

## Modelos matemáticos en epidemiología. Parámetros significativos

B. Cantó<sup>(1)</sup>, C. Coll<sup>(2)</sup>, E. Sánchez<sup>(2)</sup>

*Institut de Matemàtica Multidisciplinar. Departament de Matemàtica Aplicada*

*(1) Escola Politècnica Superior d'Alcoi, Universitat Politècnica de València  
Passeig del Viaducte, 1 03801 Alcoi (Alacant)  
e-mail: bcanto@mat.upv.es*

*(2) Escuela Técnica Superior de Ingeniería del Diseño, Universitat Politècnica de València  
Camino de Vera, 14 46071 Valencia*

### RESUMEN

En este trabajo se presenta un modelo epidemiológico en el que los individuos están en las categorías de susceptibles, infectados y recuperados, con todos los parámetros no negativos. Por las características del modelo este es no lineal. Tras linealizar el modelo se obtiene un sistema lineal discreto. El comportamiento del modelo se analiza a partir del número reproductivo básico del sistema obtenido, determinando así cuando la epidemia constituye sólo un brote y cuando no.

Con el fin de determinar una posible política de vacunación y estudiar cómo afectaría esta política al comportamiento de la epidemia, se ha modificado el modelo añadiendo la categoría de vacunados. Por esta vía, se ha obtenido el número reproductivo básico del sistema cuando la vacunación está presente y con los dos números reproductivos básicos se ha obtenido el número de vacunas necesarias para este caso de epidemiología.

### INTRODUCCIÓN

La epidemiología es una ciencia que estudia la evolución de una epidemia a lo largo del tiempo, con el fin de predecir su comportamiento. Analiza la distribución y los efectos de una enfermedad en poblaciones humanas con el fin de ayudar a su prevención y su posible erradicación con el uso de la vacunación o la cuarentena. Además, con la epidemiología se pretende conocer el máximo número de individuos infectados en un determinado momento, cuál es el valor en que la población infectada llega a estabilizarse, etc.

La modelización matemática ha sido una herramienta fundamental en el estudio de procesos ligados con la epidemiología, ya que permite reflejar la conducta propia de las epidemias. Desde el siglo XVIII en el que Bernoulli [1] obtuvo un modelo para la viruela hasta la actualidad, la aparición de modelos matemáticos ha sido sistemática.

Hay diferentes modelos matemáticos dependiendo de su enfoque. Los modelos determinísticos, es decir aquellos donde no se contempla la existencia del azar ni el principio de incertidumbre. Este tipo de modelos se suelen usar en poblaciones grandes y facilita el estudio analítico de la epidemia. Los modelos estocásticos, es decir aquellos donde se contempla el azar en al menos una de sus variables y las relaciones entre variables se representan utilizando funciones probabilísticas. Suelen usarse en poblaciones de cualquier tamaño y en ellos se utilizan generalmente

simulaciones numéricas. También existen los modelos híbridos, en los que se mezclan los dos modelos anteriores.

En el contexto epidemiológico, en un modelo matemático determinístico un solo sujeto causa una epidemia generalizada, mientras que en un modelo estocástico existe la posibilidad de que la epidemia pueda extinguirse. En este trabajo nos centramos en los modelos epidemiológicos determinísticos, es decir, los individuos se encuentran en uno de los estados posibles. Entre los modelos más utilizados se encuentran los modelos SIR y SEIR.

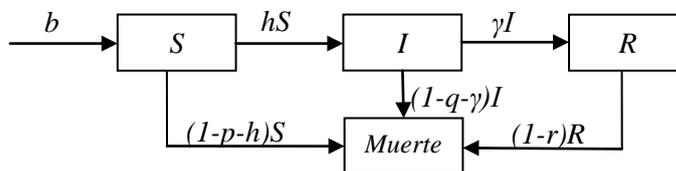
El modelo SIR se caracteriza por dividir la población en tres categorías: individuos sanos y susceptibles de ser infectados (*S*), individuos infectados que pueden contagiar a otros (*I*) e individuos resistentes a la enfermedad, por haberse recuperado de ella (*R*). El modelo SEIR divide la población en cuatro categorías: (*S*) representa a los individuos sanos que no pueden ser infectados, (*E*) incluye los individuos susceptibles que pueden ser infectados, en (*I*) se encuentran los individuos infectados que pueden contagiar a otros y (*R*) representa los individuos resistentes a la enfermedad.

En este trabajo se plantea un modelo SIR con vacunación en el que los individuos que nacen, *b*, se incorporan en la categoría *S* y en el que la probabilidad de sobrevivir en las categorías son *p* para la categoría *S*, *q* para la categoría *I* y *r* para la categoría *R*. Además, todos los parámetros que aparecen en el sistema son todos no negativos.

Si se linealiza el modelo, se obtiene el siguiente sistema de ecuaciones en forma matricial

$$\begin{pmatrix} S(t+1) \\ I(t+1) \\ R(t+1) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} p & -h & 0 \\ 0 & q-\gamma+h & 0 \\ 0 & \gamma & r \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} 1 \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} (\beta \quad \beta \quad \beta) \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix} = (T + BF) \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix} \quad (1)$$

donde el parámetro *h* indica la probabilidad de pasar de la categoría *S* a la categoría *I* y *γ* indica la probabilidad de que individuos de la categoría *I* pasen a la categoría *R*. Además, la matriz *T* se denomina matriz de transición y la matriz *BF* es la llamada matriz de fertilidad del sistema. Y teniendo en cuenta  $b = \beta(S(t)+I(t)+R(t))$ , gráficamente será



Cuando se estudia una epidemia uno de los factores más importantes es el número reproductivo básico, *R<sub>0</sub>*, que se define como el número de infecciones secundarias que un individuo infeccioso típico produce en una población formada por individuos susceptibles únicamente. Este factor puede tener diferentes interpretaciones, pero una de las más interesantes es aquella que lo relaciona con el número mínimo de vacunas que deben proporcionarse para que la epidemia se estabilice.

En el momento en que se tiene en cuenta la vacunación, aparece una nueva categoría ( $V$ ) donde  $s$  indica la probabilidad de sobrevivir en dicha categoría y  $v$  indica la proporción de individuos vacunados. En este caso, las matrices de transición y de fertilidad varían y el sistema (1) pasa a ser del siguiente modo,

$$\begin{pmatrix} S(t+1) \\ I(t+1) \\ V(t+1) \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} p & -h & 0 \\ 0 & q-\gamma+h & 0 \\ 0 & 0 & s \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} \frac{\beta(1-v)}{1-\beta-r} \\ 0 \\ \frac{v\beta}{1-\beta-r} \end{pmatrix} \begin{pmatrix} p-r & q-r & s-r \end{pmatrix} \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix} \quad (2)$$

$$= (T^v + B^v F^v) \begin{pmatrix} S(t) \\ I(t) \\ R(t) \end{pmatrix}.$$

En este trabajo, lo que se pretende es calcular el número reproductivo básico de los sistemas dados en (1) y en (3), de forma que se pueda saber si la epidemia existente tiende a desaparecer o no. Además, usando la relación de estos dos números reproductivos básicos, se analiza la predicción del número de vacunas mínimo que debería usarse para tratar dicha epidemia.

### TÉCNICAS EMPLEADAS

El número reproductivo básico,  $R_0$ , es un parámetro muy importante en el estudio de sistemas epidemiológicos. En general, se puede decir que si  $R_0 < 1$  la epidemia tiende a desaparecer y, en caso contrario, nos podemos encontrar un caso de endemia, [2].

La técnica empleada para calcular el número reproductivo básico se basa en la obtención de los valores propios del producto de las matrices definidas anteriormente. Para ello, se utiliza la siguiente expresión, siendo  $\rho$  el radio espectral,

$$R_0 = \rho(BF(I-T)^{-1}). \quad (3)$$

Por otra parte, se desea conocer el número de vacunas necesarias para que la epidemia se estabilice (llamada  $x$ ). Para ello se utiliza la relación entre  $R_0$ , del modelo (1) con  $R_0^v$  del modelo (2) del siguiente modo (ver [3]),

$$R_0^v = R_0(1-x). \quad (4)$$

Se desea que una vez vacunado el número reproductivo básico sea menor que la unidad. A partir de (4) se deduce que  $x$  tiene que cumplir la siguiente desigualdad,

$$x > 1 - \frac{1}{R_0}.$$

Con estas técnicas, se obtienen los siguientes resultados.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En primer lugar se ha obtenido el número reproductivo básico del sistema (1) utilizando (3) y se ha obtenido el siguiente resultado:

$$R_0 = \frac{\beta(p-r)}{(1-\beta-r)(1-p)}.$$

Podemos observar que si  $1-\beta-p > 0$ , entonces  $R_0 < 1$  y la epidemia es un brote. Pero en caso contrario la epidemia es un caso de endemia y es cuando se estudia el número reproductivo básico del sistema con vacunación (2) utilizando (3). En este caso se ha obtenido el siguiente resultado:

$$R_0^v = \frac{\beta((p-r)(1-s) + v(s-p)(1-r))}{(1-\beta-r)(1-p)(1-s)}.$$

En el caso en que se vacune, es interesante conocer el número mínimo de vacunas que deben usarse para que la epidemia sea estable. Para ello usamos la ecuación (4) y obtenemos el siguiente resultado:

$$x = \frac{(1-r)(p-s)v}{(r-p)(1-s)}.$$

Este es el valor umbral que debe verificar  $x$ . Por tanto, el número mínimo de vacunas  $v$  viene determinado por el siguiente valor:

$$v > \frac{(1-s)(1-\beta-p)}{\beta(p-s)}.$$

## CONCLUSIONES

En este trabajo se ha estudiado un modelo SIR con una estructura determinada. Se ha obtenido el número reproductivo básico de este modelo y se ha concluido que si la suma de la proporción de los individuos natos en todas las categorías más la probabilidad de sobrevivir en la categoría de individuos susceptibles es mayor que la unidad el sistema puede llegar a ser endémico y debe vacunarse. En este caso se obtiene el número reproductivo básico para usarlo en el cálculo del valor umbral del número de vacunas necesarias para controlar la epidemia. Finalmente las vacunas mínimas necesarias se obtienen mediante una relación entre diferentes parámetros.

## AGRADECIMIENTOS

Este trabajo está subvencionado por MTM2010-18228.

## REFERENCIAS

- [1] Blower S. and Bernoulli D., "An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it", *Rev Med Virol*.14:5 275-88 (2004).
- [2] Cantó B., Coll C. and Sánchez E., "Structural parametric epidemic model", *International Journal of Computer Mathematics*. 1-10 (2013). DOI: 10.1080/00207160.2013.800864.
- [3] Farrington C.P., "On vaccine efficacy and reproduction numbers", *Mathematical Biosciences*. 185 89-109 (2003).