

UNIVERSIDAD NACIONAL DEL CALLAO

FACULTAD DE INGENIERÍA QUÍMICA

UNIDAD DE INVESTIGACIÓN



INFORME FINAL

**“MODELO MATEMÁTICO EPIDEMIOLÓGICO SIR PARA LA DINÁMICA DE
TRANSMISIÓN DE LA COVID-19 EN LA REGIÓN CALLAO”**

AUTOR

SANTOS PANTALEÓN RODRIGUEZ CHUQUIMANGO

Callao, 2022

PERÚ

A handwritten signature in blue ink, reading "Santos Pantaleón Rodríguez Chuquimango", is placed over a light gray rectangular background.



DEDICATORIA

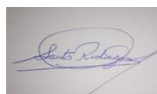
“Este trabajo está dedicado a la memoria de todos los Docentes y administrativos de la UNAC que fallecieron a causa de la pandemia...”



AGRADECIMIENTO

“A ti, oh Dios de mis padres, te doy gracias y te
alabo porque me has dado sabiduría y fuerza”

Daniel 2:23

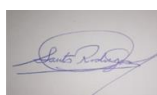


INDICE

DEDICATORIA	iii
AGRADECIMIENTO	iv
INDICE.....	v
TABLAS DE CONTENIDO.....	ix
TABLA DE GRÁFICOS	x
RESUMEN.....	xi
ABSTRAC.....	xii
INTRODUCCIÓN	1
I. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	2
1.1. Descripción de la realidad problemática	2
1.2. Formulación del problema	3
1.2.1. Problema general	3
1.2.2. Problemas específicos.....	3
1.3. Objetivos	3
1.3.1. Objetivo general	3
1.3.2. Objetivos específicos.....	3
1.4. Limitantes de la investigación.....	4
1.4.1. Teórica	4
1.4.2. Temporal	4
1.4.3. Espacial.....	4
II. MARCO TEÓRICO	5
2.1. Antecedentes	5



2.2.	Bases teóricas.....	8
2.2.1.	Modelo matemático	8
2.2.2.	El modelo matemático SIR	9
2.2.3.	Formulación del modelo matemático SIR	10
2.2.4.	Tasa básica de reproducción.....	10
2.2.5.	Enfermedad infecciosa	11
2.3.	Conceptual.....	13
2.3.1.	Modelación con EDO lineales.....	13
2.3.2.	Clasificación de los modelos matemáticos.....	15
2.3.3.	Difusión de una enfermedad.....	16
2.3.4.	Modelos de compartimentos.....	18
2.4.	Definición de términos básicos.....	20
2.4.1.	Tasa de infección	20
2.4.2.	Tasa de recuperación	20
2.4.3.	Individuos expuestos	20
2.4.4.	Individuos infectados o infecciosos.....	20
2.4.5.	Individuos latentes	20
2.4.6.	Periodo de incubación.	21
2.4.7.	Incidencia.	21
2.4.8.	Proporción de letalidad.	21



2.4.9.	Mortalidad inducida por enfermedades.....	21
III.	HIPÓTESIS Y VARIABLES	22
3.1.	Hipótesis	22
3.1.1.	Hipótesis general.....	22
3.1.2.	Hipótesis específicas	22
3.2.	Definición conceptual de variables	22
3.2.1.	Operacionalización de variable	22
IV.	DISEÑO METODOLÓGICO	24
4.1.	Tipo y diseño de la investigación.....	24
4.2.	Método de investigación.....	24
4.3.	Población y muestra	24
4.4.	Lugar de estudio y periodo desarrollado.....	24
4.5.	Técnicas e instrumentos para la recolección de la información	24
4.6.	Análisis y procesamiento de datos.	24
V.	RESULTADOS.....	25
5.1.	Resultados descriptivos.....	25
5.1.1.	Simulación de la Dinámica del COVID 19 para 1000 habitantes..	25
5.1.2.	Dinámica de la COVID 19 cuando aumenta la tasa de infección .	27
5.1.3.	Aplanando la curva de Infectados.....	28
5.2.	Resultados inferenciales	30



5.2.1.	Procedimiento para el modelo SIR en formato Geogebra	30
5.2.2.	Dinámica de la COVID 19 con alta tasa de infección	31
5.2.3.	Dinámica de la COVID 19 con medidas de contención	32
5.2.4.	Efecto de las medidas de contención	33
5.2.5.	Dinámica de la Covid 19 en la región Callao	34
5.3.	Otros resultados	39
5.3.1.	Reporte de fallecidos diarios.....	39
5.3.2.	Reporte de Infectados desde marzo 2020 hasta marzo 2021	39
VI.	DISCUSIÓN DE RESULTADOS.....	41
6.1.	Contrastación y demostración de la hipótesis con los resultados	41
6.2.	Contrastación de los resultados con otros estudios similares	41
6.3.	Responsabilidad ética de acuerdo a los reglamentos vigentes.....	42
	CONCLUSIONES	43
	RECOMENDACIONES	44
	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	45
	MATRIZ DE CONSISTENCIA	47
	Fuente de datos	48



TABLAS DE CONTENIDO

Tabla 1. Operacionalización de la Variable Dependiente	23
Tabla 2. Dinámica del COVID 19 con el Modelo SIR en EXCEL	25
Tabla 3. Dinámica del COVID 19 con el Modelo SIR en EXCEL mayor tasa de infección	27
Tabla 4. Aplanamiento de la curva de Infectados	29



TABLA DE GRÁFICOS

Figura 1. Secuencia de la modelación matemática	16
Figura 2. Modelos de Compartimentos Tipo SI, SIR, SIS, SIRS	19
Figura 3. Dinámica del COVID 19 con el Modelo SIR en EXCEL	26
Figura 4. Dinámica del COVID 19 con aumento de tasa de infección	28
Figura 5. Aplanando la curva de Infectados	30
Figura 6. Dinámica de susceptibles, Infectados y Recuperados con mayor tasa de infección	32
Figura 7. Dinámica de susceptibles, Infectados y Recuperados con menor tasa de infección	33
Figura 8. Aplanando la curva de infectados	34
Figura 9. Reporte de infectados diarios en la Región Callao	35
Figura 10. Simulación de dinámica de la Covid 19 Región Callao-Primera Ola	36
Figura 11. Simulación de Infectados Primera Ola-Región Callao	36
Figura 12. Simulación de dinámica de la Covid 19 Región Callao-Segunda Ola	37
Figura 13. Simulación de Infectados Segunda Ola-Región Callao	37
Figura 14. Simulación de dinámica de la Covid 19 Región Callao-Tercera Ola	38
Figura 15. Simulación de Infectados Tercera Ola-Región Callao	38
Figura 16. Dinámica de fallecidos por día periodo marzo 2020 hasta abril 2021	39
Figura 17. Dinámica de Infectados desde marzo 2020 hasta marzo 2021-Perú	40
Figura 18. Simulación de un escenario de pandemia para población finita	42



RESUMEN

El trabajo de investigación Modelo Matemático Epidemiológico SIR para la dinámica del Covid 19 en la región Callao, tiene por objetivo aplicar el modelo epidemiológico SIR, que ha servido para estudiar el comportamiento de enfermedades infecciosas. para mostrar la dinámica de Susceptibles, Infectados y Recuperados generados por la Covid 19 en la región Callao. En el marco teórico hacemos la presentación del modelo matemático epidemiológico SIR, que usa un sistema de ecuaciones diferenciales no lineales. Para resolver el sistema de ecuaciones hacemos uso del software matemático Geogebra, el cual usa un algoritmo numérico para resolver el sistema y nos presenta las curvas solución que nos permiten observar la dinámica del Covid 19. Se ha hecho también una simulación para una población de 1000 habitantes, con diferentes valores para los parámetros β y γ que representan la tasa de contagio y la tasa de recuperación respectivamente. Dichos valores corresponden a los datos reportados por el Ministerio de Salud para la región Callao.

Los resultados nos permiten concluir la importancia de dictar medidas gubernamentales que permitan controlar la pandemia, a fin de que el sistema de salud de nuestra región no colapse debido a la gran cantidad de infectados que requerirán atención médica. El confinamiento obligatorio, el distanciamiento social, el lavado de manos, y el uso de mascarillas con responsabilidad son necesarias para el control de la epidemia.

Palabra Clave: Covid 19, Modelo matemático SIR



ABSTRAC

The research work SIR Epidemiological Mathematical Model for the dynamics of Covid 19 in the Callao region, aims to apply the SIR epidemiological model, which has served to study the behavior of infectious diseases. to show the dynamics of Susceptible, Infected and Recovered generated by Covid 19 in the Callao region. In the theoretical framework we present the SIR epidemiological mathematical model, which uses a system of non-linear differential equations. To solve the system of equations we use the Geogebra mathematical software, which uses a numerical algorithm to solve the system and presents us with the solution curves that allow us to observe the dynamics of Covid 19. A simulation has also been made for a population of 1000 inhabitants, with different values for the parameters β and γ that represent the contagion rate and the recovery rate, respectively. These values correspond to the data reported by the Ministry of Health for the Callao region.

The results allow us to conclude the importance of dictating government measures to control the pandemic, so that the health system in our region does not collapse due to the large number of infected who will require medical attention. Mandatory confinement, social distancing, hand washing, and the responsible use of masks are necessary to control the epidemic.

Keyword: Covid 19, SIR mathematical model

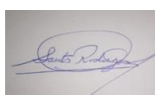


INTRODUCCIÓN

El proyecto de investigación titulado Modelo Matemático Epidemiológico SIR para la Dinámica de Transmisión de la COVID 19 en la Región Callao, tiene por objetivo aplicar el modelo matemático epidemiológico SIR para la dinámica de la pandemia producida por la COVID 19 en la región Callao, haciendo una descripción de la dinámica de la población de Susceptibles, Infectados y Recuperados a causa de la enfermedad producida por la COVID-19. En el marco teórico hacemos una descripción del modelo matemático SIR que ha sido formulado para predecir el contagio de enfermedades. Para los resultados, se consideró los datos publicados por el Ministerio de Salud para la región Callao. Aplicamos el modelo matemático SIR, resolvemos el sistema de ecuaciones diferenciales que corresponde usando el software matemático Geogebra, el cual nos ha permitido presentar las curvas solución que mostrarán la dinámica de la COVID-19 en la región Callao.

También se ha hecho una simulación de la pandemia usando el software EXCEL observando el comportamiento de la enfermedad en una población de 1000 habitantes, teniendo en cuenta los diferentes escenarios de la enfermedad, Sin restricciones, con medidas gubernamentales para detener los contagios como el confinamiento obligatorio, el distanciamiento social y el lavado de manos. E ha hecho una simulación de la pandemia en la región Callao, considerando la población total de la Región, observándose que la dinámica se refleja en tres olas, que corresponden a los datos oficialmente reportados por el ministerio de Salud para la región Callao, en lo que respecta a los infectados.

En las conclusiones manifestamos la importancia de seguir manteniendo la distancia social, el lavado de manos y el uso de mascarillas con responsabilidad para evitar que la tasa de contagio aumente y genere un colapso en el ministerio de salud.



I. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

1.1. Descripción de la realidad problemática

A partir de diciembre del 2019 el mundo entero ha sido testigo de la aparición del virus SARS-COV2, que viene produciendo una de las pandemias más desastrosas de los últimos tiempos, causando la muerte de muchísimas personas en todo el mundo. Desde la aparición de este virus la vida del ser humano se ha visto afectada en muchas formas. Aquí en el Perú, el 06 de marzo del 2020 se anunció la presencia del primer contagiado exportado desde Europa, y desde el 19 de marzo del 2020 en que se informó el primer deceso por causa del virus, la vida de los peruanos ha cambiado radicalmente, pues, a pesar de las medidas de confinamiento ejecutadas por el supremo gobierno, no se pudo controlar la propagación del virus primero en Lima y luego a las otras regiones del país.

La enseñanza universitaria ha sido afectada por las medidas de confinamiento dictadas, así como otras actividades indispensables para el desarrollo del país, Los docentes y estudiantes hemos incursionado, resultado del confinamiento en las clases virtuales y en trabajos de investigación remoto.

Las pandemias y el contagio de enfermedades no son nuevas en nuestra sociedad y ha sido una preocupación de científicos e investigadores el estudiar estos fenómenos para poder contrarrestar sus efectos y tomar las medidas correspondientes a fin de atenuar sus efectos y salvaguardar la vida humana. Modelos matemáticos han sido formulados para poder estudiar la dinámica de las enfermedades, uno de estos modelos es el modelo matemático epidemiológico SIR que es un modelo compartimental y usa un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias para estudiar el contagio de enfermedades, veremos de qué forma podemos usar este modelo para entender y describir la dinámica del COVID-19 en la región Callao.



1.2. Formulación del problema

1.2.1. Problema general

¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite explicar la dinámica de la COVID-19 en la región Callao?

1.2.2. Problemas específicos

- a) ¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite mostrar la dinámica de Susceptibles producida por la COVID-19 en la región Callao?
- b) ¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite mostrar la dinámica de Infectados producida por la COVID-19 en la región Callao?
- c) ¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite mostrar la dinámica de Recuperados de la enfermedad producida por la COVID-19 en la región Callao?

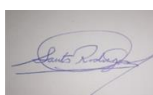
1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo general

Usar el modelo matemático SIR para mostrar la dinámica del COVID-19 en la región Callao.

1.3.2. Objetivos específicos

- a) Usar el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la población de Susceptibles producida por la COVID-19 en la región Callao.
- b) Usar el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la población de Infectados producida por la COVID-19 en la región Callao.
- c) Usar el modelo matemático Epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la población de Recuperados de la enfermedad producida por la COVID-19 en la región Callao.



1.4. Limitantes de la investigación

1.4.1. Teórica

La enfermedad producida por el COVID-19 es realmente nueva y aún está en estudio por lo que los conocimientos teóricos aún están en desarrollo, sin embargo, el trabajo se enfoca al análisis del modelo matemático SIR que ha servido para estudiar el contagio de enfermedades en epidemiología.

1.4.2. Temporal

En nuestro caso nos limitamos al período comprendido entre marzo del 2020 hasta marzo del 2021 y los datos obtenidos hasta el momento, publicados por el Ministerio de Salud. Al inicio de la pandemia en el Perú, el Ministerio de Salud solamente informaba el número de fallecidos diariamente, por lo que no se tiene un informe del número de infectados en el mes de marzo y abril.

1.4.3. Espacial

La investigación está limitada a los datos correspondientes al Perú y de manera particular a la región del Callao.



II. MARCO TEÓRICO

2.1. Antecedentes

Antecedentes internacionales

Manrique y otros (2020) en el trabajo de investigación Modelo SIR de la pandemia de Covid-19 en Colombia tienen por objetivo desarrollar un modelo SIR pronóstico de la pandemia de COVID-19 en el territorio colombiano. Se utilizó un modelo SIR con enfoque determinístico para pronosticar el desarrollo de la pandemia de COVID-19 en Colombia. Los estados considerados fueron susceptibles (S), infecciosos (i) y recuperados o fallecidos (R). Los datos poblacionales se obtuvieron del Departamento Administrativo Nacional de estadística (Proyecciones de Población 2018-2020, difundida en enero de 2020) y los datos sobre casos diarios confirmados de COVID-19 del Instituto Nacional de Salud. Se plantearon diferentes modelos variando el número básico de reproducción (R_0). A partir de los casos reportados por el Ministerio de Salud se crearon cuatro ambientes o escenarios simulados en un modelo SIR epidemiológico, se extendieron las series de tiempo hasta el 30 de mayo, fecha probable del 99% de infección poblacional. Un R_0 de 2 es la aproximación más cercana al comportamiento de la pandemia durante los primeros 15 días desde el reporte del caso 0, el peor escenario se daría en la primera semana de abril con un R_0 igual a 3. Se hacen necesarias nuevas medidas de mitigación y supresión en las fases de contención y transmisión sostenida, como aumento de la capacidad diagnóstica por pruebas y desinfección de zonas pobladas y hogares de aislamiento.

Ortigosa y otros (2020) en el trabajo de investigación Simulación Numérica y Modelación Matemática de la propagación del Covid 19 en el estado de Veracruz, se muestra el uso de diferentes modelos matemáticos para simular posibles escenarios de la propagación del Covid 19 en el estado de Veracruz; se obtienen cantidades importantes en epidemiología como son el número básico de reproducción, así como las tasas de transmisión, recuperación y de latencia. Los datos reportados por la secretaria de salud de Veracruz son entradas a modelos



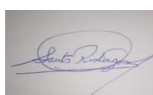
de compartimentos (S=susceptibles, I=Infectados, E=expuestos, R=recuperados), escritos como sistemas de ecuaciones diferenciales no lineales; los parámetros son hallados usando un método de mínimos cuadrados ajustando el modelo de ecuaciones diferenciales a los datos. Así mismo se presentan resultados con algoritmos learning machine aplicados a los datos y una extensión del modelo temporal a un modelo espacio-temporal de autómata celular.

Wilches y Castillo (2020) en el artículo de titulado: Aproximación Matemática del Modelo Epidemiológico SIR para la comprensión de las medidas de contención contra la COVID-19 tienen por objetivo desarrollar el modelo matemático SIR y su aplicación para predecir el curso de la pandemia por Covid-19 en la ciudad de Santa Marta (Colombia), a fin de comprender la razón que subyacía a varias de las medidas de contención adoptadas por los Estados del mundo en la lucha contra la pandemia.

Antecedentes nacionales

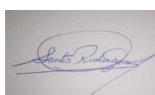
Gonzales (2020) en el trabajo de investigación titulado: Pandemia de la COVID-19 y las Políticas de Salud Pública en el Perú: marzo-mayo 2020, se tiene por objetivo analizar la dinámica del comportamiento de la COVID-19 en el Perú, estimar y evaluar el impacto de la política pública de supresión (cuarentena). Se usa el modelo matemático SIR y la estimación con el método de mínimos cuadrados. Se encontró que el número básico de propagación (R_0) cayó de 6,0 a 3,2 habiéndose reducido en 54% por efecto de la estrategia de supresión, y dos meses después cayó a 1,7. Sin embargo, sigue siendo alto y evidencia que aún continúa en expansión el nivel de infectados, con los efectos sociales y económicos adversos que esta medida implica. Se concluye que la COVID-19 es una enfermedad que crece exponencialmente, por lo cual, la política de salud basada en la estrategia de supresión ha permitido aplanar la curva de contagio, evitando el colapso del Sistema de Salud.

Taramona (2020) en el trabajo de investigación: Modelación matemática para mitigar los efectos del COVID-19 en el sector turismo del Perú, tiene por objetivo



realizar una caracterización del comportamiento de la pandemia en los tres primeros meses de su desarrollo, basado en el análisis de tendencias y la determinación del número de reproducción efectivo (R_t) a partir de métodos estadístico-matemáticos. Se aplicó una variante el modelo matemático SIR para pronosticar la posible evolución de la pandemia. Este se ajustó con la estrategia de optimización Global Search del software MATLAB. Su solución empleó la función ode23tb de MATLAB, que usa un algoritmo combinado de Runge-Kutta con otro de regla trapezoidal. Con la aplicación de la estrategia Kaizen como vía de mejora continua, se propusieron un conjunto de acciones que pudieran realizarse actualmente y que permitirían enfrentar en mejor situación la recuperación del sector turístico. El comportamiento del R_t y la simulación realizada demostraron que las medidas de mitigación establecidas son insuficientes para reducir sustancialmente el impacto de la pandemia, pronosticándose que, para finales del año 2020, el número de infectados pudiera alcanzar la cifra de 840 mil y los fallecidos superarían los 44 mil.

Córdova (2020) en el trabajo de investigación: Precisión del pronóstico de la dinámica de propagación de la COVID-19 en Perú, se tiene por objetivo analizar la precisión del pronóstico del modelo suavizado de Brown para predecir la propagación de la COVID-19 en Perú, entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020. Es un estudio descriptivo basado en un análisis de series de tiempo correspondiente al período comprendido entre el 6 de marzo al 30 de mayo del 2020 en Perú. Se utilizó la información de la cantidad de casos positivos de COVID-19 (155 671 personas). El modelo empleado como método de predicción fue el pronóstico suavizado de Brown que consiste en realizar dos suavizaciones exponenciales, a partir de las cuales se calcula el pronóstico: en la primera se emplean los valores observados en la serie de tiempo; y la segunda, la serie que ha sido obtenida mediante la primera atenuación. Las medidas de precisión utilizadas fueron el error medio del pronóstico (EMP), el error medio al cuadrado (EMC), la desviación absoluta de la media (DAM) y el porcentaje de error medio absoluto (PEMA). Para determinar si los datos se ajustan al modelo evaluado se



utilizó el coeficiente de determinación (R^2). Resultados: El error medio del pronóstico (EMP) fue de 156,7; el error medio al cuadrado (EMC) fue de 506461,3; la desviación absoluta de la media (DAM) fue 450,6 y el porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue 9,03 %. El coeficiente de determinación (R^2) fue de 0,8078. E concluye que el error de precisión o porcentaje de error medio absoluto (PEMA) fue del 9,03 %, con un coeficiente de determinación (R^2) de 0,8078; lo que indica que los datos se ajustan en un 80,78 % al modelo evaluado.

2.2. Bases teóricas

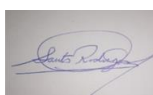
2.2.1. Modelo matemático

Un modelo matemático es una descripción matemática (a menudo por medio de una función o una ecuación) de un fenómeno del mundo real, como el tamaño de una población, la expectativa de vida de una persona al nacer o la propagación de una epidemia.

Zill (2002) dice que: “Con frecuencia se desea describir el comportamiento de algún sistema o fenómeno de la vida real en términos matemáticos; dicho sistema puede ser físico, sociológico o hasta económico. La descripción matemática de un sistema o fenómeno se llama se llama modelo matemático y se forma con ciertos objetivos en mente.” (p. 22)

La importancia de los modelos matemáticos en Ciencias de la Salud, específicamente en la especialidad de Higiene y Epidemiología se muestra en la necesidad de predecir el comportamiento de epidemias. Estas se pueden modelar mediante una ecuación diferencial de 1er orden o mediante un sistema de ecuaciones diferenciales.

Dado un problema del mundo real, la primera tarea es formular un modelo matemático. Para esto se identifican y nombran las variables independientes y dependientes y se establecen hipótesis que simplifiquen el fenómeno lo suficiente para que pueda tratarse matemáticamente. Para lograr esta tarea hay que poner en práctica los conocimientos de la situación física y las habilidades matemáticas para obtener ecuaciones que relacionen las variables. En las situaciones en que



no exista una ley física que guíe el trabajo, quizás se necesite reunir datos y examinarlos en forma de tabla para distinguir los patrones. Es probable que sea conveniente obtener una representación gráfica a partir de la representación numérica de una función, utilizando estos datos. En algunos casos, la gráfica podría sugerir incluso una fórmula algebraica adecuada.

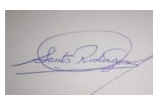
2.2.2. El modelo matemático SIR

Dentro de la epidemiología, uno de los modelos matemáticos determinísticos más usado es el denominado modelo SIR cuyas siglas corresponden a la descripción en el idioma inglés (Susceptible-Infectious-Recovered). El modelo, que tiene su origen en el trabajo de Kermack y McKendrick (1972), permite caracterizar la evolución de una epidemia que se propaga mediante contagio entre los individuos de una población de tamaño N que permanece constante. En cada momento del tiempo t los individuos pueden encontrarse en tres posibles estados o compartimentos,

- **Susceptibles $S(t)$:** individuos sanos que pueden ser contagiados por los infectados.
- **Infectados $I(t)$:** individuos portadores de la enfermedad.
- **Recuperados $R(t)$:** individuos que se han recuperado de la enfermedad.

El modelo cuenta con dos parámetros, que son los siguientes:

- Tasa de infección o tasa de transmisión de la enfermedad β : nos indica el número de contactos suficientes para la transmisión de una persona por unidad de tiempo. Es decir, el parámetro β es el producto del número de contactos medios por individuo y unidad de tiempo y la probabilidad de contagio en un solo contacto entre un individuo infectado y un individuo susceptible. En consecuencia $\beta I(t)/N$ nos indica el número medio de contactos infectados por unidad de tiempo de un individuo susceptible, mientras que $\beta S(t)I(t)/N$ es el número de casos nuevos por unidad de tiempo.



- Tasa de recuperación γ : nos indica la tasa por unidad de tiempo a la cual los individuos infectados se recuperan. Es decir, es la ratio entre el número de recuperados y el número de infectados por unidad de tiempo. El periodo medio de latencia se calcula como la inversa de la tasa de recuperación, $L = 1/\gamma$. Es importante resaltar, de nuevo, que el valor de la tasa de infección o transmisión está relacionado, por un lado, con el número de contactos por unidad de tiempo y, por otro lado, con la probabilidad de contagio. Si bien es cierto que una parte importante de la tasa de infección depende de si la enfermedad es más o menos contagiosa, las medidas de prevención como el confinamiento, el distanciamiento y la adopción de medidas de higiene y protección por parte de la población, tienden a reducir el valor de la misma. Barroso (2020).

2.2.3. Formulación del modelo matemático SIR

La dinámica del modelo SIR está representada por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales que describen la variación en el tiempo de cada uno de los tres estados posibles de los componentes de una población N , susceptibles (S), Infectados (I) y recuperados (R).

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\frac{\beta SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} = \frac{\beta SI}{N} - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \gamma I \end{cases} ; S(0) = S_0 = N - I_0, I(0) = I_0, R(0) = 0$$

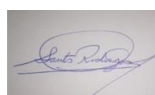
Asumiendo que el número de infectados en el instante $t = 0$, es I_0 .

Observemos que en el sistema se cumple

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} + \frac{dR}{dt} = 0 \Rightarrow S + R + T = N$$

2.2.4. Tasa básica de reproducción

La tasa básica de reproducción denotada por R_0 , sirve para describir la intensidad de una enfermedad infecciosa, y nos indica el número de nuevos infectados, en



promedio, por un solo infectado a lo largo del periodo de duración de la enfermedad. Se calcula de la siguiente manera

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

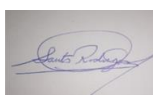
Si $R_0 > 1$, la enfermedad se propaga ampliamente en la población hasta convertirse en una pandemia. Si $R_0 < 1$, la enfermedad tiende a desaparecer en un determinado periodo de tiempo.

2.2.5. Enfermedad infecciosa

Una enfermedad infecciosa es clínicamente evidente resultado de la presencia de un agente microbiano patógeno. El agente microbiano que causa la enfermedad puede ser proteínas bacterianas, virales, fúngicas, parasitarias o pueden ser tóxicas, llamadas priones. Las enfermedades infecciosas causadas por bacterias incluyen tuberculosis y neumonía; enfermedades virales incluyen VIH y la influenza; las enfermedades fúngicas más extendidas son las dermatomicosis; las infecciones parasitarias son causadas por macro parásitos como protozoos, helmintos, trematodos y cestodos.

Según el medio de transmisión, las enfermedades infecciosas se clasifican de la siguiente manera:

- A. Enfermedades transmitidas de persona a persona son enfermedades que requieren contacto directo. El contacto directo incluye tocar o tener contacto sexual.
- B. La transmisión aérea ocurre por inhalación de aire infectado. Las enfermedades transmitidas por el aire incluyen influenza, viruela, sarampión, varicela y tuberculosis.
- C. Las enfermedades transmitidas por los alimentos y el agua se transmiten a través de la ingestión de alimentos o agua contaminados.
- D. Las enfermedades transmitidas por vectores son transmitidas por un vector, con mayor frecuencia un artrópodo como un mosquito o una garrapata, o un molusco como un caracol.



E. La transmisión vertical ocurre cuando una enfermedad se transmite a través de la placenta, de madre a hijo antes o al nacer.

Según la página oficial del ministerio de Salud los coronavirus (CoV) son una amplia familia de virus que pueden causar diversas afecciones, desde el resfriado común, hasta infecciones respiratorias graves. La Covid 19 es la enfermedad causada por el coronavirus que se ha descubierto más recientemente. Tanto este nuevo virus como la enfermedad que provocan eran desconocidos antes de que estallara el brote en Wuhan (China) en diciembre de 2019. Actualmente la Covid 19 es una pandemia que afecta a muchos países de todo el mundo. ¿cómo se transmite? Una persona puede contraer la Covid 19 por contacto con otra que esté infectada por el virus. Se transmite de persona a persona a través de gotitas que expulsa una enferma al hablar, toser o estornudar. Las gotitas pueden ser inhaladas por las personas que están cerca al enfermo y también quedarse en cualquier tipo de superficie (pasamanos, mesas, lapiceros, entre otros) y ser tocadas por las manos. El virus ingresa a nuestro organismo cuando nos tocamos los ojos, la nariz y la boca con las manos sin lavar.

Montesinos, O (2007) nos muestra un resumen sobre la historia sobre las enfermedades infecciosas:

En términos históricos, las enfermedades infecciosas han constituido una amenaza muy grave para la sociedad. Durante la mayor parte del siglo XX las pandemias (epidemias que se propagan por áreas y poblaciones de enorme tamaño) se habían ya considerado amenazas del pasado; la medicina moderna se había ocupado para siempre de la peste, la viruela y otras catástrofes de carácter contagioso. No obstante, los cambios ambientales actuales han propiciado cambios en las distribuciones geográficas de organismos en general y de parásitos en particular. La resistencia a los agentes antimicrobianos también se ha convertido en un grave problema mundial. Algunas infecciones, antes fáciles de tratar con antibióticos, representan ahora una grave amenaza para la salud en todas partes. El caso de Toronto (Canadá), la única ciudad de un país occidental

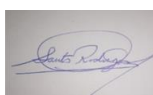


en la que la epidemia del síndrome respiratorio agudo grave (SRAG) se ha extendido de forma local, es un claro ejemplo de ello. Por lo tanto, en años recientes, las enfermedades infecciosas como malaria, tuberculosis, VIH/SIDA, SRAG y la posibilidad del bioterrorismo han provocado de nueva cuenta un gran efecto económico y de salud, sea en países desarrollados o del tercer mundo, lo cual indica que esta amenaza sigue presente. Por ello, el uso de métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos para estudiar la dinámica de transmisión y control de las enfermedades infecciosas ha ganado importancia de forma notoria entre los científicos y profesionales de la salud para idear programas efectivos de control e interpretar patrones epidemiológicos. En el presente trabajo se revisan los antecedentes, la relevancia y la clasificación de los modelos matemáticos para enfermedades infecciosas; además, se describen de forma detallada algunos modelos típicos y otros esquemas recientes que se utilizan cada vez más para modelar las enfermedades infecciosas. Es probable que el hombre formulara ya teorías acerca de la naturaleza de las enfermedades infecciosas desde mucho tiempo atrás. Por ejemplo, se atribuyó a una lenta nube de aire dañino la difusión de la peste negra en el siglo XIV como una explicación causal. D'Alembert fue el primero en describir la propagación de enfermedades infecciosas mediante un modelo matemático en el siglo XVIII.² Sin embargo, el primer artículo conocido que incluye un modelo explícito para una enfermedad infecciosa apareció en 1760. El documento lo publicó Daniel Bernoulli (1700-82), de nacionalidad suiza, quien tenía conocimientos médicos y matemáticos. Bernoulli propuso varios modelos matemáticos mediante ecuaciones diferenciales para modelar algunas enfermedades infecciosas. (pp. 218-219)

2.3. Conceptual

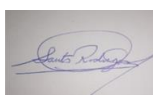
2.3.1. Modelación con EDO lineales

Los investigadores han resaltado la importancia de los modelos matemáticos en las diferentes disciplinas. La construcción de modelos matemáticos es una de las



herramientas utilizadas hoy en día para el estudio de problemas en medicina, biología, fisiología, bioquímica, epidemiología, farmacocinética, entre otras áreas del conocimiento; sus objetivos primordiales son describir, explicar y predecir fenómenos y procesos en dichas áreas. Sin embargo, su aplicación se ve limitada con frecuencia por la falta de conocimientos e información acerca de los principios básicos del modelamiento matemático. La relevancia de la construcción de los modelos matemáticos para enfermedades infecciosas es evidente:

- a) La construcción de modelos revela algunas veces relaciones que no son obvias a primera vista;
- b) Una vez construido el modelo matemático es posible extraer de él propiedades y características de las relaciones entre los elementos que de otra forma permanecerían ocultas;
- c) En la mayor parte de los problemas de enfermedades infecciosas del mundo real no es factible experimentar con la realidad, ya que puede ser muy costoso, peligroso, inmoral o incluso imposible. Por lo tanto, es natural intentar superar esta dificultad con la construcción de un modelo que describa de manera adecuada las características básicas de la epidemia y entonces usar el modelo para predecir las consecuencias de introducir cambios específicos;
- d) La función principal de un modelo para una enfermedad infecciosa consiste en proveer un medio que posibilite entender la dispersión de una enfermedad infecciosa a través de una población bajo diferentes escenarios. Es importante resaltar que un modelo está en verdad definido por las relaciones que incorpora. Estas relaciones son independientes de los datos a introducir en el modelo, ya que un modelo puede usarse para diferentes ocasiones y en distintos contextos. Cabe señalar que los modelos matemáticos para enfermedades infecciosas se utilizan como herramienta para tomar decisiones y que deben valorarse en su justa medida, ya que difícilmente es comprensible un problema complejo sin una mínima modelación, aunque también hay que reconocer que no es posible modelar la totalidad de las



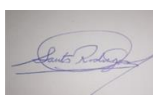
situaciones reales. En esencia, la función central de crear y analizar modelos matemáticos es mejorar la comprensión de un sistema para prevenir futuras situaciones de enfermedades, determinar la prevalencia e incidencia y coadyuvar a tomar decisiones objetivas para controlar o erradicar las enfermedades. (Montesinos y Hernández, 2007, p.218)

2.3.2. Clasificación de los modelos matemáticos

Existen dos tipos de modelos matemáticos: determinísticos y estocásticos. En un modelo determinístico se pueden controlar los factores que intervienen en el estudio del proceso o fenómeno y por tanto se pueden predecir con exactitud sus resultados. En un modelo estocástico no es posible controlar los factores que intervienen en el estudio del fenómeno y en consecuencia no produce simples resultados únicos. Cada uno de los resultados posibles se genera con una función de probabilidad que le adjudica una probabilidad a cada uno de éstos, por ejemplo, un modelo para predecir el tamaño de una epidemia en una población de N individuos. Para el caso determinístico se proporciona un valor único, C , mientras que el modelo estocástico permite la posibilidad de obtener desde cero hasta N individuos y se adjudica una cierta probabilidad a cada uno de estos sucesos. La diferencia es más grande de lo que parece, ya que en un modelo matemático determinístico en el contexto epidemiológico; un solo sujeto causa una epidemia generalizada, mientras que bajo un modelo estocástico existe la posibilidad de que la epidemia se extinga. (Montesinos, y Hernández, p. 219)

Borelli (2002) define la modelación como un proceso: “La modelación es el proceso de reconstrucción de un proceso natural de su medio a una forma llamada modelo, el cual puede analizarse por medio de técnicas que entendemos y en las que confiamos. Un modelo es un dispositivo que ayuda al modelador a predecir o explicar el comportamiento de un fenómeno, experimento o suceso”. (p. 41)

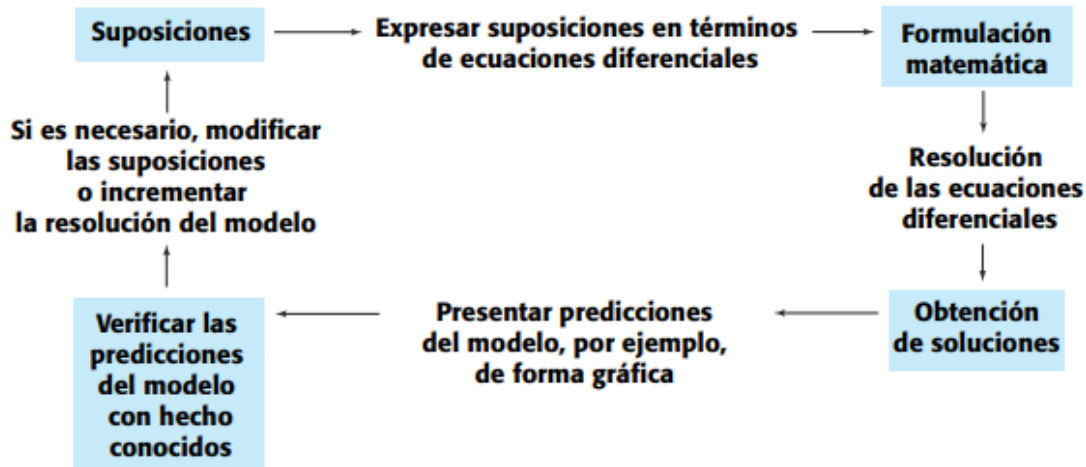
Un suceso de magnitud mundial es la aparición del virus SARS-COV2, que ha producido la pandemia COVID 19, que ha causado muchas muertes en todo el mundo.



En la figura 1 se muestra la secuencia que se debe seguir para formular un modelo matemático que nos permita representar un fenómeno de la naturaleza, en nuestro caso de interés, la pandemia producida por el Covid 19.

Figura 1

Secuencia de la modelación matemática



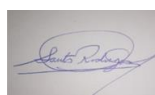
Fuente: (Zill, D. y Cullen, M. 2008. p. 21)

Una de las actividades importantes en el proceso de modelación matemática es la identificación de las variables en el modelo.

La construcción de un modelo matemático de un sistema inicia con la identificación de las variables responsables del cambio que se produzca en el sistema. Es posible que al principio decidamos no incorporar todas estas variables en el modelo. En este primer paso se especifica el nivel de resolución del modelo. A continuación, formulamos un conjunto de premisas razonables o hipótesis acerca del sistema que intentamos describir. Estos supuestos también incluirán cualquier ley empírica aplicable al sistema. (Zill, D. y Cullen, M. 2008, p.21)

2.3.3. Difusión de una enfermedad

Una de las aplicaciones sencillas de las ecuaciones diferenciales ordinarias de primer orden es la difusión de una enfermedad en una población finita.



Zill, D. y Cullen, M. (2006) nos muestran un modelo para una enfermedad contagiosa en una población finita.

Una enfermedad contagiosa —por ejemplo, un virus de gripe— se difunde en una comunidad por medio del contacto físico entre las personas. Si $x(t)$ indica el número de personas que han tenido contacto con la enfermedad y $y(t)$ el número de personas que no han sido expuestas a ésta, parece razonable asumir que la tasa $\frac{dx}{dt}$ a la que se difunde la enfermedad es proporcional al número de encuentros o interacciones entre estos dos grupos de gente. Si suponemos que el número de interacciones es conjuntamente proporcional a $x(t)$ y $y(t)$, es decir, proporcional al producto xy , entonces

$$\frac{dx}{dt} = kxy \quad (1)$$

donde k es la constante acostumbrada de proporcionalidad. Suponga una pequeña comunidad que cuenta con una población fija de n personas. Si una persona infectada se introduce en esta comunidad, entonces puede asumir que $x(t)$ y $y(t)$ se encuentran relacionados por $x + y = n + 1$. Al utilizar esta última ecuación para eliminar la variable y en (1) obtendremos el modelo.

$$\frac{dx}{dt} = kx(n + 1 - x), \quad x(0) = 1$$

Este modelo nos permite predecir el comportamiento de la difusión de una enfermedad en una población. (p.23)

Suponga que un estudiante portador del virus de la gripe regresó a su campus universitario aislado con población de 1 000 estudiantes. Para Determinar una ecuación diferencial a fin de establecer el número de personas $x(t)$ que han contraído la gripe si la tasa a la cual se propaga la enfermedad es proporcional al número de interacciones dadas entre la cantidad de estudiantes con gripe y los estudiantes que aún no han sido expuestos al virus será:



$$\frac{dx}{dt} = kx(1001 - x), \quad x(0) = 1$$

2.3.4. Modelos de compartimentos

Los modelos de compartimentos se utilizan con frecuencia para describir el flujo de material en sistemas biológicos. Un modelo de compartimentos contiene un número de compartimentos por los cuales circula el material con flujos de entrada y salida definidos, se debe tener en cuenta que los compartimentos y los flujos no son componentes individuales del modelo, los flujos de entrada y salida dependen del contenido en cada interior del compartimento. (Castillo, C. 2014)

Otra aplicación de los modelos de compartimentos está dada en la epidemiología. Un modelo epidemiológico de compartimentos puede definirse a partir de las clases y subclases de individuos en que se puede dividir una población afectada por una enfermedad; los flujos entre clases y subclases. Las tasas de transición son estimadas del conocimiento cualitativo y evidente en la Historia Natural de la Enfermedad. Cuando el modelo ha sido establecido y las clases epidemiológicas y tasas de transición están definidas, la dinámica de la infección en la población puede ser expresada matemáticamente por un sistema de ecuaciones diferenciales.

En la modelación de la propagación de una enfermedad se hace la siguiente distribución de compartimentos en una población.

S: denota la población susceptible de ser contagiado con la enfermedad

I: denota la población que se ha contagiado con la enfermedad

R: denota la población que se ha recuperado de la enfermedad.

Con esta distribución tradicional en el estudio del contagio de una enfermedad en una población se tienen los modelos SI, SIR, SIS, SIRS los cuales se esquematizan en la figura 2. α, β, γ denotan el flujo de entrada y salida a cada compartimento según corresponda.

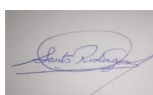
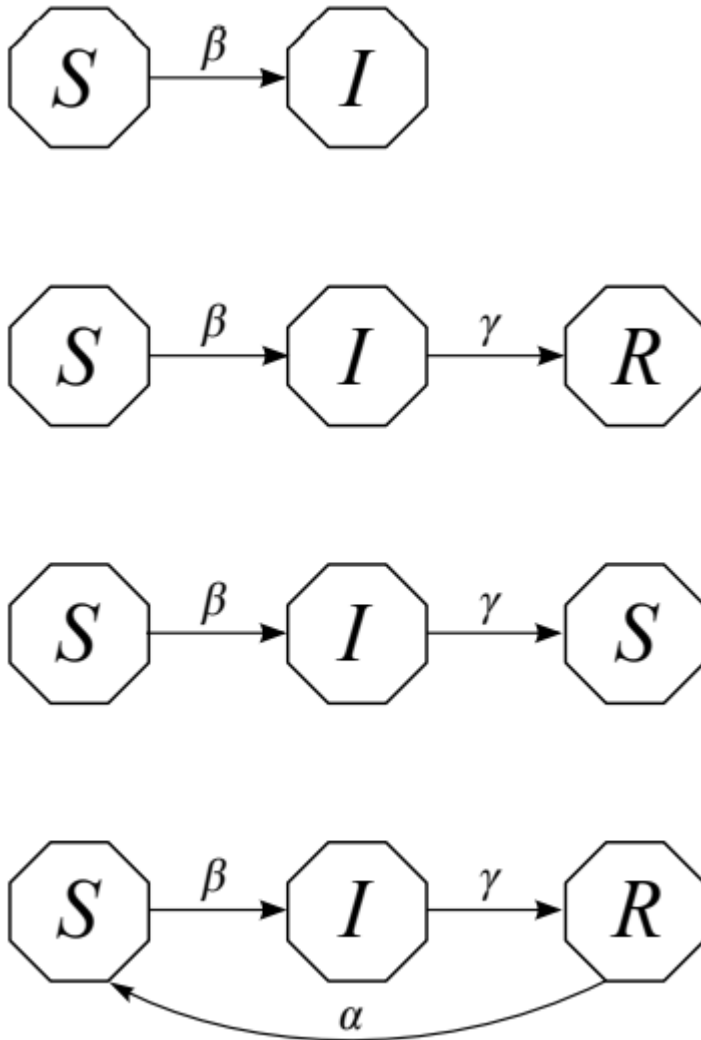


Figura 2

Modelos de Compartimentos Tipo SI, SIR, SIS, SIRS



Fuente: Modelos de Propagación de las Enfermedades Infecciosas (Castillo, y col. 2014, p.11).



2.4. Definición de términos básicos

Hay una serie de conceptos en epidemiología estrictamente relacionados con las enfermedades infecciosas. Estos conceptos juegan un papel importante en la construcción de modelos agregando varias funciones al modelo. Martcheva (2015).

2.4.1. Tasa de infección

La tasa de infección se refiere a la velocidad con que se infecta la población en un periodo determinado, y se denota por β .

2.4.2. Tasa de recuperación

Es la medida con la que se recuperan los infectados en un periodo de tiempo y se denota por γ .

2.4.3. Individuos expuestos

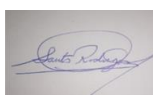
Cuando un individuo sano que es vulnerable a contraer una enfermedad hace un contacto potencialmente transmisor de la enfermedad, ese individuo queda expuesto. Las personas expuestas pueden desarrollar la enfermedad o no. Por lo general, estas personas no son infecciosas, En los modelos matemáticos, a menudo se asume que todos los individuos expuestos eventualmente desarrollan la enfermedad.

2.4.4. Individuos infectados o infecciosos.

Si el patógeno se establece en un individuo expuesto, entonces ese individuo se infecta. Individuos infectados quienes pueden transmitir la enfermedad se denominan infecciosos. Las personas infectadas pueden no ser infeccioso durante todo el tiempo de estar infectado.

2.4.5. Individuos latentes

Se tratan de personas que están infectadas pero que aún no son infecciosas. El periodo de latencia se define como el tiempo desde la infección hasta que el hospedador capaz de transmitir el agente infeccioso a otra persona



2.4.6. Periodo de incubación.

El periodo de incubación es el periodo entre la exposición a un agente infeccioso y la aparición de síntomas de la enfermedad. En enfermedades infecciosas, el periodo de incubación es el tiempo necesario para que el agente infeccioso se multiplique.

2.4.7. Incidencia.

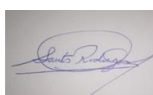
La incidencia se define como el número de personas que se enferman durante un intervalo de tiempo especificado (por ejemplo, un año). A veces, la incidencia es el número de personas que se enferman en un intervalo de tiempo específico dividido por la población total.

2.4.8. Proporción de letalidad.

La proporción de letalidad se da como la proporción de personas que mueren a causa de una enfermedad y quienes la contraen.

2.4.9. Mortalidad inducida por enfermedades.

Es el número de personas que han muerto a causa de la enfermedad en una unidad de tiempo (por ejemplo, un año) dividida por la población entera.



III. HIPÓTESIS Y VARIABLES

3.1. Hipótesis

3.1.1. Hipótesis general

El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica del COVID-19 en la región Callao.

3.1.2. Hipótesis específicas

- a) El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica de la población de Susceptibles producida por la COVID-19 en la región Callao.
- b) El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica de la población de Infectados producida por la COVID-19 en la región Callao.
- c) El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica de la población de recuperados de la enfermedad producida por la COVID-19 en la región Callao.

3.2. Definición conceptual de variables

Variable independiente. El modelo matemático epidemiológico SIR que permite modelar la propagación de una enfermedad en un cierto periodo de tiempo.

Variable Dependiente: Dinámica de la enfermedad producida por la COVID- 19 en la región Callao, observando el comportamiento de la población de Susceptibles, Infectados y Recuperados.

3.2.1. Operacionalización de variable

Operacionalizamos la variable dependiente para observar su dinámica a través del tiempo haciendo uso del modelo SIR

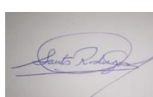
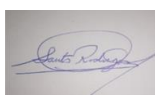


Tabla 1*Operacionalización de la Variable Dependiente*

VARIABLE DEPENDIENTE	DIMENSIONES	INDICADOR	METODO
Dinámica de la COVID-19 en la región Callao	la dinámica de la población de Susceptibles producida por el COVID-19 en la región Callao	Gráfica de la curva solución para los Susceptibles	Aplicar el modelo epidemiológico SIR con los datos referidos a la Región Callao.
	dinámica de la población de Infectados producida por el COVID-19 en la región Callao.	Gráfica de la curva solución para los Infectados	
	dinámica de la población de recuperados de la enfermedad producida por el COVID-19 en la región Callao.	Gráfica de la curva solución para los Recuperados	

Fuente: Elaboración propia



IV. DISEÑO METODOLÓGICO

4.1. Tipo y diseño de la investigación.

Es una investigación básica, de alcance descriptivo, de diseño no experimental

4.2. Método de investigación.

Construiremos el modelo epidemiológico SIR aplicado a la COVID 19 en la región Callao, haremos uso de la fuente de datos publicados por el Ministerio de Salud para la región Callao.

4.3. Población y muestra

La población está constituida por los habitantes del Perú.

La muestra es los habitantes de la región Callao.

4.4. Lugar de estudio y periodo desarrollado

Debido a las medidas de emergencia dictadas por el gobierno del Perú, el trabajo se desarrolla de manera remota, en el Callao. Se ha considerado el periodo de marzo del 2020 hasta abril del 2021.

4.5. Técnicas e instrumentos para la recolección de la información

Los datos usados para la simulación son los publicados por el Ministerio de Salud para la región Callao.

4.6. Análisis y procesamiento de datos.

Se hizo una simulación de la COVID 19 considerando una población de 1000 habitantes, con condiciones iniciales de un infectado y cero recuperados al inicio. Se resolvió el sistema de ecuaciones que corresponden al sistema epidemiológico SIR con los datos referidos a la región Callao, usando el Software Geogebra. Se obtuvieron las curvas solución para la población de Susceptibles, Infectados y Recuperados.



V. RESULTADOS

5.1. Resultados descriptivos

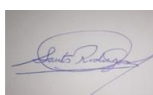
5.1.1. Simulación de la Dinámica del COVID 19 para 1000 habitantes

Tabla 2

Dinámica del COVID 19 con el Modelo SIR en EXCEL

DÍAS	SUCEPTIBLES	BETA	INFECTADOS	GAMMA	RECUPERADOS	RO
1	999	0.0013	1	0.5	0	2.597
2	998	0.0013	2	0.5	1	2.594
3	995	0.0013	3	0.5	1	2.588
4	991	0.0013	6	0.5	3	2.577
5	984	0.0013	10	0.5	6	2.558
6	970	0.0013	18	0.5	11	2.523
7	947	0.0013	32	0.5	20	2.463
8	907	0.0013	56	0.5	37	2.359
9	841	0.0013	94	0.5	65	2.186
10	738	0.0013	151	0.5	112	1.918
11	593	0.0013	220	0.5	187	1.542
12	424	0.0013	279	0.5	297	1.102
13	270	0.0013	293	0.5	437	0.702
14	167	0.0013	250	0.5	583	0.434
15	113	0.0013	179	0.5	708	0.293
16	87	0.0013	116	0.5	798	0.225
17	74	0.0013	71	0.5	856	0.191
18	67	0.0013	42	0.5	891	0.174
19	63	0.0013	25	0.5	912	0.164
20	61	0.0013	14	0.5	925	0.159
21	60	0.0013	8	0.5	932	0.156
22	59	0.0013	5	0.5	936	0.154
23	59	0.0013	3	0.5	938	0.153
24	59	0.0013	2	0.5	940	0.153
25	59	0.0013	1	0.5	941	0.152
26	58	0.0013	1	0.5	941	0.152
27	58	0.0013	0	0.5	941	0.152
28	58	0.0013	0	0.5	941	0.152
29	58	0.0013	0	0.5	941	0.152
30	58	0.0013	0	0.5	942	0.152

Tabla generada en EXCEL. Fuente: Elaboración propia

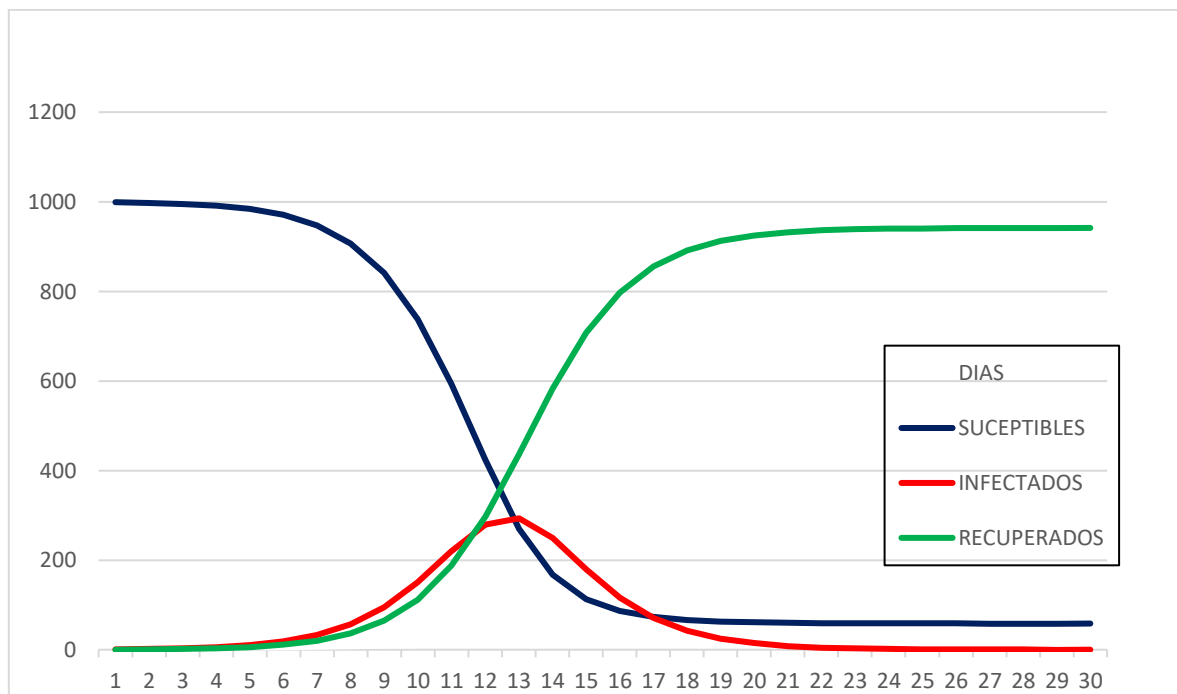


Se ha hecho una simulación del modelo SIR en EXCEL con una población N de 1000 habitantes, una tasa de contagio $\beta = 0.0013$ que es un valor aceptado mundialmente para el COVID 19, una tasa de recuperación $\gamma = 0.5$; Con estos parámetros se tiene un coeficiente de reproducción (tasa reproductiva) $R_0 = 2.5$, lo que significa que una persona infecta aproximadamente entre dos a tres personas.

Se observa en la tabla 2 que el día 13 se alcanza el máximo de infectados, 293, que corresponde al 29.3 % de la población total y que a partir de ahí el valor de $R_0 < 1$. A partir del día 13 la cantidad de infectados comienza a decrecer, esto es obviamente, si se mantiene la tasa de contagio en $\beta = 0.0013$.

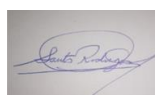
Figura 3

Dinámica del COVID 19 con el Modelo SIR en EXCEL



Se observa que en el día 13 se obtiene el número máximo de infectados, 293.

Fuente: Elaboración propia usando el software EXCEL



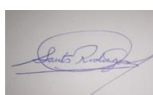
5.1.2. Dinámica de la COVID 19 cuando aumenta la tasa de infección

Tabla 3

Dinámica del COVID 19 con el Modelo SIR en EXCEL mayor tasa de infección

DIAS	SUCEPTIBLES	BETA	INFECTADOS	GAMMA	RECUPERADOS	RO
1	999	0.0018	1	0.5	0	0.000
2	997	0.0018	2	0.5	1	3.590
3	993	0.0018	5	0.5	2	3.575
4	984	0.0018	12	0.5	4	3.541
5	962	0.0018	27	0.5	10	3.464
6	915	0.0018	61	0.5	24	3.293
7	814	0.0018	131	0.5	55	2.931
8	622	0.0018	258	0.5	120	2.238
9	333	0.0018	418	0.5	249	1.199
10	83	0.0018	459	0.5	458	0.297
11	14	0.0018	298	0.5	688	0.052
12	7	0.0018	157	0.5	837	0.024
13	5	0.0018	80	0.5	915	0.017
14	4	0.0018	41	0.5	955	0.015
15	4	0.0018	21	0.5	976	0.014
16	4	0.0018	10	0.5	986	0.013
17	4	0.0018	5	0.5	991	0.013
18	4	0.0018	3	0.5	994	0.013
19	4	0.0018	1	0.5	995	0.013
20	4	0.0018	1	0.5	996	0.013
21	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
22	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
23	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
24	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
25	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
26	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
27	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
28	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
29	4	0.0018	0	0.5	996	0.013
30	4	0.0018	0	0.5	996	0.013

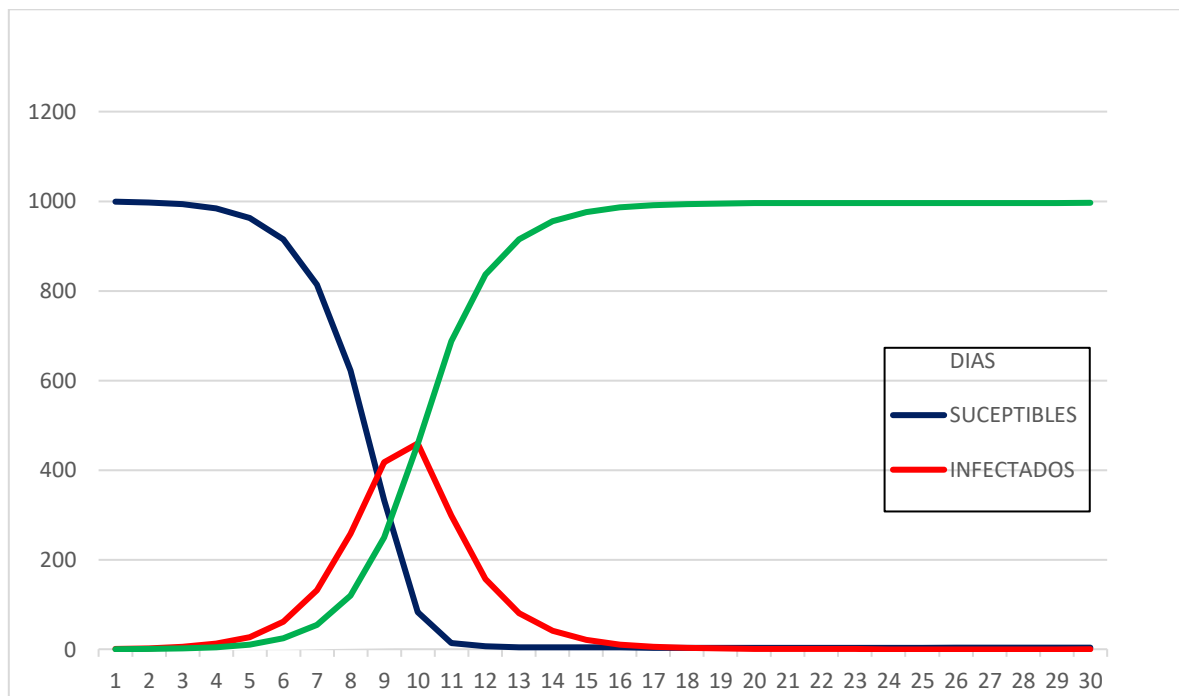
Dinámica del modelo SIR si aumenta la tasa de infección. Tabla generada en EXCEL, Fuente: Elaboración propia.



Si aumenta la tasa de infección, el número máximo de infectados se alcanza el día 10 teniéndose 459 infectados; es decir, el 45.9%, lo que representa casi la mitad de la población, esto genera un colapso en el sistema de salud, por lo que se hace necesario tomar medidas gubernamentales para frenar el número de infectados, es decir reducir la tasa de infección.

Figura 4

Dinámica del COVID 19 con aumento de tasa de infección



Dinámica con $\beta = 0.0018$, $R_0 = 3.5$. Fuente Elaboración propia usando EXCEL.

5.1.3. Aplanando la curva de Infectados

Uno de los términos que se usa en epidemiología es “Aplanar” la curva de infectados, esto se consigue con medidas estrictas como los confinamientos obligatorios, distanciamiento social, uso de mascarillas, lavado de manos, etc.

Supongamos que en el día 8 se toman medidas para reducir la tasa de contagio y por ende la tasa de propagación del virus. En la tabla 3 se observa que a partir del día 14 la tasa reproductiva $R_0 = 0.825 < 1$.



Tabla 4*Aplanamiento de la curva de Infectados*

DIAS	SUCEPTIBLES	BETA	INFECTADOS	GAMMA	RECUPERADOS	RO
1	999	0.0013	1	0.5	0	0.000
2	998	0.0013	2	0.5	1	2.594
3	995	0.0013	3	0.5	1	2.588
4	991	0.0013	6	0.5	3	2.577
5	984	0.0013	10	0.5	6	2.558
6	970	0.0013	18	0.5	11	2.523
7	947	0.0013	32	0.5	20	2.463
8	907	0.001	56	0.5	37	1.814
9	856	0.001	79	0.5	65	1.712
10	788	0.001	107	0.5	104	1.577
11	704	0.001	138	0.5	158	1.407
12	606	0.001	167	0.5	227	1.213
13	505	0.001	184	0.5	310	1.011
14	412	0.001	185	0.5	403	0.825
15	336	0.001	169	0.5	495	0.672
16	279	0.001	141	0.5	580	0.558
17	240	0.001	110	0.5	650	0.479
18	213	0.001	81	0.5	705	0.427
19	196	0.001	58	0.5	746	0.392
20	185	0.001	40	0.5	775	0.369
21	177	0.001	28	0.5	795	0.354
22	172	0.001	19	0.5	809	0.344
23	169	0.001	13	0.5	818	0.338
24	167	0.001	8	0.5	825	0.334
25	165	0.001	6	0.5	829	0.331
26	165	0.001	4	0.5	832	0.329
27	164	0.001	2	0.5	834	0.328
28	164	0.001	2	0.5	835	0.327
29	163	0.001	1	0.5	836	0.327
30	163	0.001	1	0.5	836	0.326

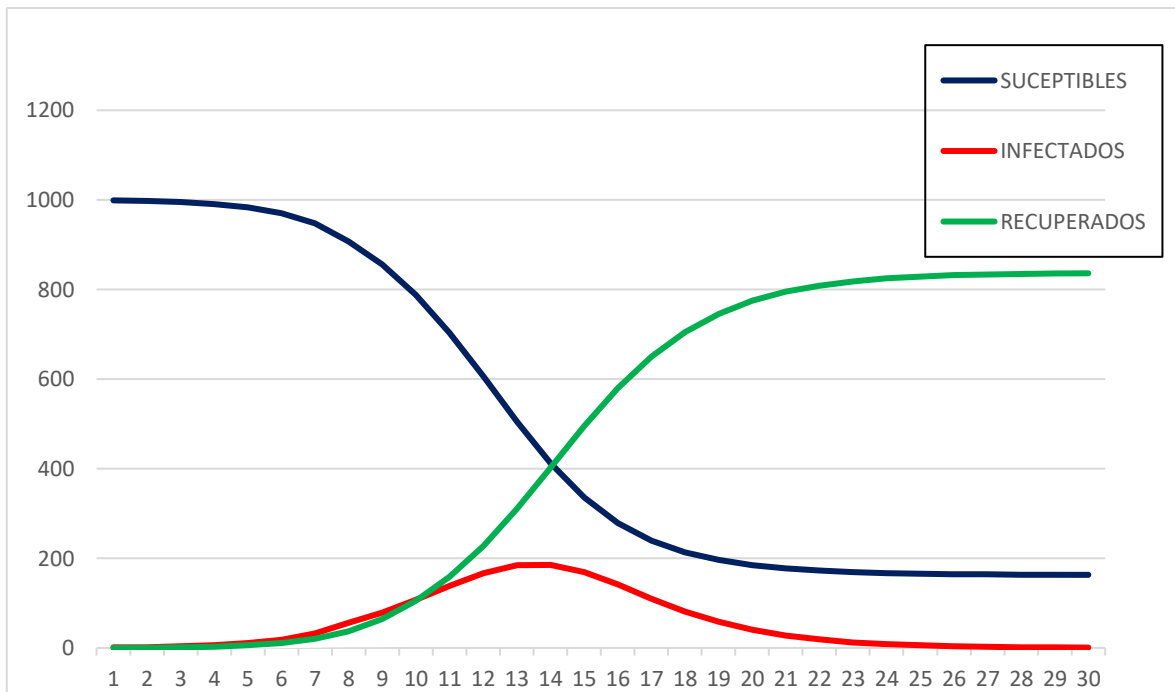
Dinámica del modelo SIR con $\beta = 0.001$, $R_0 = 1.814$ a partir del día 8. Fuente: Elaboración propia usando el software Excel.

Se observa en la tabla 4 que a partir del día 14 el coeficiente $R_0 < 1$ lo cual permite que la pandemia sea mas manejable.



Figura 5

Aplanando la curva de infectados



En el día 14 se aplanla la curva, 185 infectados lo cual representa el 18.5% de la población. Fuente: Elaboración propia usando el software EXCEL.

5.2. Resultados inferenciales

El modelo SIR lo vamos a implementar haciendo uso del software Geogebra lo que nos permitirá hacer uso de un sistema de ecuaciones diferenciales.

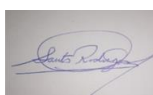
5.2.1. Procedimiento para el modelo SIR en formato Geogebra

Para formular el modelo epidemiológico SIR en el software Geogebra consideramos las siguientes expresiones.

Condiciones iniciales

Población: $N = 1000$

Susceptibles al inicio: $S_i = 999$



Infectados al inicio: $I_i = 1$

Recuperados al inicio: $R_i = 0$

Deslizadores

Creamos los deslizadores a , b y $TiempoMax$ que representan la tasa de infección, la tasa de recuperación, y el tiempo respectivamente.

Escribimos las ecuaciones diferenciales del modelo SIR

$$S'(t, S, I, R) = -a * S * I/N$$

$$I'(t, S, I, R) = a * S * \frac{I}{N} - b * I$$

$$R'(t, S, I, R) = b * I$$

Usamos el comando ResuelveNEDO para resolver el sistema numéricamente

$$\text{ResuelveNEDO}(\{S', I', R'\}, 0, \{S_i, I_i, R_i\}, \text{TiempoMax})$$

5.2.2. Dinámica de la COVID 19 con alta tasa de infección

El software Geogebra nos permite apreciar la dinámica de Susceptibles, Infectados y Recuperados.

En la figura 4 se muestra la dinámica de los susceptibles en línea azul, y los infectados en línea roja; se observa que los infectados crece rápidamente, debido a que no hay medidas de contención. Esto explica la necesidad de medidas gubernamentales para detener este crecimiento de infectados, por ejemplo, el confinamiento obligatorio, uso de mascarillas, lavado de manos.

Con $a = 1.8$, $b = 0.5$ se tiene un $R_0 = 3.6$ lo cual indica que una persona infectada contagia entre 3 y 4 personas aproximadamente lo cual describe una situación crítica de la pandemia.

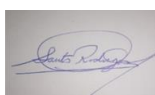
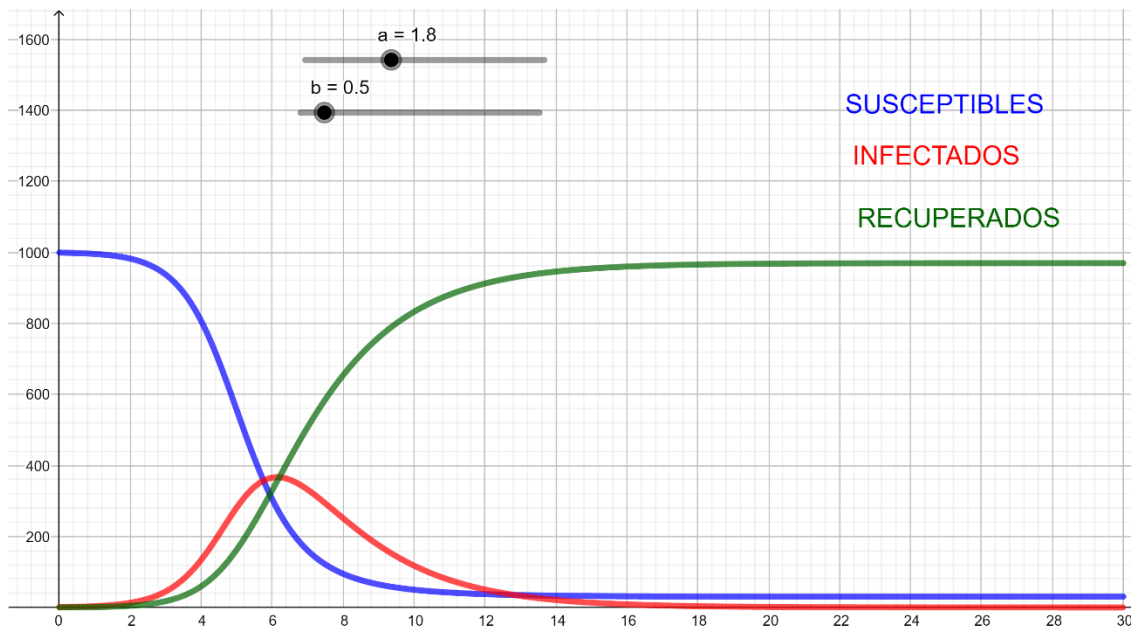


Figura 6

Dinámica de susceptibles, Infectados y Recuperados con mayor tasa de infección



La tasa de infección es $a = 1.8$, la tasa de recuperación es $b = 0.5$. Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.

5.2.3. Dinámica de la COVID 19 con medidas de contención

Se observa en la figura 4 que la curva de infectados crece de manera exponencial, por lo que se hace necesario detener el crecimiento exponencial de los infectados, para esto deben dictarse medidas gubernamentales como confinamiento obligatorio, distanciamiento social, etc. En el caso del Perú se implementó el confinamiento obligatorio a partir de la segunda semana de marzo del 2020, se suspendieron las actividades presenciales en casi todos los ministerios, con la finalidad de reducir la tasa de infección. En la figura 5 se tiene la dinámica de la COVID 19 con una tasa de infección $a = 1.3$.

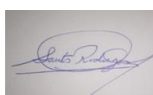
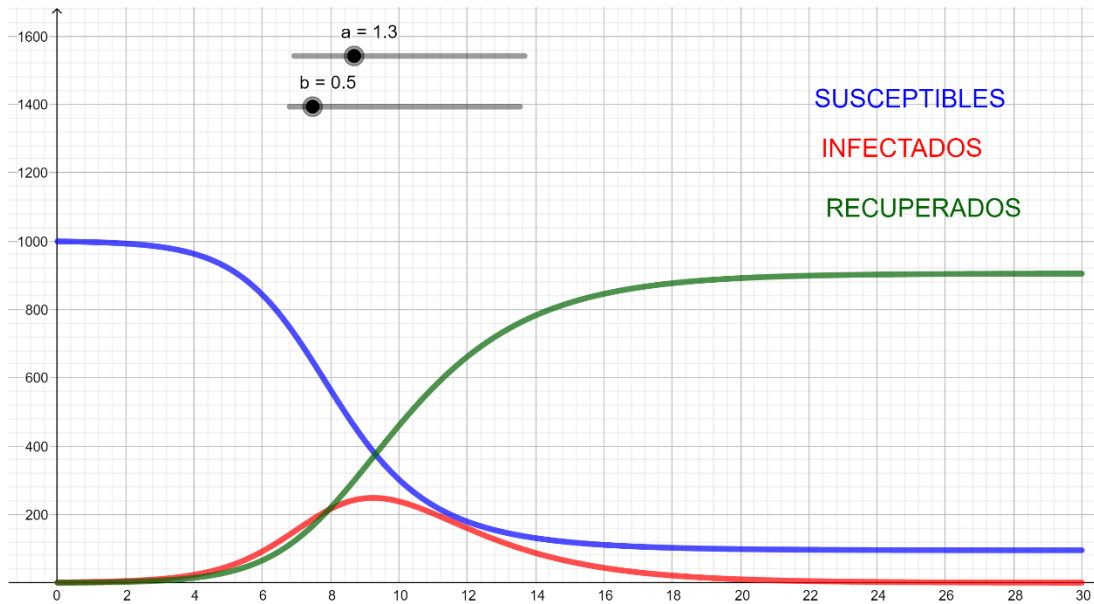


Figura 7

Dinámica de susceptibles, Infectados y Recuperados con menor tasa de infección



Se considera $a = 1.3$, $b = 0.5$ la tasa de infección y recuperación respectivamente. La línea roja presenta la dinámica de los infectados. Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.

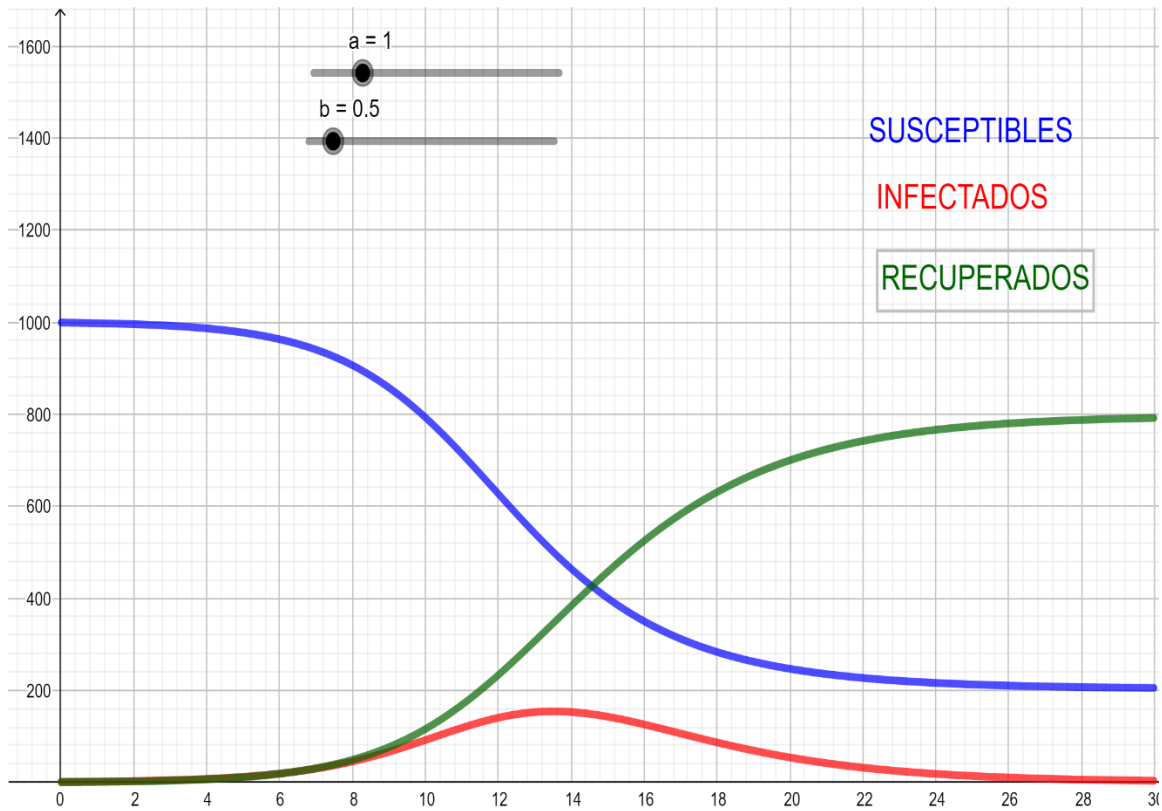
5.2.4. Efecto de las medidas de contención

Ahora veamos la dinámica de la COVID 19 si se aplican medidas de contención de la pandemia con responsabilidad. Esto permitirá que la tasa de infección sea menor



Figura 8

Aplanando la curva de infectados



Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.

Las medidas de contención como el confinamiento obligatorio, el distanciamiento social, el uso de mascarillas, permiten el descenso de la tasa de infección y por lo tanto que la curva de infectados se aplane.

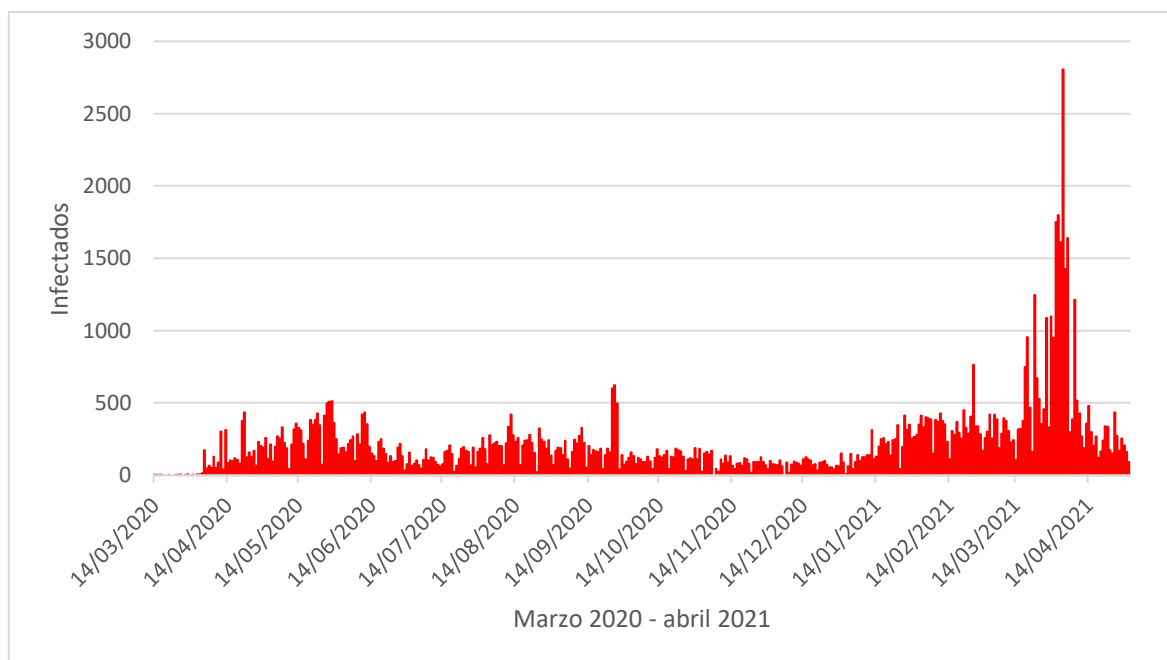
5.2.5. Dinámica de la Covid 19 en la región Callao

Al inicio de la pandemia en el Perú, en la región Callao se tenía una población de 1129854 habitantes. El primer infectado fue reportado oficialmente el 14 de marzo del 2020. En el Perú y por ende en la región Callao en el periodo marzo 2020 hasta abril 2021, la pandemia se ha manifestado en tres olas bien marcadas, como se muestra en la figura 9.



Figura 9

Reporte de infectados diarios en la Región Callao



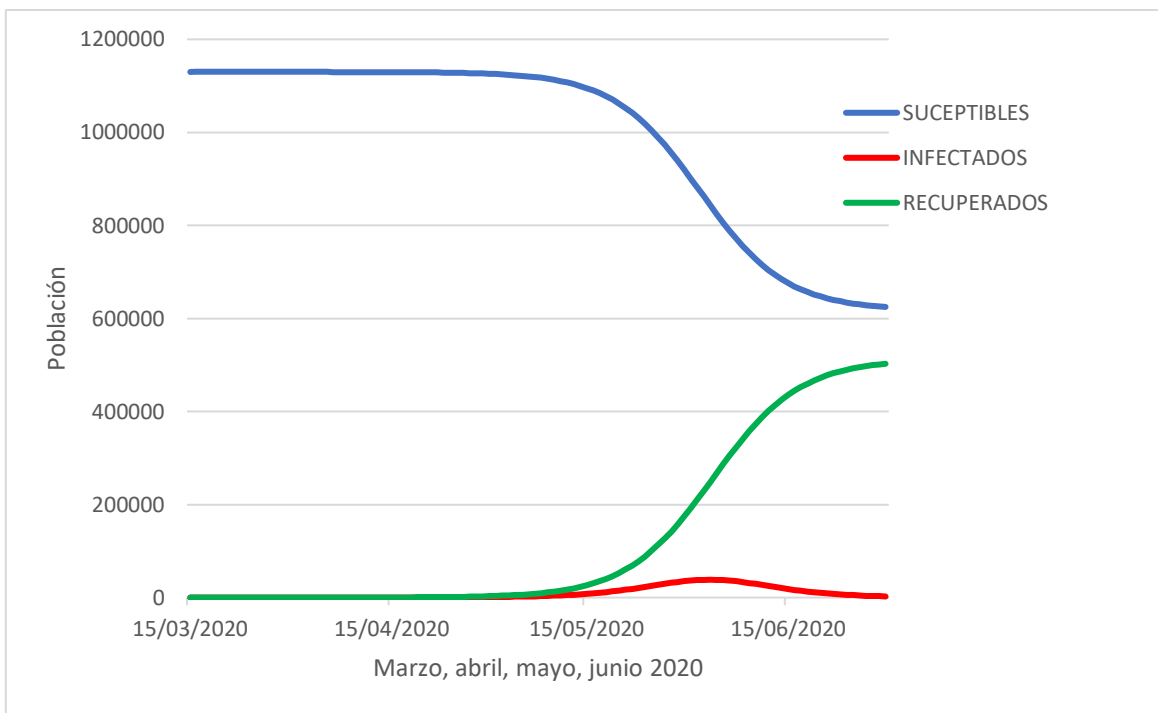
Fuente de datos: Diario la República

- A) Primera Ola. La primera ola se manifiesta en los meses de marzo 2020 hasta junio del 2020, donde el pico de infectados se alcanza el 27 de mayo del 2020 con 509 infectados reportados oficialmente.
- B) Segunda Ola. La segunda ola se manifiesta en los meses de julio 2020 hasta octubre del 2020, donde el pico de infectados se alcanza el 12 de agosto del 2020 con 419 infectados reportados oficialmente.
- C) Tercera Ola. La tercera ola se manifiesta en los meses de enero 2021 hasta junio del 2021, donde el pico de infectados se alcanza el 03 de abril del 2021 con 2805 infectados reportados oficialmente.



Figura 10

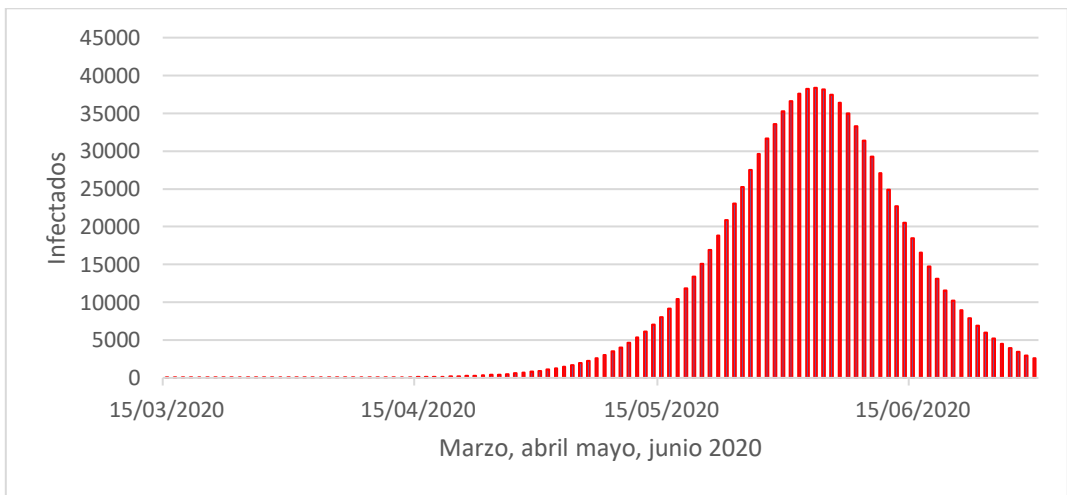
Simulación de dinámica de la Covid 19 Región Callao-Primera Ola



Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.

Figura 11

Simulación de Infectados Primera Ola-Región Callao

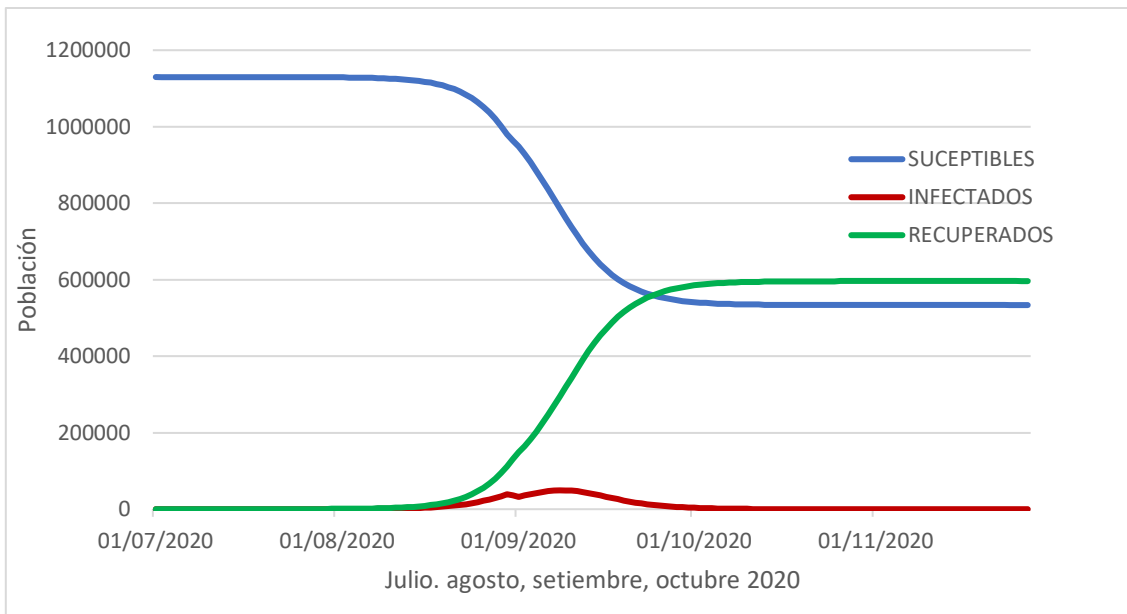


Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.



Figura 12

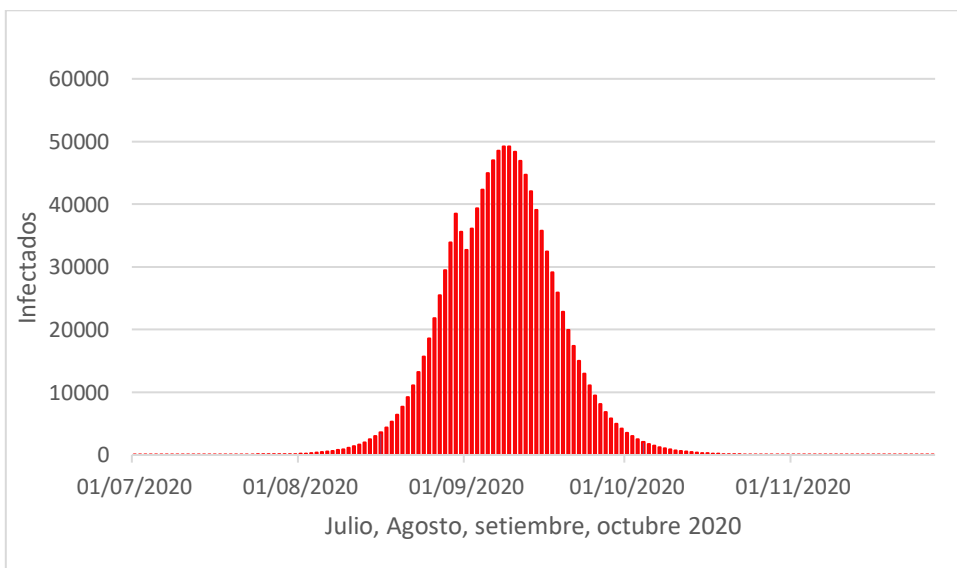
Simulación de dinámica de la Covid 19 Región Callao-Segunda Ola



Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra

Figura 13

Simulación de Infectados Segunda Ola-Región Callao



Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.

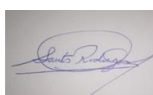
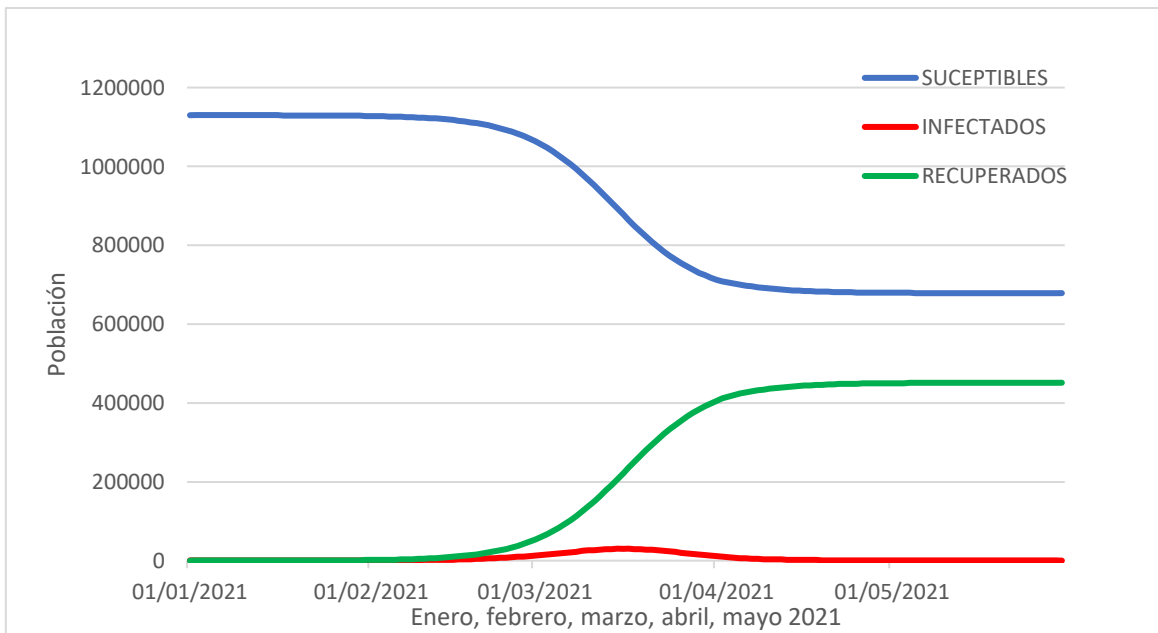


Figura 14

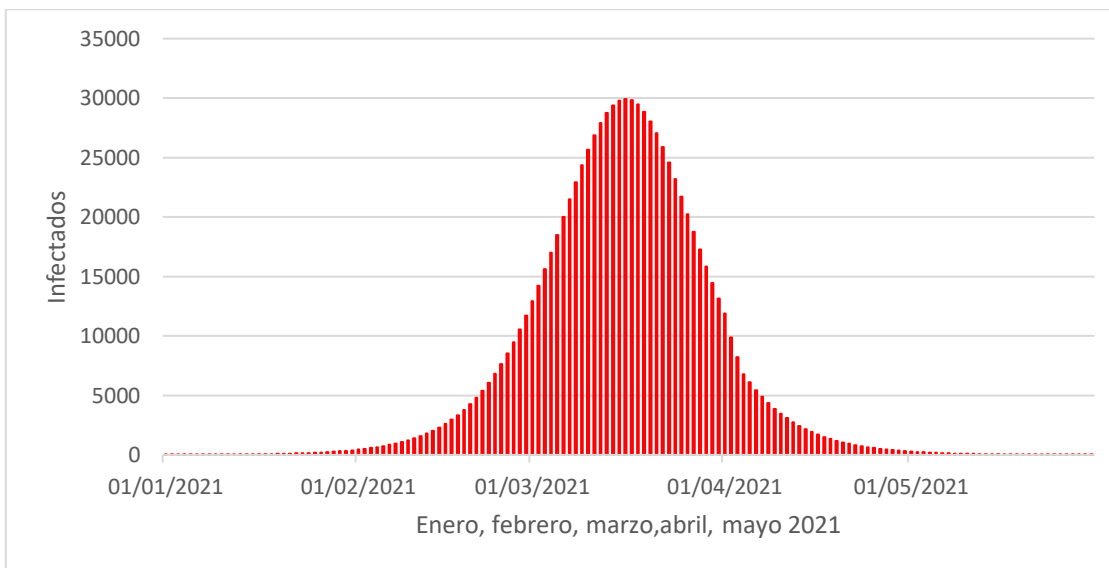
Simulación de dinámica de la Covid 19 Región Callao-Tercera Ola



Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra

Figura 15

Simulación de Infectados Tercera Ola-Región Callao



Fuente: Elaboración propia usando el software Geogebra.



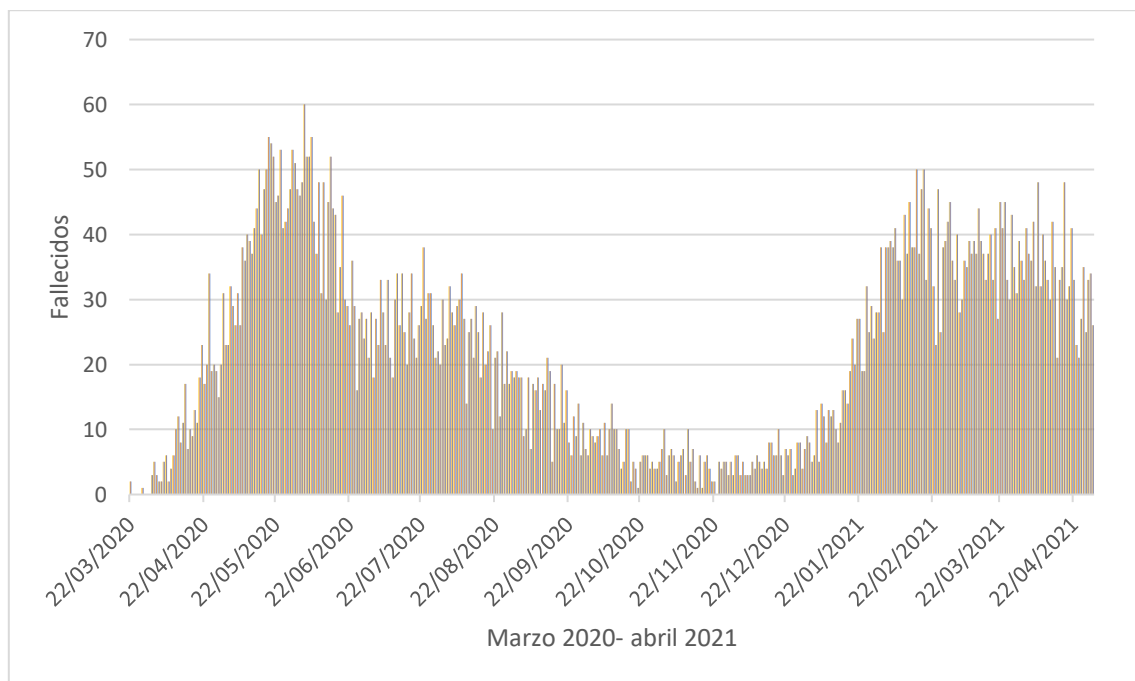
5.3. Otros resultados

5.3.1. Reporte de fallecidos diarios

El modelo matemático epidemiológico SIR de nuestro proyecto incluye a la población de fallecidos en la población de Recuperados, por tal motivo presentamos la dinámica de fallecidos del periodo marzo 2020 hasta abril 2021.

Figura 16

Reporte de fallecidos por día periodo marzo 2020 hasta abril 2021



Fuente de datos: Diario la República

5.3.2. Reporte de Infectados desde marzo 2020 hasta marzo 2021

En la figura 10 se muestra la dinámica de infectados en el periodo dese marzo 2020 hasta marzo 2021, los datos corresponden a los informes diarios que el ministerio de salud hacía de conocimiento público. Se observa un comportamiento similar al mostrado por el software Geogebra en los diferentes periodos (olas). Entre junio y julio del 2020 se tuvo el pico mas alto de la primera ola donde se tuvo 8987 infectados en un solo día, 14 de junio del 2020.

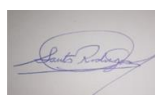
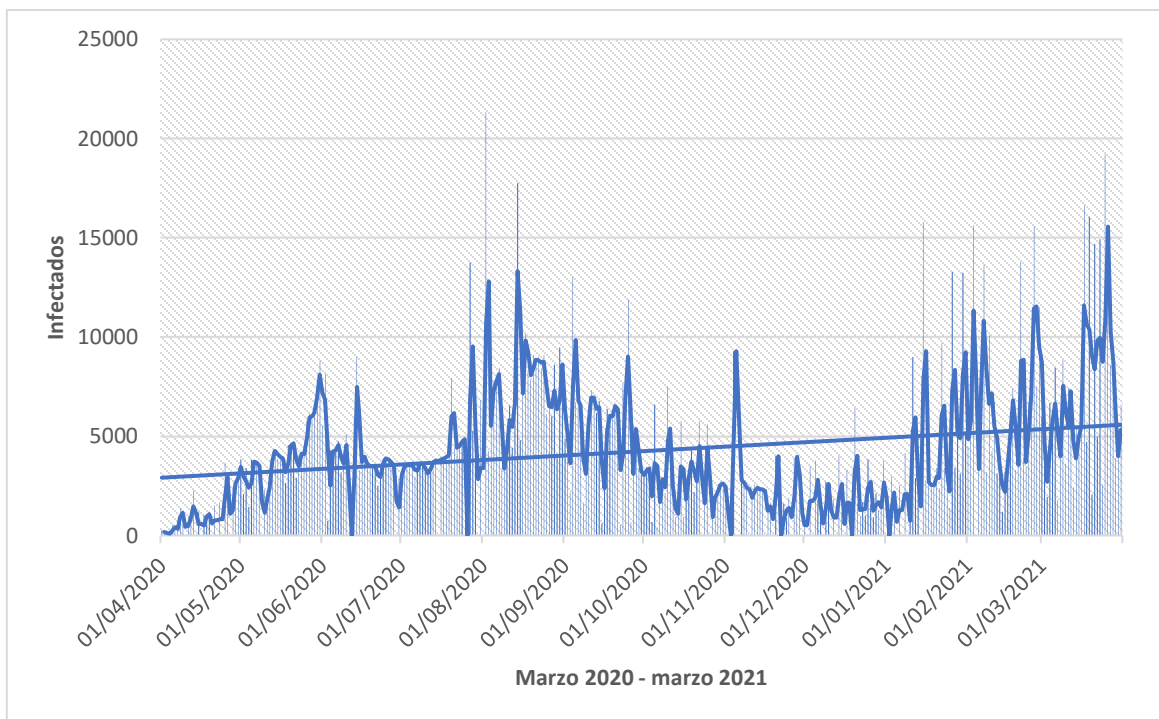


Figura 17

Reporte de Infectados desde marzo 2020 hasta marzo 2021-Perú



Fuente de datos: Ministerio de Salud del Perú.



VI. DISCUSIÓN DE RESULTADOS

6.1. Contrastación y demostración de la hipótesis con los resultados

Se ha aplicado el modelo matemático epidemiológico SIR y se ha conseguido la dinámica del COVID 19, observándose la curva de Susceptibles, Infectados y Recuperados. Se ha hecho una simulación de la pandemia considerando los diferentes escenarios de interés, sin restricciones, con restricciones, lográndose visualizar el aplanamiento de la curva de infectados, lo cual muestra que las medidas de confinamiento obligatorio, distanciamiento social, uso de mascarillas y lavado de manos con responsabilidad disminuyen la tasa de infección y por lo tanto la tasa reproductiva básica del contagio a $R_0 < 1$, lo cual permite tener control de la pandemia.

6.2. Contrastación de los resultados con otros estudios similares

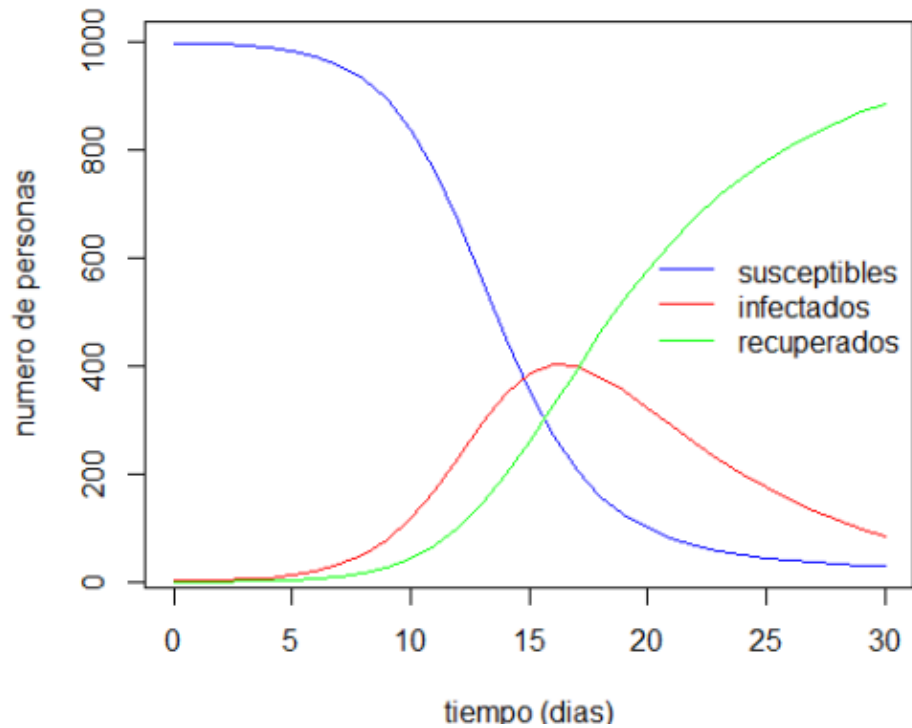
En el caso particular de España, Barroso (2020) presenta una simulación para una población de $N = 1000$, $\beta = 0,667$, $\gamma = 0.167$. obteniéndose una tasa de reproducción $R_0 = 3.9$, lo cual produce que la pandemia cause efectos trágicos en el sistema de salud de cualquier país por más adelantado que sea.

La solución del sistema de ecuaciones se hace con un programa llamado deSolve que permite la solución de sistemas de ecuaciones diferenciales. En nuestro caso, tanto la simulación hecha en con el software EXCEL y Geogebra producen un comportamiento similar. Lo cual muestra que nuestro modelo es correcto.



Figura 18

Simulación de un escenario de pandemia para población finita



Nota: La población es $N = 1,000$. $\beta = 0,667$, $\gamma = 0.167$.

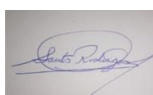
Fuente: (Barroso, V. 2020, p. 4)

6.3. Responsabilidad ética de acuerdo a los reglamentos vigentes

Los datos presentados en el trabajo de investigación son de entera responsabilidad del autor, estos son los publicados por el ministerio de salud y son de uso y conocimiento público.

CONCLUSIONES

- ❖ Se ha demostrado la hipótesis propuesta, es decir, se ha aplicado el modelo matemático epidemiológico SIR para describir la dinámica del Covid 19 en la Región Callao. Se ha aplicado el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de Susceptibles producida por la Covid 19 en la región Callao.
- ❖ Se ha aplicado el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de Infectados producida por la Covid 19 en la región Callao.
- ❖ Se ha aplicado el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de Recuperados producida por la Covid 19 en la región Callao.
- ❖ La dinámica de los infectados muestra que la curva sigue un comportamiento exponencial hasta alcanzar un punto máximo a partir del cual la curva de infectados tiende a decrecer. Para aplanar la curva de infectados se hace necesario tomar medidas con responsabilidad como el distanciamiento social, el uso de tapabocas y el lavado de manos, y al inicio el confinamiento obligatorio.
- ❖ Se ha podido observar con los datos correspondientes a nuestra región que cuando la población se relaja en las medidas necesarias, la curva de infectados tiende a crecer nuevamente, produciéndose las ya conocidas “olas”.



RECOMENDACIONES

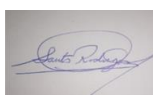
De los resultados obtenidos se recomienda mantener las medidas de distanciamiento social, uso de mascarillas, lavado de manos y otros hábitos de limpieza que contribuyan a disminuir el contagio del virus ya que de lo observado en los resultados el virus SARS CoV 2 se propaga rápidamente en la población cuando la tasa de reproducción básica $R_0 > 1$.

Se recomienda seguir investigando sobre este tema, debido a que nuevas variantes van apareciendo, como la ómicron, el cual se muestra mucho más contagioso que el virus original. El modelo matemático epidemiológico SIR ha mostrado ser eficiente para mostrar la dinámica de una enfermedad contagiosa.

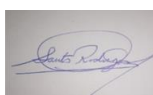


REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Barroso, V. (2020) UNA BREVE INTRODUCCIÓN AL MODELO SIR APLICADO AL CASO DEL COVID-19. Instituto Complutense de Estudios Internacionales
- Borelli, R., y Coleman, C. (2002) Ecuaciones Diferenciales una Perspectiva de Modelación. OXFORD, UNIVERSITY PRESS.
- Campbell, S., y Haberman, R. (1998) Introducción a las Ecuaciones diferenciales con valor de frontera. McGraw Hill.
- Castillo, C. y otros (2014) Modelos De La Propagación De Enfermedades Infecciosas. Cali. Universidad Autónoma de Occidente.
- Córdova, D., y Santa María, F. (2020) *Precisión del pronóstico de la dinámica de propagación de la COVID-19 en Perú*. Universidad Peruana Cayetano Heredia, Facultad de Estomatología Roberto Beltrán. Lima, Perú
- DALEY, D. and GANI, J. (1999). Epidemic Modelling: An Introduction Australian National University
- Fred G. y otros (2020) *Modelo SIR de la pandemia de Covid-19 en Colombia*. Recuperado de <http://www.scielo.org.co/pdf/rsap/v22n1/0124-0064-rsap-22-01-e185977.pdf>
- Gonzales, J. y otros (2020) *Pandemia de la COVID-19 y las Políticas de Salud Pública en el Perú: marzo-mayo 2020*. Revista de Salud Pública Vol. 22 Nro.2
- Ma, S., and Xia, Y. (2009) MATHEMATICAL UNDERSTANDING OF INFECTIOUS DISEASE DYNAMICS. Lecture Notes Series, Institute for Mathematical Sciences, National University of Singapore – Vol. 16.



- Martín, B. (2020) *Una breve introducción al modelo SIR aplicado al caso del Covid-19*. [ICEI Papers COVID-19; Nro. 12) Universidad Complutense, Madrid.
- Martcheva, M. (2015) *An Introduction to Mathematical Epidemiology*. Springer.
- Montesinos, L., y Hernández, S. (2007) Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud Publica México*; 49:218-226.
- Ortigoza, G., Lorandi, A. (2020) *Simulación Numérica y Modelación Matemática de la propagación del Covid 19 en el estado de Veracruz*. Recuperado de <https://www.medigraphic.com/pdfs/forense/mmf-2020/mmf203c.pdf>
- Taramona, L. y otros (2020) *Modelación matemática para mitigar los efectos del COVID-19 en el sector turismo del Perú*.
- Wilches, J., Castillo, M. (2020) *Aproximación Matemática del Modelo Epidemiológico SIR para la Comprensión de las Medidas de Contención contra la COVID-19*.
- Zill, D., y Cullen, M. (2006) *Matemáticas avanzadas par ingeniería, Vol. 1: Ecuaciones Diferenciales*. Mc Graw-Hill/ Interamericana Editores, S.A. de C.V.



MATRIZ DE CONSISTENCIA

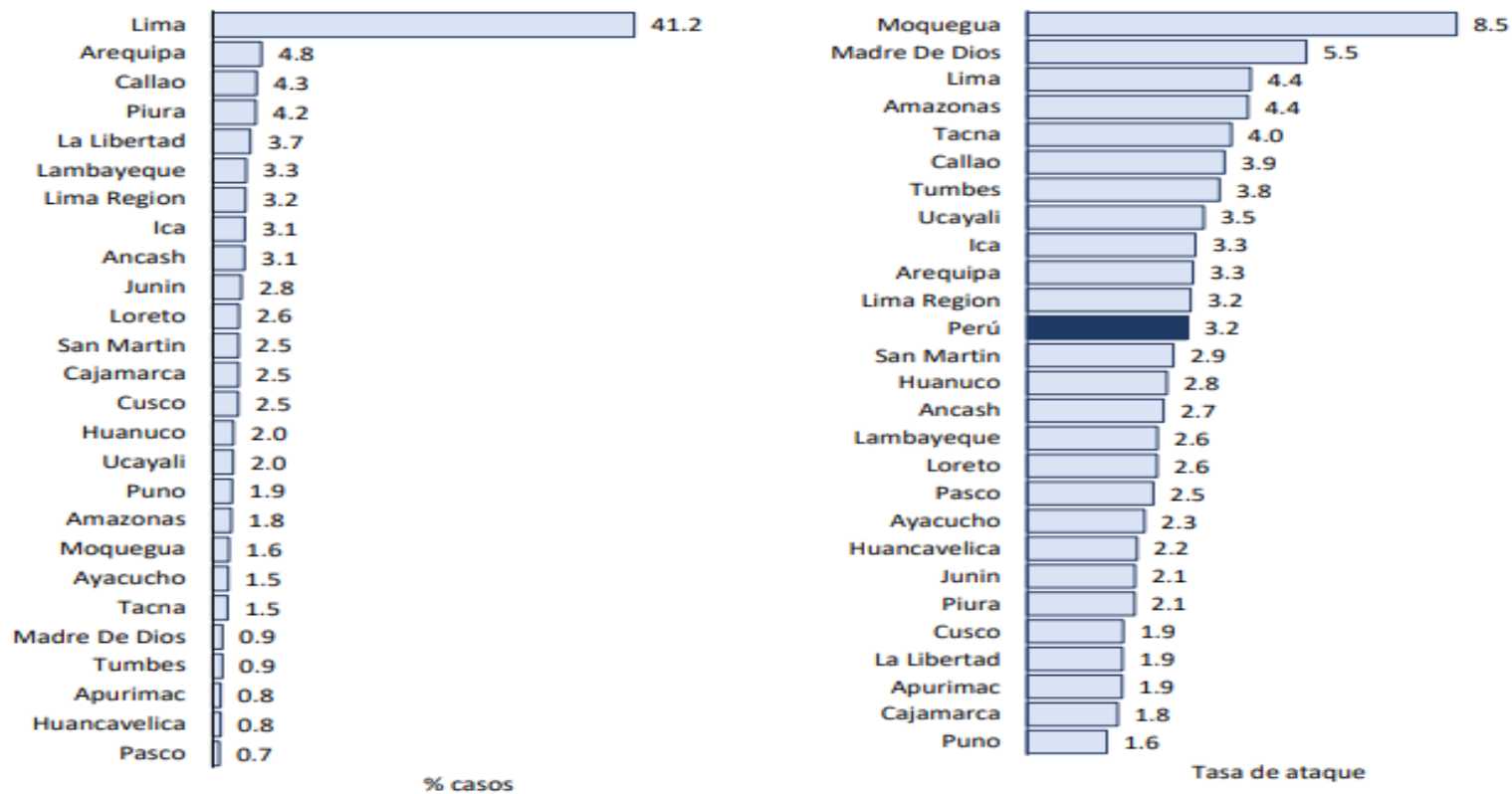
Modelo matemático epidemiológico SIR para la dinámica de transmisión de la COVID-19 en la región Callao

Formulación del problema	Objetivo general	Hipótesis	Variables e indicadores	Metodología
¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite explicar la dinámica de la COVID-19 en la región Callao?	Usar el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la COVID-19 en la región Callao.	El modelo matemático SIR permite mostrar la dinámica de la COVID-19 en la región Callao.	Variable Independiente: Modelo matemático epidemiológico SIR	Tipo de investigación: Se trata de una investigación básica descriptiva que tiene un enfoque cuantitativo.
Problemas específicos	Objetivos específicos	Hipótesis específicas	Variable dependiente: Dinámica de propagación de COVID -19 en la región Callao. • Dinámica de población de Susceptibles. • Dinámica de población de Infectados. • Dinámica de población de Recuperados	Aplicar el modelo SIR con los datos referidos a la Región Callao. Población: Perú Muestra: Región Callao
1) ¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite mostrar la dinámica de Susceptibles producida por la COVID-19 en la región Callao? 2) ¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite mostrar la dinámica de Infectados producida por la COVID-19 en la región Callao? 3) ¿De qué forma el modelo matemático epidemiológico SIR nos permite mostrar la dinámica de Recuperados de la enfermedad producida por la COVID-19 en la región Callao?	1) Usar el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la población de Susceptibles producida por la COVID-19 en la región Callao. 2) Usar el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la población de Infectados producida por la COVID-19 en la región Callao. 3) Usar el modelo matemático epidemiológico SIR para mostrar la dinámica de la población de Recuperados de la enfermedad producida por la COVID-19 en la región Callao.	1) El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica de la población de Susceptibles producida por el COVID-19 en la región Callao. 2) El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica de la población de Infectados producida por la COVID-19 en la región Callao. 3) El modelo matemático epidemiológico SIR permite mostrar la dinámica de la población de Recuperados de la enfermedad producida por la COVID-19 en la región Callao.		

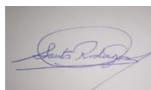


Fuente de datos

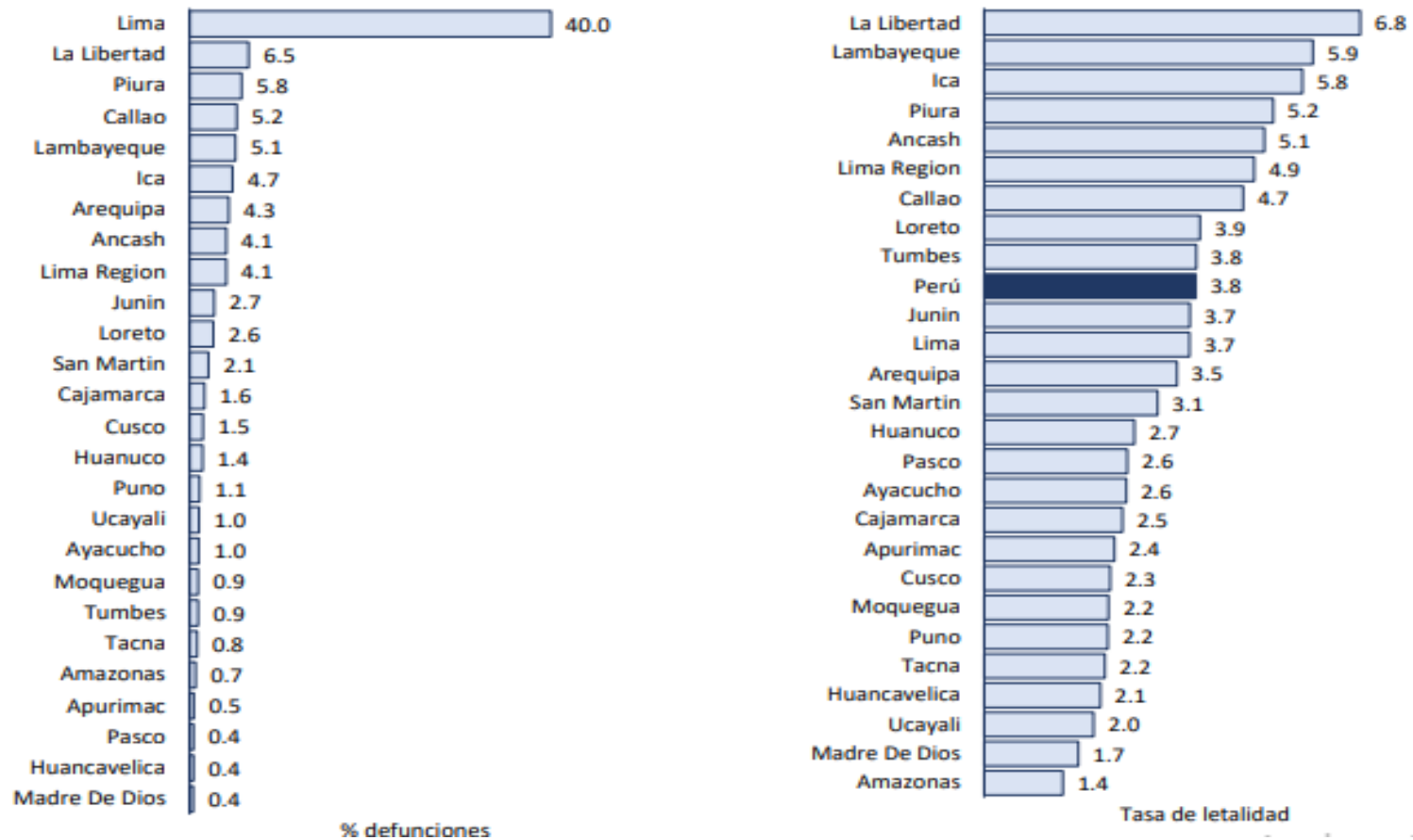
Casos y tasa de ataque por COVID-19. Perú 2020-2021 (SE 01)



Fuente.: Centro Nacional de Epidemiología. Prevención y Control de Enfermedades-MINSA



Defunciones y tasa de letalidad por COVID-19, Perú 2020-2021 (SE)



Fuente.: Centro Nacional de Epidemiología, Prevención y Control de Enfermedades-MINSA

