

LAS MATEMÁTICAS QUE HAY DETRÁS DE LAS EPIDEMIAS MUNDIALES

Trabajo Fin de Grado

Grado en Farmacia, 2019-2020

Autora: Elisabet Febles Gámez

Tutora: Begoña Barrios Barrera.

Departamento de Análisis Matemático

Resumen

Actualmente estamos sufriendo una crisis sanitaria debido a la gran pandemia causada por el COVID-19. A lo largo del tiempo la humanidad ha sufrido diversas pandemias causadas por varias enfermedades como la peste negra, la viruela o el sida. Muchos matemáticos y epidemiólogos han colaborado, y lo hacen hoy en día, para comprender que pasará a lo largo del tiempo con estas enfermedades y cuáles son las mejores medidas para erradicarlas. Hay diversos modelos matemáticos que se encargan de modelizar el comportamiento de las mismas. En este trabajo hablaremos de algunos de los más sencillos y usados como son los modelos compartimentales SI, SIS y SIR, siendo este último el que se ajusta más a la situación actual del COVID-19. El objetivo de este trabajo es explicar en qué consisten los anteriores patrones matemáticos y cómo se utilizan para determinar lo que sucederá a largo tiempo para así tomar medidas prudentes que nos ayuden a controlar la propagación de las enfermedades.

Abstract

We are currently experiencing a health crisis due to the major pandemic caused by COVID-19. Over time, the humanity has suffered various pandemics caused by various diseases such as black plague, smallpox and AIDS. Many mathematicians and epidemiologists have collaborated, are still doing nowadays, to understand what will happen over time with these diseases and what are the best measures to eradicate them. There are several mathematical models that are in charge of modeling the behavior of these. In this paper I will explain some of the simplest and most used as are the compartmental models SI, SIS and SIR, the latter being the one that best fits the current situation of the COVID-19. The aim of this work is to explain what the previous mathematical patterns consist of and how they are used to determine what will happen over a long time in order to take prudent measures to help us to control the spread of diseases.

Índice

1. INTRODUCCIÓN.....	4
2. MODELOS COMPARTIMENTALES.....	6
2.1 MODELO SI.....	6
2.2 MODELO SIS.....	9
2.3 MODELO SIR.....	13
3. COVID-19.....	18
4. CONCLUSIÓN.....	23
5. BIBLIOGRAFÍA.....	23

1. Introducción e historia de los modelos de epidemiología

Introducción

En la actualidad estamos sufriendo una gran crisis sanitaria a nivel mundial, debido al COVID-19 que está generando una pandemia, es el virus SARS-CoV-2 que viene de la familia coronavirus. Sus principales síntomas son los parecidos a una gripe tales como tos, dolor de garganta, fiebre, disnea, dolor de cabeza, malestar general. Actualmente no hay tratamiento alguno para esta enfermedad, pero se está investigando una vacuna y la eficacia del fármaco Remdesvir.

Esta gran epidemia, que se inició en China se ha propagado rápidamente a todos los continentes del mundo. En España y en otros países, se han tomado medidas de protección para minimizar el número de infectados, como el confinamiento en los hogares de toda la población que tuvimos durante la pasada primavera.

Una epidemia se produce cuando una enfermedad infecciosa se propaga rápidamente en una población y puede afectar a un gran número de personas durante un periodo de tiempo concreto. El término pandemia aparece cuando el brote epidémico afecta a más de un continente y los casos de cada país no son importados sino provocados por transmisión comunitaria como está ocurriendo con el COVID-19.

La epidemiología es el estudio de la distribución y los determinantes de la prevalencia de la enfermedad y sus objetivos principales son saber la distribución de la enfermedad, identificar las causas o factores de riesgo de la misma, construir y probar teorías y planificar programas de detección, control y prevención.

Los modelos matemáticos son fundamentales para predecir el número total de infectados por una enfermedad, la propagación de la misma y ayudar en la toma de medidas de prevención. Actualmente, mientras este trabajo está siendo realizado, muchos matemáticos, informáticos, estadísticos y epidemiólogos están trabajando y colaborando para llegar a predecir y cuantificar los nuevos casos de infectados por el COVID-19 y determinar cuál será el comportamiento de la pandemia para saber qué medidas tomar y evitar el colapso del sistema sanitario español. El Instituto Nacional de Estadística

(INE), por ejemplo, ha calculado los riesgos epidémicos a nivel de municipios utilizando el modelo de propagación de epidemias basado en la movilidad entre municipios de la población activa de España.

Historia de la epidemiología y la modelización matemática

A lo largo de la historia, el mundo ha sufrido distintas epidemias y pandemias que han alterado notablemente la vida de la población mundial. La peste negra se sufrió en Europa entre los años 1346 y 1347. Esta plaga procedente de Asia por culpa de una zoonosis, de ratas a humanos, llegó a propagarse por toda Europa causando millones de muertos. La viruela, enfermedad contagiosa que se cree que tuvo lugar en la India o Egipto hace 3000 años, se extendió hacia Asia, África y Europa, llegando por último a América en el siglo XVI cuando los españoles llegaron para conquistarla. Sólo en Europa la viruela ocasionó 60 millones de muertes durante los siglos XVIII y XX. Entre las pandemias más recientes de la historia de la humanidad se encuentra la creada por el SIDA (VIH) que comenzó en junio de 1981 en la ciudad de Los Ángeles. En la actualidad, 37,9 millones de personas padecen VIH.

Numerosos científicos han realizado contribuciones fundamentales en la modelización de las epidemias a lo largo de la historia. En 1766 el matemático Daniel Bernoulli propuso el primer modelo matemático para modelizar la viruela evaluando además la utilidad de la vacunación contra la misma. Posteriormente el médico escocés Ronald Ross recibió un premio Nobel de medicina en 1902 por su modelo matemático para ayudar a combatir la malaria. En el año 1927, Kermack y MaKendrick publicaron varios trabajos sobre modelos epidémicos y obtuvieron el famoso resultado que determina el umbral epidémico que será explicado en este trabajo.

Dentro de los modelos matemáticos para estudiar las epidemias destacamos los deterministas (no estocásticos) que son modelos matemáticos de los cuales se conoce con anterioridad y exactitud los valores de los parámetros.

Los modelos compartimentales son un tipo de modelo determinista en el que los distintos grupos de personas de una población se agrupan en compartimento dependiendo de su salud. Hay diversos modelos compartimentales, aunque en este trabajo hablaremos de los tres más importantes y comunes que son los siguientes:

-Modelo SI, en el que la población se divide en susceptibles (S) e infectados (I) y en el que un susceptible, una persona sana que puede llegar a enfermarse, se llega a infectar siendo la enfermedad permanente (sin recuperación). Ejemplo: el SIDA.

-Modelo SIS, en el que dividimos a la población como en el modelo SI pero en este caso la persona infectada se llega a recuperar sin quedar inmune. Ejemplo: la malaria.

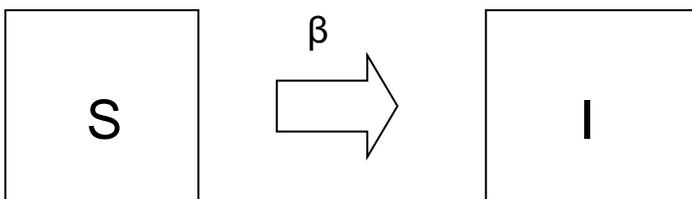
-Modelo SIR, en este caso, la persona que ha sido infectada, se recupera pero no puede ser infectada otra vez, es decir, se hace inmune. Ejemplo: Infección por el virus COVID-19. Nota: Actualmente se cree que lo anterior es cierto, pero no hay suficientes datos para llegarlo a concluir ya que se está estudiando si el virus causante de la enfermedad puede llegar a contagiar de nuevo a un individuo que ya ha padecido la enfermedad.

2. Modelos compartimentales.

Todos los modelos que presentaremos se rigen por la Ley de Masa que afirma que la velocidad de una reacción química es directamente proporcional a las concentraciones de los reactivos. Además en nuestra modelización supondremos que la población es cerrada.

2.1 Modelo SI

El modelo SI es el modelo más sencillo de todos, pues agrupamos a la población en susceptibles (S) e infectados (I). La persona sana se convierte en infectada y no llega a recuperarse.



Para modelizar el SI, teniendo en cuenta la Ley de Masas, obtenemos una Ecuación Diferencial Ordinaria (EDO) que afirma que la velocidad con la que dejamos de ser susceptibles ($\frac{dS}{dt}$) es proporcional a la cantidad de susceptibles (S) por la cantidad de infectados (I) y el factor β (tasa de contagios) con signo negativo debido a la pérdida de susceptibles. Suponemos para la modelización que en el momento en que empieza la epidemia el número inicial de susceptibles es una cantidad fija S_0 . Por otro lado, en el caso de los infectados la velocidad con la que los individuos se infectan ($\frac{dI}{dt}$) es proporcional a la

cantidad de susceptibles (S) por la cantidad de infectados (I) por el factor β (tasa de contagios) pero con signo positivo porque, debido a la enfermedad, están aumentando el número de infectados. Del mismo modo supondremos que hay un número inicial de infectados I_0 .

Lo anterior puede representarse mediante el siguiente sistema de EDO's de orden dos

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{ds}{dt} = -\beta S(t) I(t), \\ S(0) = S_0 > 0, \\ \frac{dI}{dt} = +\beta S(t) I(t), \\ I(0) = I_0 > 0, \end{array} \right.$$

Por la hipótesis de que la población es cerrada obtenemos

$$\frac{dI}{dt} = +\beta I (N-I),$$

que es una EDO'S de variables separadas que equivalentemente escribimos como

$$\frac{dI}{I(N-I)} = \beta dt.$$

Integrando a ambos lados y usando el método de fracciones simples para resolver la integral, obtenemos

$$\int \frac{dI}{I(N-I)} = \beta t + C \Leftrightarrow \int \frac{1/N}{I} dI + \int \frac{1/N}{N-I} dI = \beta t + C \Leftrightarrow \frac{1}{N} \ln(I) - \frac{1}{N} \ln(N-I) = \beta t + C \Leftrightarrow \frac{1}{N} \ln\left(\frac{I}{N-I}\right) = \beta t + C,$$

siendo C una constante arbitraria que tendremos que determinar. Usando ahora propiedades básicas de la función Logaritmo Neperiano obtenemos

$$\ln\left(\frac{I}{N-I}\right) = N \beta t + C.$$

Elevando a la función exponencial en ambos miembros concluimos que

$$\frac{I(t)}{N-I(t)} = e^{N\beta t + C} = e^C e^{N\beta t} = \tilde{C} e^{N\beta t},$$

De donde

$$I(t) = \tilde{C} (N - I(t)) e^{N\beta t} \Leftrightarrow I(t) [1 + \tilde{C} e^{N\beta t}] = \tilde{C} N e^{N\beta t},$$

O, lo que es lo mismo, de manera explícita el número de infectados para cada tiempo es

$$I(t) = \frac{\tilde{C} N e^{N\beta t}}{1 + \tilde{C} e^{N\beta t}}.$$

Para determinar el valor de \tilde{C} usaremos que $I(0) = I_0$ y la propiedad $e^0 = 1$. En efecto sustituyendo $t = 0$ nos queda

$$I_0 = I(0) = \frac{\tilde{C} N}{1 + \tilde{C}} \Leftrightarrow (1 + \tilde{C}) I_0 = \tilde{C} N \Leftrightarrow \tilde{C} \frac{N}{I_0} = 1 + \tilde{C} \Leftrightarrow \tilde{C} \left(\frac{N}{I_0} - 1 \right) = 1,$$

de donde

$$\tilde{C} = \frac{I_0}{N - I_0}.$$

Sustituyendo dicho valor en la ecuación de $I(t)$ obtenemos finalmente

$$I(t) = \frac{\frac{I_0 N}{N - I_0} e^{N\beta t}}{1 + \frac{I_0}{N - I_0} e^{N\beta t}} = \frac{I_0 N e^{N\beta t}}{(N - I_0) + I_0 e^{N\beta t}}$$

Para saber qué es lo que ocurrirá a largo plazo, tomamos el límite en la solución explícita, ($t \rightarrow \infty$). Como la función exponencial es creciente, resolviendo la indeterminación matemática obtenemos,

$$\lim_{t \rightarrow \infty} = \frac{I_0 N e^{N\beta t}}{(N - I_0) + I_0 e^{N\beta t}} = \left[\frac{\infty}{\infty} \right] = \frac{I_0 N}{I_0} = N.$$

Es decir, se deduce que a largo plazo se espera que el número de infectados sea igual al número total de individuos de la población. Lo anterior puede verse gráficamente usando cálculo numérico tal y como indican las siguientes figuras.

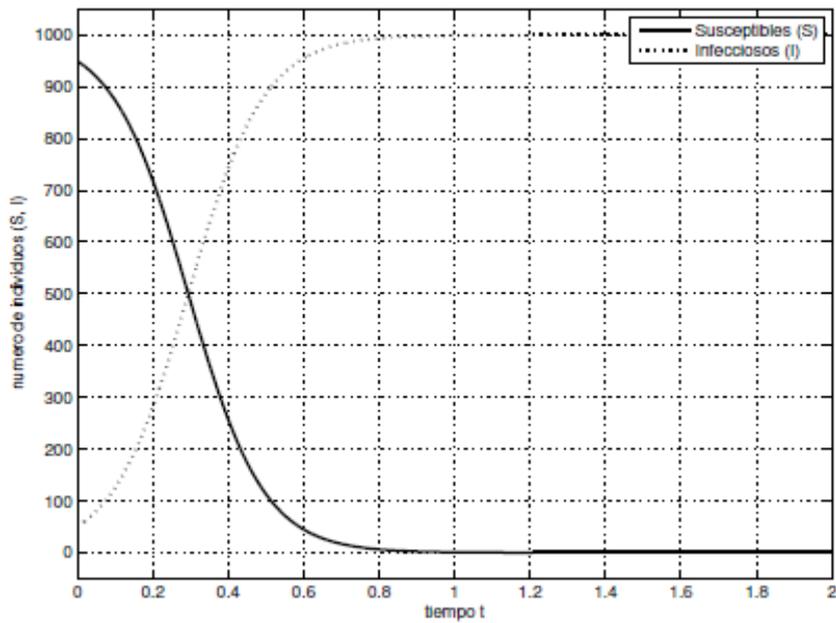
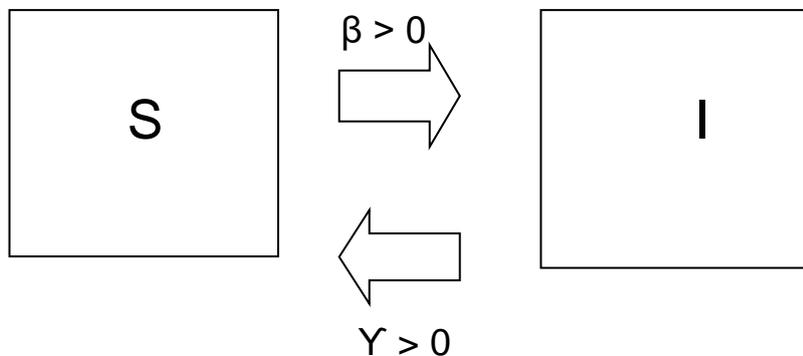


Figura 1: Representación gráfica del modelo SI, en el que $\beta=0.01$, $S(0) = 950$, $I(0) = 50$ y $N = 1000$. Tal y como el modelo matemático predice, se observa que a medida que el tiempo aumenta, los susceptibles disminuyen y en cambio los infectados van aumentando. {1}

2.2 Modelo SIS

El modelo SIS contempla a los susceptibles (S) y por otro a los infectados (I), como en el modelo SI, pero en este caso, los infectados llegan a recuperarse, a una velocidad que depende de un nuevo parámetro γ , y vuelven a ser susceptibles.



Para modelizar el SIS, tenemos en cuenta al igual que en el modelo SI, la Ley de Masas, obteniendo así un sistema de EDO'S de orden dos en el que

aparece como nuevo parámetro el factor γ (tasa de recuperación) con distinto signo según estén aumentando los susceptibles y disminuyendo los infectados:

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t)I(t) + \gamma I(t), \\ S(0) = S_0 > 0 \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t)I(t) - \gamma I(t), \\ I(0) = I_0 > 0. \end{array} \right.$$

Usando de nuevo la hipótesis de que la población es cerrada del sistema anterior obtenemos que

$$\frac{dI}{dt} = \beta (N - I(t)) I(t) - \gamma I(t),$$

de donde

$$\frac{dI}{\beta (N - I(t)) I(t) - \gamma I(t)} = dt.$$

Integrando a ambos lados y usando, de nuevo, el método de fracciones simples para resolver la integral, obtenemos

$$\int \frac{dI}{I(t)[\beta (N - I(t)) - \gamma]} = \int dt \Leftrightarrow \int \frac{dI}{I(t)[\beta (N - I(t)) - \gamma]} = t + C$$

$$\Leftrightarrow \int \frac{1/\beta N - \gamma}{I(t)} dI + \int \frac{\beta/\beta N - \gamma}{\beta(N - I(t)) - \gamma} dI = t + C$$

$$\Leftrightarrow \frac{1}{\beta N - \gamma} \left(\ln \left(\frac{I(t)}{\beta(N - I(t)) - \gamma} \right) \right) = t + C,$$

siendo C una constante arbitraria que tendremos que determinar. Usando ahora propiedades básicas de la función Logaritmo Neperiano obtenemos

$$\ln \left(\frac{I(t)}{\beta(N - I(t)) - \gamma} \right) = (\beta N - \gamma) t + C.$$

Elevando a la función exponencial en ambos miembros concluimos que

$$\frac{I(t)}{\beta(N-I(t))-\gamma} = e^{(\beta N - \gamma)t + C} = e^{(\beta N - \gamma)t} \tilde{C},$$

de donde obtenemos la fórmula explícita del número de infectados en un tiempo $t > 0$

$$I(t) = \frac{\tilde{C} (\beta N - \gamma) e^{(\beta N - \gamma)t}}{1 + \tilde{C} \beta e^{(\beta N - \gamma)t}} = \frac{\tilde{C} (\beta N - \gamma)}{\tilde{C} \beta + e^{-(\beta N - \gamma)t}}.$$

Para determinar el valor de \tilde{C} usaremos que $I(0) = I_0$ y la propiedad $e^0 = 1$ obteniendo

$$\tilde{C} = \frac{I_0}{\beta N - \gamma - \beta I_0}.$$

Por tanto el número total de infectados en un tiempo $t > 0$ viene dado por

$$I(t) = \frac{\beta N - \gamma}{\beta + \left(\frac{\beta N - \gamma}{I(0)} - \beta \right) e^{-(\beta N - \gamma)t}}$$

Como ya sabemos lo importante es conocer qué ocurrirá con el número de infectados a largo plazo y para ello, al igual que hicimos en el modelo SI, tomamos el límite en la solución explícita, $t \rightarrow \infty$. Observamos que pueden ocurrir varias cosas dependiendo del signo del exponente de la función exponencial:

- 1) Si $(\beta N - \gamma)$ es positivo la exponencial tenderá a cero y por tanto al resolver la indeterminación matemática obtendremos

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = \frac{\beta N - \gamma}{\beta + 0} > 0.$$

Es decir, la cantidad de infectados a largo plazo es positiva y va a depender de β , N y γ . Por lo tanto, siempre va a haber infectados y nos encontraríamos ante una epidemia. Observamos que lo anterior ocurre de manera equivalente cuando $\beta N > \gamma$ o cuando $R_0 := \frac{\beta N}{\gamma} > 1$. A este valor R_0 se le conoce como número reproductivo básico e indica el número esperado de contactos infecciosos que realiza un infectado.

Esta situación puede verse gráficamente usando cálculo numérico tal y como indican las siguientes figura.

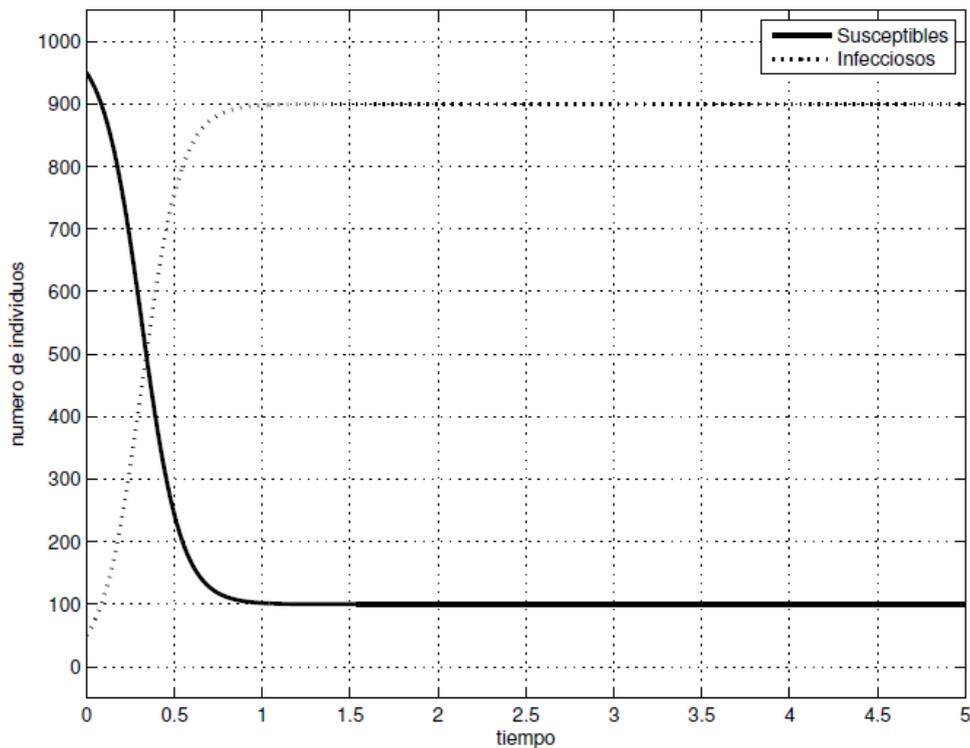


Figura 2. Representación gráfica del modelo SIS cuando $\beta N - \gamma > 0$, en el que $\beta=0.01$, $\gamma= 1$, $R_0 = 10$, $S(0) = 950$, $I(0) = 50$ y $N = 1000$. Tal y como el modelo matemático predice, se observa que a medida que el tiempo aumenta, los susceptibles disminuyen y en cambio los infectados van aumentando. {1}

- 2) Si $(\beta N - \gamma)$ es negativo la exponencial tenderá a más infinito obteniéndose por tanto

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = \frac{\beta N - \gamma}{\infty} = 0,$$

esto es, la cantidad de infectados a largo plazo es cero y, por lo tanto, no habría epidemia tal como se puede ver en la Figura 3.

Como ya observamos anteriormente, dicha situación es obtenida cuando, de manera equivalente, $R_0 := \frac{\beta N}{\gamma} < 1$.

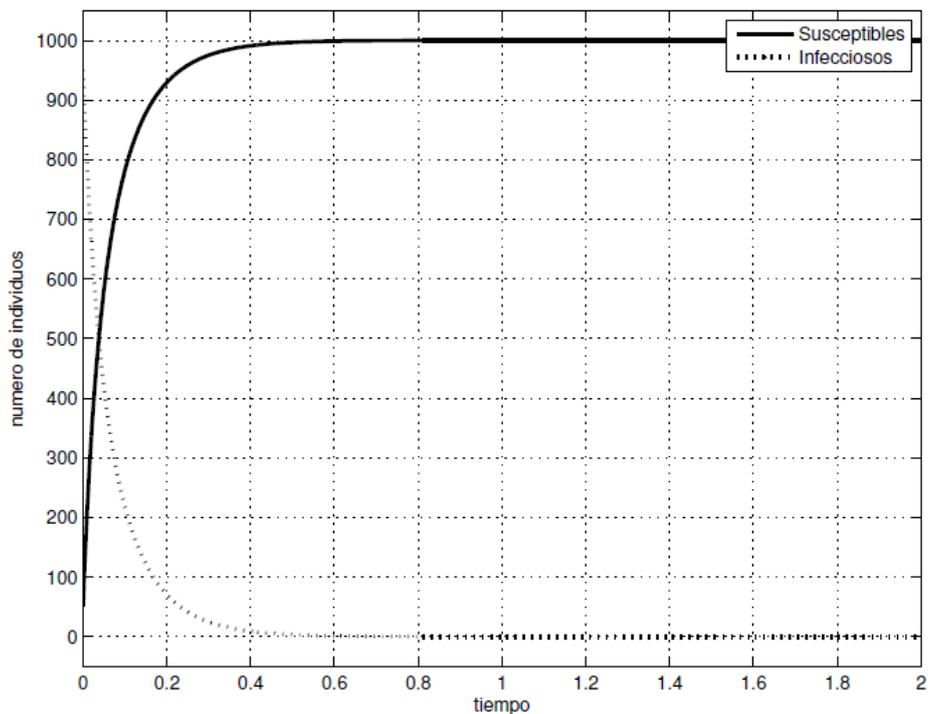


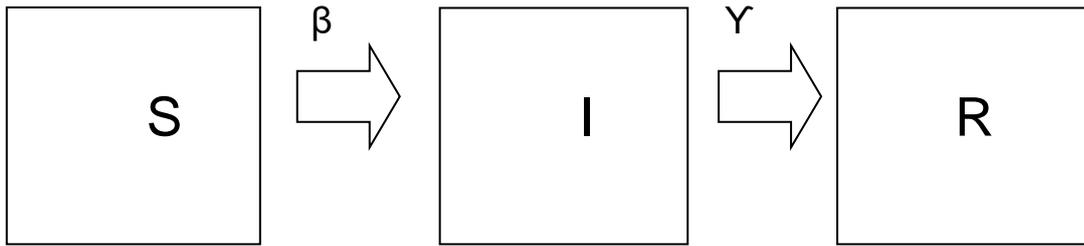
Figura 3. Representación gráfica del modelo SIS cuando $\beta N - \gamma < 0$, en el que $\beta=0.01$, $\gamma= 20$, $R_0 = \frac{1}{2}$, $S(0) = 950$, $I(0) = 50$ y $N = 1000$. Tal y como el modelo matemático predice, se observa que a medida que el tiempo aumenta, los susceptibles aumentan y en cambio los infectados van disminuyendo. {1}

La situación anterior, es decir la dependencia del valor R_0 para determinar el hecho de que haya o no pandemia, da lugar al conocido

Teorema del Umbral (Kermack y McKendrick, 1927): Cuando $R_0 \leq 1$ la enfermedad se extingue. Si $R_0 > 1$ la enfermedad permanece en la población creándose una enfermedad endémica.

2.3 Modelo SIR

En el modelo SIR además de los susceptibles (S) e infectados (I) se contempla que estos últimos puedan recuperarse (R) y adquieran inmunidad. Este modelo, modeliza algunas enfermedades más complejas y actuales como la generada por el COVID-19 tal y como explicamos en la introducción de esta memoria.



Siguiendo de nuevo la Ley de Masas, el modelo SIR puede modelizarse mediante el siguiente sistema de orden tres

$$\left\{ \begin{array}{l} \frac{dS}{dt} = -\beta SI, \\ S(0) = S_0 > 0, \\ \frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I, \\ I(0) = I_0 > 0, \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I, \\ R(0) = 0. \end{array} \right.$$

A diferencia de lo que ocurría en los modelos SI y SIS, aquí la población total, que suponemos cerrada, sería, $N=S+I+R$. Como en este sistema va a ser muy complicado obtener la solución explícita de la función que nos da el número de infectados en cada tiempo, analizaremos el sistema de manera cualitativa, es decir, obtendremos una conclusión de cómo será la función $I(t)$ sin conocer su fórmula explícita. Para ello observamos que, por un lado, es claro que $\frac{dS}{dt} \leq 0$, por lo que el número de susceptibles decrece a medida que el tiempo transcurre, en particular, $S(0) \geq S(t) \geq 0$. Por el contrario, como $\frac{dR}{dt} \geq 0$, el número de individuos recuperados a lo largo del tiempo crecerá y $R(0) \leq R(t)$. Por último observamos que

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

por lo que, como $I(t) \geq 0$, analizando el signo del paréntesis $(\beta S(t) - \gamma)$ obtendremos dos situaciones diferentes:

- a) Si $(\beta S(t) - \gamma) < 0$, esto es $S(t) \leq \frac{\gamma}{\beta}$, entonces $\frac{dI}{dt} \leq 0$ e $I(t)$ decrece.
- b) Si $(\beta S(t) - \gamma) > 0$, o equivalentemente $S(t) \geq \frac{\gamma}{\beta}$, entonces $\frac{dI}{dt} \geq 0$ e $I(t)$ crece.

Por tanto, cuando $S(0) \leq \frac{\gamma}{\beta}$, como los susceptibles a lo largo del tiempo decrecen, es claro que $S(t) \leq \frac{\gamma}{\beta}$, teniéndose entonces que $I(t)$ decrece a cero no formándose así una epidemia (ver Figura 5). Por el contrario, cuando $S(0) > \frac{\gamma}{\beta}$, ocurrirá que $S(t) > \frac{\gamma}{\beta}$ durante un periodo de tiempo (siendo $I(t)$ creciente en dicho periodo), pero al ser siempre la $S(t)$ decreciente, llega un momento en el que los susceptibles están por debajo de $\frac{\gamma}{\beta}$ comenzando entonces así el número de infectados a decrecer e irse a cero (ver Figura 6).

Lo anterior nos lleva a enunciar el

Teorema del Umbral (SIR): Sea $Re := \frac{S_0\beta}{\gamma}$. Si $Re \leq 1$ entonces $I(t)$ decrece a cero ($\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$) y la enfermedad se extingue. Si $Re > 1$ entonces $I(t)$ comienza creciendo y habría una epidemia alcanzándose un punto máximo pero luego empezaría a decrecer a cero extinguiéndose así la epidemia.

En algunos casos se habla del R_0 , introducido en el modelo SIS, o del Re indistintamente porque en muchas situaciones ambos valores son muy similares (ver tabla de Figura 4) como por ejemplo ocurre en el caso de la actual epidemia generada por el COVID-19. En efecto, si suponemos que N es muy grande y que toda la población es susceptible, podemos suponer sin pérdida de generalidad que $S(0) = N-1$, $I(0) = 1$ y $R(0) = 0$.

$$\text{Entonces } Re = \frac{(N-1)\beta}{\gamma} \approx \frac{N\beta}{\gamma} = R_0.$$

<i>Infectious Disease</i>	<i>Host</i>	<i>Estimated R_0</i>	<i>Reference</i>
FIV	Domestic Cats	1.1–1.5	Smith (2001)
Rabies	Dogs (Kenya)	2.44	Kitala et al. (2002)
Phocine Distemper	Seals	2–3	Swinton et al. (1998)
Tuberculosis	Cattle	2.6	Goodchild and Clifton-Hadley (2001)
Influenza	Humans	3–4	Murray (1989)
Foot-and-Mouth Disease	Livestock farms (UK)	3.5–4.5	Ferguson et al. (2001b)
Smallpox	Humans	3.5–6	Gani and Leach (2001)
Rubella	Humans (UK)	6–7	Anderson and May (1991)
Chickenpox	Humans (UK)	10–12	Anderson and May (1991)
Measles	Humans (UK)	16–18	Anderson and May (1982)
Whooping Cough	Humans (UK)	16–18	Anderson and May (1982)

Figura 4. En esta tabla se muestran algunos valores orientativos del R_0 para algunas enfermedades que se rigen por el modelo SIR. {4}

Para concluir esta sección, a modo de ejemplo de las conclusiones matemáticas comentadas anteriormente, presentamos las siguientes figuras:

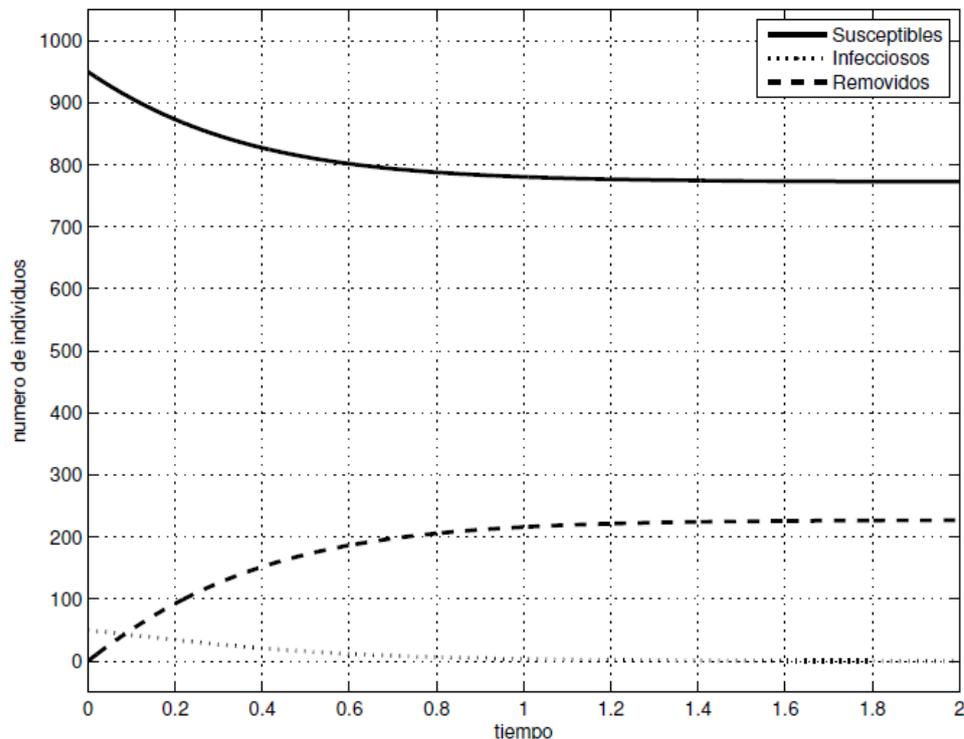


Figura 5. Representación gráfica del modelo SIR cuando $S(0) \leq \frac{\gamma}{\beta}$, usando $\beta=0.01$, $\gamma=11$, $R_0=0.90$, $S(0)=950$, $I(0)=50$, $R(0)=0$ y $N=1000$. Tal y como el modelo matemático predice, se observa que a medida que el tiempo transcurre, los susceptibles disminuyen, los

recuperados van aumentando y los infectados van disminuyendo por tenerse que $S(t) \leq \frac{\gamma}{\beta}$ en todo tiempo. {1}

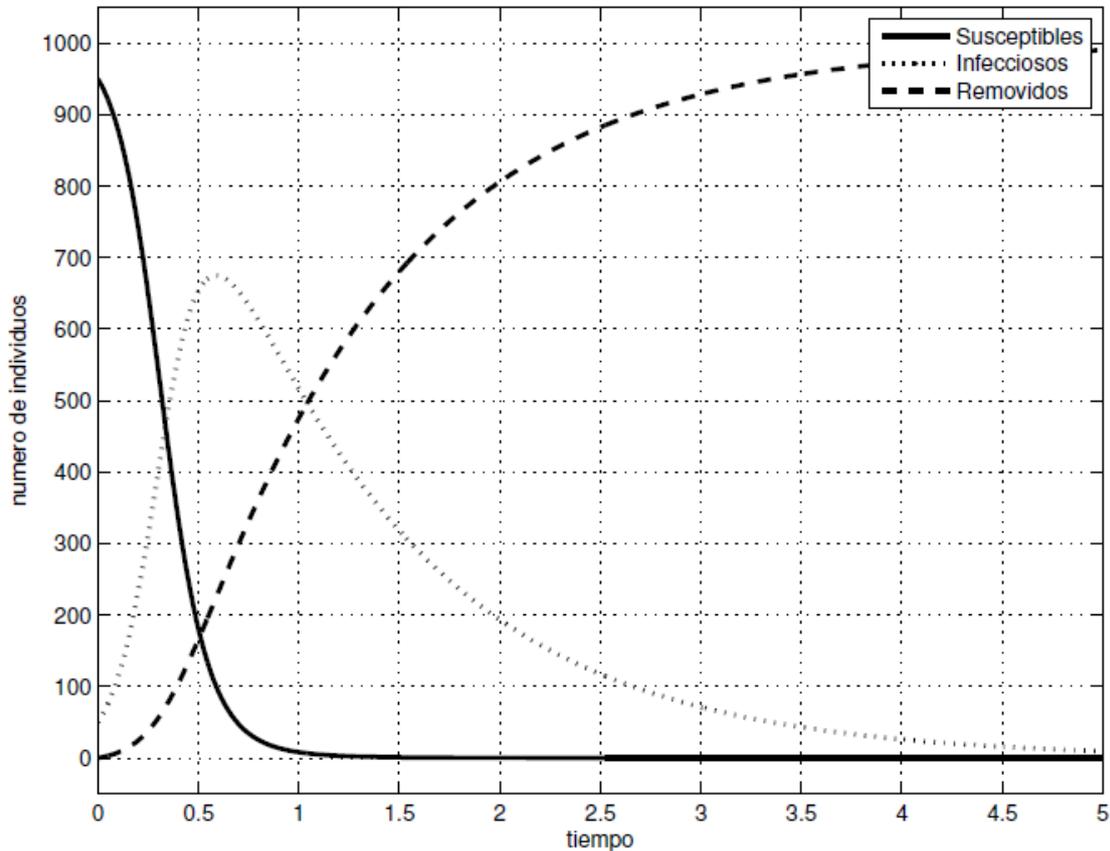
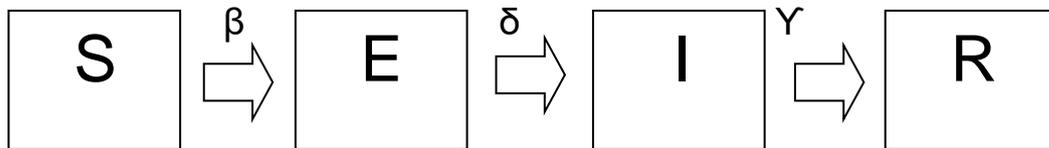


Figura 6. Representación gráfica del modelo SIR con $\beta=0.01$, $\gamma=1$, $R_0=10$, $S(0)=950$, $I(0)=50$, $R(0)=0$ y $N=1000$. Tal y como el modelo matemático predice, se observa que a medida que el tiempo aumenta, los susceptibles disminuyen, los recuperados van aumentando y los infectados van aumentando mientras $S(t) > \frac{\gamma}{\beta}$ pero luego empiezan a disminuir a lo largo del tiempo. {1}

3. COVID-19.

Como hemos dicho al inicio de este trabajo, el modelo SIR es uno de los modelos matemáticos más utilizados y que se cree actualmente que se puede ajustar a la enfermedad del COVID-19. Hay otro modelo que puede ajustarse a la misma, el SEIR, en el que además de susceptibles, infectados y recuperados, se tiene en cuenta otra nueva clase, los expuestos $E(t)$, que son las personas que portan la enfermedad que están en periodo de incubación, no muestran síntomas y tampoco pueden infectar a otras personas (si un individuo no presenta síntomas pero sí puede contagiar a otros lo contabilizamos en $I(t)$, no en $E(t)$).

En dicha modelización entraría un nuevo parámetro (δ) que sería el tiempo promedio de incubación.



Debido a los estudios que se han llevado a cabo usando los modelos matemáticos se ha podido predecir la evolución del número de casos del COVID-19 en los distintos países y ver las diferencias que hay entre los que llegaron a tomar medidas para intentar frenar la epidemia y los que no. Observamos que estos modelos ayudan también a comprender si la introducción de medidas, como el confinamiento de toda la población, ocasiona cambios favorables.

Las siguientes gráficas muestran el comportamiento de la epidemia a lo largo del tiempo en diversos países como Japón (Figura 7) o Italia (Figura 8).

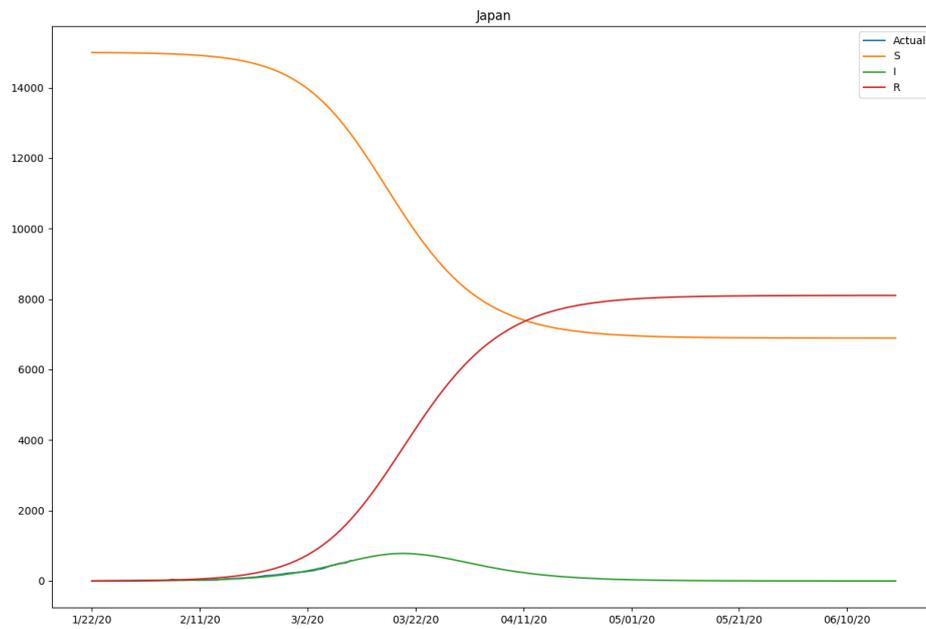


Figura 7. Representación gráfica de la modelización del comportamiento de la epidemia en Japón a lo largo del tiempo y de la situación real durante enero-abril. Observamos que la situación real se ajustó tanto al modelo matemático que las gráficas verde-azul casi no se distinguen. {13}

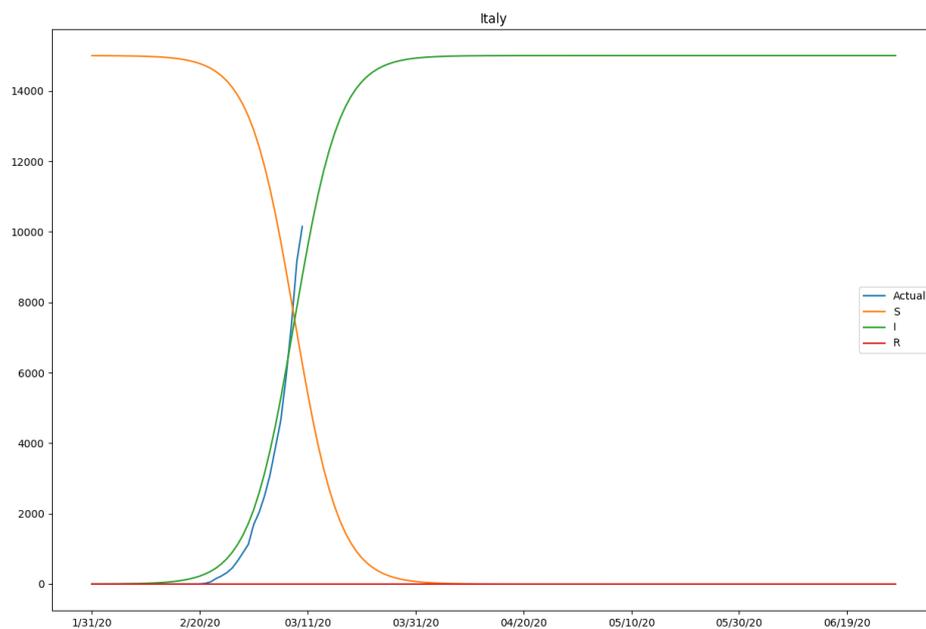


Figura 8. Representación gráfica del la modelización del comportamiento de la epidemia en Italia a lo largo del tiempo y de la situación real durante enero-abril observándose que hay gran coincidencia entre la modelización y la realidad. {13}

El número de infectados en España desde el principio de la epidemia en enero del 2020 fue creciendo notablemente (Figura 9). Los casos confirmados en España a lo largo del mes de marzo se fueron incrementando de manera muy rápida (parámetro $R_0 > 1$). Se observa (Figura 10) que los resultados se asemejan mucho a lo predicho por los modelos matemáticos.

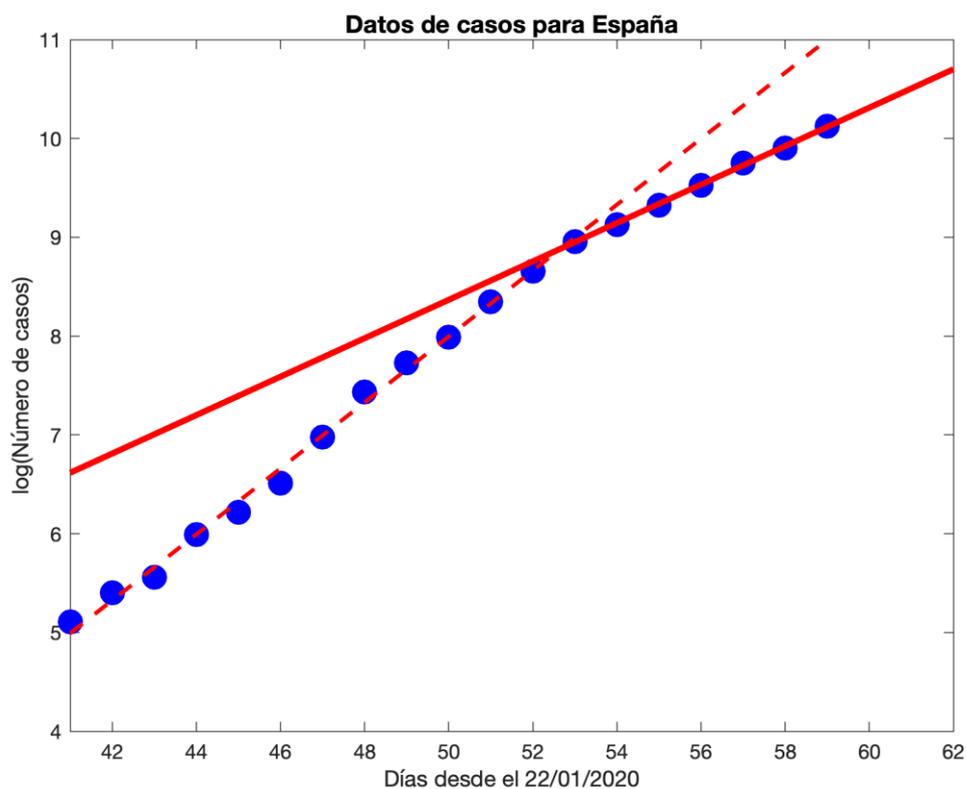


Figura 9. Casos confirmados de COVID-19 en España (círculos azules) en escala logarítmica. Se muestra también los resultados predictivos calculados usando los cuatro últimos días (línea roja) y los datos anteriores (líneas rojas discontinuas). {6}

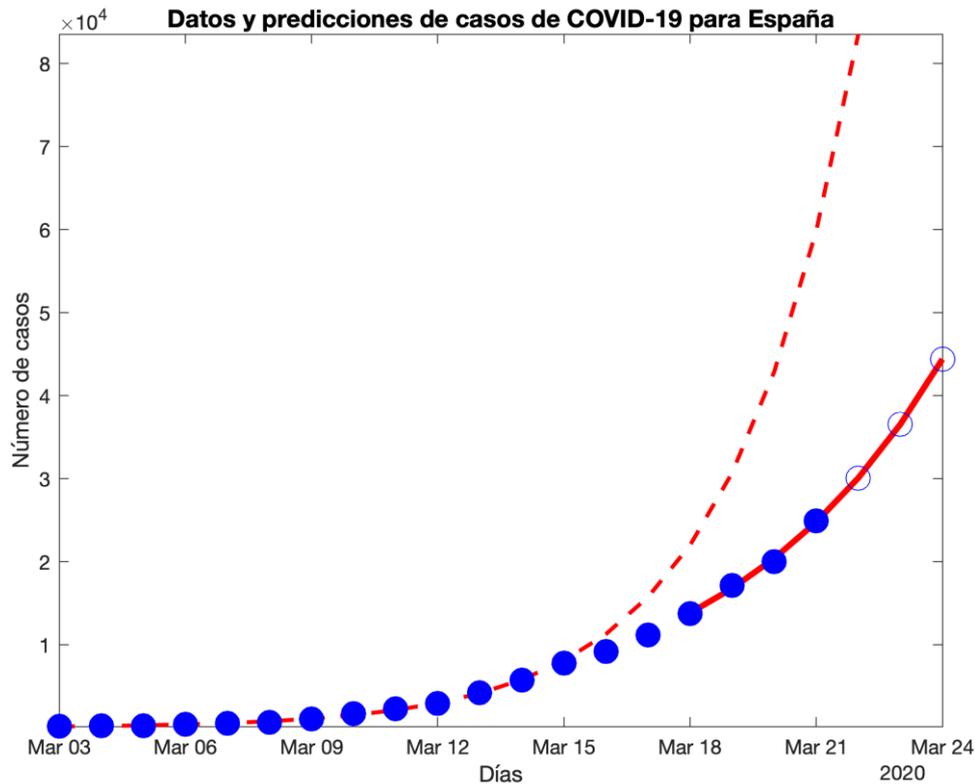


Figura 10. Casos confirmados de Covid-19 en España (círculos azules) y la predicción del modelo matemático para los próximos 3 días (círculos azules vacíos). {6}

El día 14 de marzo, que fue cuando se declaró el estado de alarma en toda España, había 7527 casos confirmados de afectados por el COVID-19. Tan sólo seis días después se confirmaron 10858 casos. A finales de marzo, debido a las medidas preventivas, la tasa de crecimiento de personas infectadas empezó a ser menor. El 20 de abril 1608 personas se confirmaban como nuevos positivos, el 20 de mayo únicamente 438 y el 20 de junio tan sólo 240. Como se puede observar las medidas radicales tomadas bajo el estado de alarma fueron efectivas desde un punto de vista sanitario. Lamentablemente a principios de julio los casos diarios del COVID-19 fueron aumentando de nuevo produciéndose así una nueva oleada de contagios en la que estamos inmersos. Como ejemplo mencionamos que el día 20 de julio hubo 2251 casos y un mes más tarde ya se registraron 7825 casos nuevos. Los casos diarios siguen siendo elevados y superan incluso los obtenidos en primavera (ver Figuras 11 y 12) aunque los que requieren ingresos hospitalarios son menores en esta nueva normalidad en la que es obligatorio el uso de mascarillas y se han reducido el número máximo de personas en espacios cerrados y abiertos.

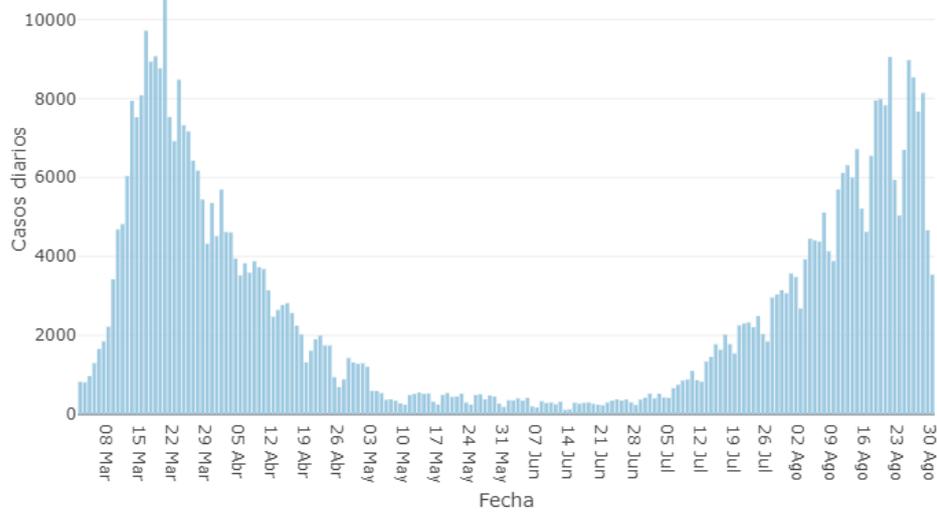


Figura 11. Curva epidémica de la pandemia en España. {14}

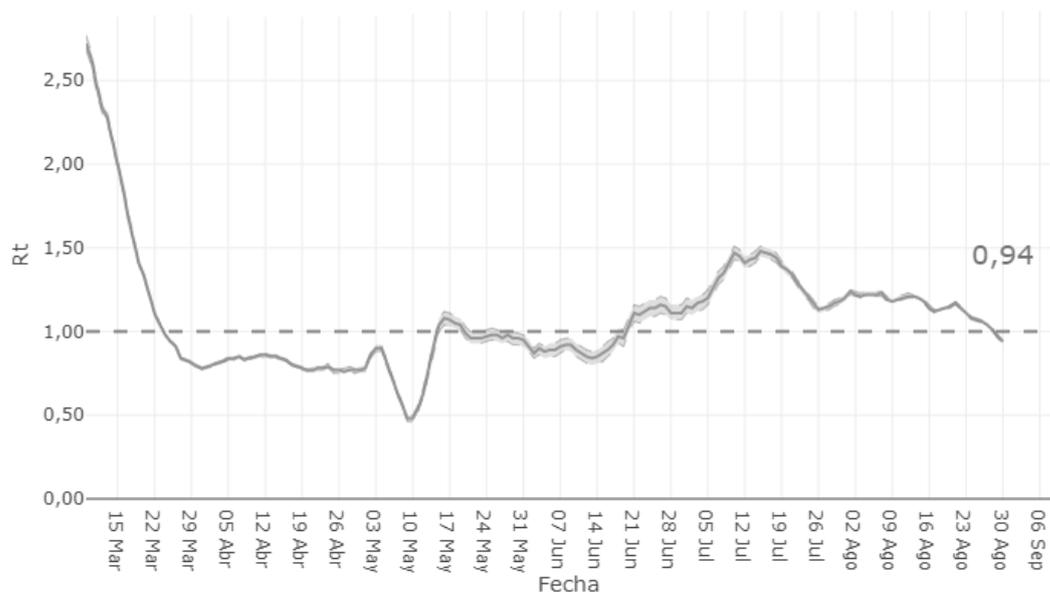


Figura 12. Número reproductivo básico instantáneo ($R_t=R_0$). {14}

4. Conclusiones

El mundo ha sufrido diversas pandemias que se han cobrado la vida de millones de personas. En la actualidad el COVID-19 es el causante de la pandemia mundial que estamos sufriendo a día de hoy. La modelización matemática es clave para predecir lo que ocurrirá con ciertas enfermedades y adoptar medidas para frenar la evolución de la misma. En toda modelización matemática se trabaja con esquemas que se ajustan bastante a la realidad aunque debemos tener en cuenta que, las suposiciones adoptadas, hacen que los resultados obtenidos entre la modelización y la realidad no siempre coincidan, aunque sí se aproximen lo suficiente para obtener buenas conclusiones.

5. Bibliografía

1. Raimund Burger, *Introducción al modelamiento en biomatemática*, Centro de Investigación en Ingeniería Matemática (CI2MA) & Departamento de Ingeniería Matemática. Facultad de Ciencias Físicas y Matemáticas. Universidad de Concepción Casilla 160-C Concepción, Chile, 2012.

2. José Manuel Gutiérrez y Juan Luis Varona, *Análisis de la posible evolución de la epidemia de coronavirus COVID-19 por medio de un modelo SEIR*, Departamento de Matemáticas y Computación, Universidad de La Rioja, 2020.

3. Herbert W. Hethcote, *The basic epidemiology models: models, expressions for R_0 , parameter estimation, and applications*, Department of Mathematic, University of Iowa 14 Maclean Hall Iowa City, Iowa 52242, USA, 2008.

4. Matt J. Keeling and Pejman Rohani, *Modeling Infectious Diseases. In humans and animals*, Princeton University Press, 41 William Street, Princeton, New Jersey 08540 In the United Kingdom: Princeton University Press, 3 Market Place, Woodstock, Oxfordshire OX20 1SY, 2008.

5. Vicente Martínez García, *Informe sobre la aplicabilidad de un modelo SIR a la epidemia del virus COVID-19*, Departamento de Matemáticas, Instituto de Matemáticas y Aplicaciones de Castelló, Universitat Jaume I, 2020.

6. Víctor M. Pérez García. *Predicción de la evolución de la epidemia de COVID-19 en España*. Laboratorio de Oncología Matemática Universidad de Castilla-La Mancha, 2020.

7. https://historia.nationalgeographic.com.es/a/peste-negra-epidemia-mas-mortifera_6280

8. <https://www.nationalgeographic.es/ciencia/viruela>
9. http://www.teinteresa.es/salud/grandes-epidemias-historia_0_1168685086.html
10. <https://www.agenciasinc.es/Opinion/Matematicas-para-explicar-las-medidas-contra-el-coronavirus>
11. <https://institucional.us.es/blogimus/2020/03/covid-19-analisis-por-medio-de-un-modelo-seir/>
12. <https://cnecovid.isciii.es/covid19/#declaración-agregada>
13. <https://www.lewuathe.com/covid-19-dynamics-with-sir-model.html>
14. <https://cnecovid.isciii.es/covid19/#ccaa>