

# Diversos modelos de propagación epidémica

Guillermo Morales-Luna  
Departamento de Computación  
Centro de Investigación y Estudios Avanzados del IPN, Cinvestav-IPN  
gmorales@cs.cinvestav.mx

30 de abril de 2020

## Resumen

Presentamos inicialmente el modelo de Kermack y McKendrick o SIR, por dividir a la población en individuos susceptibles, infecciosos y recuperados. Este modelo está basado en ecuaciones diferenciales simples que modelan el tránsito de individuos entre las clases mencionadas. Presentamos ahí algunas variantes consistentes otras clases suplementarias de individuos. Después presentamos algunos modelos muy sencillos que son los más utilizados en la práctica, el primero de crecimiento exponencial para los infecciosos, y el segundo, el modelo de Richards considera de entrada una población cerrada de individuos, por lo que es necesario conocer el número total de ellos con anticipación. Presentamos después una variante original de un modelo de propagación dinámico del tipo de sistema probabilista de transición o de gráfica aleatoria.

## Indice

<b>1 Modelos simplificados</b>	<b>1</b>
1.1 Factor básico de reproducción $R_0$	1
1.2 Modelo de Richards	2
1.3 Modelo continuo exponencial	3
<b>2 Modelo de Kermack y McKendrick</b>	<b>4</b>
2.1 Modelo SIR	4
2.2 Modelo con tasa general de contacto	6
2.3 Modelo con períodos de exposición	7
2.4 Modelo con tratamientos	8
2.5 Modelo con aislamiento y cuarentena	9
<b>3 Un modelo dinámico</b>	<b>11</b>

## 1 Modelos simplificados

### 1.1 Factor básico de reproducción $R_0$

Sea  $R_0$  el número básico de reproducción que puede pensarse como el número de individuos susceptibles contagiados por uno infeccioso. Sea  $t_i$  el tiempo de *incubación*.

Si se supone  $R_0$  constante, al tiempo  $m \cdot t_i$  el número de contagiados habrá aumentado en un factor

$$T_m = \sum_{\mu=0}^m R_0^\mu = \frac{1 - R_0^{m+1}}{1 - R_0}.$$

Si  $R_0$  varía con el tiempo, digamos  $R_{0m}$  es el número básico de reproducción vigente en el período  $m$ -ésimo, o sea  $] \max\{0, (m-1)t_\iota, mt_\iota\}$  siendo  $R_{00} = 1$ , el factor de crecimiento será

$$T_m = \sum_{\mu=0}^m \left( \prod_{\nu=0}^{\mu} R_{0\nu} \right).$$

Si  $c_m$  es el número de nuevos casos infectados en, entonces el número total de infecciosos a lo largo de la pandemia será

$$i_m = \sum_{\mu=0}^m c_\mu.$$

Sea  $F \in [0, 1]$  la tasa de fatalidades entre los infecciosos: un porcentaje  $(100F)\%$  de entre los infecciosos fallece en tanto que  $100(1-F)\%$  se recupera, es decir, sana. El número total de decesos en la pandemia ha de ser

$$D_m = \sum_{\mu=0}^m F c_\mu = F \sum_{\mu=0}^m c_\mu = F i_m.$$

Si  $F$  varía con el tiempo, digamos  $F_m$  es la tasa de fatalidades vigente en el período  $m$ -ésimo, el número total de decesos en la pandemia ha de ser

$$D_m = \sum_{\mu=0}^m F_\mu c_\mu = G_m \sum_{\mu=0}^m \frac{F_\mu}{G_m} c_\mu \quad \text{con} \quad G_m = \sum_{\mu=0}^m F_\mu.$$

## 1.2 Modelo de Richards

Este modelo se presenta en [5]. Utilizaremos la notación en la sección 1.1. Sea  $t \mapsto I(t)$  una medida de los infecciosos y sea  $F : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$  una función determinada por las decisiones de control de la epidemia. Se ha de tener

$$\frac{dI}{dt}(t) = r \frac{I}{F \circ I}(t) \quad \text{con} \quad r = \frac{1}{t_\iota} \ln R_0 \in \mathbb{R}^+ \quad \text{y} \quad R_0 = e^{rt_\iota}, \quad (1)$$

y,

$$F_{N_0 a} : n \mapsto \left( 1 - \left( \frac{n}{N_0} \right)^a \right)^{-1} = \frac{N_0^a}{N_0^a - n^a} \quad \text{con} \quad a \in \mathbb{R}^+.$$

En la Figura 1 se bosqueja algunas de estas funciones para diversos exponentes  $a$ . Como se ve,  $F_{N_0 a}(0) = 1$  y en  $n = N_0$ ,  $F_{N_0 a}$  tiene un polo, una singularidad. Naturalmente el dominio de interés es  $[0, N_0[$ . Se tiene:

$$\frac{dF_{N_0 a}}{dn}(n) = N_0^a a \frac{1}{(N_0^a - n^a)^2} \frac{1}{n^{a+1}} \quad \wedge \quad \frac{d^2 F_{N_0 a}}{dn^2}(n) = N_0^a a \frac{n^a(1+a) - N_0^a(1-a)}{(N_0^a - n^a)^3} \frac{1}{n^{a+2}}$$

así pues, la segunda derivada se anula en el punto  $N_a \in \mathbb{R}$  tal que  $N_a^a = N_0^a \frac{1-a}{1+a}$  y se tendrá  $N_a > 0$  toda vez que  $a \in ]0, 1[$ .

En consecuencia, si  $0 < a < 1$ ,  $F_{N_0 a}$  es cóncava en el intervalo  $[0, N_a]$ , en  $N_a$  tiene un “punto silla”, es convexa de  $]N_a, N_0[$  y tiende a infinito cuando  $n \nearrow N_0$ .

Por otro lado  $F_{N_0 a} \xrightarrow{a \nearrow +\infty} 1$  puntualmente en  $[0, N_0[$ .

Las soluciones de (1) son de la forma

$$t \mapsto S_{rt_r}(t) = N_0 \left[ 1 + e^{-r(t-t_r)} \right]^{-\frac{1}{a}} \quad \text{con} \quad t_r = \frac{1}{r} \ln \left[ \left[ \frac{N_0}{S_0} \right]^a - 1 \right].$$

Se considera la epidemia extinta cuando a lo largo de 3 meses, es decir, de 90 días, no aparezca caso alguno de infección, lo que ha de ocurrir en el tiempo

$$t_e = \arg \min_{t_0} \left\{ \int_{t_0}^{t_0+90} (N_0 - S(t)) dt < 1 \right\}.$$

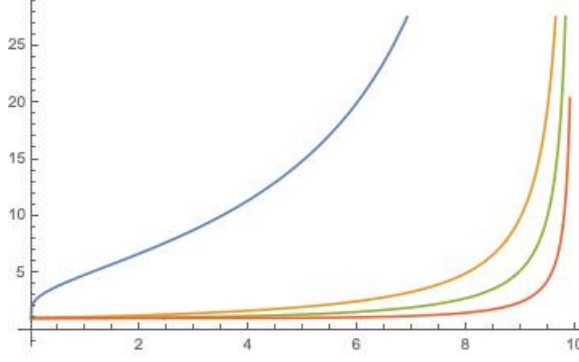


Figure 1: Gráficas de las funciones  $F_{N_0 a}$ , con  $N_0 = 10$  en el intervalo  $[0, N_0 - N_0^{-1}]$ . De izquierda a derecha se muestran las correspondientes a  $a = \frac{1}{10}, 1, 2, 5$  respectivamente.

### 1.3 Modelo continuo exponencial

La población de una cierta comunidad varía con el tiempo como

$$\frac{dN}{dt}(t) = rN(t) \quad \text{con solución } N : t \mapsto N(t) = ce^{rt}. \quad (2)$$

donde  $c \in \mathbb{R}$  es una constante de integración. En tiempo discreto,  $t_k = t_0 + kh$ , con  $N_k = N(t_k)$ , por el Teorema del Valor Medio se tendrá

$$N_{k+1} - N_k \approx h \frac{dN}{dt}(t_k) = (hr)N_k.$$

O sea  $N_{k+1} \approx (1 + hr)N_k$ . Para  $h = \frac{e^r - 1}{r}$  se tendrá, a grandes rasgos  $N_{k+1} = e^r N_k$ , lo que refrenda que la solución tiene un crecimiento exponencial:  $N_k \approx e^{rk} N(0)$ .

Otra modelación es la siguiente

$$\frac{dN}{dt}(t) = r_M \left(1 - \frac{N(t)}{N_\infty}\right) N(t) = f \circ N(t) \quad (3)$$

donde  $N_\infty$  es el máximo de la población en el intervalo de tiempo considerado,  $r_M$  es proporcional a la tasa de variación de  $N$  en ese punto y  $f : n \mapsto f(n) = r_M \left(1 - \frac{n}{N_\infty}\right) n$ . La solución típica de (3) es

$$N : t \mapsto N(t) = N_\infty \frac{e^{cN_\infty + r_M t}}{e^{cN_\infty + r_M t} - 1}, \quad (4)$$

donde  $c$  es una constante de integración. Puede verse que, en efecto, vale (3),  $N(0) = N_\infty \frac{e^{cN_\infty}}{e^{cN_\infty} - 1} > N_\infty$  y  $N(0)$  estará más cercano a  $N_\infty$  en tanto que  $c$  sea más grande, y  $\lim_{t \rightarrow +\infty} N(t) = N_\infty$ . Las dos primeras derivadas de la solución son

$$\forall t \in \mathbb{R}^+ : \frac{dN}{dt}(t) = -\frac{r_M N_\infty e^{cN_\infty + r_M t}}{(e^{cN_\infty + r_M t} - 1)^2} \quad \wedge \quad \frac{d^2 N}{dt^2}(t) = \frac{r_M^2 N_\infty e^{cN_\infty + r_M t} (e^{cN_\infty + r_M t} + 1)}{(e^{cN_\infty + r_M t} - 1)^3}.$$

En tiempo discreto,  $t_k = t_0 + kh_k$ , con  $N_k = N(t_k)$ . Tomando pasos variables  $h_k = 1 - \left(\frac{1}{r_M} + \frac{N_k}{N_\infty}\right)$ , se podría escribir

$$N_{k+1} = e^{r_M \left(1 - \frac{N_k}{N_\infty}\right)} N(0) \quad \text{con } N(0) = N_\infty \frac{e^{cN_\infty}}{e^{cN_\infty} - 1}.$$

El comportamiento de las soluciones en (2) y (4) son disímiles. Denotemos por  $N_0$  la solución en (2) y por  $c_0$  a su constante de integración, de igual manera denotemos por  $N_1$  la solución en (4) y por  $c_1$  a su constante de integración. Consideremos la interpolación

$$N_p : t \mapsto (1 - p)N_0(t) + pN_1(t) = \frac{e^{rt}}{e^{c_1 N_\infty + rt} - 1} (pN_\infty e^{c_1 N_\infty} - c_0(1 - p) [1 - e^{c_1 N_\infty + rt}]) \quad (5)$$

cuya derivada es

$$\frac{dN_p}{dt}(t) = \frac{r e^{rt}}{(e^{c_1 N_\infty + rt} - 1)^2} (c_0(1-p) [e^{c_1 N_\infty + rt} [e^{c_1 N_\infty + rt} - 2] + 1] - p N_\infty e^{c_1 N_\infty}).$$

En el punto inicial,  $t = 0$  se tiene

$$\frac{dN_p}{dt}(0) = \frac{r}{(e^{c_1 N_\infty} - 1)^2} (c_0(1-p) [e^{c_1 N_\infty} [e^{c_1 N_\infty} - 2] + 1] - p N_\infty e^{c_1 N_\infty})$$

y este valor, por lo general, será no-negativo, a menos que  $p = 1$ . Esto significa que inicialmente  $N$  es creciente, en las raíces de  $\frac{dN}{dt}$  tendrá valores extremos y posteriormente,  $\lim_{t \rightarrow +\infty} N(t) = N_\infty$ .

La función  $N_p$  dada depende de los parámetros  $p, r, N_\infty, c_0, c_1$  por lo que se debería escribir  $N_p = N_{prN_\infty c_0 c_1}$ . Así pues, dada una muestra de valores  $M = ((t_i, n_i))_{i=0}^{k-1}$ , donde se quiere que  $\forall i \in \llbracket 0, k-1 \rrbracket$ :  $n_i \approx N_{prN_\infty c_0 c_1}(t_i)$  se ha de localizar los parámetros  $p, r, N_\infty, c_0, c_1$  mediante cuadrados mínimos.

**Problema 1.1 (De cuadrados mínimos)** Sea  $N_{\mathbf{p}} : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$  una función continua que depende de los parámetros  $\mathbf{p} \in \mathbb{R}^m$ . Supongamos dada una muestra de valores  $M = ((t_i, n_i))_{i=0}^{k-1}$ , donde se quiere que  $\forall i \in \llbracket 0, k-1 \rrbracket$ :  $n_i \approx N_{\mathbf{p}}(t_i)$ . Se define los vectores (columnas)  $\mathbf{N}_{\mathbf{p}} = (N_{\mathbf{p}}(t_i))_{i=0}^{k-1}$  y  $\mathbf{n} = (n_i)_{i=0}^{k-1}$ , así como

$$D(\mathbf{N}_{\mathbf{p}}, M) = \|\mathbf{N}_{\mathbf{p}} - M\|^2 = \sum_{i=0}^{k-1} |N_{\mathbf{p}}(t_i) - n_i|^2.$$

Calcúlese  $\mathbf{p}_0 = \arg \min_{\mathbf{p}} D(\mathbf{N}_{\mathbf{p}}, M)$ .

## 2 Modelo de Kermack y McKendrick

Presentamos este modelo siguiendo la exposición en [1]. El *modelo de Kermack y McKendrick* se propuso en el primer tercio del S. XX.

### 2.1 Modelo SIR

En todo momento, la población se divide en tres clases:  $S$ , consistente de los individuos *susceptibles*,  $I$ , consistente de los individuos *infecciosos* y  $R$ , consistente de los individuos *recuperados*. En cada instante  $t \in \mathbb{R}^+$ ,  $S(t)$ ,  $I(t)$  y  $R(t)$  denotan los números de individuos de esos tipos, respectivamente, o con fines de asociarles valores reales, de *medidas*.

El modelo *SIR* queda establecido por las ecuaciones

$$\forall t \in \mathbb{R}^+ : \frac{dS}{dt}(t) = -r_0 S(t) I(t) \quad \wedge \quad \frac{dI}{dt}(t) = r_0 S(t) I(t) - s_0 I(t) \quad \wedge \quad \frac{dR}{dt}(t) = s_0 I(t). \quad (6)$$

A grandes rasgos, si  $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$  es la población total,  $r_0$  es la tasa de individuos contagiados por uno ya contagiado y  $s_0$  es la proporción de recuperados entre los infecciosos, entonces

- el decremento de los susceptibles de contagio varía como  $r_0 N(t) \frac{S(t)}{N(t)} I(t) = r_0 S(t) I(t)$ ,
- el incremento de los recuperados varía como  $s_0 I(t)$ .
- el incremento de los infecciosos varía según se incrementen los susceptibles o se decrementen los recuperados.

Sea  $U(t)$  la medida (o número) de los individuos que se mantienen como infectuosos habiendolo sido previamente. Entonces  $\frac{dU}{dt}(t) = -s_0 U(t)$  por lo que, necesariamente  $\forall t > 0 : U(t) = U(0) e^{-s_0 t}$  o sea  $\frac{U(t)}{U(0)} = e^{-s_0 t}$  lo que determina una densidad de probabilidad con media  $\int_{\mathbb{R}^+} e^{-s_0 t} dt = s_0^{-1}$  y éste es el tiempo esperado de duración de la epidemia.

En el sistema de ecuaciones (6),  $R$  queda determinado por  $S$  e  $I$ , así basta considerar el sistema

$$\forall t \in \mathbb{R}^+ : \frac{dS}{dt}(t) = -r_0 S(t) I(t) \quad \wedge \quad \frac{dI}{dt}(t) = (r_0 S(t) - s_0) I(t). \quad (7)$$

Naturalmente,  $S$  e  $I$  no pueden ser negativas así que cuando asumen el valor 0 se puede considerar que se arriba a condiciones extremas del sistema (7). Para esto, el valor

$$R_0 = \frac{r_0}{s_0} S(0) \quad (8)$$

llamado *básico de reproducción*, es esencial para determinar el desempeño del sistema: Si  $R_0 < 1$  la infección desaparece, en tanto que si  $R_0 > 1$  surge una epidemia.

Ahora, supongamos que la medida de los infecciosos se pone en función de la de los susceptibles, sea  $J : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$  tal función. Entonces, se ha de tener  $I = J \circ S$ . Expresado esto en diagramas, queda

$$\begin{array}{ccc} \mathbb{R}^+ & \xrightarrow{S} & \mathbb{R}^+ \\ & \searrow I & \downarrow J \\ & & \mathbb{R}^+ \end{array} \quad (a) \quad \begin{array}{ccc} t \in \{ \text{tiempos} \} & \xrightarrow{S} & s \in \{ \text{susceptibles} \} \\ & \searrow I & \downarrow J \\ & & i \in \{ \text{infecciosos} \} \end{array} \quad (b) \quad (9)$$

Por la Regla de la Cadena se ha de tener  $\forall t > 0 : \frac{dI}{dt}(t) = \frac{dJ}{ds}(S(t)) \frac{dS}{dt}(t)$ , o escrito de manera abreviada

$$\frac{dJ}{ds} = \frac{\frac{dI}{dt}}{\frac{dS}{dt}} = \frac{(r_0 S - s_0) I}{-r_0 S I} = -1 + \frac{s_0}{r_0} \frac{1}{S} =: \frac{dJ}{dS},$$

de donde, al calcular una antiderivada, se ha de tener que, para una *constante de integración*  $c \in \mathbb{R}$ :

$$J : s \mapsto -s + \frac{s_0}{r_0} \ln s + c. \quad (10)$$

Resulta,

$$\forall s \in \mathbb{R}^+ : \frac{dJ}{ds} = \frac{s_0}{r_0} \frac{1}{s} - 1,$$

y esa derivada asumirá el valor 0 en el punto  $s = \frac{s_0}{r_0}$ . Para éste se tendrá:

$$J\left(\frac{s_0}{r_0}\right) = \left(\ln\left(\frac{s_0}{r_0}\right) - 1\right) \frac{s_0}{r_0} + c. \quad (11)$$

De la relación (10) se puede definir

$$C : (\mathbb{R}^+)^2 \rightarrow \mathbb{R} \quad , \quad (s, i) \mapsto C(s, i) = i + s - \frac{s_0}{r_0} \ln s \quad (12)$$

cuyas curvas de nivel, o *contornos*, corresponderán a los lugares geométricos correspondientes a parejas  $(s, i)$  que satisfacen el sistema (7). Se observa que se cumplen las propiedades siguientes:

- Para las condiciones iniciales  $(S(0), I(0))$ , el correspondiente contorno estará a la altura dada por la relación (12), a saber  $c_0 = C(S(0), I(0))$ .
- En cada contorno  $C = c$ , el máximo valor que puede asumir  $i$  se alcanza con  $s = \frac{s_0}{r_0}$  y este máximo está dado por (11).
- Si  $N_0$  es la población inicial entonces  $S(0) = s_0 = N_0$  e  $I(0) = i_0 = 0$ , con lo que, de acuerdo con (8),  $R_0 = \frac{r_0}{s_0} N_0$ . Bajo la suposición de que la infección fenecerá a la larga, se ha de tener  $I_\infty := \lim_{t \rightarrow +\infty} I(t) = 0$ . Escribamos  $S_\infty := \lim_{t \rightarrow +\infty} S(t)$ . Los puntos  $(S(0), I(0)) = (N_0, 0)$  y  $(S_\infty, I_\infty) = (S_\infty, 0)$  están en un mismo contorno, luego

$$N_0 - \frac{s_0}{r_0} \ln N_0 = C(S(0), I(0)) = C(S_\infty, 0) = S_\infty - \frac{s_0}{r_0} \ln S_\infty$$

y en consecuencia

$$\frac{r_0}{s_0} = \frac{\ln N_0 - \ln S_\infty}{N_0 - S_\infty}$$

lo que permite estimar la razón  $\frac{r_0}{s_0}$  en términos de los observables  $N_0$  y  $S_\infty$ . También se ha de tener

$$R_0 = \frac{\ln N_0 - \ln S_\infty}{N_0 - S_\infty} N_0 = \frac{\ln N_0 - \ln S_\infty}{1 - \frac{S_\infty}{N_0}}.$$

Sin embargo estos últimos estimativos sólo pueden obtenerse *a porteriori*. Son útiles pues para realizar tareas de diagnóstico o explicación, mas no de pronóstico.

- Ahora bien, la segunda ecuación en (7) puede aproximarse como  $I' = (r_0 N_0 - s_0)I$ , por lo que la tasa de inicial de crecimiento de  $I$  es  $t_0 = r_0 N_0 - s_0 = s_0(R_0 - 1)$ . Así que, si  $t_0$  y  $s_0$  son estimados experimentalmente al inicio de la epidemia, se habrá de tener

$$r_0 = \frac{1}{N_0}(t_0 - s_0) \quad \wedge \quad R_0 = \frac{t_0}{s_0} - 1.$$

## 2.2 Modelo con tasa general de contacto

En las ecuaciones (7), en vez de que  $r_0$  sea constante, se le supone como una función de la población actual:

$$\forall n \in \mathbb{R}^+ : r_0(n) = \frac{D(n)}{n}, \quad (13)$$

donde  $D : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$  es no-decreciente. Bajo la suposición de que la tasa de contactos ha de saturarse, se impone la condición  $\frac{dr_0}{dn} \leq 0$ , la cual impone a su vez  $r_0(n) + n \frac{dr_0}{dn} \geq 0$ .

En algunos modelos,  $D$  se considera de las formas siguientes

$$n \mapsto \frac{a n}{1 + b n} \quad , \quad n \mapsto \frac{a n}{1 + b n + \sqrt{1 + 2b n}} \quad , \quad n \mapsto b n^a$$

para algunas constantes  $a, b \in \mathbb{R}$  adecuadas (en la tercera función,  $a \sim 10^{-3}$ ).

Supongamos que de la población que deja de estar entre los infecciosos, una fracción  $f$  es debido a que se recupera y la proporción complementaria  $(1 - f)$  lo hace por fallecimiento. Denotemos por  $N : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$  a la función que describe la población total actual. Se tiene entonces el sistema de ecuaciones

$$\begin{aligned} \forall t \in \mathbb{R}^+ : \quad & \frac{dS}{dt}(t) = -r_0(N(t)) S(t) I(t) \quad \wedge \\ & \frac{dI}{dt}(t) = r_0(N(t)) S(t) I(t) - s_0 I(t) \quad \wedge \\ & \frac{dN}{dt}(t) = -(1 - f) s_0 I(t) \quad \wedge \\ & \frac{dR}{dt}(t) = -f s_0 I(t). \end{aligned} \quad (14)$$

y también en este caso, la última está determinada por las tres primeras. El número básico de reproducción es  $R_0 = \rho_0(0)$ , donde

$$\rho_0 : t \mapsto \rho_0(t) = \frac{r_0(N(t))}{s_0} S(t) = \frac{1}{s_0} (r_0 \circ N)(t) S(t). \quad (15)$$

La epidemia ha de fenecer si a la larga  $\rho_0 < 1$ . Derivando (15) se ha de tener

$$\begin{aligned} \frac{d\rho_0}{dt}(t) &= \frac{1}{s_0} \left[ (r_0 \circ N)(t) \frac{dS}{dt}(t) + S(t) \frac{d(r_0 \circ N)}{dt}(t) \right] \\ &= \frac{1}{s_0} \left[ (r_0 \circ N)(t) (-r_0(N(t)) S(t) I(t)) + S(t) \frac{dr_0}{dN}(N(t)) \frac{dN}{dt}(t) \right] \end{aligned}$$

$$\begin{aligned}
&= \frac{1}{s_0} \left[ -((r_0 \circ N)(t))^2 S(t) I(t) - S(t)(1-f)s_0 I(t) \frac{dr_0}{dN}(N(t)) \right] \\
&= -\frac{1}{s_0} S(t) I(t) \left[ ((r_0 \circ N)(t))^2 + (1-f)s_0 \frac{dr_0}{dN}(N(t)) \right] \\
&= -\frac{1}{s_0} (r_0 \circ N)(t) S(t) I(t) \left[ (r_0 \circ N)(t) + \frac{(1-f)s_0}{(r_0 \circ N)(t)} \frac{dr_0}{dN}(N(t)) \right] \\
&= -\frac{1}{s_0} (r_0 \circ N)(t) S(t) I(t) \left[ (r_0 \circ N)(t) + (1-f)s_0 \frac{r'_0}{r_0}(N(t)) \right]
\end{aligned}$$

y esta derivada será no-negativa sólo cuando  $(r_0 \circ N)(t) + (1-f)s_0 \frac{r'_0}{r_0}(N(t)) \leq 0$ . Ahora

$$\begin{aligned}
(r_0 \circ N)(t) + (1-f)s_0 \frac{r'_0}{r_0}(N(t)) &\leq 0 && \iff \\
((r_0 \circ N)(t))^2 &\leq -(1-f)s_0(r'_0 \circ N)(t) && \iff \\
\frac{((r_0 \circ N)(t))^2}{(1-f)s_0} &\leq -(r'_0 \circ N)(t) && \iff \\
-\frac{((r_0 \circ N)(t))^2}{(1-f)s_0} &\geq (r'_0 \circ N)(t)
\end{aligned}$$

Así pues, a menos que  $r_0$  tuviese una derivada “muy negativa”, es decir, decreciera a gran ritmo, o sea que los susceptibles pasarían con mayor rapidez a la clase de los infecciosos, la función  $\rho_0$  ha de ser no-creciente.

Por otro lado, de (14), se tiene

$$\frac{dS}{dt}(t) + \frac{dI}{dt}(t) = -s_0 I(t) \quad \wedge \quad \frac{dN}{dt}(t) = -s_0(1-f) I(t)$$

y al integrar

$$(S(t_0) + I(t_0)) - (S(0) + I(0)) = -s_0 \int_0^{t_0} I(t) dt \quad \wedge \quad N(t_0) - N(0) = -s_0(1-f) \int_0^{t_0} I(t) dt.$$

Al inicio,  $n = N_0$  es la población cuando comienza la infección, a la larga  $n = n_\infty$  es la población restante cuando la epidemia fenece. Puesto que  $S(0) + I(0) = N_0 = N(0)$  se ha de tener

$$(1-f)(S(t_0) + I(t_0) - N_0) = N(t_0) - N_0 \quad \text{o sea} \quad N_0 - N(t_0) = (1-f)(N_0 - S(t_0) - I(t_0)).$$

Haciendo  $S_\infty = \lim_{t_0 \rightarrow +\infty} S(t_0)$  y suponiendo que  $N$  es decreciente así como  $\lim_{t_0 \rightarrow +\infty} I(t_0) = 0$  (es decir, la epidemia fenece),  $N_0 - n_\infty = (1-f)(N_0 - S_\infty)$  o sea

$$(1-f) = \frac{N_0 - N_\infty}{N_0 - S_\infty}. \tag{16}$$

### 2.3 Modelo con períodos de exposición

Se considera aquí a la clase de individuos que “potencialmente” son infecciosos pero son asintomáticos. Así, inicialmente  $N_0 = S(0) + E(0) + I(0) + R(0)$ . Se tiene ahora el sistema de ecuaciones

$$\begin{aligned}
\forall t \in \mathbb{R}^+ : \quad \frac{dS}{dt}(t) &= -r_0(N(t)) S(t) I(t) && \wedge \\
\frac{dE}{dt}(t) &= r_0(N(t)) S(t) I(t) - q_E E(t) && \wedge \\
\frac{dI}{dt}(t) &= q_E E(t) - s_0 I(t) && \wedge \\
\frac{dN}{dt}(t) &= -(1-f)s_0 I(t) && \wedge \\
\frac{dR}{dt}(t) &= -f s_0 I(t)
\end{aligned} \tag{17}$$

y  $R$  queda determinada por las primeras variables  $S$ ,  $E$ ,  $I$ . Este modelo se trata de manera similar al visto en la sección 2.2 donde la variable  $I$  de ahí se sustituye por  $E + I$  de este caso. Se ve pues que  $E$  tiene poca relevancia.

Supongamos ahora que una fracción de la población asintomática efectivamente transmite la infección. Digamos,

$$\begin{aligned} \forall t \in \mathbb{R}^+ : \quad \frac{dS}{dt}(t) &= -r_0(N(t)) S(t) (I(t) + p_E E(t)) && \wedge \\ \frac{dE}{dt}(t) &= r_0(N(t)) S(t) (I(t) + p_E E(t)) - q_E E(t) && \wedge \\ \frac{dI}{dt}(t) &= q_E E(t) - s_0 I(t) \end{aligned} \quad (18)$$

En este caso se tendrá que el número básico de reproducción es  $R_0 = \rho_1(0)$  donde

$$\rho_1 : t \mapsto \rho_1(t) = \frac{1}{s_0}(r_0 \circ N)(t) N(t) + \frac{p_E}{q_E}(r_0 \circ N)(t) N(t) = \left[ \frac{1}{s_0} + \frac{p_E}{q_E} \right] (r_0 \circ N)(t) N(t). \quad (19)$$

Integrando las ecuaciones para  $\frac{dI}{dt}(t)$  y  $\frac{dN}{dt}(t)$  en (17) se obtiene

$$N_0 - S_\infty = q_E \int_0^{+\infty} E(t) dt$$

y de la primera ecuación en (18) se obtiene

$$\begin{aligned} \log s_0 - \log S_\infty &= - \int_0^{+\infty} \frac{1}{S(t)} \frac{dS}{dt}(t) dt \\ &= \int_0^{+\infty} r_0(N(t)) (I(t) + p_E E(t)) dt \end{aligned} \quad (20)$$

suponiendo que  $r_0$  es decreciente y que  $I(t) \approx \frac{q_E}{s_0} E(t)$  se ha de tener

$$\begin{aligned} \log \frac{S(0)}{S_\infty} &\geq r_0 \circ N(0) \int_0^{+\infty} (I(t) + p_E E(t)) dt \\ &\approx r_0 \circ N(0) \left[ \frac{q_E}{s_0} + p_E \right] \int_0^{+\infty} E(t) dt \\ &= R_0 \left[ -\frac{S_\infty}{N(0)} + 1 \right] \end{aligned}$$

de donde se obtiene un estimativo del valor a la larga  $S_\infty$ .

## 2.4 Modelo con tratamientos

En el modelo *SITR*, donde la “T” aparece por “pacientes *tratados*”, la variación de los segmentos de población se determina por las ecuaciones

$$\begin{aligned} \forall t \in \mathbb{R}^+ : \quad \frac{dS}{dt}(t) &= -r_0(N(t)) S(t) [I(t) + p_T T(t)] && \wedge \\ \frac{dI}{dt}(t) &= r_0(N(t)) S(t) [I(t) + p_T T(t)] - (s_0 + m_I) I(t) && \wedge \\ \frac{dT}{dt}(t) &= -m_I I(t) - q_T T(t) && \wedge \\ \frac{dN}{dt}(t) &= -(1-f)s_0 I(t) - (1-f_T)q_T T(t) \end{aligned} \quad (21)$$



En este caso se tendrá que el número básico de reproducción es  $R_0 = \rho_2(0)$  donde

$$\rho_2 : t \mapsto \rho_2(t) = \left[ \frac{1}{s_0 + m_I} + \frac{m_I}{s_0 + m_I} \frac{p_E}{q_E} \right] (r_0 \circ N)(t) N(t) = \left[ 1 + m_I \frac{p_E}{q_E} \right] \frac{1}{s_0 + m_I} (r_0 \circ N)(t) N(t) \quad (22)$$

(compárese las expresiones (15), (19) y (22)). También puede verse que vale la cota (20).

## 2.5 Modelo con aislamiento y cuarentena

Este es un modelo más apropiado para epidemias del tipo del *Síndrome Respiratorio Agudo Severo* (SARS: *Severe Acute Respiratory Syndrome*). Entre las características de esta epidemia están una propagación rápida, al aparecer los individuos susceptibles tienden a guardar distancia por el riesgo de contagio, existen vacunas para ciertos tipos de influencias, los casos diagnosticados pueden ser aislados, y revisar a sus contactos cercanos, hay infecciosos asintomáticos y hay riesgo de propagación en hospitales.

Se introduce aquí las clases  $Q$  de individuos *en cuarentena* y  $J$  de individuos *aislados*. Resulta entonces el modelo *SEQIJR*:

$$\begin{aligned} \forall t \in \mathbb{R}^+ : \quad \frac{dS}{dt}(t) &= -r_0(N(t)) S(t) [I(t) + p_E E(t) + p_{EPQ} Q(t) + p_J J(t)] && \wedge \\ \frac{dE}{dt}(t) &= r_0(N(t)) S(t) [I(t) + p_E E(t) + p_{EPQ} Q(t) + p_J J(t)] - (q_E + m_E) E(t) && \wedge \\ \frac{dQ}{dt}(t) &= m_E E(t) - q_Q Q(t) && \wedge \\ \frac{dI}{dt}(t) &= q_E E(t) - (s_I + m_I) I(t) && \wedge \quad (23) \\ \frac{dJ}{dt}(t) &= q_Q Q(t) + m_I I(t) - s_J J(t) && \wedge \\ \frac{dN}{dt}(t) &= -(1 - f_I) s_I I(t) - (1 - f_J) s_J J(t) && \wedge \\ \frac{dR}{dt}(t) &= f_I s_I I(t) + f_J s_J J(t) && \wedge \end{aligned}$$

Al igual que antes,  $R$  queda determinado por  $I$  y  $J$ .

El parámetro relevante aquí es el *número de control de la reproducción* (*control reproduction number*)  $R_c$ , el cual se calcula como  $R_c = \rho_3(0)$  donde

$$\rho_3 : t \mapsto \rho_3(t) = \frac{1}{m_E + q_E} \left[ p_E + \frac{q_I}{m_I + s_I} + \frac{p_Q p_E m_E}{q_Q} + \frac{p_J q_I m_I}{s_J (m_I + s_I)} + \frac{p_J m_I}{s_J} \right] (r_0 \circ N)(t) N(t) \quad (24)$$

(compárese las expresiones (15), (19), (22)) y (24)).

Los parámetros  $m_I$  y  $m_E$  son *de control* en tanto que  $p_Q$  y  $p_J$  dependen de cuán estrictos son la cuarentena y el aislamiento.

Poniendo a  $E$ ,  $Q$ ,  $I$  y  $J$  en términos del  $S$  y  $N$  de las ecuaciones segunda, tercera, cuarta y quinta en (23) se tiene el sistema lineal de ecuaciones

$$\frac{d}{dt} \begin{bmatrix} E \\ Q \\ I \\ J \end{bmatrix} = M(t) \begin{bmatrix} E \\ Q \\ I \\ J \end{bmatrix} \quad (25)$$

donde

$$M(t) = \begin{bmatrix} p_E r_0(N(t)) S(t) - (q_E + m_E) & p_{EPQ} r_0(N(t)) S(t) & r_0(N(t)) S(t) & p_J r_0(N(t)) S(t) \\ m_E & -q_Q & 0 & 0 \\ q_E & 0 & -(s_I + m_I) & 0 \\ 0 & q_Q & m_I & -s_J \end{bmatrix}.$$

El polinomio característico de  $M(t)$  es de la forma  $P_{M(t)}(X) = X^4 + \sum_{i=0}^3 c_i(t)X^i$  donde  $c_3(t)$  es el negativo de la traza de  $M(t)$  y  $c_0(t)$  es un múltiplo positivo de  $1 - \rho_3(t)$ . Por tanto,  $c_0(t)$  y  $1 - \rho_3(t)$  tienen el mismo signo. Así, si  $\rho_3(t) > 1$ , el coeficiente  $c_0(t)$  es negativo y, en consecuencia, ha de haber un valor propio positivo y para una configuración igual al vector propio correspondiente se tendrá una solución de (25) que crece exponencialmente. En cambio, si  $\rho_3(t) < 1$ , el coeficiente  $c_0(t)$  es positivo y, en consecuencia, todos los valores propios han de poseer partes reales negativas, lo que hará que toda solución de (25) tienda a anularse exponencialmente.

Por otro lado, inicialmente se tiene

$$N_0 = N(0) = S(0) + E(0) \quad \wedge \quad 0 = Q(0) = J(0) = I(0).$$

Se ha de suponer

$$E(t) \xrightarrow[t \rightarrow +\infty]{} 0 \quad \wedge \quad Q(t) \xrightarrow[t \rightarrow +\infty]{} 0 \quad \wedge \quad I(t) \xrightarrow[t \rightarrow +\infty]{} 0$$

Al sumar la primera ecuación con la segunda en (23) y al integrar se obtiene

$$N_0 - S_\infty = (q_E + m_E) \int_0^{+\infty} E(t) dt \quad (26)$$

Al integrar la tercera ecuación en (23) se obtiene

$$m_E \int_0^{+\infty} E(t) dt = q_Q \int_0^{+\infty} Q(t) dt \quad (27)$$

Al integrar la cuarta ecuación en (23) se obtiene

$$q_E \int_0^{+\infty} E(t) dt = (s_I + m_I) \int_0^{+\infty} I(t) dt \quad (28)$$

Al integrar la quinta ecuación en (23) se obtiene

$$q_Q \int_0^{+\infty} Q(t) dt = s_J \int_0^{+\infty} J(t) dt - m_I \int_0^{+\infty} I(t) dt \quad (29)$$

Al integrar la sexta ecuación en (23) se obtiene

$$N_0 - N_\infty = (1 - f_I)s_I \int_0^{+\infty} I(t) dt + (1 - f_J)s_J \int_0^{+\infty} J(t) dt \quad (30)$$

Sustituyendo (27) y (28) en (29) se obtiene

$$s_J \int_0^{+\infty} J(t) dt = \frac{m_E s_I + m_E m_I + q_E m_I}{s_I + m_I} \int_0^{+\infty} E(t) dt \quad (31)$$

Sustituyendo (28) y (31) en (30) se obtiene

$$\begin{aligned} N_0 - N_\infty &= \frac{(1 - f_I)s_I + (1 - f_J)(m_E s_I + m_E m_I + q_E m_I)}{s_I + m_I} \int_0^{+\infty} E(t) dt \\ &= \frac{(1 - f_I)s_I + (1 - f_J)(m_E s_I + m_E m_I + q_E m_I)}{s_I + m_I)(q_E + m_E)} (N_0 - S_\infty) \end{aligned} \quad (32)$$

De donde se obtiene una expresión similar a (16):

$$\frac{(1 - f_I)s_I + (1 - f_J)(m_E s_I + m_E m_I + q_E m_I)}{s_I + m_I)(q_E + m_E)} = \frac{N_0 - N_\infty}{N_0 - S_\infty}. \quad (33)$$

### 3 Un modelo dinámico

Ha habido diversos modelos de pandemias [3, 2] propuestos como sistemas de transición [4]. Presentamos aquí un modelo alternativo propio, inspirado en aquellos pero con características propias: Consideramos tanto transiciones en los modelos clásicos del tipo SIR como las gráficas de contacto y de contagio.

Sea  $V$  el conjunto de individuos en una localidad donde se desarrolla una epidemia. En todo momento, se tiene una partición de  $V$  en las clases siguientes:

- $S$ : la clase de *susceptibles*, individuos que pueden contagiarse,
- $A$ : la clase de *asintomáticos*, individuos que se han contagiado pero no presentan síntomas,
- $I$ : la clase de *infecciosos*, individuos que se han contagiado y están enfermos,
- $R$ : la clase de *recuperados*, individuos que habiendo sido contagiados, superan el contagio y sanan, y
- $F$ : la clase de *fallecidos*, individuos que han muerto por la enfermedad.

Consideramos inicialmente una gráfica (no-dirigida) de *contactos*,  $G_T = (V, A_T)$  donde los nodos son los individuos y  $A_T \subset V^{(2)}$  consta de las aristas consistentes de parejas de individuos con cercanía geográfica, familiares o de trabajo. La *distancia* entre dos nodos es el número de aristas de las que consta el camino más corto que los une en la gráfica, adirigida,  $G_T$ . Para cada  $v \in V$  sea  $\text{Vec}(v) = \{u \in V \mid uv \in A\}$  la *vecindad* de  $v$  en esa gráfica de contactos, es decir un nodo  $u$  es *vecino* de  $v$  si está a distancia 1 de  $v$ .

Sea  $Q = \{S, A, I, R, F\}$  el conjunto de *estados* que puede asumir cada nodo, o de *clases* en la que están los nodos. En cada momento  $t$  se tiene una función de asignación:  $\sigma_t : V \rightarrow Q$  que a cada nodo le asocia un estado en el tiempo  $t$ . Se dice que el individuo  $v \in V$  “es”  $\sigma_t(v)$  al momento  $t$ .

Se le da a la gráfica una estructura de *transición probabilista*. Para cada momento  $t$ , cada nodo  $v \in V$ , para todos  $x, y \in Q$  sea

$$p_{vtxy} = \Pr \{ \sigma_{t+1}(v) = y \mid \sigma_t(v) = x \} : \text{probabilidad de pasar a } y \text{ estando en } x.$$

La correspondiente matriz de transición es  $P_{vt} = (p_{vtxy})_{x,y \in Q}$ . Las entradas de la matriz de transición se evalúan como sigue:

- “Si el individuo es susceptible, sólo puede ser contagiado por un vecino infectado.” O sea, si  $\sigma_t(v) = S$ , entonces

$$\exists u \in \text{Vec}(v) : \sigma_t(u) \in \{A, I\} \implies p_{vtSS} + p_{vtSA} + p_{vtSI} = 1.$$

- “Los asintomáticos pueden seguir siéndolo, o pasar a ser infecciosos o repuestos”  $p_{vtAA} + p_{vtAI} + p_{vtAR} = 1$ .
- “Los infecciosos pueden seguir siéndolo, o pasar a ser repuestos o fallecidos”:  $p_{vtII} + p_{vtIR} + p_{vtIF} = 1$ .
- “Los recuperados sólo pueden seguir siéndolo”:  $p_{vtRR} = 1$ .
- “Los fallecidos sólo pueden seguir siéndolo”:  $p_{vtFF} = 1$ .

Se tiene pues la matriz de transición de la forma

$$P_{vt} = \begin{bmatrix} p_{vtSS} & p_{vtSA} & p_{vtSI} & 0 & 0 \\ 0 & p_{vtAA} & p_{vtAI} & p_{vtAR} & 0 \\ 0 & 0 & p_{vtII} & p_{vtIR} & p_{vtIF} \\ 0 & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}.$$

Ya que  $P_{vt}$  es una matriz triangular superior, sus valores propios son los que aparecen en la diagonal. En tanto que las probabilidades de transición efectiva, las mostradas en la Figura 2, sean pequeñas, los valores propios de  $P_{vt}$  serán más cercanos a 1, lo que denota una situación de equilibrio o estable. Conforme crecen las probabilidades de transición efectiva, cada individuo habrá de padecer la epidemia para finalizar, ya sea sano o fallecido.

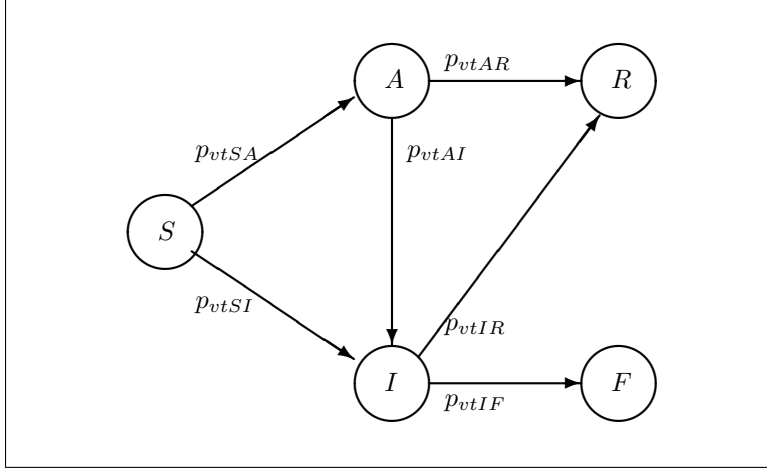


Figure 2: Diagrama de transición entre estados.

El diagrama de transición correspondiente a la matriz  $P_{vt}$  se muestra en la Figura 2. Las probabilidades en la diagonal son las de quedarse en un mismo estado. Para todos  $x, y \in Q$  denotemos por  $\underline{x}$  a la transición que va de  $x$  a  $x$  mismo y por  $\underline{xy}$  a la que va del estado  $x$  al  $y$ . Así, toda ruta para ir de  $S$  a cualquiera de los estados finales se expresa mediante la expresión regular

$$\rho_{S(R+F)} = \underline{S}^* \underline{SA} \underline{A}^* \underline{AR} + \underline{S}^* (\underline{SA} \underline{A}^* \underline{AI} + \underline{SI}) \underline{I}^* (\underline{IR} + \underline{IF}).$$

En particular, se puede distinguir las clases siguientes de trayectorias:

- De susceptible a fallecido:  $\rho_{SF} = \underline{S}^* (\underline{SA} \underline{A}^* \underline{AI} + \underline{SI}) \underline{I}^* \underline{IF}$ .
- De asintomático a recuperado:  $\rho_{AR} = \underline{A}^* (\underline{AI} \underline{I}^* \underline{IR} + \underline{AR})$ .
- De asintomático a fallecido:  $\rho_{AF} = \underline{A}^* \underline{AI} \underline{I}^* \underline{IF}$ .
- De infeccioso a recuperado:  $\rho_{IR} = \underline{I}^* \underline{IR}$ .
- De infeccioso a fallecido:  $\rho_{IF} = \underline{I}^* \underline{IF}$ .

Cada transición de un estado a otro, o si se quiere, cada expresión regular, determina una probabilidad. Así por ejemplo  $\Pr\{\underline{S}^*\}$  es la probabilidad de que un individuo no padezca de ningún contagio, la condición  $\Pr\{\rho_{S(R+F)}\} = 1$  indica que todos los individuos han de pasar por la epidemia, finalizando cada uno como recuperado o fallecido, y la condición  $\Pr\{\underline{S}^*\} + \Pr\{\underline{S}^* \underline{SA} \underline{A}^*\} = 1$  indica que la epidemia no tiene infecciosos pero sí se mantiene en estado latente: hay individuos contagiados pero asintomáticos.

Para ilustrar el cálculo de probabilidades, vemos que la probabilidad de recorrer una trayectoria del tipo  $\underline{S}^* \underline{SA} \underline{A}^* \underline{AR}$  es

$$p = \left[ \prod_{\kappa=0}^{\iota-1} p_{v,t+\kappa,SS} \right] p_{v,t+\iota,SA} \left[ \prod_{\kappa=0}^{\lambda-1} p_{v,t+\iota+\kappa,AA} \right] p_{v,t+\iota+\lambda,AR}. \quad (34)$$

Suponiendo que las probabilidades involucradas en (34) se mantuvieran constantes en el transcurso de la ruta:

$$p = p_{vtSS}^{\iota} p_{vtSA} p_{vtAA}^{\lambda} p_{vtAR},$$

y en este caso, la probabilidad de arribar al estado  $R$  según  $\underline{S}^* \underline{SA} \underline{A}^* \underline{AR}$  es

$$\begin{aligned} \left[ \sum_{\iota=0}^{+\infty} p_{vtSS}^{\iota} \right] p_{vtSA} \left[ \sum_{\lambda=0}^{+\infty} p_{vtAA}^{\lambda} \right] p_{vtAR} &= \frac{1}{1 - p_{vtSS}} p_{vtSA} \frac{1}{1 - p_{vtAA}} p_{vtAR} \\ &= \frac{p_{vtSA}}{p_{vtSA} + p_{vtSI}} \frac{p_{vtAR}}{p_{vtAR} + p_{vtAI}}. \end{aligned}$$

De manera similar se calcula la probabilidad de arribar desde cualquiera de los estados de asintomáticos o infecciosos a uno terminal, ya sea de recuperación o de fallecimiento. Sea pues  $p_{vtF}$  la probabilidad de arribar desde  $A$  o  $I$  a  $F$  y sea  $p_{vtR}$  la de arribar desde  $A$  o  $I$  a  $R$  en algún tiempo futuro:

$$p_{vtE} = \Pr \{ \rho_{AE} + \rho_{IE} \} \quad \text{con } E \in \{R, F\}. \quad (35)$$

Como es usual en modelos probabilistas, supondremos que  $p_{vtE}$  tiene una función de densidad exponencial,  $f_E : \mathbb{R}^+ \rightarrow \mathbb{R}^+$ ,  $t \mapsto f_E(t) = e^{-\lambda_E t}$ , donde  $\lambda_E \approx \frac{1}{\eta_E} \in \mathbb{R}^+$  es el inverso multiplicativo del número esperado  $\eta_E \in \mathbb{Z}^+$  de individuos que “pasan” la epidemia recuperándose, si  $E = R$ , o falleciendo, si  $E = F$ .

Por otro lado, para cada tiempo  $t \in \mathbb{Z}^+$ , sea  $G_{Ct} = (V, A_{Ct})$  la gráfica dirigida cuyos nodos son los individuos y  $A_{Ct} \subset V^2$  consta de las parejas ordenadas  $(u, v)$  tales que  $u$  ha contagiado a  $v$  antes o en el tiempo  $t$ . Para cada  $u \in V$  tal que  $\sigma_t(u) \in \{A, I\}$ , sea  $p_{utJ}$  la probabilidad de que el individuo  $u$ , asintomático o infeccioso, contagie a uno susceptible. Naturalmente, se ha de tener:

$$\forall v \in V : \left[ \sigma_t(s) = S \implies p_{vtSA} + p_{vtSI} = \sum \{ p_{utJ} | u \in \text{Vec}(v) \wedge \sigma_t(u) \in \{A, I\} \} \right]. \quad (36)$$

Con fines de simplificar la modelación, supongamos que es uniforme y no depende del tiempo la probabilidad de que un contagiado contagie a alguien que no lo sea, es decir

$$\exists p_J \in [0, 1] \forall t \in \mathbb{Z}^+ \forall u \in V : [\sigma_t(u) \in \{A, I\} \implies p_{utJ} = p_J].$$

Entonces la condición (36) queda

$$\forall v \in V : [\sigma_t(s) = S \implies p_{vtSA} + p_{vtSI} = p_J \text{card} \{ \text{Vec}(v) \cap \sigma_t^{-1} \{A, I\} \}]. \quad (37)$$

Si  $n_{tJ} \in \mathbb{Z}^+$  es el valor esperado del número de contagiados en contacto directo con un individuo susceptible, es decir  $n_{tJ} = E(\text{card} \{ \text{Vec}(v) \cap \sigma_t^{-1} \{A, I\} \})$  entonces la condición (37) queda

$$\forall v \in V : [\sigma_t(s) = S \implies p_{vtSA} + p_{vtSI} = p_J n_{tJ}]. \quad (38)$$

Pues bien, se tiene:

$$n_{tJ} p_J > \lambda_R p_R + \lambda_F p_F \implies \text{la pandemia se expandirá}, \quad (39)$$

$$n_{tJ} p_J \leq \lambda_R p_R + \lambda_F p_F \implies \text{la pandemia se extinguirá o quedará en latencia}. \quad (40)$$

Por otro lado,

$$\forall v \in V : [\sigma_t(s) = S \implies p_{vtSS} \approx (1 - p_J)^{n_{tJ}}], \quad (41)$$

Así pues,

$$(1 - p_J)^{n_{tJ}} + p_J n_{tJ} \approx 1,$$

lo cual establece condiciones entre  $n_J$  y  $p_J$ .

Considérese pues la aplicación polinómica respecto a  $p$ , pero exponencial respecto a  $n$ :

$$g_n : p \mapsto (1 - p)^n + np - 1.$$

Se tiene que para toda  $n \geq 2$ ,  $p = 0$  es una raíz de multiplicidad 2 del polinomio  $g_n$ , sin embargo, ya que el primer sumando de  $g_n$  tiende a 0 en  $]0, 1]$  más rápido que el resto cuando  $n$  aumenta de tamaño, habrá una raíz de  $g_n$  distinta de cero en  $]0, 1]$  y ha de tenerse  $p \sim n^{-1}$ .

## Referencias

- [1] Fred Brauer. *Compartmental Models in Epidemiology*, pages 19–79. Springer Berlin Heidelberg, Berlin, Heidelberg, 2008.
- [2] BiSong Hu, JianHua Gong, Jun Sun, and JiePing Zhou. Exploring the epidemic transmission network of SARS in-out flow in mainland China. *Chinese Science Bulletin*, 58(15):1818–1831, 2013.

- [3] Michael Small and C.K. Tse. Small world and scale free model of transmission of SARS. *International Journal of Bifurcation and Chaos*, 15(5):1745–1755, 2005.
- [4] Xiao Wang and Guanrong Chen. Complex networks: Small-world, scale-free and beyond. *Circuits and Systems Magazine, IEEE*, 3:6 – 20, 02 2003.
- [5] Guofa Zhou and Eugenia Lo. Severe acute respiratory syndrome epidemic in Asia. 9(12):1608, 2003.