

CAPÍTULO 3

DETERMINACIÓN DE LOS PARÁMETROS PARA LA TASA DE INFECCIÓN Y REMOCIÓN MENSUAL EN LA MODELACIÓN MATEMÁTICA SIR DE LA PANDEMIA DEL COVID-19. CASO COMPARATIVO

Fecha de envío: 29/02/2024

Data de aceite: 01/04/2024

Juan Arturo Vásquez Velásquez

Departamento de Ciencias
Universidad Tecnológica del Perú –
Campus Chiclayo
Chiclayo – Perú
<https://orcid.org/0000-0002-7449-8919>

Luis Jaime Collantes Santisteban

Departamento Académico de Matemáticas
Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo
Lambayeque – Perú
<https://orcid.org/0000-0001-9262-9399>

Manuel Alberto Manay Fernández

Universidad Católica de Trujillo
Trujillo – Perú
<https://orcid.org/0009-0000-5913-0043>

Manuel Pérez Tapia

Universidad Católica Santo Toribio de
Mogrovejo
Chiclayo – Perú
<https://orcid.org/0009-0001-9403-1857>

Walter De la Cruz De la Cruz

Universidad Tecnológica del Perú –
Campus Lima Norte
Lima – Perú
<https://orcid.org/0009-0001-7760-0149>

Wilfredo Vidal Irrasábal Gonzales

Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo
Lambayeque – Perú
<https://orcid.org/0009-0004-9967-8731>

RESUMEN: El objetivo de esta investigación fue determinar los valores de los parámetros para la tasa de infección y remoción mensual (desde marzo 2020 a diciembre 2020) en el modelo matemático epidemiológico SIR, con la finalidad de describir la evolución del Covid-19 en la región Lambayeque, Perú. La investigación desarrollada fue de tipo observacional y retrospectiva, con diseño no experimental. Como técnica principal se utilizó la observación directa y como instrumento una ficha de recolección de datos, en la cual se anotaron los casos de personas susceptibles (S), Infectadas (I) y Removidas (R) por Covid-19 en la región Lambayeque durante el año 2020, información proporcionada por la Gerencia Regional de Salud (GERESA). Con los datos de GERESA se calcularon los parámetros referidos y se programó en el software MATLAB el modelo matemático epidemiológico SIR, desarrollando simulaciones numéricas de tipo Runge-

Kutta, cuyos resultados fueron comparados con la información real proporcionada por la GERESA, concluyendo que el modelo matemático epidemiológico SIR permitió predecir de una manera aceptable la evolución de la pandemia del Covid-19 en la región Lambayeque. Se concluye en resaltar la gran importancia que tiene la modelación matemática para predecir el comportamiento de una enfermedad.

PALABRAS-CLAVE: Modelo SIR, Epidemiología, Covid-19, Runge-Kutta, Modelación Matemática, Matemática Aplicada.

DETERMINATION OF THE PARAMETERS FOR THE MONTHLY INFECTION AND REMOVAL RATE IN THE SIR MATHEMATICAL MODELING OF THE COVID-19 PANDEMIC. COMPARATIVE CASE

ABSTRACT: The objective of this research was to determine the values of the parameters for the monthly infection and removal rate (from March 2020 to December 2020) in the SIR epidemiological mathematical model, with the purpose of describing the evolution of Covid-19 in the Lambayeque region, Peru. The research carried out was observational and retrospective, with a non-experimental design. Direct observation was used as the main technique and a data collection form was used as an instrument, in which the cases of susceptible (S), Infected (I) and Removed (R) people by Covid-19 in the Lambayeque region were noted during the year 2020, information provided by the Regional Health Management (GERESA). With the GERESA data, the aforementioned parameters were calculated and the SIR epidemiological mathematical model was programmed in the MATLAB software, developing numerical simulations of the Runge-Kutta type, the results of which were compared with the real information provided by the GERESA, concluding that the epidemiological mathematical model SIR made it possible to predict in an acceptable way the evolution of the Covid-19 pandemic in the Lambayeque region. We conclude by highlighting the great importance of mathematical modeling to predict the behavior of a disease.

KEYWORDS: SIR Model, Epidemiology, Covid-19, Runge-Kutta, Mathematical Modeling, Applied Mathematics.

INTRODUCCIÓN

Desde que el hombre comenzó a vivir en comunidades numerosas, las epidemias y enfermedades contagiosas aparecieron, así tenemos por ejemplo la plaga de Atenas (430 A.C.), la peste negra en Europa (1346-1350) o la plaga de Londres por mencionar algunas; muchas de ellas han sido controladas y se han descubierto vacunas para combatirlas. Actualmente aún existen epidemias mundiales como el ébola, cólera, VIH/Sida, entre otras, que siguen azotando a la humanidad, algunas de estas enfermedades eran típicas de una determinada zona o región; sin embargo, debido a la globalización las enfermedades se pueden propagar más rápido (Santamaría, 2015).

En diciembre de 2019 en Wuhan, China, apareció una nueva enfermedad respiratoria llamada Covid-19 (enfermedad infecciosa que es causada por el coronavirus) que en el año 2020 se propagó por todo el mundo azotando duramente a la humanidad, causando

un grave problema de salud pública donde la epidemiología se presenta como una herramienta útil y eficaz para estudiar el comportamiento de las enfermedades infecciosas. El Perú también fue azotado por la pandemia del Covid-19 cuando el 6 de marzo de 2020 las autoridades anunciaron el primer caso de contagio. A partir de esa fecha el número de personas infectadas por el virus fueron en aumento, siendo el Ministerio de Salud (MINSA), a través de la Sala situacional Covid-19, el encargado de dar un reporte diario de los casos de personas contagiadas, fallecidas y recuperadas. Esta pandemia en nuestro país causó muchas muertes, hacinamiento en los hospitales, falta de camas en la Unidad de Cuidados Intensivos (UCI) para atención a los pacientes y falta de plantas de oxígeno, causando un colapso en el sistema de salud. La región Lambayeque no fue ajena a los contagios por Covid-19, su propagación entre la población causó miles de infectados y muertes durante el año 2020. La falta de camas UCI, falta de oxígeno, hacinamiento en hospitales y un endeble sistema de salud pública fueron los estragos que produjo esta pandemia en la región.

Debido a estas pandemias surgió el interés de describir y modelar su comportamiento y evolución, la enfermedad del Covid-19 generó un gran interés en desarrollar herramientas para realizar predicciones basadas en modelos matemáticos. Uno de los pioneros en formular modelos matemáticos aplicados a una epidemia fue Daniel Bernoulli en el año 1760, sin embargo, Pedersen (2015) señala que “no será sino hasta entrado el siglo XX cuando la modelización matemática en epidemiología cobraría un real impulso” (p. 5) y naturalmente el Covid-19 en el mundo estimuló un gran interés para desarrollar herramientas basadas en modelos matemáticos.

Modelo básico epidemiológico SIR

Uno de los modelos epidemiológicos más utilizados para describir diferentes pandemias y enfermedades es el modelo básico epidemiológico SIR propuesto por Kermack y McKendrick (1927), el cual ha sido utilizado para describir la evolución de diferentes enfermedades a nivel mundial dando buenas aproximaciones.

Este modelo considera el número de personas de una comunidad de manera constante, es decir sin tomar en cuenta los nacimientos ni defunciones, y permite estimar el número de personas que son susceptibles a enfermarse al estar en contacto con personas infectadas (susceptibles), el número de personas que padecen la enfermedad (infectados) y el número de personas que son inmunes, es decir, ya no pueden transmitir la enfermedad (Recuperados o fallecidos), en una población a lo largo de un determinado periodo de tiempo (Manrique et al., 2020), es decir que este modelo divide a una población $N(t)$ en tres partes, los susceptibles $S(t)$, los infectados $I(t)$ y los removidos $R(t)$, todos relacionados con la unidad de tiempo t , generalmente expresada en días (Marques et al., 2021) de tal manera que:

$$N(t) = S(t) + I(t) + R(t) \quad (1)$$

El esquema del modelo básico epidemiológico SIR, se representa en la figura 1

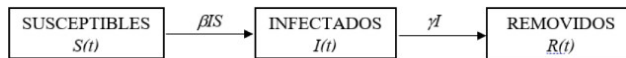


Figura 1. Dinámica de una pandemia en una población de acuerdo al modelo SIR

El modelo básico epidemiológico SIR, plantea el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{cases} S'(t) = -\lambda S(t) \cdot I(t) \\ I'(t) = \gamma S(t) \cdot I(t) \\ R'(t) = \gamma I(t) \end{cases} \quad (2)$$

donde:

λ : Tasa de infección.

γ : Tasa de remoción.

t : Tiempo.

$S(t)$: Número de personas susceptibles.

$I(t)$: Número de personas infectadas.

$R(t)$: Número de personas removidas.

La primera ecuación del sistema (2) nos indica que la variación del número de personas susceptibles en una población es directamente proporcional con la cantidad de susceptibles e infectados, esta variación va disminuyendo, es decir que $S(t)$ es decreciente. La segunda ecuación del sistema (2) nos indica que la variación de la cantidad de personas infectadas está dada por la diferencia entre los nuevos infectados y los nuevos removidos y la tercera ecuación del sistema (2) indica que la variación de la cantidad de personas removidas es directamente proporcional a la cantidad de personas infectadas, además $R(t)$ es creciente (Vergara, et al., 2020).

Como se puede apreciar, en una pandemia, el número de infectados va disminuyendo, es decir que: $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$

El sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias (2) posee solución única definida para todo $t \geq 0$, la demostración se encuentra en García (2014). En la presente investigación se ha utilizado el método de Runge-Kutta de cuarto orden para resolver dicho sistema garantizando que la solución aproximada converja a la solución exacta.

El modelo SIR trabaja bajo los siguientes supuestos:

- La población es constante (no se toman en cuenta nacimientos ni muertes)
- Las personas recuperadas se vuelven inmunes a la enfermedad, es decir que no vuelven a contagiarse (no hay rebotes).
- La enfermedad tiene un periodo de desarrollo.

Utilización del modelo SIR para modelar enfermedades

Santamaría (2015), utilizó el modelo SIR para modelar la gripe en Barcelona realizando la parametrización inicial en base a los datos obtenidos sobre la gripe con el fin de acotar el rango de los parámetros, logrando una buena aproximación que le permitió obtener un modelo que se ajustó al escenario real logrando recrear el comportamiento de la enfermedad de manera satisfactoria. Borbón y Borbón (2014) hicieron un análisis acerca de los modelos utilizados en la propagación de la Influenza AH1N1, donde analizan el modelo SIR y sus variantes logrando concluir que el modelo SIR es el más pertinente para la modelación de enfermedades de transmisión, ya que es simple, versátil y de fácil aplicación, al considerar diferentes parámetros. Hacen hincapié que una buena campaña de vacunación y, en algunos casos, el aislamiento y cuarentena hacen que la enfermedad no se propague. Zárate (2012) utilizó el modelo SIR para describir enfermedades respiratorias que tienen un comportamiento típico, donde logró muy buenos resultados al estimar los parámetros para la influenza AH1N1 en México, realizó la simulación utilizando el software MatLab y creó un ambiente gráfico de modo que se logró dar valores a los parámetros, al número de semanas de la epidemia que se desea modelar, así como la clase ya sea susceptible, infeccioso o removido, obteniendo resultados conforme avanzaba la enfermedad en el tiempo. La ventaja de utilizar el modelo epidemiológico SIR es que se pueden variar los parámetros con los que se desea modelar de acuerdo al ambiente geográfico.

Abelló et al. (2020), afirman que el modelo SIR es útil en la predicción de enfermedades lo que les sirvió de apoyo en la toma de decisiones en salud pública durante la epidemia del Covid-19; asimismo afirmaron que este modelo permite analizar rebrotes o eventos locales de transmisión y que se puede aplicar a poblaciones específicas para la modelación de enfermedades. Este modelo SIR fue aplicado en la ciudad de La Habana (Cuba), donde los resultados y estimaciones fueron de ayuda a los epidemiólogos.

Vinitsky (2021) propuso un modelo SIR reducido para la pandemia Covid-19 basado en un sistema de 3 ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden no lineales y obtuvo soluciones numéricas mediante el método de Euler con paso de 1 día, concluyendo que el modelo es aplicable a cualquier comunidad (país, ciudad, etc.). Usó como metodología ejemplos de modelado del desarrollo de una pandemia en función de dos parámetros: el tiempo de la diseminación de la infección por un portador del virus y la probabilidad de contaminación de un miembro de la población sana en contacto con uno infectado por unidad de tiempo. El modelo propuesto lo comparó con el modelo básico SIR ya que su formulación estuvo basada en el número de infectados y el número de portadores de la enfermedad.

Manrique et al. (2020) usaron el modelo SIR para pronosticar la pandemia del Covid-19 en Colombia, obteniendo datos de los casos diarios confirmados, proporcionados por el Instituto Nacional de Salud. En esta investigación se plantearon diversos modelos haciendo la variación del número básico de reproducción (R_0), creando cuatro simulaciones con el modelo básico SIR, obteniendo como resultado que un R_0 de 2 es la mejor aproximación del comportamiento real de la pandemia para los primeros 15 días desde el reporte del primer caso y si R_0 es igual a 3 se tendrá el peor escenario que se daría en la primera semana del mes de abril de 2020.

Los resultados obtenidos por Grillo et al. (2020) permitieron conocer la manera como los modelos matemáticos pueden predecir el comportamiento de enfermedades infecciosas, enfocándose en el virus que provoca el Covid-19; su investigación incluyó una descripción de las variables epidemiológicas, los elementos del contexto y las intervenciones en salud que influyen en la tasa de infección. Asimismo, hicieron una descripción del modelo SIR, mostrando las características y los factores que influyen en este modelo, y explicando cómo puede ser usado el modelo para estimar futuros escenarios de la pandemia.

Para la buena aproximación de los modelos SIR, es necesario optimizar el cálculo de los parámetros del modelo, tal como se desarrolla en el trabajo de Sedaghat et al. (2020), donde propusieron un método novedoso que integra una solución analítica de la población infecciosa utilizando la función de distribución de Weibull en cualquier modelo de tipo SIR.

El modelamiento matemático en nuestro país se ha usado en diversos trabajos para estudiar diferentes enfermedades utilizando modelos matemáticos aplicados a la epidemiología, como el de Vásquez (2018), que utilizó un modelo matemático para estudiar la obesidad. También existen trabajos aplicados al modelamiento del Covid-19, como la investigación de Pino et al. (2020) quienes propusieron un modelo matemático SIR-D segmentado para “predecir la evolución de poblaciones epidemiológicas de interés en la pandemia del Covid-19” (p. 162) utilizando ecuaciones diferenciales ordinarias. Para la metodología realizaron una segmentación del modelo en 6 intervalos de tiempo de 14 días cada uno. En cada etapa de la enfermedad, calcularon las tasas epidemiológicas para reemplazarlo en el sistema de ecuaciones y estimaron de manera empírica los datos que proporcionaba el Ministerio de Salud de manera diaria. Los datos obtenidos les permitieron observar y analizar el comportamiento de la pandemia del Covid-19 en el Perú y realizaron simulaciones que representaron la evolución de esta enfermedad.

Espínola et al. (2020), utilizaron como metodología el modelamiento matemático epidemiológico SIR con ecuaciones diferenciales ordinarias definidas para simular el comportamiento epidemiológico y estimar la evolución del Covid-19 en la población peruana. Se aplicaron 6 modelos sin contención y 6 modelos con contención de la enfermedad, obteniendo tasas de recuperación, así como las tasas de infectados en periodos de 11, 14 y 21 días.

Asimismo, Olivera y Rivera (2021) aplicaron el modelo SIR durante un periodo de 200 días para caracterizar la evolución epidémica de la enfermedad de coronavirus (Covid-19), estimando valores a través del número básico de reproducción R_0 , obteniendo el pico de infectados poco después del 30 de mayo de 2020, luego disminuye el número de personas infectadas a $R_0=1,5$.

Vargas et al. (2022) utilizan el modelo SIRD para determinar la propagación del Covid-19 en la región Tacna, donde utilizando la data del Ministerio de Salud, logran modelar el comportamiento de la enfermedad en dicha región y obtienen posibles escenarios con proyecciones para 2 y 3 años.

A nivel de la región Lambayeque existen escasos trabajos de modelación de enfermedades epidemiológicas. Vergara et al. (2020) utilizaron el modelo epidemiológico básico SIR para determinar y describir el comportamiento de la pandemia del Covid-19 para cada una de las regiones del país, estimando los parámetros diarios desde el 28 de marzo de 2020 hasta el 30 de abril del mismo año, obteniendo una proyección del comportamiento del Covid-19. Utilizaron el método de Euler para resolver el modelo SIR, además realizaron simulaciones generando un patrón.

A diferencia del anterior trabajo, en esta investigación se ha calculado los parámetros diarios en un periodo de tiempo más prolongado (del 15 de marzo de 2020 al 31 de diciembre de 2020) incorporando el cálculo de la media de los datos diarios proporcionados por la GERESA Lambayeque para determinar los parámetros del modelo de manera mensual, asimismo, se resolvió el modelo SIR a través del método de Runge Kutta de cuarto orden para sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.

El aporte fundamental de este trabajo es describir la evolución del Covid-19 en la región Lambayeque utilizando el modelo básico epidemiológico SIR, resuelto bajo el enfoque numérico de Runge Kutta de cuarto orden, y comparar los resultados de las simulaciones con la información dada por la GERESA [5].

Definición 1. (Contagio neto). Se define el Contagio Neto (CN) de la pandemia del Covid-19 como:

$$CN(t) = I(t) - R(t)$$

donde:

$CN(t)$: Cantidad de personas con contagio neto en el día t .

$I(t)$: Cantidad de personas infectadas en el día t .

$R(t)$: Cantidad de personas removidas (recuperadas o fallecidas) en el día t .

t : Tiempo (en días).

MATERIAL Y MÉTODOS

El método de investigación fue de enfoque cuantitativo, tomando la información proporcionada por la GERESA durante el año 2020 de las personas infectadas, recuperadas y fallecidas de Covid-19 en la región Lambayeque, midiendo los datos en diferentes momentos de la pandemia.

Se utilizó el método de análisis-síntesis puesto que primero se observó el fenómeno a estudiar, en este caso la evolución del Covid-19 en la región Lambayeque, luego se describió el comportamiento de dicha enfermedad, identificando sus parámetros con la información recogida de acuerdo a las variables de la investigación, distribuyéndolas en base a sus indicadores. Luego se utilizó el modelo básico epidemiológico SIR para poder describir el comportamiento de la enfermedad. Se obtuvo una solución aproximada del modelo utilizando métodos numéricos, a través de simulaciones hechas en un programa desarrollado en MatLab y los resultados se compararon con los datos oficiales proporcionados por la Gerencia Regional de Salud de Lambayeque (GERESA) para dar una explicación del fenómeno observado.

También en esta investigación se ha utilizado el enfoque de sistemas para cumplir el objetivo general, planteamiento del problema y la justificación de la investigación, para esto se ha realizado lo siguiente:

- a. Formulación del problema.
- b. Identificación y utilización del modelo básico epidemiológico SIR.
- c. Cálculo de los parámetros iniciales del modelo.
- d. Obtención de resultados.
- e. Comparación de los resultados del modelo con los datos oficiales de la GERESA para calibrar los parámetros.
- f. Análisis y discusión de los resultados.
- g. Elaboración de las conclusiones y sugerencias.

El tratamiento de la información tuvo un enfoque interdisciplinario ya que se incorporó conocimientos de diferentes ciencias como la Biología y Epidemiología y un enfoque empírico ya que se basó en la experiencia vivida durante la epidemia observando el fenómeno y utilizando un análisis estadístico para la obtención de los parámetros.

RESULTADOS

De acuerdo a los datos proporcionados por la GERESA (2023), el número de personas con contagio neto por Covid-19 en la región Lambayeque desde el 15 de marzo al 31 de diciembre de 2020 (292 días), se muestra en la figura 2.

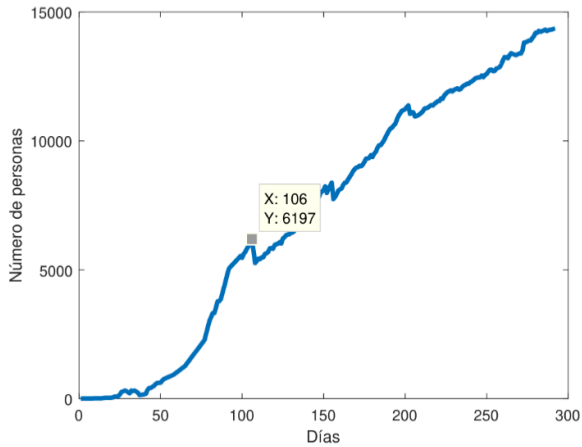


Figura 2. Contagios netos de Covid-19 en la región Lambayeque según datos de la GERESA

Como se observa en la figura 2 los contagios netos desde el 15 de marzo hasta el 31 de diciembre de 2020 por Covid-19 en la región Lambayeque muestran un pico de contagio muy notorio que se da en el día 106 de la pandemia (28 de junio de 2020) con 6197 personas con contagio neto y luego hay un pequeño descenso hasta que los contagios vuelven a incrementarse. Este incremento en los contagios es lo que las autoridades denominaron la segunda ola.

Identificación de parámetros

Los parámetros λ (tasa de contagio) y γ (tasa de remoción), considerados en las fórmulas de Vergara et al. (2020), están dados por:

$$\lambda = -\frac{S(t+1)-S(t-1)}{2 S(t)I(t)} \quad (3)$$

$$\gamma = \frac{R(t+1)-R(t-1)}{2 I(t)} \quad (4)$$

Con las fórmulas (3) y (4), se calcularon los parámetros diarios para el Covid-19 en la región Lambayeque para las tasas de contagio y de recuperación desde el 28 de marzo de 2020 (día en que se reportó el primer fallecido) hasta el 31 de diciembre de 2020.

Día	Susceptibles	Infectados	Removidos
15 de marzo 2020	1309730	1	0
16 de marzo 2020	1309726	5	0
....
27 de marzo 2020	1309717	14	0
28 de marzo 2020	1309715	15	1
29 de marzo 2020	1309708	22	1
30 de marzo 2020	1309700	29	2
31 de marzo 2020	1309698	30	3
01 de abril 2020	1309693	34	4
....
30 de diciembre 2020	1257381	33346	19004
31 de diciembre 2020	1257310	33391	19030

Tabla 1. Datos de infectados y removidos proporcionados por GERESA

Para calcular el primer parámetro diario λ , se procedió utilizando los datos de la tabla 1 y la fórmula (3)

$$\lambda_1 = -\frac{1309708 - 1309717}{2 \times 1309715 \times 15}$$

$$\lambda_1 = 2.29057 \times 10^{-7}.$$

De la misma forma se calculó el segundo parámetro diario λ ,

$$\lambda_2 = -\frac{1309700 - 1309715}{2 \times 1309708 \times 22}$$

$$\lambda_2 = 2.60294 \times 10^{-7}$$

y así sucesivamente. De manera análoga, se calcularon los parámetros diarios γ , utilizando los datos de la tabla 1 y la fórmula (4)

$$\gamma_1 = \frac{1309708 - 1309717}{2 \times 15}$$

$$\gamma_1 = 0.033333333$$

De esta manera los parámetros diarios se muestran en la tabla 2.

Día	Susceptibles	Infectados	Removidos	λ	γ
28 de marzo 2020	1309715	15	1	2.29057×10^{-7}	0.033333333
29 de marzo 2020	1309708	22	1	2.60194×10^{-7}	0.022727273
30 de marzo 2020	1309700	29	2	1.31644×10^{-7}	0.034482759
31 de marzo 2020	1309698	30	3	8.90791×10^{-8}	0.033333333
01 de abril 2020	1309693	34	4	6.7371×10^{-8}	0.014705882
....
30 de diciembre 2020	1257381	33346	19004	2.43271×10^{-9}	0.001199544
31 de diciembre 2020	1257310	33391	19030	1.45297×10^{-9}	0.000763679

Tabla 2. Cálculo de los parámetros diarios utilizados en el modelo

Para realizar la aplicación del modelo SIR a la pandemia del Covid-19 en el año 2020, se tomaron como parámetros iniciales los que se muestran en la tabla 3, los valores de λ y γ han sido determinados como la media de los parámetros diarios tomados mensualmente. Los datos de la tabla 3, se aplicaron en el modelo para los meses de marzo de 2020 a diciembre de 2020 y se compararon con la data de la GERESA [5].

Mes	$S(0)$	$I(0)$	$R(0)$	λ	γ
Marzo 2020	1309730	1	0	1.7752×10^{-7}	0.030969175
Abril 2020	1309693	34	4	1.6707×10^{-7}	0.073784139
Mayo 2020	1305629	2358	1744	5.6913×10^{-8}	0.030694125
Junio 2020	1294845	8839	6047	1.6627×10^{-8}	0.006299962
Julio 2020	1287524	13779	8428	8.8496×10^{-9}	0.00377143
Agosto 2020	1282054	17440	10237	1.028×10^{-8}	0.005078797
Setiembre 2020	1274045	22331	13355	6.2777×10^{-9}	0.002425049
Octubre 2020	1268280	26379	15072	3.7832×10^{-9}	0.001962766
Noviembre 2020	1264233	28768	16730	2.9542×10^{-9}	0.001190257
Diciembre 2020	1260907	31025	17799	2.8928×10^{-9}	0.001258022

Tabla 3. Parámetros iniciales del modelo para el año 2020

Aplicación de los parámetros al modelo SIR

Los parámetros de la tabla 3 se aplicaron al modelo SIR, el cual se programó en MatLab, con cálculo aproximado utilizando el Método de Runge Kutta de cuarto orden y los datos iniciales, obteniéndose los siguientes resultados:

Mes de marzo 2020

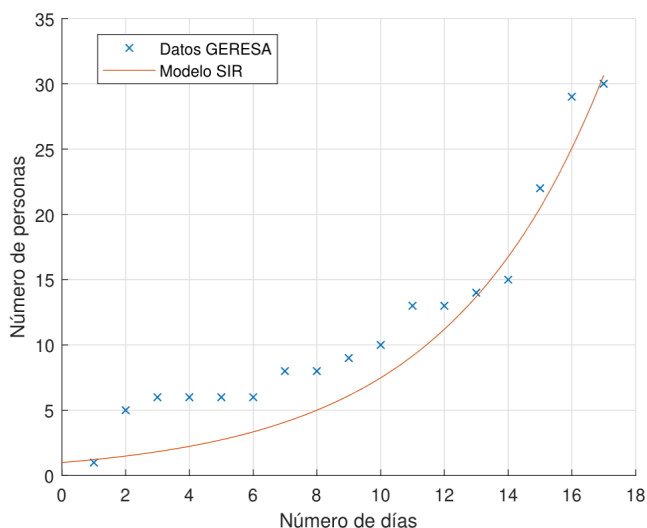


Figura 3. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de marzo 2020

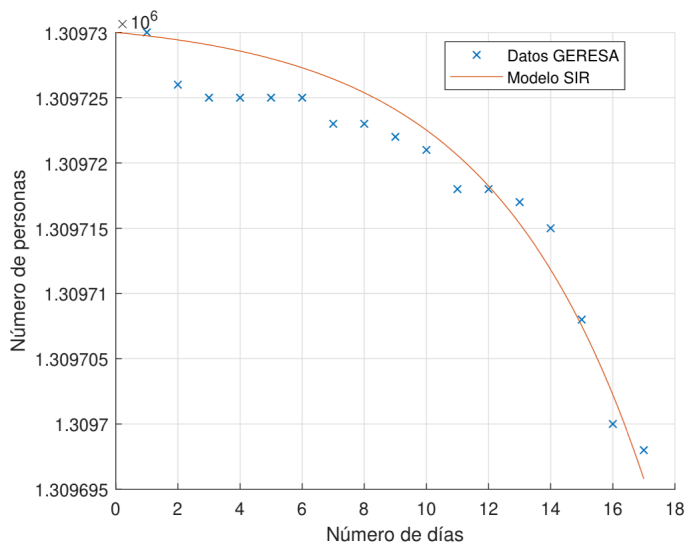


Figura 4. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de marzo 2020

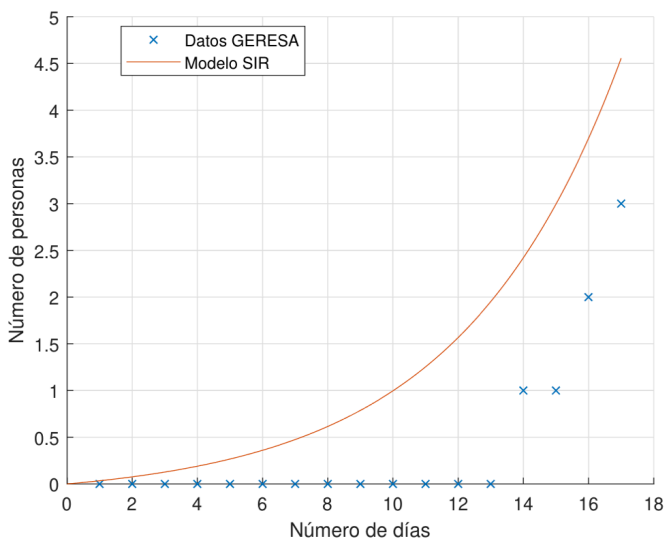


Figura 5. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de marzo 2020

Mes de abril 2020

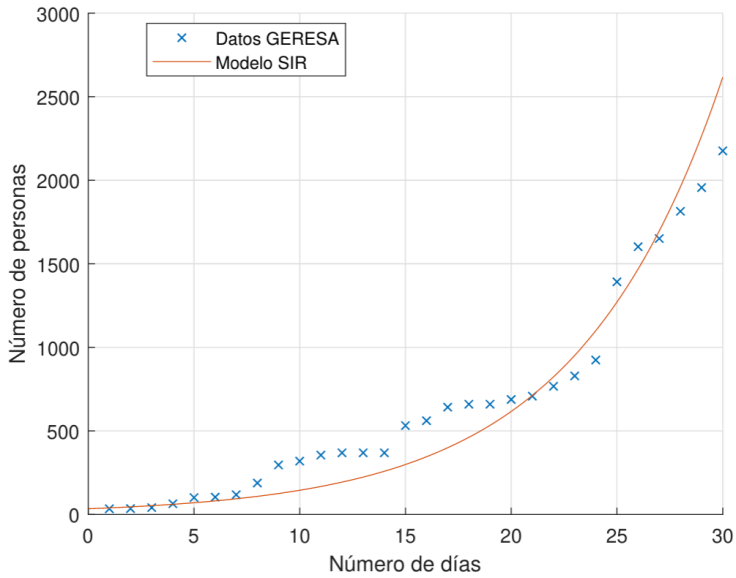


Figura 6. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de abril 2020

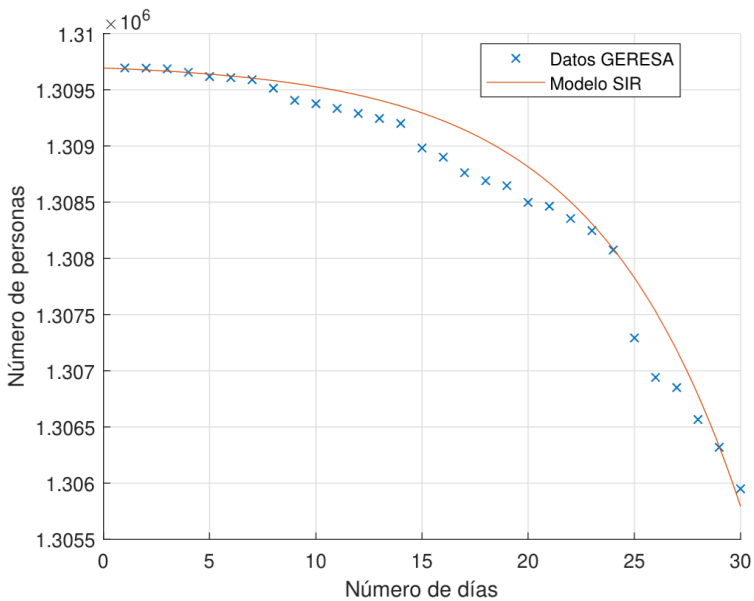


Figura 7. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de abril 2020

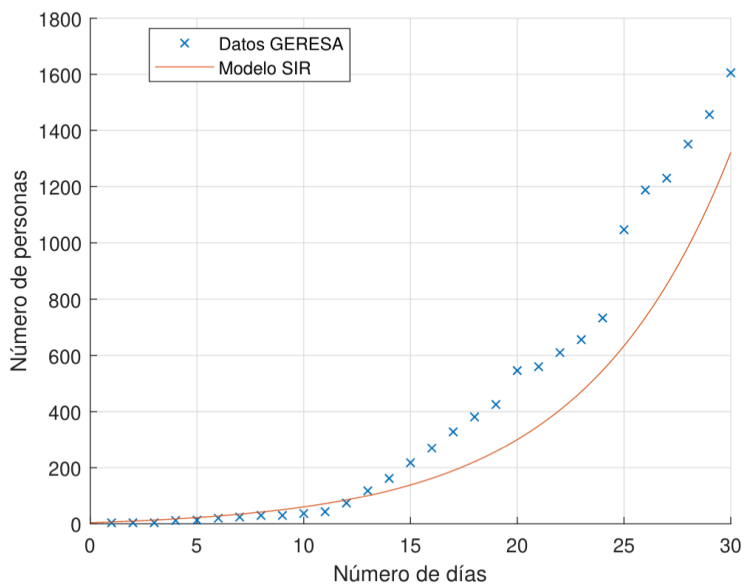


Figura 8. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de abril 2020

Mes de mayo 2020

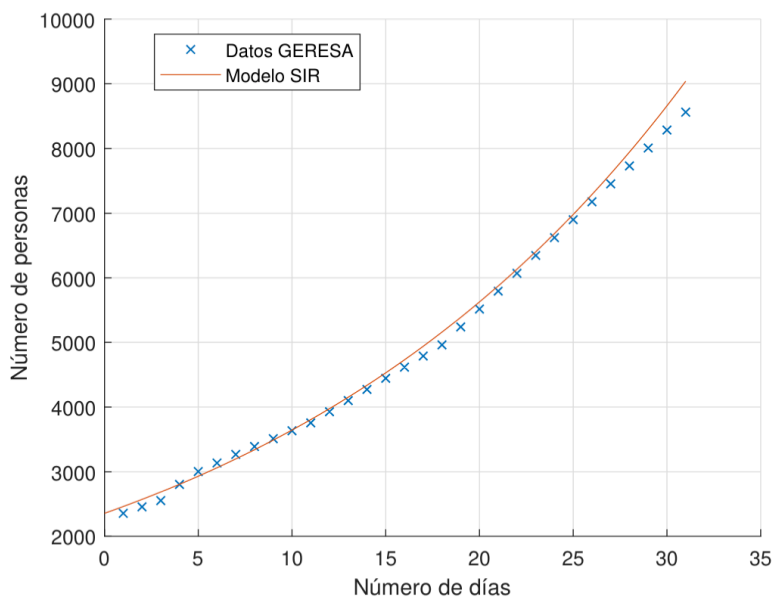


Figura 9. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de mayo 2020

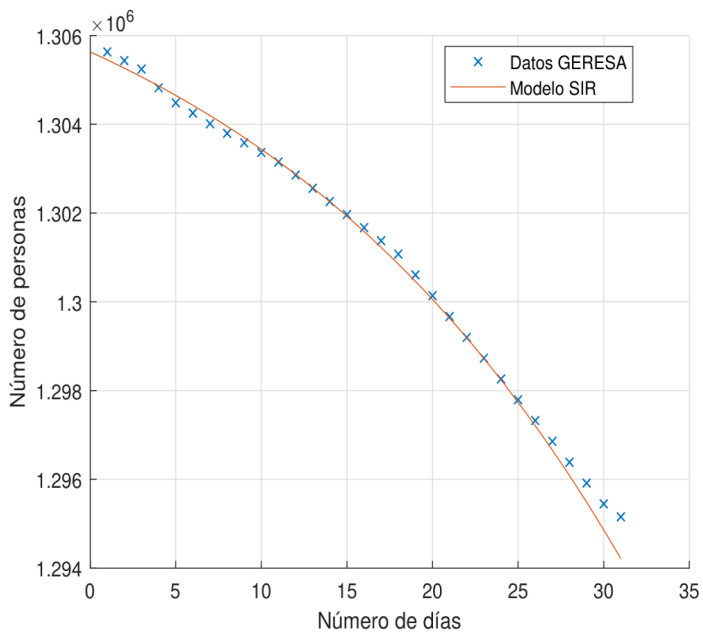


Figura 10. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de mayo 2020

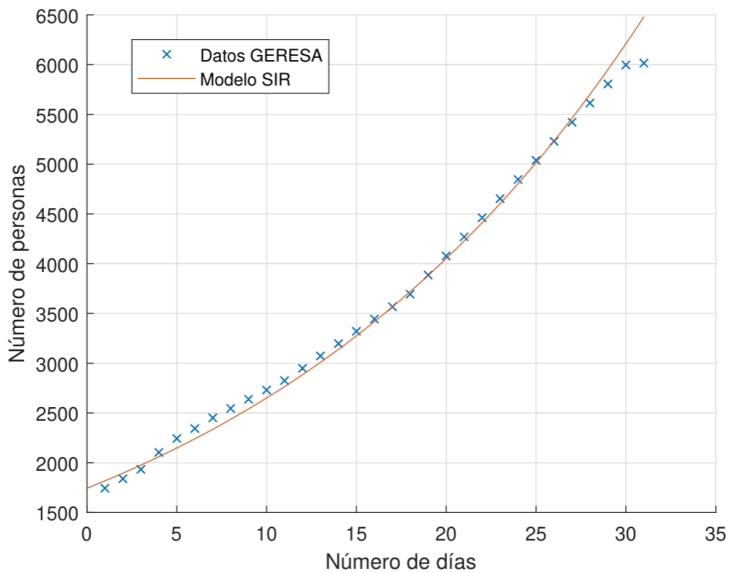


Figura 11. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de mayo 2020

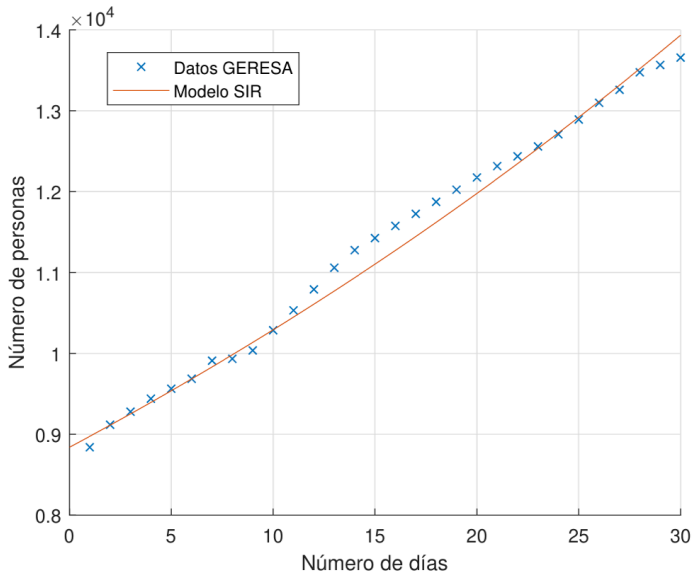


Figura 12. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de junio 2020

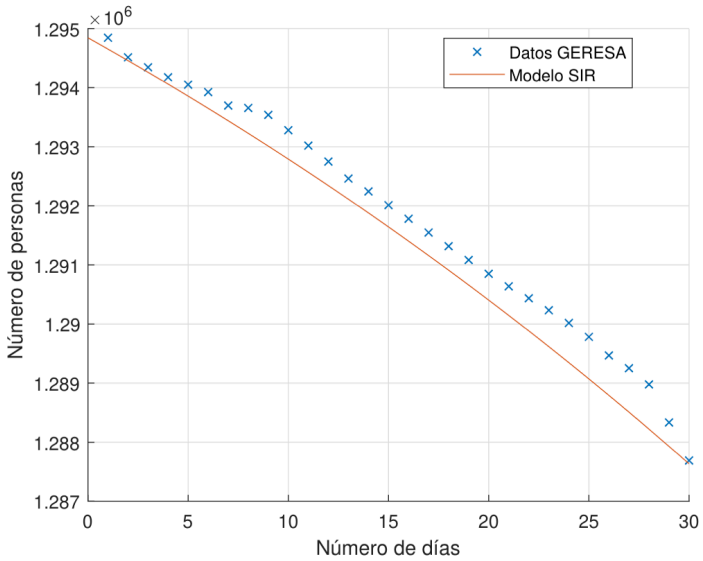


Figura 13. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de junio 2020

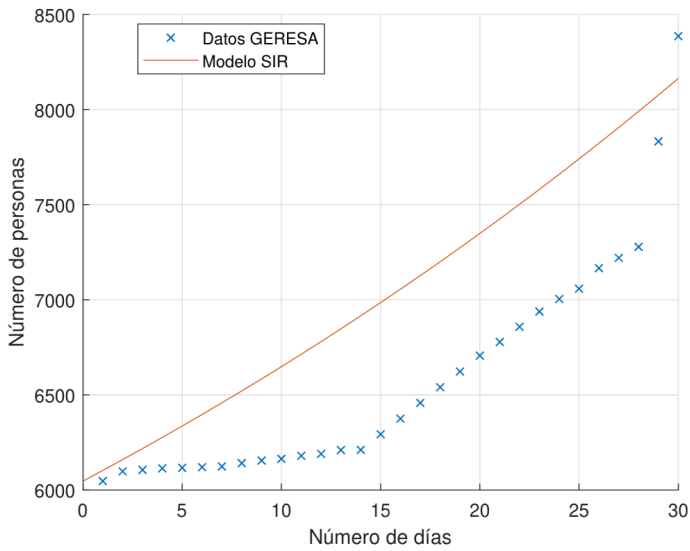


Figura 14. Solução do modelo SIR para os removidos do mês de junho 2020

Mes de julio 2020

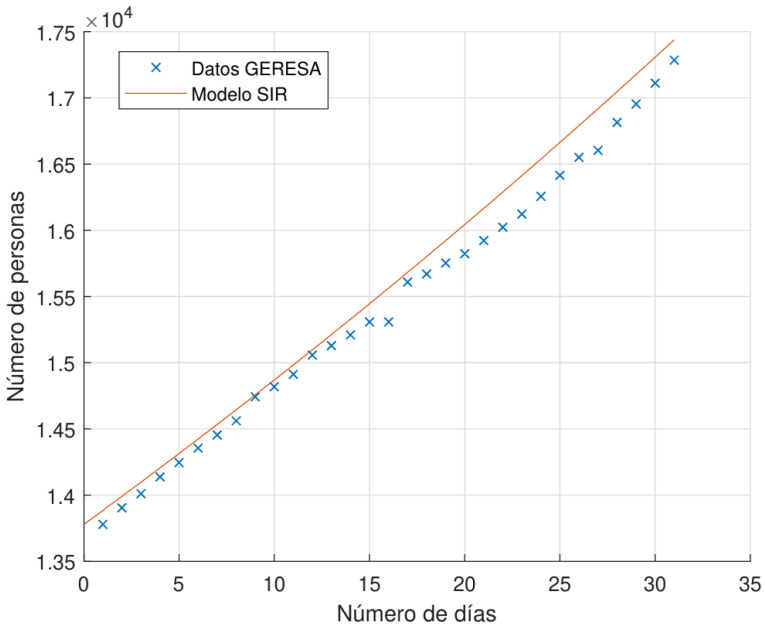


Figura 15. Solução do modelo SIR para os infectados do mês de julho 2020

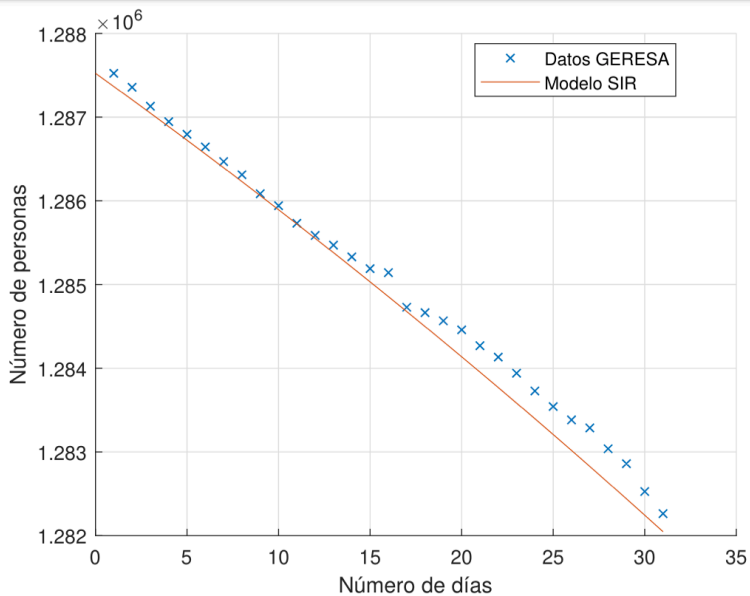


Figura 16. Solução do modelo SIR para os suscetíveis do mês de julho 2020

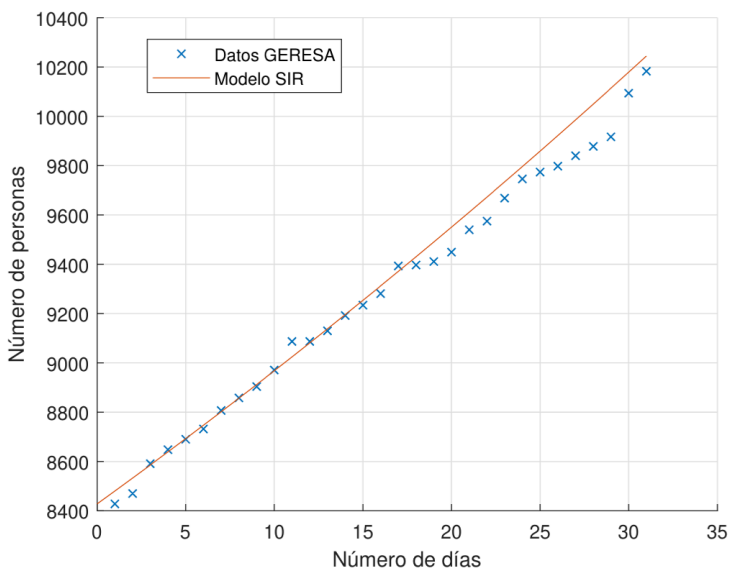


Figura 17. Solução do modelo SIR para os removidos do mês de julho 2020

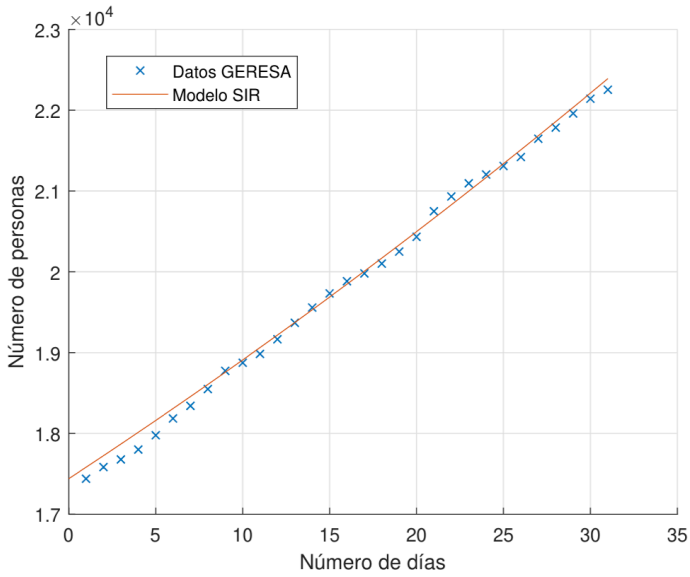


Figura 18. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de agosto 2020

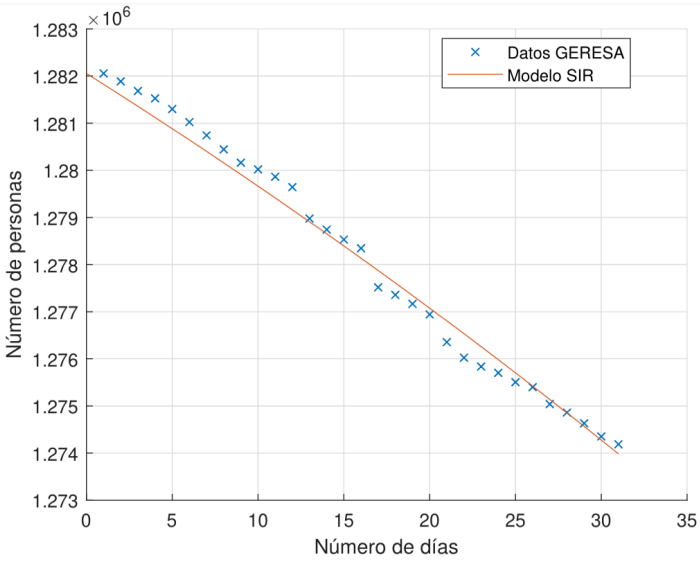


Figura 19. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de agosto 2020

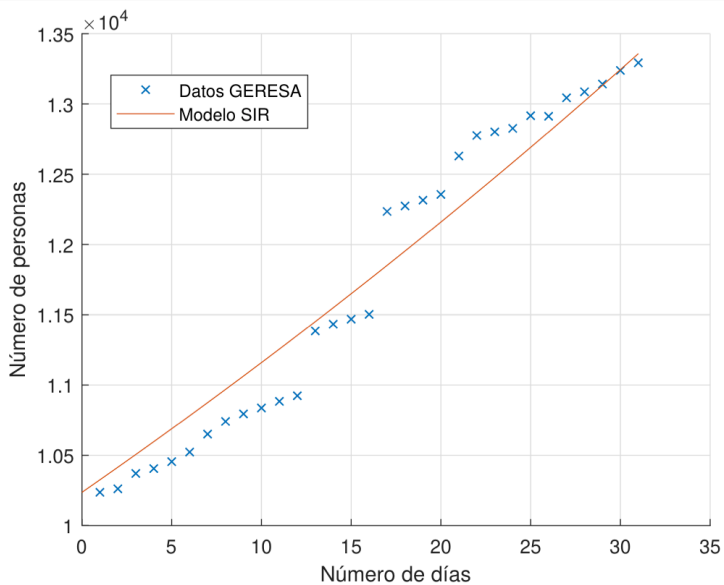


Figura 20. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de agosto 2020

Mes de setiembre 2020

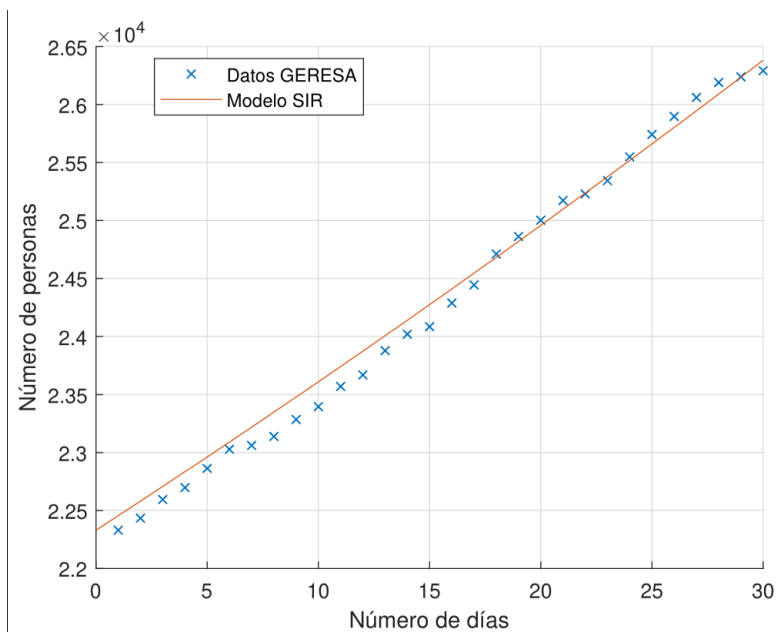


Figura 21. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de setiembre 2020

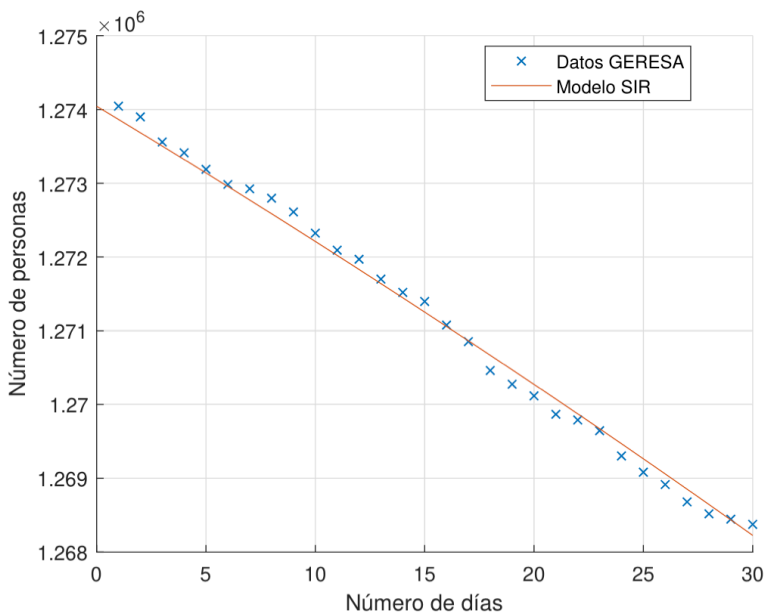


Figura 22. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de setiembre 2020

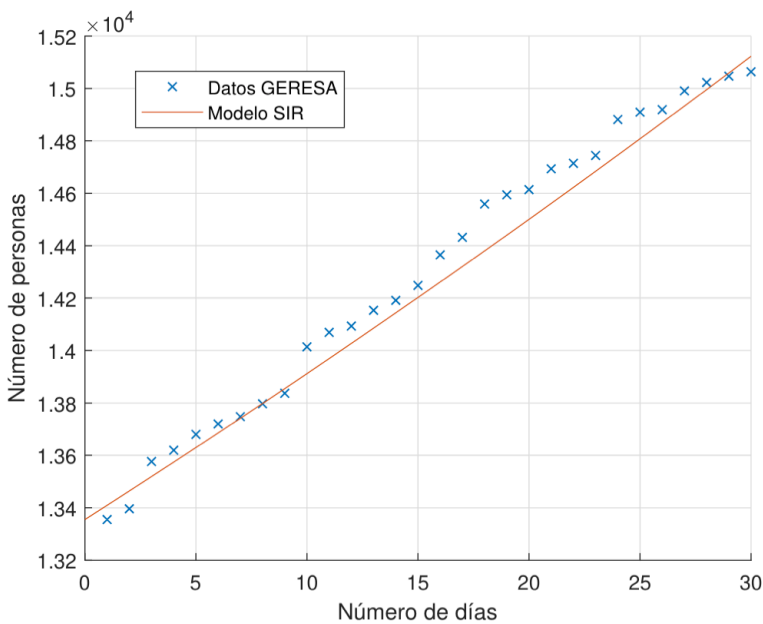


Figura 23. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de setiembre 2020

Mes de octubre 2020

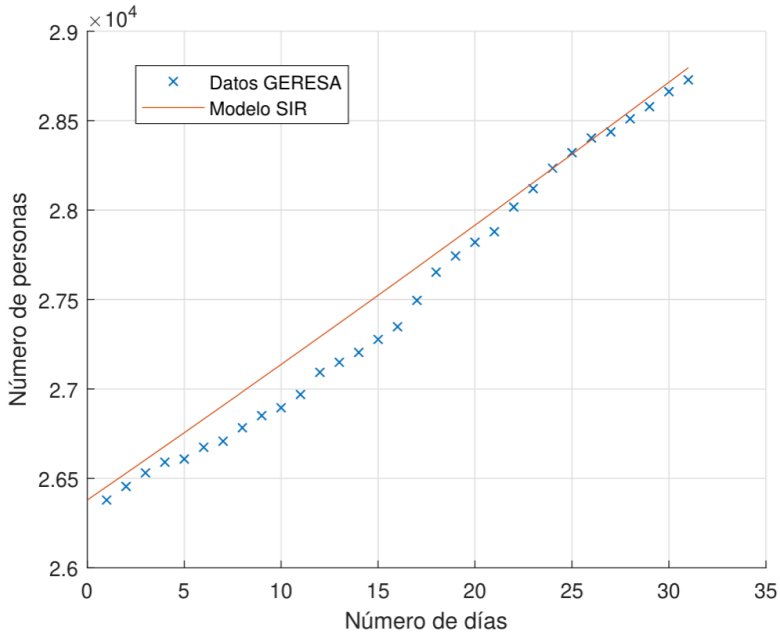


Figura 24. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de octubre 2020

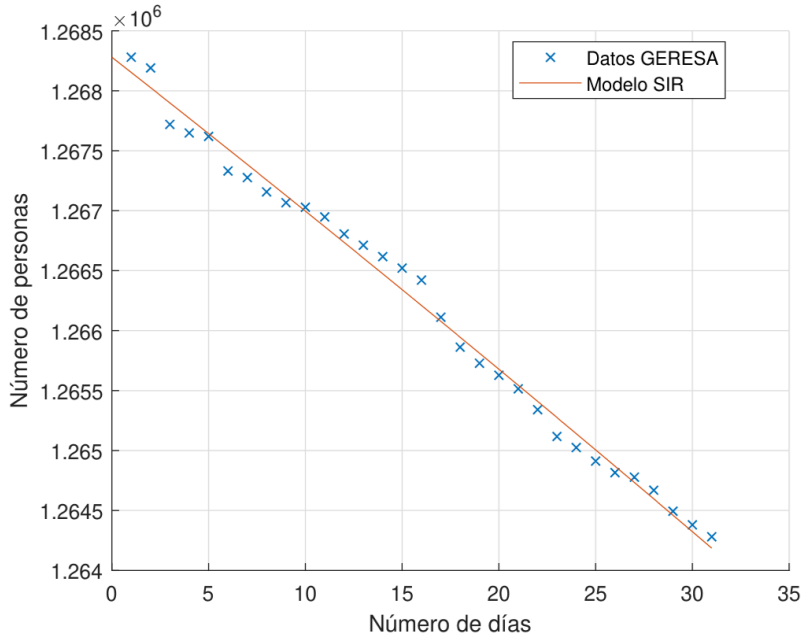


Figura 25. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de octubre 2020

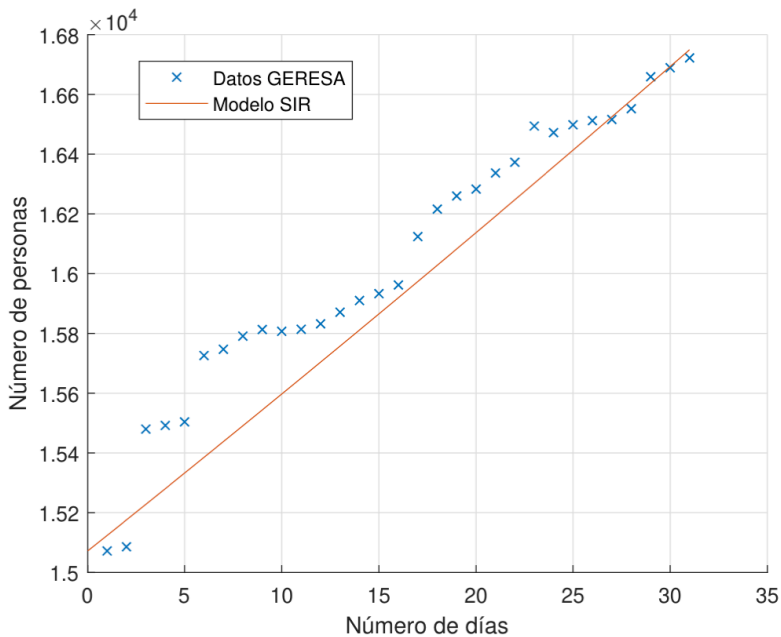


Figura 26. Solução do modelo SIR para os removidos del mes de octubre 2020

Mes de noviembre 2020

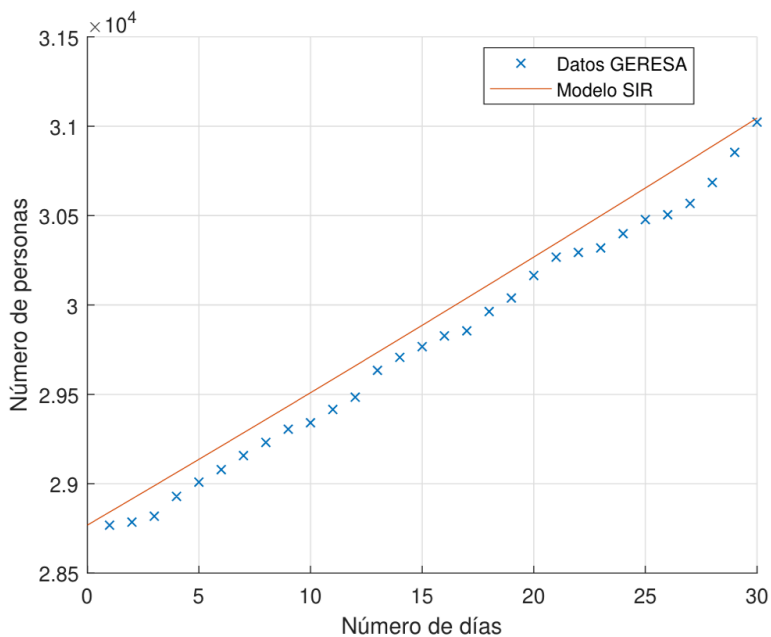


Figura 27. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de noviembre 2020

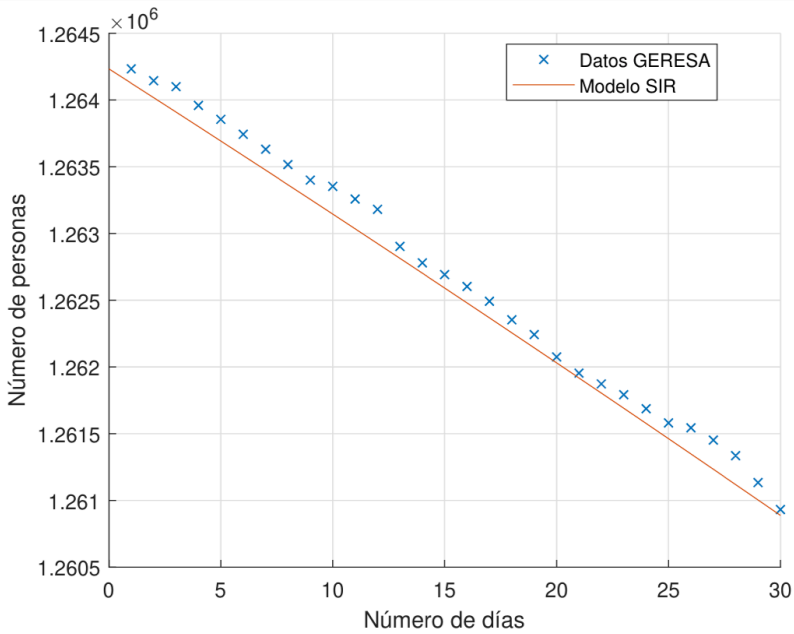


Figura 28. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de noviembre 2020

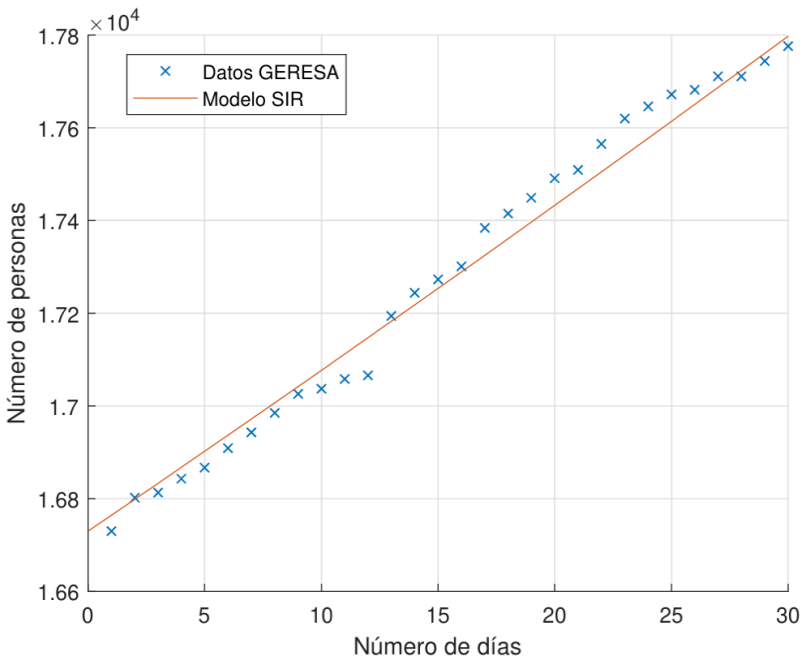


Figura 29. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de noviembre 2020

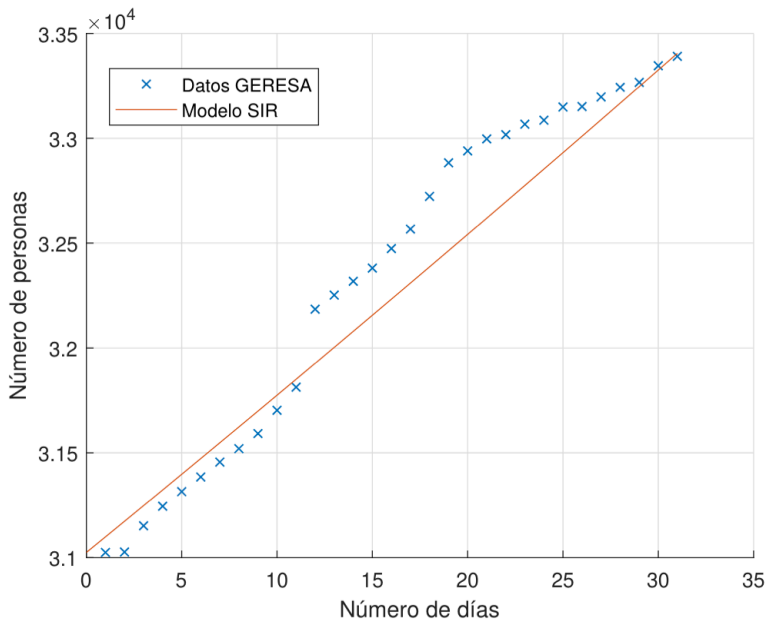


Figura 30. Solución del modelo SIR para los infectados del mes de diciembre 2020

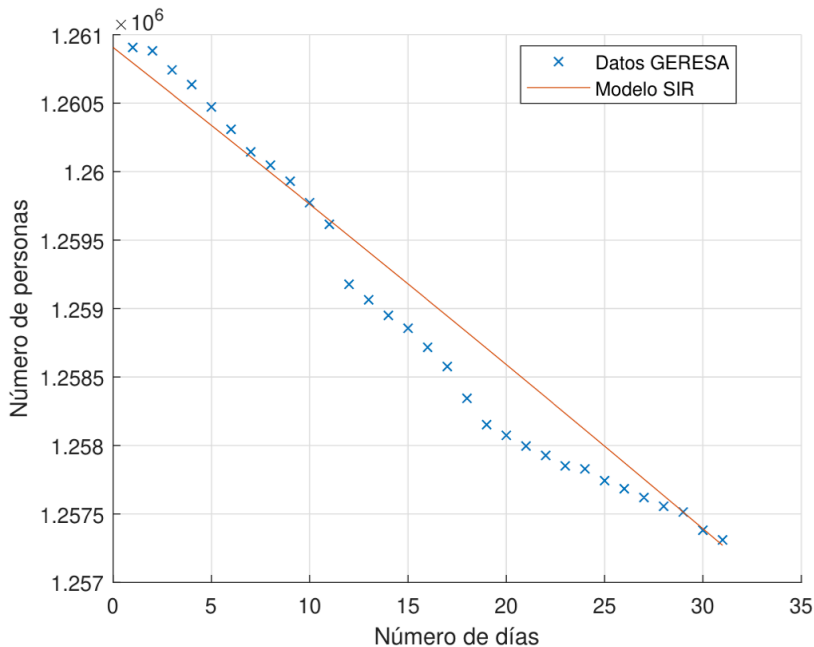


Figura 31. Solución del modelo SIR para los susceptibles del mes de diciembre 2020

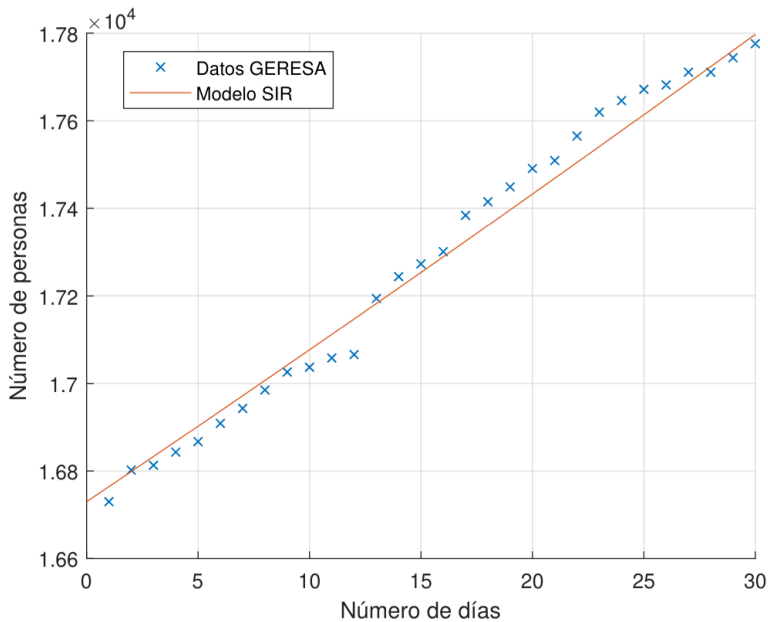


Figura 32. Solución del modelo SIR para los removidos del mes de diciembre 2020

Como se puede apreciar desde la figura 3 hasta la figura 32, los datos obtenidos de la solución del modelo SIR con los parámetros establecidos para los 3 grupos de personas (susceptibles, infectados y removidos) están próximos a los datos que maneja la GERESA Lambayeque con respecto a la pandemia del Covid-19, por lo que se afirma que el modelo SIR describe de manera óptima la evolución del Covid-19 en la región Lambayeque.

DISCUSIÓN

El objetivo principal de este trabajo fue la aplicación del modelo SIR para describir la pandemia del Covid-19 en la región Lambayeque durante el año 2020; para ello fue necesario hacer un cálculo de los parámetros I (tasa de contagio) y de γ (tasa de recuperación) que se aproximen mejor a los datos que maneja la GERESA sobre la pandemia. Para este cálculo se consideraron las fórmulas (3) y (4), para luego tomar las medias de dichos datos de cada mes.

Los modelos matemáticos demuestran ser efectivos para modelar diferentes pandemias, en particular el modelo básico epidemiológico SIR destaca por su simplicidad y extensibilidad para el estudio de epidemias (Hernández, 2016) y ha sido utilizado por investigadores para predecir el comportamiento de algunas pandemias en plazos cortos de tiempo ya que se requiere pocos datos simples para su aplicación. Sin embargo, a largo plazo no es muy útil pues no toma en cuenta ciertas suposiciones ni parámetros que influyen en una población, como la reinfección, aislamiento, tasa de nacimiento, etc.

En este trabajo se obtuvo una buena aproximación del número de personas susceptibles, infectadas y removidas de la pandemia del Covid-19 en la región Lambayeque durante el año 2020; para ello se utilizaron parámetros mensuales y se compararon dichas simulaciones con la data de la GERESA.

Los resultados obtenidos muestran que el modelo básico epidemiológico SIR describe aceptablemente la evolución del Covid-19 en la región Lambayeque.

Para la resolución del modelo SIR se utilizó el método de Runge Kutta de cuarto orden para poder obtener una solución aproximada del modelo. En todas las figuras mostradas en este estudio se pueden ver que las funciones $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ tienen un comportamiento similar al obtenido en otras investigaciones consultadas como en Abelló et al. (2020), Espínola et al. (2020), Vergara et. al (2020), Vinitzky et al. (2021), entre otros, lo que nos confirma la validez de nuestros resultados.

Cabe indicar que el modelo utilizado solo considera dos parámetros, la tasa de infección y la tasa de recuperación, no considerando otros parámetros que pueden influir en el comportamiento de una pandemia, es por eso que, para futuras proyecciones, los resultados dependerán de las condiciones iniciales y de otros parámetros.

CONCLUSIONES

En este trabajo se aplicó el modelo básico epidemiológico SIR para describir la evolución del Covid-19 en la región Lambayeque durante el año 2020, teniendo como datos los proporcionados por la Dirección Regional de Salud de Lambayeque (GERESA). Se identificaron las variables del modelo básico epidemiológico SIR, para determinar los datos iniciales de las personas susceptibles, infectadas y removidas. Este modelo no considera parámetros como la tasa de nacimientos, tasa de defunciones o tasa de vacunación.

Se estimaron los parámetros del modelo básico epidemiológico SIR de acuerdo a los índices proporcionados por la Gerencia Regional de Salud de la región Lambayeque.

Al comparar los resultados del modelo básico epidemiológico SIR con los datos oficiales de la GERESA (números de personas susceptibles, infectadas y removidas) se concluye que existe una buena aproximación de los valores.

REFERENCIAS

I. A. Abelló, R. Guinovart, y W. Morales, **El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID – 19 en Cuba**. *Revista Cubana de Salud Pública*, 46, 1 – 24. (2020). <http://search.ebscohost.com/login.aspx?direct=true&AuthType=ip,sso&db=asn&AN=148054398&lang=es&site=ehostive&scope=site&custid=s9226804>.

M, Borbón & H. Borbón, **Modelación de la propagación de enfermedades infectocontagiosas: Revisión de literatura**. *Informe quincenal Epidemiológico Nacional*, 19(2), 15-27. (2014). <https://www.ins.gov.co/buscador/IQEN/IQEN%20vol%2019%202014%20num%202.pdf>.

M. Espínola, A. Racchumí, S. Sanca, S. Espínola, P. Arango, C. Saldaña, J. S. Paredes & M. Mejico. **Pandemia de covid-19 y efecto de medidas de contención en población peruana: Un modelamiento matemático SIR.** *Revista del Cuerpo Médico del Hospital Nacional Almanzor Aguinaga Asenjo*, 13(2), 110-115. (2020). <https://doi.org/10.35434/rcmhnaaa.2020.132.656>

A. García. **Modelos de ecuaciones diferenciales para la propagación de enfermedades infecciosas** (Tesis doctoral). Universidad de Cantabria. (2014). <https://repositorio.unican.es/xmlui/handle/10902/7125>.

GERESA, L. **Comportamiento Covid-19 Región Lambayeque** (Sala situacional Covid 19). Oficina de Epidemiología. Lambayeque. (2020). https://sigia.regionlambayeque.gob.pe/docs/ainformacion/0604202012245069949_983.pdf

E. K. Grillo, L. E. Bravo, R. Guerrero & J. Santaella, J. **Mathematical models and the coronavirus, COVID 19.** *Colombia Médica*. (2020). <https://doi.org/10.25100/cm.v51i2.4277>

A. Hernández. **Estudio numérico de un modelo de propagación de enfermedades** (Tesis doctoral). Universidad de Zaragoza. Zaragoza, España. (2016).

W. Kermack & A. McKendrick. **A contribution to the mathematical theory of epidemics Proceedings of the Royal Society.** (1927)

F. G. Manrique, C. A. Agudelo, V. M. González, O. Gutiérrez, C. F. Téllez & G. Herrera. **Modelo SIR de la pandemia de covid-19 en Colombia.** *Revista de Salud Pública*, 22(2), 1 – 9. (2020)

<https://doi.org/10.15446/rsap.v22n2.85977>

J. A. L. Marques, F. N. B. Gois, J. Xavier- Neto & S. Fong. **Predictive models for decision support in the COVID-19 crisis.** Springer. (2021).

R. E. Olivera & A. M. L. Rivera. **Modelo SIR de la tendencia pandémica de COVID-19 en Perú** [Number: 3]. *Revista de la Facultad de Ciencias Médicas de Córdoba*, 78(3), 236-242. (2021).

<https://doi.org/10.31053/1853.0605.v78.n3.31142>

S. Pedersen. **(algunos) modelos matemáticos para (algunas) enfermedades contagiosas: Transmisión, infección, tratamiento** (Tesis doctoral). Universidad de Buenos Aires. Argentina (2015).

N. Pino, P. Soto & R. Quispe. **A segmented SIR-d mathematical model for coronavirus propagation dynamics (COVID-19) in Peru.** *Selecciones Matemáticas*, 7(1), 162- 171. (2020). <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2020.01.15>

J. S. Santamaría. **Modelización y simulación del comportamiento epidemiológico de la gripe en la ciudad de Barcelona** (Tesis doctoral). Universidad Politécnica de Catalunya. Barcelona, España. (2015).

A. Sedaghat, S. Band, A. Mosavi. & L. Nadai. **Predicting COVID-19 (coronavirus disease) outbreak dynamics using SIR-based models: Comparative analysis of SIRD and weibull-SIRD.** 2020 IEEE 3rd International Conference and Workshop in Obuda on Electrical and Power Engineering (CANDO-EPE), 283-288. (2020). <https://doi.org/10.1109/CANDO-EPE51100.2020.9337791>

H. B. Vargas, E. A. Coayla & E. Tejada. **El modelo epidemiológico SIRD aplicado a la propagación de la COVID-19 en la región peruana de Tacna**. *Selecciones Matemáticas*, 9(1), 137-144. (2022). <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2022.01.10>

R. D. Vásquez. **Estabilidad de un modelo matemático de la obesidad con factor genético-ambiental** (Tesis doctoral). Universidad Nacional Mayor de San Marcos. Lima. (2018).

E. Vergara, R. León, J. More, D. Arteaga, R. Asmat, J. Peralta, C. Quito, H. Vargas & O. Rubio. **Basic epidemiologic model SIR for COVID-19: Case of peruvian regions**. *Selecciones Matemáticas*, 7(1), 151-161. (2020). <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2020.01.14>

S. I. Vinitzky, A. A. Gusev, V. L. Derbov, P. M. Krassovitskiy, F. M. Penkov, & G. Chuluunbaatar. **Reduced SIR model of COVID-19 pandemic**. *Computational Mathematics and Mathematical Physics*, 61(3), 376-387. (2021). <https://doi.org/10.1134/S0965542521030155>

L. A. Zárate. **Modelación de enfermedades infecciosas con información geográfica**. (Tesis de maestría). Universidad Autónoma Metropolitana Unidad Iztapalapa. (2012). <https://doi.org/10.24275/uami.jw827b83g>