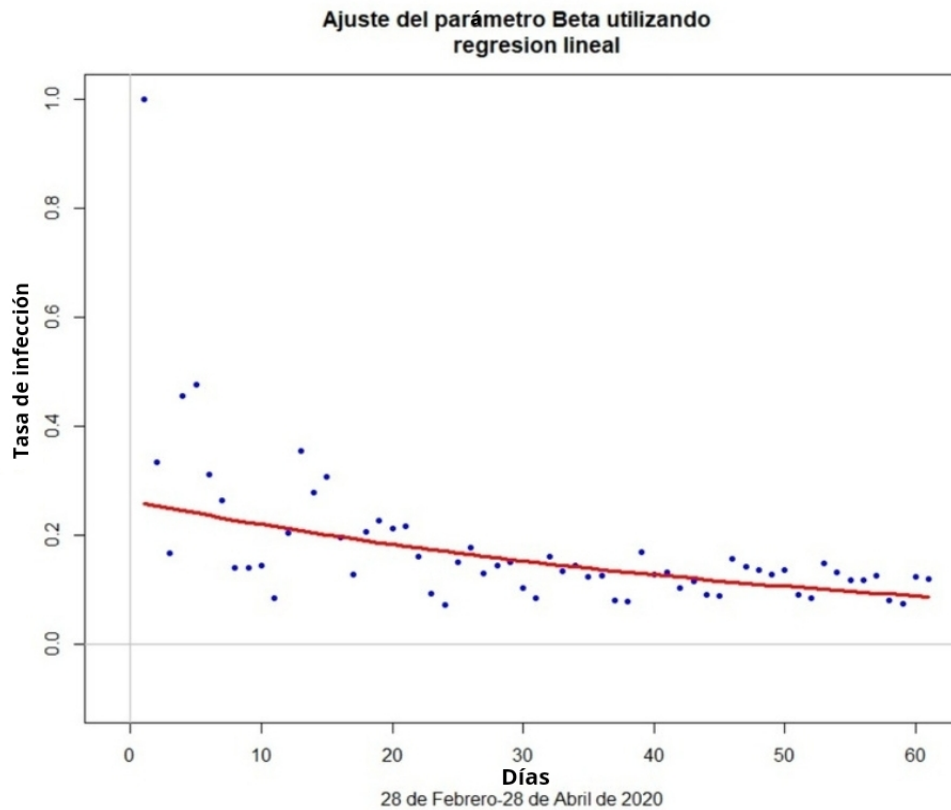


Figura 3.6: Ajuste del parámetro β utilizando la ecuación 3.2.1

861

862 Con el fin de minimizar el error, se optó por utilizar un algoritmo evolutivo [35] con el cual
 863 se obtuvo un error de 0.675, el ajuste se muestra en la Figura 3.7

864

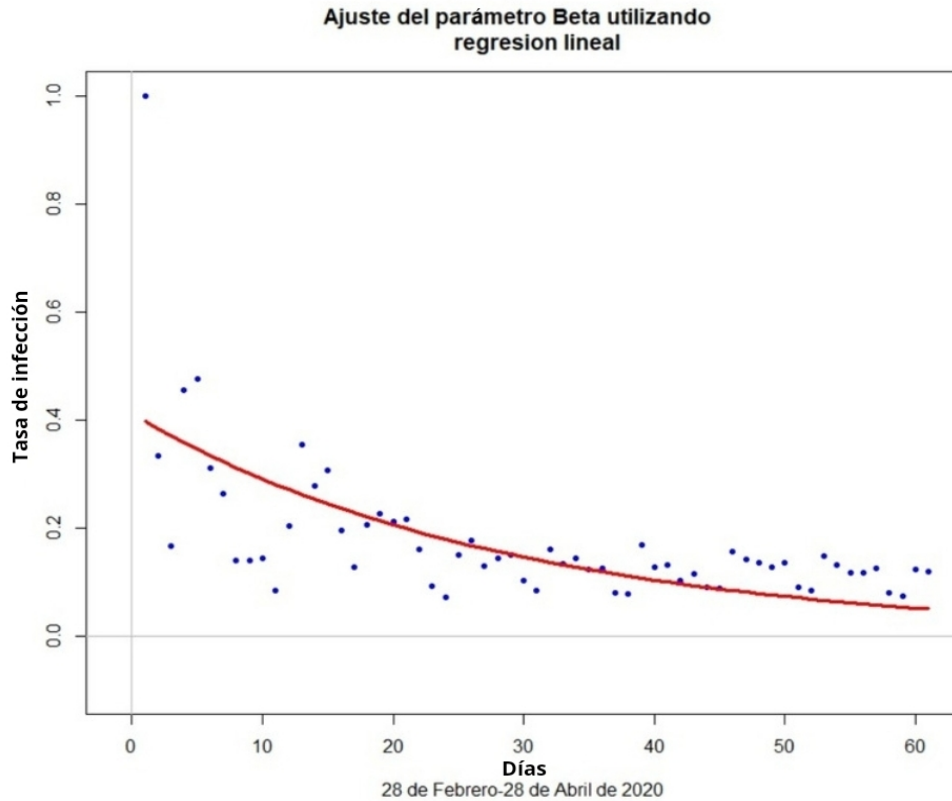


Figura 3.7: Ajuste del parámetro β utilizando un algoritmo evolutivo.

865 También se pensó en otros posibles ajustes, utilizando un algoritmo evolutivo para obtener
 866 los parámetros de cada ajuste. En el Cuadro 3.1 se muestran los resultados, en la columna
 867 uno tenemos la función y en la segunda columna el error de ajuste obtenido.

Función	Error
$\beta(t) = ae^{bt} + c$	0.4031
$\beta(t) = ae^{bt^2} + c$	0.4010
$\beta(t) = \frac{1}{at^2 + bt + c} + d$	0.3347
$\beta(t) = \frac{1}{at^3 + bt^2 + ct + d}$	0.3928

Cuadro 3.1: Ajustes posibles del parámetro β

868 Podemos observar que el ajuste que minimiza el error es la ecuación (3.2.7) cuyo ajuste se
 869 muestra en la Figura 3.8.

$$\beta(t) = \frac{1}{at^2 + bt + c} + d \tag{3.2.7}$$

870

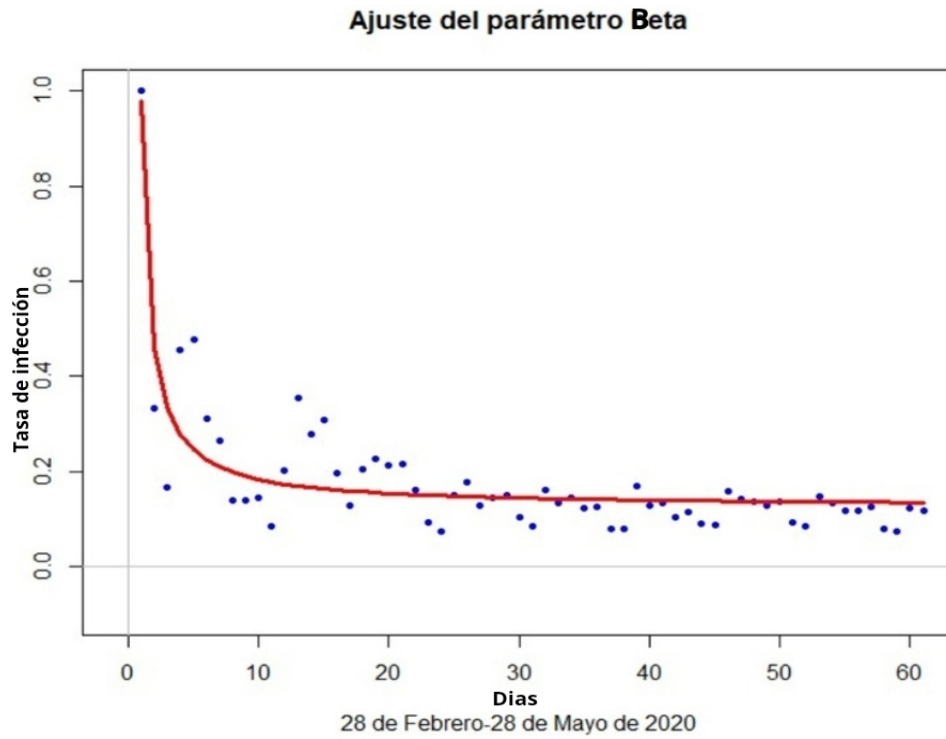


Figura 3.8: Ajuste del parámetro $\beta(t)$ utilizando la ecuación (3.2.7).

871 γ primeros dos meses

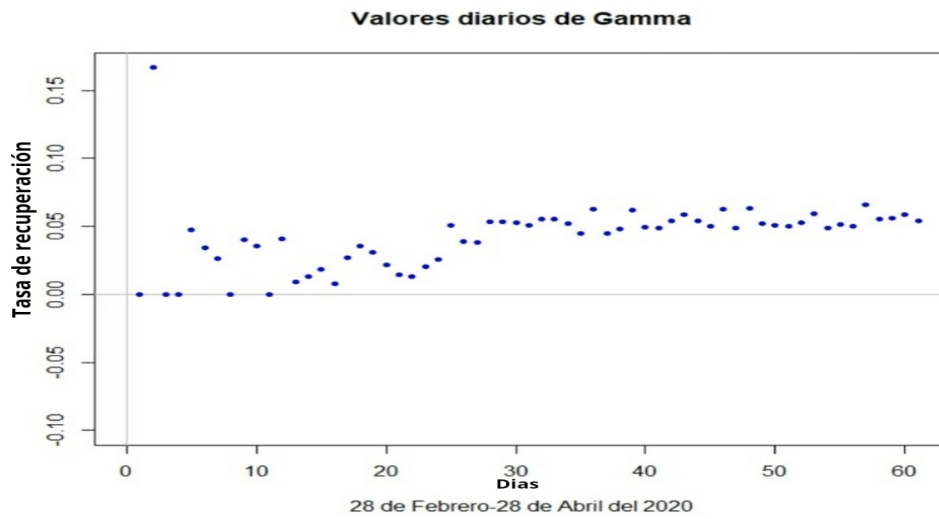


Figura 3.9: Gráfica de los valores de γ . Datos del 28 de Febrero 2020 al 28 de Abril del 2020.

872

873 Observamos que en este caso el parámetro γ parece tener una tendencia constante, por lo
 874 que suponemos que γ es la media de los datos obtenidos diariamente con la ecuacion (3.1.6),

875 es decir:

$$\gamma(t) = c \quad \text{donde } c \text{ es una constante} \quad (3.2.8)$$

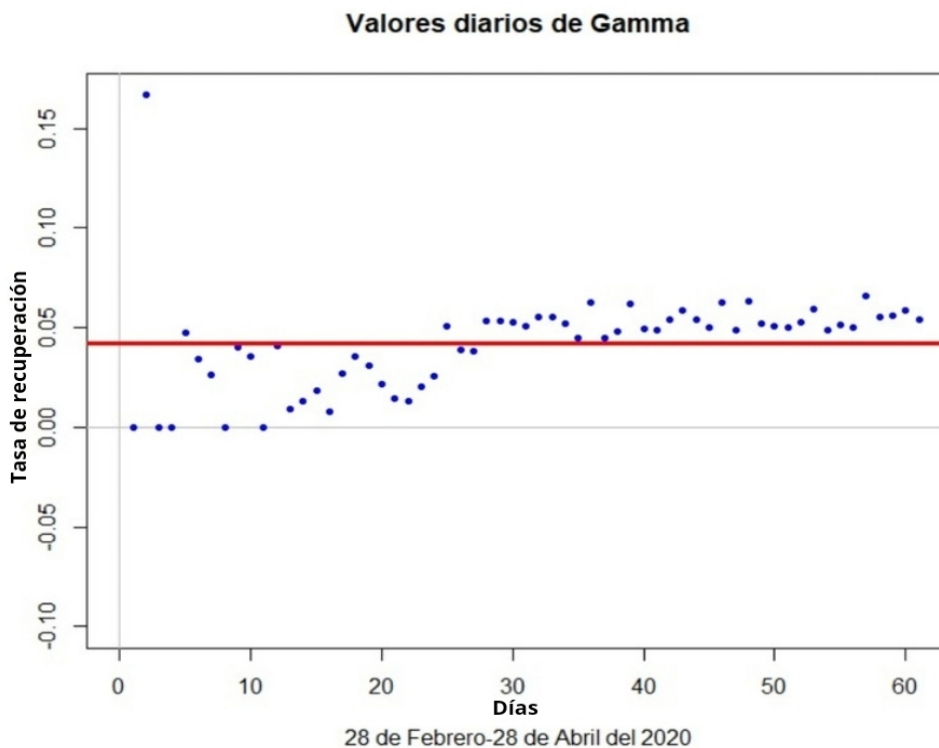


Figura 3.10: Se tomó el valor de $\gamma(t)$ como la media de los valores obtenidos con la función (3.1.6).

876

877 Ajuste de curva de infectados primeros dos meses

878 En la ecuación (3.1.2) sustituimos el valor de los ajustes de β (3.2.7) y γ (3.2.8):

$$I(t) = I_0 e^{\int_0^t \left(\frac{1}{at^2+bt+c} + d - \gamma \right) dt} \quad (3.2.9)$$

879 Sin embargo, buscamos un ajuste a la curva de la Figura 3.3, en la cual se muestran la
 880 cantidad de nuevos infectados reportados diariamente, es decir, la ecuación (3.1.3), entonces:

$$\begin{aligned} F(t) &= \left(\frac{1}{at^2 + bt + c} + d \right) \left(I_0 e^{\int_0^t \left[\frac{1}{at^2+bt+c} + d - \gamma \right] dt} \right) \\ &= I_0 \left(\frac{1}{at^2 + bt + c} + d \right) \left(e^{-\gamma t + \int_0^t \left(\frac{1}{at^2+bt+c} + d \right) dt} \right) \end{aligned} \quad (3.2.10)$$

881 Tenemos que:

$$\int \frac{dx}{ax^2 + bx + c} = \frac{2 \tan^{-1} \left(\frac{2ax+b}{\sqrt{4ac-b^2}} \right)}{\sqrt{4ac-b^2}} + C \quad (3.2.11)$$

882 Para obtener el valor de la **contante** I_0 , utilizamos un algoritmo evolutivo con el cual se
 883 pudo determinar el mejor ajuste, el cual se muestra en la Figura 3.11. Para que el valor de
 884 la integral exista, se debe tener que $4ac - b^2 > 0$, restricción que debe ser tomada en cuenta
 885 para la programación del algoritmo.

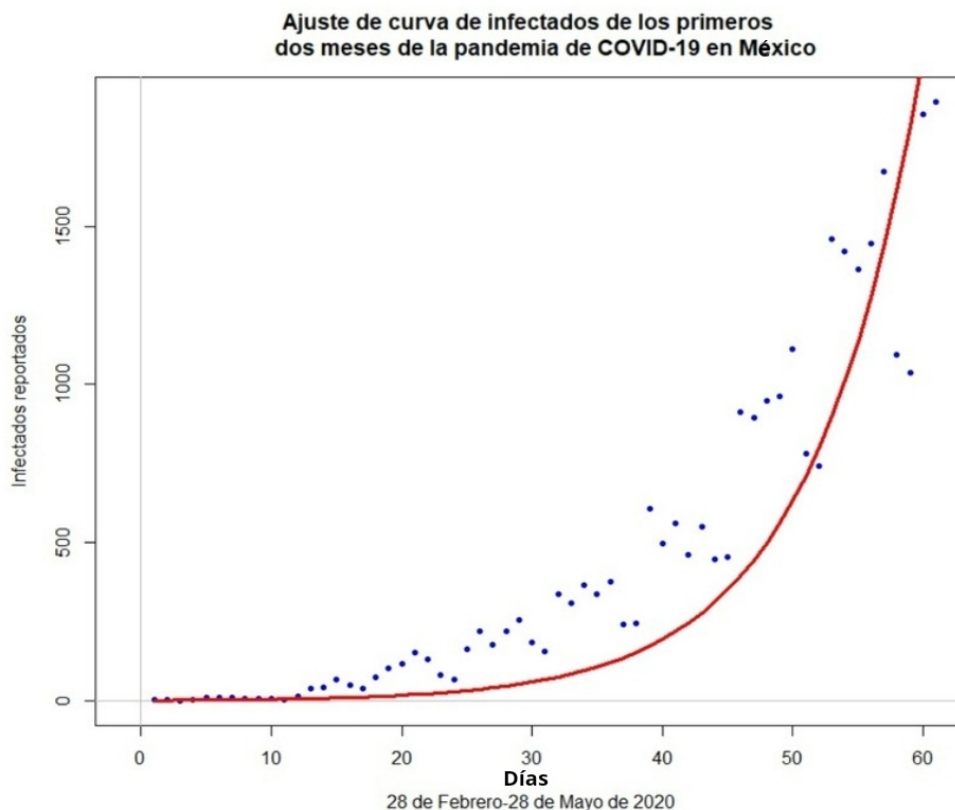


Figura 3.11: Ajuste de los datos de infectados reportados diariamente de COVID-19 a nivel nacional

886

887 3.2.3. 28 de Febrero 2020-28 de Junio 2020

888 En la Figura 3.12 se tienen los datos reportados diariamente de COVID-19 a nivel nacional
 889 y en la Figura 3.13 tenemos los datos diarios de los parámetros β y γ , respectivamente.

890

891

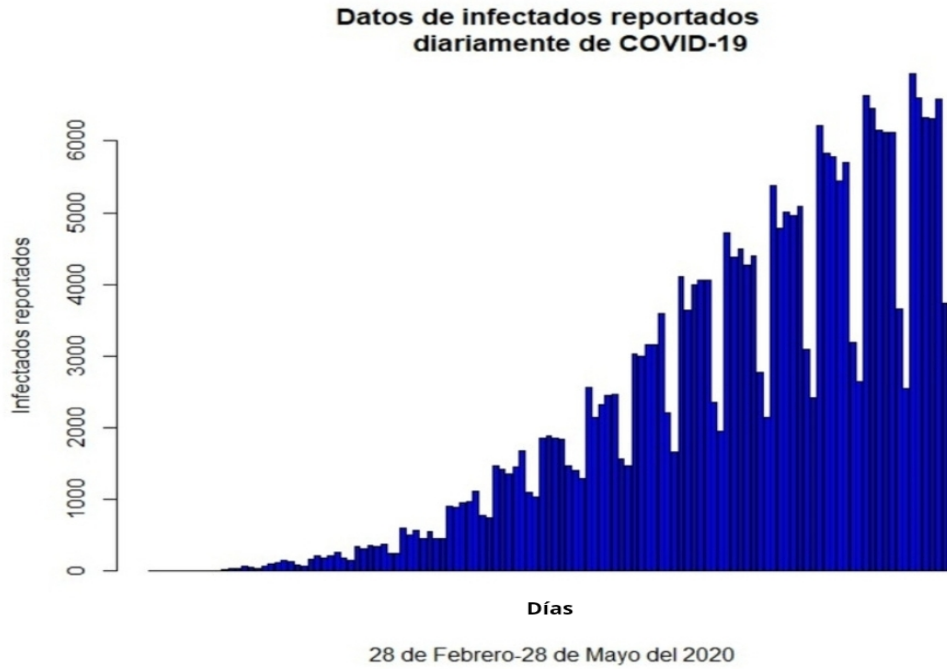


Figura 3.12: Gráfica de barras de los datos reportados diariamente a nivel nacional de COVID-19 desde el 28 de Febrero del 2020 al 28 de Mayo del 2020

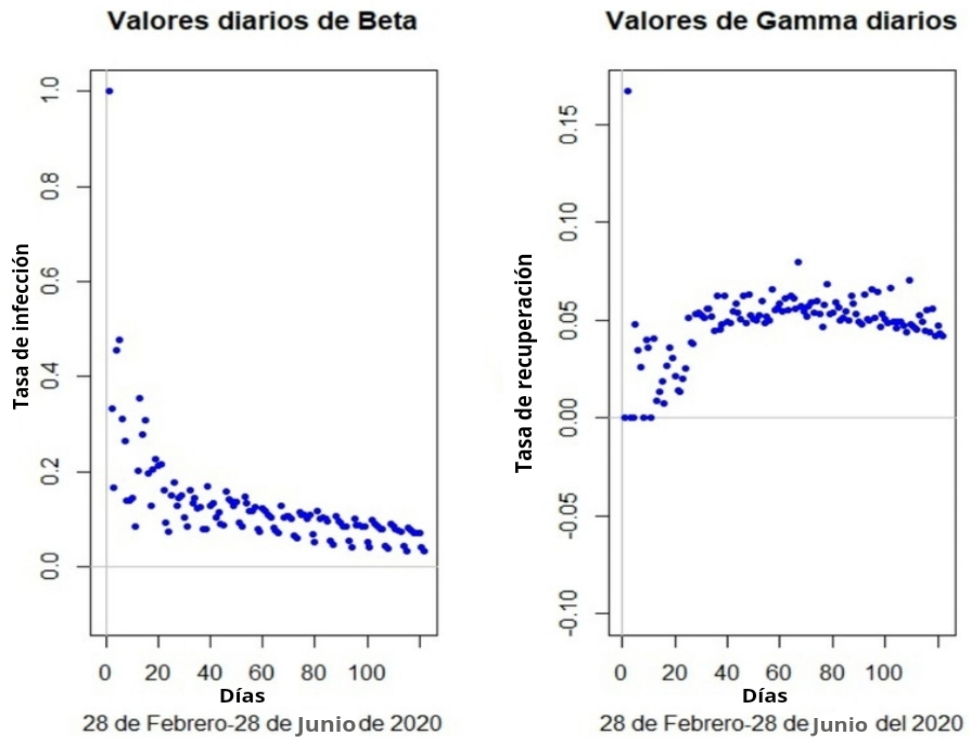


Figura 3.13: Gráfica de barras de los datos reportados diariamente a nivel nacional de COVID-19 desde el 28 de Febrero del 2020 al 28 de Mayo del 2020.

892 **Ajuste del parámetro β primeros cuatro meses**

893 Al igual que el parámetro β de los primeros dos meses, se intentaron diferentes ajustes
 894 obteniendo los resultados del Cuadro 3.2

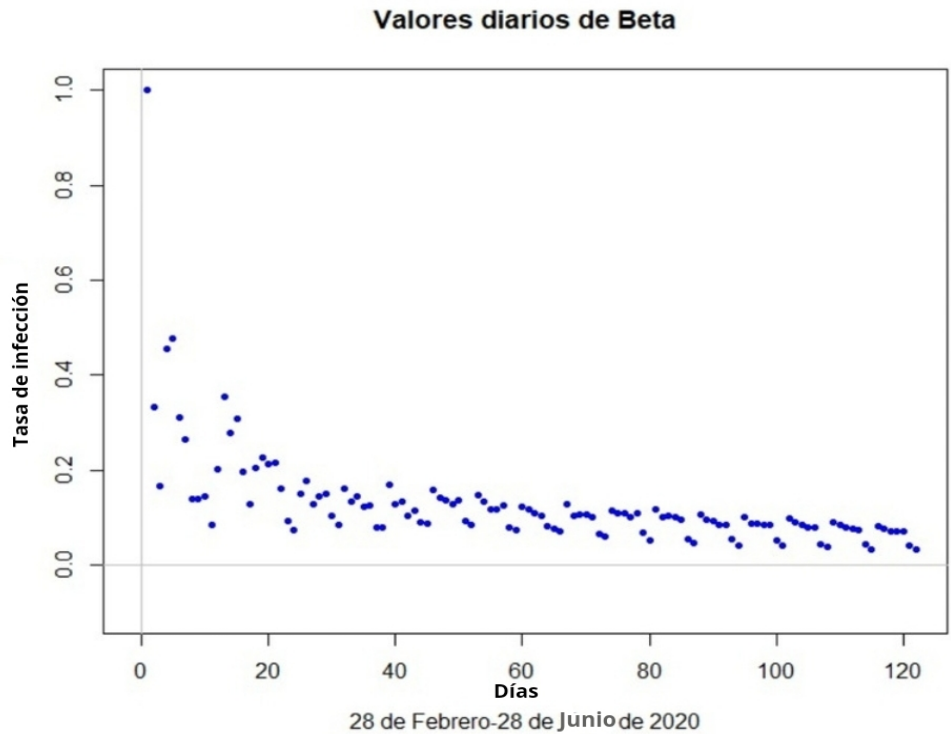


Figura 3.14: Valores diarios de β de los primeros cuatro meses utilizando la ecuación (3.1.5).

895

Función	Error
$\beta(t) = ae^{bt} + c$	0.546
$\beta(t) = ae^{bt^2} + c$	0.809
$\beta(t) = \frac{1}{at^2 + bt + c} + d$	0.371
$\beta(t) = \frac{1}{at^3 + bt^2 + ct + d}$	0.603

Cuadro 3.2: Ajustes posibles del parámetro β

896 Por lo que el mejor ajuste para este parámetro también es la ecuación (3.2.7). Obtenemos
 897 los valores de $a, b, c,$ y d utilizando un algoritmo evolutivo y obtenemos la Figura 3.15.

898

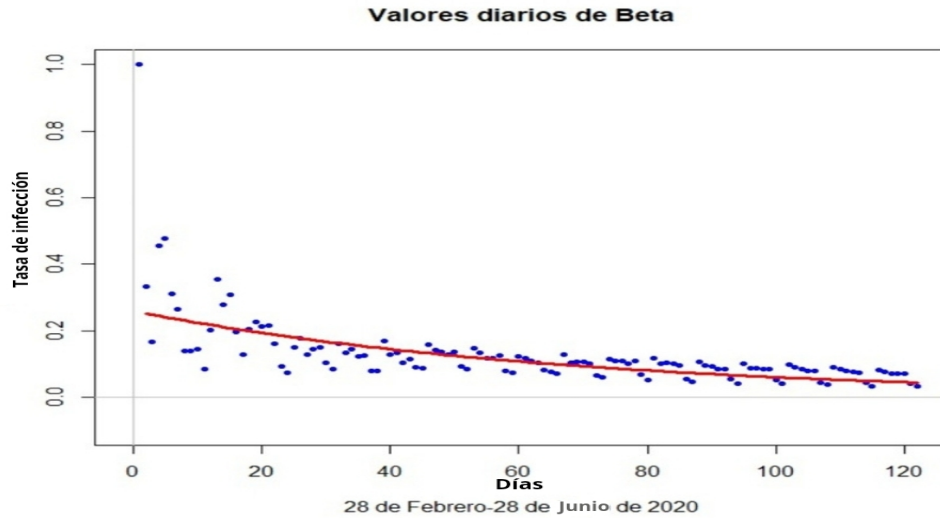


Figura 3.15: Ajuste de curva de los valores de β utilizando un algoritmo evolutivo.

899 **Ajuste del parámetro γ primeros cuatro meses**

900 Observamos que al igual que en el caso del análisis de los dos meses este parámetro parece
 901 tener una tendencia constante, por lo que definimos a $\gamma(t)$ como la media de los datos (Figura
 902 3.17).

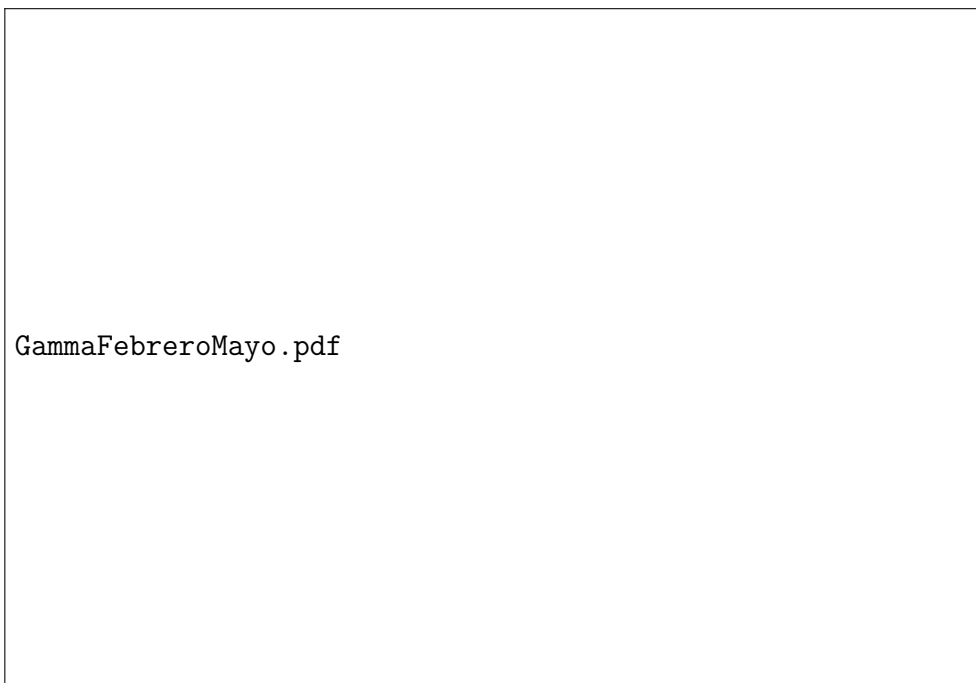


Figura 3.16: Valores diarios de γ de los primeros cuatro meses utilizando la ecuación (3.1.6).

903

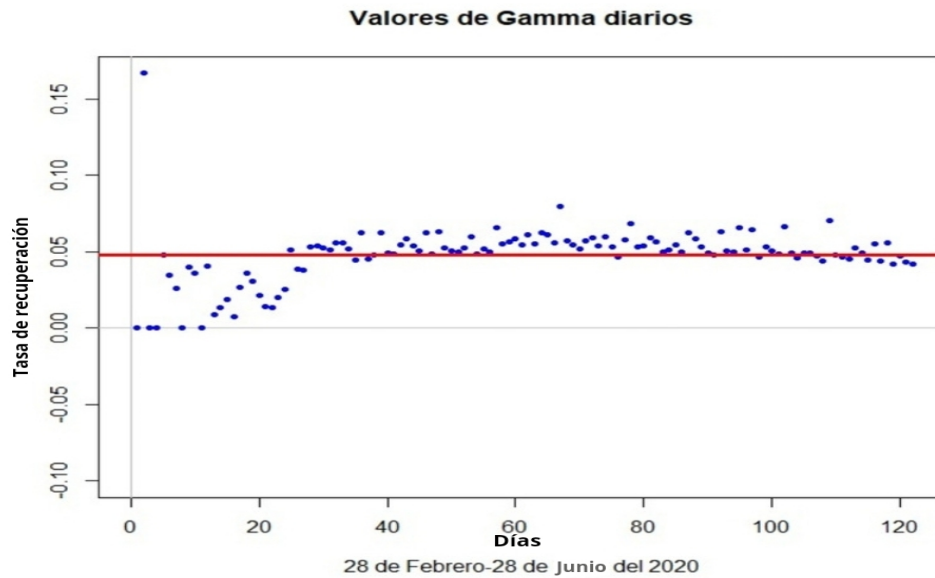


Figura 3.17: Ajuste del parámetro γ para los primeros cuatro meses.

904

905 Dado que los ajustes de nuestros parámetros para los dos primeros meses quedaron definidos
 906 de la misma manera que para los cuatro primeros meses de la pandemia, entonces la ecuación
 907 que modela los datos reportados diariamente a nivel nacional (Figura 3.12), los primeros
 908 cuatro meses de la pandemia es la ecuación (3.2.10), cuyo ajuste se muestra en la Figura
 909 3.18

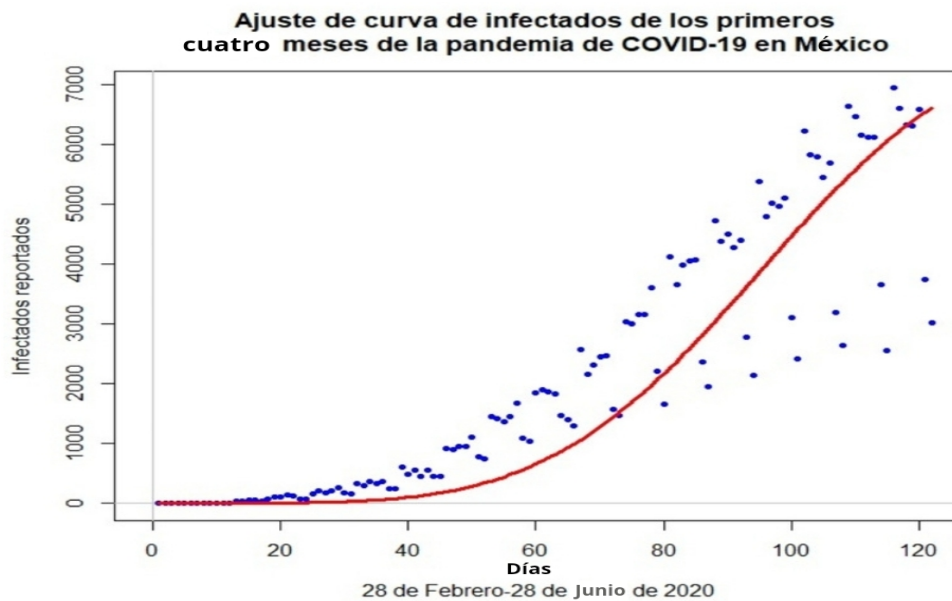


Figura 3.18: Ajuste de curva de los infectados reportados diariamente a nivel Nacional en México del día 28 Febrero 2020 - 28 Junio 2020 utilizando la ecuación (3.2.10)

910

911 **3.2.4. 28 Febrero 2020-28 Agosto 2020 (Primer pico de infección)**

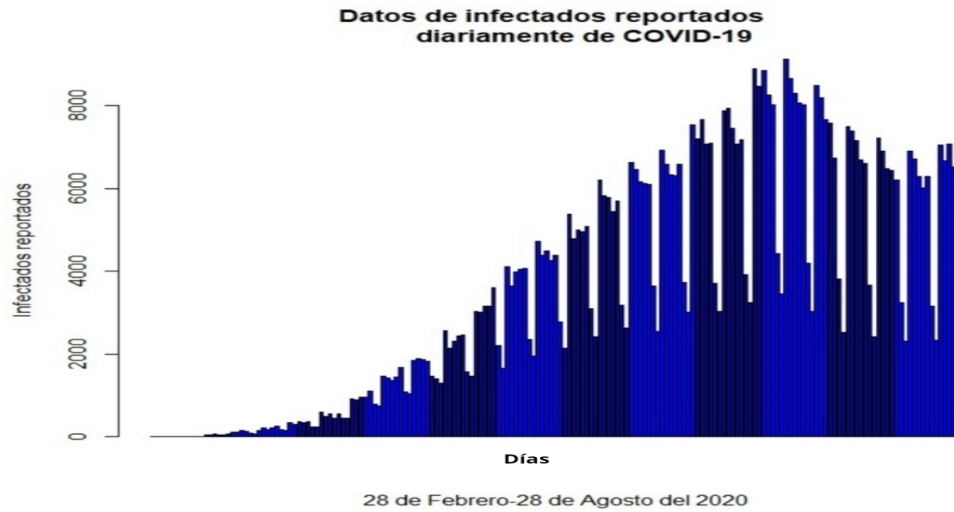


Figura 3.19: Gráfica de barras de los datos reportados infectados de COVID-19 diariamente a nivel Nacional del 28 de Febrero de 2020 al 28 de Agosto de 2021.

912

913 En la Figura 3.19 se muestran los datos reportados diariamente a nivel Nacional infectados
914 de COVID-19, en ella podemos observar que se muestra un máximo de infectados y después
915 los casos comienzan a decaer, este es nuestro primer pico de infección donde el mayor número
916 de infectados fue el día 20 de Julio del 2020 con 9127 infectados. Los valores obtenidos de β
917 y γ se muestran en la Figura 3.20, respectivamente.

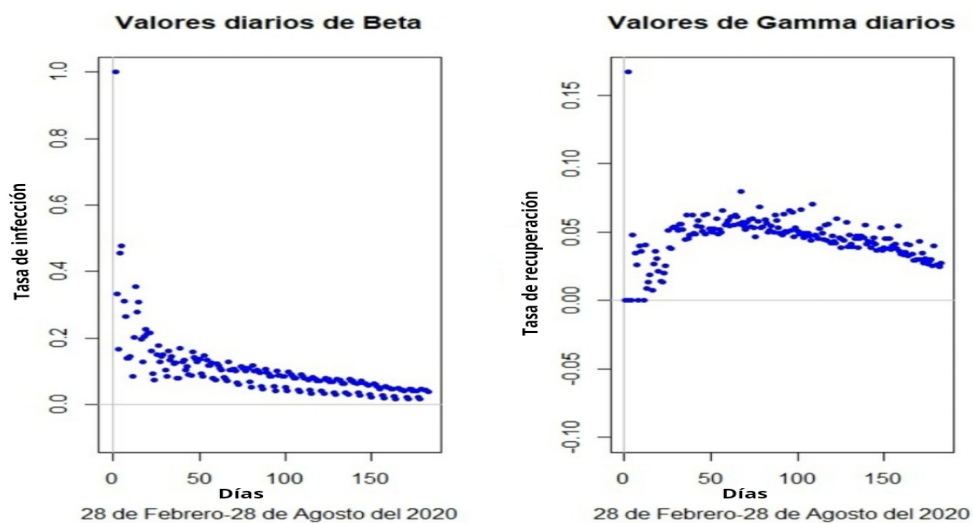


Figura 3.20: Valores de los parámetros β y γ obtenidos con las ecuaciones (3.1.5)-(3.1.6), respectivamente.

918

Función	Error
$\beta(t) = ae^{bt} + c$	0.659
$\beta(t) = ae^{bt^2} + c$	0.865
$\beta(t) = \frac{1}{at^2 + bt + c} + d$	0.479
$\beta(t) = \frac{1}{at^3 + bt^2 + ct + d}$	0.850

Cuadro 3.3: Ajustes posibles del parámetro β

919 **Ajuste del parámetro β primeros seis meses**

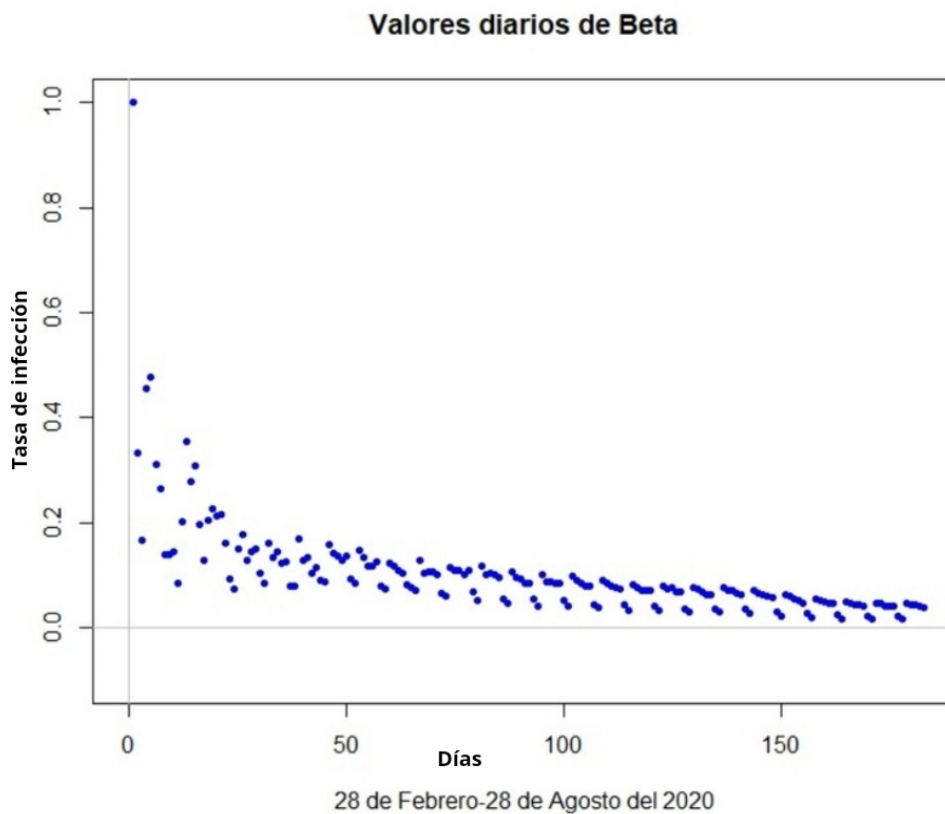


Figura 3.21: Valores diarios de β de los primeros seis meses utilizando la ecuación (3.1.5).

920

921 Al igual que el parámetro β de los primeros dos y cuatro meses se intentaron diferentes
 922 ajustes obteniendo los resultados del Cuadro 3.3.

923 Por lo que el mejor ajuste para este parámetro también es la ecuación (3.2.7). Obtenemos
 924 los valores de a, b, c y d utilizando un algoritmo evolutivo y obtenemos la Figura 3.22.

925

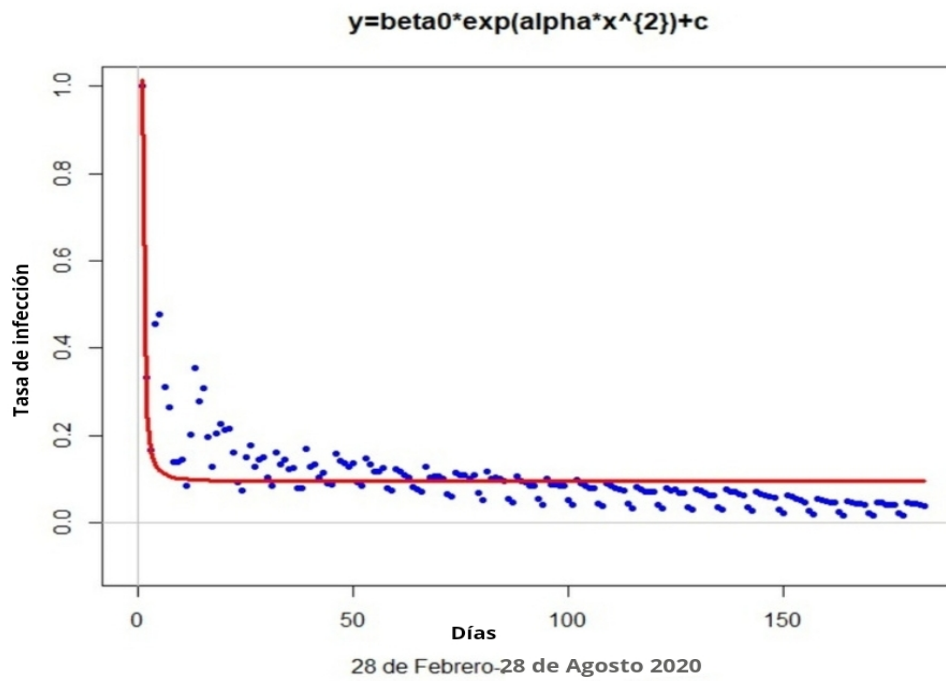


Figura 3.22: Ajuste de curva de los valores de β utilizando un algoritmo evolutivo.

926 **Ajuste del parámetro γ primeros seis meses**

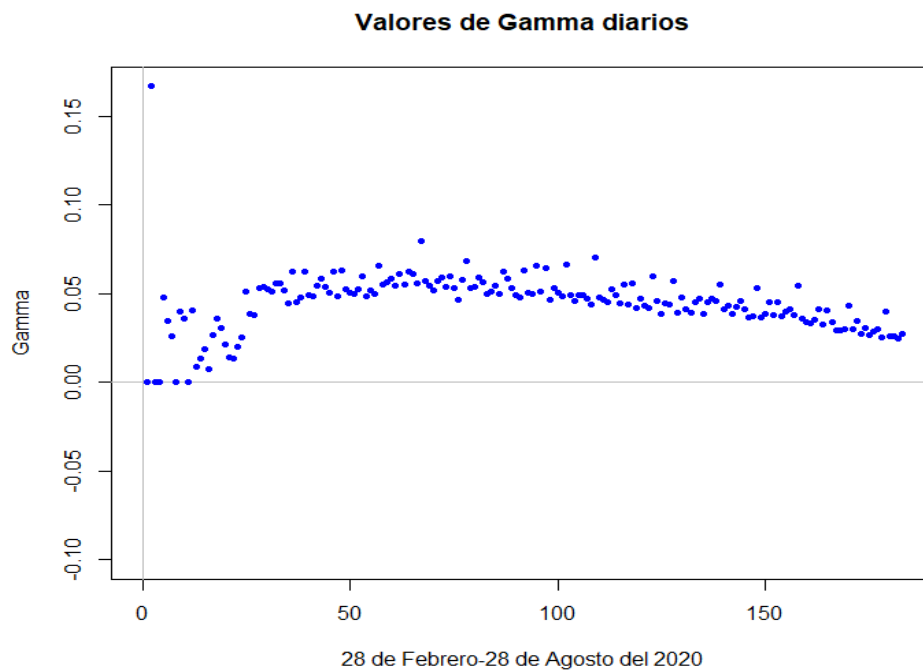


Figura 3.23: Valores diarios de γ de los primeros seis meses utilizando la ecuación (3.1.6).

927

928 Observamos que al igual que en el caso del análisis de los dos meses, este parámetro parece
929 tener una tendencia constante, por lo que definimos a $\gamma(t)$ como la media de los datos (Figura
930 3.24).

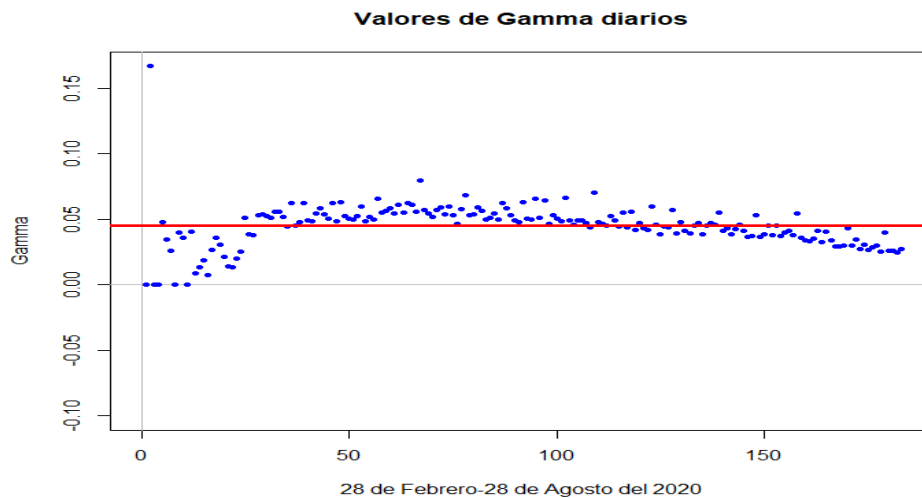


Figura 3.24: Ajuste del parámetro γ para los primeros seis meses.

931

932 Dado que los ajustes de nuestros parámetros para Febrero 2020 - Agosto 2020 quedaron
933 definidos de la misma manera que para Febrero 2020 - Abril 2020, entonces la ecuación que
934 modela los datos reportados diariamente a nivel nacional (Figura 3.19) los primeros seis
935 meses de la pandemia es la ecuación (3.2.10).

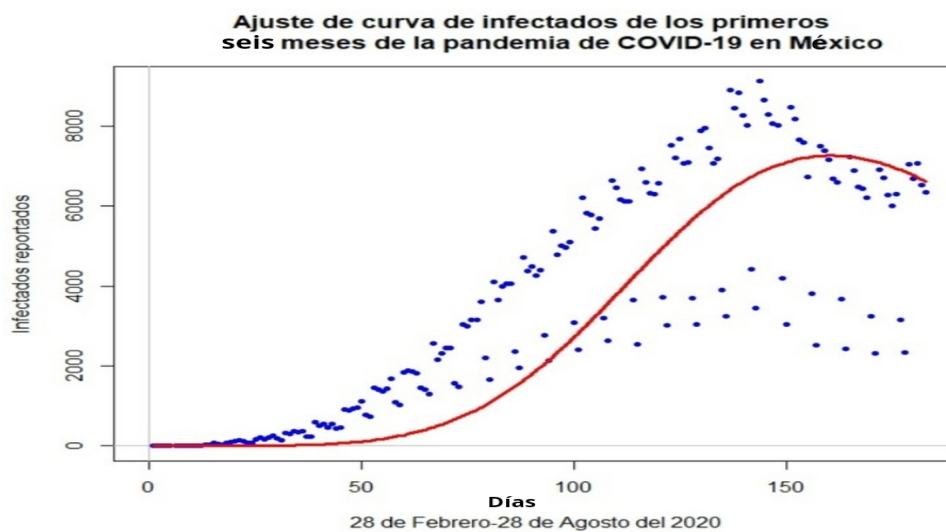


Figura 3.25: Ajuste de curva de los infectados reportados diariamente a nivel Nacional en México del día 28 Febrero 2020 - 28 Agosto 2020 utilizando la ecuación (3.2.10).

936

Conclusiones y trabajo futuro

937 Conclusiones

- 938 1. Se establece que el parámetro de infección β tiene una tendencia no lineal, proponemos
939 que este parámetro se comporta como una ley de potencias en donde el ajuste se obtiene
940 con ayuda de un algoritmo evolutivo. Se piensa que el parámetro es variable debido al
941 cambio en las medidas de restricción del lugar de estudio
- 942 2. El parámetro γ al igual que la tasa de infección tiene ciertas fluctuaciones con el
943 tiempo, sin embargo, a diferencia de β , esta no tiene un comportamiento no lineal para
944 el análisis del primer pico de infección de México.
- 945 3. Cada uno de los ajustes de la curva de infectado reportados diariamente obtenidas
946 para diferentes intervalos de tiempo fueron satisfactorios, ya que realizaban un buen
947 ajuste a las gráficas de dispersión de los datos.
- 948 4. La función de ajuste que se propone solo pueda darnos un pico de infección, por lo que
949 si la enfermedad en cuestión tiene más de un pico de infección esta función de ajuste
950 no es la mejor opción. El COVID-19 es una enfermedad en donde se han establecido
951 más de un pico de infección en cada uno de los países afectados, por lo que la manera
952 en la que se encuentra este modelo no funcionaría como un modelo predictivo.

953 Trabajo futuro

- 954 1. Se puede establecer diferentes criterios para poder ajustar a más de un pico de infección.
- 955 2. El parámetro de recuperación γ parece tener una tendencia diferente a la constante
956 cuando se observa el segundo pico de infección, por lo que es posible determinar un
957 ajuste para esta tasa y posiblemente ajustar a más de un pico de infección.



Bibliografía

- 958 [1] Betty Pfefferbaum, M.D., J.D., and Carol S. North, M.D., M.P.E. (2002). Mental
959 Health and the COVID-19 Pandemic. *The NEW ENGLAND JOURNAL of MEDICINE*.
960 383:510-512.
- 961 [2] Dr. Mauricio Esteban Gauna, Dr. Juan Luis Bernava. (2020). Recomendaciones
962 diagnósticas y terapéuticas ante la Respuesta Inmune Trombótica Asociada a COVID-19
963 (RITAC). *CorSalud Ene-Mar*, 12(1):60-63-
- 964 [3] Ethne Barnes. (2005). *Diseases and human evolution*. University of New Mexico Press
965 Albuquerque.
- 966 [4] Fred Brauer. (2017). *Mathematical epidemiology: Past, present, and future*. *Infectious
967 Disease Modelling*. 113-127.
- 968 [5] Fred Brauer, Pauline van den Driessche, Jianhong Wu. (2000). *Mathematical Epide-
969 miology*. Springer.
- 970 [6] F. Vella, P. Senia, M. Ceccarelli, E. Vitale, H. Maltezou, R. Taibi, A. Lleshi, E. Venanzi
971 Rullo, G.F. Pellicano, V. Rapisarda, G. Nunnari, C. Ledda (2020). Transmission mode
972 associated with coronavirus disease 2019: a review. *European Review for Medical and
973 Pharmacological Sciences*. 24: 7889-7904
- 974 [7] Habadi M I, Balla Abdalla T H, Hamza N, et al. (January 15, 2021) COVID-19 Reinfec-
975 tion. *Cureus* 13(1): e12730. doi:10.7759/cureus.12730
- 976 [8] Ivo M. Foppa. (2017). *A Historical Introduction to Mathematical Modeling of Infectious
977 Diseases, Seminal Papers in Epidemiology*. ELSEVIER. ACADEMIC PRESS.
- 978 [9] John Graunt .(1662). *Natural and Political Observations Made upon the Bills of Morta-
979 lity*.

-
- 980 [10] Kim Usher, Joanne Durkin, Navjot Bhullar (2002). The COVID-19 pandemic and men-
981 tal health impacts. *Mathematical Biosciences* 180 (2002) 29–48
- 982 [11] Klaus Dietz, J.A.P. Heesterbeek. (2002). Daniel Bernulli ´s epidemiological model re-
983 sited. *Mathematical Biosciences* 180. 1-21.
- 984 [12] Kopel J, Perisetti A, Roghani A, Aziz M, Gajendran M and Goyal H (2020) Ra-
985 cial and Gender-Based Differences in COVID-19. *Front. Public Health* 8:418. doi:
986 10.3389/fpubh.2020.00418.
- 987 [13] Maia Martcheva. (2010). *An introduction to Mathematical epidemiology*. Springer.
- 988 [14] Michael Y. Li. (2018). *An Introduction to Mathematical Modeling of Infectious Diseases*.
989 Springer
- 990 [15] Montgomery, Peck, Vining. (2006). *Introduccion Al Analisis De Regresion Linea*. Tercera
991 edici3n. Patria.
- 992 [16] Nicholas P. Jewell. (2004). *Statistics for Epidemiology*. CHAPMAN HALL/CRL.
- 993 [17] Palacios Cruz M. (2020). COVID-19, una emergencia de salud p3blica mundial. *Rev*
994 *Clin Esp*.
- 995 [18] Pasquale Cirillo, Nassim Nicholas Taleb. (2020). Tail risk of contagious diseases. *Nature*
996 *Physics*.
- 997 [19] P.CONTI, A. YOUNES (2020) Coronavirus Cov-19/SARS-CoV-2 affects women less
998 than men: Clinical response to viral infection. *JOURNAL OF BIOLOGICAL REGULA-*
999 *TORS HOMEOSTATIC AGENTS*,339-343.
- 1000 [20] Prof. Shlomo Maital, Ella Barzani (2020). *The Global Economic Impact of COVID-19:*
1001 *A Summary of Research*. Samuel Neaman Institute for National Policy Research.
- 1002 [21] P. van den Driessche, James Watmough (2002). Reproduction numbers and sub-
1003 threshold endemic equilibria for compartmental models of disease transmission. part.
1004 II. *Proc. R. Soc. Lond*, 138, 58-83.
- 1005 [22] R.A. Ross. (1911). *The prevention of malaria* (whit Addendum).
- 1006 [23] San Juan Gonz3lezJ., Gauna BelcuoreM., BernavaJ. L. (2020). Recomendaciones de
1007 diagn3stico y tratamiento de la respuesta inmune tromb3tica en pacientes con COVID-
1008 19. *Acta Acad3mica*, 66(Mayo), 109-122. Recuperado a partir de [http://revista.uaca.](http://revista.uaca.ac.cr/index.php/actas/article/view/345)
1009 [ac.cr/index.php/actas/article/view/345](http://revista.uaca.ac.cr/index.php/actas/article/view/345)
- 1010 [24] Secretaria de Salud. (Febrero, 28, 2020). 077. Se confirma en M3xico caso importado de
1011 coronavirus COVID- 19
- 1012 [25] Secretaria de Salud. [*@SSalud_mx*] (18,Marzo, 2020). 077. Hoy en Mexico falleci3 la
1013 primera persona con #COVID19. Inici3 sus s3ntomas el 9 de marzo y padeci3 diabetes.
1014 El Secretario de Salud expresa sus condolencias a sus familiares. Descanse en paz. Twitter.
1015 https://twitter.com/ssalud_mx/status/1240499937433006081

-
- 1016 [26] Theodore Kolokolnikov, David Iron. (2020). Law of mass action and saturation in SIR
1017 model with application to Coronavirus modelling. *Infectious Disease Modelling*. 91-97
- 1018 [27] Tiberiu Harko, Francisco S.N. Lobo, M.K. Mak. (2014) Exact analytical solutions of the
1019 Susceptible-Infected-Recovered (SIR) epidemic model and of the SIR model with equal
1020 death and birth rates. *Applied Mathematics and Computation*, 236, 184–194.
- 1021 [28] Ven Dr. Olganwantte Chandasiri (2020) The COVID-19: impact on education. *Inter-
1022 national Journal of Advanced Education and Research*, Volume 5; Issue 3; 2020; Page
1023 No. 13-14
- 1024 [29] Warwick McKibbin and Roshen Fernando (2020). *Economics in the Time of COVID-19*.
- 1025 [30] W.O. Kermack and A.G. McKendrick. (1933). A Contributions to the mathematical
1026 theory of epidemics, part. III. *Proc. R. Soc. Lond*, 138, 94-112.
- 1027 [31] W.O. Kermack and A.G. McKendrick. (1932). A Contributions to the mathematical
1028 theory of epidemics, part. II. *Proc. R. Soc. Lond*, 138, 58-83.
- 1029 [32] W.O. Kermack and A.G. McKendrick. (1927). A Contribution to the Mathematical
1030 Theory of Epidemics. *Proc. R. Soc. Lond*, 115, 700-721.
- 1031 [33] W.H. Hamer.(1906) Epidemics disease in England the evidence of variability and of
1032 persistence. *The Lancet*, 167. 733-738.
- 1033 [34] WHO. (2017). *Measles vaccines:WHO position paper*. No. 17. 205-228.
- 1034 [35] Xio Yao. Yong Liu. Guangming Lin. (1999). Evolutionary Programming Made Faster.
1035 *IEEE Transactions on evolutionary computation*, Vol. 3, No. 2
- 1036 [36] Yan-Rong Guo, Qing-Dong Cao, Zhong-Si Hong, Yuan-Yang Tan, Shou-Deng Chen,
1037 Hong-Jun Jin, Kai-Sen Tan, De-Yun Wang and Yan Yan. (2020) The origin, transmission
1038 and clinical therapies on coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak-an update on
1039 the status. *Military Medical Research*.
1040 <https://www.gob.mx/salud/prensa/077-se-confirma-en-mexico-caso-importado-de-coronavirus>
1041 [idiom=es](#)
- 1042 [37] Datos del gobierno de México sobre los casos de COVID-19. [https://datos.covid-19.
1043 conacyt.mx/#DownZCSV](https://datos.covid-19.conacyt.mx/#DownZCSV)
- 1044 [38] Datos proporcionados por la UNAM sobre los casos de COVID-19. [https://covid.
1045 repounam.org/data/esri/](https://covid.repounam.org/data/esri/)
- 1046 [39] Datos proporcionados por el INEGI. [https://www.inegi.org.mx/sistemas/olap/
1047 consulta/general_ver4/MDXQueryDatos.asp?proy=](https://www.inegi.org.mx/sistemas/olap/consulta/general_ver4/MDXQueryDatos.asp?proy=)
- 1048 [40] Datos proporcionados por worldometer. <https://www.worldometers.info/>
- 1049 [41] Datos proporcionados por la OMS [https://www.who.int/es/news/item/
1050 27-04-2020-who-timeline---covid-19](https://www.who.int/es/news/item/27-04-2020-who-timeline---covid-19)
-

-
- 1051 [42] Datos proporcionados por la OMS [https://www.who.int/news-room/commentaries/
1052 detail/modes-of-transmission-of-virus-causing-covid-19-implications-for-ipc-precau](https://www.who.int/news-room/commentaries/detail/modes-of-transmission-of-virus-causing-covid-19-implications-for-ipc-precau)
- 1053 [43] Datos proporcionados por la OMS [https://www.who.int/es/news-room/
1054 fact-sheets/detail/tuberculosis](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/tuberculosis)
- 1055 [44] Datos proporcionados por la OMS [https://www.who.int/es/news-room/
1056 fact-sheets/detail/malaria](https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/malaria)