

Los modelos matemáticos en epidemiología y el Covid-19

Mathematical models in epidemiology and Covid-19

Vega-Vargas Juan

VEGA-VARGAS, J. Los modelos matemáticos en epidemiología y el Covid-19. *J. health med. sci.*, 6(4):253-256, 2020.

RESUMEN: Las matemáticas en epidemiología y en general en las ciencias biológicas constituyen, además de una herramienta, una forma de pensar y estructurar descripciones, explicaciones y predicciones de procesos. Por ello, tanto en epidemiología como en otras áreas del conocimiento biológico, las matemáticas son utilizadas para modelar. El objetivo de este artículo es presentar como los modelos matemáticos se utilizan en la teoría epidemiológica. En este artículo nos centraremos en un modelo en particular, el modelo SIR, utilizado para describir la evolución de epidemias. Se presenta sus características fundamentales desde el punto de vista matemático y se discute el papel de los diferentes parámetros. Además, este modelo se aplica, a modo de ejemplo, a la evolución del Covid-19 en Chile.

PALABRAS CLAVES: Enfermedades infecciosas, pandemias, simulación, SIR, transmisión de enfermedades.

INTRODUCCIÓN

Conocer la evolución de una epidemia tal como el SARS-CoV-2, ébola, gripe H1N1, gripe aviar, peste porcina, etc. en la actualidad resulta primordial. Los modelos matemáticos son técnicas muy útiles para intentar comprender y prever la evolución de una epidemia. El lenguaje de las matemáticas proporciona un medio que, libre de ambigüedades y exigente de definiciones precisas, permite aclarar y especificar mecanismos, funcionamientos y relaciones causales entre sus componentes, que determinan la evolución de un fenómeno dado (Velasco, 2007).

Una ventaja que poseen estos modelos es que permiten predecir la evolución de las epidemias en el curso del tiempo, y tiene por objetivo principal guiar a los responsables de la toma de decisiones en materia de salud pública. La cuarentena y la protección de la población en riesgo son ejemplos de políticas sanitarias concebidas para responder a una crisis. Es recomendable, por tanto, que las decisiones se tomen basadas en estos modelos.

En epidemiología, y en cualquier otra ciencia natural, los modelos matemáticos no son construcciones abstractas aisladas ni pueden ser un fin en sí mismos, sino más bien son herramientas que

se aplican para comprender, analizar y predecir determinados fenómenos. Aunque, existe siempre un marco teórico subyacente en el cual cada modelo en particular se basa. En este trabajo se introduce y analiza el modelo de transmisión más básico para una enfermedad infecciosa causada por virus o bacterias.

El modelo SIR

A continuación se presenta un modelo dinámico básico de transmisión de enfermedades infecciosas de transmisión directa. La transmisión directa podría ocurrir a través del contacto individual, como por ejemplo, a través de un estornudo, la tos o a través del contacto piel-piel. El modelo SIR es un ejemplo de modelo de compartimientos, es decir, un modelo en que la población es dividida en varias categorías. Matemáticamente, el modelo se representa mediante un sistema de tres ecuaciones diferenciales ordinarias. Esta herramienta ayuda a establecer un fundamento teórico para las posibles intervenciones de salud pública (Weiss, 2013).

Para una población dada, estudiaremos la magnitud de tres poblaciones a lo largo del tiempo t . Denotemos por N a la población total en la que el

brote epidémico puede ocurrir, $S(t)$ a los individuos sanos o en estado susceptible de ser contagiados en el tiempo t , $I(t)$ a las personas infectadas y $R(t)$ a los retirados en el tiempo t . Así, se tiene que $N = S(t) + I(t) + R(t)$ donde N se mantiene siempre constante. Se supone que la población de personas sanas o susceptibles de enfermarse no ha sido infectada aún y las retiradas son aquellas personas que están recuperadas y, por lo tanto, ya inmunizadas. Luego, las personas retiradas ya no son consideradas. De esta forma, este modelo no considera directamente la mortalidad de la epidemia, para esto existen otros modelos (Bayette & Monticelli, 2020). El modelo SIR puede ser descrito por el siguiente diagrama:



Fig. 1. Diagrama del modelo de una epidemia tipo SIR

En este modelo, β representa la tasa de transmisión, es decir, la tasa de personas que se infectan, y γ es la tasa de mejora, es decir, la tasa de personas infectadas que son retiradas. Matemáticamente, el modelo SIR viene dado por el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias presentado abajo (Barroso, 2020).

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta S(t) \frac{I(t)}{N} - \gamma I(t) \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \quad (3)$$

La derivada d/dt permite calcular la variación en función del tiempo t y se utiliza para describir la evolución de S , I y R . La ecuación 1 indica que la variación del número de susceptibles es proporcional al número de susceptibles e infecciosos. Donde la constante de proporción β representa la tasa de transmisión y N el tamaño de la población total. El signo negativo se interpreta como un decrecimiento en la población de susceptibles o sanos.

Por otra parte, entre las personas infectadas, algunas mejorarán, y si denotamos como γ a la tasa de mejora, habrá $\gamma I(t)$ nuevas personas recuperadas, las que deben ser restadas de las personas infectadas (ecuación 2) y sumadas a las personas retiradas (ecuación 3). El inverso de la tasa de me-

jora y corresponde al tiempo promedio que un individuo de la población dura enfermo (e infeccioso). Una parte importante de la tasa de infección depende de si la enfermedad es más o menos contagiosa, pero es sabido que las medidas de prevención como el distanciamiento social, el confinamiento y la adopción de medidas de higiene y protección por parte de la población, tienden a reducir el valor de la misma. Partiendo de un número inicial dado de individuos infectados (I_0), las condiciones iniciales del modelo son las siguientes:

$$S(0) = S_0 = N - I_0, \quad I(0) = I_0, \quad R(0) = 0 \quad (4)$$

Un parámetro de gran interés en epidemiología es la denominada tasa básica de reproducción R_0 , utilizada para describir la intensidad de una enfermedad infecciosa. Este valor indica el número de nuevos infectados, en promedio, por un solo infectado a lo largo del periodo de duración de la enfermedad infecciosa. La tasa de reproducción básica se calcula tal como aparece en la ecuación 5, y nos da indicios de si la enfermedad se va a propagar o no, y de la velocidad con que una enfermedad puede propagarse en una población determinada. Si $R_0 > 1$ la enfermedad puede llegar a propagarse ampliamente entre la población. En cambio, si $R_0 < 1$ la enfermedad desaparece tras un cierto periodo de tiempo (Barroso, 2020).

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \quad (5)$$

El modelo SIR data de 1927 y, aunque puede parecer simple, es sumamente eficaz, ayudó en la política sanitaria de vacunación contra la viruela a principios del siglo XX (Bayette & Monticelli, 2020). Este modelo nos permite simular la evolución de una determinada enfermedad infecciosa y comparar distintas situaciones o escenarios, añadiendo valores para los parámetros utilizados (β , γ , N y I_0). Así, es posible ajustar el modelo SIR a datos reales procedentes de una determinada región o país, lo que permite obtener estimaciones sobre la tasa de infección, la tasa de recuperación y, en consecuencia, sobre la tasa reproductiva básica. De este modo se obtiene información valiosa de cómo está evolucionando la enfermedad.

Aplicación al caso del Covid-19 en Chile

Siguiendo las ecuaciones dadas por el modelo SIR es posible simular la evolución de

una epidemia bajo distintos escenarios. Con el fin de ilustrar la utilización del modelo en un caso real se aplica al caso de Chile. Para esto se utiliza el software R mediante el paquete “deSolve” que permite resolver sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias (King, Bolker, Drake, Rohani & Smith, 2017). Se simula la evolución del Covid-19 en Chile con una población de $N=18.000.000$ de habitantes. El número inicial de infectados (I_0) es de una persona. Se supone una tasa de recuperación (γ) de 0,08 similar al promedio de los últimos días (basado en datos del Ministerio de Salud de Chile), lo que equivale a un periodo de latencia de 12,5 días de la enfermedad. Para la tasa de transmisión (β) se suponen tres escenarios: a) $\beta = 0,30$; b) $\beta = 0,25$ y c) $\beta = 0,20$ (basado en datos de Arroyo, Engel, Pardow & Simonetti, 2020). La Figura 1 muestra la evolución, durante un periodo de tiempo, en el número de individuos susceptibles, infectados y recuperados, considerando el primero de los escenarios planteados.

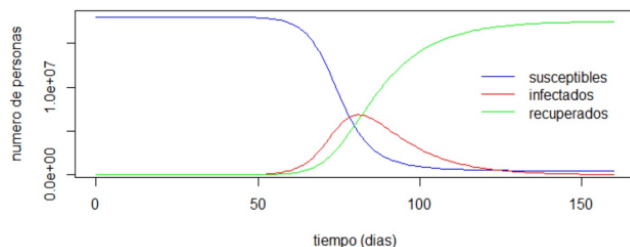


Fig. 2. Simulación de evolución de Covid-19 en Chile mediante modelo SIR.

De la Figura 2 se observa que bajo el primer escenario se tiene que el peak de infectados se produciría aproximadamente 77 días después del inicio de la epidemia, es decir, el día 18 de mayo de 2020. Justo en el peak de la epidemia, el número total de individuos infectados o enfermos ascendería aproximadamente a 6.000.000 de individuos, lo que representa el 33% de la población. Realizando cálculos similares, se tiene que bajo el segundo escenario el peak de infectados se produciría el día 13 de junio e involucraría al 30% de la población aproximadamente, y finalmente bajo el tercer escenario el peak de infectados se produciría el día 25 de julio involucrando al 25% de la población total aproximadamente. En este último caso se tendría que $R_0=2,5$ lo que significa que en promedio, cada persona infectada es capaz de infectar a 2,5 personas. Para tasas de infección menores, el peak de la infección se retrasa en el tiempo, y se reduce el número máximo de personas infectadas por día.

CONCLUSIÓN

En este trabajo se presenta, a nivel introductorio, el modelo SIR utilizado para describir la evolución de epidemias. Se evidencia que la modelación matemática es una herramienta de gran utilidad para entender, la mecánica de la propagación de enfermedades en una determinada población. Esto es de vital importancia ya que permite apoyar la toma de decisiones en salud pública y evaluar las diversas políticas a ser implementadas. Por ejemplo, al disminuir la tasa de transmisión del virus se puede ver cómo se va desarrollando la evolución de la epidemia a través del tiempo, y cómo varía el número de personas susceptibles de contagio, los infectados y los recuperados. Esta disminución de la tasa de transmisión puede lograrse mediante medidas tales como el distanciamiento social o las cuarentenas implementadas en el país.

Por otro lado, existen modelos matemáticos más complejos, como el modelo SEIR, que permite tomar en cuenta más parámetros de la población y del virus. Sin embargo, el modelo descrito aunque simple, explica en gran medida el funcionamiento de este tipo de herramientas. En el ejemplo desarrollado, es posible prever el comportamiento específico del Covid-19 en la población en Chile, si se dieran las condiciones supuestas consideradas bajo los tres escenarios.

Finalmente, cabe mencionar que los distintos modelos son versiones simplificadas y de cuyas limitaciones se debe tener conciencia. Si bien son precisos y rigurosos, se calculan en un tiempo preciso y en un contexto más bien ideal. Modelar el comportamiento de las personas, la evolución del virus (como una posible mutación) y otros parámetros contextuales es extremadamente difícil. Tal como sucede con los sondeos y encuestas, para utilizarlos es necesario saber leerlos y entenderlos, teniendo criterio y juicio en su uso.

VEGA-VARGAS, J. Mathematical models in epidemiology and Covid-19. *J. health med. sci.*, 6(4):253-256, 2020.

ABSTRACT: Mathematics in epidemiology and in general in biological sciences constitute, in addition to a tool, a way of thinking and structuring descriptions, explanations and predictions. Thus, both in epidemiology and in other areas of biological knowledge, the mathematics is used for modeling. The objective of this article is to present how mathematical models are used in epidemiological theory. In

This article will focus on a particular model, the SIR model, used to describe the evolution of epidemics. Its fundamental characteristics from the mathematical point of view are presented and the role of different parameters. In addition, this model is applied, by way of example, to the evolution of Covid-19 in Chile.

KEY WORDS: Infectious diseases, pandemics, simulation, SIR, disease transmission.

Dirección para correspondencia:
Juan Vega Vargas
Departamento de Ingeniería Industrial y de Sistemas,
Universidad de Tarapacá
Arica
CHILE

Email: jvegav@uta.cl

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arroyo, C.; Engel, E.; Pardow, D. & Simonetti, P. Evolución del contagio y fallecidos por COVID-19: Chile y el resto del mundo en fechas comparables. Con datos de Chile hasta el 15 de abril, 2020. Disponible en: <https://www.espaciopublico.cl/wp-content/uploads/2020/04/EP-COVID-15-04.pdf>
- Barroso, V. Una breve introducción al modelo sir aplicado al caso del covid-19. ICEI Papers COVID-19, N° 12. Instituto Complutense de Estudios Internacionales, 2020. Disponible en: <https://www.ucm.es/icei/file/iceipapercovid12>
- Bayette, C & Monticelli, M. Modelamiento de una pandemia. Cómo las matemáticas ayudan en la toma de decisiones. Paisajes matemáticos, 2020. Disponible en: <https://images.math.cnrs.fr/Modelamiento-de-una-epidemia.html?lang=es>
- King, A; Bolker, B.; Drake, J.; Rohani, P. & Smith, D. Integrating ordinary differential equations in R. 2017. Disponible en: https://kingaa.github.io/thid/odes/ODEs_in_R.pdf
- Velasco, J. Modelos matemáticos en epidemiología: enfoques y alcances. *Miscelánea Matemática* 44, 11–27, 2007.
- Weiss, H. The SIR model and the Foundations of Public Health. *Materials Matemàtics*. N° 3, 17 pp., 2013. ISSN: 1887-1097.

Recibido: 13-05-2020
Aceptado: 15-08-2020