

# La modelación del covid-19 en México a partir del modelo SIR

---

---

## Modeling of the Covid in México through SIR model

*Irene Sánchez Guevara\**

*Raymundo Vite Cristóbal\*\**

### *Resumen*

El modelo SIR (Susceptibles, Infectados, Recuperados) propuesto por Kermack y McKendrick, se utiliza para simular el comportamiento del efecto-propagación de una enfermedad contagiosa, como la del covid-19; está conformado por un sistema de tres ecuaciones diferenciales: una para observar el comportamiento de las personas susceptibles de adquirir la enfermedad, otra para los infectados y una última para los recuperados. Los parámetros centrales del modelo son dos, la tasa de transmisión  $\beta$  y la tasa de recuperación  $\gamma$ . El objetivo del escrito es mostrar el funcionamiento del modelo de comportamiento SIR utilizando datos de la pandemia covid-19 para México, en particular, se atienden los efectos de las medidas sanitarias y de contención social sobre la dinámica del modelo. A partir de datos diarios de las primeras tres fases de la pandemia en México, que va del 27 de febrero al 17 de mayo de 2021, se contrastan los escenarios con y sin medidas de intervención pública. El hallazgo es que con las medidas sanitarias y de contención social la tasa de transmisión se reduce y la curva de infectados se “aplana”.

*Palabras clave:* modelo SIR, tasa de transmisión, tasa de recuperación, ajuste de datos por mínimos cuadrados.

### *Abstract*

The SIR model (Susceptible-Infected-Recovered) proposed by Kermack & McKendrick aims to simulate the behavior of a contagious disease's effect-propagation, such as covid-19's; consists of a system of three differential equations, one that models the behavior of the individuals likely to acquire the disease, another equation for the

\* Departamento de Política y Cultura, UAM-Xochimilco [isanchez@correo.xoc.uam.mx].

\*\* Departamento de Producción Económica, UAM-Xochimilco [rayvite@hotmail.com].

infected ones and the last one for those recovered. This system has two parameters: the transmission rate  $\beta$  and the recovery rate  $\gamma$ . The objective of the paper is to show the operation of the SIR behavior model using data from the covid-19 pandemic for Mexico, in particular, the effects of health and social containment measures on the dynamics of the model addressed. Based on daily data from the first three phases of the pandemic in Mexico, which runs from February 27 to May 17, 2021, the scenarios with and without public intervention measures was contrasted. The finding is that with sanitary and social containment measures, the rate of transmission is reduced and the curve of infected is “flattened”.

Key words: SIR model, transmission rate, recovery rate, data fitted by least squares.

Recibido 11 de julio de 2022

Apertura del proceso de dictaminación: 18/07/2022

Aprobado: 6 de octubre de 2022

## INTRODUCCIÓN

Para el análisis matemático de una enfermedad infecciosa con riesgo de generar una pandemia, como es el caso de la covid-19, existen tres enfoques metodológicos. La primera metodología es meramente descriptiva de la evolución y pronóstico de las variables implicadas en una pandemia, específicamente es un método que se centra en el análisis, evolución y pronóstico del número de infectados y el número de defunciones. Para modelar el comportamiento de las variables observadas de la pandemia utiliza la optimización lineal con la técnica de mínimos cuadrados que consiste en determinar los parámetros de una función

$$\hat{y} = b_0 + b_1x + b_2x^2 + \dots + b_px^p$$

tal que se cumpla:

$$\min \sum e_i^2 \text{ donde } e_i = (y_i - \hat{y}_i)$$

Modelos de pronóstico más avanzados utilizan el método ARIMA, o los modelos de regresión lineal múltiple que toman en cuenta diversos factores que puedan explicar la pandemia.

La segunda metodología es la *epidemiología matemática*, la cual utiliza la optimización no lineal con un enfoque de sistemas y modelos de compartimentos donde cada uno es un grupo de la población con un flujo de relaciones causales preestablecidas entre éstos, lo cual conforma los componentes de un sistema dinámico. Estos modelos corresponden a un enfoque *top down* (de arriba hacia abajo). Su utilidad reside en describir los patrones que se derivan de la dinámica (temporal y/o espacial) de las interacciones entre agentes promedio, esto es, a nivel agregado.

Un inconveniente del enfoque basado en ecuaciones diferenciales es que no es posible observar las reglas de interacción entre los agentes individuales que dan origen a la emergencia de dichos patrones. De aquí que se hable de una tercera metodología que atiende estas limitaciones del enfoque basado en ecuaciones diferenciales, nos referimos a la aproximación de modelación basada en agentes (MBA). Es una propuesta que bajo un enfoque *bottom-up* permiten estudiar el surgimiento de patrones emergentes a nivel global a partir de reglas de interacción entre los agentes individuales a un nivel local. Debido al espacio limitado y al sentido de este artículo, no rescatamos las características de esta propuesta.

El objetivo del artículo es mostrar el funcionamiento del modelo de comportamiento SIR (Susceptibles-Infectados-Recuperados) de Kermack y McKendrick<sup>1</sup> atendiendo los efectos de las medidas sanitarias y de contención social con datos para México. Los datos utilizados son los casos positivos diarios del SARS-CoV-2 de México de las tres primeras fases de la pandemia, que van del 27 de febrero al 17 de mayo de 2020, publicados por la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM).<sup>2</sup>

En este trabajo primero se presenta el modelo SIR, se rescatan sus hipótesis, se caracteriza su solución y se visualiza su dinámica. Posteriormente se recuperan los estudios aplicados del modelo SIR al caso de evolución del covid-19 para México. En la siguiente sección se exponen algunos escenarios de evolución de la pandemia de la covid-19 en México enfatizando en la modelización de los efectos de las medidas sanitarias y de contención social, en particular, su repercusión sobre la tasa de transmisión y la tasa de reproducción efectiva. Finalmente se presentan las conclusiones.

<sup>1</sup> W.O. Kermack y A.G. McKendrick, "A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics", *Bulletin of Mathematical Biology*, vol. 53, Issues 1-2, 1991, pp. 33-55.

<sup>2</sup> Base de datos de la UNAM. Plataforma de información geográfica de la UNAM sobre covid-19 en México [<https://covid.repounam.org/data/esri/>].

## EL MODELO SIR, SUPUESTOS E IMPLICACIONES

El modelo SIR fue propuesto por W.O. Kermack y A.G. McKendrick en 1927 bajo el título de “A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics”, es un modelo del efecto-propagación de una enfermedad contagiosa, que supone una población agrupada en tres compartimentos: susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R). Cada miembro de la población pertenece únicamente a uno de los tres grupos en un momento dado y sólo se puede pasar de un grupo a otro, en una dirección, como se muestra en la Figura 1.

FIGURA 1  
Los compartimentos del modelo SIR



De modo que el modelo divide a la población en tres compartimentos, cada uno es una función del tiempo:

- *Población susceptible*  $S(t)$ . Representa al número de individuos susceptibles, individuos sanos que al entrar en contacto con la enfermedad pueden resultar infectados.
- *Población infectada*  $I(t)$ . Representa al número de individuos infectados, individuos que pueden transmitir la enfermedad en el grupo  $S(t)$ .
- *Población recuperada*  $R(t)$ . Representa al número de individuos retirados, individuos que se han recuperado de la enfermedad y se han vuelto inmunes o han muerto.

### Las hipótesis del modelo

Definidos los compartimentos, se resume la hipótesis central del modelo como sigue:

Los individuos que transitan de susceptibles a infectados lo hacen a una tasa  $\beta$ , ya infectados padecerán la enfermedad durante un periodo determinado hasta recuperarse a una tasa  $\gamma$ . El flujo de paso del compartimento de infectados al de recuperados viene determinado por  $\gamma I(t)$  donde  $\gamma > 0$  es la tasa de recuperación.

Los supuestos del modelo son los siguientes:

- i) La población se mantiene constante, es decir, no se toman en cuenta los nacimientos y muertes que se producen a lo largo del desarrollo de la enfermedad. Si denotamos por  $N$  a la población total de individuos tenemos que la suma del número de individuos de cada uno de los tres grupos es igual al total de la población:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad (1)$$

- ii) La enfermedad se transmite por contacto directo entre las personas.  
 iii) En cuanto un individuo es infectado pasa a estar en el grupo de los infectados.  
 iv) Los individuos del grupo  $I(t)$  se recuperan de la enfermedad y adquieren la inmunidad o mueren –pasando en ambos casos al grupo  $R(t)$ .  
 v) La tasa de infección, que determina el número de individuos por unidad de tiempo que se transfieren del compartimento de susceptibles al de infectados, es proporcional al producto  $S(t)I(t)$ .

### La formalización del modelo

A partir de las hipótesis mencionadas, el flujo de infección está dado por  $\beta S(t)I(t)$  donde  $\beta$  es la tasa de transmisión de la enfermedad. Los individuos infectados que padecerán la enfermedad durante un periodo determinado hasta recuperarse y adquirir la inmunidad. El flujo de paso del compartimento de infectados al de recuperados está determinado por  $\gamma I(t)$ , donde  $\gamma > 0$  es la tasa de recuperación, se formula el sistema de ecuaciones diferenciales que describe el modelo SIR.

Sistema de ecuaciones diferenciales que describe el modelo SIR, a saber:

$$\frac{dS}{dt}(t) = -\beta \frac{S(t)}{N} I(t) \quad S(0) > 0 \quad (2)$$

$$\frac{dI}{dt}(t) = \beta \frac{S(t)}{N} I(t) - \gamma I(t) \quad I(0) > 0 \quad (3)$$

$$\frac{dR}{dt}(t) = \gamma I(t) \quad R(0) > 0 \quad (4)$$

Donde  $\beta > 0$ ,  $\gamma > 0$  son los parámetros del modelo y  $S(0)$ ,  $I(0)$ ,  $R(0)$  son el número inicial de personas susceptibles, infectadas y retiradas respectivamente en una población de  $N=S(0)+I(0)+R(0)$  habitantes. A lo largo del tiempo se asume que dichas variables son constantes.

Los parámetros del modelo: la tasa de transmisión  $\beta$  y la tasa de recuperación  $\gamma$ .

Los parámetros del SIR son la tasa de transmisión de la enfermedad, la tasa de recuperación, el número básico de reproducción y el número efectivo de reproducción.

La tasa de transmisión  $\beta$  es difícil de medir y su cálculo es uno de los principales obstáculos en la modelación de una enfermedad infecciosa. Mientras que la tasa de recuperación  $\gamma$  puede ser estimada en laboratorio. Por ejemplo, si una población tarda en promedio siete días en recobrase de una determinada enfermedad, entonces la tasa de recuperación es  $\gamma = 1/7$ , no es más que el recíproco del periodo de latencia. Según las investigaciones reportadas por Quesada *et al.*,<sup>3</sup> el periodo de incubación varía de acuerdo con la edad promedio de los pacientes, la misma Organización Mundial de la Salud (OMS)<sup>4</sup> reconoce que el periodo de incubación del covid-19 es de 2-12 días, con un periodo de latencia de 3-7 días incluso pudiendo llegar a los 14. Durante este periodo de incubación los pacientes pueden transmitir la enfermedad a otros, el parámetro que mide el número promedio de infecciones que puede contagiar una persona enferma está dado por  $R_0$ .<sup>5</sup>

El número básico de reproducción  $R_0$

Formalmente, el número básico de reproducción  $R_0$  está dado por:

$$R_0 = \beta/\gamma \quad (5)$$

<sup>3</sup> J.A. Quesada, A. López-Pineda, V.F. Gil-Guillén, J.M. Arriero-Marín, F. Gutiérrez y C. Carratala-Munuera, "Periodo de incubación de la covid-19: revisión sistemática y metaanálisis", *Revista Clínica Española*, 221(2), 2021, pp. 109-117 [<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC7528969/>].

<sup>4</sup> OMS, WHO Q&A on coronaviruses (covid-19), 9 de marzo de 2020 [<https://www.who.int/news-room/q-a-detail/q-a-coronaviruses>], fecha de consulta: 22 de marzo de 2020.

<sup>5</sup> Andrea Solano Mora, Andrés Solano Castillo y Catherine Gamboa Ellis, "SARS-CoV-2: la nueva pandemia", *Revista Médica Sinergia*, vol. 5, núm. 7, julio, 2020, p. e538 [<https://www.medigraphic.com/pdfs/sinergia/rms-2020/rms207k.pdf>].

Se define como el número promedio de individuos que pueden llegar a infectarse (casos secundarios) a partir del primer individuo infectado (caso primario) en una población completamente susceptible.<sup>6</sup> Por ejemplo, si una persona desarrolla la infección y contagia a dos personas, se dice que  $R_0$  es igual a 2. El proceso epidémico se comporta de manera exponencial  $2^n$  donde  $n$  es el nivel de contagio; un individuo contagia a dos, esos dos a otros dos cada uno en un segundo nivel de contagio, por lo tanto, ya habrían cuatro contagiados, para el décimo nivel habrá 1 024 contagiados.<sup>7</sup> De aquí que el avance epidemiológico sea exponencial, si no se toman medidas sanitarias y de contención social.

La progresión de una enfermedad contagiosa viene dada por el valor del  $R_0$ , se pueden presentar dos casos:

1. Si la tasa de transmisión excede a la de recuperación, ( $\beta > \gamma$ ),  $R_0 > 1$ , la enfermedad se propagará y se convertirá en una epidemia. Esto es, se espera que se inicie un brote y que progrese a una epidemia.
2. Si la tasa de transmisión es menor a la de recuperación, es decir, que  $R_0 < 1$ , la enfermedad se extinguirá, indica que el brote iniciado no se convertirá en epidemia y finalizará rápidamente.

Diversas estimaciones indican que el covid-19 tiene un  $R_0 = 2.2$ , aunque otros autores encuentran que puede ser de 3.49.<sup>8</sup> Esto quiere decir que cada

<sup>6</sup> J.K. Aronson, J. Brassey y K.R. Mahtani, “When will it be over?: An introduction to viral reproduction numbers,  $R_0$  and  $R_e$ ”, Centre for Evidence-Based Medicine, Nuffield Department of Primary Care Health Sciences, University of Oxford, 2020, p. 1-9 [https://www.cebm.net/covid-19/when-will-it-be-over-an-introduction-to-viral-reproduction-numbers-r0-and-re/]; Eric Comincini Cantillo, Jorge Homero Wilches Visbal, Fernando Daniel Saraví, “Factores epidemiológicos  $R_0$  y  $R_e$  durante la covid-19: ¿qué son y en qué difieren?”, *Revista Cuidarte*, 12(1): e1393, 2021 [http://dx.doi.org/10.15649/cuidarte.1393].

<sup>7</sup> Isidro Alfredo Abelló Ugalde, Raúl Guinovart Díaz y Wilfredo Morales Lezca, “El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la covid-19 en Cuba”, *Revista Cubana de Salud Pública*, núm. 46: e2597, 2021 [https://www.scielosp.org/article/rcsp/2020.v46suppl1/e2597/].

<sup>8</sup> Julien Riou y Christian Althaus, “Pattern of early human-to-human transmission of Wuhan 2019 novel coronavirus (2019-nCoV), December 2019 to January 2020”, *Euro Surveillance*, vol. 25, núm 4; Steven Sanche, Yen Tin Lin, Chonggang Xu, Ethan Romero-Severson, Nick Hengartner y Ruian Ke, “High contagiousness and rapid spread of severe acute respiratory syndrome coronavirus 2”, *Emerging Infectious Diseases*, vol. 26, núm. 7; Y. Wang, X.Y. You, Y.J. Wang, L.P. Peng, Z.C. Du, S. Gilmour, D. Yoneoka, J. Gu, C. Hao, Y.T. Hao, J.H. Li, “Estimating the Basic Reproduction Number of covid-19 in Wuhan, China”, *Zhonghua liu xing bing xue za zhi*, núm.10, 41(4), 2020, pp. 476-479.

persona infectada puede transmitir el virus y enfermar en promedio a otras 2.2 personas.<sup>9</sup> Cabe señalar que existe toda una discusión sobre su cálculo e interpretación.<sup>10</sup>

El número efectivo de reproducción  $R_e$

No confundir  $R_0$  con el número efectivo de reproducción,  $R_e$ . Éste se define como el número promedio de individuos que pueden llegar a ser infectados por un individuo cualquiera en un determinado instante de tiempo después de iniciado el brote ( $t > 0$ ), es decir,  $R_e = \beta/\gamma^*(S/N)$ .

Donde S es la cantidad de individuos susceptibles al contagio y N es el universo poblacional.<sup>11</sup> A diferencia del  $R_0$ , el  $R_e$  varía temporalmente con la tasa de contacto efectiva, el comportamiento y la organización social y la fracción de recuperados y fallecidos durante el curso epidémico. Dado que el  $R_e$  es críticamente influenciado por el número de susceptibles, el comportamiento de los individuos (por ejemplo, distanciamiento social) es determinante para contener una epidemia. En el caso en que el  $R_e < 1$  el evento epidémico tenderá a desaparecer rápidamente, mientras que si  $R_e > 1$  se espera que la epidemia continúe. Luego, entre más alto el valor del  $R_e$  más difícil será controlar una epidemia y evitar su progresión a pandemia.<sup>12</sup>

Existe una diferencia muy clara entre ambas medidas, el  $R_0$  indica si va a ocurrir o no una epidemia mientras que el  $R_e$  se refiere a si la epidemia (ya existente) está siendo controlada o no. El  $R_0$  es un valor estático en el tiempo, el  $R_e$  no, las medidas de contención se diseñan para disminuir el  $R_e$  no el  $R_0$  y, finalmente, una vacuna tendría por objetivo anular la fracción de susceptibles afectando al  $R_e$  no al  $R_0$ .<sup>13</sup>

<sup>9</sup> Juan José Li Ng y Carlos Serrano, “Covid-19 semana 16, SIR b(t), ARIMA y comparativo internacional”, Proyecciones México, 15 de abril de 2020, BBVA Research [https://www.bbvarresearch.com/wp-content/uploads/2020/04/20200415\_Proyecciones\_Covid19\_Mexico\_Semana16.pdf].

<sup>10</sup> B. Ridenhour, J.M. Kowalik y D.K. Shay, “El número reproductivo básico ( $R_0$ ): consideraciones para su aplicación en la salud pública”, *American Journal of Public Health*, 108(1), 2018, pp. S455-65 [https://doi.org/10.2105/AJPH.2013.301704s].

<sup>11</sup> J.K. Aronson, J. Brassey y K.R. Mahtani, “When will it be over?: An introduction to viral reproduction numbers,  $R_0$  and  $R_e$ ”, *op. cit.*

<sup>12</sup> Eric Comincini Cantillo, Jorge Homero Wilches Visbal, Fernando Daniel Saraví, “Factores epidemiológicos  $R_0$  y  $R_e$  durante la covid-19: ¿qué son y en qué difieren?”, *op. cit.*

<sup>13</sup> Information Office of the State Council. Information office to hold press conference on joint preventing and controlling the epidemic of novel coronavirus (2019-nCoV) infected pneumonia, 2020 [http://www.scio.gov.cn/xwfbh/xwfbfh/wqfbh/42311/42478/index.html], fecha de consulta: 26 de junio de 2020.



### Solución del modelo

Con ayuda de herramientas computacionales se inspeccionan las propiedades de la solución numérica<sup>14</sup> del modelo SIR. Un primer acercamiento a las características del modelo es investigar el comportamiento de las variables a lo largo del tiempo, a saber:

- a) De la ecuación  $dS/dt = -\beta I$ , el número de susceptibles se comporta a lo largo del tiempo conforme a la función  $S(t) = c(0)e^{-\beta t}$ . Intuitivamente es una curva en forma de S invertida, nos dice que a medida que aumenta el número de infectados y llega a un máximo, el número de susceptibles avanza disminuyendo suavemente, hasta que el número de infectados disminuye y se estabiliza, el número de susceptibles también se estabiliza.
- b) De la ecuación de infectados, se desprenden dos aspectos. Primero, se percibe que el valor  $I(t)$  tiende a 0 según avanza el tiempo, esto es, se reduce el número de personas infectadas. Segundo, la función  $I(t)$  llega a un valor máximo y luego comienza a descender, sin incrementarse. Es decir, tiene un único pico. Esta es otra de las propiedades que revela el modelo matemático. No obstante, hay que recordar que la realidad es compleja.
- c) En tanto el número de recuperados también tiene una forma de S pero con exponente positivo:  $R(t) = c(0)e^{\gamma t}$ . A medida que aumenta el número de infectados, llega a un máximo y después tiende a cero, el número de recuperados aumenta suavemente hasta estabilizarse.<sup>15</sup>

La solución numérica computacional implica establecer las condiciones iniciales del sistema, alimentar al software matemático de las ecuaciones diferenciales y resolver el sistema. A continuación, utilizando el software GeoGebra, se conforma el sistema de ecuaciones diferenciales SIR y se inspecciona la dinámica del sistema.

<sup>14</sup> Ángela Hernández López, *Estudio numérico de un modelo de propagación de enfermedades*, Universidad de Zaragoza, España, 2016.

<sup>15</sup> Argumentos más sólidos para dar una caracterización de la solución del modelo se encuentran en Ángela Hernández López (*idem.*), establecen que, dado que el modelo no toma en cuenta la natalidad y la mortalidad, la enfermedad acaba desapareciendo al paso del tiempo, esto es, se verifica que  $\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0$ . Si se considera que  $S_{\infty} = S_{t \rightarrow \infty}$  y que  $S_{\infty} = S_{t \rightarrow \infty} S(t) = 1 - S_{\infty}$  se dice que el sistema (2), (3) y (4) alcanza el equilibrio en el punto  $(S_{\infty}, 0, 1 - S_{\infty})$  el sistema es estable.

Datos hipotéticos:

$N = 50$  habitantes,  $S(0) = 49$  susceptibles,  $I(0) = 1$  infectado,  $R(0) = 0$  recuperados, y los parámetros:  $\beta = 2$  y  $\gamma = 0.5$

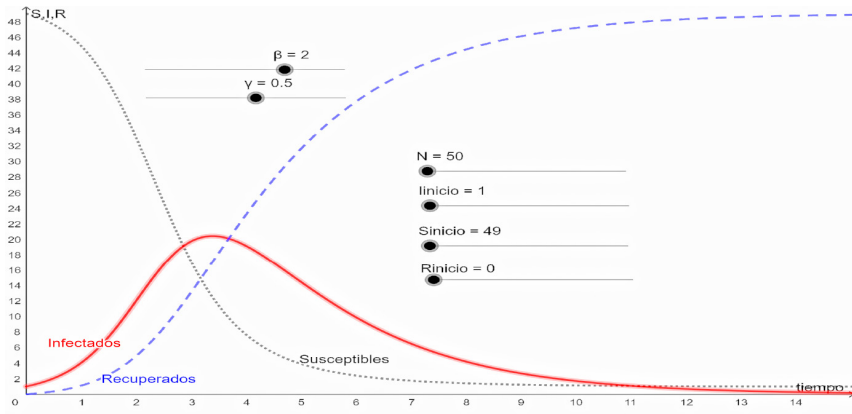
El sistema de ecuaciones diferenciales del SIR:

$$S'(t, S, I, R) = -2S \frac{I}{50}$$

$$I'(t, S, I, R) = 2S \frac{I}{50} - 0.5I$$

$$R'(t, S, I, R) = 0.5I$$

GRÁFICA 1  
Solución gráfica de SIR con  $\beta = 2$



Fuente: elaboración con GeoGebra Clasic 5.

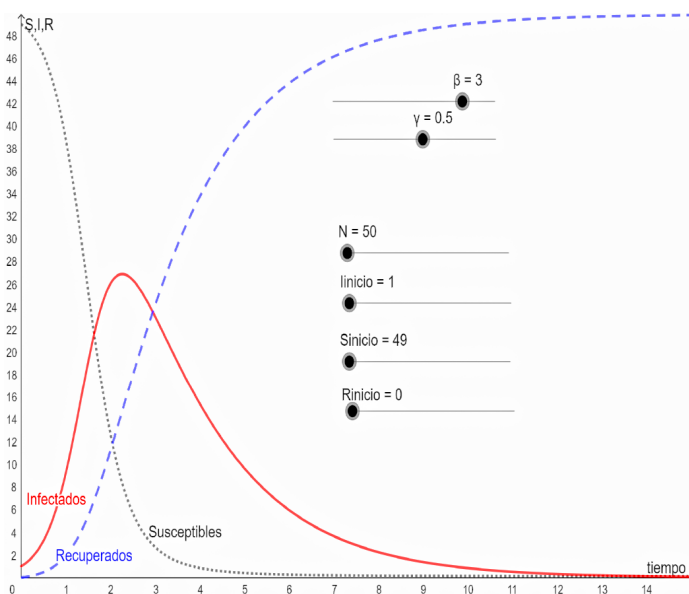
Se percibe que aproximadamente en un periodo de 12 unidades de tiempo, las variables comienzan a estabilizarse; las variables infectados, susceptibles y recuperados tienden a ser constantes. Además, se confirma un pico único para el número de infectados. Considerando que  $R_0 = 2$ , se tiene que el porcentaje máximo de infectados será del 40% de la población, lo que equivale a un máximo aproximado de 20 personas infectadas, alcanzándose en un periodo muy corto, aproximadamente en cuatro unidades de tiempo.<sup>16</sup>

<sup>16</sup> Retomado por Pablo Amster, "La matemática de las epidemias", *Revista de educación matemática*, vol. 35, núm. 2, Unión Matemática Argentina, Facultad de Matemática, Física

Dinámica del modelo

Un inconveniente del modelo SIR es que supone que  $\beta$ ,  $\gamma$  y  $R_0$  son constantes durante la pandemia. Una forma de analizar los efectos de la intervención pública sobre la pandemia es evaluar los cambios de  $\beta$  y en  $R_t$ . Entonces, manipulemos la tasa de transmisión y por ende  $R_t$ , por ejemplo, el caso cuando  $\beta$  se reduce de 3 a 1.5, asumiendo que  $\gamma = 0.5$  se mantiene fijo. Se percibe que  $R_t$  pasa de 6 a 3, lo que se tiene es una reducción en el número de infectados, el pico máximo de infectados se reduce de 26 a 14, y la recuperación se espera sea muy pronto (gráficas 2 y 3).

GRÁFICA 2  
Solución SIR con  $\beta = 3$   $R_0 = 6$

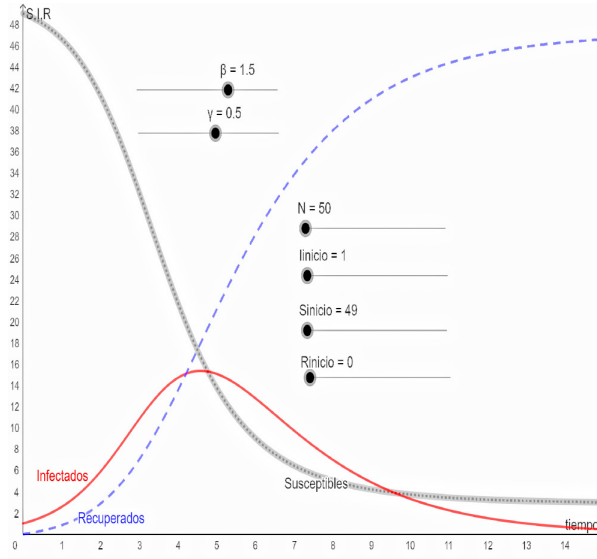


y Computación, Universidad de Córdoba, pp. 5-20; Maia Martcheva, *An Introduction to mathematical epidemiology*, Berlín, Springer, 2015; y Sebastián Pedersen, “(Algunos) Modelos matemáticos para (algunas) enfermedades contagiosas: transmisión, infección, tratamiento”, tesis de licenciatura, Buenos Aires, Universidad de Buenos Aires, abril de 2015 <<http://cms.dm.uba.ar/academico/carreras/licenciatura/tesis/2015/>>, quienes proponen una fórmula para calcular el porcentaje y número de infectados de una pandemia, a saber:

$$I_{max} \sim N \left( 1 - \frac{(\ln(R_0) + 1)}{R_0} \right),$$

donde  $I_{max}$  denota el número máximo de infectados,  $R_0$  es el número de reproducción básico.

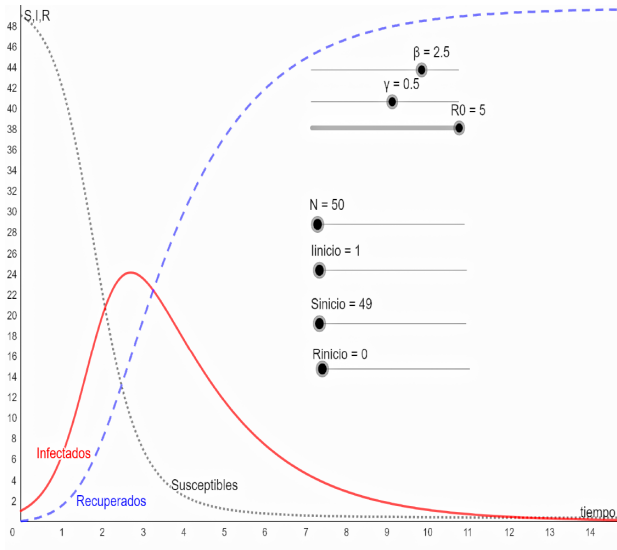
GRÁFICA 3  
Solución SIR con  $\beta = 1.5$   $R_0 = 3$



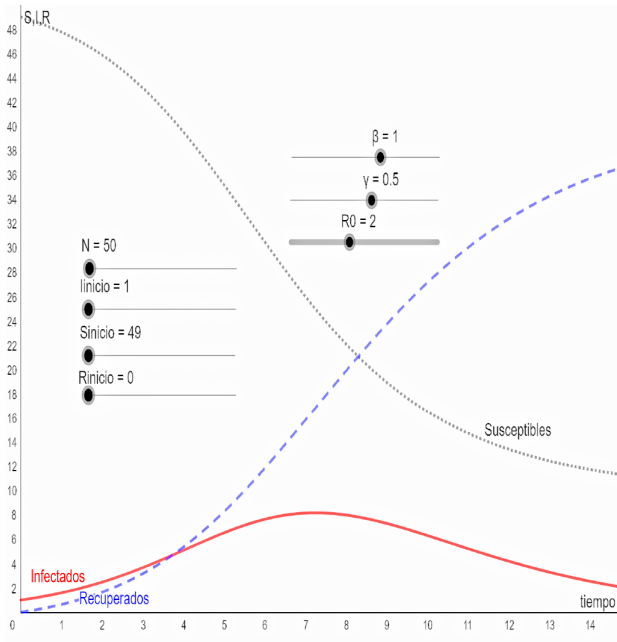
Fuente: elaboración con GeoGebra.

Una de las simulaciones más recurrentes es el “aplanado” de la curva de infectados a partir de medidas de sanidad, contención social y uso de cubrebocas, dependiendo de su intensidad se refleja en la disminución de la tasa de transmisión de la enfermedad y por ende se refleja en la reducción del número de reproducción efectiva. En las gráficas 4 y 5 se presenta el caso cuando existe alguna intervención pública agresiva que reduce el valor de  $\beta t$ , tal que de 2.5 se reduce a 2, y por ende repercute en una reducción de  $R_t$ . Ante tal entorno, el número máximo de infectados se reduce de 26 a 6, con lo cual se logra *aplanar* la curva. Sin duda, el caso interesante de la covid-19 en México es averiguar el proceso de aplanado de la curva de infectados conforme a la imposición de medidas sanitarias y de contención social en cada fase de la pandemia.

GRÁFICA 4  
 Solución SIR con  $\beta = 2.5$   $R_0 = 5$



GRÁFICA 5  
 Solución SIR con  $\beta = 1$   $R_0 = 2$



Fuente: elaboración con GeoGebra.

De lo anterior surge la pregunta: ¿qué factores pueden afectar a  $\beta$ ?, la repuesta para Vargas *et al.*<sup>17</sup> es que los factores determinantes pueden ser medidas de limpieza, restricciones de movilidad, distanciamiento social, control de llegadas en aeropuertos y vacunas contra la enfermedad. En consecuencia, resulta necesario analizar la eficacia de las medidas de intervención pública llevada a cabo por las autoridades sanitarias y el gobierno estatal.

#### APLICACIONES DEL MODELO SIR PARA MÉXICO

Las aplicaciones del modelo epidemiológico SIR para el caso de la covid-19 en México son de dos tipos: por un lado, están los estudios que simulan el SIR básico con los parámetros constantes para explorar el potencial de contagio de cada brote y allegarse el pronóstico del porcentaje y número máximo de infectados; por otro, se considera la tasa de transmisión de la enfermedad como variable y con ello se otorga más dinámica al modelo SIR. Dentro de los modelos SIR básicos aplicados para México para conocer el porcentaje y número de infectados están los de Ruiz,<sup>18</sup> Ortigoza *et al.*,<sup>19</sup> Brugués *et al.*<sup>20</sup> y Parr.<sup>21</sup>

Ruiz<sup>22</sup> simula un modelo SIR para estimar el porcentaje de personas infectadas en México con los siguientes supuestos:

<sup>17</sup> R.M. Vargas Magaña, M. Vargas-Magana, S. Fromenteau, “Impacto de las medidas de control en la evolución del brote covid-19”, en colaboración con el Colectivo Científicos Mexicanos en el Extranjero, 2020 [<https://mexiciencia.github.io/>] y Laboratorio ConCiencia Social [<https://concienciasociala.wixsite.com/misitio>].

<sup>18</sup> V.R. Ruiz, “Covid-19 México, modelo matemático revela que sistema sanitario de México estará rebasado entre mayo y junio”, *Contralínea*, 2020 [<https://contralineacom.mx/covid-19-modelo-matematico-revela-que-sistema-sanitario-de-mexico-estara-rebasado-entre-mayo-y-junio/>].

<sup>19</sup> G. Ortigoza, A. Lorandi e I. Neri, “Simulación numérica y modelación matemática de la propagación del covid-19 en el estado de Veracruz”, *Revista Mexicana de Medicina Forense y Ciencias de la Salud*, 5(3), 2020, pp. 21-37 [<https://www.medigraphic.com/cgi-bin/new/resumen.cgi?IDARTICULO=94909>].

<sup>20</sup> A. Brugués Rodríguez, N.A. Fuentes Flores y A. Ramírez Cervantes, A., “Análisis del patrón espacio-temporal de transmisión del covid-19 por municipios de Baja California”, *Estudios Fronterizos*, núm. 22, 2021, p. e071.

<sup>21</sup> J. Parr, “Covid-19 data analysis, part 5: different models of infection rates in Mexico and what they tell us. Digital@DAI”, 5 de mayo de 2020 [<https://dai-global-digital.com/covid-19-part-5-different-methods-to-model-infection-rates-in-mexico-and-what-they-tell-us.html>].

<sup>22</sup> V.R. Ruiz, “Covid-19 México, modelo matemático revela que sistema sanitario de México estará rebasado entre mayo y junio”, *op. cit.*

1. El número total de personas en México es constante (es decir, sin tasas de mortalidad y tasas de migración): 120 millones de personas.
2. Cualquier mexicano es susceptible a contagiarse del virus, excepto aquellos que se han recuperado.
3. La propagación del virus en México se originó en una sola persona. Las tasas de infección y recuperación son constantes durante toda la epidemia.
4. El virus tiene un periodo infeccioso de 14 días, correspondientes a una tasa de recuperación diaria de la infección  $\gamma = 1/14 = 0.072$  días y una tasa diaria de infección  $\beta = 0.145$ . Lo que arroja una tasa de reproducción ( $R_0$ ) de 2.2.

El autor encuentra que el máximo de infectados alcanzará 12% de la población. También encuentra que después de 350 días la epidemia habrá terminado, desde que se dio el primer caso (27 de febrero de 2020).

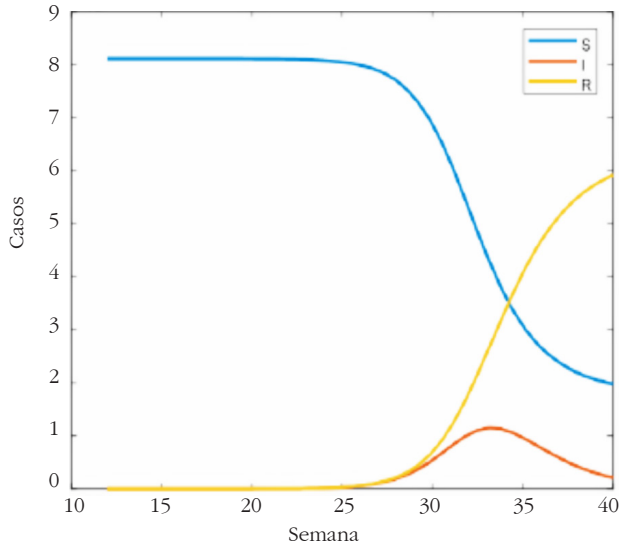
Ortigoza<sup>23</sup> utiliza datos semanales del estado de Veracruz para simular el SIR y el SIER, para obtener parámetros de la propagación de la covid-19, tales como el número básico de reproducción, así como las tasas de transmisión, recuperación y latencia. Utilizando datos de infectados semanales de las semanas epidemiológicas 12-18 del estado de Veracruz, alimentaron un modelo SIR. Las condiciones iniciales del modelo fueron: población total de 8 112 505 individuos,  $S(0) = 8112504$ ,  $I(0) = 7$ ,  $R(0) = 0$ . Encontraron que  $\gamma = 0.69$  (es decir, el periodo de recuperación de los enfermos de covid-19 fue de 10.12 días),  $\beta = 0.33$ ,  $R_0 = 2.2$  y un pico o máximo de infectados que aproximadamente se alcanza en la semana 33. En la Gráfica 6 se muestra el comportamiento del modelo SIR para Veracruz y en la Gráfica 7 el ajuste del número de infectados a los datos observados.

Brugués *et al.*,<sup>24</sup> a partir de datos de las semanas 10-31 de los casos positivos acumulados de los municipios de Baja California registrados al 6 de junio de 2020 también simulan un modelo SIR. Metodológicamente, la simulación se llevó a cabo en dos etapas: primero, obtuvieron los valores de los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$ , estimando una tasa de contagio de 1.33 y una tasa de recuperación de 0.39; segundo, minimizaron la suma de cuadrados residuales entre el número oficial de personas infectadas positivas y el número de personas infectadas simuladas del modelo SIR.

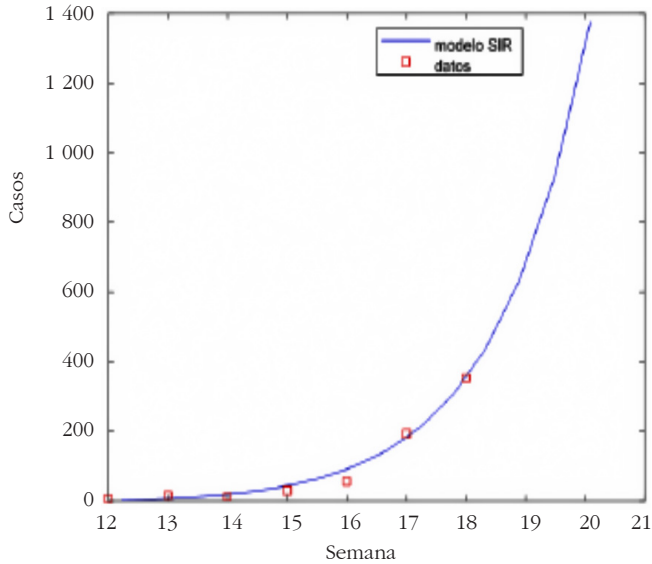
<sup>23</sup> G. Ortigoza, A. Lorandi e I. Neri, "Simulación numérica y modelación matemática de la propagación del covid-19 en el estado de Veracruz", *op. cit.*

<sup>24</sup> A. Brugués Rodríguez, N.A. Fuentes Flores y A. Ramírez Cervantes, A., "Análisis del patrón espacio-temporal de transmisión del covid-19 por municipios de Baja California", *op. cit.*

GRÁFICA 6  
*Covid-19 Veracruz, modelo SIR*



GRÁFICA 7  
*Ajuste del número de infectados a datos observados*



Fuente: G. Ortigoza, A. Lorandi e I. Neri, "Simulación numérica y modelación matemática de la propagación del covid-19 en el estado de Veracruz", *op. cit.*



En el Cuadro 1 se presentan los resultados obtenidos de los valores de  $\beta$ ,  $\gamma$  y  $R_0$  para cada uno de los municipios de Baja California.

CUADRO 1  
Evolución del covid-19 con el modelo SIR  
con  $\beta$  tasa de infección fija por municipio

Localidades	Tasa de infección $\beta$	Tasa de recuperación $\gamma$	Número básico de reproducción $R_0 = \beta/\gamma$
Tijuana	1.49	0.59	2.53
Mexicali	1.60	0.65	2.46
Ensenada	0.27	0.66	0.39
Tecate	0.26	0.67	0.39
Playas de Rosario	0.28	0.70	0.40

Fuente: elaborado con base en A. Brugués Rodríguez, N.A. Fuentes Flores y A. Ramírez Cervantes, "Análisis del patrón espacio-temporal de transmisión del covid-19 por municipios de Baja California", *op. cit.*

De los resultados se muestra que Mexicali tiene la mayor tasa de contagios  $\beta = 1.60$ . Mientras que Tijuana exhibe la menor tasa de recuperación ( $\gamma = 0.59$ ). Además, Mexicali muestra una razón de reproducción de la infección de  $R_0 = 2.46$  que es superior a la tasa nacional que varía entre  $R_0 = 1.3$  y  $R_0 = 2.4$ .

Si bien los estudios antes mencionados ayudan a rescatar los parámetros centrales de un proceso epidémico como el del covid-19, tales como la tasa de transmisión, la tasa de recuperación, el pico máximo de contagios y el número de reproducción básico, el modelo SIR adolece, como ya se había apuntado, de ciertos inconvenientes, suponer que  $\beta$  y  $\gamma$  son constantes durante el proceso epidémico, de modo que no extrañe que se tengan resultados diversos para un estado o país. Además, como fenómeno no lineal, los parámetros del SIR son sensibles a las condiciones iniciales. En consecuencia, hay estudios que consideran a  $\beta$  como variable a lo largo del proceso epidémico, y más aún ante las medidas de intervención pública sanitaria y de contención social por parte de los gobiernos. Dos de estos estudios son los de Vargas *et al.* y Li Ng y Serrano.<sup>25</sup> Vargas *et al.*, sostienen que el supuesto de  $\beta$  fija del modelo SIR es improcedente. En un entorno donde la mayoría de los países han

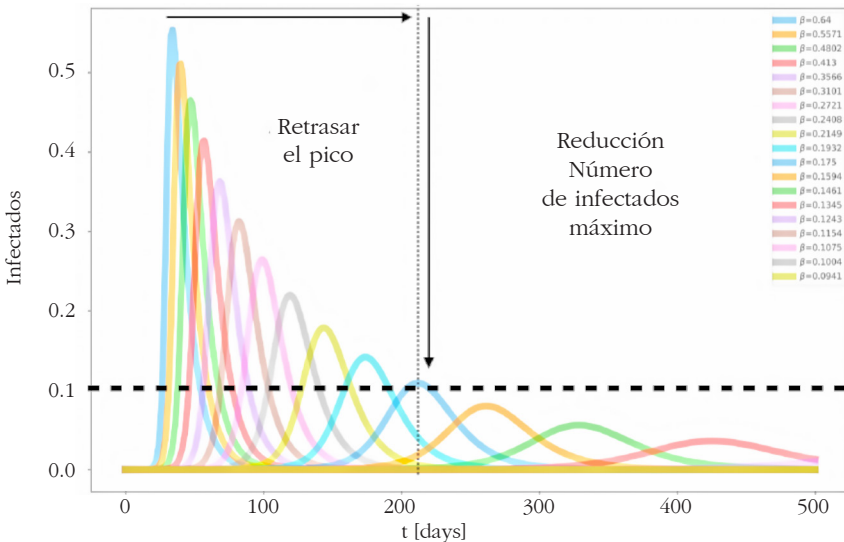
<sup>25</sup> R.M. Vargas Magaña, M. Vargas-Magana, S. Fromenteau, "Impacto de las medidas de control en la evolución del brote covid-19", *op. cit.*; Juan José Li Ng y Carlos Serrano, "Covid-19 semana 16, SIR b(t), ARIMA y comparativo internacional", *op. cit.*

implementado medidas de mitigación, es conveniente relajar el supuesto y asumir que la tasa efectiva de contagio  $\beta(t)$  y por ende  $R(t)$  varían en el tiempo.

Intuitivamente, la metodología implementada por los autores se describe en la Figura 2, en la cual se muestran las curvas de infectados del modelo SIR para distintos  $\beta$ . Al aplicarse medidas de control se espera que la evolución del brote tenga una tasa efectiva de contagio que varía en el tiempo. Para medir esta variación los autores realizaron ajustes del modelo SIR variando el intervalo de tiempo. Ello les permitió identificar si las medidas han tenido impacto en la tasa de contagio efectiva a lo largo del brote.

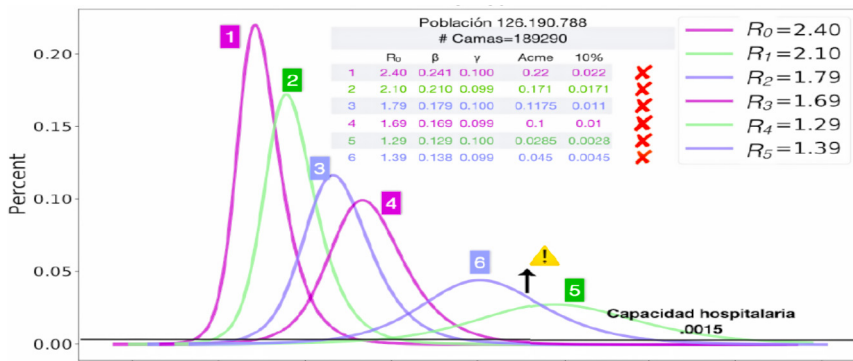
Los autores (Figura 3) sostienen que las medidas en México se implementaron oportunamente, se diseñó una estrategia adecuada a las condiciones críticas del país. Las medidas han sido efectivas, la movilidad decayó 60% desde la fase 2 en el área metropolitana, la cual fue considerada como el epicentro principal de la epidemia con 60% de los casos del brote en el país. Las simulaciones del modelo SIR ( $\beta, \gamma$ ) muestran curvas de infectados con menor  $R_0 = \beta/\gamma$ . México ha logrado tener éxito en la mitigación o “aplanamiento” del brote covid-19.

FIGURA 2  
Retrasos del pico, ajustes dinámicos a partir de la tasa de transmisión  $\beta$



Fuente: R.M. Vargas Magaña, M. Vargas-Magana, S. Fromenteau, “Impacto de las medidas de control en la evolución del brote covid-1”, *op. cit.*

FIGURA 3  
Resultados para México



Fuente: R.M. Vargas Magaña, M. Vargas-Magana, S. Fromenteau, “Impacto de las medidas de control en la evolución del brote covid-19”, *op. cit.*

El brote epidémico en México inicia el 19 de marzo con 118 infectados confirmados. Tras 18 días después supera los mil infectados, registrando 1 043 infectados acumulados al día 7 de abril. Lo anterior habla de un brote mitigado, es importante resaltar que México implementó medidas severas previas al inicio del brote, lo cual no se había suscitado en ningún caso europeo. La estrategia de contingencia covid-19 en el país contempló tres fases y en cada una de ellas se han determinado medidas de control, las cuales han permitido que el  $R_0$  se haya reducido de  $R = 2.409$  al inicio y bajó hasta  $R = 1.391$ .

Li Ng y Serrano,<sup>26</sup> con una metodología parecida a la de Vargas *et al.*<sup>27</sup> reconocen que ante el brote del covid-19, los gobiernos y las sociedades reaccionan para eliminar o contener la transmisión, lo que hace que el número básico de reproducción  $R_0$  disminuya. Estas acciones se hacen en diferentes etapas o en acciones y medidas incrementales a lo largo del tiempo.

Para una adecuada proyección de la evolución del padecimiento, sostienen que es necesario modelar la magnitud y evolución de  $R_0$ . Para el modelo SIR, en el tiempo  $t$  el número básico de reproducción está en función de los parámetros  $\beta$  y  $\gamma$ , es decir,  $R(t) = \beta(t)/\gamma(t)$ . Por simplicidad mantienen fijo  $\gamma(t) = t$ , por lo que  $R(t) = \beta(t)/\gamma$ , y así los cambios se modelarán en una variable.

<sup>26</sup> Juan José Li Ng y Carlos Serrano, “Covid-19 semana 16, SIR b(t), ARIMA y comparativo internacional”, *op. cit.*

<sup>27</sup> R.M. Vargas Magaña, M. Vargas-Magana, S. Fromenteau, “Impacto de las medidas de control en la evolución del brote covid-19”, *op. cit.*

Uno de los asuntos centrales de esta metodología es elegir la forma funcional de  $\beta(t)$ , y por tanto de  $R(t)$ , pudiendo ser discreta, lineal, exponencial o logística. Al calibrar los modelos, descartaron de inicio las primeras dos formas funcionales,<sup>28</sup> y decidieron utilizar la forma funcional logística.

Sostienen que este modelo sólo se usa para analizar las partes de crecimiento y descenso del padecimiento durante un periodo incremental de políticas y acciones de restricción social para contener el padecimiento. Cuando se empiezan a levantar o relajar estas medidas, este modelo ya no es adecuado.

En general, al simular el modelo SIR  $\beta(t)$  logístico para ciertos países europeos y México encuentran que el punto más agudo del padecimiento en estos países se llega entre 80 a 100 días después de los primeros cinco casos reportados. Si esto es cierto, el modelo SIR ajustado para México indica que se podría alcanzar el punto más alto de casos nuevos por covid-19 durante la tercera semana de mayo. Sin embargo, se observa que el crecimiento de los casos nuevos en México es más lento que en otros países que se encuentran en una fase más avanzada del ciclo de este padecimiento, por lo que el tiempo para llegar al punto más alto podría prolongarse.

En la Gráfica 8 se muestran las proyecciones de casos nuevos confirmados del modelo SIR  $\beta(t)$  logístico para México, donde se puede ver el buen ajuste del modelo a los datos observados.

Otros tipos de estudios aplicados van más allá del comportamiento del modelo SIR básico y la estimación del número máximo de infectados, algunos se centran en la estimación y análisis de la tasa de reproducción efectiva ( $R_e$ ), son los casos de Parr<sup>29</sup> y González y Rodríguez.<sup>30</sup>

Parr,<sup>31</sup> aparte de simular y analizar de manera crítica el SIR, profundiza en el cálculo y análisis de  $R_e$  para la Ciudad de México y el país entero. En un primer

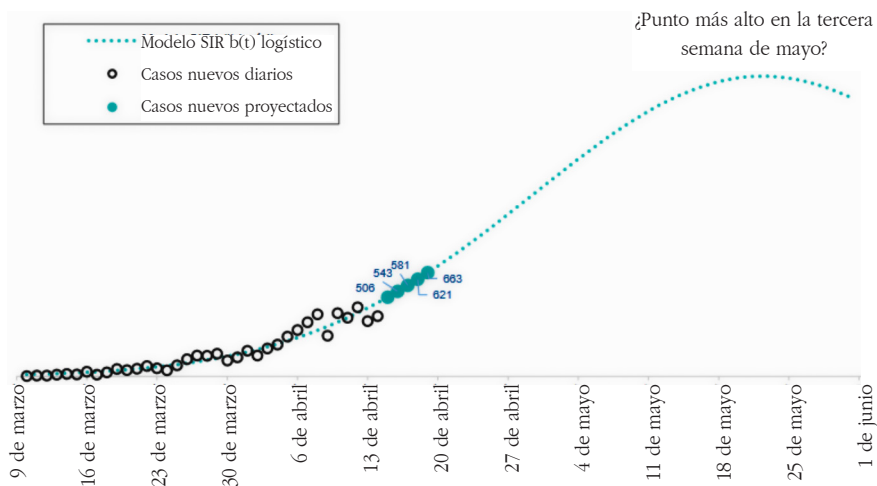
<sup>28</sup> La forma funcional discreta podría ser adecuada para modelar intervenciones en fases o etapas, sin embargo, el comportamiento de los brotes del covid-19 muestran que es gradual y no discreta. También descartaron el uso de la forma lineal debido a que en los algoritmos de optimización se obtenían algunas veces valores para  $(t)$  fuera de los parámetros aceptables. Juan José Li Ng y Carlos Serrano, "Covid-19 semana 16, SIR  $b(t)$ , ARIMA y comparativo internacional", *op. cit.*

<sup>29</sup> J. Parr, "Covid-19 data analysis, part 5: different models of infection rates in Mexico and what they tell us", *op. cit.*

<sup>30</sup> Graciela González Farías y Domingo Iván Rodríguez González, "Estimaciones de la tasa de reproducción efectiva  $R_t$  de covid-19 para los estados y zonas metropolitanas de México", 29 de septiembre de 2021, México, Conacyt-Cimat <[https://salud.conacyt.mx/coronavirus/investigacion/productos/rt/CIMAT\\_EstimacionRTCOVID\\_210908.pdf](https://salud.conacyt.mx/coronavirus/investigacion/productos/rt/CIMAT_EstimacionRTCOVID_210908.pdf)>.

<sup>31</sup> J. Parr, "Covid-19 data analysis, part 5...", *op. cit.*

GRÁFICA 8  
 Proyecciones de casos nuevos confirmados de covid-19 del modelo SIR  $\beta(t)$  logístico para México, del 15 al 19 de abril de 2020



Fuente: BBVA Research, p/ proyección.

momento, simula un SIR convencional, con la técnica de mínimos cuadrados (minimizando la suma de residuales al cuadrado de las observaciones con las estimaciones de las variables del modelo, principalmente para el número de infectados). El autor sostiene que tiene más sentido centrarse en la Ciudad de México, donde se ha concentrado la mayor cantidad de casos, lo cual es particularmente importante. Es probable que esto nos brinde el reflejo más preciso de las tasas de infección que se pueden esperar para el país en su conjunto.

Al simular el SIR para la CDMX, encuentra que cuando se extiende el modelo a un periodo de 180 días después del primer día de casos notificados, la incidencia acumulada prevista sugiere un pico de 79 022 infectados para el día 94 (que es el 31 de mayo de 2020). Para el día 180, un total de 2 232 154 personas se habrán infectado y recuperado o muerto. Como referencia, la población de la Ciudad de México es 9 018 652. Este modelo estima que el número básico de reproducción es de  $R_0 = 1.15$ . Esto es significativamente menor que las estimaciones de la tasa de reproducción de covid-19 de estudios en China. Es más bajo que las tasas generalmente aceptadas del SARS, que generalmente se encuentran entre 2.2 y 3.1.

Una desventaja de este estudio es que sus predicciones se basan en una tasa de reproducción fija, cuando puede ser más útil estimar la tasa de reproducción efectiva actual ( $R_e$ ). La forma en que se propagan las enfermedades infecciosas puede cambiar drásticamente en función de las intervenciones de políticas públicas: si bien una  $R_e$  inicial puede ser alta al comienzo de una pandemia, las medidas de distanciamiento social o la introducción de antivirales pueden reducirla.

Esto nos lleva a la pregunta ¿cómo está evolucionando en el tiempo el número de reproducción efectiva para la Ciudad de México y el país entero? Para responder la pregunta se estima el número efectivo de reproducción en intervalos de tiempo de siete días. Dado que el conjunto de datos hasta el momento tiene un total de 67 días de datos y es poco probable que el pico llegue pronto, estos números pueden cambiar significativamente con futuros aumentos en las pruebas o un aumento significativo en los casos.

Para evaluar esto, Jamie Parr<sup>32</sup> utiliza los registros existentes sobre casos importados y transmitidos localmente en la Ciudad de México, que se registran hasta el 7 de abril. Después de esto, asume que los casos subsiguientes son todos locales. Junto a esto, se imputa el intervalo serial ( $SI$ ), que es el tiempo entre el inicio de los sistemas de cada caso y el inicio de los síntomas de los casos secundarios resultantes de la transmisión de los casos primarios.

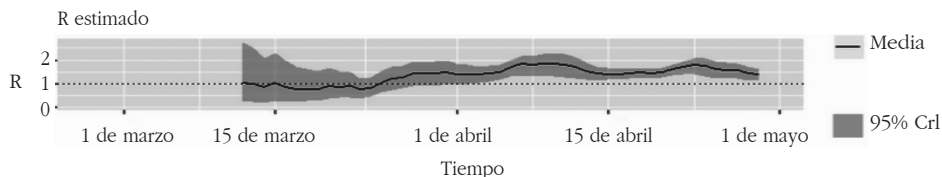
La evolución del número efectivo de reproducción se muestra en la Gráfica 9, sugiere que después de un pico inicial, la tasa de reproducción se estabilizó por debajo del rango esperado de 2-2.5 y está ligeramente por encima de la línea punteada de  $R = 1$ , el punto de inflexión en el que una enfermedad infecciosa se propaga ( $R_e > 1$ ) o muere ( $R_e < 1$ ). Para los días 61 a 67,  $R_e$  tiene una media de 1.37 y una desviación estándar de 0.73.

El gobierno federal anunció la suspensión de actividades no esenciales para toda la nación el 23 de marzo de 2020. En este contexto, se evidencia que se ha producido un descenso muy leve en el periodo más reciente, mientras que la tasa de reproducción superó a  $R_e = 2$  inmediatamente después del confinamiento. El aumento durante este tiempo podría ser un reflejo de cuán bajas fueron las pruebas durante los primeros 30 días.

Los datos para todo el país sugieren que después de tasas de reproducción artificialmente bajas debido a una falta total de detección, el  $R_e$  se acercó a las tasas aceptadas alrededor de 2 y sólo recientemente se estabilizó en una media de 1.36.

<sup>32</sup> *Idem.*

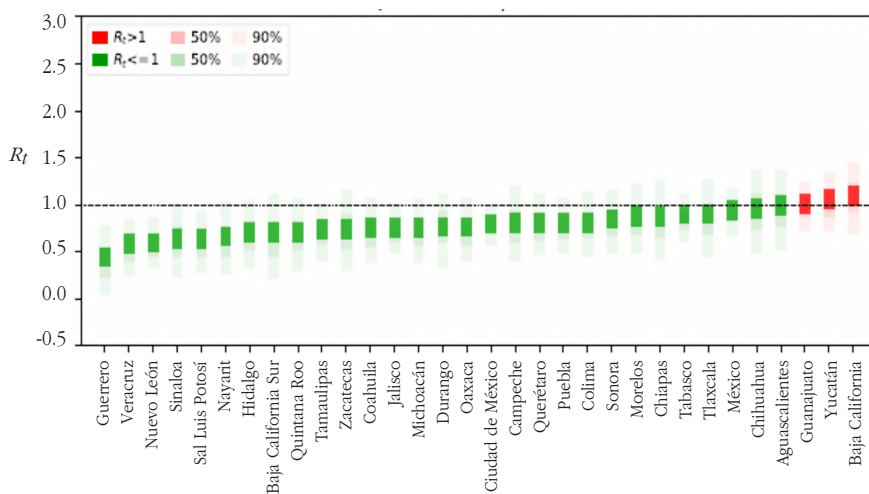
GRÁFICA 9  
Evolución de  $R_e$  para México



Fuente: J. Parr, "Covid-19 data analysis, part 5...", *op. cit.*

La evidencia proporcionada al estimar la tasa de reproducción sugiere que la propagación de la enfermedad es menor de lo esperado, aunque la falta de detección del número total de casos infectados en todas partes de México limita la capacidad de su predicción con precisión y el tiempo de propagación. Al paso del tiempo y ante las medidas de sanidad, distanciamiento social y uso de cubrebocas, el valor de  $R_e$  decreció. En la Figura 4 se muestran las estimaciones del  $R_e$  para los 32 estados de México, ordenados de manera ascendente. Se tomaron los datos de nuevos casos hasta el día 17 de septiembre de 2021. En verde se muestran los estados para los que el  $R_t$  estimado es menor a 1. Se incluyen los intervalos de máxima densidad del 50 y 90 por ciento.

FIGURA 4  
Valor de  $R_t$  más reciente para los 32 estados de México



Fuente: Graciela González Farías y Domingo Iván Rodríguez González, "Estimaciones de la tasa de reproducción efectiva  $R_t$  de covid-19 para los estados y zonas metropolitanas de México", *op. cit.*

## EL MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIR PARA LA COVID-19 EN MÉXICO

En este apartado se hace la modelación tanto del número de infectados, como de los efectos de las medidas sanitarias y de contención social. Para llevar a cabo tal simulación se utiliza una base de datos de la covid-19 reportada por la UNAM,<sup>33</sup> para ello se tomaron los casos positivos históricos diarios del SARS-CoV-2 de México de las tres primeras fases de la pandemia, que van del 27 de febrero al 17 de mayo de 2020.

El modelo SIR recuperado pretende ilustrar su funcionamiento dado que es el referente más extensivamente utilizado y mencionado en el análisis de la pandemia. Evidentemente, existen muchas extensiones, y cada una aporta más que el modelo SIR básico, pero que rebasan el objetivo de este estudio.

*Metodología*

A partir de la población de México simplificada en millones de millones, las condiciones iniciales  $S(0)$ ,  $I(0)$  y  $R(0)$ , asumiendo una  $\gamma$  constante y  $\beta(t)$  variable durante las tres primeras fases de la pandemia se simulan los efectos de las medidas de sanidad y distanciamiento social sobre el número máximo de infectados. Es necesario resaltar que la tasa de transmisión de la enfermedad  $\beta(t)$  se asume variable durante las tres primeras fases del proceso infeccioso debido, principalmente, a las medidas de intervención pública. Para la estimación de  $\beta(t)$ , se asume que durante las tres primeras fases la evolución del número de infectados se comporta de manera exponencial, ello permitirá captar una  $\beta(t)$  diferente para cada fase, en tanto que la tasa de recuperación  $\gamma = 1/14=0.07142$  se considera constante. Las estimaciones de  $\beta(t)$  se llevan a cabo en el software Gretl. La simulación se efectúa en dos escenarios: SIR sin intervención, y SIR con intervención (cuadros 2 y 3).

En los cuadros 2 y 3 se muestran las estimaciones de  $\beta(t)$  para cada fase, para ello se utiliza una especificación de modelos de regresión del tipo log-log,  $\text{INFEct} = \log a + \beta t$ , correspondiente a las fases con y sin intervención. Resalta la primera fase sin contención sanitaria, el cual contiene el valor más alto de  $\beta$ , igual a 0.3507, con  $\gamma$  constante, arroja una  $Re = 4.9$ , un valor alto de  $\beta(t)$  y  $Re$  son propios de las primeras fases de la pandemia, sin intervención pública. Posteriormente, los valores de la tasa de contagio ( $\beta$ ) comienzan a disminuir, conforme avanzan las fases de combate de la pandemia a partir

<sup>33</sup> Base de datos de la UNAM, *op. cit.*



CUADRO 2

*Sin intervención y con intervención en la primera fase*

Fase 1: del 27 de febrero al 24 de marzo	
Sin intervención 27 de febrero al 4 de marzo	Con intervención del 27 de febrero al 24 de marzo
Modelo: $INFEC7d = ae^{\beta t}$ $\ln INFEC7d = \ln a + \beta t$ Con MCO se obtiene: $\ln INFEC7d = 1.02159 + 0.350764 t$	Modelo: $INFEC28d = ae^{\beta t}$ $\ln INFEC28d = \ln a + \beta t$ Con MCO se obtiene: $\ln INFEC28d = 1.6969 + 0.21 t$
$R^2 = 0.99$	$R^2 = 0.98$
Durbin-Watson = 1.37	Durbin-Watson = 0.19
El modelo con la beta estimada es: $INFEC7d = 2.777 e^{0.3507t}$	El modelo con las beta estimada es: $INFEC28d = 5.457 e^{0.21t}$

CUADRO 3

*Con intervención durante la segunda y tercera fase*

Fase 2 dispersión comunitaria 25 de febrero al 21 de abril	Fase 3: Fase epidemiológica, 22 de abril al 17 de mayo
Con intervención 27 de febrero al 1 de abril	Con intervención 27 de febrero al 17 de mayo
Modelo: $INFEC35d = ae^{\beta t}$ $\log INFEC35d = \log a + \beta t$ Con MCO se obtiene: $\log INFEC35d = 1.96389 + 0.194384 t$	Modelo: $INFEC81d = ae^{\beta t}$ $\log INFEC81d = \log a + \beta t$ Con MCO se obtiene: $\log INFEC81d = 3.53254 + 0.108803 t$
$R^2 = 0.972$	$R^2 = 0.92$
Durbin-Watson = 0.099	Durbin-Watson = 0.02
El modelo de la beta estimada es: $INFEC35d = 7.13 e^{0.194384t}$	El modelo de la beta estimada es: $INFEC81d = 34.21 e^{0.108803t}$

de las medidas sanitarias, recordemos que México implementó medidas tales como el uso obligatorio del cubrebocas, del gel antibacterial y medidas de distanciamiento y control de concentraciones en centros públicos y de trabajo, medidas que indujeron a que la tasa de transmisión se redujera, de  $\beta = 0.21$  durante la primera fase, a  $\beta = 0.19$  en la segunda fase, tal que al término de la tercera fase la tasa de transmisión se situó en  $\beta = 0.10$ . Lo que nos indica la efectividad de las medidas.

CUADRO 4  
Resumen de  $\beta(t)$

$\text{INFEC7d}=2.777e^{0.3507t}$	$\text{INFEC28d}=57e^{0.21t}$	$\text{INFEC35d}=7.13e^{0.194384t}$	$\text{INFEC81d}=34.21e^{0.108803t}$
$\beta = 0.35076$	$\beta = 0.21$	$\beta = 0.194384$	$\beta = 0.108803$
$\gamma = 1/14=0.07142$	$\gamma = 0.07142$	$\gamma = 0.07142$	$\gamma = 0.07142$
$R_e = 4.9$	$R_e = 3.061$	$R_e = 2.72$	$R_e = 1.52$

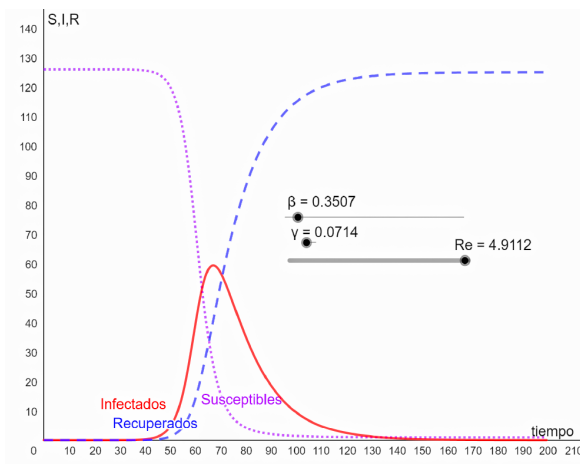
Así, ante una  $\beta(t)$  decreciente, indujeron a una reducción de  $R_e$ , los valores estimados de la tasa de reproducción efectiva confirman la caída, durante las fases 1, 2 y 3 de la pandemia, la evolución de  $R_e$  es decreciente, de 0.21, 2.72 y 1.52, respectivamente (Cuadro 4).

Evidentemente, los valores de  $\beta(t)$  y  $R_e$  decrecientes, se reflejan también en una reducción del número máximo de contagios. Ya en la fase 2, la curva de infectados se ha reducido notoriamente, de la fase 1 a la fase 2 el número de infectados pasó de 52 a 29 millones de personas, se percibe gran avance en el aplanado de la curva, aunque para ello se ha requerido de más tiempo. Este es uno de los resultados que más se ha difundido y que se ha impregnado en las mentes de las personas, por ello era importante dilucidar y mostrar gráficamente el sentido del aplanado de la curva; es el modelo más apropiado para explicarlo, aunque no necesariamente el más idóneo para estimar el número de infectados. Advertir que los valores simulados deben verse como un mero ejercicio sobre el comportamiento del número de infectados a partir del modelo SIR, con restricciones y limitaciones del modelo.

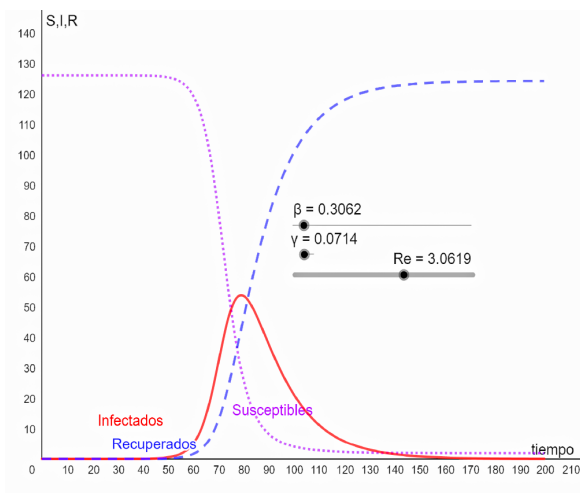
Efectivamente, el aplanado de la curva de infectados adquiere sentido, dadas las condiciones iniciales y los valores de  $\beta$  y  $R_e$  estimados para las fases intervención y no intervención. Si atendemos la fase sin intervención y la fase 1 con intervención, se percibe que el número de infectados, aproximadamente, desciende de 60 a 52 millones (gráficas 10 y 11). Evidentemente esto es a manera de ilustración, con el fin de mostrar la evolución del número de infectados en un contexto del SIR.

Con  $N = 126.014024$ ,  $S(0) = 126.014020$ ,  $I(0) = 4/1000000 = 0.000004$ ,  $R(0) = 0$ , y  $\gamma = 1/14 = 0.07142$  se realizaron las siguientes gráficas SIR:

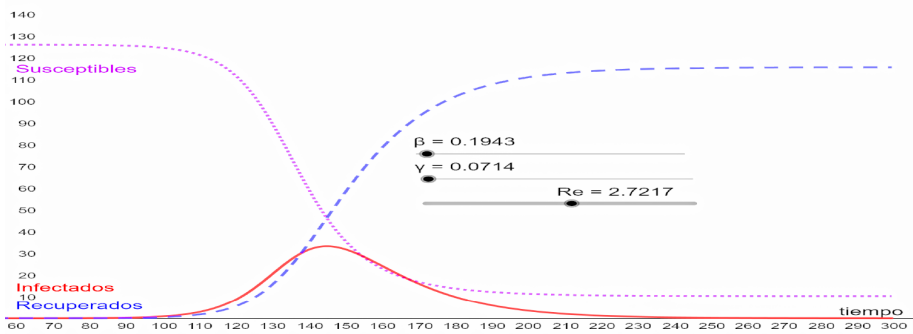
GRÁFICA 10  
 SIR México 7d sin intervención  $\beta = 0.35076$ ,  $R_e = 4.9112$



GRÁFICA 11  
 SIR México 28d con intervención  $\beta = 0.21$ ,  $R_e = 3.0619$



GRÁFICA 12  
 SIR México 35d dispersión comunitaria  $\beta = 0.194384$ ,  $R_e = 2.7217$



Fuente: elaboración con GeoGebra.

## CONCLUSIONES

Sin duda, existen otros modelos más sofisticados tales como el SEIR, SEIS, MSIR, SIRD, SEIRD, MSEIR, MSEIRS, por citar algunos, ninguno de éstos tiene la simplicidad del modelo SIR para explicar el proceso infeccioso de una pandemia. De aquí la importancia de retomarlo y mostrar su funcionamiento enfatizando en los determinantes del llamado “aplanado de la curva de infectados”.

Pese a sus restricciones debido a sus supuestos, es el modelo de referencia para el análisis y predicción de la propagación de una epidemia como la del covid-19, por su sencillez y carácter explicativo que ilustra su funcionamiento y, primordialmente, nos permite entender con nitidez el “aplanado de la curva de infectados” y los factores que la determinan.

En el caso del avance de la covid-19 para México, se muestran muy bien los efectos que tuvieron las medidas sanitarias y de contención social sobre “el aplanado de la curva”. En efecto, cuando se empezaron a cumplir los protocolos sanitarios (sana distancia, uso de cubrebocas, lavado de manos) implementados como una intervención de las autoridades sanitarias a partir de la fase 2, la curva de infección se aplanó. Lo cual se muestra con gran elegancia en las gráficas del modelo SIR, cuando baja la tasa de transmisión de la enfermedad, el número de infectados también.