

Original

Simulación de dos enfermedades epidemiológicas de República Dominicana a través del modelo SIR

Simulation of two epidemiological diseases in the Dominican Republic through the SIR model

Lic. Andrea Florentino Lorenzo. Universidad Autónoma de Santo Domingo, República

Dominicana andreaflorentino01@hotmail.com

Dr. Francisco Jorge Ramírez Contrera. Universidad Autónoma de Santo Domingo, República

Dominicana, framiresj@hotmail.com

Recibido: 23/01/2019 Aprobado: 08/10/2019

Resumen

En la actualidad, los modelos matemáticos constituyen un recurso fundamental para el estudio de problemas de medicina, biología, fisiología, bioquímica, epidemiología, farmacocinética, entre otras áreas del conocimiento. En este trabajo, se presentan las soluciones numéricas del modelo *SIR* teniendo en cuenta el método de Runge-Kutta de cuarto orden. Finalmente, se muestra la simulación correspondiente a los casos sospechosos de Zika y Chikungunya detectado en la República Dominicana durante el año 2016.

Palabras claves: modelación matemática; semanas epidemiológicas; simulación numérica

Abstract

Nowadays, mathematical models are fundamental resources for the study of problems of medicine, biology, physiology, biochemistry, epidemiology, pharmacokinetics, among other areas of knowledge. In this work, the numerical solutions of the SIR model are presented taking into account the fourth-order Runge-Kutta method. Finally, the simulation corresponding to the suspected cases of Zika and Chikungunya detected in the Dominican Republic during 2016 is shown.

Key words: mathematical modeling; epidemiological weeks; numerical simulation

Introducción

La aparición y posterior propagación de una determinada enfermedad infecciosa ha sido siempre motivo de preocupación. Las consecuencias de este hecho no solo se circunscriben al ámbito social sino que acarrear importantes implicaciones de carácter económico y político. En los últimos años diferentes ramas de la ciencia han fusionado sus esfuerzos con el fin de desarrollar modelos eficientes que permitan estudiar con un elevado grado de realismo la propagación de

cualquier tipo de epidemia. El propósito de estos modelos es el de proporcionar herramientas matemáticas-computacionales que se ajusten a las políticas sanitarias necesarias en caso de que se produzca una epidemia. Además, de hacer predicciones sobre la incidencia y la prevalencia de enfermedades, mejorar la comprensión de los mecanismos biomédicos o probar hipótesis sobre estos mecanismos.

Hasta el siglo XIX las epidemias ocurrían en zonas geográficas muy concretas y su extensión a zonas más extensas se producía de manera muy lenta debido a las barreras naturales y a la dificultad que presentaban los largos viajes (Brauer, 2014; Fresnadillo Martínez, 2013). Mientras que, en la actualidad, la amplísima y rápida red mundial de transporte posibilita la propagación de una epidemia por todo el mundo en cuestión de pocas horas, siendo este uno de los factores fundamentales de inquietud y alarma social cuando aparece un brote epidémico.

En este escenario se hace imprescindible dotar a las autoridades sanitarias de herramientas que posibiliten y faciliten la toma de decisiones para desarrollar y gestionar de manera eficaz y eficiente los protocolos de actuación adecuados. Estas herramientas son fundamentalmente programas informáticos en los que se implementa computacionalmente un modelo matemático, permitiendo de esa manera simular el comportamiento de una determinada epidemia (Fresnadillo Martínez, 2013).

Hoy en día, los temas relacionados con la salud pública tienen un gran impacto y repercusión en la sociedad moderna del siglo XXI, y sobre todo si se trata de la propagación de una enfermedad infecciosa entre una extensa población. Los efectos de carácter sanitario, económico y social de las epidemias pueden llegar a ser considerables. De modo que es de vital importancia tratar de comprender y simular la dinámica y la evolución de ciertas enfermedades infecciosas que poseen un alto grado de riesgo en la propagación de una epidemia.

Población y muestra

Según Parra-Zapata, (2018) la modelación matemática es un proceso involucrado en la obtención de un modelo matemático. Por su lado los autores Rico, (2018); Villa Ochoa, (2015) plantearon las metas de la modelación deben de enfocarse en la comprensión de comportamientos, no en la búsqueda de una respuesta; puesto que, más allá de una simple predicción, los modelos permiten a crear teorías, generar hipótesis, comprobar o rechazar teorías y sugerir nuevas avenidas de exploración.

Un modelo matemático de un fenómeno, situación o problema es un conjunto de símbolos y relaciones matemáticas que representa, de alguna manera, el fenómeno en cuestión. El modelo permite no solo obtener una solución particular, sino también servir de soporte para otras

aplicaciones o teorías. En la práctica, ese conjunto de símbolos y relaciones puede estar vinculado a cualquier rama de las matemáticas, en particular, a los instrumentos fundamentales de las aplicaciones matemáticas.

Tipos de modelos matemáticos epidemiológicos

Dentro del mundo de los modelos matemáticos epidemiológicos (Brauer, 2014; Casals, 2009; Montesinos-López, 2007) existe un sin número de clasificaciones, y cada una se refiere a un aspecto distinto de los mismos. De esta manera pueden distinguirse modelos determinísticos (Bageta, 2018; Buriticá, 2018; Bustos Flores, 2012; Camue Corona, 2018) y *estocásticos* (Bi, 2019; Manepalli, 2019) según si utilizan probabilidades o no, y, por ende, según si sus resultados son únicos y determinados. Además, si uno considera la intervención del tiempo en el modelo, pueden clasificarse en estáticos o dinámicos. También pueden distinguirse modelos discretos y continuos según si la variable (usualmente el tiempo) es tomada en intervalos discretos (años, meses), o en forma continua.

Semanas epidemiológicas

En la actualidad, existe un consenso internacional sobre el periodo de tiempo estándar para agrupar los padecimientos o eventos epidemiológicos. Este período es generalmente de una semana y se le conoce como semana epidemiológica (Lorenzo, 2018); a su vez, a la división de los 365 días del año agrupadas en 52 (en algunos casos 53) Semanas Epidemiológicas (SE), se le conoce como calendario epidemiológico , (Espinosa 2018) y es una estandarización de la variable tiempo con el propósito de vigilancia epidemiológica.

Para estudiar las enfermedades transmitidas por mosquitos en especial al Arbovirus a nivel epidemiológico, es una cuestión pendiente contextualizar el escenario donde analizar pormenorizadamente cada dimensión de la determinación socio-ambiental de la salud y la vida en República Dominicana, incluso el género como determinante de la salud-enfermedad. Se puede constatar que algunos indicadores tradicionales disponibles podrían ayudar a realizar una primera aproximación. Desde un enfoque tradicional de los determinantes sociales de la salud-enfermedad como mediadores, demarcan situaciones evidentes que potencian crisis epidemiológica como Chikungunya en 2014, Dengue 2015 e incluso Zika en 2016 (Basile, 2016). EL 23 de enero del 2016, el Centro para el Control y Prevención de Enfermedades de los Estados Unidos informó que resultaron positivas al virus del Zika 10 de 27 muestras de sangre de igual números de casos sospechosos en República Dominicana. Estos casos fueron confirmados mediante técnicas de reacción de cadena de polimerasa en tiempo real demostrando así la circulación del virus del Zika en el territorio dominicano. La fecha de inicio de los síntomas de los

casos confirmados correspondían al período del 3 y 18 de enero del 2016 (Basile, 2016).

La presencia del virus del Zika se detectó en el Distrito Nacional y los municipios Santo Domingo Norte; Jimaní de provincia Independencia; y Santa Cruz de Barahona. Ocho de los 10 casos confirmados correspondieron a personas con edades entre 15 y 57 años, mientras que dos fueron niños menores de 5 años. Se detectó transmisión activa en el municipio Jimaní, mientras en los demás territorios el patrón de transmisión es disperso (casos aislados y pequeños conglomerados). Durante las semanas epidemiológicas 1-32 del año 2016, se reportaron 1333 y 3790 casos de Zika de hombres y mujeres, respectivamente, por grupos de edades. En la figura 1 se muestran los casos sospechosos detectados durante el propio 2016 (Basile, 2016).

En los finales del año 2013, la epidemia de Chikungunya (palabra que proviene del idioma Makonde de África que significa “aquel que se encorva”) comenzó en la subregión del Caribe identificado en la Isla francesa San Martín en diciembre del 2013 según información oficial de la Organización Panamericana de la Salud, y existieron casos confirmados por lo menos en 17 países y territorios caribeños, y en Centroamérica en El Salvador. Parte de América Latina y el Caribe tuvo circulación viral, ya que el vector transmisor de CHIKV (*Aedes aegypti* y el *Aedes albopictus*), es el mismo que el Dengue (y Fiebre Amarilla) diseminado en toda Latinoamérica. En República Dominicana tuvo una incidencia, prevalencia y tasa de ataque de las más importantes de la región de América Latina y Caribe, en algunas estimaciones del 60 al 80% de tasa de ataque en la población dominicana. Durante las semanas epidemiológicas 1-32 del año 2016, se reportaron 2573 y 4016 casos de Chikungunya de hombres y mujeres, respectivamente, por grupos de edades. En la figura 2 se muestran los casos sospechosos detectados durante el año 2016 (Basile, 2016).

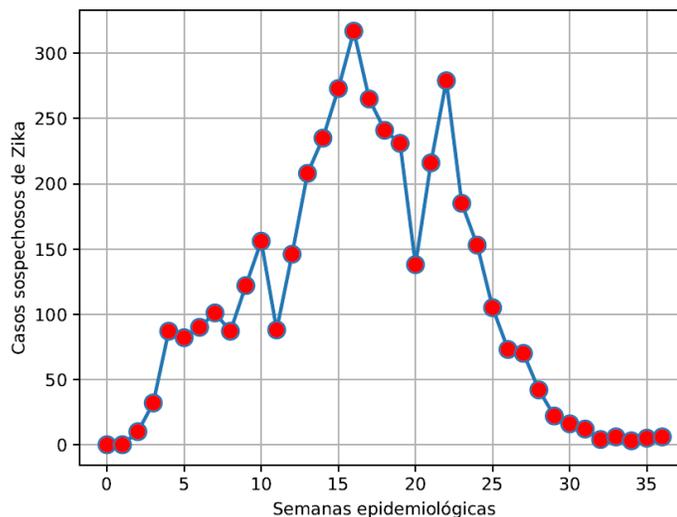


Figura 1: Casos sospechosos de Zika, 2016

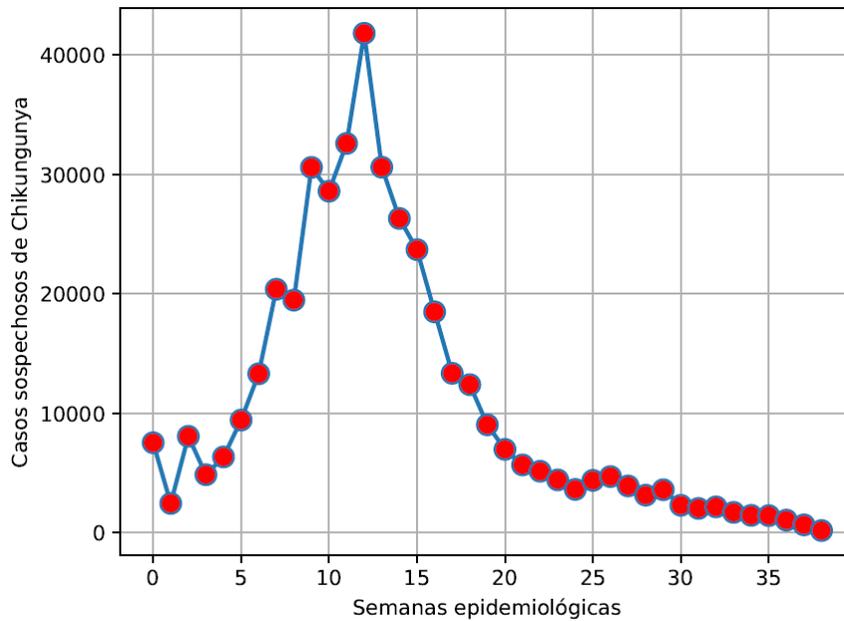


Figura 2: Casos sospechosos de Chikungunya, 2016

Análisis de los resultados

Dentro de los modelos determinísticos basados en estados existen una gran variedad de posibles; modelos que se utilizan para la simulación de enfermedades epidemiológicas, entre ellos, se encuentra el modelo *SIR* (Brauer, 2014), que representa los individuos que pueden pasar de ser susceptibles, a infecciosos y de ahí a removidos. El acrónimo de un modelo suele indicar los diversos estados por los que pasan los individuos, véase la figura 3.

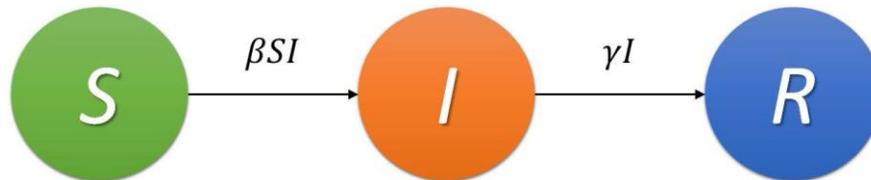


Figura 3: Diagrama de flujo para el modelo *SIR*

Dicho modelo se puede representar matemáticamente como sigue

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\frac{\beta SI}{N}, \\ \frac{dI}{dt} &= \frac{\beta SI}{N} - \gamma I, \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I, \end{aligned}$$

con $N(t) = S(t) + I(t) + R(t)$.

De la matemática numérica se conoce que el método de Runge-Kutta de cuarto orden para la resolución de un problema de valor inicial

$$y' = f(x, y), y(x_0) = y_0$$

está determinado mediante las siguientes expresiones

$$\begin{aligned} k_1 &= f(x_n, y_n), \\ k_2 &= f\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_1}{2}\right), \\ k_3 &= f\left(x_n + \frac{h}{2}, y_n + \frac{k_2}{2}\right), \\ k_4 &= f(x_n + h, y_n + k_3), \\ y_{n+1} &= y_n + \frac{h}{6}(k_1 + 2k_2 + 2k_3 + k_4). \end{aligned}$$

De esta manera, se deduce que las soluciones numéricas del modelo *SIR* se pueden representar mediante:

$$S_{n+1} = S_n + \frac{h}{6}(k_1^S + 2k_2^S + 2k_3^S + k_4^S), \quad S(0) = S_0,$$

$$I_{n+1} = I_n + \frac{h}{6}(k_1^I + 2k_2^I + 2k_3^I + k_4^I), \quad I(0) = I_0,$$

$$R_{n+1} = R_n + \frac{h}{6}(k_1^R + 2k_2^R + 2k_3^R + k_4^R), \quad R(0) = R_0,$$

donde

$$\begin{aligned} k_1^S &= -\frac{\beta S_n I_n}{N} \\ k_2^S &= -\frac{\beta}{N} \left(S_n + \frac{k_1^S h}{2} \right) \left(I_n + \frac{k_1^I h}{2} \right), \\ k_3^S &= -\frac{\beta}{N} \left(S_n + \frac{k_2^S h}{2} \right) \left(I_n + \frac{k_2^I h}{2} \right), \\ k_4^S &= -\frac{\beta}{N} (S_n + k_3^S h) (I_n + k_3^I h), \\ k_1^I &= \frac{\beta S_n I_n}{N} - \gamma I_n \end{aligned}$$

y

$$\begin{aligned} k_2^I &= \frac{\beta}{N} \left(S_n + \frac{k_1^S h}{2} - \gamma \right) \left(I_n + \frac{k_1^I h}{2} \right), \\ k_3^I &= \frac{\beta}{N} \left(S_n + \frac{k_2^S h}{2} - \gamma \right) \left(I_n + \frac{k_2^I h}{2} \right), \\ k_4^I &= \frac{\beta}{N} (S_n + k_3^S h - \gamma) (I_n + k_3^I h), \\ k_1^R &= \gamma I_n, \\ k_2^R &= \gamma \left(I_n + \frac{k_1^I h}{2} \right), \\ k_3^R &= \gamma \left(I_n + \frac{k_2^I h}{2} \right), \\ k_4^R &= \gamma (I_n + k_3^I h). \end{aligned}$$

En esta sección se realizarán algunas simulaciones de las enfermedades epidemiológicas (el

Sika y el Chikungunya) con los datos reales presentados anteriormente.

En general la simulación permite estudiar un sistema sin tener la necesidad de realizar una experimentación sobre el sistema real. La simulación involucra la construcción de un modelo matemático de la situación de la toma de decisiones gerenciales y la utilización de este para estimar el efecto y resultado de una estrategia (Correa, 2011), es decir, es una técnica numérica para realizar experimentos en una computadora, involucrando, para tal caso, el empleo de modelos matemáticos y lógicos que describen el comportamiento de sistemas reales que pueden ser económicos, biológicos, sociales, físicos o químicos.

Para la realización del análisis experimental se tuvo en cuenta una población de 10135105 habitantes, que es la población de República Dominicana, de ella, se analizó una subpoblación de 5174 y 539099 personas correspondientes al Zika y al Chikungunya, respectivamente, bajo el requisito que cada una de las personas no tuvieran inmunidad, y estuviesen expuestas a la enfermedad, además de que los contactos entre la población y los afectados fuesen homogéneos, es decir, que todos poseyeran la misma probabilidad de ser contagiados. El estudio experimental de la enfermedad se desarrolló durante 37 semanas epidemiológicas, por lo que la tasa de recuperación determinado es de $\gamma = 0.003861$. Además, en las simulaciones se consideraron varios valores de la tasa de infección β .

Como se puede observar en las figuras 4-5, el modelo matemático descrito por el modelo SIR brinda para ciertos valores de los parámetros β y γ , soluciones muy similares a los valores reales obtenidos experimentalmente.

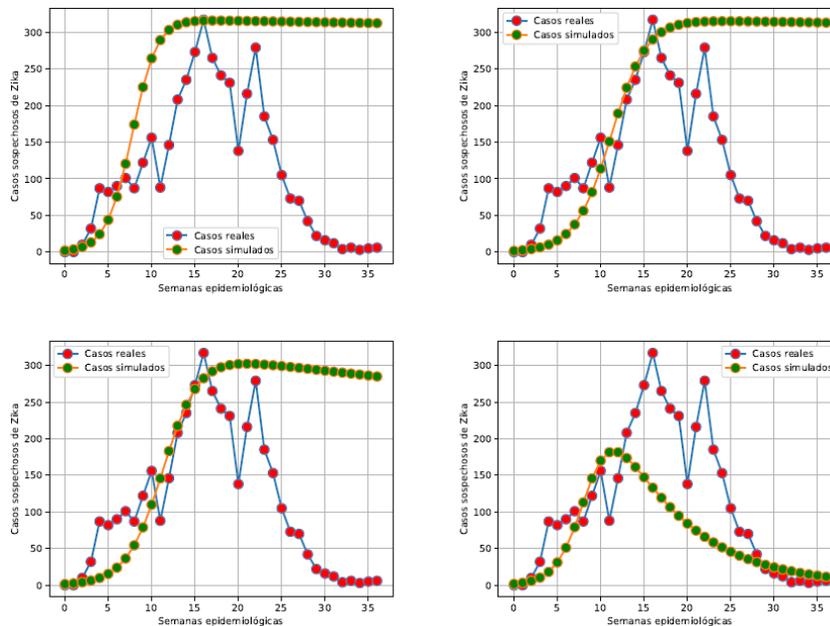


Figura 4: Simulación correspondiente a los casos sospechosos de Zika, 2016

Simulación de enfermedades en República Dominicana

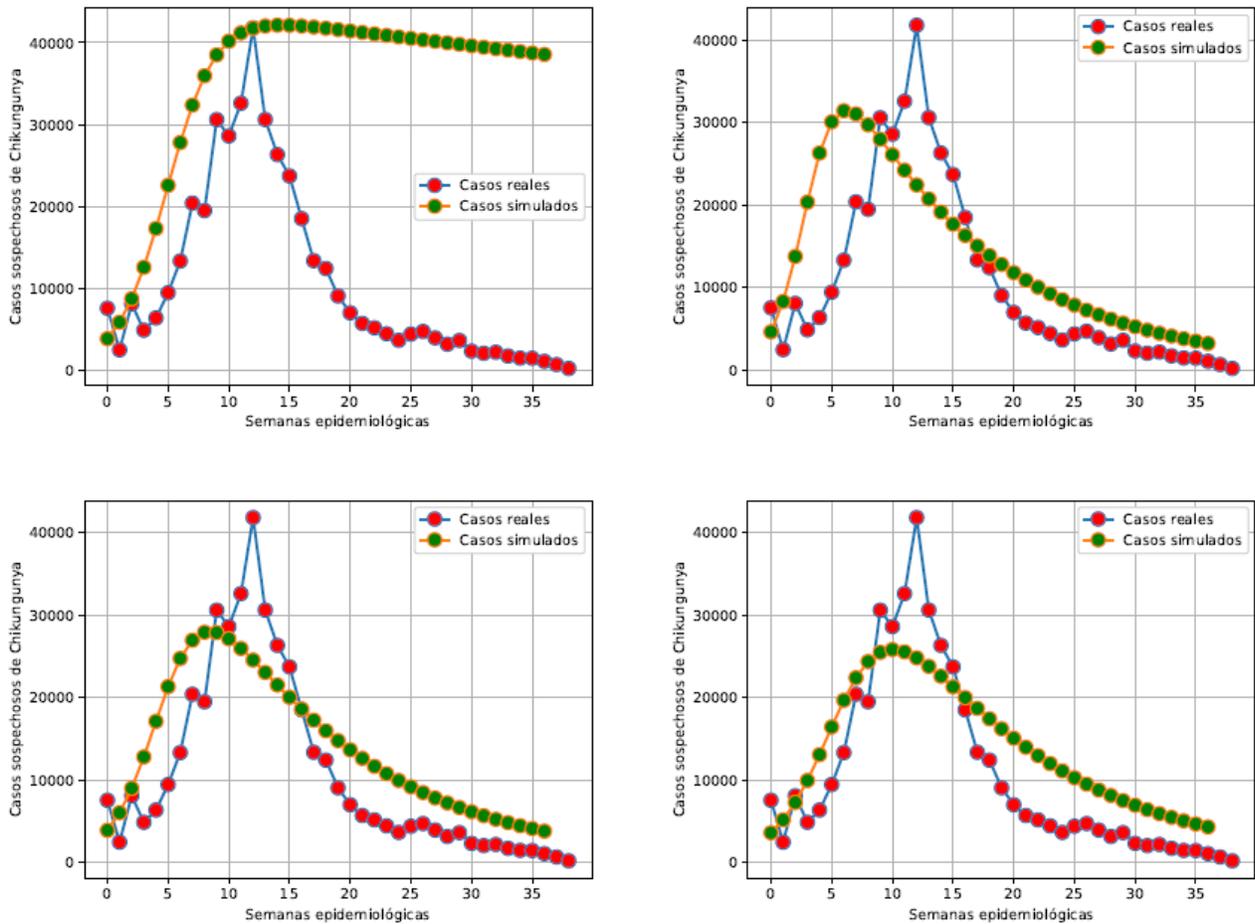


Figura 5: Simulación correspondiente a los casos sospechosos de Chikungunya, 2016

Conclusiones

1. Las soluciones numéricas alcanzadas mostraron comportamientos similares a los observados experimentalmente, exactitudes aceptables, así como resultados libres de falsas inestabilidades numéricas.

Referencias Bibliográficas

- Bageta, C. R., Alberto, M., Sartor, C., Ceconato, A., Bevaqua, A., Tirador, M., Garriga, M., Nodaro, V., Quiroga, A., Uliarte, E. (2018). Influencia de la vid (*vitis vinifera* L.) sobre cultivos de cobertura: un modelo biomatemático de la transición de amensalismo a comensalismo. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias*, 50(1), 33–45.
- Basile, G., Sassenhagen, N., Polanco, P. (2016). Estudio de caso: Aproximaciones epidemiológicas del Dengue y Zika, virus desde la perspectiva de género en República Dominicana. *CONVENIO OXFAM / MÉDICOS DEL MUNDO*, 1–141.
- Bi, S., Broggi, M., Beer, M. (2019). The role of the bhattacharyya distance in stochastic model updating. *Mechanical Systems and Signal Processing*, 117(7), 437–452.
- Brauer, F., Castillo-Chávez, C., De La Pava, E., Castillo-Garsow, C., Chowell, D., Espinoza, B.,

- González, P., Hernández, C., Moreno, V. (2014). Modelos de la propagación de enfermedades infecciosas. *Ithaca NY*, 14853–17801.
- Buriticá, D. C. C., Mejía, B.V., Rojas, L.M., Sáenz, L., Yosa, J. (2018). Análisis determinístico de la red de regulación génica involucrada en la expresión y función del factor de transcripción. *Revista Cuarzo*, 23(2), 7–15.
- Bustos Flores, C. E., Chacón Parra, G.B. (2012). Modelos determinísticos de inventarios para demanda independiente. *Contaduría y administración*, 57(3), 239–258.
- Camue Corona, E., Carbonell, G., Alfonso, R., Hernández de la Torre, J., Cisneros Hidalgo, Y. (2018). Modelos constitutivos hiperelásticos del tejido arterial y su valoración para considerar el descontrol metabólico. *Revista Cubana de Angiología y Cirugía Vasculat*, 19(2), 133–149.
- Casals, M., Guzmán, K., Caylà, J.A. (2009). Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Revista española de salud pública*, 83(5), 689–695.
- Correa, L. T. B., Dueñas, D.A.C. (2011). Hacia el uso de la simulación como herramienta para el análisis de proyectos de inversión. *Revista De Investigación, Desarrollo e Innovación*, 1(2), 40–52.
- Espinosa, A., de León, R.P. (2018). Evaluación del sistema de vigilancia (sisvig) y el sistema electrónico en salud (sies) para la influenza, región de salud de veraguas. *Visión Antataura*, 2(2), 49–63.
- Fresnadillo Martínez, M. J., García-Sánchez, E., García-Merino, E., del Rey, Á.M., García-Sánchez, J.E. (2013). Modelización matemática de la propagación de enfermedades infecciosas: de dónde venimos y hacia dónde vamos. *Revista Española de Quimioterapia*, 26(2), 21–37.
- Lorenzo, C., de Jesús, J., Ortiz García, E.R., Mirón Calderón, X., Dávila Chávez, E., Pla Esquivel, E., Mancilla Bernal, L.E. (2018). La circulación de los virus de influenza en el estado de México: del boom pandémico a la endemidad. *Archivos de Investigación Materno Infantil*, 9(1), 4–11.
- Manepalli, P. H., Mathew, J.M., Alavi, S. (2019). Stochastic modeling of expansion of starchy melts during extrusion. *Journal of Food Engineering*, 245(21), 57–64.
- Montesinos-López, O. A., Hernández-Suárez, C.M. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud Pública de México*, 49(3), 218–226.
- Parra-Zapata, M. M., Rendón-Mesa, P.A., Ocampo-Arenas, M.C., Sánchez-Cardona, J., Molina-Toro, J.F., Villa-Ochoa, J. (2018). Participación de profesores en un ambiente de formación

online. un estudio en modelación matemática. *Educación Matemática*, 30(1), 185–212.

Rico, Y. A. (2018). La modelación en las matemáticas avanzadas para la ingeniería. *Revista Boletín Redipe*, 4(7), 113–119.

Villa Ochoa, J. A. (2015). Modelación matemática a partir de problemas de enunciados verbales: un estudio de caso con profesores de matemáticas. *Magis: Revista Internacional de Investigación en Educación*, 8(16), 133–148.