

Ajustes del modelo SIR a los datos iniciales de la pandemia del COVID-19 en Argentina

(SIR model adjustments to the initial data of the COVID-19 pandemic in Argentina)

José Gabriel García Clúa,¹ Victoria Vampa,² María Valeria Calandra³ & Viviana Angélica Costa⁴

Material original autorizado para su primera publicación en la revista Ciencia y Tecnología de la Facultad de Ingeniería de la Universidad de Palermo.

Campo temático: Tecnología de la información.

Recepción: 18/11/2021 | Aceptación: 24/8/2022

Resumen

Este artículo presenta un estudio que utiliza los datos proporcionados por el Ministerio de Salud de Argentina sobre el número de personas infectadas, fallecidas y recuperadas por la enfermedad de Coronavirus 2019 (COVID-2019). El modelo estándar *Susceptible-Infected-Removed* (SIR) se usa para simular la población infectada de esta epidemia en Argentina. El modelo SIR, desarrollado por Ronald Ross, William Hamer y otros, es una representación matemática de cómo una infección se propaga en una población en el tiempo. Este modelo tiene dos parámetros, la tasa de transmisión por cápita, β , y la tasa de recuperación, γ , siendo $1/\gamma$ el tiempo medio que el individuo permanece infectado. En este trabajo, el parámetro γ se considera constante y el parámetro β se ajusta con el tiempo con datos reales, de tres formas distintas, que luego se comparan simulando la evolución epidémica mediante el modelo SIR. Se muestran los resultados obtenidos con datos reales del inicio de la pandemia, del 3 de marzo de 2020 al 21 de julio de 2020. Finalmente se concluye que el modelo se ajusta

¹ Instituto LEICI, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de La Plata. jose.garciaclua@ing.unlp.edu.ar

² Ciencias Básicas, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de La Plata. victoria.vampa@ing.unlp.edu.ar

³ UIDET Gamefi, Ciencias Básicas, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de La Plata. mava@mate.unlp.edu.ar

⁴ UIDET IMApEC, Ciencias Básicas, Facultad de Ingeniería, Universidad Nacional de La Plata. vacosta@ing.unlp.edu.ar

satisfactoriamente a los datos de Argentina como consecuencia de la variación temporal propuesta de β en corto y mediano plazo.

Palabras Claves—COVID-19; modelo SIR; Argentina; ajuste de parámetros

Abstract

This article presents a study using data provided by the Argentine Ministry of Health on the number of people infected, deceased and recovered by the Coronavirus disease 2019 (COVID-2019). The standard Susceptible-Infected-Removed (SIR) model is used to simulate the infected population of this epidemic in Argentina. The SIR model, developed by Ronald Ross, William Hamer, and others, is a mathematical model representation of how an infection spreads across a population over time. This model has two parameters, the transmission rate per capita, β , and the recovery rate, γ , where $1/\gamma$ is the average time that the individual remains infected. In this work, γ parameter is considered fixed and β parameter is adjusted over time with real data, in three different ways, which are then compared by simulating the epidemic evolution using the SIR model. Results obtained using real data from the beginning of the pandemic, from March 3rd to July 21th, 2020, are shown. Finally, it is concluded that the model fits the data from Argentine satisfactorily as a consequence of the proposed temporal variation of β over short and medium-term.

Keywords—COVID-19; SIR model; Argentina; parameter adjustment

Introducción

Desde el inicio de la pandemia se han desarrollado y utilizado muchos modelos matemáticos con los fines de proporcionar información y hacer predicciones sobre la pandemia y de esa forma, planificar estrategias y políticas de control adecuadas. Los resultados obtenidos a partir de la aplicación de estos modelos han sido fundamentales para comprender cómo se propaga la enfermedad y cuáles son las intervenciones necesarias para su control. El modelo SIR (iniciales de Susceptibles, Infectados y Recuperados o Removidos), fue formulado en 1927 a partir de estudios sobre la malaria, por el médico militar Anderson Gray Mc Kendrick (1876-1943) y el químico William Kermack (1898-1970) (Anderson, 1991, Rodrigues, 2016). En este modelo, la población en la que se desarrolla la epidemia se divide en tres grupos: 1) los individuos susceptibles de contraer la enfermedad denotado por $S(t)$; 2) los infectados activos $I(t)$ que pueden transmitir la enfermedad a otros individuos susceptibles y los removidos, que incluyen tanto a los que superan la enfermedad como a los que fallecen por su causa, representados por $R(t)$ (Allen et al, 2008). Llamaremos $N = S(t) + I(t) + R(t)$ al tamaño de la población y cabe señalar que ya que la expansión del COVID-19 es muy rápida, la hipótesis de que el tamaño de la población permanezca constante no supone una desviación de la realidad. No se incluyen entonces tasas de nacimiento o muerte por otras causas. Además, en el modelo SIR, los fallecidos por la infección se incluyen en los removidos, ya que pasan a no transmitir la enfermedad.

En cuanto a las hipótesis del modelo mencionadas, cabe señalar que se han desarrollado muchos trabajos donde se realizan variaciones sobre dichas suposiciones, dando lugar a modelos con más variables y más poblaciones o compartimentos. Por ejemplo, existen modelos que incluyen la población de Expuestos, (Modelo SEIR (Tagliazucchi et al, 2020)), donde E son los portadores en período de incubación, pero asintomáticos, otros modelos incluyen a los fallecidos (Modelo SIRD) o contemplan en poblaciones diferentes: a los habitantes en cuarentena, a los pacientes hospitalizados y a los internados en unidades de cuidado intensivos. A veces se agregan estratificaciones por edad, ya que enfermedades como el COVID-19 afecta en forma diferente a jóvenes y a adultos mayores. Otras veces se contemplan parámetros que miden el comportamiento social recurriendo por ejemplo a las localizaciones que pueden determinarse a través de los teléfonos móviles u otros parámetros epidemiológicos.

En el trabajo de Cooper et al. (2020) se utiliza el modelo SIR clásico, pero sin la suposición de que la población se mantiene constante. Se considera que el número de individuos infectados puede aumentar y, en ese caso, no se tiene una disminución monótona de la cantidad de individuos susceptibles. Se investiga en ese trabajo la evolución temporal de la enfermedad en diferentes comunidades

y se analiza la variación de los parámetros significativos del modelo. Los datos considerados corresponden a los primeros meses de la pandemia, incluyendo datos que corresponden a períodos anteriores y durante la implementación de medidas estrictas y de control y se muestran predicciones de varios parámetros y del número de individuos infectados de cada población para distintas comunidades. Cabe destacar que las predicciones obtenidas no son lo suficientemente precisas, pero la utilización del modelo permitió estudiar el efecto de las medidas de confinamiento para frenar la transmisión de la enfermedad y también hacer un análisis comparativo de los resultados de las medidas aplicadas en distintos países del mundo.

Existen otros autores que han aplicado el modelo SIR para mostrar la evolución de esta infección en diferentes regiones del mundo, algunos como McMahon y Rubb (2020), propusieron este modelo con el objetivo de estimar las posibles reinfecciones por el virus, para ello emplearon seis grupos diferenciados: Susceptibles, Infectados, Recuperados, Infectados (dos o más veces), Recuperados (dos o más veces) y Fallecidos. Este modelado les permitió concluir que la infección con la enfermedad le otorga un nivel de inmunidad al individuo de corto plazo. Los datos recopilados y evaluados en dicho trabajo se correspondieron con: Australia, Alemania, Italia, ciudad de Nueva York (Estados Unidos), Singapur, Suiza, Reino Unido y Estados Unidos.

Por último, se han utilizado modelos de control (SIRDC y SIRASDC) regulados bajo un esquema de circuito cerrado utilizando una estrategia de control predictivo (SIRASDC), como se encuentra en (Morato et al, 2020). Estos modelos resultan más complejos, tanto para su tratamiento teórico como para la implementación computacional. En general, sus resultados consisten en intervalos de confianza para las variables cuya evolución se busca estudiar.

En este trabajo se utiliza el modelo SIR clásico para simular y comparar con datos reales la evolución de la pandemia en la República Argentina. Se pretende probar la validez del modelo más simple en el corto y mediano plazo, desde la aparición del primer infectado el 3 de marzo de 2020 al 21 de julio de 2020. Para ello se estiman los parámetros que mejor aproximan los datos publicados por el Ministerio de Salud de la República Argentina (2020). Los parámetros son β , que identifica la variación de la tasa de transmisión a lo largo del tiempo (días), y γ , correspondiente a la tasa de recuperación. Entre las suposiciones del modelo, se considera que no ocurren nacimientos o muertes naturales, que la infección tiene un período de latencia cero, y que la recuperación de la infección confiere inmunidad de por vida. Por otro lado, y coincidiendo con las hipótesis del trabajo de MacMahon y Robb, (2020), no se realizan diferenciaciones debidas a los efectos del distanciamiento social o medidas de prevención, sino que solo se contabilizan como infectados aquellos individuos que fueron testeados. Se tiene en cuenta, además, que los datos de removidos reportados no necesariamente se corresponden con el día de ocurrencia, y no se hace distinción por regiones dentro de la Argentina,

considerando que la población está homogéneamente distribuida en la región.

La organización del artículo es la siguiente: en la Sección 2 se describe el sistema de ecuaciones diferenciales del modelo SIR. En la Sección 3 se presentan tres propuestas diferentes para modelar la evolución de la tasa de transmisión. La comparación de los resultados obtenidos con dichas propuestas se describe en la Sección 4. En la Sección 5 se presenta la discusión de resultados en relación a otros modelos, y, por último, en la Sección 6 están las conclusiones de la investigación realizada.

2. Descripción matemática del modelo SIR básico

El modelo SIR se expresa mediante tres ecuaciones diferenciales ordinarias, una de ellas asume que la tasa con la que disminuye la proporción de individuos susceptibles, en el tiempo, es proporcional al producto de las proporciones de susceptibles e infectados, y que la constante de proporcionalidad es la tasa de contagio β . Se asume, además, que la tasa de paso de infectado a removido es una constante conocida como tasa de remoción γ . Los individuos removidos no contagian ni pueden ser contagiados. Esto significa que las funciones $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ evolucionan, en el tiempo, de acuerdo al sistema de ecuaciones diferenciales siguiente:

$$\begin{cases} \frac{dS(t)}{dt} = -\beta I(t)S(t) \\ \frac{dI(t)}{dt} = \beta I(t)S(t) - \gamma I(t), \\ \frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t) \end{cases} \quad (1)$$

sujeto a las condiciones iniciales $S(0) > 0$, $I(0) \geq 0$ y $R(0) \geq 0$. El modelo permite predecir el número de personas infectadas y removidas a diferentes tiempos. Si bien los dos parámetros β y γ son importantes, cabe señalar que se diferencian porque la tasa de transmisión β está muy relacionada con el comportamiento social mientras que γ tiene que ver con un aspecto biológico, la duración media de la enfermedad. Por lo cual puede aceptarse que γ se mantenga constante en la etapa considerada de la pandemia, donde todavía no habían nuevas variantes ni vacunas disponibles. Por otro lado, considerar β constante, resultaría demasiado simplista para modelar la evolución de una epidemia. Las sociedades actúan para reducir las tasas de contagio, introduciendo medidas de aislamiento y así logran limitar el impacto de la epidemia.

En la práctica, la tasa de transmisión β es una función difícil de estimar directamente y por lo general se requieren datos para hacerlo. En cambio, la duración de la infecciosidad $1/\gamma$ generalmente se puede estimar independientemente de los datos. En este trabajo, el modelo SIR se parametriza utilizando datos de infección reales, y la salida $I(t)$ del modelo se compara con los datos de la serie temporal.

3. Ajuste dinámico del modelo SIR

En esta sección la tasa de transmisión $\beta(t)$ es estimada a partir de tres propuestas diferentes utilizando la serie temporal real de infectados activos de la República Argentina. La primera propuesta se deduce a partir de un ajuste exponencial diario de la evolución de los individuos infectados, la segunda propuesta se desprende a partir de la identificación de tres períodos diferentes asociados a la evolución de las medidas gubernamentales y la tercera propuesta se deduce a partir de la duplicación semanal de la cantidad de infectados activos.

3.1 Primera propuesta para la estimación de $\beta(t)$

La idea fundamental de esta primera propuesta es encontrar una forma adecuada de modelar la tasa de transmisión dependiente del tiempo educándola con la muestra de infectados activos de la República Argentina reales desde el 3 de marzo de 2020 hasta el 21 de julio de 2020. Para ello llamamos N al total de habitantes de la Argentina que corresponde a 45.000.000 de individuos. Dado que de acuerdo con el modelo SIR (Ver (1)):

$$dI(t)/dt = \beta I(t)S(t) - \gamma I(t) \quad (2)$$

y, por lo tanto:

$$I(t) = I(0)e^{\int_0^t (\beta S(t) - \gamma) dt} \quad (3)$$

y que hasta la fecha analizada la cantidad de infectados activos es una pequeña fracción de la población, el número de individuos susceptibles es aproximadamente N , entonces se puede suponer que los infectados activos tienen aproximadamente un comportamiento exponencial de la forma:

$$I(t) \approx I(0)e^{(\beta N - \gamma)t} \quad (4)$$

El parámetro β es crucial en el modelo epidemiológico y como el objetivo es reflejar la evolución de la epidemia a lo largo del tiempo, este parámetro podría variar. Entonces de (4) se desprende que:

$$\frac{I(t+1)}{I(t)} \approx e^{(\beta N - \gamma)} \quad (5)$$

Lo cual implica que:

$$R_0 = N\beta(t)/\gamma \quad (6)$$

donde R_b es el número básico de reproducción definido como (Bacaër y Gomes, 2009):

$$R_b = N\beta(t)/\gamma \quad (7)$$

Por lo tanto, de (6) y (7) se deduce que:

$$\beta(t) \approx [\ln(I(t+1)) - \ln(I(t) + \gamma)]/N \quad (8)$$

De esta forma obtenemos una estimación de $\beta(t)$ a partir de la muestra observada desde el día cero (3 de marzo) al día 140 (21 de julio). Como a partir de allí no hay más datos para ajustar, se fija en el último valor obtenido de β para cualquier día mayor al 140. De este modo se puede observar la variación de $N\beta(t)$ y el ajuste de los infectados (Ver Fig. 1).

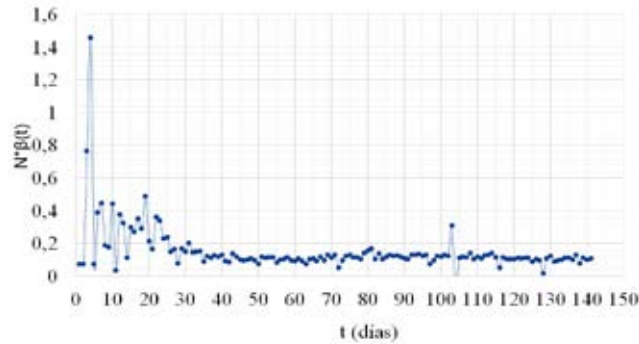


Fig. 1. Variación de $N\beta(t)$.

Con el parámetro $\beta(t)$ así estimado, se ajustó el modelo SIR utilizando $\gamma = 1/14$ obteniendo en este caso un valor para la media de las desviaciones absolutas (MEDA) de 411,14 (Ver ecuación (17) y Fig. 2).

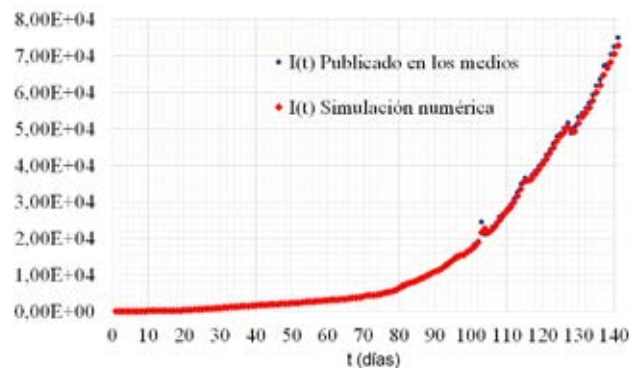


Fig. 2 Evolución de los infectados.

3.2 Segunda propuesta para la estimación de $\beta(t)$

En esta segunda propuesta, según la Fig. 3, se identifican tres tipos de comportamiento de los datos de infectados en Argentina. Del día 0 al día 20, previo a la declaración del Gobierno Nacional del aislamiento social preventivo y obligatorio, $I(t)$ evoluciona exponencialmente según la aproximación (4). Por lo cual en ese rango se considerará un $\beta(t) = \beta_0$ constante haciendo uso de (8).

A partir de $t_1 = 20$ y hasta el día $t_2 = 68$ los datos de I se comportan como un modelo lineal, cuya expresión se transcribe a continuación:

$$I_r(t) = m(t - t_1) + I_1, t_1 \leq t \leq t_2 \tag{9}$$

donde $I_1 = I(t_1)$ es el dato de infectados en el día t_1 y m es la pendiente de la recta. Luego de t_2 y hasta la actualidad, su evolución se puede asimilar a una parábola:

$$I_p(t) = a(t - t_2)^2 + b(t - t_2) + I_2, t_2 \leq t \leq t_{m\acute{a}x}, \tag{10}$$

donde $I_2 = I(t_2)$ es el dato de infectados en el día t_2 y a y b son parámetros constantes de la parábola.

Para cualquiera de los tramos aproximados de los datos de infectados, que en general se van a llamar $I_a(t)$, los removidos aproximados $R_a(t)$ pueden obtenerse de la última ecuación del modelo SIR (1) considerando γ constante:

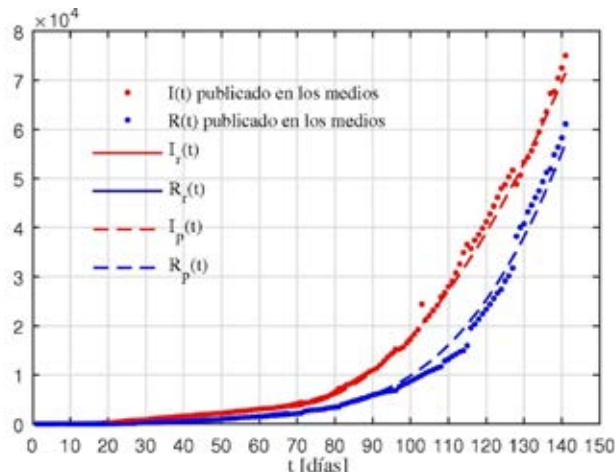


Fig. 3. Ajuste exponencial - lineal - cuadrático de datos de la evolución de la pandemia en Argentina.

$$R_a(t) = \gamma \int_{t_a}^t I_a(\tau) d\tau \tag{11}$$

Los susceptibles aproximados $S_a(t)$ resultan de la hipótesis de población N constante y de (11) se obtiene:

$$S_a(t) = N - I_a(t) - \gamma \int_{t_a}^t I_a(\tau) d\tau \tag{12}$$

Por último, la expresión β_a que permite que I_a sea solución del modelo SIR se obtiene calculando $I_a(t)$ y sustituyendo junto con (12) en la segunda ecuación de (1):

$$\beta_a(t) = \frac{\gamma + I_a'(t)/I_a(t)}{N - I_a(t) - \gamma \int_{t_a}^t I_a(\tau) d\tau}. \tag{13}$$

Quedando la expresión de β_a dependiente exclusivamente de I_a , sustituyendo las aproximaciones lineal y cuadrática, I_r (9) e I_p (10) respectivamente, se obtienen:

$$\beta_r(t) = \frac{\gamma + 1/(t - t_1 + I_1/m)}{N - \frac{1}{2}m\gamma(t - t_1)^2 - (m + \gamma I_1)(t - t_1) - I_1 - \gamma R_1} \tag{14}$$

y

$$\beta_p(t) = \left(\gamma + \frac{2a(t - t_2) + b}{a(t - t_2)^2 + b(t - t_2) + I_2} \right) / (N - I_p - R_p), \tag{15}$$

donde I_p está expresada en (10), R_p se obtiene sustituyendo (10) en (11):

$$R_p(t) = \gamma \left[\frac{a}{3}(t - t_2)^3 + \frac{b}{2}(t - t_2)^2 + I_2(t - t_2) + R_2 \right], \tag{16}$$

y $R_1 = R(t_1)$, $R_2 = R(t_2)$ datos de removidos en los días t_1 , t_2 respectivamente.

En la Fig. 4 se muestran las curvas de β_0 , β_r y β_p en función del tiempo y se comparan con la versión filtrada del β de aproximación exponencial diaria dada en (8).

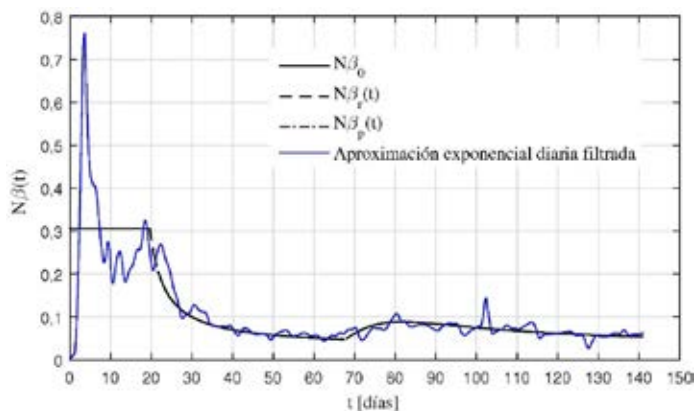


Fig. 4. Variación de $N \cdot \beta(t)$.

Los ajustes de los parámetros de (9) y (10) realizados para la obtención de (14) y (15), respectivamente, se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Parámetros de simulación de propuesta 2 (ver Fig. 3)

$N\beta_0$	γ	m	l_1	a	b	l_2	$t_{m\acute{a}x}$
0,31	0,03	66	257	11,83	70,54	3365	140

Los resultados de simulación del modelo SIR con β variante según los ajustes propuestos en el Cuadro 1 se muestran en la Fig. 5.

Puede observarse una predicción de corto plazo para tiempos mayores que $t_{m\acute{a}x}$. Una semana en que probablemente se mantenga el mismo error respecto de los datos oficiales. Si bien t podría hacerse tender hasta infinito debido a que la expresión (15) no presenta inconsistencias, no resultaría apropiado hacer proyecciones de largo plazo utilizando $\beta_p(t)$ ya que es de esperar que la tendencia parabólica cambie tarde o temprano dando lugar a la llegada del pico de infectados.

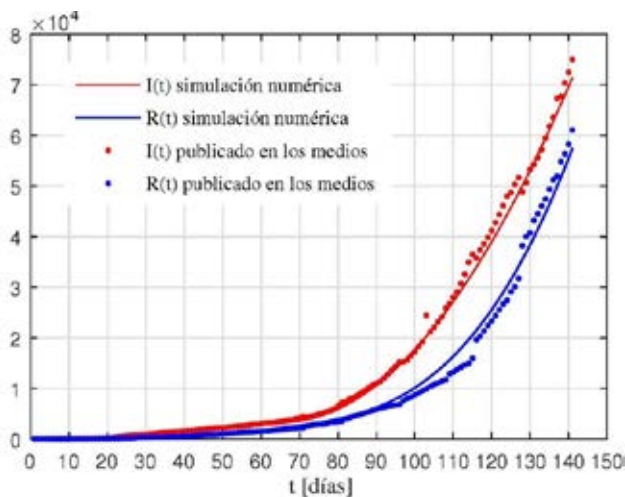


Fig. 5. Simulación del modelo SIR - β variable por aproximación exponencial + lineal + cuadrática.

3.3 Tercera propuesta para la estimación de $\beta(t)$

Como se mencionó en las Secciones 2.1 y 2.2, al principio la curva de infectados tiene un comportamiento exponencial. Luego se produce una desaceleración del crecimiento de la epidemia que es posible ajustar mediante funciones exponenciales a trozos sucesivas que abarcan una cantidad entre 7 y 10 días. La propuesta para β se basó en el análisis del decrecimiento de los exponentes de estas exponenciales al constatar un buen ajuste con los datos reales de infectados. A partir del ajuste

mediante funciones exponenciales a trozos, $I_k(t) = a_k e^{b_k t}$ considerando períodos de 8 días, al aplicar logaritmo ($\ln(I_k(t)) = \ln(a_k) + b_k t$), los valores de la sucesión decreciente b_k son las pendientes de las rectas de regresión correspondientes a cada período, y se muestran en la Fig. 6. Luego, teniendo en cuenta la ecuación (4) se propone para $\beta(t)$ una función decreciente constante a trozos (ver Fig. 7) y con esos valores del parámetro β para cada t se resuelve el sistema de ecuaciones diferenciales (1), desde $t=0$ hasta $t=141$ (desde el 3 de marzo hasta el 21 de julio).

La comparación entre datos reales y los valores de infectados activos que da el modelo SIR se muestran en la Fig. 8, y en el Cuadro 2 se comparan los resultados obtenidos para las distintas fechas.

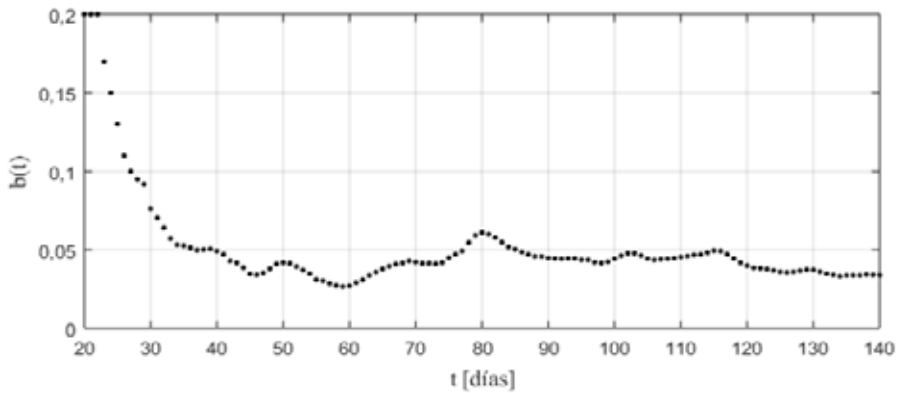


Fig. 6. Variación de los exponentes de las funciones exponenciales a trozos.

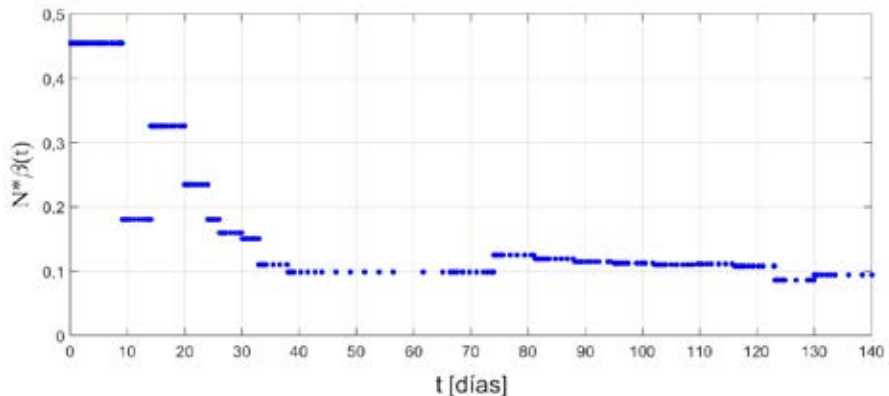


Fig. 7. Variación de $N^* \beta(t)$.

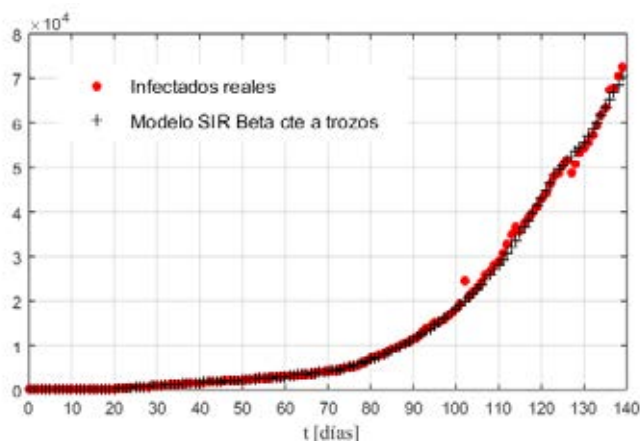


Fig. 8. Evolución de los infectados. Datos reales y simulados con el modelo SIR.

Cuadro 2. Comparación datos reales y Modelo SIR

<i>Días</i>	<i>Infectados activos</i>	<i>SIR</i>
15	78	75,85
30	972	983,41
60	3120	3097,36
90	11338	11425
120	42806	43019,9
140	75030	72265,49

4. Comparación de los resultados del modelo SIR obtenidos con los valores de β según cada propuesta

En el Cuadro 3 se pueden ver los valores verdaderos de infectados activos y la comparación con los obtenidos utilizando en cada caso el modelo SIR (*SIR1*, *SIR2* y *SIR3*) con los distintos ajustes de los parámetros según cada una de las tres propuestas, desde el día 133 al día 140, redondeados al entero más cercano.

El Cuadro 4 muestra la comparación de la media de las desviaciones absolutas como medida de performance (Ver ecuación (17)) para comparar las tres propuestas de los ajustes de los infectados activos:

$$Meda = \frac{1}{141} \sum_{t=0}^{140} \text{abs}[I(t) - \hat{I}(t)] \tag{17}$$

donde $\hat{I}(t)$ son los infectados activos estimados.

En dicho cuadro se puede observar que la tercera propuesta brinda el mejor ajuste para los infectados activos, luego la primera propuesta y por último la segunda propuesta.

Cuadro 3. Comparación de la cantidad de infectados reales y los estimados usando el modelo SIR según las distintas propuestas

Infectados				
<i>Día</i>	<i>Reales</i>	<i>SIR1</i>	<i>SIR2</i>	<i>SIR3</i>
133	59475	57730	59487	60092
134	61812	59992	61129	61699
135	63551	61987	62795	63349
136	67343	64670	64484	65041
137	67697	66716	66197	66778
138	70390	68180	67933	68560
139	72488	70517	69694	70389
140	75030	72768	71477	72265

Cuadro 4. Media de las desviaciones absolutas (MEDA) desde el 3 de marzo al 21 de julio

<i>SIR1</i>	<i>SIR2</i>	<i>SIR3</i>
411,14	624,85	385,61

5. Discusión general

El modelo SIR básico ha sido la elección de la mayoría de los investigadores para predecir el curso de la pandemia en distintos países a corto plazo, por requerir datos simples y escasos para su desarrollo. Sin embargo, en largo plazo no ha mostrado ser muy apropiada por dejar de ser totalmente válidas ciertas suposiciones en que se basaba, tales como que la aislación de la población, la inmunidad de los individuos recuperados, etc. (Moein et al, 2021). Por lo cual se han propuesto modelos SIR modificados más sofisticados que incorporan más variables para representar con un mayor grado de detalle los aspectos biomédicos y epidemiológicos del SARSCOV-2 y que por lo tanto requieren datos más complejos para su desarrollo. Por ejemplo, el modelo SIR modificado propuesto en (ud Din, R. y Algehyne, E. A., 2021), al tener en cuenta en cuenta los nacimientos y muertes naturales de la población de Isfahan, Irán, claramente apunta a capturar mejor la dinámica de largo plazo de la pandemia en ese lugar. O la implementada en (MacMahon y Robb, 2020), que contempla la reinfección de los individuos.

En ese contexto, la propuesta de este trabajo podría describirse como una solución intermedia, de mediano plazo, que mantiene el mismo número de variables del modelo SIR básico pero haciendo dependiente del tiempo alguno de sus parámetros para dar más grados de libertad. En el caso de la tasa de transmisión β se pudo observar que

distintas aproximaciones en el tiempo permitieron mejorar en mayor o menor grado las simulaciones obtenidas con el modelo SIR respecto de los datos publicados en el lapso de 140 días de pandemia en Argentina (Vampa et al, 2020).

Este resultado es coherente con el de otras variantes del modelo SIR encontradas en la bibliografía que tienen en cuenta esta variación en el tiempo de la tasa de contagio, introduciendo una función de mitigación, $\beta(t) > 0$, que va disminuyendo con el tiempo (Caccavo, 2020). Otros modelos incluyen funciones de mitigación de tipo logístico, con un valor β_0 que representa la tasa de transmisión antes de aplicar medidas de aislamiento y un parámetro que modela la velocidad de descenso.

Lo mismo podría hacerse con la tasa de remoción γ , dejando que sea variable para captar mejor los cambios que puedan existir en el tiempo de recuperación. Sin embargo para la fase inicial de la pandemia considerada ha resultado válida la suposición de ser constante, por lo que no se explotó mucho esta opción. Su variación podría resultar más relevante en la fase siguiente con la llegada de variantes más leves y en infectados vacunados, quedando por tanto como trabajo futuro el análisis con los datos publicados en 2021.

6. Conclusiones

El desarrollo y aplicación de modelos matemáticos son fundamentales para comprender mejor cómo se propaga una enfermedad y qué intervenciones son necesarias para manejarla. Para el estudio de la pandemia desatada por el SARS-CoV-2 fueron muchos los modelos propuestos, con mayor o menor grado de detalle, pero todos ellos basados en el clásico SIR. En este trabajo se propuso aprovechar la simpleza de dicho modelo para el estudio de la evolución de la pandemia en Argentina, minimizando el número de datos requeridos y dando **más grados de libertad** a su ajuste haciendo dependiente del tiempo la tasa de transmisión. En efecto, tres métodos de ajustes distintos pudieron proporcionarse para ajustar el parámetro β a partir de datos reales publicados durante los primeros meses por el Ministerio de Salud. De los resultados de simulación obtenidos con cada aproximación se pudo concluir que en general este modelo SIR permite hacer una descripción y análisis razonable y versátil de la evolución local del COVID-19 en corto y también en mediano plazo.

Por tanto, cualquier mejora del modelo que se desee realizar en ese lapso de tiempo debería centrarse en aproximar mejor la variación del parámetro β . Mientras que en largo plazo sí podrían considerarse como trabajo a futuro más grados de libertad, como por ejemplo dejar variable también el parámetro γ , o considerar la población de expuestos E, fallecidos D, la posibilidad de reinfección, población total variable, o la incorporación de métodos estocásticos más orientados a la predicción.

7. Agradecimientos

Este trabajo fue subsidiado por los Departamentos de Ciencias Básicas e Ingeniería Química, Facultad de Ingeniería, UNLP (11/I250, 11/I258) y CONICET.

8. Referencias

- Allen, L. J., Brauer, F., Van den Driessche, P. y Wu, J. (2008). *Mathematical epidemiology* (Vol. 1945). Berlin: Springer.
- Anderson, R. M. (1991). Discussion: the Kermack-McKendrick epidemic threshold theorem. *Bulletin of mathematical biology*, 53(1), 1-32.
- Bacaër, N. y Gomes, M. G. M. (2009). On the final size of epidemics with seasonality. *Bulletin of mathematical biology*, 71(8), 1954.
- Caccavo, D. (2020). Chinese and Italian COVID-19 outbreaks can be correctly described by a modified SIRD model. *MedRxiv*.
- Cooper, I., Mondal, A., & Antonopoulos, C. G. (2020). A SIR model assumption for the spread of COVID-19 in different communities. *Chaos, Solitons & Fractals*, 139, 110057.
- Kermack, W. O. y McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the royal society of London. Series A, Containing papers of a mathematical and physical character*, 115(772), 700-721.
- Ministerio de Salud de la República Argentina (acceso en 2020). <https://www.argentina.gob.ar/coronavirus/informe-diario>.
- McMahon, A., & Robb, N. C. (2020). Reinfection with SARS-CoV-2: Discrete SIR (susceptible, infected, recovered) modeling using empirical infection data. *JMIR Public Health and Surveillance*, 6(4), p. e21168.
- Moein, S., Nickaeen, N., Roointan, A., Borhani, N., Heidary, Z., Javanmard, S. H., ... & Gheisari, Y. (2021). Inefficiency of SIR models in forecasting COVID-19 epidemic: a case study of Isfahan. *Scientific Reports*, 11(1), 1-9.
- Morato, M. M., Bastos, S. B., Cajueiro, D. O. y Normey-Rico, J. E. (2020). An optimal predictive control strategy for COVID-19 (SARS-CoV-2) social distancing policies in Brazil. *Annual reviews in control*, 50, 417-431.
- Rodrigues, H. S. (2016). Application of SIR epidemiological model: new trends. *arXiv preprint arXiv:1611.02565*.

Tagliacruzchi, E., Balenzuela, P., Travizano, M., Mindlin, G. B. y Mininni, P. D. (2020). Lessons from being challenged by COVID-19. *Chaos, Solitons & Fractals*, 137, 109923.

ud Din, R., & Algehyne, E. A. (2021). Mathematical analysis of COVID-19 by using SIR model with convex incidence rate. *Results in Physics*, 23, 103970.

Vampa, V., Calandra, M. V., García Clúa, J. G. y Costa, V. A. “Análisis de datos relativos a la pandemia del COVID-19 en Argentina usando el modelo SIR”, AADECA 2020 virtual (27° Congreso Argentino de Control Automático) ISBN: 978-987-46859-2-6. 28 al 30 de octubre de 2020. Plataforma virtual de la Universidad de Palermo, Buenos Aires.