

# Modelos matemáticos para el análisis de enfermedades infecciosas

Virgilio Gómez Rubio  
María José Haro Delicado

**SUMA** núm. 96  
pp. 11-20

Artículo recibido en *Suma* en agosto de 2020 y aceptado en septiembre de 2020

La pandemia ocasionada por el virus SARS-COV-2 que produce la enfermedad COVID-19 ha causado un repentina interés por el análisis de datos de enfermedades infecciosas. Esto incluye desde el cálculo de estadísticos sencillos para indicar el estado de la pandemia hasta el uso de modelos más complejos para estudiar su evolución. En este artículo presentamos algunos indicadores epidemiológicos, así como una pequeña introducción a los modelos para el estudio de enfermedades infecciosas (el modelo SIR) y proponemos distintas actividades para trabajar estos temas en clase utilizando GeoGebra.

**Palabras clave:** Enfermedades infecciosas, Epidemiología, Modelo SIR, GeoGebra.

**Mathematical models for the analysis of infectious diseases** // The pandemic produced by the SARS-COV-2 virus that causes the COVID-19 disease has produced a sudden interest in the analysis of infectious diseases data. This includes not only simple statistical analyses to measure the state of the pandemic but also the use of advanced models to study the evolution of the disease. In this paper we present a summary of some epidemiological indicators as well as an introduction to some of the models widely used in the study of infectious diseases (e.g., the SIR model), and we propose several examples to work on these topics in the classroom using GeoGebra.

**Keywords:** Infectious diseases, Epidemiology, SIR model, GeoGebra.

Hoy en día, el estudio de la evolución de las epidemias está lamentablemente de *rabiosa* actualidad. Las matemáticas aportan modelos para describir y explicar la evolución de las epidemias y para predecir el número de afectados por las mismas. Es fundamental analizar la evolución de las epidemias a lo largo del tiempo con el fin primordial de predecir su desarrollo y comportamiento y poder aplicar medidas como, por ejemplo, la vacunación o el confinamiento de toda o de una parte de la población. Se quiere responder a

preguntas como cuál será el número máximo de infectados en un determinado momento o qué parte de la población total se espera que se infecte. Aunque muy probablemente hubo muchas personas que previamente investigaron sobre la evolución de las epidemias, fue Daniel Bernoulli (1700-1782) el primero en publicar un modelo matemático para estudiar la evolución de una epidemia de viruela que apareció en torno al año 1760. Daniel Bernoulli fue un matemático, físico y médico suizo que destacó sobre todo

en una de las ramas más aplicadas de las matemáticas como es la estadística. Después de este trabajo de Bernoulli, no hubo estudios del mismo tipo hasta el siglo XX, siglo en el que se desarrolló notablemente la investigación en epidemiología con la búsqueda de modelos matemáticos para representar diversas epidemias. John Snow tuvo un papel relevante al estudiar la epidemia de cólera de 1854 en Londres, y su mapa con la ubicación de casos en el barrio del Soho es de los primeros y uno de los más conocidos. William Heaton Hammer (1862-1936) fue un médico inglés nacido en Leeds (Inglaterra) que se dedicó al estudio de la salud pública y desarrolló un modelo discreto para el estudio de la epidemia de sarampión en Inglaterra. Fue el primero en relacionar la incidencia de una enfermedad con la densidad de población sana y de población infectada. Otra persona que desarrolló un papel importante en la evolución de las enfermedades infecciosas fue Ronald Ross (1857-1932) con sus trabajos en la evolución de la malaria y su relación con la población de mosquitos. Por estos estudios recibió en 1902 el Premio Nobel de Medicina. Durante el siglo XX y lo que llevamos de XXI la estadística y su aplicación al estudio de la evolución de las enfermedades infecciosas ha visto grandes avances debido a la necesidad de resolver, en tiempo real, grandes problemas de salud ocasionados por agentes infecciosos, como, lamentablemente, estamos sufriendo en estos momentos.

Una pandemia es una epidemia que se propaga entre grandes poblaciones de amplias regiones y países. Dada la superpoblación mundial y que vivimos en un mundo global en el que la relación con personas de lugares muy lejanos se hace necesaria y se ve ampliamente facilitada por los medios de transporte actuales, los agentes infecciosos se desplazan a grandes distancias con la misma facilidad que lo hacen los humanos. Por ello, hoy más que nunca, es necesario encontrar modelos de predicción que ayuden a estudiar la evolución de las enfermedades infecciosas, su facilidad para contagiar y las opciones de control.

Gómez y Haro (2014) presentan una introducción sencilla a las aplicaciones de las matemáticas en epidemiología. En ese artículo los autores describen dis-

tintos estadísticos utilizados para el estudio de enfermedades. Además, presentan también algunos ejemplos sencillos del uso de técnicas de estadística espacial para el estudio de enfermedades y su propagación.

A lo largo de todo el artículo presentamos una serie de actividades que pueden llevarse a cabo con alumnos de últimos cursos de la ESO (y posiblemente Bachillerato). Los objetivos que planteamos son:

- Afianzar conceptos básicos de análisis de datos, como su tabulación, resumen y visualización.
- Presentar algunos indicadores importantes en la epidemiología de las enfermedades infecciosas.
- Aprender el significado e interpretación de estas cantidades para el análisis de datos epidemiológicos.
- Aprender el manejo de software para el análisis y visualización de datos epidemiológicos con GeoGebra.
- Analizar los datos de la pandemia de la COVID-19 en España, como ejemplo real de aplicación de todos los conceptos presentados en el artículo.

## Algunos conceptos básicos en epidemiología

En epidemiología se consideran dos tipos de modelos: determinísticos y estocásticos. En los modelos determinísticos se pueden controlar los elementos que participan en el proceso infeccioso y, por lo tanto, se pueden predecir con exactitud sus resultados. En los modelos estocásticos no es posible llevar a cabo ese control y, por lo tanto, los resultados no son únicos. En cambio, se obtiene una función de probabilidad que asocia a cada uno de los resultados posibles la probabilidad de ocurrir.

Hay una gran diferencia entre unos tipos de modelos y otros. En un modelo determinístico una sola persona podría causar una epidemia generalizada. En un modelo estocástico, uno de los posibles resultados es que la epidemia se extinga.

En general, en el análisis de datos epidemiológicos vamos a tener una variable temporal (que indica en qué momento se recogieron los datos), la población susceptible (de no infectados), el número de infectados, el número de personas recuperadas y, posiblemente, el número de personas fallecidas. Para estudiar la evolución y el estado de una epidemia existen una serie de indicadores que describimos a continuación.

*Tamaño de la epidemia:* Es el número total de individuos infectados. Es un valor muy importante, ya que está relacionado con los costos de la epidemia.

*Incidencia:* Es la proporción de casos nuevos de la enfermedad infecciosa, que se presentan durante un periodo de tiempo determinado:

$$\frac{\text{N.º de casos nuevos}}{\text{N.º de susceptibles}}$$

La incidencia nos da la probabilidad de que una persona en esa población resulte contagiada (riesgo medio de contraer la enfermedad). La incidencia es más útil cuando se trata de enfermedades de corta duración como la varicela. Por lo general se representa en forma de fracción, porcentaje o número de casos por cada 10 000 o 100 000 personas. Informalmente, también se puede llamar incidencia al número de casos nuevos.

*Prevalencia:* Es la proporción de casos existentes en una población en un momento dado o en un periodo de tiempo determinado:

$$\frac{\text{N.º de infectados}}{\text{N.º de susceptibles}}$$

Digamos que es la probabilidad de contraer una enfermedad. La prevalencia es más útil cuando se habla de enfermedades duraderas como el AIDS. Como la incidencia, se suele expresar como tasa por 100 000 habitantes e, informalmente, también se puede denominar prevalencia al número de infectados.

*Letalidad:* Se usa para medir la frecuencia del suceso muerte (casos de una enfermedad que resultan mortales):

$$\frac{\text{N.º de fallecidos}}{\text{N.º total de casos}}$$

Por tanto, la letalidad mide la gravedad de una enfermedad.

*Supervivencia:* Se usa para medir cuántas personas sobreviven a la enfermedad:

$$\frac{\text{N.º de recuperados (no fallecidos)}}{\text{N.º total de casos}}$$

Por tanto, la supervivencia también está relacionada con la letalidad de la enfermedad.

*Curva epidémica:* es una representación gráfica del número de casos según la fecha de la aparición de la enfermedad. Puede proveer información acerca del patrón de propagación de la epidemia, su magnitud, la existencia de casos aislados, el periodo de incubación de la enfermedad y el tipo de fuente que la originó.

## ACTIVIDAD 1: CÁLCULO DE INDICADORES EPIDEMIOLÓGICOS BÁSICOS

La tabla 1 muestra datos de población, número de infectados y fallecidos de las cinco provincias de Castilla-La Mancha por la COVID-19. Los datos de población se han obtenido del Instituto Nacional de Estadística y corresponden a datos del padrón a 1 de enero de 2020 (datos provisionales), mientras que los datos de infectados y fallecidos por provincia hasta el día 26 de julio de 2020, se han obtenido del proyecto *Escovid19data*.

### Objetivos

- Conocer y calcular algunas fuentes de datos e indicadores básicos en epidemiología.
- Analizar y comparar entre varias provincias los resultados obtenidos.

Provincia	Población	Infectados	Fallecidos
Albacete	388 126	4 494	434
Ciudad Real	494 895	7 927	1 001
Cuenca	195 981	3 005	284
Guadalajara	261 960	1 869	199
Toledo	703 446	4 820	649

Tabla 1. Población, infectados y fallecidos por la COVID-19 en las cinco provincias de Castilla-La Mancha

- Reflexionar sobre la información que aportan los datos y los indicadores epidemiológicos calculados.

### Preguntas

- ¿Qué columna representa la incidencia de la COVID-19 en cada provincia?
- Calcula la tasa de incidencia por 100 000 habitantes. ¿Qué provincia tiene la mayor tasa?
- Calcula la tasa de mortalidad por 100 000 habitantes. ¿Qué provincia tiene la mayor tasa?
- Calcula la tasa de letalidad (como porcentaje). ¿Qué provincia tiene la mayor tasa?
- ¿Crees que es más acertado comparar la incidencia y mortalidad directamente o como tasa? ¿Por qué?

### ACTIVIDAD 2: EVOLUCIÓN EPIDEMIOLÓGICA DE LA COVID-19 EN ESPAÑA

La tabla 2 muestra la evolución de la epidemia por semanas en España entre el 24 de febrero y el 5 de mayo de 2020 (momento a partir del cual dejaron de notificarse el número de personas recuperadas). Los datos se han obtenido del proyecto *Escovid19data* y se muestran datos semanales del número de infectados, fallecidos y recuperados. Estos datos permiten hacer un análisis pormenorizado de la evolución de la pandemia. En este ejercicio hemos preferido agrupar los datos por semanas para trabajarlos más fácil-

mente, pero se podría hacer un análisis similar con los datos diarios que, además, sería de mayor interés para las autoridades sanitarias. La población en España (obtenida de los datos provisionales del padrón del INE a 1 de enero de 2020) es de 47 431 256 habitantes.

### Objetivos

- Conocer y calcular algunas fuentes de datos e indicadores básicos para estudiar la evolución de una epidemia.
- Analizar y comparar la evolución temporal de los resultados obtenidos.
- Reflexionar sobre la información que aportan los datos y los indicadores epidemiológicos calculados.

### Preguntas

- Representa gráficamente las curvas de las tres variables que aparecen en la tabla 2 usando la variable *semana* para indicar el tiempo. ¿Qué observas con respecto a la evolución de la epidemia?
- Calcula la tasa de incidencia por 100 000 habitantes para cada semana. ¿En qué semana se produjo una mayor incidencia?
- Calcula la tasa de recuperación por 100 000 habitantes para cada semana. ¿En qué semana esta tasa fue mayor?

Semana	Inicio	Fin	Casos	Fallecidos	Recuperados
0	24/02	01/03	0	0	0
1	02/03	08/03	44	0	0
2	09/03	15/03	771	16	13
3	16/03	22/03	4 279	220	191
4	23/03	29/03	15 041	944	1 614
5	30/03	05/04	12 483	1 520	3 920
6	06/04	12/04	9 390	1 344	6 072
7	13/04	19/04	8 755	1 017	6 015
8	20/04	26/04	9 916	878	12 507
9	27/04	03/05	8 834	665	3 015
10	04/05	10/05	7 861	142	5 823

Tabla 2. Datos semanales de la epidemia de la COVID-19 en España

- ¿Podrías establecer una relación entre las semanas en las que se producen las tasas de incidencia y recuperación más altas?
- Calcula el porcentaje de cambio de una semana con respecto a la anterior de las tres variables estudiadas. ¿Qué información proporciona esta variable sobre la evolución de la epidemia? ¿Es posible determinar si la epidemia se está expandiendo o remitiendo?

## Modelos matemáticos utilizados en epidemiología. El modelo SIR

En general, en los modelos epidemiológicos se supone que los individuos de la población de estudio se encuentran en un grupo de entre varios posibles. Los tres grupos que se van a considerar son el de los *individuos susceptibles* (*S*), el de los *individuos infectados* (*I*) y el de los *individuos recuperados o fallecidos* (*R*). Los modelos más importantes son SI, SIS y SIR, dependiendo de los estados que aparezcan en el modelo. Estos modelos pueden ser deterministas o estocásticos, pero en todos ellos se considera que la interacción se produce al azar.

El modelo SIR es más apropiado para modelizar enfermedades infecciosas que se desarrollan a lo largo del tiempo y en las que superar la enfermedad implica inmunidad, tales como el sarampión o la rubéola. Este modelo fue desarrollado en 1927 por el bioquímico Kermack y el militar, médico y epidemiólogo McKendrick.

En el modelo SIR se relacionan las variaciones de las tres poblaciones mencionadas a través de la tasa de transmisión, que depende de la probabilidad de que una persona enferme al entrar en contacto con un infectado, y de la tasa de recuperación, que depende del tiempo que un individuo tarda en recuperarse.

El significado de individuo susceptible es el de individuo no inmune y que, por lo tanto, puede ser infectado al entrar en contacto con la enfermedad. Los individuos infectados pueden transmitir la enfermedad a individuos susceptibles con los que se

relacionen. Los individuos recuperados pueden ser, o bien individuos que han sufrido la enfermedad y han quedado inmunes (al menos por un período de tiempo), o bien individuos que han fallecido. En cualquiera de los casos, no pueden transmitir la enfermedad.

Los modelos SIR definen cómo cambian en un tiempo *t* el número de susceptibles *S<sub>t</sub>*, infectados *I<sub>t</sub>* y recuperados *R<sub>t</sub>*. Cuando la variable tiempo es considerada continua, estos cambios se modelizan usando ecuaciones diferenciales (Gómez y López, 2017; Grima y Fernández, 2017). Cuando la variable tiempo es discreta, el modelo SIR se puede expresar como se describe a continuación.

Los susceptibles en un tiempo *t* son los que había en el tiempo anterior, *t*–1, menos los que se han infectado. Los nuevos infectados dependen del número de susceptibles e infectados en el tiempo *t*–1 y una tasa de transmisión *β*. Cuanto mayor es *β*, mayor será el número de contagios por contacto. El número de contactos totales entre susceptibles e infectados en el tiempo *t*–1 es *I<sub>t</sub>*·*S<sub>t</sub>*, por lo que los nuevos infectados en el tiempo *t* serán *(β/N)*·*I<sub>t</sub>*·*S<sub>t</sub>*. El término *β/N* se utiliza para que la escala de *β* sea directamente comparable con la tasa de recuperación (ver más abajo).

Los recuperados en el tiempo *t* serán los recuperados en el tiempo anterior, *t*–1, más los nuevos recuperados. En este caso, suponemos una tasa de recuperación *γ*, por lo que los nuevos recuperados son *γ*·*I<sub>t</sub>*.

De manera similar, los infectados en el tiempo *t*, *I<sub>t</sub>*, serán los infectados en el tiempo *t*–1 más los nuevos infectados menos los nuevos recuperados.

En resumen, cuando *t* indica un tiempo discreto (por ejemplo, días o semanas), el modelo SIR se puede escribir de la siguiente manera:

$$\left. \begin{aligned} S_t &= S_{t-1} - (\beta/N) \cdot I_{t-1} \cdot S_{t-1} \\ I_t &= I_{t-1} + (\beta/N) \cdot I_{t-1} \cdot S_{t-1} - \gamma \cdot I_{t-1} \\ R_t &= R_{t-1} + \gamma \cdot I_t \end{aligned} \right\}.$$

Los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$  controlan el desarrollo de la epidemia. Intuitivamente, si se infectan personas más rápido de lo que se recuperan el número de infectados irá creciendo, mientras que si ocurre al revés se llegará a una situación en la que no hay infectados de manera muy rápida y la epidemia se detendrá.

En el caso del modelo SIR, el cociente  $\beta/\gamma$  es también el número reproductivo básico,  $R_0$ . Este número mide el promedio de nuevas personas infectadas que genera una persona infectada. Si es mayor que 1 (es decir, la tasa de transmisión es mayor que la de recuperación) la enfermedad se propagará, mientras que si es menor que 1 (es decir, la tasa de transmisión es menor que la de recuperación) la enfermedad se detendrá. Por tanto, el estudio de  $\beta$ ,  $\gamma$  y  $R_0$  es fundamental para determinar cuál será la evolución de la enfermedad. De manera más general, el número de reproducción efectiva,  $R_0 \cdot S_t/N$ , nos indica también cómo será la propagación en un momento dado; valores menores que 1 indican que la propagación de la enfermedad se irá deteniendo. Como  $S_t/N$  es la fracción de susceptibles en la población, cuando el número de susceptibles sea muy pequeño (comparado con  $N$ ) la expansión de la enfermedad será más difícil porque casi todos los sujetos estarán ya infectados o recuperados.

Por último, la inmunidad de grupo ocurre cuando una proporción grande de la población es inmune a la enfermedad (porque la ha pasado o ha sido vacunada). El umbral a partir del cual se adquiere la inmunidad de grupo es  $1 - (1/R_0)$  (Grima y Fernández, 2017). Por tanto, este umbral va a depender del número reproductivo básico, y a mayor  $R_0$  mayor será la fracción de inmunizados necesarios para detener la epidemia.

### ACTIVIDAD 3: GRIPE EN ESTADOS UNIDOS

Mahaffy (2018) describe el uso de modelos SIR discretos para el estudio de casos de gripe (Tipo A). Estos datos fueron obtenidos por el Centro de Control de Enfermedades de EE.UU. (Center for Disease Control) durante la temporada de gripe 2004-05. Para ello se analizaron 157759 muestras provenientes de personas con síntomas de gripe. La tabla 3 muestra los datos del número de infectados por semanas, siendo

Semana	N.º de casos – $I_t$	N.º de susceptibles – $S_t$
0	3	157756
1	2	157754
2	7	157747
3	12	157735
4	9	157726
5	10	157716
6	27	157689
7	21	157668
8	36	157632
9	63	157569
10	108	157461
11	255	157206
12	472	156734
13	675	156059
14	580	155479
15	844	154635
16	974	153661
17	1096	152565
18	1354	151211
19	1335	149876
20	1109	148767
21	936	147831
22	627	147204
23	476	146728
24	295	146433
25	164	146269
26	94	146175
27	37	146138
28	26	146112
29	15	146097
30	8	146089
31	5	146084
32	3	146081
33	1	146080
34	2	146078
35	0	146078
36	2	146076
37	1	146075
38	6	146069
39	0	146069
40	0	146069
41	1	146068
42	0	146068
43	0	146068
44	0	146068
45	1	146067
46	0	146067
47	3	146064
48	0	146064

Tabla 3. Datos de la gripe A del CDC (Mahaffy, 2018) para estimar las tasas de transmisión y recuperación. El grupo de estudio lo integran 157759 personas

la semana 0 la última semana de septiembre de 2004 que fue el comienzo de la temporada de gripe. El número de susceptibles de contraer la enfermedad para cada semana se obtiene restando del total de 157759 muestras analizadas las que corresponden a infectados desde el inicio hasta la semana en cuestión.

Mahaffy (2018) estima una tasa de transmisión de 3,9928 y una tasa de recuperación de 3,510, lo que implica un número reproductivo básico de 1,135.

Para el estudio de estos datos con el modelo SIR hemos desarrollado una actividad con GeoGebra (figura 1) en la que se han introducido los datos de la tabla 3 en la hoja de cálculo y se incluyen dos deslizadores para las tasas de transmisión y recuperación, por lo que se puede buscar el mejor ajuste de manera interactiva. Este ejemplo está disponible en la dirección <<https://www.geogebra.org/m/sh6dndzd>> y se puede usar para analizar el modelo SIR y realizar las actividades propuestas a continuación.

## Objetivos

- Conocer y ajustar el modelo SIR para el estudio de enfermedades infecciosas y epidemias.
- Analizar y comparar distintos escenarios epidémicos en función de las tasas de transmisión y recuperación.
- Reflexionar sobre el uso de modelos SIR en epidemiología.

## Preguntas

- Ajusta un modelo SIR con valores de  $\beta = 2$  y  $\gamma = 1$ . La curva estimada de infectados, ¿ajusta bien a los datos? ¿Qué observas en la curva de infectados y recuperados?
- Ajusta un modelo SIR con valores de  $\beta = 1$  y  $\gamma = 2$ . La curva estimada de infectados, ¿ajusta bien a los datos? ¿Qué observas en la curva de infectados y recuperados?
- Ahora intenta dar valores a beta y gamma para que se parezcan a los mencionados en Mahaffy (2018), que se detallan al inicio de esta activi-

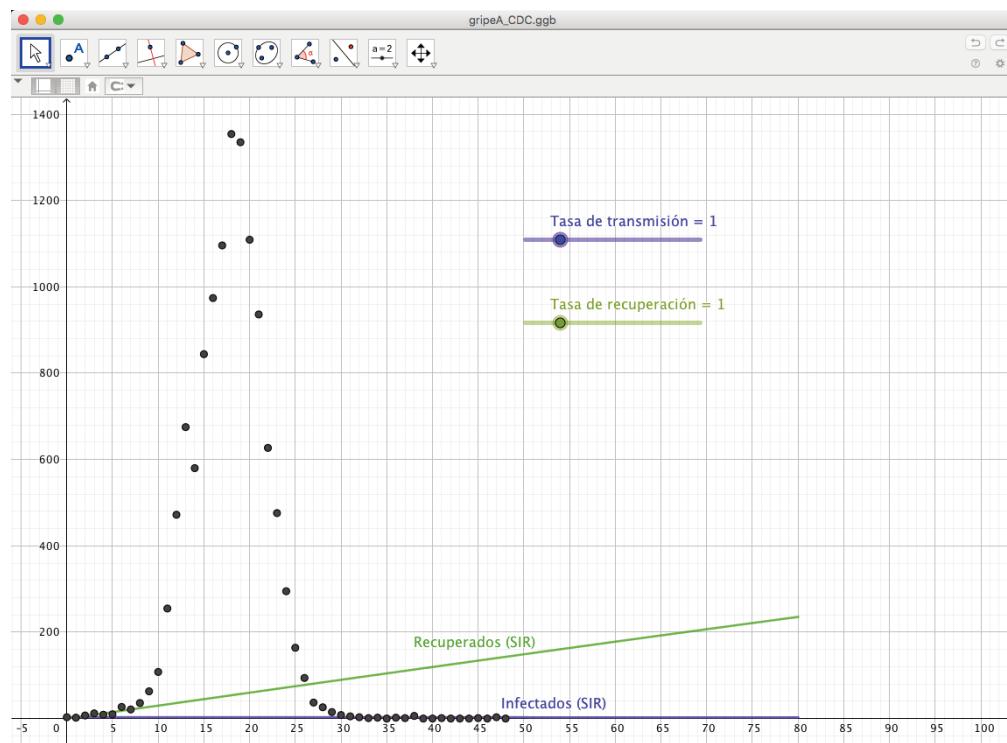


Figura 1. Ejemplo interactivo con GeoGebra para estimar las tasas de transmisión y recuperación con los datos de la gripe A del CDC (Mahaffy, 2018)

dad. La curva estimada de infectados, ¿ajusta bien a los datos? ¿Qué observas en la curva de infectados y recuperados?

#### ACTIVIDAD 4: INTERVENCIONES EN UNA EPIDEMIA

A la hora de controlar la evolución de una epidemia se pueden realizar distintas intervenciones para intentar modificar las tasas de transmisión (Mahaffy, 2008), la tasa de recuperación o reducir la población susceptible. Por ejemplo, decretar un confinamiento de la población reduce los contactos y, por tanto, el valor de la tasa de transmisión. Utilizar mejores medicamentos puede hacer que el tiempo de recuperación sea menor, lo que hace aumentar la tasa de recuperación. Por último, una campaña de vacunación puede reducir la población susceptible incluso antes de que empiece una epidemia, y esto tendrá un efecto importante en su evolución, llegando incluso a evitar una propagación generalizada de la enfermedad (Grima y Fernández, 2017).

El modelo SIR se puede utilizar para estudiar distintas medidas de control e intervención en una epidemia (incluso antes de que esta aparezca). Proponemos ahora una serie de actividades para estudiar cómo son estos impactos.

#### Objetivos

- Conocer algunas medidas de control de epidemias y su análisis mediante modelos SIR.
- Reflexionar sobre la interpretación de los parámetros de un modelo SIR y su relación con intervenciones reales sobre epidemias.
- Analizar el efecto de estas intervenciones usando modelos SIR.

#### Preguntas

- Supón que desde el inicio de la epidemia (semana 0) se decretan medidas de aislamiento de la población de manera que se reducen los contactos y que la tasa de transmisión pasa a ser de  $\beta = 1,5$ . El valor de la tasa de recuperación no cambia con respecto al de los datos reales. ¿Qué impacto tendría esto sobre la evolución de la epidemia comparada con la evolución real?

— Supón que desde el inicio de la pandemia (semana 0) se utiliza un medicamento que acelera la recuperación de los pacientes de manera que la tasa de recuperación se eleva a  $\gamma = 5$ . El valor de la tasa de transmisión no cambia con respecto al de los datos reales. ¿Qué impacto tendría esto sobre la evolución de la epidemia comparada con la evolución real?

— Supón que, en previsión de la pandemia, se realiza una campaña de vacunación de manera que el 50 % de la población está inmunizada en la semana 0 (es decir, no forman parte de los susceptibles sino de los recuperados). El valor de las tasas de transmisión y recuperación no cambia con respecto al de los datos reales. ¿Qué impacto tendría esto sobre la evolución de la epidemia comparada con la evolución real?

#### ACTIVIDAD 5: COVID-19 EN ALBACETE

La actividad que se presenta a continuación simula con GeoGebra el modelo SIR de manera discreta, de modo que se calcula el número de susceptibles, infectados, recuperados y fallecidos dando saltos diarios. Aunque lo lógico sería obtener valores enteros positivos, esto no es posible, dado que se trabaja con probabilidades y tasas de prevalencia e incidencia. Hemos simulado diversas situaciones obtenidas modificando el número medio de contactos por persona (este valor está relacionado con el cumplimiento de las normas referentes a vida social, profesional o familiar), la probabilidad de contagio y la tasa de supervivencia. La modificación de estos parámetros se ha realizado usando deslizadores.

Hemos hecho una simulación simple de la evolución de la pandemia en la provincia de Albacete. Considerando que el número de habitantes de la ciudad de Albacete es de aproximadamente 388 126 y que, hasta el día 26 de julio, la información oficial que se tiene es de 4 063 infectados y 577 fallecidos por coronavirus en la provincia. La veracidad de estos datos no es relevante y es sabido que están bastante lejos de la realidad, pero solo pretendíamos aprovechar la situación para realizar un ejercicio escolar relacionado con algunos conceptos básicos propios de la epidemiología.

Vamos a simular, con la ayuda de GeoGebra, la evolución diaria de la enfermedad en cuanto a personas susceptibles, infectadas, recuperadas y fallecidas, así como el número diario de contagios nuevos, personas recuperadas y fallecidas. Habría que aclarar que hemos considerado una duración media de la enfermedad y, por lo tanto, de días durante los cuales se puede transmitir la enfermedad, de 15 días (este valor ha demostrado ser muy variable en la realidad) y que hemos empezado con 19 infectados (las autoridades sanitarias consideran que el análisis de una pandemia se debe iniciar cuando se llega a los 5 casos por cada 100 000 habitantes). La modelización permite observar la evolución de la enfermedad durante 200 días (desde el inicio del mes de marzo hasta mediados de septiembre). Este ejemplo está disponible en la dirección <<https://www.geogebra.org/m/xbthdwt7>>.

Para poder estudiar, sin repetir los cálculos y procedimientos, la evolución de la enfermedad en muy diversas situaciones, usaremos deslizadores (figura 2). El primero de ellos permite modificar la tasa diaria

de interacción, entendiéndose esta como el número medio de contactos diarios por persona. El segundo deslizador tendrá como misión el permitir modificar la probabilidad de contagio.

Con el tercer deslizador modificaremos la tasa de mortalidad o, si se prefiere, su complementario, es decir, la tasa de recuperación.

Los valores obtenidos corresponden a la población de susceptibles, infectados, recuperados, fallecidos, contagios nuevos diarios, número de individuos recuperados y fallecidos a diario.

Con los datos iniciales que hemos comentado los estudiantes podrían calcular la tasa de prevalencia, tasa de incidencia, tasa de mortalidad, población total de contagios, población total de recuperados, población total de fallecidos, la población máxima infectada simultáneamente, el máximo de contagios diarios, el máximo de recuperaciones diarias y el máximo de fallecimientos al día.

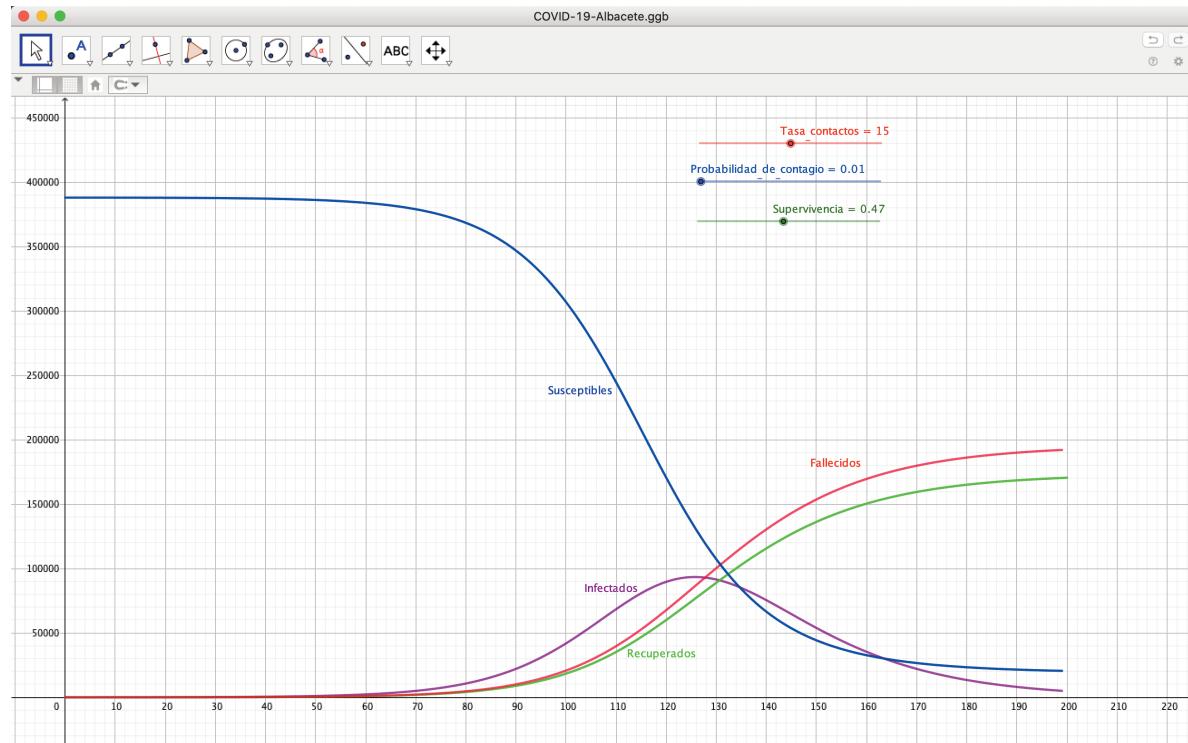


Figura 2. Ejemplo con los datos de COVID-19 en Albacete hasta el 27 de julio de 2020

Del mismo modo, se podría obtener una aproximación muy rudimentaria al número reproductivo básico usando cocientes entre contagiados y recuperados:

$$\frac{\beta}{\gamma} = \frac{\text{tasa de trasmisión}}{\text{tasa de recuperación}}.$$

Se finalizaría representando gráficamente los elementos que marcan la evolución de la pandemia. Para ello los estudiantes tendrán que trabajar relaciones entre los valores de los ejes con el fin de mostrar en pantalla valores que se mueven en rangos muy diferentes, como son, por ejemplo, los correspondientes al tiempo y al número de personas susceptibles.

### Objetivos

- Profundizar en el análisis del uso de los modelos SIR.
- Estudiar el impacto de los distintos parámetros de un modelo SIR en la evolución de la epidemia.
- Calcular con GeoGebra algunos indicadores epidemiológicos a partir de las estimaciones del modelo SIR.

### Preguntas

- Comienza el estudio usando los valores oficiales para el cálculo de la probabilidad de contagio y la tasa de supervivencia y después modifica dichos valores para ver qué ocurre. Según los resultados obtenidos, ¿crees que es importante tener en cuenta las medidas de distanciamiento social limitando el número medio de contactos diarios?

- Calcula una aproximación al número reproductivo básico.
- ¿Cuál es el número máximo de infectados? ¿Cuántos de los infectados se han recuperado?
- ¿Cuántos han fallecido? ¿Qué cantidad de habitantes no se han visto afectados por la enfermedad?
- ¿Cuál ha sido la máxima cantidad de gente infectada a la vez? ¿Y el máximo número de contagios, recuperados o fallecidos diarios?
- Calcula las tasas de incidencia y de prevalencia diarias. Calcula la tasa de incidencia acumulada.

### Referencias bibliográficas

- GÓMEZ, V., y M. J. HARO (2014), «Una aproximación sencilla al uso de las matemáticas en epidemiología», *Suma*, n.º 77, 45-57.
- GÓMEZ, V., y E. LÓPEZ (2017), *Teoría y problemas resueltos de matemática aplicada y estadística para farmacia*, Editorial Paraninfo, Madrid.
- GRIMA, C., y E. FERNÁNDEZ (2017), *Las matemáticas vigilan tu salud*, Next Door Publishers, Pamplona.
- MAHAFFY, J. M. (2018), *Mathematical Modeling. Discrete SIR Models. Influenza*, <<https://jmhaffy.sdsu.edu/courses/f09/math636/lectures/SIR/sir.html>> (Accedido el 6/8/2020).
- PROYECTO ESCODIV19DATA, *Escovid19data: Capturando datos de COVID-19 por provincias en España*, <<https://github.com/montera34/escovid19data>> (Accedido el 6/8/2020).

---

### Virgilio Gómez Rubio

Universidad de Castilla-La Mancha  
 <[Virgilio.gomez@uclm.es](mailto:Virgilio.gomez@uclm.es)>

### María José Haro Delgado

Universidad de Castilla-La Mancha  
 <[MariaJose.Haro@uclm.es](mailto:MariaJose.Haro@uclm.es)>