



universidad
de león
Facultad de Ciencias
Económicas y Empresariales



FACULTAD DE CIENCIAS ECONÓMICAS Y EMPRESARIALES UNIVERSIDAD DE LEÓN

MÁSTER UNIVERSITARIO EN CIENCIAS ACTUARIALES Y FINANCIERAS (MUCAF)

TRABAJO FIN DE MÁSTER:

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS
COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE
(ANALYSIS OF THE SPREAD AND EVOLUTION OF THE COVID-
19 VIRUS WITH SIR MODELS. EVIDENCE FOR CHILE)

AUTOR: *Simón Pablo Contreras González*

TUTORA 1: *María del Carmen González Velasco*

TUTOR 2: *Francisco José Sáez Trujillo*

CURSO ACADÉMICO: 2019-2020

CONVOCATORIA: Septiembre

*“Cuando creíamos que teníamos todas las respuestas,
de pronto, cambiaron todas las preguntas”*

(Mario Benedetti)

*A Claudia, mi esposa, por mostrarme
que siempre habrá vida en mis sueños.*

AGRADECIMIENTOS

Agradezco sinceramente a quienes directa o indirectamente han contribuido en la realización de este trabajo.

A mis tutores, Carmen y Francisco, por su dedicación exhaustiva en cada una de las revisiones de este trabajo, a pesar de las complicaciones originadas por la pandemia e incluso en el periodo vacacional.

A mi esposa, Claudia, quien con su compañía, apoyo y ternura ha suavizado la crudeza del tema de investigación.

A mis padres, que, pese a la distancia, siempre han tenido una palabra de aliento cuando las cosas parecían imposibles.

A todos los docentes que me han formado durante estos años, de quienes me llevo su aprendizaje, sabiduría y, sobre todo, su valor humano.

ÍNDICE

1. Introducción	10
2. Breve historia de las pandemias	12
3. El modelo SIR.....	15
3.1. Generalidades y descripción inicial del modelo	15
3.2. Principios del modelo SIR.....	15
3.3. Modelo SIR tradicional.....	18
3.4. Modelo SIR con población variable.....	25
4. Evolución del virus Covid-19 en Chile	30
4.1. Situación general	30
4.2. Parámetros relevantes	31
5. Evolución y estimación de R_0 en Chile.....	32
5.1. Cálculo de R_0 mediante el modelo SIR tradicional.....	32
5.2. Cálculo de R_0 mediante el modelo SIR con N variable.....	33
5.3. Cálculo de R_0 mediante un método empírico.....	34
5.4. Estimación de R_0 mediante mínimos cuadrados	35
5.5. Cálculo de R_0 mediante la ecuación de susceptibles	36
5.6. Cifras reales de R_0	37
5.7. Modelo propuesto para estimar R_0 en Chile.....	38
5.8. Tendencia de R_0 en otros países.....	39
6. Resultados del modelo	41
7. Conclusiones y recomendaciones	46
Referencias	49
Anexo 1. Ecuaciones del modelo SIR tradicional	53
Anexo 2. Ecuaciones del modelo SIR con N variable.....	54
Anexo 3. Cálculo de R_0 (modelo SIR tradicional).....	55
Anexo 4. Cálculo de R_0 (modelo SIR con N variable)	57
Anexo 5. Resultados del modelo propuesto para Chile.....	58
Anexo 6. Resultados del escenario 1	59
Anexo 7. Códigos utilizados del programa R.....	60
Anexo 8. Código utilizado en Visual Basic.....	62

ÍNDICE DE GRÁFICOS

Gráfico 3.1. Simulación 1 del Modelo SIR	23
Gráfico 3.2. Infectados acumulados de la Simulación 1	23
Gráfico 3.3. Simulación 2 del Modelo SIR	24
Gráfico 3.4. Infectados acumulados de la Simulación 2	24
Gráfico 3.5. Extrapolación de la Simulación 2.....	25
Gráfico 3.6. Simulación 1 del Modelo con N variable	28
Gráfico 3.7. Total de fallecidos con N variable.....	29
Gráfico 3.8. Modelo con N variable	29
Gráfico 4.1. Evolución Covid-19 en Chile	30
Gráfico 4.2. Incidencia diaria del Covid-19 en Chile.....	30
Gráfico 4.3. Evolución de la tasa de mortalidad (λ) en Chile.....	31
Gráfico 4.4. Tasa de natalidad en Chile (2002-2019).....	31
Gráfico 4.5. Tasa de Mortalidad en Chile (2002-2019)	32
Gráfico 5.1. R_0 estimado en Chile mediante el Modelo SIR tradicional	33
Gráfico 5.2. R_0 estimado en Chile mediante el Modelo SIR con N variable.....	34
Gráfico 5.3. Estimación de R_0 en Chile mediante un método empírico	35
Gráfico 5.4. Estimación de R_0 en Chile mediante Mínimos Cuadrados.....	36
Gráfico 5.5. Estimación de R_0 en Chile mediante la Ecuación de Susceptibles.....	37
Gráfico 5.6. Cifras oficiales de R_0 en Chile.....	38
Gráfico 5.7. Modelo $mod(t)$ estimado para Chile	39
Gráfico 5.8. Evolución de R_0 en países de Latinoamérica	40
Gráfico 5.9. Evolución de R_0 en países de Europa	40
Gráfico 6.1. Estimación de R_0 para Chile mediante modelo $mod(t)$	41
Gráfico 6.2. Escenario optimista con la ecuación de Weibull.....	42
Gráfico 6.3. Evolución de R_0 en el escenario optimista	43
Gráfico 6.4. Escenario aleatorio	43
Gráfico 6.5. Evolución de R_0 en el escenario aleatorio	44
Gráfico 6.6. Escenario pesimista mediante ecuación exponencial.....	45
Gráfico 6.7. Evolución de R_0 en el escenario pesimista	46

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 3.1. Clases que componen la población del modelo SIR	18
Figura 3.2. Modelo SIR con población variable.....	25

RELACIÓN DE ABREVIATURAS UTILIZADAS

SIR: *Susceptible, Infectious y Recovered* (Susceptibles, Infectados y Recuperados).

$S(t)$: Población susceptible en el modelo SIR en el período t .

$I(t)$: Población infectada en el modelo SIR en el período t .

$R(t)$: Población recuperada en el modelo SIR en el período t .

$N(t)$: Población total en el período t .

R_0 : Número reproductivo básico.

$c(t)$: Tasa de infección o tasa de contagio.

$\nu(t)$: Tasa de Recuperación.

β : Probabilidad por unidad de tiempo de que una persona susceptible sea contagiada.

k : Número de interacciones un individuo.

γ : Proporción de infectados que se trasladan al grupo de recuperados.

m : Número de personas susceptibles que son vacunadas.

L : Periodo de transmisión.

ϕ : Tasa de Mortalidad.

η : Tasa de Natalidad.

λ : Tasa de Mortalidad por COVID-19.

$C(t)$: Número de individuos contagiados nuevos en el tiempo t .

Γ : Tasa a la que ocurren nuevos casos.

SCD : Suma de los cuadrados de la diferencia entre $I(t)$ y $\hat{I}(t)$.

$mod(t)$: Modelo propuesto.

$ST(t)$: R_0 estimado por el modelo SIR tradicional.

$SN(t)$: R_0 estimado por el modelo SIR variable.

$EM(t)$: R_0 estimado por el método empírico.

$MC(t)$: R_0 estimado por mínimos cuadrados.

$ES(t)$: R_0 estimado por la Ecuación de Susceptibles.

RESUMEN

En este trabajo se estudia el comportamiento y la evolución del virus Covid-19 en Chile a partir del modelo SIR, en su versión tradicional y variable, poniendo énfasis en la tasa de propagación en cada intervalo de tiempo. Por otro lado, se definen diferentes metodologías de estimación del número reproductivo básico (R_0), para luego proponer un modelo de aproximación de este parámetro que optimice de forma significativa las variables que lo modifican. Se obtienen cuáles deberían ser los niveles aceptables de contagio y recuperación para contener el avance del virus hasta que se logre alcanzar una vacuna eficaz. Finalmente se plantean posibles escenarios del avance de la pandemia y se sugieren algunas recomendaciones de contención.

PALABRAS CLAVE

COVID-19, Modelo SIR, propagación COVID-19, evolución COVID-19, número reproductivo básico.

1. INTRODUCCIÓN

Las graves consecuencias que se están produciendo a causa del brote pandémico Covid-19 alrededor del mundo han originado una reacción colaborativa de la sociedad, especialmente de la comunidad universitaria y científica, quienes, hoy más que nunca, están dispuestos a contribuir de forma proactiva en la contención del virus, en cada una de las disciplinas en las cuales se desenvuelven. Me ha parecido interesante realizar este trabajo porque el impacto del virus Covid-19 en la demografía mundial es aún indeterminado y resulta trascendental estudiar la pandemia para poder cuantificar la letalidad en cada país y así lograr dimensionar el daño demográfico que el virus provocará en la población actual, temas íntimamente ligados a las competencias del Máster Universitario en Ciencias Actuariales y Financieras (MUCAF). Además, las diversas habilidades y conocimientos adquiridos con la realización del MUCAF me han permitido analizar este gran desafío mundial ya que la adquisición de esta formación avanzada y multidisciplinar me ha facilitado la utilización de técnicas matemáticas para la modelización de la propagación y evolución de la pandemia en mi país, con la finalidad de contribuir a la toma de decisiones de las autoridades competentes, si así lo considerasen.

La letalidad en los seres humanos, la proyección de caída del PIB mundial en torno al 5% (Fondo Monetario Internacional, 2020), el colapso de los sistemas sanitarios, la mortalidad indirecta y la alteración de nuestros hábitos y costumbres, son algunos de los hechos que han llevado a que muchos estudiantes y docentes de distintas ramas profesionales estén contribuyendo activamente en la mitigación del avance de la actual epidemia que estamos padeciendo. Nuestro mundo nunca volverá a ser el mismo, incluso si es que se encuentra una vacuna efectiva contra virus, ya que siempre existirá la amenaza constante de un nuevo brote que perturbe nuestra frágil existencia. Por esta razón, en este documento se pretende explicar y aplicar algunas nociones matemáticas que permitan brindar un sustento empírico para ayudar a la toma de posibles decisiones por parte de las autoridades. Concretamente, el objetivo y propósito principal de este trabajo es analizar la propagación y evolución del virus COVID-19 en Chile a través del Modelo “Susceptible, Infectious y Recovered” (SIR), poniendo énfasis en el cálculo de la tasa de propagación en cada intervalo de tiempo. De esta manera, se pretende establecer cuáles deberían ser los niveles aceptables, de contagio y recuperación para contener el avance del virus, hasta que se logre obtener una vacuna eficaz. Así mismo, se estudia y

se aplica el modelo SIR con poblaciones variables para ajustar los resultados e interpretar con mayor exactitud los parámetros antes mencionados.

Por otra parte, la compleja situación económica producto de esta pandemia, ha impulsado los esfuerzos de la comunidad farmacéutica para lograr crear una vacuna efectiva y segura contra el virus. Periódicamente se puede ver en los medios de comunicación, noticias con las últimas actualizaciones y pruebas que se están realizando en los principales laboratorios a nivel mundial, para lograr este ansiado antídoto. Sin embargo, una vacuna efectiva para este virus, es aún incierta y poder lograrla tomará bastante tiempo, razón por la que la Organización Mundial de la Salud, advierte que esta pandemia aún está muy lejos de terminar (Nebehay y Farge, 2020). Bajo estas circunstancias, entender el comportamiento de la propagación del virus, especialmente en lo que se refiere a sus parámetros más importantes, brinda una gran herramienta a los gobiernos para lograr tomar medidas anticipatorias de mitigación en el caso de eventuales rebrotes de la infección, tal como ocurrió en 2009 con el brote de la gripe A/H1N1 (Ohkusa, Sugawara, Taniguchi y Okabe, 2011; Cruz-Pacheco, Esteva y Minzoni, 2010). Si bien es cierto que es difícil proyectar de manera exacta el comportamiento de una pandemia, existen diversas metodologías que permiten modelizar la propagación de esta, en base a variables propias de la enfermedad (Fresnadillo-Martínez, García-Sánchez, García-Merino, del Rey y García-Sánchez, 2013; Grassly y Fraser, 2008; Montesinos-López y Hernández-Suárez, 2007). Uno de estos modelos es el Modelo SIR, que busca proyectar la intensidad y la agresividad de una pandemia, en base a diversos parámetros (tasa de contagio, tasa de recuperación, número de susceptibles, número de contagiados y número de recuperados).

En la literatura actual, el modelo SIR es utilizado ampliamente como herramienta para predecir y monitorear el virus COVID-19. Ciertamente, existe un sinnúmero de enfoques posibles que pueden ser utilizados en la aplicación del modelo, desde la predicción de la evolución de la pandemia hasta la estimación aproximada del número reproductivo básico. En efecto, dentro de las diferentes perspectivas posibles del uso del modelo SIR, cabe mencionar que se ha analizado la evolución del virus COVID-19 en distintas comunidades, para determinar y cuantificar los diferentes parámetros de contagio y fallecimiento (Cooper, Mondal y Antonopoulos, 2020), las características claves de la pandemia COVID-19 y el efecto de las cuarentenas para proyectar el número reproductivo

básico en diversos países de Europa (Colombo, Garavello, Marcellini y Rossi, 2020), la proyección a corto plazo de nuevos infectados, el pronóstico del número máximo de casos activos y la evaluación del impacto del período de bloqueo y otras intervenciones en la India (Malavika et al., 2020) y el cálculo y la formulación matemática para estimar el número reproductivo básico R_0 a partir del modelo SIR y la información de la propagación del virus COVID-19 en Chile, para luego comparar su efectividad en el país y en otras comunidades en estudio (Contreras, Villavicencio, Medina-Ortiz, Saavedra y Olivera-Nappa, 2020).

La estructura de este trabajo es la siguiente: en el segundo apartado se estudia, de manera general, la historia de las pandemias de mayor impacto que se han generado en el mundo; en el tercer apartado se analiza teóricamente el modelo SIR para comprender cada una de las variables a utilizar, los supuestos necesarios, la base matemática que lo sustenta y las soluciones numéricas posibles; en el cuarto apartado se describen los datos utilizados a partir de la información estadística asociada a la evolución histórica del Covid-19 en Chile, actualmente disponible en la Organización Mundial de la Salud, en el Banco Mundial y en el Ministerio de Salud de Chile; en el quinto apartado se lleva a cabo el análisis empírico que consiste en analizar la propagación del virus en Chile, a través del estudio de la evolución del número reproductivo básico R_0 calculado a partir del Modelo SIR; en el sexto apartado se analizan y discuten los resultados de la modelización para advertir cuáles serán los umbrales máximos que se deben tolerar para no iniciar nuevamente una curva de contagio; y en el séptimo apartado se reflejan las conclusiones del trabajo.

2. BREVE HISTORIA DE LAS PANDEMIAS

En la historia de la humanidad, existe un sinfín de causas que amenazan nuestra vida y nuestra evolución, siendo una de ellas, la aparición de enfermedades desconocidas. Cuando sucede esto, se habla de una pandemia, que de acuerdo a la Real Academia Española (RAE), se define como “*una enfermedad epidémica que se extiende a muchos países o que ataca a casi todos los individuos de una localidad o región*”. Pese a esto, la ventaja empírica que existe es que, independiente del tipo de infección que se propague, de los parámetros observados que se presenten, de los impactos generados y de los

espacios temporales en que se desenvuelvan, todos los brotes pandémicos tienen una estructura bastante similar, lo cual posibilita la modelización de su comportamiento en la actualidad. El estudio y comprensión de las pandemias más relevantes de la historia, permitiría dilucidar ciertas tendencias que eventualmente podrían repetirse en posteriores enfermedades, lo cual cobra mucha relevancia si se toma en cuenta los posibles rebrotes cíclicos del actual virus COVID-19.

Se dice que las pandemias son las verdaderas genocidas de la historia, ya que, desde sus persistentes apariciones en el tiempo, han causado la muerte a millones de mujeres y hombres en distintas épocas, en distintos territorios y con distintas tecnologías. Uno de los registros más antiguos de estos desoladores eventos, están escritos en la Biblia, específicamente en el Libro de Isaías, en donde se puede observar que las enfermedades, en la antigüedad, eran atribuibles a la ira de Dios: “...y salió el ángel de Jehová y mató a ciento ochenta y cinco mil en el campamento de los asirios; y cuando se levantaron por la mañana, he aquí que todo era cuerpos de muertos” (Isaías 37: 36-38, Éxodo 9: 9). Como es de esperar, en ese entonces, era bastante entendible atribuir tal peste o tal condición patológica a una concepción divina, puesto que el conocimiento médico era tan precario, que era la única forma de darle explicación a innumerables enfermedades. Ahora bien, considerando los registros históricos de aquellas epidemias y enfermedades que más daño le han causado a la vida humana, se pueden tener mencionar las siguientes:

- Plaga de Atenas: se presenta en plena segunda Guerra del Peloponeso (431 Antes de Cristo) y es considerada una de las pandemias más antiguas de las que se tenga registro. De acuerdo a escritos de Tucídides (Vintró, 1968), la enfermedad fue de tal magnitud, que generó una mortalidad sin precedentes, mermando casi un tercio de la población ateniense, con una duración aproximada de cinco años y un impacto económico y social que perduró por más de 50 años (Jorge Dagnino, 2011). Fue tal el impacto de esta enfermedad, que muchos de los habitantes de Atenas, fervientes creyentes de los dioses del Olimpo, empezaron a perder la fe ante la gran mortalidad imperante en la época.
- Peste Negra (Peste Bubónica): es una de las epidemias que más ha golpeado a la humanidad, afectando, en el siglo XIV, a Europa, Asia y África. Se estima que cerca

de 200 millones de personas perdieron la vida a causa de esta enfermedad y que los daños sociales y económicos provocaron entre otras cosas, el ocaso de la Edad Media (Moreno-Sánchez et al., 2018).

- **Gripe española:** a finales de la primera Guerra Mundial (1914-1918), se propagó por todo el mundo, un brote del virus Influenza A (subtipo H1N1), el cual se originó en varios campamentos militares en Estados Unidos, quienes lo llevaron luego a Europa. Se la llamó así, principalmente por la neutralidad de España en la guerra, lo cual permitió la divulgación de esta información sin censura alguna, situación que no ocurría con la mayoría de los países beligerantes. Se estima que entre 50 y 100 millones de personas perdieron la vida producto de esta enfermedad y que hubo cerca de 500 millones de contagiados. Dentro de los aspectos más relevantes en relación a la evolución y contención de esta pandemia, destaca el hecho de que, a diferencia de anteriores enfermedades, la humanidad contaba en ese entonces con bastantes adelantos médicos, lo cual hacía suponer una mejor mitigación y control del virus. Sin embargo, esta situación no sucedió y sólo se evidenció la nula capacidad y eficacia de la medicina de ese entonces para poder limitar el avance de la gripe (Duro Torrijos y Tuells, 2015).
- **Pandemias recientes:** durante el siglo XXI se han originado varios brotes de enfermedades que no han tenido el impacto como las anteriores, pero que han sido igualmente difíciles de controlar, como la Gripe Aviar, el Ébola y la Influenza A/(H1N1). En todas ellas se han logrado mejores resultados de contención gracias a los avances de la medicina y al uso de modelos matemáticos capaces de predecir la evolución de estos brotes pandémicos. Actualmente la humanidad se ve enfrentada a una enfermedad que aún no tiene cura, el virus Covid-19, que se ha propagado por todo el mundo y aún no es posible dimensionar el impacto que causará a la raza humana. La única forma de luchar contra ella, es mediante medidas de confinamiento y distanciamiento social, por lo que se hace muy necesario la modelización de la evolución del virus, utilizando modelos matemáticos, para orientar las medidas impuestas por los estados.

3. EL MODELO SIR

3.1. GENERALIDADES Y DESCRIPCIÓN INICIAL DEL MODELO

El SIR es uno de los modelos más utilizados actualmente para explicar de manera simple la propagación y el comportamiento de un brote infeccioso. Fue creado por W.O Kermack y A.G. McKendrick (Kermack y McKendrick, 1927) y se basa en la utilización de tres ecuaciones diferenciales ordinarias que, en primera instancia, no tienen una solución directa o explícita, pero que, sin embargo, es posible estimar mediante la utilización de herramientas computacionales. Inicialmente el modelo divide a la población de tamaño N , en tres clases o estados:

- Población susceptible $S(t)$: fracción de la población N que podría contagiarse en el instante t . Inicialmente se dice que $S(0)=N$, ya que evidentemente no es posible tener contagios, antes que se inicie una pandemia.
- Población infectada $I(t)$: corresponde a aquella parte de la población que se ha contagiado y que tiene capacidad para propagar la infección a la población susceptible $S(t)$, en el instante t . Inicialmente el modelo considera que $I(0)=0$.
- Población recuperada $R(t)$: es la parte de la población que se ha recuperado de la enfermedad y que, por tanto, no tiene capacidad de transmitirla. Dentro de esta clase, el modelo considera la “recuperación” como aquellas personas que han sido removidos de la clase infectada, por inmunidad, muerte o aislamiento.

De acuerdo con estas variables, se observa que todas las personas que se contagian, deberían inicialmente estar sanas, después se enferman y posteriormente se recuperan, limitándose así la posibilidad que una persona perteneciente al grupo $R(t)$, se vuelva a contagiar. Considerando esto, se cumple la Ecuación 3.1:

$S(t) \rightarrow I(t) \rightarrow R(t)$ donde siempre se debe cumplir que:

$$N = S(t) + I(t) + R(t) \quad \forall t > 0 \quad (\text{Ecuación 3.1})$$

3.2. PRINCIPIOS DEL MODELO SIR

El modelo SIR, para que sea estadísticamente correcto y viable, siempre debe considerar una población N suficientemente grande para que las variables $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$, sean consideradas variables aleatorias continuas. Si esto no ocurre, no sería posible

utilizar técnicas de cálculo diferencial. Una vez considerado este requisito, existe una serie de postulados o supuestos, que son importantes para poder aplicar el modelo SIR. Estos principios son los siguientes (Uribarri, Rodríguez Meza y Cervantes Cota, 2013):

- Sólo existe una enfermedad que es capaz de generar la infección y la propagación en las personas susceptibles. Este concepto es de suma importancia ya que, busca evidenciar solo el impacto de la enfermedad, excluyendo posibles fusiones o mutaciones que deriven en otro comportamiento.
- El fin de la enfermedad siempre será el fallecimiento de la persona o la recuperación de la misma. Es fundamental señalar que en el Modelo SIR no existe la reinfección y la inmunidad parcial, ya que, si una persona se encuentra en esta situación, no podría ser clasificado en ninguno de los grupos de la población N y no sería factible realizar el modelo. Las infecciones que no concluyen con la recuperación o muerte del individuo infectado, se pueden analizar en los modelos de tipo SIRS, que son una variación de los modelos SIR y consideran este tipo de variables (Hern, 2014; Liu, Jiang, Hayat, Alsaedi y Ahmad, 2020). Sin embargo, no serán analizados en este trabajo, puesto que no existe evidencia significativa que demuestre que el virus COVID-19 pueda generar reinfección.
- Al ser la población una variable continua, cada individuo perteneciente a N , independiente de la clase en que se encuentre, tiene la misma probabilidad de coincidir con otro individuo y, por tanto, todo individuo susceptible tiene la misma probabilidad de contraer la enfermedad (Brauer, Fred; Castillo, C.; Feng, 2000).
- El tamaño de cada clase de la población N , se irá alterando en el tiempo de acuerdo a una tasa definida. Esto quiere decir que, a la clase $I(t)$ se incorporará un cierto número de individuos de la clase $S(t)$ que se han contagiado, a una determinada tasa de infección o tasa de contagio $c(t)$. Es evidente que no todos los contactos de las personas contagiadas con aquellas de la clase $I(t)$, generarán con certeza la transmisión de la enfermedad, ya que existen innumerables variables que inciden y atenúan esta probabilidad. Para lograr interpretar esta situación, se define una probabilidad de contacto llamado β , que se entiende como la probabilidad por unidad de tiempo de que una persona susceptible sea realmente contagiada. Para obtener la tasa de

contagio $c(t)$, debemos considerar los porcentajes de las siguientes fracciones de cada clase (Ecuación 3.2):

$$s(t) = \frac{S(t)}{N}; \quad i(t) = \frac{I(t)}{N}; \quad r(t) = \frac{R(t)}{N} \quad \text{con} \quad s(t) + i(t) + r(t) = 1 \quad (\text{Ecuación 3.2})$$

donde:

$s(t)$ es el porcentaje de personas susceptibles sobre la población de tamaño N .

$i(t)$ es el porcentaje de personas infectadas sobre la población de tamaño N .

$r(t)$ es el porcentaje de personas recuperadas sobre la población de tamaño N .

Considerando las ecuaciones anteriores, la probabilidad de contagio para un individuo de la clase $S(t)$, en un intervalo de tiempo Δt , se define como la probabilidad que este sujeto susceptible sea contagiado por una persona infectada (es decir β), incorporando, además, el hecho que esa persona susceptible también haya interactuado con k individuos distintos, de los cuales no se tiene certeza a qué clase corresponden, y por tanto, poseen una probabilidad $i(t)$ de estar realmente infectados. Matemáticamente se expresa tal como se indica en la Ecuación 3.3:

$$c(t)_{1 \text{ persona}} = \beta \frac{I}{N} k \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.3})$$

Ahora bien, para el total de personas de la clase $S(t)$, la tasa de contagio $c(t)$ se calcula como en la Ecuación 3.4:

$$c(t) = \beta S \frac{I}{N} k \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.4})$$

- Siguiendo la misma lógica anterior, a la clase $R(t)$, se integrarán todos aquellos individuos de la clase $I(t)$ que logren recuperarse a una tasa de recuperación $\nu(t)$ que está proporcionalmente relacionada a la clase $I(t)$. Esta tasa de recuperación por unidad de tiempo, se expresa como el producto de la cantidad de infectados $I(t)$ y la tasa de retiro γ , donde γ corresponde a la razón que se trasladan pacientes enfermos al grupo de recuperados. Por lo tanto, se tiene que $\nu(t) = I(t)\gamma$.
- El modelo SIR, además, posee una serie de condicionantes iniciales y finales que deben cumplirse para lograr determinar el comportamiento de la pandemia. De este modo, se tienen tres escenarios posibles:

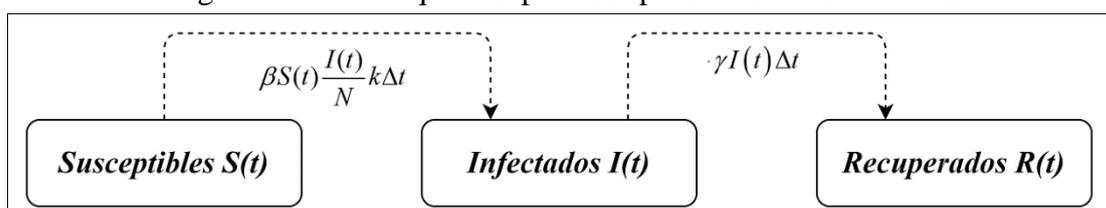
- Antes que se inicie la infección: en una población N , en donde no existe brote infeccioso, siempre se tendrá que $S(t)=N$, $I(t)=0$ y $R(t)=0$.
- Inicio de la infección: cuando se observa el primer caso infeccioso en una población N , se tiene que $S(t)=N-1$; $I(t)=1$; $R(t)=0$. Este dato es bastante importante, ya que posibilita generar la trazabilidad de la enfermedad desde el primer infectado.
- Fin de la infección: teniendo en cuenta el comportamiento de las tasas de contagio y recuperación, es posible estimar el fin de la pandemia, donde: $S(t)=N-X$; $I(t)=0$; $R(t)=X$ (con $N \geq X$), siendo X el número total de infectados ya recuperados. La relevancia de estas igualdades es que el término de la pandemia no implica necesariamente que todos los individuos susceptibles se contagien, sino que, independiente del tamaño de la población N y del tiempo transcurrido, el número de infectados sea 0.

3.3. MODELO SIR TRADICIONAL

3.3.1. Ecuaciones del modelo

El modelo SIR tradicional, además de los principios generales anteriormente señalados, tiene como particularidad que considera un periodo de tiempo muy pequeño desde que se produce el contagio hasta que ese individuo pueda transmitir la enfermedad. Esto quiere decir que una persona que adquiera la infección, en ese mismo instante podría contagiar a individuos susceptibles. También tiene como condición, que no existen muertes ni nacimientos durante el período que dure la pandemia, para de esta forma, mantener la población N constante, lo cual es uno de sus inconvenientes ya que en la realidad tienen lugar muertes y nacimientos. Así pues, las clases que componen la población N , se pueden observar en la Figura 3.1.

Figura 3.1. Clases que componen la población del modelo SIR



Fuente: elaboración propia

Por consiguiente, se puede aseverar que la clase $I(t)$ siempre aumentará mientras se cumpla la condición $c(t) > v(t)$. Esta consecuencia es muy relevante, ya que permite analizar en cualquier tiempo t , la agresividad de una pandemia. Ahora bien, si se define un tiempo extremadamente pequeño (Δt), cada clase variará su población según las Ecuaciones 3.5 a 3.7:

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta S(t) \frac{I(t)}{N} k \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.5})$$

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta S(t) \frac{I(t)}{N} k \Delta t - \gamma I(t) \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.6})$$

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma I(t) \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.7})$$

Como se puede apreciar, el tamaño de la población de cada clase estará en constante movimiento según las tasas de contagio y recuperación, por lo que es posible definir estas variaciones en tres ecuaciones diferenciales (Ecuación 3.8 a 3.10), transformando el incremento de tiempo, en su respectiva condición diferencial (Anexo 1):

$$\frac{dS}{dt} = - \left(\beta S \frac{I}{N} k \right) \quad (\text{Ecuación 3.8})$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \gamma I \quad (\text{Ecuación 3.9})$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (\text{Ecuación 3.10})$$

Estas tres ecuaciones diferenciales interpretan de manera simple los cambios en el tiempo de la población de cada clase. Se verifica que inicialmente todas las clases tienen un tamaño mayor o igual a cero y que, por otro lado, como N es constante, siempre la suma de ellas dará como resultado el tamaño total de la población (Ecuación 3.11).

$$S(0) \geq 0; \quad I(0) \geq 0; \quad R(0) \geq 0$$

$$S(t) + I(t) + R(t) = N \quad (\text{Ecuación 3.11})$$

3.3.2. Número básico de reproducción R_0

Para estudiar si una enfermedad es endémica o no, se define un indicador llamado número básico de reproducción, el cual se denota por R_0 , que se puede interpretar como la tasa a la que se propaga la infección, o también, como el promedio de los contagios

que se generan cuando un individuo de la clase $I(t)$ interactúa con una población susceptible. Dependiendo del valor del parámetro R_0 , es posible pronosticar la complejidad de la pandemia en el tiempo t . La composición de R_0 se obtiene de las ecuaciones diferenciales del modelo SIR (Ecuaciones 3.8 a 3.10).

Se observa que la Ecuación 3.8 tiene pendiente negativa, lo cual muestra que los individuos susceptibles siempre disminuirán. Por otro el contrario, en la Ecuación 3.10, la pendiente es positiva, lo cual señala que la población de recuperados siempre aumentará. En el caso de la Ecuación 3.9, en donde se encuentra implícito el parámetro R_0 , la población de infectados $I(t)$, dependerá del valor de los parámetros γ , β y k . Es decir:

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \gamma I = \left(\frac{\beta S}{N} k - \gamma \right) I$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta k \left(\frac{S}{N} - \frac{\gamma}{\beta k} \right) I$$

$$\therefore I' = \frac{dI}{dt} > 0 \Leftrightarrow \frac{\gamma}{k\beta} < \frac{S}{N}$$

$$\therefore I' = \frac{dI}{dt} < 0 \Leftrightarrow \frac{\gamma}{k\beta} > \frac{S}{N}$$

Si $I' > 0$ implica que la pandemia no está siendo controlada o que las medidas de contención no son suficientes, lo cual produce que la población $I(t)$ aumente en el tiempo. Ahora bien, si $I' < 0$, la población de infectados se reduce mitigándose la propagación de la infección. En otras palabras, para tomar buenas decisiones de control y suavizar la evolución de la pandemia, los parámetros claves a considerar son la probabilidad de contacto β , el número de individuos de interacción k y la tasa de retiro γ , los cuales componen el valor del parámetro R_0 (implícito en la Ecuación 3.9). De acuerdo con esto se obtiene R_0 (Ecuación 3.12):

$$\frac{dI}{dt} = k\beta \left(\frac{S}{N} - \frac{\gamma}{k\beta} \right) I$$

$$\frac{dI}{dt} = k\beta \left(\frac{S}{N} - \frac{1}{R_0} \right) I$$

$$R_0 = \frac{k\beta}{\gamma} \tag{Ecuación 3.12}$$

En consecuencia, el factor R_0 está contrastando la tasa a la que está creciendo la enfermedad ($k\beta$) con la tasa a la que se está recuperando (γ). Es decir:

$$R_0 = \frac{k\beta}{\gamma} < 1 \rightarrow k\beta < \gamma \rightarrow \frac{dI}{dt} < 0 \quad \therefore \text{control}$$

$$R_0 = \frac{k\beta}{\gamma} > 1 \rightarrow k\beta > \gamma \rightarrow \frac{dI}{dt} > 0 \quad \therefore \text{pandemia}$$

Por esta razón, en la mayoría de los países, la estrategia principal está enfocada en reducir el factor R_0 y que esa disminución sea estable en el tiempo. Esto se puede lograr mediante tres maneras, las cuales son las que actualmente se aplican para contener el COVID-19:

- Limitar las formas de contagio entre los individuos, es decir, reducir el parámetro β mediante la utilización generalizada de mascarillas. Esto generará una disminución de la probabilidad de contagio por contacto entre contagiados y susceptibles.
- Disminuir el número de interacciones que tenga cada uno de los individuos susceptibles, es decir, limitar k mediante políticas de cuarentena para que así los individuos disminuyan al máximo todas las relaciones posibles.
- Aumentar la tasa de recuperados γ , mediante tratamientos que logren reducir la población de infectados $I(t)$. Para esto se requiere que exista un buen sistema de salud que permita tratar con eficiencia la mayor cantidad de individuos contagiados.

3.3.3. Impacto e importancia de las vacunas

En la evolución de una pandemia la inserción de una vacuna, dependiendo de su eficacia, tendrá un impacto significativo en la población infectada. Esta situación se explica principalmente porque todos aquellos individuos susceptibles que han sido vacunados serán trasladados directamente a la población de recuperados sin pasar por la etapa de infección. Matemáticamente esta situación se puede expresar como otra forma de disminuir la población de infectados y, por tanto, controlar la pandemia, ya que mientras más se reduzca la población $S(t)$, menor será la población de contagiados activos $I(t)$:

$$\frac{dI}{dt} = \left(\frac{S}{N} - \frac{1}{R_0} \right) I \quad \frac{R_0 S}{N} < 1 \rightarrow \frac{dI}{dt} < 0 \quad \therefore \text{control}$$

$$\frac{dI}{dt} = \left(\frac{R_0 S}{N} - 1 \right) \frac{I}{R_0} \quad \frac{R_0 S}{N} > 1 \rightarrow \frac{dI}{dt} > 0 \quad \therefore \text{pandemia}$$

Ahora bien, sea m la cantidad de personas susceptibles que son vacunadas, se observa que la población $S(t)$ se reducirá a $S(t)-mS(t)$ en el instante t , lo cual, expresándolo en términos de la ecuación anterior, se obtiene que (Ecuación 3.13):

$$\frac{dI}{dt} = \left(\frac{R_0 S(1-m)}{N} - 1 \right) \frac{I}{R_0} \quad (\text{Ecuación 3.13})$$

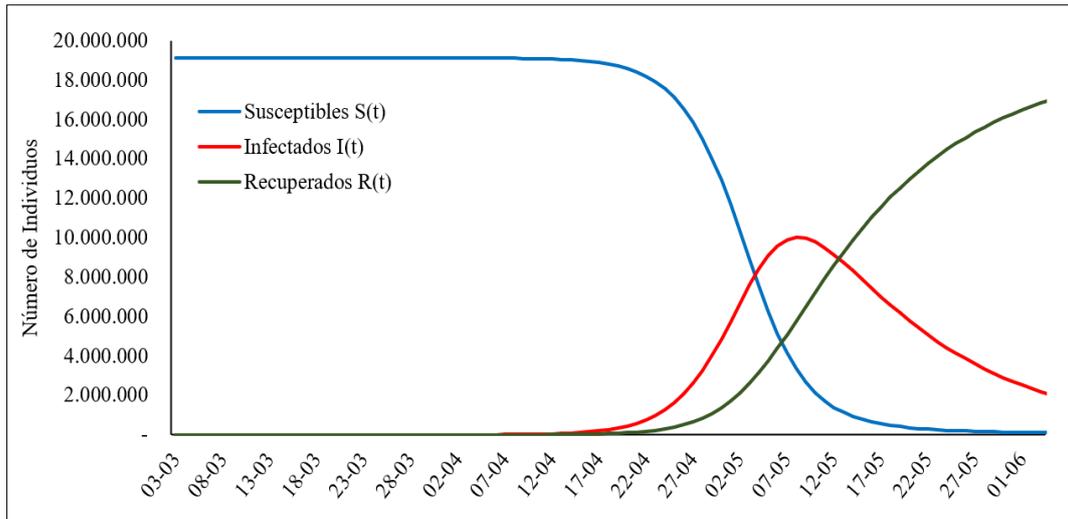
En esta ecuación se puede visualizar que, mientras mayor sea el número de individuos vacunados, menor será la cifra de contagiados, independiente del valor de los parámetros de control que componen R_0 (γ , β y k).

3.3.4. Solución numérica y simulación del modelo SIR tradicional

El sistema de ecuaciones diferenciales antes descrito no posee una solución analítica calculable manualmente, lo cual, hace indispensable estimar soluciones a partir de programas computacionales robustos. A modo de ejemplo, se realizan varias simulaciones con datos reales de la evolución de la pandemia en Chile (Minsal Chile, 2020) mediante la utilización del programa R (paquete *deSolve*). Considerando que el período de transmisibilidad (L) en Chile es de 14 días (Colegio Médico de Chile y Sociedad Chilena de Infectología, 2020) y suponiendo que la tasa de recuperación es la inversa del período de transmisibilidad (Chang, 2017), se deduce que $\gamma=1/L=0,0714$. Por otro lado, como β es una probabilidad de contagio, debe ser un valor entre 0 y 1, y k al ser el número de interacciones que tiene cada individuo susceptible, puede ser mayor que uno (por esta causa, βk podría ser mayor que uno).

Escenario 1: Sea $N=19.134.898$; $S_0=19.134.897$; $I_0=1$; $R(0)=0$; parámetros estimados por método de mínimos cuadrados con los datos del primer mes de infección, es decir, desde el 3 de marzo al 3 de abril ($k\beta=0,38384$; $\gamma=0,0714$; $R_0=5,37$). Se ha tomado este intervalo de tiempo, para observar la evolución de la pandemia sin medidas de cuarentena en el país. De acuerdo con estos datos se definen las ecuaciones diferenciales en R y se busca una solución estimada, que se puede observar en el Gráfico 3.1.

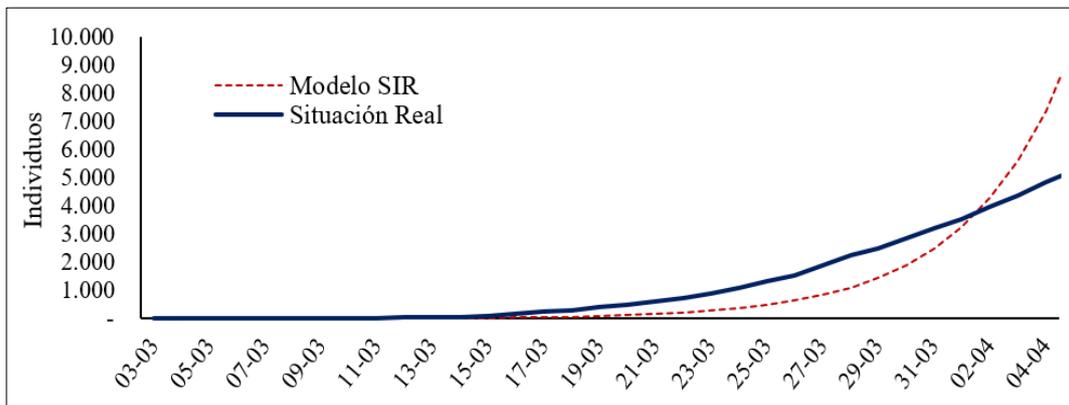
Gráfico 3.1. Simulación 1 del Modelo SIR



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Para esta primera simulación, en donde $R_0=5,37$, se observa que la proyección, es significativamente compleja, ya que se espera que el máximo de contagiados sea sobre los 10 millones de individuos. Sin embargo, para los primeros 30 días, es posible ver cierta concordancia con la realidad, ya que, como R_0 está ajustado al nivel acumulado de infectados por mínimos cuadrados, el modelo SIR se asemeja significativamente a la situación de Chile, tal como se muestra en el Gráfico 3.2.

Gráfico 3.2. Infectados acumulados de la Simulación 1

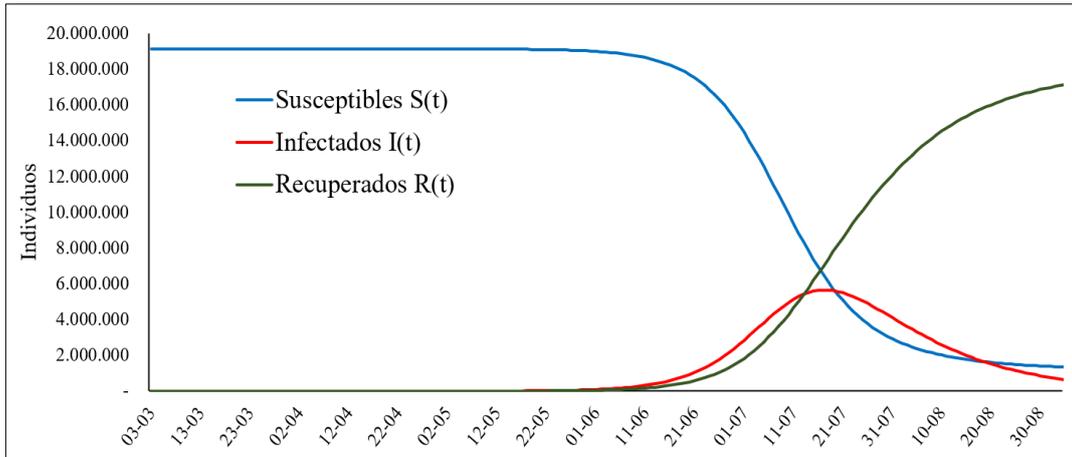


Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Se aprecia que el número de infectados acumulados, aumenta exponencialmente, ya que, en los primeros 30 días de infección, no se decretaron medidas de confinamiento que controlen los parámetros de R_0 .

- Escenario 2: Con los datos del escenario anterior, pero ahora con R_0 estimado a tres meses ($k\beta=0,21$; $\gamma=0,07$; $R_0=2,90$) se obtendría la siguiente gráfica (Gráfico 3.3).

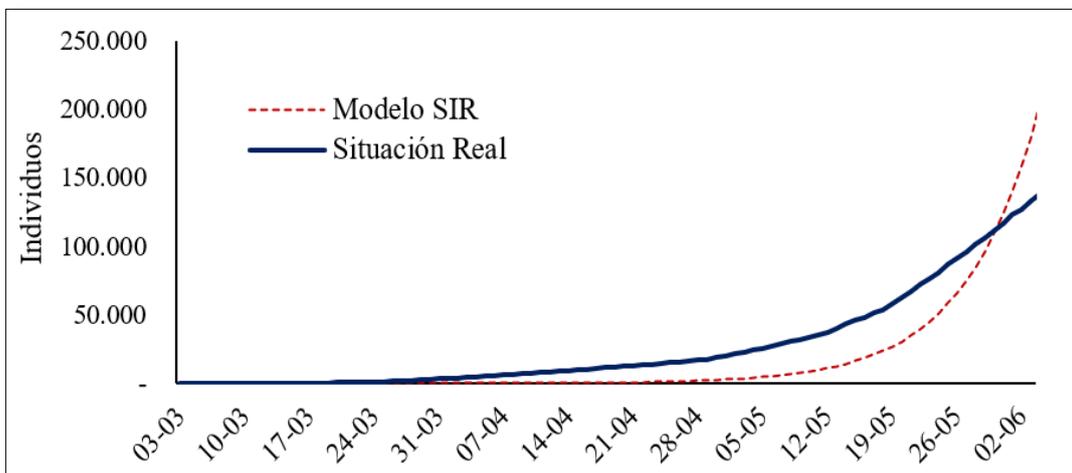
Gráfico 3.3. Simulación 2 del Modelo SIR



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

En este escenario, se observa que la tasa de contagio $k\beta$, es mucho menor que en el caso anterior, lo cual indica claramente que las medidas de confinamiento y prevención han generado un significativo impacto en la evolución de la pandemia. Esta disminución también indica que la pandemia no ha mostrado un comportamiento tan acelerado como se esperaba, ya que el número de contagiados, aunque es alto, se ha distribuido en el tiempo, como se observa en el Gráfico 3.4.

Gráfico 3.4. Infectados acumulados de la Simulación 2

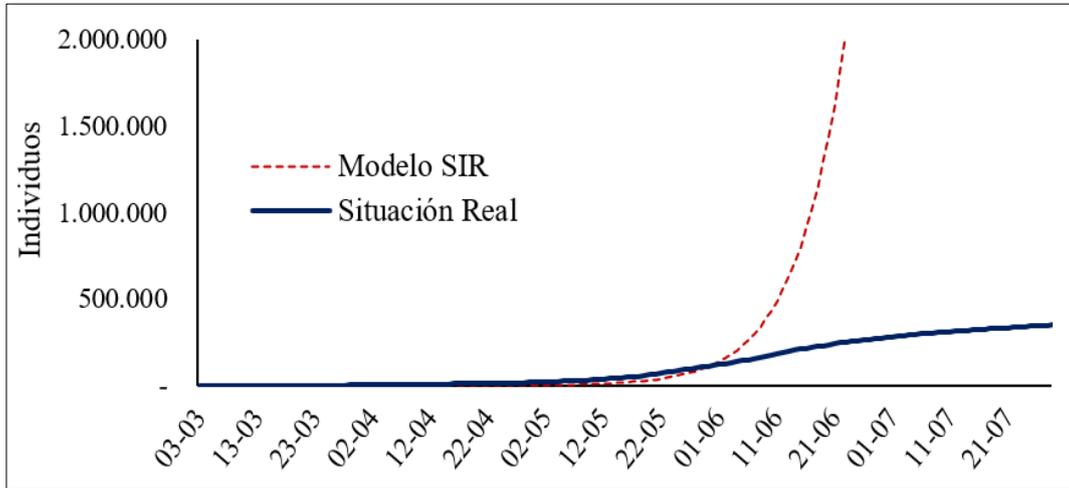


Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Como se puede observar, el Modelo SIR sirve como un indicativo inicial para la interpretación del comportamiento y evolución de una pandemia, pero sus pronósticos carecen de precisión, ya que, si extrapolamos esta simulación a los meses siguientes, se obtiene una curva estimada mucho más agresiva que la realidad. Esto se debe básicamente porque los parámetros calculados sólo tienen en cuenta el

periodo temporal de tres meses y el modelo SIR los proyecta a los meses siguientes sin considerar los posibles cambios futuros producidos en estos indicadores (Gráfico 3.5).

Gráfico 3.5. Extrapolación de la Simulación 2



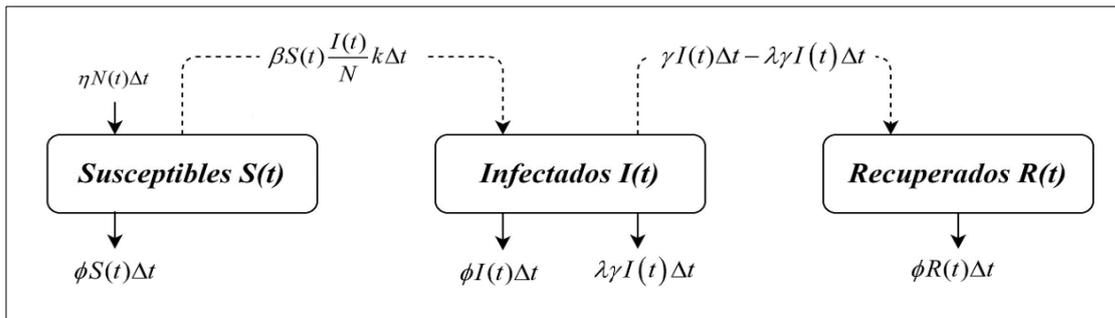
Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

3.4. MODELO SIR CON POBLACIÓN VARIABLE

3.4.1. Ecuaciones del modelo

Se debe ampliar y fortalecer el Modelo SIR, considerándose nuevos parámetros capaces de interpretar la variabilidad de la población N . Estas variables son la tasa de mortalidad y natalidad derivadas del ciclo vital del ser humano y, por otro lado, la tasa de mortalidad como consecuencia del brote pandémico. Teniendo en cuenta que ϕ es la tasa de mortalidad, η la tasa de natalidad en un periodo de tiempo t y λ la proporción de individuos infectados que dejan de estar infectados pero que mueren producto de la enfermedad, se obtiene la siguiente estructura (Figura 3.2).

Figura 3.2. Modelo SIR con población variable



Fuente: elaboración propia

Es evidente que, en este modelo, N ya no será un parámetro constante, sino que dependerá de las entradas y salidas de individuos en cada clase en un espacio temporal t , ergo, si se agregan estas nuevas variables al Modelo SIR tradicional, se obtiene las Ecuaciones 3.14 a 3.16:

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} k \Delta t - \phi S(t) \Delta t + \eta N(t) \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.14})$$

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} k \Delta t - \phi I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - (\gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t) \quad (\text{Ecuación 3.15})$$

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - \phi R(t) \Delta t \quad (\text{Ecuación 3.16})$$

Se observa que el tamaño de la población $N(t)$ ahora tiene comportamiento variable y, por lo tanto, la igualdad $S(t) + I(t) + R(t) = N(t)$ solo se cumple inicialmente ya que, para un tiempo $t + (\Delta t)$, la suma de las clases podría ser menor, igual o mayor a la totalidad de la población. Ahora bien, para definir las ecuaciones diferenciales del modelo, nuevamente se debe transformar el incremento en tiempo (Δt) en su respectiva diferencial (dt), obteniéndose las siguientes ecuaciones (Ecuaciones 3.17 a 3.19 y Anexo 2):

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} k - \phi S + \eta N \quad (\text{Ecuación 3.17})$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - I(\phi + \gamma) \quad (\text{Ecuación 3.18})$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(1 - \lambda) - \phi R \quad (\text{Ecuación 3.19})$$

3.4.2. Número básico de reproducción R_0

Al igual que en el Modelo SIR tradicional, el valor de R_0 (Ecuación 3.20) se obtiene de la ecuación de infectados, que ahora depende también de ϕ , generándose la siguiente igualdad:

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - I(\phi + \gamma) = \beta k \left(\frac{S}{N} - \frac{(\phi + \gamma)}{\beta k} \right) I$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta k \left(\frac{S}{N} - \frac{1}{R_0} \right) I$$

$$R_0 = \frac{\beta k}{(\phi + \gamma)} \quad (\text{Ecuación 3.20})$$

El valor de R_0 ahora considera el ciclo vital del ser humano en un espacio de tiempo t , lo cual lo hace un poco más cercano al comportamiento de una pandemia. Al igual que el Modelo SIR tradicional, si $R_0 < 1$ el número de infectados se reduce en el tiempo, evidenciando un control del brote infeccioso, pero si $R_0 > 1$ se evidencia un descontrol de la pandemia. No es trivial comentar que el valor de R_0 para este modelo, será siempre menor que en el modelo anterior ya que en el denominador del parámetro siempre existirá un valor ϕ positivo que disminuirá el parámetro.

3.4.3. Impacto de las vacunas

Al igual que en el Modelo SIR tradicional, m es el porcentaje de personas susceptibles que son vacunadas, reduciendo la población $S(t)$ a $S(t) - mS(t)$ en el instante t , lo cual, se observa en la Ecuación 3.21:

$$\frac{dI}{dt} = \beta k \left(\frac{S(1-m)}{N} - \frac{(\phi + \gamma)}{\beta k} \right) I \quad (\text{Ecuación 3.21})$$

donde, si m se aproxima a 1, la población susceptible será mucho menor que N , lo cual generará que la población de infectados disminuya independiente de los otros parámetros.

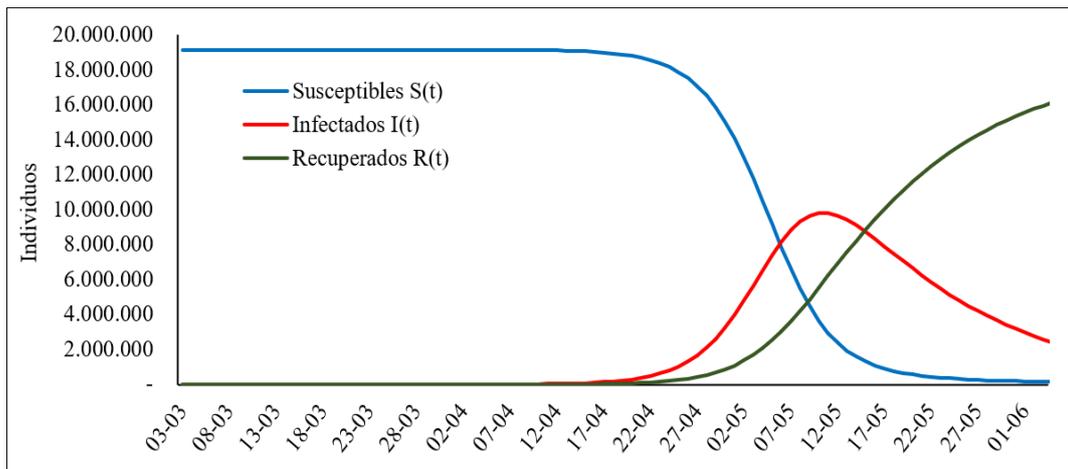
3.4.4. Simulación del modelo SIR con N variable

La aplicación de este modelo al contexto chileno, requiere estimar los valores de ϕ , η y λ mediante los datos de mortalidad y natalidad obtenidos desde el Departamento de Estadísticas e Información de Salud (DEIS Chile, 2020):

- *Tasa de mortalidad (ϕ):* en el año 2019, en Chile se produjeron 109.369 defunciones, que corresponde a una tasa anual de mortalidad de 0,57% y una mortalidad diaria de $\phi=0,0016\%$.
- *Tasa de natalidad (η):* en el mismo año, se registraron 210.863 nacimientos en el país, lo cual corresponde a una tasa anual de natalidad de 1,10% y una tasa diaria de natalidad de $\eta=0,00302\%$.

- *Tasa de mortalidad derivada del Covid-19 (λ):* este parámetro se estima utilizando la información de individuos que se han contagiado, pero que ya no son infecciosos, ya sea por recuperación o por muerte. En efecto, a 10 de agosto de 2020 este número de personas es de 347.342, de los cuales 10.139 han fallecido producto del virus. Por lo tanto, λ se corresponde con la proporción de individuos que superaron la infección, pero que han fallecido, es decir $\lambda = 2,92\%$.
- Escenario 1: Sea $N_0=19.134.898$; $S_0=19.134.897$; $I_0=1$; $R_0=0$; situación inicial sin medidas de confinamiento; R_0 estimado con información desde el 3 de marzo al 3 de abril. Considerando además que $\gamma=0,0714$, $\phi=0,0016\%$, $\eta=0,0030\%$ y $\lambda=2,92\%$, se definen las ecuaciones diferenciales en el programa RStudio y se ajusta a la situación chilena mediante el método de mínimos cuadrados de los errores, obteniéndose un valor estimado de $R_0=5,2$ ($k\beta=0,37$; $\gamma=0,07$) (Gráfico 3.6).

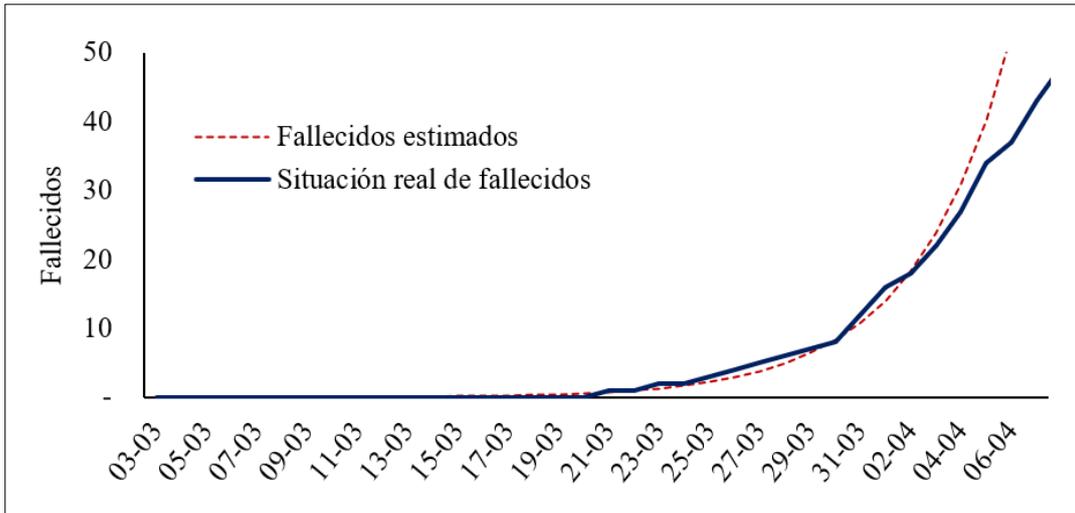
Gráfico 3.6. Simulación 1 del Modelo con N variable



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Se observa que la población infectada $I(t)$ es significativamente mayor que la estimada por el modelo SIR tradicional, lo cual evidencia una situación pandémica mucho más compleja debido a que el nivel máximo será mucho más alto. Por otro lado, en este modelo, se puede observar la tendencia de fallecidos acumulados, que, según esta estimación, se asemeja bastante a la cifra de defunciones producidas por el virus en el primer mes. Se observa, además, una tendencia con pendiente positiva, lo cual es atribuible a la escasez de medidas de confinamiento y de distanciamiento social en el país (Gráfico 3.7).

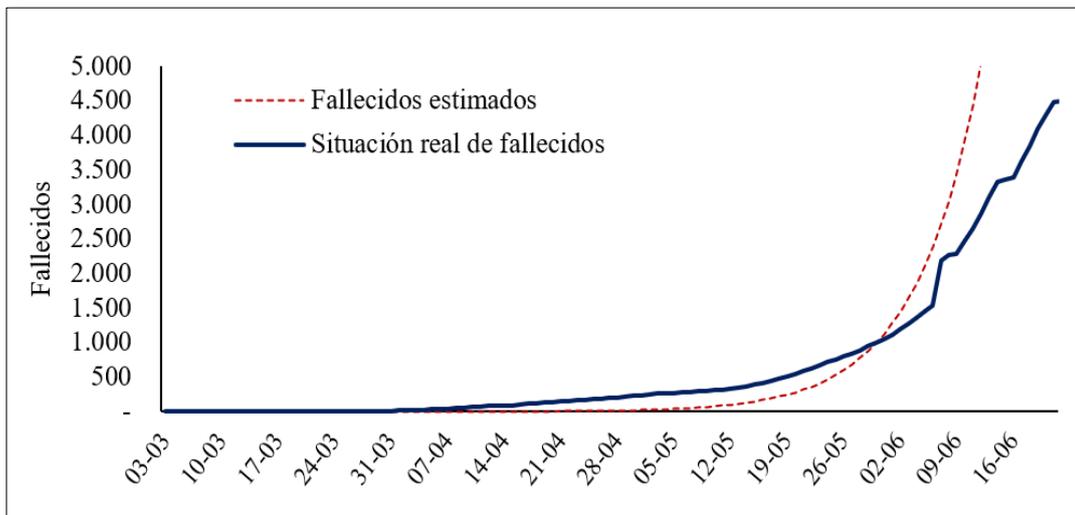
Gráfico 3.7. Total de fallecidos con N variable



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

- **Escenario 2:** Sea $N_0=19.134.898$; $S_0=19.134.897$; $I_0=1$; $R(0)=0$; medidas de confinamiento a partir de abril de 2020; R_0 estimado con información desde el 3 de marzo al 3 de junio. Según estos parámetros, el modelo ajustado a la situación chilena mediante el método de mínimos cuadrados genera una estimación de fallecidos que se asemeja significativamente a la realidad, con $R_0=2,87$ ($k\beta=0,20$; $\gamma=0,07$) (Gráfico 3.8).

Gráfico 3.8. Modelo con N variable



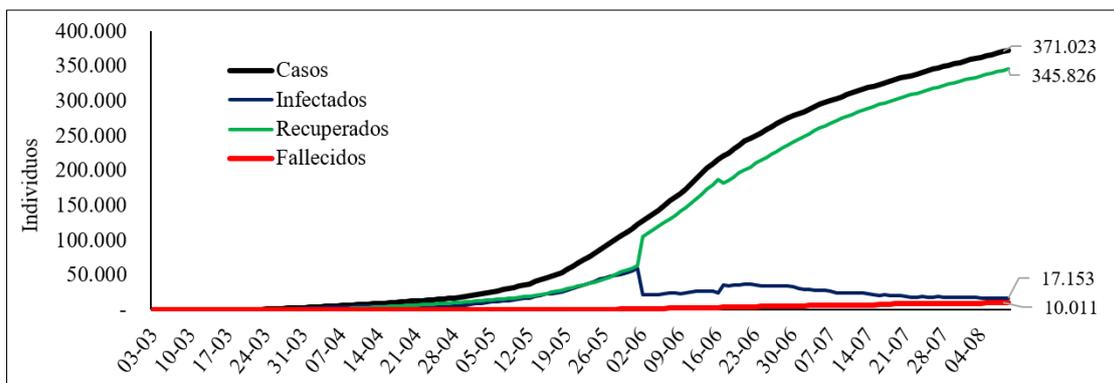
Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

4. EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 EN CHILE

4.1. SITUACIÓN GENERAL

De acuerdo con las cifras oficiales obtenidas del Ministerio de Salud de Chile, específicamente de sus informes diarios COVID-19 (Minsal Chile, 2020), el comportamiento del virus desde el 3 de marzo hasta 9 agosto de 2020 ha presentado 373.056 contagios, de los cuales 345.826 se han recuperado, 17.153 están en condición activa y 10.077 han fallecido (Gráfico 4.1).

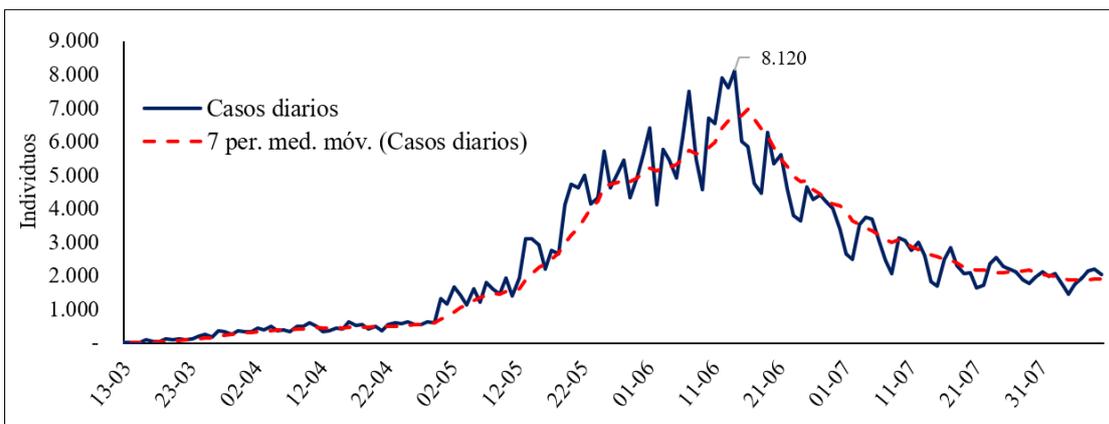
Gráfico 4.1. Evolución Covid-19 en Chile



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos desde el Ministerio de Salud de Chile

Por otro lado, en relación a la incidencia diaria, se observa que la cifra mayor de contagios fue 8.120 individuos el 14 de junio. Después de este máximo, los casos diarios han disminuido escalonadamente los meses siguientes, mostrando una curva decreciente hasta principios de agosto, en donde los casos registrados se estabilizan en torno a 2.000 individuos (Gráfico 4.2).

Gráfico 4.2. Incidencia diaria del Covid-19 en Chile



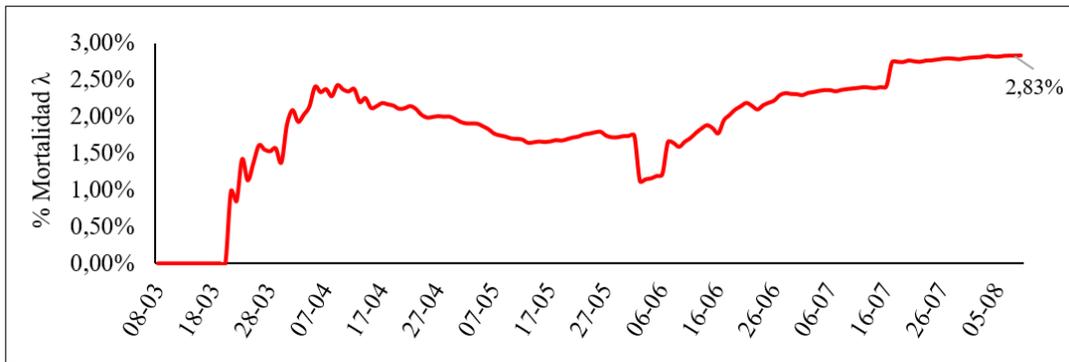
Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos desde el Ministerio de Salud de Chile

4.2. PARÁMETROS RELEVANTES

Además de la mortalidad generada por la enfermedad, es imprescindible observar el comportamiento de las tasas de natalidad (η) y mortalidad (ϕ), las cuales son inherentes a la población N . A continuación, se detallan los aspectos más relevantes para cada parámetro:

- Tasa de mortalidad (λ): corresponde a la proporción de infectados que han superado el estado de infección, pero que han fallecido debido a la enfermedad. En Chile, este parámetro ha tenido un comportamiento bastante volátil los primeros meses de pandemia, pero ha logrado una estabilidad razonable próxima al 3% en los meses de julio y agosto (Gráfico 4.3).

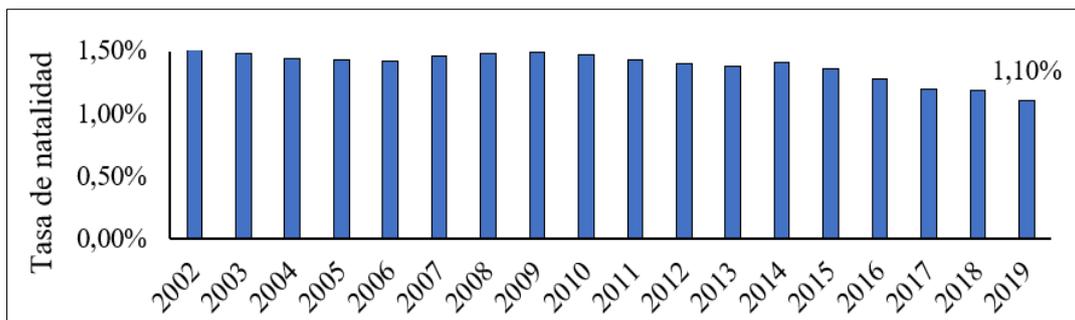
Gráfico 4.3. Evolución de la tasa de mortalidad (λ) en Chile



Fuente: Banco Mundial y Ministerio de Salud de Chile

- Tasa de natalidad (η): de acuerdo a los datos obtenidos del Ministerio de Salud de Chile y del Banco Mundial (DEIS Chile, 2020; World Bank, 2018) se observa que la tasa de natalidad (η) para 2019 es 1,10%, lo que equivale a una tasa diaria de 0,003%. En el Gráfico 4.4 se puede visualizar la evolución de este indicador desde 2002 hasta 2019, donde se refleja una significativa disminución de nacimientos.

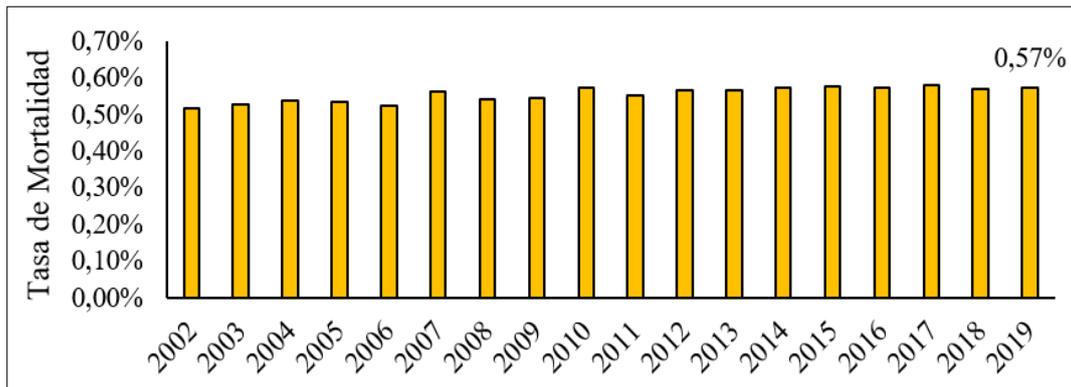
Gráfico 4.4. Tasa de natalidad en Chile (2002-2019)



Fuente: Banco Mundial y Ministerio de Salud de Chile

- Tasa de mortalidad (ϕ): las estadísticas de defunciones considerando todas las causas básicas de muerte, es decir, por enfermedad o por accidente, estiman una tasa anual de mortalidad (ϕ) del 0,57% para el año 2019, lo cual equivale a una tasa diaria de mortalidad de 0,001%. Se observa que este parámetro se ha mantenido estable en los últimos años, entre el 0,5% y 0,6% anual (Gráfico 4.5).

Gráfico 4.5. Tasa de Mortalidad en Chile (2002-2019)



Fuente: Banco Mundial y Ministerio de Salud de Chile

5. EVOLUCIÓN Y ESTIMACIÓN DE R_0 EN CHILE

El análisis de la evolución del virus Covid-19 en Chile requiere estimar el número reproductivo básico R_0 durante el período de pandemia estudiado ya que el valor de este parámetro en el tiempo indica el impacto y la gravedad que la infección ha provocado en el país. En este apartado se calcula este indicador a través del Modelo SIR tradicional y del Modelo SIR con N variable y posteriormente se comparan estos resultados con otras metodologías utilizadas para aproximar R_0 .

5.1. CÁLCULO DE R_0 MEDIANTE EL MODELO SIR TRADICIONAL

Se obtiene mediante la resolución de las ecuaciones diferenciales del número de infectados y recuperados del Modelo SIR tradicional (Anexo 3). Posteriormente se despejan los valores de γ y βk y se obtienen las Ecuaciones 5.1 a 5.3:

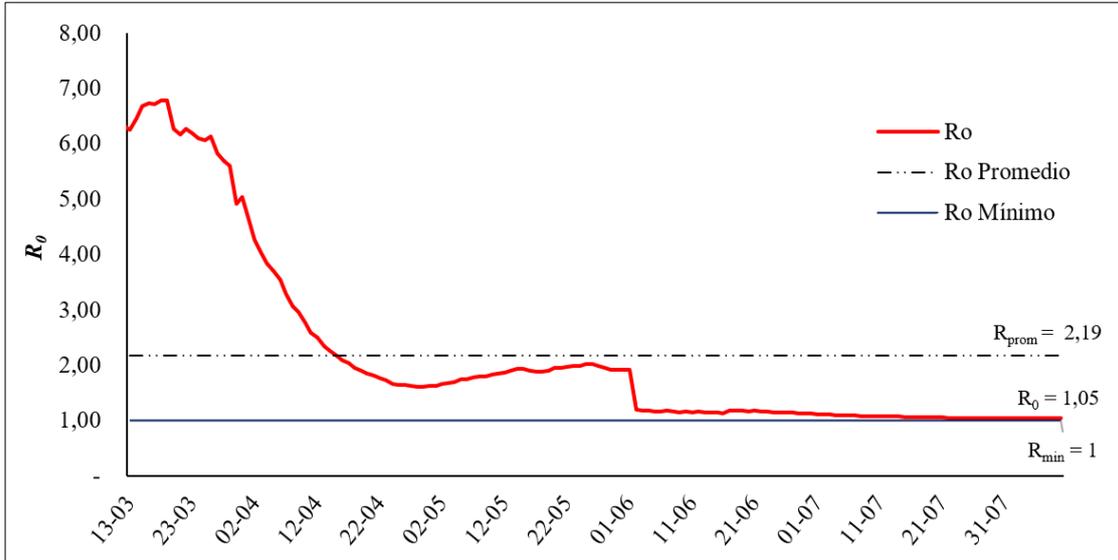
$$I(t) = I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t) \quad (\text{Ecuación 5.1})$$

$$(\beta k - \gamma) = \frac{\ln(I(t)) - \ln(I_0)}{t} \quad (\text{Ecuación 5.2})$$

$$y = (R(t) - R_0) \left(\frac{\beta k - \gamma}{I_0} \right) \left(\frac{1}{\exp((\beta k - \gamma)t) - 1} \right) \quad (\text{Ecuación 5.3})$$

Considerando que $\Delta t=1$ día, es posible obtener el parámetro R_0 para cada instante t , utilizando las ecuaciones 5.1, 5.2 y 5.3 a partir de los casos activos de Chile desde el 13 de marzo hasta el 9 de agosto de 2020 (Gráfico 5.1).

Gráfico 5.1. R_0 estimado en Chile mediante el Modelo SIR tradicional



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Se puede apreciar que, de acuerdo con este método, R_0 disminuye de forma paulatina en el tiempo, llegando a un $R_0=1,05$ el día 9 de agosto. En promedio, la evolución de la pandemia en Chile ha presentado un $R_0=2,19$ y en ningún instante ha bajado de 1. Esto quiere decir que, a pesar de su significativa disminución, el virus COVID-19 persistirá en el tiempo mientras este parámetro no sea menor que 1.

5.2. CÁLCULO DE R_0 MEDIANTE EL MODELO SIR CON N VARIABLE

Cuando N es variable, R_0 se calcula a partir de la Ecuación 3.20, que considera además la tasa de mortalidad (ϕ). Por lo tanto, R_0 se aproxima como:

$$R_0 = \frac{\beta k}{(\phi + \gamma)} \quad (\text{Ecuación 5.20})$$

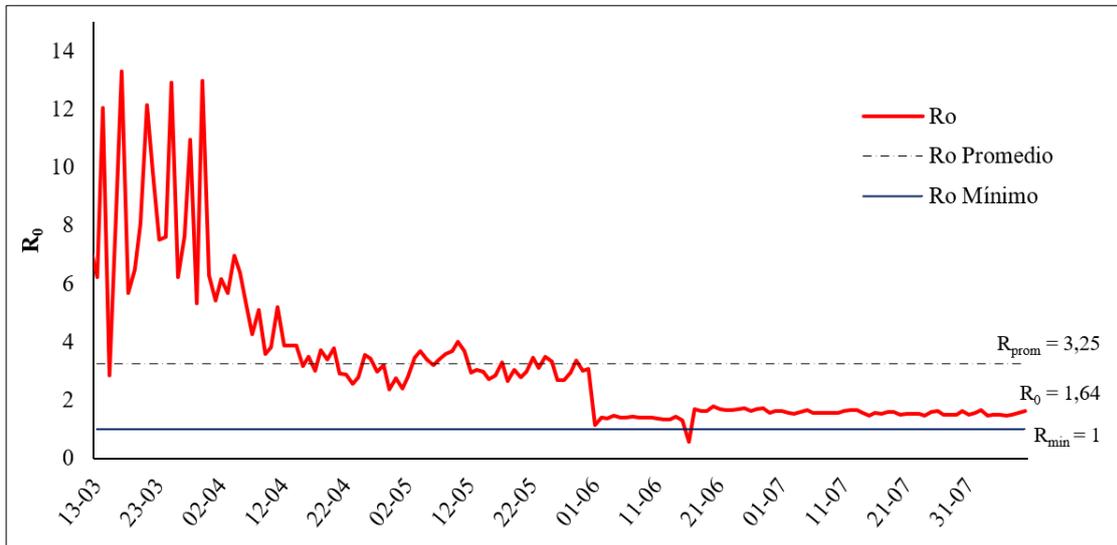
donde γ y βk se calculan según las Ecuaciones 5.4 y 5.5 desarrolladas en el Anexo 4:

$$\beta k = \frac{\ln(I(t)) - \ln(I_0)}{t} + (\phi + \gamma) \quad (\text{Ecuación 5.4})$$

$$\gamma = \frac{R(t + \Delta t) - R(t)[1 + \phi]}{I(t)[1 - \lambda]} \quad (\text{Ecuación 5.5})$$

Si $\Delta t=1$ día, $\phi=0,0016\%$ y $\lambda=2,92\%$, se obtiene para el período estudiado, la evolución de R_0 (Gráfico 5.2).

Gráfico 5.2. R_0 estimado en Chile mediante el Modelo SIR con N variable



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Se observa que R_0 presenta una volatilidad muy elevada en un inicio y sólo se logra estabilizar a medida que avanza la pandemia. Al 9 de agosto, se estima un $R_0=1,64$, lo cual estaría indicando, si es que este valor se mantiene en periodos futuros, una persistencia en la transmisión del virus.

5.3. CÁLCULO DE R_0 MEDIANTE UN MÉTODO EMPÍRICO

Otra forma de estimar R_0 se logra utilizando el crecimiento de la tasa de infección en cada periodo t (Korennoy, Gulenkin, Gogin, Vergne y Karaulov, 2017). En efecto, si $C(t)$ corresponde al número de individuos contagiados nuevos en el tiempo t y C_0 al número de contagios al inicio de la pandemia, la relación entre ellos tiene inicialmente un comportamiento exponencial (Iglesias et al., 2011):

$$C(t) = C_0 \cdot \exp(\Gamma t) \quad \text{(Ecuación 5.6)}$$

donde Γ es la tasa en que ocurren nuevos casos, que está relacionada con R_0 a través de la duración de la infección L (Ecuación 5.7).

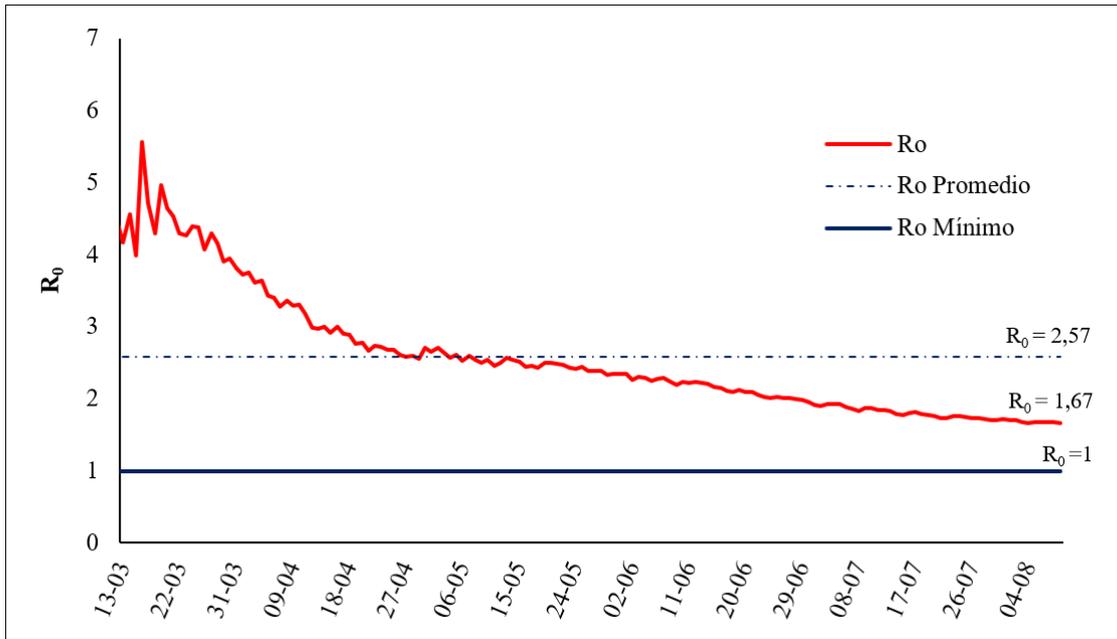
$$\Gamma = \frac{(R_0 - 1)}{L} \quad \text{(Ecuación 5.7)}$$

Mediante las Ecuaciones 5.6 y 5.7 y considerando que la duración de la infección es $L=14$ días (World Health Organization, 2020) se obtiene la estimación de R_0

(Ecuación 5.8) que, al aplicarlo a la información diaria de Chile, genera la evolución de este parámetro en el tiempo (Gráfico 5.3).

$$R_0 = \frac{\ln(C(t)) - \ln(C_0)}{t} \cdot L + 1 \quad (\text{Ecuación 5.8})$$

Gráfico 5.3. Estimación de R_0 en Chile mediante un método empírico



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Cabe destacar que la precisión de este método depende de la duración de la infección L ya que, mientras menor sea este parámetro, menor será la estimación de R_0 .

5.4. ESTIMACIÓN DE R_0 MEDIANTE MÍNIMOS CUADRADOS

Una de las formas más utilizadas para calcular R_0 es minimizando la suma de los cuadrados de los residuos entre el número real de infectados de infectados $I(t)$ y el número estimado $\hat{I}(t)$ obtenido a partir del modelo SIR con N variable (Barroso, 2020). En efecto, si se define como SCD a la suma de los cuadrados de la diferencia entre $I(t)$ y $\hat{I}(t)$ desde el 13 de marzo hasta el 9 de agosto de 2020, se obtiene la Ecuación 5.9.

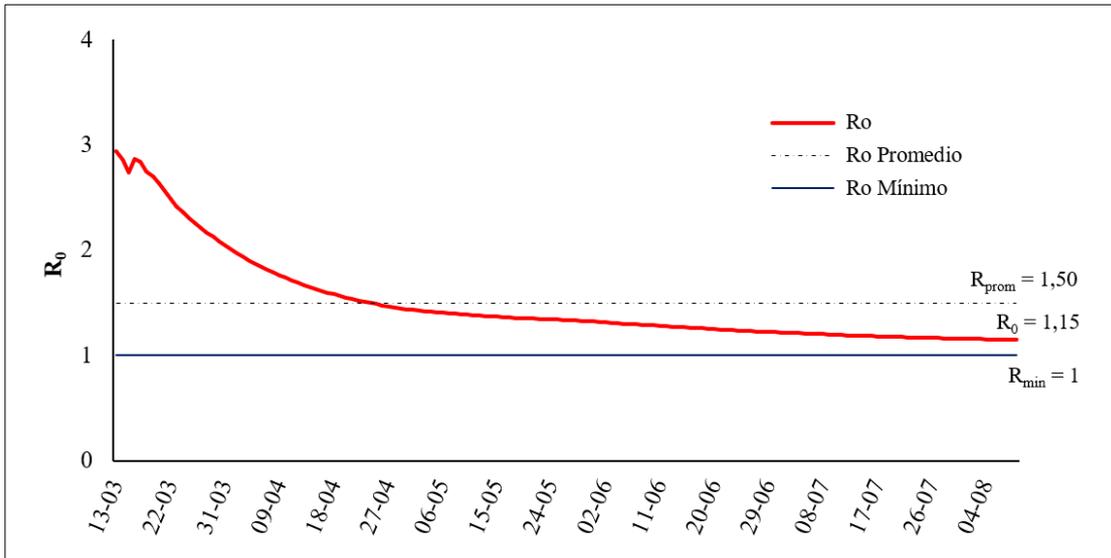
$$SCD = \sum_{t=0}^T \left((I(t) - \hat{I}(t))^2 \right) \quad (\text{Ecuación 5.9})$$

Considerando, además, la estimación de $\hat{I}(t)$ en función de R_0 mediante el Modelo SIR, el valor de SCD es (Ecuación 5.10):

$$SCD = \sum_{t=0}^T \left(\left[I(t) - I_0 \cdot \exp \left(R_0 (\phi + \gamma) \left(1 - \frac{1}{R_0} \right) \right) \right]^2 \right) \quad (\text{Ecuación 5.10})$$

Mediante el complemento *Solver* de Microsoft Excel 2019, se minimiza el valor de SCD para cada valor t , obteniéndose el valor de R_0 para cada periodo (Gráfico 5.4).

Gráfico 5.4. Estimación de R_0 en Chile mediante Mínimos Cuadrados



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

5.5. CÁLCULO DE R_0 MEDIANTE LA ECUACIÓN DE SUSCEPTIBLES

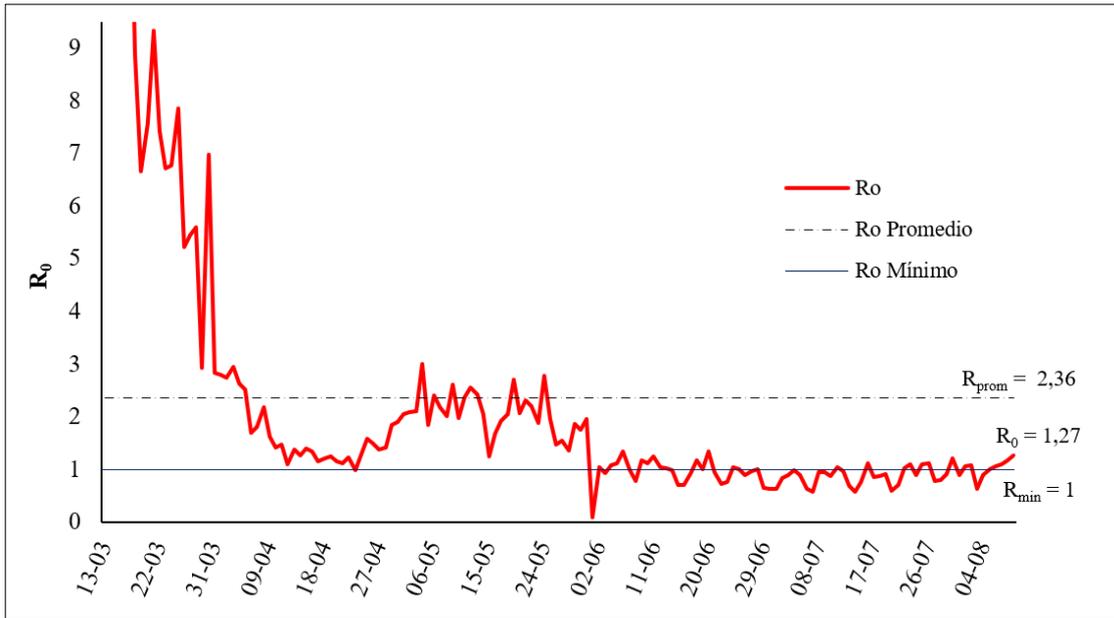
Otra forma para encontrar una aproximación de R_0 es despejando los parámetros γ y βk de las ecuaciones discretas 3.14 y 3.16 del modelo SIR con N variable (Tang et al., 2020), de donde se obtienen las Ecuaciones 5.11 y 5.12:

$$\beta k = \left(\frac{S(t) - S(t+1) - \phi S(t) + \eta N(t)}{S(t)I(t)} \right) N(t) \quad (\text{Ecuación 5.11})$$

$$\gamma = \frac{R(t+1) - R(t) + \phi R(t)}{(1 - \lambda) \cdot I(t)} \quad (\text{Ecuación 5.12})$$

Considerando la información de la situación diaria de Chile, además de la tasa de natalidad η y la tasa de mortalidad λ , se obtiene la evolución de R_0 en el tiempo (Gráfico 5.5).

Gráfico 5.5. Estimación de R_0 en Chile mediante la Ecuación de Susceptibles



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

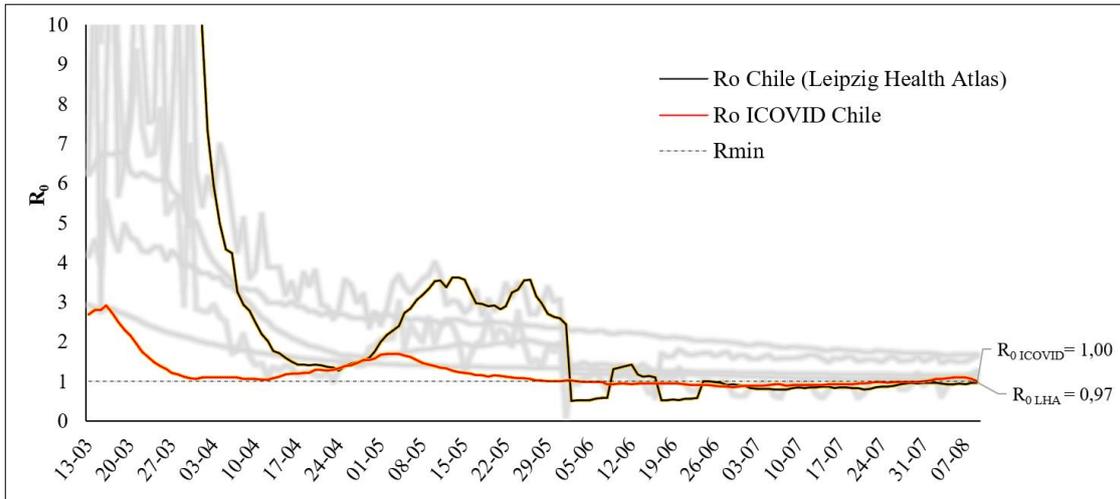
5.6. CIFRAS REALES DE R_0

Todas las estimaciones anteriores tienden hacia un valor de R_0 menos volátil y próximo a uno, lo cual es coherente con la información publicada por fuentes oficiales de la situación de la pandemia en Chile, específicamente con el número efectivo de reproducción (R_e) (ICOVID Chile, 2020; Leipzig Health Atlas, 2020). Ahora bien, resulta importante señalar que R_e mide el número promedio de individuos que una persona infectada puede contagiar cuando una fracción de la población es susceptible, de modo que, para contrastarlas con las estimaciones obtenidas, la evolución de este parámetro debe transformarse a R_0 según la Ecuación 5.13 (Arroyo-Marioli, Bullano, Kučinskas y Rondón-Moreno, 2020):

$$R_e(t) = R_0(t) \cdot \left(\frac{S(t-1)}{N(t)} \right) \quad (\text{Ecuación 5.13})$$

Una vez obtenidos los valores oficiales aproximados de la evolución de R_0 , a partir de los valores de R_e , es posible compararlos gráficamente con las estimaciones efectuadas en los apartados anteriores, evidenciándose la misma tendencia decreciente. En efecto, para el 9 de agosto, el valor de R_0 publicados por ICOVID CHILE es de 1,05 y según Leipzig Health Atlas es 0,93 (ICOVID Chile, 2020; Leipzig Health Atlas, 2020) (Gráfico 5.6).

Gráfico 5.6. Cifras oficiales de R_0 en Chile



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://apps.health-atlas.de/covid-19-grapher/> y <https://www.icovidchile.cl/dinamica-de-contagios>

5.7. MODELO PROPUESTO PARA ESTIMAR R_0 EN CHILE

A fin de interpretar el comportamiento de R_0 en Chile, se propone un modelo que reúne todas las estimaciones que se han realizado, de tal manera de abordar de manera significativa, las variables que influyen en la alteración de este indicador. De este modo, se define la Ecuación 5.14:

$$mod(t) = y_1 ST(t) + y_2 SN(t) + y_3 EM(t) + y_4 MC(t) + y_5 ES(t) \quad (\text{Ecuación 5.14})$$

donde:

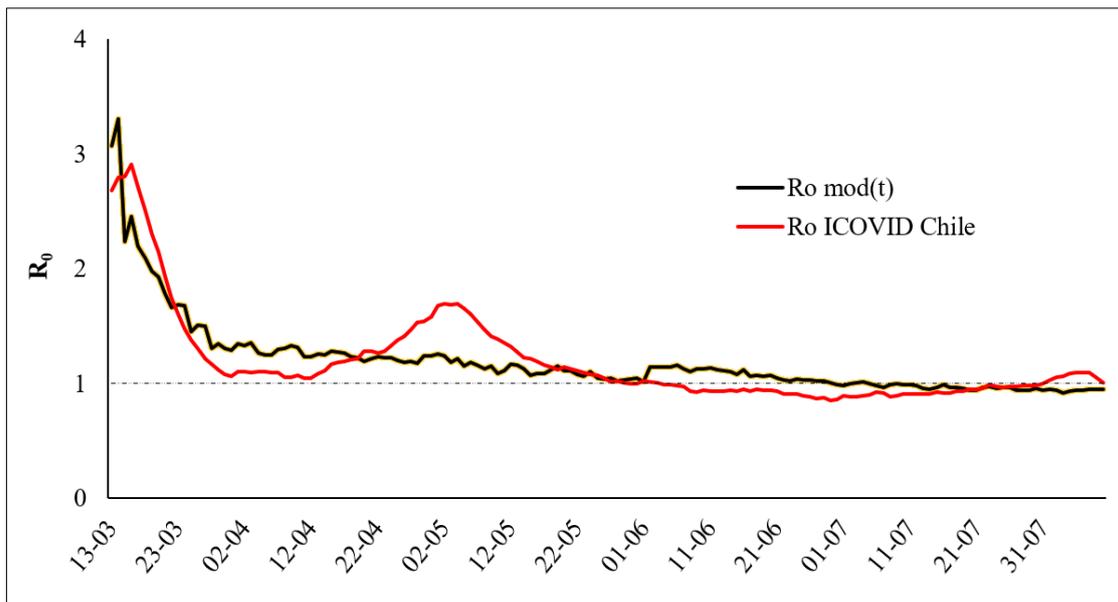
- $mod(t)$: modelo propuesto.
- $ST(t)$: R_0 estimado por el Modelo SIR tradicional.
- $SN(t)$: R_0 estimado por el Modelo SIR variable.
- $EM(t)$: R_0 estimado por el método empírico.
- $MC(t)$: R_0 estimado por mínimos cuadrados.
- $ES(t)$: R_0 estimado por la Ecuación de Susceptibles.

Mediante la utilización de la metodología de mínimos cuadrados se ajusta el modelo estimado a las cifras reales de publicadas por ICOVID Chile, obteniéndose los parámetros y_1 , y_2 , y_3 , y_4 e y_5 . De este modo, se tiene la Ecuación 5.15:

$$\begin{aligned} \text{mod}(t) = & -0,13 \times ST(t) - 0,05 \times SN(t) + 0,17 \times EM(t) + \dots \\ & \dots + 0,69 \times MC(t) + 0,07 \times ES(t) \end{aligned} \quad (\text{Ecuación 5.15})$$

El coeficiente correlación de Pearson (ρ) entre el modelo $\text{mod}(t)$ y las cifras de ICovid es de 0,88, lo cual implica que el modelo tiene una correlación positiva significativamente alta con las cifras reales de la evolución de R_0 en Chile (Gráfico 5.7).

Gráfico 5.7. Modelo $\text{mod}(t)$ estimado para Chile

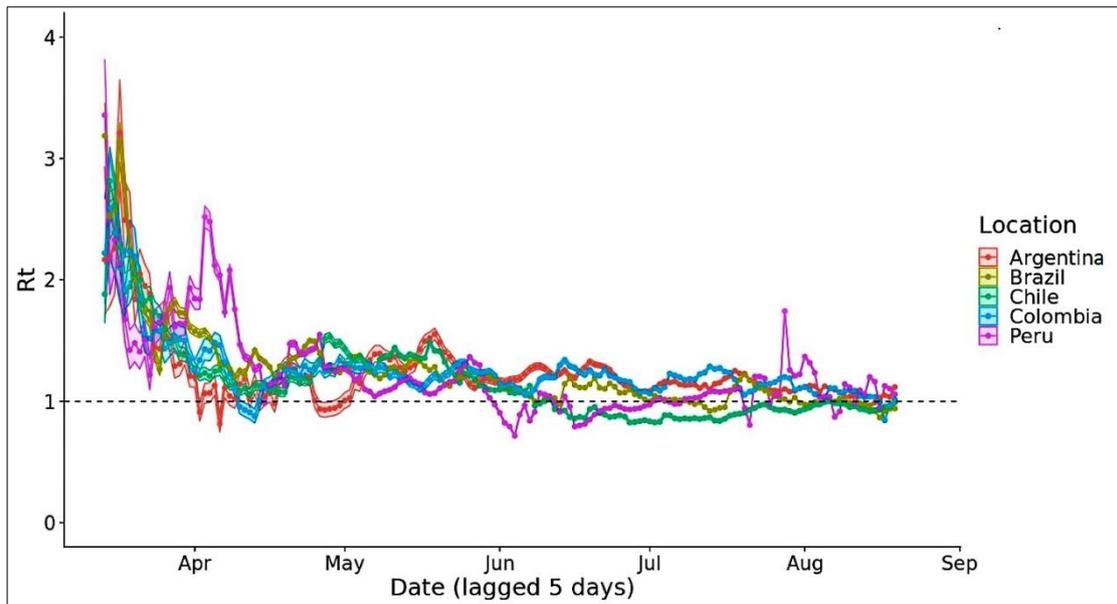


Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.icovidchile.cl/dinamica-de-contagios>

5.8. TENDENCIA DE R_0 EN OTROS PAÍSES

Chile presenta una evolución de R_0 semejante a otros países de Latinoamérica, es decir, con una situación inicial volátil y con valores a principios de agosto próximos a uno. Esto indica cierta estabilidad en el avance de la pandemia, lo cual es un paso importante antes de lograr el control de la misma (Gráfico 5.8).

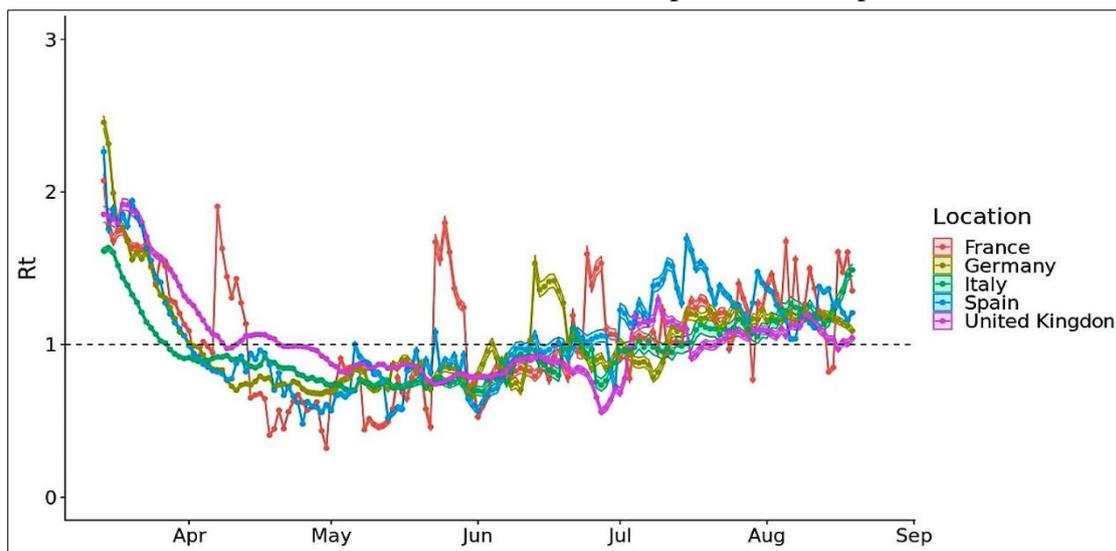
Gráfico 5.8. Evolución de R_0 en países de Latinoamérica



Fuente: información extraída desde <http://metrics.covid19-analysis.org/>

Por el contrario, la evolución de R_0 en países que lograron salir de sus confinamientos, actualmente se encuentran en períodos de rebotes o expansión infecciosa, mostrando una tendencia totalmente diferente a la situación de Latinoamérica (Gráfico 5.9). Esto se explica principalmente al gran desfase temporal que existe entre ambos continentes lo cual señala la importancia de controlar y monitorear la evolución de R_0 en países que aún no tienen rebotes.

Gráfico 5.9. Evolución de R_0 en países de Europa



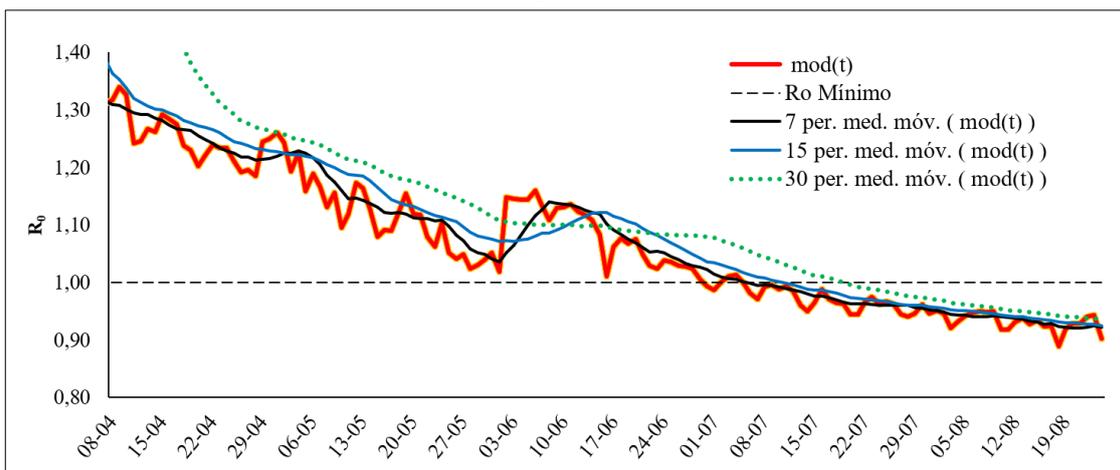
Fuente: información extraída desde <http://metrics.covid19-analysis.org/>

6. RESULTADOS DEL MODELO

Aplicando el modelo $mod(t)$ a la situación chilena, se obtiene el comportamiento aproximado de R_0 para cada periodo t (Anexo 5). En efecto, se observa en el mes de agosto un decrecimiento significativo del parámetro R_0 , ubicándose por debajo del mínimo establecido por el modelo SIR, lo cual indicaría, a priori, que la pandemia se extinguirá a medio plazo. Sin embargo, esta aseveración depende en gran medida del nivel de contagiados diarios el futuro y del número de infectados activos en cada período. Se observa, además, que las medias móviles a siete, quince y treinta días, aunque suavizan la curva de R_0 , presentan un comportamiento similar a la curva original.

Resulta interesante destacar que la evolución de R_0 en Chile entre marzo y agosto, presenta una tendencia decreciente, con valores fluctuantes entre 0,9 y 3,0, lo cual indica la baja volatilidad de este parámetro en el tiempo.

Gráfico 6.1. Estimación de R_0 para Chile mediante modelo $mod(t)$



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

PROYECCIONES Y ESCENARIOS:

Para interpretar el comportamiento de la curva de R_0 mediante el modelo $mod(t)$ es necesario proyectar la situación de la pandemia en Chile en los meses siguientes para determinar en qué momento se podrían generar puntos de inflexión en la curva que pronostiquen con bastante seguridad la presencia de un rebrote en el país. Para realizar esto, se consideran 3 escenarios: optimista, aleatorio y pesimista.

- Escenario optimista: mediante la utilización de la ecuación de Weibull (Smyth, 2006, pp. 338-339), se proyecta la evolución de los casos totales y recuperados hasta

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

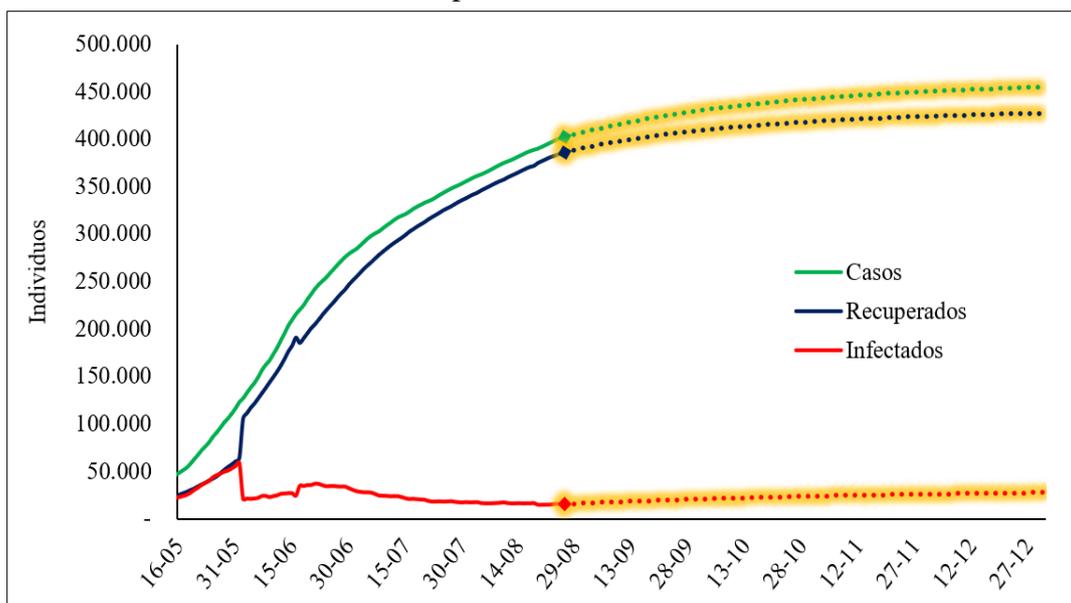
el 31 de diciembre de 2020. De este modo, con la información de la situación de Chile hasta el 24 de agosto, se ajustan los valores diarios a la ecuación de Weibull con el programa RStudio, obteniéndose los siguientes resultados (Ecuaciones 6.1 y 6.2):

$$\text{Casos} = 6872,9 + (460350,9) \times \exp(-\exp(-3,2 \times (\ln(t) - \ln(98,9)))) \quad (\text{Ecuación 6.1})$$

$$R(t) = 4760,3 + (429995,3) \times \exp(-\exp(-3,6 \times (\ln(t) - \ln(98,2)))) \quad (\text{Ecuación 6.2})$$

Cabe señalar que, a través de estas dos funciones, se estima la curva de infectados $I(t)$, la cual también es necesaria para calcular R_0 bajo el modelo $mod(t)$. Utilizando las Ecuaciones 6.1 y 6.2 se proyecta la evolución de la pandemia en Chile, de acuerdo al Gráfico 6.2.

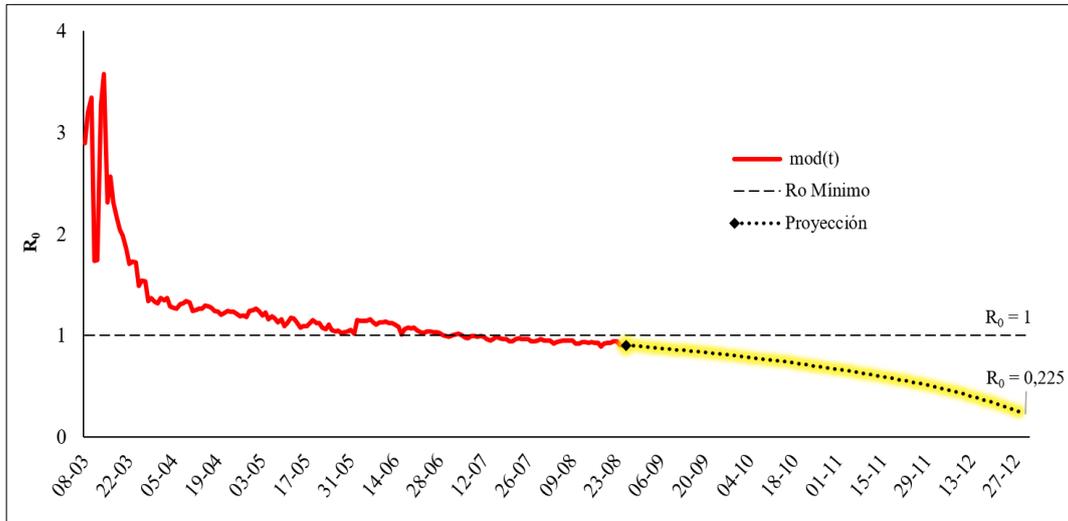
Gráfico 6.2. Escenario optimista con la ecuación de Weibull



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Ahora bien, aplicando el modelo $mod(t)$ a lo proyectado en este escenario, se obtienen los datos de la evolución de R_0 (Anexo 6) visualizándose la mitigación y control de la pandemia fundamentalmente porque los valores de R_0 son decrecientes en el tiempo y muy por debajo del mínimo (Gráfico 6.3).

Gráfico 6.3. Evolución de R_0 en el escenario optimista

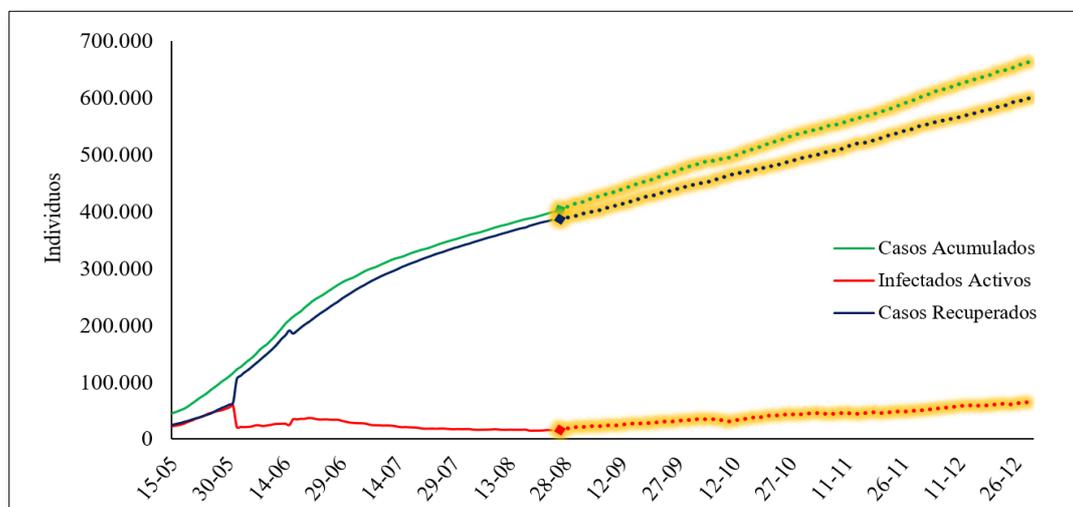


Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

De acuerdo a los Gráficos 6.2 y 6.3 se deduce que la disminución de R_0 depende de la evolución del número de casos totales y el número de recuperados. En efecto, en ambos casos, se proyecta una curva con crecimiento decreciente, lo cual impacta en la cifra de individuos activos ya que se mantienen estables en el tiempo.

- Escenario aleatorio: tomando en cuenta que los casos diarios de nuevos infectados y recuperados han fluctuado entre 1.000 y 3.000 individuos en los últimos meses, es posible proyectar la situación futura de la pandemia añadiendo parámetro variable. En efecto, si se considera un incremento aleatorio diario entre 1.000 y 3.000 personas, se obtiene la siguiente aproximación de la evolución de la pandemia (Gráfico 6.4).

Gráfico 6.4. Escenario aleatorio



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

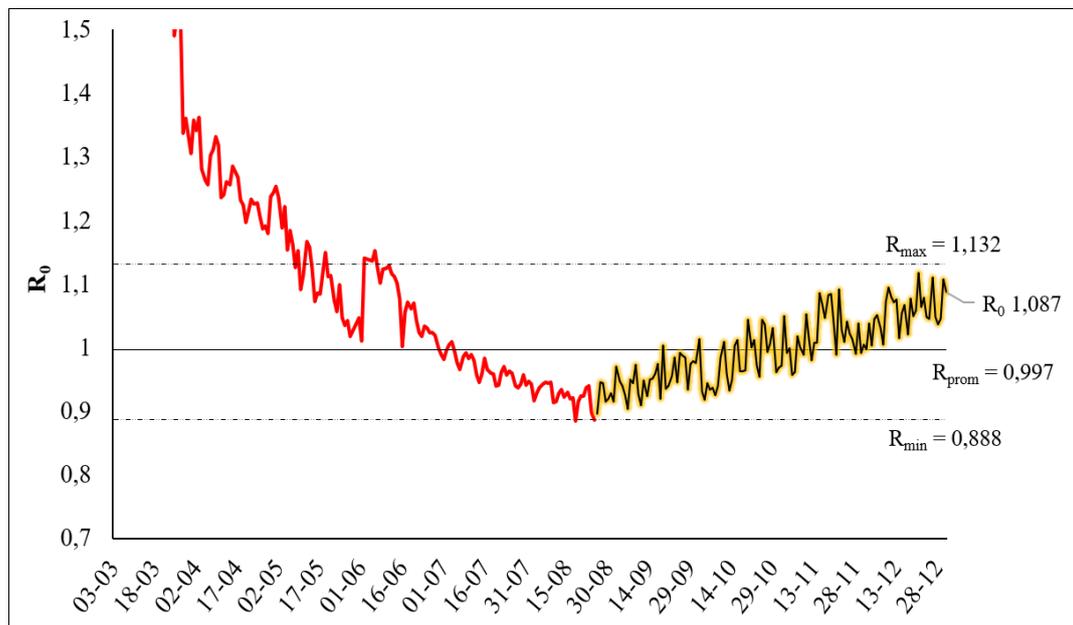
Simón Pablo Contreras González

Sin embargo, esta proyección al tener un componente aleatorio, conduce a que el modelo $mod(t)$ genere innumerables estimaciones de R_0 para cada periodo t , dificultando la interpretación de los datos. Para evitar este inconveniente, y aproximar los resultados a valores concretos, se realiza una simulación por el método de Monte Carlo, que permite obtener el valor mínimo y máximo esperado del periodo proyectado, el valor promedio y el valor aproximado de R_0 para el día 31 de diciembre. De esta forma, mediante la utilización del lenguaje Visual Basic, se generan 5.000 simulaciones, obteniéndose los siguientes resultados:

- R_0 (31 diciembre): 1,0867
- R_0 máximo: 1,132
- R_0 mínimo: 0,888

Considerando estos valores, se proyecta la estimación de la evolución de R_0 en el escenario aleatorio (Gráfico 6.5).

Gráfico 6.5. Evolución de R_0 en el escenario aleatorio



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

Bajo este escenario, se observa un leve aumento en el valor de R_0 , advirtiendo la existencia de persistencia en la evolución de la pandemia. Esta situación se debe básicamente al crecimiento sostenido de los individuos infectados activos y, a su vez, al mayor incremento en la cantidad de nuevos contagiados que la de nuevos recuperados (Figura 6.4). De todas formas, para esta proyección las estimaciones a

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

corto plazo no son de tanta gravedad como en los meses iniciales de la pandemia ya que los valores de R_0 oscilan en torno a 1.

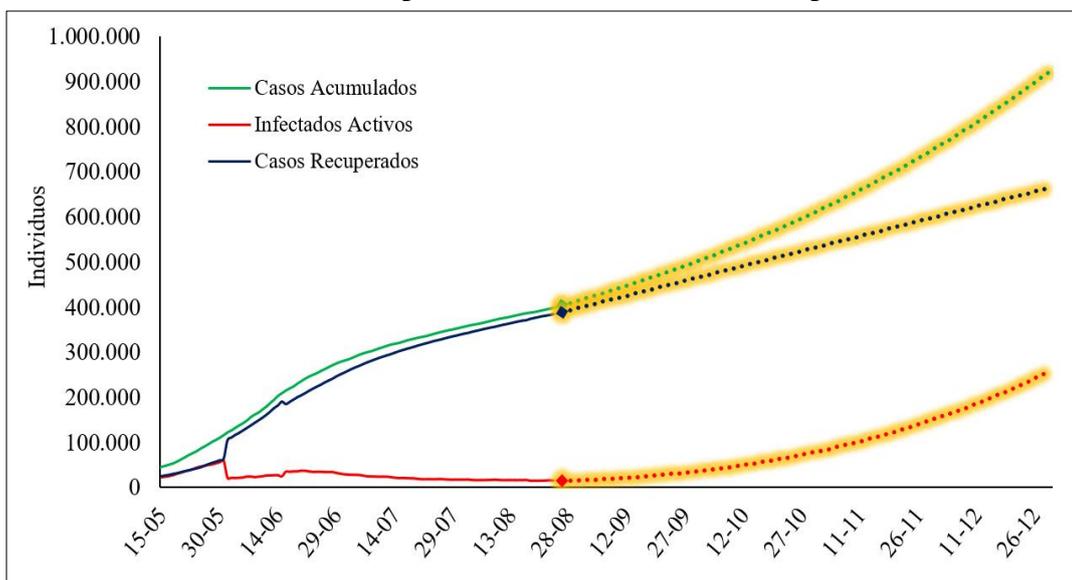
Escenario pesimista: una situación descontrolada, extrema y muy grave ocurre cuando los nuevos casos diarios se incrementan de manera exponencial y los individuos recuperados sólo aumentan de forma lineal. Este escenario es evidentemente catastrófico ya que diariamente habría muchos más infectados que recuperados, lo cual haría colapsar la capacidad hospitalaria del país y se producirían muchos fallecimientos. Teniendo en cuenta este escenario los casos acumulados y los casos recuperados se proyectan según las siguientes ecuaciones:

$$\text{Casos} = 0,000045t^4 + 1480t + 97266 \quad (\text{Ecuación 6.3})$$

$$R(t) = 2196,6t + 2 \quad (\text{Ecuación 6.4})$$

La evolución de la pandemia considerando estas dos funciones, presenta la siguiente tendencia (Gráfico 6.6):

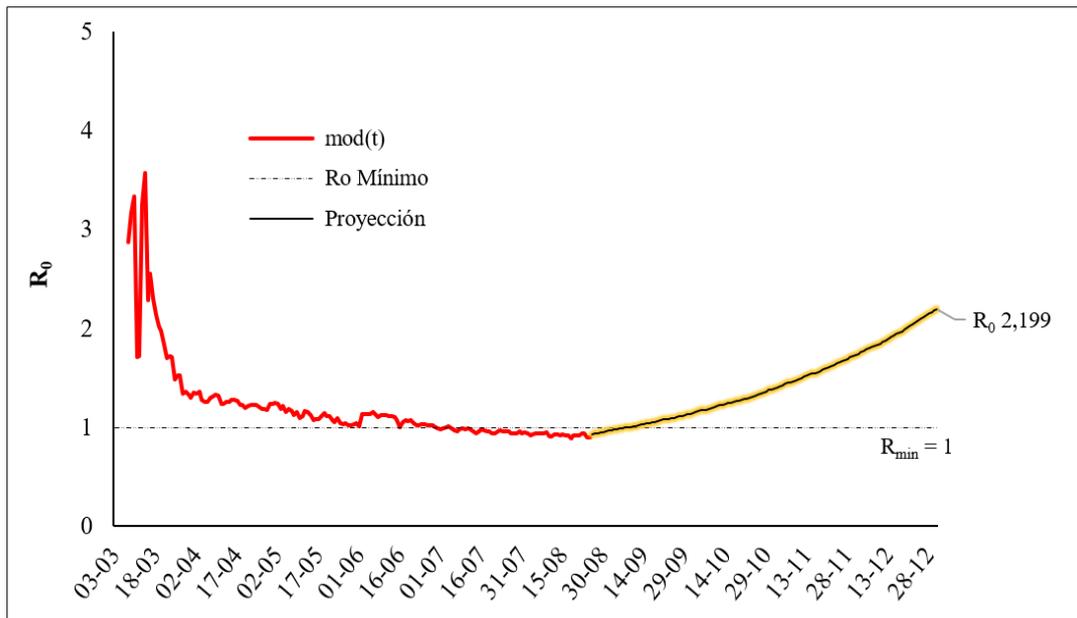
Gráfico 6.6. Escenario pesimista mediante ecuación exponencial



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

El aumento explosivo en el número de infectados activos proyecta un escenario muy desfavorable para Chile ya que la evolución de R_0 en este periodo, según el modelo $mod(t)$, se pronostica extremadamente elevado (Gráfico 6.7).

Gráfico 6.7. Evolución de R_0 en el escenario pesimista



Fuente: elaboración propia a partir de datos extraídos de <https://www.gob.cl/coronavirus/>

En este escenario se estima un $R_0=2,19$ para fin de año, lo que evidencia un descontrol total de la pandemia que solamente se podría mitigar tomando medidas extremas de confinamiento, ya que su evolución también sigue un comportamiento exponencial.

7. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

Los resultados de este trabajo evidencian la trascendencia y relevancia del cálculo de la tasa de propagación, en cualquiera de sus metodologías, ya que, a través de su estimación, se pueden calibrar las medidas de mitigación de una pandemia o brote infeccioso. Sin lugar a dudas, el modelo SIR es una herramienta fundamental para descifrar el comportamiento de la propagación de un virus y es el punto de partida para añadir nuevas variables que permitan ajustar aún más los posibles valores de R_0 en el tiempo. Por otro lado, el estudio de este modelo, ha revelado, además, la dificultad para determinar los parámetros que componen R_0 , ya que es muy probable que existan sesgos producidos por la omisión de variables implícitas propias de la propagación del virus y del país en estudio.

Ahora bien, las proyecciones de la propagación del virus COVID-19 en Chile, y especialmente las estimaciones de R_0 en el tiempo, permiten concluir y recomendar lo siguiente:

- Si las autoridades son capaces de mantener tasas de propagación con valores menores a uno durante largos periodos de tiempo, es muy probable que se reduzca significativamente la persistencia del virus, lo cual encaminaría al país hacia el control y contención de la pandemia. Esto es de vital importancia, pues la experiencia internacional indica que gran parte de los países europeos que lograron controlar las tasas de propagación del virus, y que, por diversos motivos, no pudieron mantener esas cifras durante un tiempo prolongado, lamentablemente presentan brotes aún peores que las iniciales. En Chile, los cálculos anticipan que los contagios se mantendrán en niveles razonablemente bajos y que es muy probable que el total de casos siga un crecimiento decreciente. Sin embargo, si el país no logra mantener en el tiempo las directrices y recomendaciones de distanciamiento social, cuarentenas focalizadas y uso de implementos que disminuyan la probabilidad de contagio, es posible que se produzcan rebrotes de características similares a las ocurridas en Europa.
- Además de la necesidad de un crecimiento decreciente de los casos nuevos en el tiempo, otro de los condicionantes para que la tasa de propagación del virus se mantenga en niveles inferiores a uno es que la cifra diaria de recuperados nuevos sea al menos igual que la cifra de infectados nuevos. De acuerdo con las cifras actuales de Chile, las curvas de casos y recuperados totales se proyectan razonablemente de forma paralela en el tiempo, lo que mantendría estable el número de casos activos durante la pandemia, disminuyendo la persistencia del virus.
- Al ser Chile un país muy extenso, resulta necesario estimar la tasa de propagación del virus para cada ciudad en particular para focalizar las medidas de control y trazabilidad del virus. Para ello se recomienda realizar un modelo estimativo ajustado a la realidad de cada sector con el fin de señalar las diferencias del impacto y prevalencia del virus en cada zona. Se sugiere utilizar un modelo semejante al planteado en este trabajo, considerando además las características propias de cada territorio.

Limitaciones del modelo SIR y de la estimación de R_0 :

- Una de las grandes limitaciones que presenta el modelo SIR es que no considera las posibles mutaciones del virus durante su fase epidémica, lo que podría alterar significativamente las tasas de contagio y recuperación. Esta omisión resulta de mucha complejidad cuando se presentan nuevas cepas de la infección, lo cual obligaría a

modificar el modelo hasta ampliarlo hacia modelos más avanzados que integran el hecho de la pérdida de la inmunidad o que eventualmente no exista la recuperación (modelos SIRS y SIS).

- Otra de las limitaciones del modelo SIR es que considera que todos los individuos susceptibles tienen la misma probabilidad de contagio, independiente de su naturaleza o su ubicación. Es por esto que, para adaptar y ajustar el modelo, se recomienda realizar estimaciones en poblaciones más pequeñas, de tal manera de al menos, aproximar la homogeneidad de los individuos.
- Finalmente, otra limitación del modelo es que no logra abordar la distribución de la edad de la población, factor que sin duda afecta directamente la dinámica de la pandemia. En efecto, la probabilidad de fallecimiento de individuos más jóvenes es menor que la población en general y en el modelo SIR no se considera.

REFERENCIAS

- Arroyo-Marioli, F., Bullano, F., Kučinskas, S. y Rondón-Moreno, C. (2020). Tracking R of COVID-19: A New Real-Time Estimation Using the Kalman Filter. *medRxiv*, 2020.04.19.20071886. <https://doi.org/10.1101/2020.04.19.20071886>
- Barroso, V. M. (2020). Una breve introducción al Modelo SIR aplicado al caso COVID-19. *ICEI Papers COVID-19*. Recuperado a partir de <https://www.ucm.es/icei/file/iceipapercovid12%0A%0A>
- Brauer, Fred; Castillo, C.; Feng, Z. (2000). Introduction to Compartmental Models. En Springer Science (Ed.), *Mathematical models in epidemiology and immunology* (Vol. 69, pp. 23-24). New York. <https://doi.org/10.14708/ma.v28i42/01.1879>
- Chang, H. J. (2017). Estimation of basic reproduction number of the Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV) during the outbreak in South Korea, 2015. *BioMedical Engineering Online*, 16(1), 1-11. <https://doi.org/10.1186/s12938-017-0370-7>
- Colegio Médico de Chile y Sociedad Chilena de Infectología. (2020). Información Relevante Para Personal Sanitario, 1-17. Recuperado a partir de http://www.colegiomedico.cl/wp-content/uploads/2020/03/Informacion_relevante_personal_sanitario.pdf
- Colombo, R. M., Garavello, M., Marcellini, F. y Rossi, E. (2020). An age and space structured SIR model describing the Covid-19 pandemic. *Journal of Mathematics in Industry*, 10(1). <https://doi.org/10.1186/s13362-020-00090-4>
- Contreras, S., Villavicencio, H. A., Medina-Ortiz, D., Saavedra, C. P. y Olivera-Nappa, A. (2020). Real-time estimation of R_0 for supporting public-health policies against COVID-19. <https://doi.org/10.1101/2020.04.23.20076984>
- Cooper, I., Mondal, A. y Antonopoulos, C. G. (2020). A SIR model assumption for the spread of COVID-19 in different communities. *Chaos, Solitons and Fractals*, 139, 110057. <https://doi.org/10.1016/j.chaos.2020.110057>
- DEIS Chile. (2020). Estadísticas de hechos vitales y defunciones. Recuperado a partir de <https://deis.minsal.cl/>

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

- Duro Torrijos, J. L. y Tuells, J. (2015). The «gripe española» according to the newspaper España Médica (1918-1919). *Vacunas*, 16(2), 81-86. <https://doi.org/10.1016/j.vacun.2015.07.007>
- Fondo Monetario Internacional. (2020). Actualización de las perspectivas de la economía mundial. Recuperado a partir de <https://www.imf.org/es/Publications/WEO/Issues/2020/06/24/WEOUpdateJune2020>
- Fresnadillo-Martínez, M. J., García-Sánchez, E., García-Merino, E., del Rey, Á. M. y García-Sánchez, J. E. (2013). Modelización matemática de la propagación de enfermedades infecciosas: De dónde venimos y hacia dónde vamos. *Revista Española de Quimioterapia*, 26(2), 81-91. Recuperado a partir de <https://medes.com/publication/92381>
- Grassly, N. C. y Fraser, C. (2008). Mathematical models of infectious disease transmission. *Nature Reviews Microbiology*, 6(6), 477-487. <https://doi.org/10.1038/nrmicro1845>
- Hern, M. E. (2014). Vacunación óptima para un modelo SIRS. *Revista De Educación Matemática*, 29(2), 25-35. Recuperado a partir de <https://revistas.unc.edu.ar/index.php/REM/article/view/10055>
- ICOVID Chile. (2020). Dinámica de Contagios. Recuperado a partir de <https://www.icovidchile.cl/dinamica-de-contagios>
- Iglesias, I., Perez, A. M., Sánchez-Vizcaíno, J. M., Muñoz, M. J., Martínez, M. y De La Torre, A. (2011). Reproductive ratio for the local spread of highly pathogenic avian influenza in wild bird populations of Europe, 2005-2008. *Epidemiology and Infection*, 139(1), 99-104. <https://doi.org/10.1017/S0950268810001330>
- Jorge Dagnino, S. (2011). ¿Qué fue la plaga de Atenas? *Revista Chilena de Infectología*, 28(4), 374-380. <https://doi.org/10.4067/S0716-10182011000500013>
- Kermack–McKendrick. (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. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>

- Korennoy, F. I., Gulenkin, V. M., Gogin, A. E., Vergne, T. y Karaulov, A. K. (2017). Estimating the Basic Reproductive Number for African Swine Fever Using the Ukrainian Historical Epidemic of 1977. *Transboundary and Emerging Diseases*, 64(6), 1858-1866. <https://doi.org/10.1111/tbed.12583>
- Leipzig Health Atlas. (2020). Covid-19 trajectory viewer. Recuperado a partir de <https://apps.health-atlas.de/covid-19-grapher/>
- Liu, Q., Jiang, D., Hayat, T., Alsaedi, A. y Ahmad, B. (2020). A stochastic SIRS epidemic model with logistic growth and general nonlinear incidence rate. *Physica A: Statistical Mechanics and its Applications*, 551, 124152. <https://doi.org/10.1016/j.physa.2020.124152>
- Malavika, B., Marimuthu, S., Joy, M., Nadaraj, A., Asirvatham, E. S. y Jeyaseelan, L. (2020). Forecasting COVID-19 epidemic in India and high incidence states using SIR and logistic growth models. *Clinical Epidemiology and Global Health*, (May), 1-8. <https://doi.org/10.1016/j.cegh.2020.06.006>
- Minsal Chile. (2020). Cifras Oficiales COVID-19 Chile. Recuperado a partir de <https://www.gob.cl/coronavirus/cifrasoficiales/>
- Montesinos-López, O. A. y Hernández-Suárez, C. M. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud Publica de Mexico*, 49(3), 218-226. <https://doi.org/10.1590/s0036-36342007000300007>
- Moreno-Sánchez, F., Fernanda, M., Rovirosa, C., Teresa, M., De León, A. y Elizondo Ochoa, Á. (2018). Las grandes epidemias que cambiaron al mundo. *Historia y filosofía de la medicina*, 63, 151-156. Recuperado a partir de <http://www.medigraphic.com/analesmedicos>
- Nebehay y Farge. (2020). WHO says pandemic «far from over» as daily cases hit record high - Reuters. Recuperado a partir de <https://www.reuters.com/article/us-health-coronavirus-who/who-says-pandemic-far-from-over-as-daily-cases-hit-record-high-idUSKBN23F23E>
- Ohkusa, Y., Sugawara, T., Taniguchi, K. y Okabe, N. (2011). Real-time estimation and prediction for pandemic A/H1N1(2009) in Japan. *Journal of Infection and Chemotherapy*, 17(4), 468-472. <https://doi.org/10.1007/s10156-010-0200-3>

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

- Smyth, G. K. (2006). *Nonlinear Regression. Encyclopedia of Environmetrics*.
<https://doi.org/10.1002/9780470057339.van017>
- Tang, L., Zhou, Y., Wang, L., Purkayastha, S., Zhang, L., He, J., ... Song, P. X. K. (2020). A Review of Multi-Compartment Infectious Disease Models. *International Statistical Review*, 462-513. <https://doi.org/10.1111/insr.12402>
- Uribarri, S., Rodríguez Meza, M. y Cervantes Cota, J. (2013). Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. *CIENCIA ergo-sum*, 20(3), 238-246. Recuperado a partir de <https://www.redalyc.org/pdf/104/10428759009.pdf>
- Vintró, E. (1968). Tucídides y Sófocles ante la peste. *Boletín del Instituto de Estudios Helénicos*, 2(2), 57-64. Recuperado a partir de <https://revistes.ub.edu/index.php/EstudiosHelenicos/article/view/5188>
- World Bank. (2018). World Bank Open Data | Data. Recuperado a partir de <https://datos.bancomundial.org/>
- World Health Organization. (2020). Preguntas y respuestas sobre la enfermedad por cor. Recuperado a partir de <https://www.who.int/es/emergencias/diseases/novel-coronavirus-2019/advice-for-public/q-a-coronaviruses>

ANEXO 1. ECUACIONES DEL MODELO SIR TRADICIONAL

En este apartado se explica detalladamente la obtención de las ecuaciones diferenciales del modelo SIR tradicional:

- Primera ecuación diferencial (Ecuación 3.8):

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta S(t) \frac{I(t)}{N} k \Delta t$$

$$S(t + \Delta t) - S(t) = -\beta S(t) \frac{I(t)}{N} k \Delta t$$

$$\frac{dS}{dt} = -\left(\beta S \frac{I}{N} k \right) \quad \text{(Ecuación 0.1)}$$

- Segunda ecuación diferencial (Ecuación 3.9):

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta S(t) k \frac{I(t)}{N} \Delta t - \gamma I(t) \Delta t$$

$$I(t + \Delta t) - I(t) = \beta S(t) k \frac{I}{N} dt - \gamma I(t) dt$$

$$dI = \left(\beta S \frac{I}{N} k - \gamma I \right) dt$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \gamma I \quad \text{(Ecuación 0.2)}$$

- Tercera ecuación diferencial (Ecuación 3.10):

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma I(t) \Delta t$$

$$R(t + \Delta t) - R(t) = \gamma I(t) \Delta t$$

$$dR = \gamma I dt$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad \text{(Ecuación 0.3)}$$

ANEXO 2. ECUACIONES DEL MODELO SIR CON N VARIABLE

En este apartado se explica en detalle la obtención de las ecuaciones diferenciales del modelo SIR con N variable.

- Primera ecuación diferencial (Ecuación 3.17):

$$S(t + \Delta t) = S(t) - \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} k \Delta t - \phi S(t) \Delta t + \eta N(t) \Delta t$$

$$\frac{dS}{dt} = S(t + \Delta t) - S(t) = -\beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} k \Delta t - \phi S(t) \Delta t + \eta N \Delta t$$

$$\frac{dS}{dt} = -\beta S \frac{I}{N} k - \phi S + \eta N \quad (\text{Ecuación 3.17})$$

- Segunda ecuación diferencial (Ecuación 3.18):

$$I(t + \Delta t) = I(t) + \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} k \Delta t - \phi I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - (\gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t)$$

$$\frac{dI}{dt} = I(t + \Delta t) - I(t) = \beta S(t) \frac{I(t)}{N(t)} k \Delta t - \phi I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - (\gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \phi I - \lambda \gamma I - (\gamma I - \lambda \gamma I) = \beta S \frac{I}{N} k - \phi I - \cancel{\lambda \gamma I} - \gamma I + \cancel{\lambda \gamma I}$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \phi I - \gamma I$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - I(\phi + \gamma) \quad (\text{Ecuación 3.18})$$

- Tercera ecuación diferencial (Ecuación 3.19):

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - \phi R(t) \Delta t$$

$$\frac{dR}{dt} = R(t + \Delta t) - R(t) = \gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - \phi R(t) \Delta t$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \lambda \gamma I - \phi R$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I(1 - \lambda) - \phi R \quad (\text{Ecuación 3.19})$$

ANEXO 3. CÁLCULO DE R_0 (MODELO SIR TRADICIONAL)

Para estimar R_0 , mediante las ecuaciones diferenciales del Modelo SIR tradicional, se considera como supuesto inicial que la población N es suficientemente grande para que $S \approx N$. De esta forma, se observa que:

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \gamma I \quad (\text{Ecuación 0.1})$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - \gamma I = \beta k I - \gamma I = I(\beta k - \gamma) \quad \beta k \approx \beta^*$$

$$\frac{dI}{dt} = I(\beta^* - \gamma)$$

$$dI = I(\beta^* - \gamma) dt$$

$$\int \frac{dI}{I} = \int (\beta^* - \gamma) dt$$

$$\ln I = (\beta^* - \gamma)t + c$$

$$\exp((\beta^* - \gamma)t + c) = I(t)$$

$$I(0) = \exp(c) = I_0$$

$$I(t) = I_0 \cdot \exp((\beta^* - \gamma)t)$$

$$I(t) = I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t) \quad (\text{Ecuación 5.2})$$

Ahora bien, despejando de la Ecuación 5.1 es posible obtener el valor de $\beta k - \gamma$:

$$I(t) = I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t)$$

$$\ln(I(t)) = \ln(I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t))$$

$$\ln(I(t)) = \ln(I_0) + \ln(\exp((\beta k - \gamma)t))$$

$$\ln(I(t)) = \ln(I_0) + (\beta k - \gamma)t$$

$$(\beta k - \gamma) = \frac{\ln(I(t)) - \ln(I_0)}{t} \quad (\text{Ecuación 5.3})$$

Por otro lado, considerando la Ecuación 5.1 y aplicándola a la Ecuación 3.10, se obtiene el valor de γ :

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I \quad (\text{Ecuación 0.4})$$

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

$$dR = \gamma I dt = y \cdot I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t) dt$$

$$\int dR = \int y \cdot I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t) dt$$

$$R(t) = \frac{y \cdot I_0 \cdot \exp((\beta k - \gamma)t)}{\beta k - \gamma} + c$$

$$R(0) = R_0 = \frac{y \cdot I_0}{\beta k - \gamma} + c$$

$$c = R_0 - \frac{y \cdot I_0}{\beta k - \gamma}$$

$$R(t) = \frac{y \cdot I_0}{\beta k - \gamma} [\exp((\beta k - \gamma)t)] + \underbrace{R_0 - \frac{y \cdot I_0}{\beta k - \gamma}}_c$$

$$R(t) = \frac{y \cdot I_0}{\beta k - \gamma} [\exp((\beta k - \gamma)t) - 1] + R_0$$

$$y = (R(t) - R_0) \left(\frac{\beta k - \gamma}{I_0} \right) \left(\frac{1}{\exp((\beta k - \gamma)t) - 1} \right) \quad (\text{Ecuación 5.3})$$

Mediante las Ecuaciones 5.2 y 5.3 se obtienen los valores de γ y βk , permitiendo calcular R_0 en cualquier instante t .

ANEXO 4. CÁLCULO DE R_0 (MODELO SIR CON N VARIABLE)

Para estimar R_0 , mediante el Modelo SIR con N variable, se considera nuevamente como supuesto inicial que la población N es suficientemente grande para que $S \approx N$. De esta manera, se observa que:

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - I(\phi + \gamma) \quad (\text{Ecuación 0.1})$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta S \frac{I}{N} k - I(\phi + \gamma) = \beta k I - I(\phi + \gamma)$$

$$\frac{dI}{I} = (\beta k - (\phi + \gamma)) dt$$

$$\int \frac{dI}{I} = \int (\beta k - (\phi + \gamma)) dt$$

$$\ln(I) = (\beta k - (\phi + \gamma))t + c$$

$$I(t) = \exp((\beta k - (\phi + \gamma))t + c)$$

$$I(0) = \exp(c) = I_0$$

$$I(t) = I_0 \cdot \exp((\beta k - (\phi + \gamma))t)$$

Aplicando logaritmos, se obtiene el valor de $\beta k - (\phi + \gamma)$:

$$\beta k - (\phi + \gamma) = \frac{\ln(I(t)) - \ln(I_0)}{t} \quad (\text{Ecuación 5.4})$$

Por otro lado, es posible obtener una aproximación del valor de γ (Ecuación 5.5) mediante la Ecuación 3.16 para el caso donde $\Delta t = I$:

$$R(t + \Delta t) = R(t) + \gamma I(t) \Delta t - \lambda \gamma I(t) \Delta t - \phi R(t) \Delta t \quad (\text{Ecuación 0.2})$$

$$\gamma = \frac{R(t+I) - R(t)[I + \phi]}{I(t)[1 - \lambda]} \quad (\text{Ecuación 5.5})$$

Finalmente, sabiendo que ϕ es conocido, se obtiene R_0 para cada instante t , considerando las ecuaciones 5.4 y 5.5.

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

ANEXO 5. RESULTADOS DEL MODELO PROPUESTO PARA CHILE

Fecha	Casos	N(t)	S(t)	I(t)	R(t)	ST	SN	EM	MC	ES	R ₀ mod(t)
01-08-2020	357.658	19.169.476	18.811.818	17.621	340.037	1,052	1,560	1,704	1,157	1,059	0,951
02-08-2020	359.731	19.169.706	18.809.975	17.712	342.019	1,052	1,667	1,703	1,156	1,077	0,946
03-08-2020	361.493	19.169.935	18.808.442	17.810	343.683	1,052	1,463	1,684	1,154	0,629	0,921
04-08-2020	362.962	19.170.164	18.807.202	16.887	346.075	1,049	1,517	1,663	1,153	0,892	0,932
05-08-2020	364.723	19.170.393	18.805.670	16.640	348.083	1,048	1,515	1,675	1,151	1,001	0,941
06-08-2020	366.671	19.170.623	18.803.952	16.614	350.057	1,047	1,487	1,680	1,150	1,054	0,946
07-08-2020	368.825	19.170.852	18.802.027	16.699	352.126	1,047	1,499	1,684	1,149	1,103	0,949
08-08-2020	371.023	19.171.081	18.800.058	16.880	354.143	1,048	1,575	1,682	1,148	1,171	0,949
09-08-2020	373.056	19.171.310	18.798.254	17.153	355.903	1,048	1,649	1,671	1,147	1,277	0,949
10-08-2020	375.044	19.171.539	18.796.495	17.563	357.481	1,049	1,466	1,665	1,146	0,718	0,918
11-08-2020	376.616	19.171.769	18.795.153	16.897	359.719	1,047	1,522	1,640	1,145	0,833	0,918
12-08-2020	378.168	19.171.998	18.793.830	16.544	361.624	1,046	1,535	1,635	1,144	1,050	0,932
13-08-2020	380.034	19.172.227	18.792.193	16.604	363.430	1,046	1,495	1,647	1,143	1,081	0,937
14-08-2020	382.111	19.172.456	18.790.345	16.734	365.377	1,046	1,491	1,652	1,142	0,926	0,927
15-08-2020	383.902	19.172.686	18.788.784	16.556	367.346	1,045	1,491	1,636	1,141	1,072	0,934
16-08-2020	385.946	19.172.915	18.786.969	16.666	369.280	1,045	1,588	1,643	1,140	0,983	0,923
17-08-2020	387.502	19.173.144	18.785.642	16.604	370.898	1,045	1,867	1,616	1,139	1,276	0,924
18-08-2020	388.855	19.173.373	18.784.518	16.869	371.986	1,045	1,330	1,601	1,138	0,425	0,889
19-08-2020	390.037	19.173.603	18.783.566	15.174	374.863	1,040	1,450	1,586	1,137	0,986	0,919
20-08-2020	391.849	19.173.832	18.781.983	15.115	376.734	1,040	1,442	1,618	1,136	1,035	0,928
21-08-2020	393.769	19.174.061	18.780.292	15.149	378.620	1,040	1,437	1,619	1,135	1,036	0,928
22-08-2020	395.708	19.174.290	18.778.582	15.186	380.522	1,040	1,549	1,616	1,134	1,317	0,941
23-08-2020	397.665	19.174.520	18.776.855	15.634	382.031	1,041	1,631	1,613	1,133	1,433	0,943
24-08-2020	399.568	19.174.749	18.775.181	16.188	383.380	1,042	1,430	1,608	1,133	0,713	0,901

Esta tabla muestra la estimación de R_0 en Chile mediante el modelo $mod(t)$ desde el 01 al 24 de agosto, donde: $N(t)$ es la población total en el instante t ; $S(t)$ es la población susceptible en el instante t ; $I(t)$ es la población infectada en el instante t ; $R(t)$ es la población recuperada en el instante t ; ST es la estimación de R_0 mediante el modelo SIR tradicional; SN es la estimación de R_0 mediante el modelo SIR con N variable; EM es la estimación de R_0 mediante método empírico; MC es la estimación de R_0 mediante mínimos cuadrados; ES es la estimación de R_0 mediante la ecuación susceptible y $R_0 mod(t)$ es la aproximación de R_0 mediante el modelo $mod(t)$.

Fuente: elaboración propia

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

ANEXO 6. RESULTADOS DEL ESCENARIO 1

Fecha	mod(t)	Fecha	mod(t)	Fecha	mod(t)	Fecha	mod(t)
26-08-2020	0,902	27-09-2020	0,807	29-10-2020	0,679	30-11-2020	0,503
27-08-2020	0,901	28-09-2020	0,804	30-10-2020	0,675	01-12-2020	0,497
28-08-2020	0,898	29-09-2020	0,801	31-10-2020	0,670	02-12-2020	0,490
29-08-2020	0,896	30-09-2020	0,797	01-11-2020	0,665	03-12-2020	0,484
30-08-2020	0,893	01-10-2020	0,793	02-11-2020	0,660	04-12-2020	0,477
31-08-2020	0,890	02-10-2020	0,790	03-11-2020	0,655	05-12-2020	0,469
01-09-2020	0,887	03-10-2020	0,786	04-11-2020	0,650	06-12-2020	0,461
02-09-2020	0,885	04-10-2020	0,783	05-11-2020	0,645	07-12-2020	0,453
03-09-2020	0,882	05-10-2020	0,779	06-11-2020	0,640	08-12-2020	0,444
04-09-2020	0,879	06-10-2020	0,775	07-11-2020	0,635	09-12-2020	0,436
05-09-2020	0,876	07-10-2020	0,772	08-11-2020	0,630	10-12-2020	0,427
06-09-2020	0,873	08-10-2020	0,768	09-11-2020	0,625	11-12-2020	0,418
07-09-2020	0,871	09-10-2020	0,764	10-11-2020	0,620	12-12-2020	0,409
08-09-2020	0,868	10-10-2020	0,760	11-11-2020	0,615	13-12-2020	0,400
09-09-2020	0,865	11-10-2020	0,756	12-11-2020	0,609	14-12-2020	0,391
10-09-2020	0,862	12-10-2020	0,752	13-11-2020	0,604	15-12-2020	0,382
11-09-2020	0,859	13-10-2020	0,748	14-11-2020	0,598	16-12-2020	0,373
12-09-2020	0,856	14-10-2020	0,744	15-11-2020	0,593	17-12-2020	0,363
13-09-2020	0,853	15-10-2020	0,740	16-11-2020	0,587	18-12-2020	0,353
14-09-2020	0,850	16-10-2020	0,736	17-11-2020	0,582	19-12-2020	0,343
15-09-2020	0,847	17-10-2020	0,732	18-11-2020	0,576	20-12-2020	0,333
16-09-2020	0,843	18-10-2020	0,728	19-11-2020	0,570	21-12-2020	0,323
17-09-2020	0,840	19-10-2020	0,724	20-11-2020	0,565	22-12-2020	0,313
18-09-2020	0,837	20-10-2020	0,719	21-11-2020	0,559	23-12-2020	0,303
19-09-2020	0,834	21-10-2020	0,715	22-11-2020	0,553	24-12-2020	0,292
20-09-2020	0,831	22-10-2020	0,711	23-11-2020	0,547	25-12-2020	0,281
21-09-2020	0,828	23-10-2020	0,706	24-11-2020	0,541	26-12-2020	0,270
22-09-2020	0,824	24-10-2020	0,702	25-11-2020	0,535	27-12-2020	0,259
23-09-2020	0,821	25-10-2020	0,697	26-11-2020	0,529	28-12-2020	0,248
24-09-2020	0,818	26-10-2020	0,693	27-11-2020	0,522	29-12-2020	0,237
25-09-2020	0,814	27-10-2020	0,688	28-11-2020	0,516	30-12-2020	0,225
26-09-2020	0,811	28-10-2020	0,684	29-11-2020	0,510		

Esta tabla muestra los resultados del modelo propuesto mod(t) para el escenario 1.

Fuente: elaboración propia

ANEXO 7. CÓDIGOS UTILIZADOS DEL PROGRAMA R

CÓDIGO PARA EL MODELO SIR TRADICIONAL:

```
library(deSolve)
library(openxlsx)
rm(list=ls())

"1. Función que calcula las derivadas del modelo SIR"

sir= function(tiempo,x,parametros){
  with(as.list(c(parametros, x)),{
    dS <- - k*beta*S*I/(S+I+R)
    dI <- + k*beta*S*I/(S+I+R) - gamma*I
    dR <- gamma*I
    derivadas <- c(dS, dI, dR)
    return(list(derivadas))
  })
}

parametros=c(k=1,beta=0.38,gamma=0.0714)
inicio=c(S=19134897,I=1,R=0)
dt=seq(0,90,1)
solución=as.data.frame(ode(y=inicio,times=dt,func=sir,parms = parametros))
attach(solución)
N=sum(inicio)
R0 = with(as.list(parametros), {(k*beta)/gamma})
print(paste("R0 = ", R0), quote=FALSE)
plot(dt, S, type="l", col="black",ylim=c(0, N), xlab="tiempo (en días)",
      ylab="número de individuos", lwd=3)
lines(dt, I, type="l", col="red",lwd=3)
lines(dt, R, type="l", col="blue", lwd=3)
title("Simulación 1")
legend(5, 14000000, legend=c("S(t): Pob. Susceptible", "I(t): Pob. Infectada", "R(t): P
ob Recuperada"),
      col=c("black", "red", "blue"), lty=rep(1, 3))
write.xlsx(solución, "D:/TFM/solucion.xlsx")
```

CÓDIGO PARA EL MODELO SIR CON N VARIABLE:

```
library(deSolve)
library(openxlsx)
rm(list=ls())

"2. Función que calcula las derivadas del modelo SIR con N variable"

sir= function(tiempo,x,parametros){

  with(as.list(c(parametros, x)),{
```

ANÁLISIS DE LA PROPAGACIÓN Y EVOLUCIÓN DEL VIRUS COVID-19 CON MODELOS
SIR. EVIDENCIA PARA CHILE

Simón Pablo Contreras González

```
dS <- - (k*beta*S*I/(S+I+R))+fi*S+n*(S+I+R)
dI <- + k*beta*S*I/(S+I+R) - gamma*I-fi*I
dR <- gamma*I*(1-lambda)-fi*R
derivadas <- c(dS, dI, dR)
return(list(derivadas))
})
}
parametros=c(k=1,beta=0.37,gamma=0.07, fi=0.0016/100, n=0.00302/100, lambda=2.
92/100)
inicio=c(S=19134897,I=1,R=0)
dt=seq(0,90,1)
solución=as.data.frame(ode(y=inicio,times=dt,func=sir,parms = parametros))
attach(solución)
N=sum(inicio)
R0 = with(as.list(parametros), {(k*beta)/(gamma+fi)})
print(paste("R0 = ", R0), quote=FALSE)
plot(dt, S, type="l", col="black",ylim=c(0, N), xlab="tiempo (en días)",
      ylab="número de individuos", lwd=3)
lines(dt, I, type="l", col="red",lwd=3)
lines(dt, R, type="l", col="blue", lwd=3)
title("Simulación 1")
legend(5, 14000000, legend=c("S(t): Pob. Susceptible", "I(t): Pob. Infectada", "R(t): P
ob Recuperada"),
      col=c("black", "red", "blue"), lty=rep(1, 3))
write.xlsx(solución, "D:/TFM/solucion.xlsx")
```

ANEXO 8. CÓDIGO UTILIZADO EN VISUAL BASIC

CÓDIGO PARA SIMULACIÓN DE MONTE CARLO:

```
Sub simulacion()  
On Error Resume Next  
Sheets("NORMAL MONTECARLO").Select  
Range("a1").Select  
Dim i As Long, c As Long  
Dim R0 As Double  
Dim prom As Double  
Dim max As Double  
Dim min As Double  
c = Val(InputBox("iteraciones?", , 5000))  
Columns("K:K").Clear  
Columns("l:l").Clear  
Columns("m:m").Clear  
Columns("n:n").Clear  
Range("a1").Select  
For i = 1 To c  
    R0 = Range("j3")  
    Range("j4") = i  
    Cells(i, 11) = R0  
Next i  
For i = 1 To c  
    prom = Range("j11")  
    Cells(i, 12) = prom  
Next i  
For i = 1 To c  
    min = Range("j12")  
    Cells(i, 13) = min  
Next i  
For i = 1 To c  
    max = Range("j13")  
    Cells(i, 14) = max  
Next i  
End Sub
```