



CARTA DE AUTORIZACIÓN

CÓDIGO

AP-BIB-FO-06

VERSIÓN

1

VIGENCIA

2014

PÁGINA

1 de 2

Neiva, 03 abril de 2019

Señores

CENTRO DE INFORMACIÓN Y DOCUMENTACIÓN

UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA

Ciudad

El (Los) suscrito(s):

LEONEL ANTONIO TRUJILLO TOVAR _____, con C.C. No. 1.082.215.418 _____,

DIEGO ANDRÉS CALDERÓN CORREA _____, con C.C. No. 1.075.268.563 _____,

autores del trabajo de grado titulado MODELIZACIÓN MATEMÁTICA DE LA PROPAGACIÓN DEL VIRUS ZIKA EN EL DEPARTAMENTO DEL HUILA, EN EL PERIODO 2015-2018(1) presentado y aprobado en el año 2019 como requisito para optar al título de MATEMATICO

Autorizo (amos) al CENTRO DE INFORMACIÓN Y DOCUMENTACIÓN de la Universidad Surcolombiana para que con fines académicos, muestre al país y el exterior la producción intelectual de la Universidad Surcolombiana, a través de la visibilidad de su contenido de la siguiente manera:

- Los usuarios puedan consultar el contenido de este trabajo de grado en los sitios web que administra la Universidad, en bases de datos, repositorio digital, catálogos y en otros sitios web, redes y sistemas de información nacionales e internacionales “open access” y en las redes de información con las cuales tenga convenio la Institución.
- Permita la consulta, la reproducción y préstamo a los usuarios interesados en el contenido de este trabajo, para todos los usos que tengan finalidad académica, ya sea en formato Cd-Rom o digital desde internet, intranet, etc., y en general para cualquier formato conocido o por conocer, dentro de los términos establecidos en la Ley 23 de 1982, Ley 44 de 1993, Decisión Andina 351 de 1993, Decreto 460 de 1995 y demás normas generales sobre la materia.
- Continúo conservando los correspondientes derechos sin modificación o restricción alguna; puesto que de acuerdo con la legislación colombiana aplicable, el presente es un acuerdo jurídico que en ningún caso conlleva la enajenación del derecho de autor y sus conexos.

De conformidad con lo establecido en el artículo 30 de la Ley 23 de 1982 y el artículo 11 de la Decisión Andina 351 de 1993, “Los derechos morales sobre el trabajo son propiedad de los autores” , los cuales son irrenunciables, imprescriptibles, inembargables e inalienables.

Vigilada Mineducación



UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA
GESTIÓN SERVICIOS BIBLIOTECARIOS



CARTA DE AUTORIZACIÓN

CÓDIGO

AP-BIB-FO-06

VERSIÓN

1

VIGENCIA

2014

PÁGINA

2 de 2

LEONEL ANTONIO TRUJILLO TOVAR:

DIEGO ANDRÉS CALDERÓN CORREA

:

Firma:

Firma:

Vigilada Mineducación

La versión vigente y controlada de este documento, solo podrá ser consultada a través del sitio web Institucional www.usco.edu.co, link Sistema Gestión de Calidad. La copia o impresión diferente a la publicada, será considerada como documento no controlado y su uso indebido no es de responsabilidad de la Universidad Surcolombiana.



TÍTULO COMPLETO DEL TRABAJO: MODELIZACIÓN MATEMÁTICA DE LA PROPAGACIÓN DEL VIRUS ZIKA EN EL DEPARTAMENTO DEL HUILA, EN EL PERIODO 2015-2018(1).

AUTOR O AUTORES:

Primero y Segundo Apellido	Primero y Segundo Nombre
TRUJILLO TOVAR	LEONEL ANTONIO
CALDERON CORREA	DIEGO ANDRES

DIRECTOR Y CODIRECTOR TESIS:

Primero y Segundo Apellido	Primero y Segundo Nombre
MEDINA ARCE	YINETH

PARA OPTAR AL TÍTULO DE: MATEMATICO

FACULTAD: CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES

PROGRAMA: MATEMATICA APLICADA

CIUDAD:

AÑO DE PRESENTACIÓN:

NÚMERO DE PÁGINAS:

TIPO DE ILUSTRACIONES (Marcar con una X):

Diagramas_X_ Fotografías___ Grabaciones en discos___ Ilustraciones en general_X_ Grabados___ Láminas___ Litografías___ Mapas_X_ Música impresa___ Planos___ Retratos___ Sin ilustraciones___ Tablas o Cuadros_X_

PALABRAS CLAVES EN ESPAÑOL E INGLÉS:

<u>Español</u>	<u>Inglés</u>
1. MODELO	MODEL
2. EPIDEMIOLOGIA	EPIDEMIOLOGY
3. SIMULACIÓN	SIMULATION
4. ZIKA	ZIKA

Vigilada mieducación



5. DINÁMICA

DYNAMICS

RESUMEN DEL CONTENIDO: (Máximo 250 palabras)

Investigación analítica, donde se estudió un modelo matemático determinístico para explicar la propagación del virus zika como epidemia, en los municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1). Se tomaron como población de estudio a los casos reportados con el virus zika de los diferentes municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1), se tomaron los reportes de los casos confirmados de virus zika de los boletines epidemiológicos semanales por municipio suministrados por la secretaria de salud departamental. La dinámica de propagación del virus zika en el departamento del Huila, se analizó teniendo en cuenta la curva epidémica de los casos reales confirmados durante el periodo de estudio (150 semanas). De tal forma, que un brote a futuro no sobrepasará un reporte máximo de 50 casos infectados por semana epidemiológica. Por lo tanto, se infiere que el brote de virus zika en el Departamento del Huila está y estará controlado. Teniendo en cuenta la estabilidad del modelo, se espera que el brote por virus zika se disemine, a tal punto que el sistema sea endémico. Aunque con base a que el valor de $R_0 = 2,33$ no es muy alto, dicho brote será controlado. Lo anterior, confirma la dinámica real de los casos presentados durante el periodo de estudio.

ABSTRACT: (Máximo 250 palabras)

Analytical research, where we studied a deterministic mathematical model to explain the spread of the virus zika as an epidemic, in the municipalities of the Department of Huila for the period 2015 – 2018 (1). 2015 – 2018 (1) were taken as study population reported cases with the different municipalities of the Department of Huila zika virus during the period, Were the reports of confirmed cases of virus zika weekly epidemiological bulletins by municipality supplied by the departmental health Secretary. The dynamics of propagation of the virus zika in the Department of Huila, was analyzed taking into account the epidemic curve of actual cases confirmed during the period of study (150 weeks). In such a way that an outbreak in the future shall not exceed a maximum 50 cases infected by epidemiological week report. Therefore it can be inferred that in the Department of Huila zika virus outbreak is and will be controlled. Taking into account the stability of the model, is expected by zika virus outbreak spreads to such an extent that the system is endemic. But with base to the value of $R_0 = 2.33$ is not very high, the outbreak will be controlled. The foregoing, confirms the actual dynamics of the cases presented during the study period.



DESCRIPCIÓN DE LA TESIS Y/O TRABAJOS DE GRADO

CÓDIGO	AP-BIB-FO-07	VERSIÓN	1	VIGENCIA	2014	PÁGINA	3 de 3
--------	--------------	---------	---	----------	------	--------	--------

APROBACION DE LA TESIS

Nombre Presidente Jurado: JASMIDT VERA CUENCA

Firma: Jasmidt Vera C

Nombre Jurado: MAURO MONTEALEGRE CARDENAS

Firma: Mauro Montealegre

Nombre Jurado: LUIS ARTURO POLANIA

Firma: [Firma]

**Modelización Matemática de la propagación
del virus Zika en el Departamento del Huila, en
el periodo 2015-2018(1)**

LEONEL ANTONIO TRUJILLO TOVAR
DIEGO ANDRÉS CALDERÓN CORREA

UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
PROGRAMA DE MATEMÁTICA APLICADA
NEIVA-HUILA
2019

Modelización Matemática de la propagación del virus Zika en el Departamento del Huila, en el periodo 2015-2018(1)

Trabajo de grado para optar al título de Matemático

LEONEL ANTONIO TRUJILLO TOVAR
DIEGO ANDRÉS CALDERÓN CORREA

ASESOR
YINETH MEDINA ARCE

UNIVERSIDAD SURCOLOMBIANA
FACULTAD DE CIENCIAS EXACTAS Y NATURALES
PROGRAMA DE MATEMÁTICA APLICADA
NEIVA-HUILA
2019

Índice

1. Agradecimientos	6
2. Introducción	7
3. Pregunta de investigación	11
4. Objetivos	12
5. Marco Teórico	13
6. Diseño Metodológico	18
7. Resultados	19
7.1. Análisis cualitativo del modelo matemático mediante el método numérico de Runge - Kutta de orden 4	27
7.2. Análisis de estabilidad del modelo matemático	29
7.3. Método para hallar el número básico de reproducción " R_o " .	31
7.4. Fracción Crítica asociada al número básico de reproducción " R_o "	32
8. Conclusiones	33
9. Referencias Bibliográficas	34

Índice de figuras

1.	Mapa de distribución de los casos de zika en el Departamento de Huila durante el año 2015.	20
2.	Diagramas Box plot de Casos Zika en el periodo 2015 – 2018(1).	22
3.	Mapa de distribución de los casos de zika en el Departamento de Huila durante el año 2016.	23
4.	Media movil (de periodo 2) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).	25
5.	Media movil (de periodo 20) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).	25
6.	Media movil (de periodo 70) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).	26
7.	Media movil (de periodo 145) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).	26
8.	Número de casos reales de virus zika reportados en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).	27
9.	Número de casos de virus zika pronosticados para el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).	28
10.	Número de casos pronosticados de virus zika vs Número de casos reales de virus zika reportados.	28

Índice de tablas

1.	Distribución por municipio de los casos reportados del virus Zika, periodo 2015-2018(1).	20
2.	Valor de los parámetros utilizados	29

1. Agradecimientos

En primer lugar, agradecemos a nuestra asesora **Yineth Medina Arce**, por toda su orientación, especialmente por su disponibilidad para recibir nuestras dudas y preocupaciones todas la veces que fue necesario durante el proceso de elaboración de este trabajo de grado y acompañarnos siempre que requerimos enfrentar dificultades. Todas sus ideas y orientaciones fueron claves para llevar a feliz término este trabajo.

Al profesor y amigo **Luis Arturo Polania Quiza**, que con áfan de hacer academia y formar Matemáticos que ante todo sean personas, le ha apostado a estos proyectos educativos, que siempre con criterio, seriedad y responsabilidad, no oculto su áfan de colaboración, dando aportes significativos mediante la impartición de sus clases, buscando siempre lo mejor para sus alumnos. Al profesor y jefe de programa **Gustavo Londoño Betancourt** (Q.E.P.D.), por su don de persona, disposición, participación y sentido de colaboración con sus alumnos, y a cada uno de los profesores quienes nos guiaron durante estos años, los cuales fueron vitales para el desarrollo de este trabajo. Prevaleció el don de maestro y el desprendimiento del conocimiento para sembrar en los alumnos malicia, sentido común y humildad.

A nuestros compañeros, integros y competentes. Todos con buenos ideales y prestos a desarrollar ese potencial de ignición dado en estos años de academia.

Finalmente, agradecemos a todos los miembros de nuestras familias, por toda su comprensión, acompañamiento y apoyo durante estos años de estudio.

2. Introducción

Las enfermedades infecciosas son la manifestación clínica de una infección provocada por microorganismos patógenos tales como las bacterias, los virus, los parásitos o los hongos. Según la OMS, estas enfermedades pueden transmitirse, directa o indirectamente, de una persona a otra. [1]

En términos históricos, las enfermedades infecciosas han constituido una amenaza muy grave para la sociedad. Durante la mayor parte del siglo *XX* las pandemias se habían ya considerado amenazas del pasado; la viruela, la peste y otras enfermedades contagiosas ya habían sido atenuadas por el desarrollo de la medicina moderna. [2]

Varias infecciones que años atrás eran fáciles de tratar, representan ahora un gran desafío para la salud en todas partes del mundo. Es por ello, que en años recientes, enfermedades como el VIH/SIDA, la malaria, SRAG y la tuberculosis han provocado grandes efectos económicos y de salud, tanto en países desarrollados como subdesarrollados, demostrando así que esta amenaza sigue presente. [3]

El virus de Zika se identificó por primera vez en macacos en Uganda, en el año 1947, a través de una red de monitoreo de la fiebre amarilla. En 1952, se identificó en el ser humano, en Uganda y la República Unida de Tanzania, se transmite a las personas principalmente a través de la picadura de mosquitos infectados del género *Aedes* (son los mismos que transmiten el dengue, la fiebre chikungunya y la fiebre amarilla), y sobre todo de *Aedes aegypti* en las regiones tropicales. [8]

Así mismo, es posible por transmisión sexual, y actualmente se están investigando otros modos de transmisión, como las transfusiones de sangre. [4]

En marzo de 2015, se reportó por primera vez la transmisión autóctona del virus zika en Brasil. Comenzando 2015, muchos pacientes llegaban a los servicios médicos del estado de Rio Grande do Norte presentando síntomas tipo dengue. Sin embargo, los exámenes físicos y de laboratorio iniciales descartaron la presencia tanto del virus del dengue como del chikungunya. Algunas muestras de esos pacientes fueron trasladadas al Instituto Oswaldo Cruz (referente mundial en investigación de enfermedades tropicales) donde se les realizaron pruebas muy sensibles de detección de ADN del virus, cuyos resultados fueron compatibles con los esperados para la presencia del zika. Según algunos científicos, la cepa del brote actual está relacionada con una descubierta en la Polinesia Francesa, aunque también es posible que el zika fuera

introducido separadamente a América y la Polinesia Francesa desde el sureste asiático. Otro punto importante a considerar son las posibles zonas de expansión del mosquito, lo cual es un factor esencial para la planificación de la salud pública. [8]

En Colombia, se confirmó por primera vez su presencia en septiembre de 2015 en el departamento de Bolívar, y desde entonces se ha reportado en más de 500 municipios del territorio nacional. Los departamentos del valle del Cauca, Santander, Tolima y Huila concentran el 57,3% del total de los casos de infección por zika notificados. [4]

En el Huila, la mayor influencia del virus se dió en el año 2016, se extendió en 31 municipios, siendo las mujeres gestantes y los niños los más afectados. [4]

Esta rápida difusión del virus en el departamento del Huila, podría ser consecuencia de la alta densidad de los mosquitos *Aedes*, su adaptación a los entornos urbanos y la falta de inmunidad previa.

Los modelos matemáticos se han utilizado ampliamente para estudiar la dinámica de las enfermedades infecciosas a nivel de la población. La mayoría de los modelos continuos en el tiempo vienen dados en forma de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDOs). Tales modelos, asumen que la población está bien mezclada, es homogénea y la infección es instantánea. [5]

El uso de métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos para estudiar la dinámica de transmisión y el control de las enfermedades infecciosas como el zika, es una tarea impostergable, teniendo en cuenta, que la función central de crear y analizar un modelo matemático sobre la propagación del virus zika en el Departamento del Huila, es mejorar la comprensión de un sistema para prevenir futuros brotes, determinar la prevalencia e incidencia y coadyuvar a tomar decisiones objetivas para controlar o erradicar la enfermedad en el departamento.

En este estudio, el método de trabajo propuesto se basa en modelos de compartimentos, donde se asume que el total de la población objeto de este estudio es constante y se encuentra distribuida en compartimentos. Las tasas de transferencia entre los compartimentos se expresan matemáticamente como derivadas con respecto al tiempo de los tamaños de los compartimentos, y como resultado se formula como un sistema de ecuaciones diferenciales or-

dinarias. [6] Se asume que el proceso de epidemia es determinístico, es decir, que el comportamiento de la población está completamente determinado por su historia y por las reglas que describen el modelo. Se describe un modelo de epidemias, que actúa en una escala de tiempo lo suficientemente rápida de manera tal que los efectos demográficos, como nacimientos, muertes naturales y migración de la población puedan ser ignorados.

Para modelar este tipo de epidemia se utiliza un modelo tipo *SIR*, el cual consiste en dividir la población, objeto de estudio, en tres clases, denotadas con las etiquetas *S*, *I* y *R*. La variable independiente en este modelo es el tiempo. $S(t)$ es el número de individuos que son susceptibles a la enfermedad, es decir, que aún no han sido infectados para el momento t . $I(t)$ es el número de personas infectadas, para el tiempo t , y $R(t)$ es el número de personas infectadas que se recuperaron para el tiempo t , sin posibilidad de ser infectado de nuevo o de propagar la infección. La recuperación se lleva a cabo mediante la inmunización contra la infección, a través de haberse recuperado de la enfermedad con plena inmunidad contra la reinfección.

Todos los miembros de la población al inicio son igualmente susceptibles a la enfermedad, y se supone además que la inmunidad completa es conferida por una sola infección. Por otro lado, dado que la duración de una epidemia es corta en comparación con la vida de un individuo, se puede considerar que la población permanece constante.

El punto de partida de este estudio es el planteamiento del siguiente modelo *SIR*:

$$\begin{aligned}S'(t) &= -\beta S(t)I(t) \\I'(t) &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\R'(t) &= \alpha I(t)\end{aligned}$$

con las condiciones iniciales en $t = t_0$,

$$\begin{aligned}S(t_0) &= S_0 > 0 \\I(t_0) &= I_0 > 0 \\R(t_0) &= 0\end{aligned}$$

donde S_0 representa al número inicial de individuos susceptibles e I_0 representa al número inicial de infectados, con β y α constantes positivas. A β se

le denomina la tasa de infección, y a α la tasa de recuperación. Este modelo se basa en las siguientes suposiciones:

1. La forma en que una persona puede dejar al grupo susceptible S , es llegar a ser infectado. La forma en que una persona puede dejar el grupo infectado I , es recuperarse de la enfermedad. Cualquier persona recuperada de R tiene inmunidad permanente.
2. La tasa de recuperación α y la velocidad de infección β son los mismos para todos los individuos y se suponen positivos.
3. Un miembro promedio de la población toma el contacto suficiente con los otros βN miembros por unidad de tiempo para transmitir la infección. Los infectados salen de la clase I a la tasa αI por unidad de tiempo. No hay ninguna entrada o salida de la población, excepto posiblemente a través de la muerte por la misma enfermedad.

Este modelo representa una epidemia que infecta rápidamente muchas personas y luego desaparece. El modelo SIR es un modelo simple que no toma en cuenta la edad, el sexo, la posición espacial o cualquier otro factor, como por ejemplo la población de mosquitos. [7]

3. Pregunta de investigación

¿Cuál es el modelo matemático que mejor se ajusta a la dinámica de propagación del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1) ?

4. Objetivos

Objetivo general

Evaluar el modelo matemático que mejor se ajuste a la dinámica de propagación del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Objetivos Especificos

- Describir el modelo matemático que se implementara para estudiar la propagación del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).
- Caracterizar el comportamiento epidemiológico del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).
- Analizar la estabilidad del modelo matemático de propagación del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).
- Simular la dinámica de propagación del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

5. Marco Teórico

El primer modelo epidemiológico de carácter matemático se remonta a varios siglos atrás cuando en 1760 *D. Bernoulli* propuso un modelo para el estudio de la propagación de la viruela. [8] Se afirma que el estudio y desarrollo sistemático de estos modelos no se inicia hasta principios del siglo *XX*. Así, en 1906 *W.H. Hamer* propone un modelo discreto en el tiempo para estudiar la propagación del sarampión, siendo este el primero en el que se sugiere que la incidencia de una epidemia (número de nuevos infectados por unidad de tiempo) depende del producto entre los individuos susceptibles y los infecciosos. [9] Éste es el llamado “principio de acción de masas” que establece que la tasa de propagación de la epidemia se supone proporcional al producto de la densidad de individuos susceptibles por la densidad de individuos infecciosos.

Por otro lado en 1911, *R. Ross* (premio Nobel en 1902 por sus trabajos sobre la malaria) desarrolla un modelo matemático basado en ecuaciones diferenciales que intenta predecir el comportamiento de una epidemia de malaria. [10]

La Epidemiología Matemática moderna surge a finales del primer cuarto del siglo *XX* con el trabajo de *W.O. Kermack* y *A.G. McKendrick*. [11] En este último se presenta un modelo matemático basado en un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias que simula la propagación de la peste bubónica acaecida en Londres desde 1665 a 1666 y que se saldó con la muerte del 20 % de la población. Los métodos y resultados propuestos en él ya fueron sugeridos de alguna manera por *R. Ross* y *H.P. Hudson*. [12] Su característica fundamental es que se trata del primer modelo compartimental en el que la población es dividida en tres compartimentos o clases diferentes: individuos susceptibles, individuos infecciosos e individuos recuperados o muertos. La principal aportación de este trabajo es la introducción del Teorema Umbral que permite determinar cuándo una enfermedad se convierte en epidémica: este hecho se produce cuando el número de individuos inicialmente susceptibles es mayor que un determinado valor umbral.

A partir de la publicación del trabajo de *W.O. Kermack* y *A.G. McKendrick* y de la posterior formalización matemática de casos más complejos han ido apareciendo en la literatura especializada multitud de modelos matemáticos centrados en el estudio de una amplia variedad de enfermedades

infecciosas: tuberculosis, meningitis meningocócica, gripe A(*H1N1*), enfermedad de Chagas, SARS, viruela, SIDA, cólera, malaria, etc.

El objetivo principal de la modelización matemática es la traducción de los problemas que aparecen en un determinado ámbito científico o tecnológico al lenguaje matemático, de tal forma que el análisis teórico y numérico que se hace de los mismos proporciona información para entender mejor los mecanismos que rigen el fenómeno en cuestión. [13] Se trata de una herramienta de investigación que puede ser considerada como un complemento a la teoría y experimentación en la investigación científica.

La modelización matemática se lleva a cabo a través de los llamados modelos matemáticos, los cuales son representaciones sintéticas de naturaleza matemática de un determinado fenómeno. Se caracterizan por hacer suposiciones en relación a una serie de variables y parámetros, de tal forma que se plasman hipótesis sobre los sistemas estudiados para así comparar con los datos reales. [13]

El inicio del proceso de modelización matemática recae sobre el problema real al que se quiere estudiar, esto, referido a la determinación de las leyes que rigen la dinámica del fenómeno relacionado. A continuación se deben identificar y seleccionar aquellos factores que describan los aspectos más importantes del fenómeno y que se vayan a tener en cuenta en su desarrollo: principios que gobiernan a evolución del mismo, leyes físicas, variables, parámetros, etc. Mediante este proceso de reducción se obtiene el denominado modelo de trabajo. El modelo matemático se obtiene cuando enuncia el modelo de trabajo en términos matemáticos determinando así las ecuaciones cuyas soluciones lo describen. [14]

La implementación computacional del modelo matemático da lugar al modelo computacional, cuya ejecución permite realizar simulaciones a partir de las cuales inferir resultados y conclusiones. La interpretación de dichos resultados y su comparación con los datos empíricos obtenidos a partir de la observación del fenómeno real nos permitirá determinar la eficiencia del modelo matemático desarrollado. [14]

Los modelos matemáticos se clasifican según las características que definen su naturaleza:

1. Modelos deterministas vs modelos estocásticos: Los modelos deterministas son aquellos cuyos parámetros y variables no son de naturaleza aleatoria, al contrario de lo que ocurre con los modelos estocásticos.
2. Modelos continuos vs modelos discretos: Los modelos continuos son aquellos en los que las variables pueden tomar un número infinito de valores dentro de un rango determinado; en los modelos discretos algunas o todas las variables toman un número finito de valores.
3. Modelos globales vs. modelos individuales: cuando lo que se pretende simular es el comportamiento de un sistema complejo formado por múltiples elementos, los modelos continuos son aquellos que estudian la dinámica del sistema proporcionando la evolución global del mismo sin tener en cuenta las interacciones locales de los elementos que lo forman; por el contrario, los modelos individuales consideran dichas interacciones.

Los modelos epidemiológicos de carácter matemático son modelos de compartimentos, ya que la población se puede dividir, teniendo en cuenta las características propias de la enfermedad, en susceptibles, infectados, recuperados, vacunados, diagnosticados, aislados, etc. De acuerdo a esto, los modelos matemáticos se pueden clasificar según la dinámica que rige sus comportamientos en modelos *SI* (susceptible-infectado), *SIR* (susceptible-infectado-recuperado), *SIS* (susceptible-infectado-susceptible), *SEIR* (susceptible-expuesto-infectado-recuperado) y demás variantes (*SIRS*, *SEIRS*, etc.). [15]

El objetivo de la mayoría de modelos propuestos es el estudio de la dinámica de los diferentes compartimentos en que se divide la población, es decir, el conocimiento del número de individuos susceptibles, expuestos, infectados, etc. que hay en cada instante de tiempo y cuál es su tendencia. Todo modelo matemático está caracterizado por tres elementos: las variables que se estudian, los parámetros que se utilizan y las relaciones funcionales que rigen la dinámica considerando las variables y parámetros. [7] Para la simulación de la propagación de las enfermedades infecciosas, las variables utilizadas son el número de individuos que se encuentran en alguno de los compartimentos considerados: susceptibles, infectados, expuestos, etc. Los parámetros suelen

ser la tasa de infección, tasa de recuperación, índice de mortalidad, periodo de latencia o exposición, periodo de incubación, periodo infeccioso, periodo de inmunidad, etc. El uso de unos u otros depende del modelo implementado y de la enfermedad en cuestión. [15]

Gran parte de los modelos matemáticos se basan en el uso de ecuaciones diferenciales ordinarias, lo que hace que dichos modelos sean de carácter continuo y determinista; por el contrario, si las herramientas matemáticas utilizadas son ecuaciones en recurrencias, autómatas celulares, redes neuronales, ecuaciones booleanas con retardo, etc. se habla de modelos discretos (deterministas o estocásticos). [14][15]

Las ecuaciones diferenciales ordinarias y las ecuaciones en derivadas parciales constituyen un pilar importante dentro de la Modelización Matemática. El uso de ecuaciones diferenciales permite realizar un detallado análisis matemático del modelo en cuestión. El comportamiento de estos modelos depende fundamentalmente de un parámetro umbral llamado “número reproductivo básico”, R_0 , el cual determina la estabilidad del equilibrio sin infección y de equilibrio endémico. El número reproductivo básico se define como el número de infecciones secundarias causadas por un único individuo infectado en una población enteramente susceptible. [16] De esta manera si la infección se irá reduciendo (el número de individuos infectados decrecerá hasta erradicarse) alcanzándose un estado de equilibrio sin infección estable; si, por el contrario, se verifica que $R_0 > 1$, entonces la infección se propagará (el número de individuos infectados crecerá) llegándose a un estado de equilibrio endémico estable. [16][17]

La aparición del modelo de *Kermack* y *McKendrick* en 1927 es el hito más importante de la Epidemiología Matemática. Se trata de un modelo *SIR* en el que el tamaño de la población se mantiene constante. [11]

Consecuentemente se consideran tres variables dependientes del tiempo: el número de individuos susceptibles: $S(t)$, el número de individuos infectados: $I(t)$, y el número de individuos recuperados: $R(t)$. Dado que se supone que la población se mantiene constante, entonces $S(t) + I(t) + R(t) = N$ para cualquier instante de tiempo t y donde N representa el número total de individuos que forman dicha población. Además se tienen en cuenta dos parámetros, a saber: el índice de transmisión a , que podemos definir grosso

modo como la tasa, por unidad de tiempo, de que un individuo susceptible se contagie al estar en contacto con un individuo infectado y el índice de recuperación, b (tasa, por unidad de tiempo, de que un individuo infectado se recupere). La dinámica del modelo se rige según el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias:

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\frac{a}{N}S(t)I(t) \\ I'(t) &= \frac{a}{N}S(t)I(t) - bI(t) \\ R'(t) &= bI(t) \end{aligned}$$

La notación $S'(t)$, $I'(t)$ y $R'(t)$ indica las respectivas derivadas de $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ respecto del tiempo t , esto es la variación con el tiempo de dichas magnitudes. La primera ecuación del sistema, establece que la variación del número de susceptibles con el tiempo depende del número de contactos entre los individuos susceptibles y los individuos infectados y del índice de transmisión “Ley de acción de masas”. La segunda ecuación del sistema, indica que la variación del número de individuos infectados es la diferencia entre los nuevos infectados y los infectados que se han recuperado. Finalmente, la tercera ecuación, indica que el aumento de individuos recuperados es proporcional al número de individuos infectados, siendo la constante de proporcionalidad el propio índice de recuperación.

Otros modelos derivados de *Kermack* y *McKendrick* [11] que se pueden considerar como ejemplos paradigmáticos y a partir de los cuales se han desarrollado nuevos modelos matemáticos son, como ya se ha comentado, los debidos a *Hethcote* y a *Dieckmann* y *Heesterbeek*. [13][14]

6. Diseño Metodológico

Tipo de estudio

Investigación analítica, donde se estudio un modelo matemático determinístico para explicar la propagación del virus zika como epidemia, en los municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1).

Población

Se tomaron como población de estudio a los casos reportados con el virus zika de los diferentes municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1).

Plan de análisis

Se propuso un modelo tipo *SIR*, el cual se validó a partir de los datos reportados de la epidemia de virus zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Se simuló la dinámica de propagación del virus zika en el software matemático *MATLAB* por medio del método *Runge – Kutta (RK)*, considerando varias formas por las que la enfermedad se puede expandir entre algunos municipios específicos.

7. Resultados

Municipios	Casos Zika			
	2015	2016	2017	2018-1
Saladoblanco	0	75	0	1
Acevedo	1	837	1	0
Agrado	1	24	0	0
Aipe	57	286	1	0
Algeciras	6	2780	1	0
Altamira	0	27	1	2
Baraya	4	52	0	0
Campoalegre	7	349	2	1
Colombia	1	63	0	0
Elías	0	42	0	0
Garzón	8	17	5	0
Gigante	8	139	2	0
Guadalupe	1	54	2	0
Hobo	2	6	1	0
Íquira	1	16	0	0
Isnos (San José de Isnos)	1	155	0	0
La argentina	0	88	0	0
La plata	1	180	3	4
Nátaga	0	2	0	0
Neiva	625	23	11	1
Oporapa	1	95	0	0

Municipios	Casos Zika			
	2015	2016	2017	2018-1
Paicol	0	348	0	0
Palermo	6	39	1	0
Palestina	0	9	0	0
Pital	1	115	4	0
Pitalito	3	94	7	2
Rivera	2	142	0	2
San Agustín	1	27	0	0
Santa María	0	21	0	0
Suaza	0	23	3	0
Tarqui	2	2	0	0
Tello	4	49	0	0
Teruel	0	86	0	0
Tesalia	0	11	0	0
Timaná	0	6	3	0
Villa Vieja	1	18	1	0
Yaguará	5	6	0	0
Total General	750	6306	49	13

Tabla 1: Distribución por municipio de los casos reportados del virus Zika, periodo 2015-2018(1).

Se tomaron los reportes de los casos confirmados de virus zika de los boletines epidemiológicos semanales por municipio suministrados por la secretaria de salud departamental, los cuales se detallan en la *Tabla 1*.

En el departamento del Huila se confirmó la presencia del virus zika desde la semana 35 de 2015.

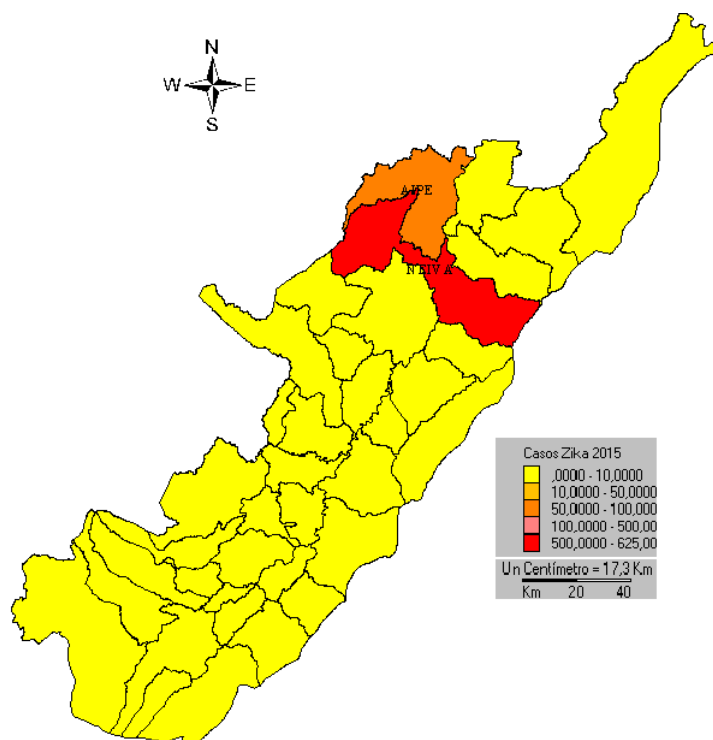


Figura 1. Mapa de distribución de los casos de zika en el Departamento de Huila durante el año 2015.

Durante este año, se presentaron en total 750 casos, con una mediana de casos igual a 1, el 50 % de los municipios reportaron de 0 a 1 caso, tan solo un 25 % reporto más de 4 casos. Esto en términos de incidencia, nos muestra el inicio del brote, ya que la mitad de los municipios del departamento del Huila tienden a reportar entre 0 y 1 caso, a excepción de los municipios con reporte de casos atípicos, tales como Neiva, que reporto 625 casos, equivalentes al 83,3 % del total de casos reportados, siendo así el municipio con la mayor

incidencia de virus Zika durante este periodo, seguido del municipio de Aipe con 57 casos, equivalentes al 7,6 % del total de casos reportados. (Figura 1)

La distribución de los casos se muestra heterogénea teniendo en cuenta que el coeficiente de asimetría es positivo y amplio (6,01), esto se respalda con el diagrama *Box Plot* donde es fácil apreciar la existencia de valores distintos a la derecha de la media. (Figura 2 : 2015).

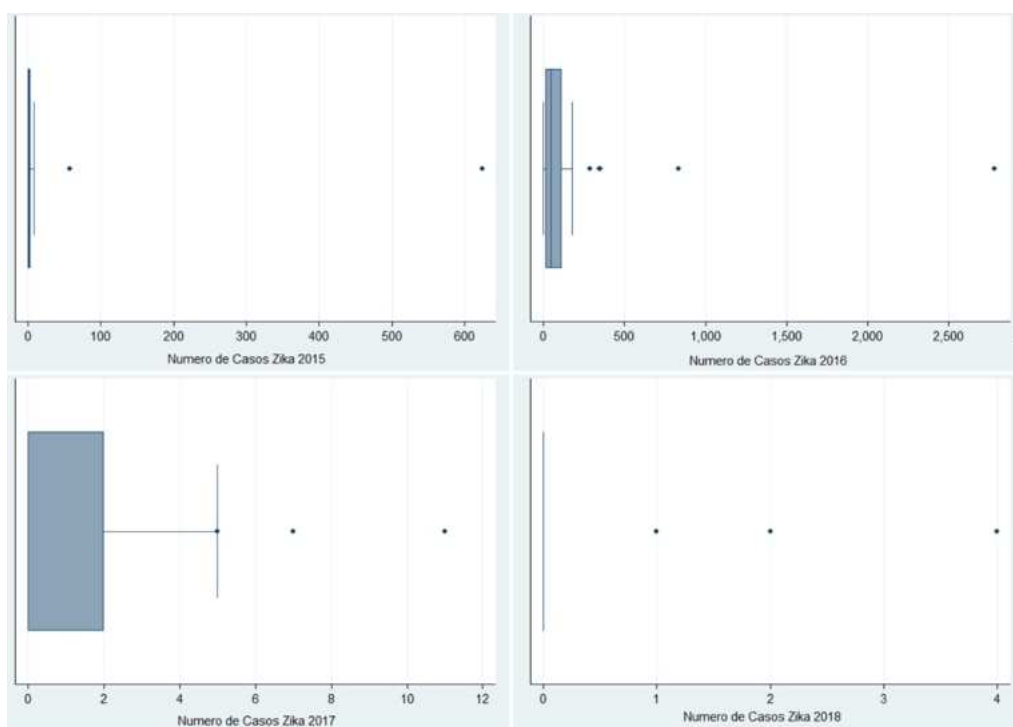


Figura 2. Diagramas Box plot de Casos Zika en el periodo 2015 – 2018(1).

Para el año 2016, el reporte de casos por virus zika fluctuó notablemente. Durante este año, el brote alcanzó su máximo reporte de casos. En total, se reportaron 6306 casos. (Tabla 1).

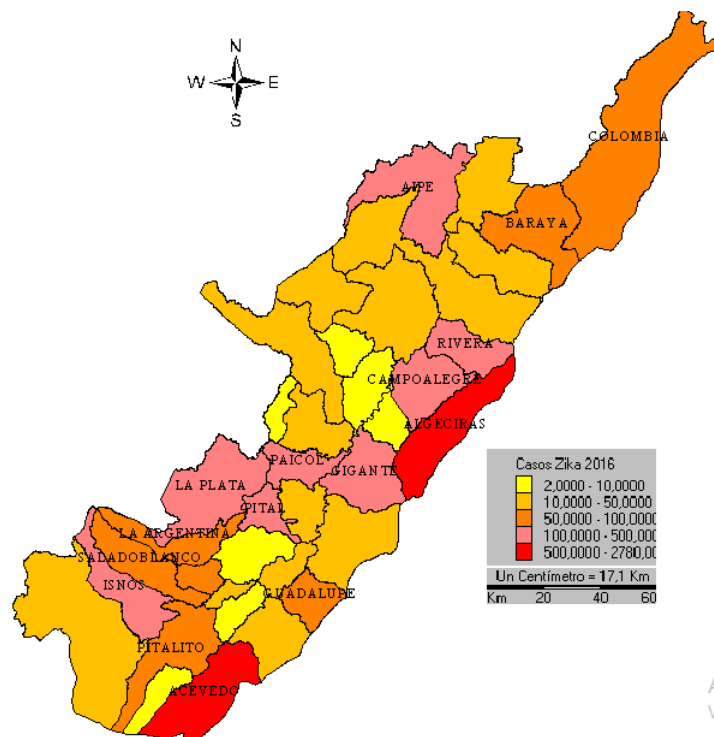


Figura 3. Mapa de distribución de los casos de zika en el Departamento de Huila durante el año 2016.

Con una mediana de casos igual a 49, el 50 % de los municipios reportó entre 2 y 49 casos; el 50 % restante reportó más de 49 casos por virus zika, de los cuales 5 tuvieron un reporte atípico. El municipio de Algeciras con 2780 casos, equivalentes al 44,1 % del total de casos reportados fue el municipio con la mayor incidencia de virus zika, seguido del municipio de Acevedo con 837 casos, equivalentes al 13,3 %; Campoalegre con 349 casos, equivalentes al 5,5 %; Paicol con 348 casos, equivalentes al 5,5 % y el municipio de Aipe con 286 casos, equivalentes al 4,5 % del total de casos reportados. Estos, hacen parte de un 25 % de municipios que reportaron más de 115 casos en el año. (Figura 3)

La distribución de los casos durante el año 2016 se muestra heterogénea teniendo en cuenta que el coeficiente de asimetría es positivo y amplio (5,20), lo cual nos ratifica la existencia de valores distintos y lejanos a la derecha de la media. (Figura 2 : 2016).

Durante el año 2017, el brote por virus zika logro estabilizarse. En total, se reportaron 49 casos en todo el departamento.

El número de casos reportados en los municipios del departamento del Huila durante este año fue en promedio 1,32 casos. La mitad de los municipios no reportaron casos por virus zika, tan solo un 25% reporto más de 2 casos, de los cuales el reporte máximo lo hizo el municipio de Neiva con 11 casos, equivalentes al 22,4% del total de casos reportados, seguido del municipio de Pitalito, donde se reportaron 7 casos, equivalentes al 14,3% del total de casos reportados.

La distribución de los casos se muestra levemente homogénea teniendo en cuenta que el coeficiente de asimetría es positivo y no muy amplio (2,68). (*Figura 2 : 2017*).

El brote por virus zika se estabilizó completamente al término del primer semestre del año 2018. En total, se reportaron hasta la fecha 13 casos (*Tabla 1*). El número de casos reportados en los municipios del departamento del Huila hasta el mes de julio de 2018 es en promedio 0,35 casos. Con una mediana igual a 0, la mitad de los municipios no reportaron casos por virus zika, tan solo un 25% de los municipios han reportado. De los cuales, La Plata es el municipio con la mayor incidencia de virus zika con un total de 4 casos, equivalentes al 30,8% del total de casos reportados, seguido de los municipios de Altamira, Pitalito y Rivera con 2 casos, equivalentes al 15,4% del total de los casos reportados respectivamente. Por lo anterior, estos reportes se comportan como valores atípicos dentro de la distribución de casos en el departamento del Huila.

Hasta la fecha, la distribución de los casos se muestra levemente homogénea teniendo en cuenta que el coeficiente de asimetría no es muy amplio (2,87) (*Figura 2 : 2018*).

La dinámica de propagación del virus zika en el departamento del Huila, se analizó teniendo en cuenta la curva epidémica de los casos reales confirmados durante el periodo de estudio (150 semanas).

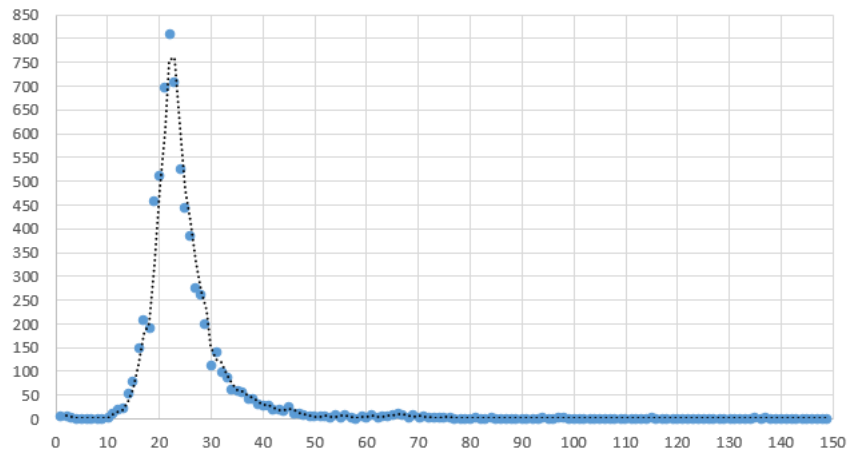


Figura 4. Media móvil (de periodo 2) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Aplicando una línea de tendencia mediante el método de media móvil (de periodo 2), se observa, que una vez que el brote alcanzó un máximo número de infectados en un determinado tiempo, este decreció de manera exponencial, a tal punto que tendió a estabilizarse. (*Figura 4*)

Del mismo modo, variando dicho periodo de la media móvil, se evaluó el comportamiento de los casos infectados por virus zika a futuro. (*Figura 5, 6, 7*)

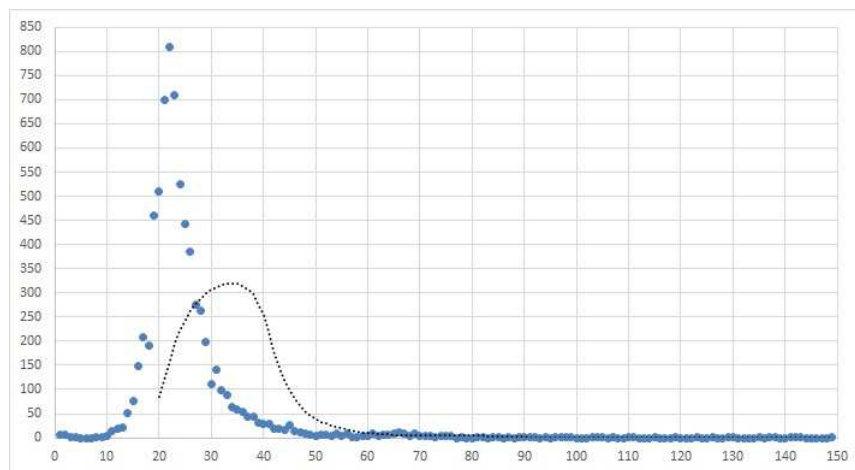


Figura 5. Media móvil (de periodo 20) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

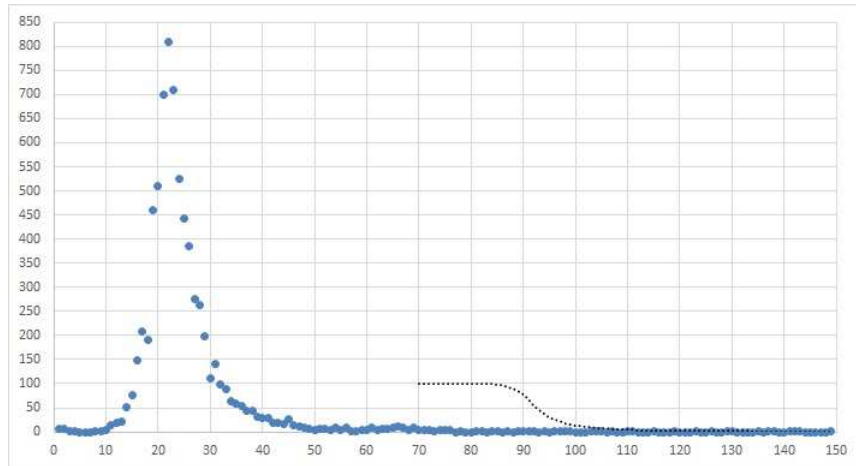


Figura 6. Media movil (de periodo 70) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

De tal forma, que un brote a futuro no sobrepasará un reporte máximo de 50 casos infectados por semana epidemiológica. Por lo tanto, se infiere que el brote de virus zika en el Departamento del Huila está y estará controlado.

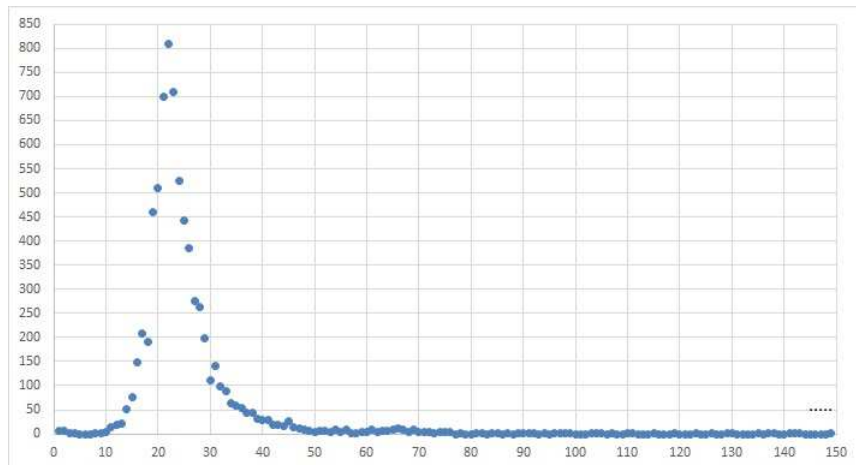


Figura 7. Media movil (de periodo 145) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

7.1. Análisis cualitativo del modelo matemático mediante el método numérico de Runge - Kutta de orden 4

Inicialmente, se representa el número de casos reportados del virus zika por semana, en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015–2018(1) (150 semanas).

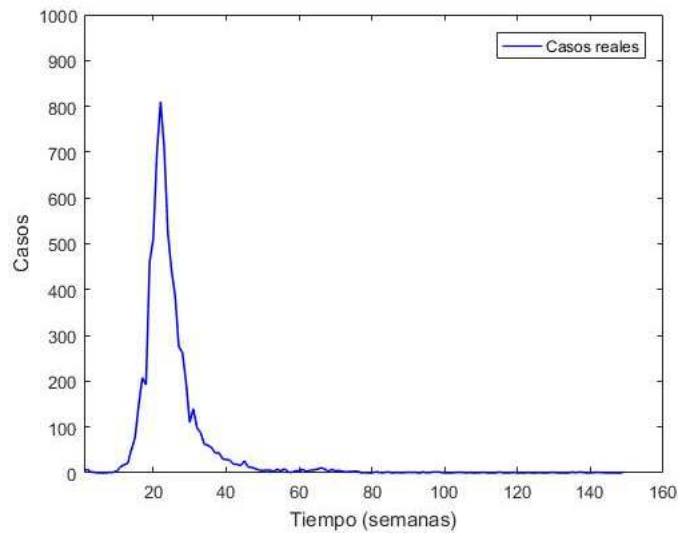


Figura 8. Número de casos reales de virus zika reportados en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

El modelo SIR planteado pronostica el comportamiento cualitativo de los casos infectados por el virus zika al transcurso del tiempo (semanas), simulado mediante el método de Runge - Kutta de orden 4.

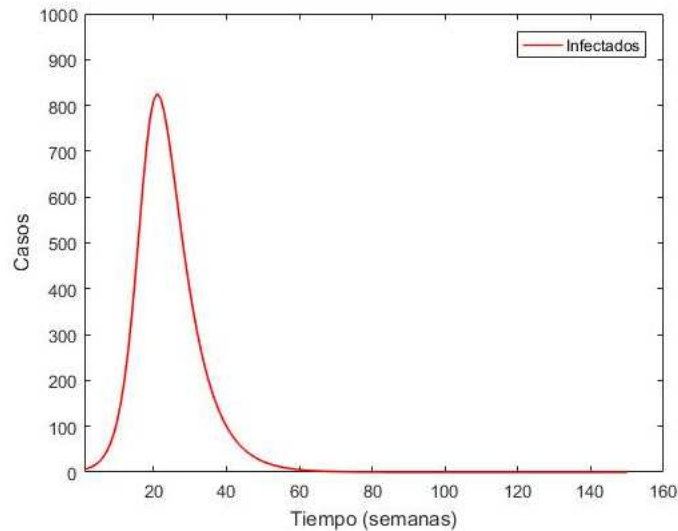


Figura 9. Número de casos de virus zika pronosticados para el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Al realizarse el ajuste de las dos representaciones anteriores, se puede apreciar que el modelo *SIR* planteado para el estudio, predice de manera precisa el comportamiento del brote de zika durante el final del año 2015 (semana 1 a la 18) e inicios del año 2016 (semana 19 a la 25), y muestra la tendencia de los casos a decrecer para las semanas futuras. (*Figura 10*).

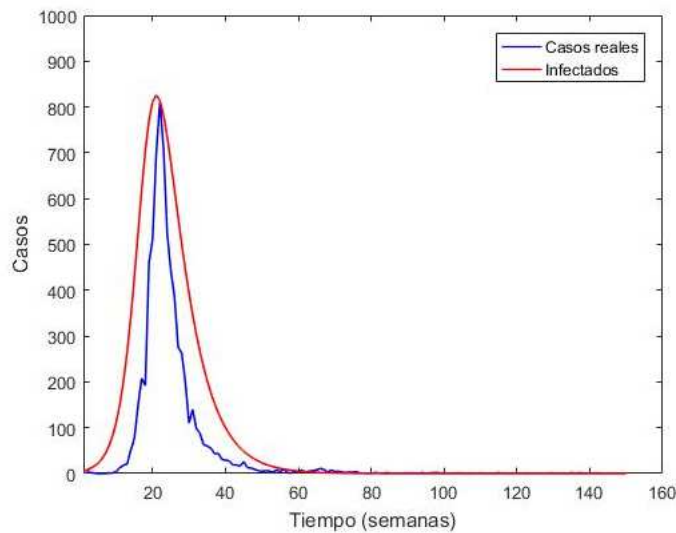


Figura 10. Número de casos pronosticados de virus zika vs Número de casos reales de virus zika reportados.

Los valores iniciales y parámetros utilizados para realizar la simulación del modelo *SIR* son detallados en la siguiente tabla.

Parámetro	Valor
$S(t_0)$	1,168,800
$I(t_0)$	6
$R(t_0)$	0
β	1/3
α	1/7
Tiempo (semanas)	150

Tabla 2: Valor de los parámetros utilizados

7.2. Análisis de estabilidad del modelo matemático

Modelo *SIR*:

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta S(t)I(t) \\ I'(t) &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ R'(t) &= \alpha I(t) \end{aligned}$$

Teorema.

En un modelo *SIR* sin nacimientos ni muertes la enfermedad acaba desapareciendo, por lo que dicho modelo corresponde a una epidemia no endémica en la que se cumple:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0, \quad \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty, \quad \lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty = 1 - S_\infty$$

con el correspondiente estado de equilibrio:

$$(S_\infty, 0, 1 - S_\infty)$$

Demostración.

Sumando las tres ecuaciones del sistema se obtiene $S' + I' + R' = 0$, lo que nos asegura que el modelo matemático verifica la condición de que el tamaño de la población no varía. Busquemos los puntos de equilibrio del sistema, en los que $S' = I' = R' = 0$. Si dos de las derivadas se anulan, la tercera también se anulará. Analizaremos únicamente las derivadas de los estados susceptibles y recuperado.

La única manera de que se anulen ambas derivadas a la vez es que $I = 0$, es decir, que el número de individuos infecciosos sea cero. Por tanto, este equilibrio corresponde con el punto de equilibrio.

Comprobamos su estabilidad y obtenemos los valores propios a través del jacobiano:

$$A = \begin{pmatrix} -\beta I & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & 0 \end{pmatrix}$$

Con lo cual

$$|A - \lambda| = \begin{vmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \alpha - \lambda & 0 \\ 0 & \alpha & -\lambda \end{vmatrix} = (-\lambda) \begin{vmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S \\ \beta I & \beta S - \alpha - \lambda \end{vmatrix}$$

Sustituimos el punto de equilibrio $(S_\infty, 0, 1 - S_\infty)$ e igualamos a 0 para obtener los valores propios, tenemos lo siguiente:

$$(-\lambda) \begin{vmatrix} -\lambda & -\beta S_\infty \\ 0 & \beta S_\infty - \alpha - \lambda \end{vmatrix} = (-\lambda)(-\lambda\beta S_\infty + \alpha\lambda + \lambda^2) = \lambda^2(\beta S_\infty - \alpha - \lambda)$$

De donde obtenemos

$$\begin{cases} \lambda_1 = 0 \\ \lambda_2 = \beta S_\infty - \alpha \end{cases}$$

Analizando los signos de los valores propios podemos decir que,

- Si $\beta S_\infty - \alpha < 0$ las trayectorias tienden a los puntos críticos.
- Si $\beta S_\infty - \alpha > 0$ las trayectorias se alejará de dichos puntos aumentando el número de infectados hasta que se cumpla $\beta S_\infty - \alpha < 0$

Por lo tanto, independientemente del valor de R_0 tendremos un único punto fijo estable. En el caso $R_0 > 1$ éste deberá cumplir $S_\infty < \frac{\alpha}{\beta}$

7.3. Método para hallar el número básico de reproducción “ R_0 ”

Debemos saber cuando $\frac{dI}{dt} > 0$, es decir:

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} > 0 &\iff \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ &\iff I(t)(\beta S(t) - \alpha) \end{aligned}$$

Como tenemos que $I(t) > 0$ entonces

$$\begin{aligned} \beta S(t) - \alpha &> 0 \\ \beta S(t) &> \alpha \\ \frac{\beta S(t)}{\alpha} &> 1 \end{aligned}$$

Obteniendo a R_0 :

$$R_0 = \frac{\beta S(t)}{\alpha} > 1$$

Como la población es totalmente susceptible, $S(t) = 1$, quedando:

$$R_0 = \frac{\beta}{\alpha} > 1$$

Reemplazando los valores de β y α tenemos,

$$R_0 = 2,333$$

Teniendo en cuenta este valor, se espera que el brote por virus zika se disemine, a tal punto que el sistema sea endémico. Aunque con base a que el valor de R_0 no es muy alto, dicho brote será controlado. Lo anterior, confirma la dinámica real de los casos presentados durante el periodo de estudio.

7.4. Fracción Crítica asociada al número básico de reproducción “ R_o ”

En caso de que existiera una vacuna contra el virus zika y suponiendo que hubiera una mezcla al azar de toda la población, la fracción crítica indica que se debería vacunar al 57% de la población de habitantes del Departamento del Huila para lograr la erradicación del virus.

8. Conclusiones

El modelamiento matemático es una herramienta muy útil y suficiente para la representación de fenómenos biológicos. Su aplicación en problemas de salud pública permite estimar parámetros, los cuales pueden materializarse mediante simulaciones, de tal forma que aporten a la toma de decisiones para minimizar el impacto de ciertas enfermedades.

En este trabajo se llevó a cabo un primer intento por evaluar un modelo tipo *SIR* que estudia el proceso de propagación de la infección producida por el virus Zika en el Departamento del Huila, en el periodo 2015 – 2018(1). Para ello analizamos un modelo, previamente considerado en estudios de dengue y otras enfermedades transmitidas por vector, que toma en cuenta la población de humanos, con sus poblaciones constantes, y con cierta dinámica demográfica natural. Un hecho importante del estudio fue la variación de los parámetros del modelo, los cuales permitieron la comparación de los datos predichos con los datos disponibles de la población de infectados en el periodo de estudio, los cuales fueron suministrados por la secretaria de salud departamental.

Se caracterizó el comportamiento epidemiológico del virus Zika en el Departamento del Huila, en el periodo 2015 – 2018(1), para posteriormente analizar cualitativamente el modelo planteado, obteniendo de esta manera el punto de equilibrio donde se presenta el brote y el número básico de reproducción $R_0 = 2,33$.

Por último, se simuló la dinámica de propagación de la infección por el virus Zika, donde se observó que el modelo *SIR* planteado predice de manera precisa el comportamiento del brote durante el periodo de estudio. Para dicha simulación se usó el método *Runge – Kutta* de orden 4 en el software matemático *Matlab* (versión 2016).

Como trabajo futuro está el de añadir al modelo propuesto el fenómeno de difusión, al considerar, aparte de la variable temporal, la variable espacial, además de tomar en cuenta la variabilidad de las poblaciones de mosquitos, al considerar sus criaderos, el estado de latencia temporal de la enfermedad en humanos y la transmisión vertical. Sin duda, esto llevara a considerar un modelo más complejo, pero también más realista del proceso infeccioso causado por el virus Zika en el Departamento del Huila.

9. Referencias Bibliográficas

1. Tetro J., Zika virus: the making of an epidemic, Popular Science, 2016.
<http://www.popsoci.com/zika-virus-making-an-epidemic>.
2. Berkowitz B, Karklis L, Tan S, Lu D, Clark P. What you need to know about the zika virus. The Washington Post, 2016.
<https://www.washingtonpost.com/graphics/health/zika-virus/>
3. Rodriguez, M.G. (2004). Dinamica de trasmisión y modelos matemáticos en enfermedades transmitidas por vectores. Venezuela: Entomotropica.
4. Ospina, E.C. (s.f). Bases estadísticas de salud pública.
5. Elmerde, B. (2012). Estudios en biomatemática. En B. s. Elmerde la pava salgado. Univesidad Autonoma de Occidente.
6. Murray, J. (s.f). Mathematical Biology. I. An Introduction, Third Edition.
7. Carlos Castillo - Chaves, (2015). Modelos de propagación de Enfermedades Infecciosas, Cali.
8. Bernolli D, Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité cause par la petite véro-le, et des aventages de l'inoculation pour la pré-venir. Paris: Memoires de mathématiques et de physiques tires des registres al l'Academie Royale des Sciences, de l'année 1760.p. 1-45.
9. Hamer WH. Epidemic disease in England. Lancet 1906; 1:733-39.
10. Ross R.A The Prevention of Malaria. 2nd ed. John Murray, London, 1991.
11. Kermack W.O, Mckendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. Royal Soc. London, 115: 700-721, 1927.
12. Ross R, Hudson HP. An application of the theory of probabilities to the study of a priory pathometry, part III. Proc Roy Soc London A 1917; 93: 225-240.

13. *Diekmann O, Heesterbeek JAP*. Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases. Chichester: John Wiley & Sons, 2000.
14. *Hethcote HW*. Qualitative analyses of communicable disease models. *Math Biosci* 1976; 28:335-356.
15. *Zhang T, Teng Z*. Pulse vaccination delayed SEIRS epidemic model with saturation inciden. *Appl Math Model* 2008; 32; 1403-1416.
16. *Vall M*. Modelos matemáticos para el estudio de la epidemiología de las enfermedades infecciosas. *Enferm Infecc Microbiol Clin* 1999; 17: 207-8.
17. *Brauer F, Catillo-Chaves C, De La Pava-Salgado E, Barley K, Castillo-Garsow C.W, Chowell D, Espinoza B, Gonzáles Parra P, Hernandez Suarez C, Moreno V.M*. Modelos de la propagación de enfermedades infecciosas. Universidad Autonoma de Occidente, Cali, Colombia, 2015. ISBN 978-958-8713-65-6.

Modelización Matemática de la propagación del virus Zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015-2018(1).

Diego Andrés Calderón Correa^a

Leonel Antonio Trujillo Tovar^a

Yineth Medina Arce^b

a Matemático - Universidad Surcolombiana

b Licenciada en Matemáticas y Física - Universidad Surcolombiana

Magister en Matemática Aplicada - Universidad EAFIT

RESUMEN

Introducción: En términos históricos, las enfermedades infecciosas han constituido una amenaza muy grave para la sociedad. Durante la mayor parte del siglo XX las pandemias se habían ya considerado amenazas del pasado; la viruela, la peste y otras enfermedades contagiosas ya habían sido atenuadas por el desarrollo de la medicina moderna. El virus de Zika se identificó por primera vez en macacos en Uganda, en el año 1947, a través de una red de monitoreo de la fiebre amarilla. En 1952, se identificó en el ser humano, en Uganda y la Republica Unida de Tanzania, se transmite a las personas principalmente a través de la picadura de mosquitos infectados del género *Aedes* (son los mismos que transmiten el dengue, la fiebre chikungunya y la fiebre amarilla), y sobre todo de *Aedes aegypti* en las regiones tropicales.

Objetivo: Evaluar el modelo matemático que mejor se ajusta a la dinámica de propagación del virus zika en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Metodología: Investigación analítica, donde se estudió un modelo matemático determinístico para explicar la propagación del virus zika como epidemia, en los municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1). Se tomaron como población de estudio a los casos reportados con el virus zika de los diferentes municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1).

Resultados: Se tomaron los reportes de los casos confirmados de virus zika de los boletines epidemiológicos semanales por municipio suministrados por la secretaria de salud departamental. La dinámica de propagación del virus zika en el departamento del Huila, se analizó teniendo en cuenta la curva epidémica de los casos reales confirmados durante el periodo de estudio (150 semanas). De tal forma, que un brote a futuro no sobrepasará un reporte máximo de 50 casos infectados por semana epidemiológica. Por lo tanto, se infiere que el brote de virus zika en el Departamento del Huila está y estará controlado. Teniendo en cuenta la estabilidad del modelo, se espera que el brote por virus zika se disemine, a tal punto que el sistema sea endémico. Aunque con base a que el valor de $R_0 = 2,33$ no es muy alto, dicho brote será controlado. Lo anterior, confirma la dinámica real de los casos presentados durante el periodo de estudio.

Conclusión: El modelamiento matemático es una herramienta muy útil y suficiente para la representación de fenómenos biológicos. Su aplicación en problemas de salud pública permite estimar parámetros, los cuales pueden materializarse mediante simulaciones, de tal forma que aporten a la toma de decisiones para minimizar el impacto de ciertas enfermedades.

Palabras Claves: Modelo, Epidemiología, Simulación, Zika, Dinámica, Propagación.

ABSTRACT

Introduction: In historical terms, infectious diseases have constituted a serious threat to society. During most of the 20th century pandemics had already considered threats of the past; smallpox, plague and other infectious diseases had already been attenuated by the development of modern medicine. Zika virus was first identified in macaques in Uganda, in 1947, through a network of monitoring of yellow fever. In 1952, was identified in humans, in Uganda and the Republic United of Tanzania, are people primarily transmitted through the bites of mosquitoes infected with the genus *Aedes* (are the same that transmit the dengue fever, chikungunya fever and fever yellow), and especially of *Aedes aegypti* in the tropical regions.

Objective: evaluate the mathematical model that best fits the dynamic propagation of Zika virus in the Department of Huila, during the period 2015–2018(1).

Methodology: Analytical research, where we studied a deterministic mathematical model to explain the spread of the virus zika as an epidemic, in the municipalities of the Department of Huila for the period 20152018(1). 20152018(1) were taken as study population reported cases with the different municipalities of the Department of Huila zika virus during the period.

Results: Were the reports of confirmed cases of virus zika weekly epidemiological bulletins by municipality supplied by the departmental health Secretary. The dynamics of propagation of the virus zika in the Department of Huila, was analyzed taking into account the epidemic curve of current cases confirmed during the period of study (150 weeks). In such a way that an outbreak in the future shall not exceed a maximum 50 cases infected by epidemiological week report. Therefore it can be inferred that in the Department of Huila zika virus outbreak is and will be controlled. Taking into account the stability of the model, is expected by zika virus outbreak spreads to such an extent that the system is endemic. But with base to the value of $R_0 = 2,33$ is not very high, the outbreak will be controlled. The foregoing, confirms the current dynamics of the cases presented during the study period.

Conclusion: The mathematical modeling is a very useful tool and sufficient for the representation of biological phenomena. Its application in public health problems allows to estimate parameters, which can materialize through simulations, so that they contribute to decision making to minimize the impact of certain diseases.

Keywords: Model, epidemiology, simulation, Zika, dynamics, propagation.

Introducción

Las enfermedades infecciosas son la manifestación clínica de una infección provocada por microorganismos patógenos tales como las bacterias, los virus, los parásitos o los hongos. Según la OMS, estas enfermedades pueden transmitirse, directa o indirectamente, de una persona a otra. [1]

En términos históricos, las enfermedades infecciosas han constituido una amenaza muy grave para la sociedad. Durante la mayor parte del siglo *XX* las pandemias se habían ya considerado amenazas del pasado; la viruela, la peste

y otras enfermedades contagiosas ya habían sido atenuadas por el desarrollo de la medicina moderna. [2]

Varias infecciones que años atrás eran fáciles de tratar, representan ahora un gran desafío para la salud en todas partes del mundo. Es por ello, que en años recientes, enfermedades como el VIH/SIDA, la malaria, SRAG y la tuberculosis han provocado grandes efectos económicos y de salud, tanto en países desarrollados como subdesarrollados, demostrando así que esta

amenaza sigue presente. [3]

El virus de Zika se identificó por primera vez en macacos en Uganda, en el año 1947, a través de una red de monitoreo de la fiebre amarilla. En 1952, se identificó en el ser humano, en Uganda y la República Unida de Tanzania, se transmite a las personas principalmente a través de la picadura de mosquitos infectados del género *Aedes* (son los mismos que transmiten el dengue, la fiebre chikungunya y la fiebre amarilla), y sobre todo de *Aedes aegypti* en las regiones tropicales. [8]

Así mismo, es posible por transmisión sexual, y actualmente se están investigando otros modos de transmisión, como las transfusiones de sangre. [4]

En marzo de 2015, se reportó por primera vez la transmisión autóctona del virus zika en Brasil. Comenzando 2015, muchos pacientes llegaban a los servicios médicos del estado de Rio Grande do Norte presentando síntomas tipo dengue. Sin embargo, los exámenes físicos y de laboratorio iniciales descartaron la presencia tanto del virus del dengue como del chikungunya. Algunas muestras de esos pacientes fueron trasladadas al Instituto Oswaldo Cruz (referente mundial en investigación de enfermedades tropicales) donde se les realizaron pruebas muy sensibles de detección de ADN del virus, cuyos resultados fueron compatibles con los esperados para la presencia del zika. Según algunos científicos, la cepa del brote actual está relacionada con una descubierta en la Polinesia Francesa, aunque también es posible que el zika fuera introducido separadamente a América y la Polinesia Francesa desde el sureste asiático. Otro punto importante a considerar son las posibles zonas de expansión del mosquito, lo cual es un factor esencial para la planificación de la salud pública. [8]

En Colombia, se confirmó por primera vez su presencia en septiembre de 2015 en el departamento de Bolívar, y desde entonces se ha reportado en más de 500 municipios del territorio nacional. Los departamentos del valle del Cauca, Santander, Tolima y Huila concentran el 57,3% del total de los casos de infección por zika notificados. [4]

En el Huila, la mayor influencia del virus se dió

en el año 2016, se extendió en 31 municipios, siendo las mujeres gestantes y los niños los más afectados. [4]

Esta rápida difusión del virus en el departamento del Huila, podría ser consecuencia de la alta densidad de los mosquitos *Aedes*, su adaptación a los entornos urbanos y la falta de inmunidad previa.

Los modelos matemáticos se han utilizado ampliamente para estudiar la dinámica de las enfermedades infecciosas a nivel de la población. La mayoría de los modelos continuos en el tiempo vienen dados en forma de ecuaciones diferenciales ordinarias (EDOs). Tales modelos, asumen que la población está bien mezclada, es homogénea y la infección es instantánea. [5]

El uso de métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos para estudiar la dinámica de transmisión y el control de las enfermedades infecciosas como el zika, es una tarea impostergable, teniendo en cuenta, que la función central de crear y analizar un modelo matemático sobre la propagación del virus zika en el Departamento del Huila, es mejorar la comprensión de un sistema para prevenir futuros brotes, determinar la prevalencia e incidencia y coadyuvar a tomar decisiones objetivas para controlar o erradicar la enfermedad en el departamento.

Diseño Metodológico

Investigación analítica, donde se estudio un modelo matemático determinístico para explicar la propagación del virus zika como epidemia, en los municipios del departamento del Huila durante el periodo 2015 – 2018(1).

El método de trabajo propuesto se basa en modelos de compartimentos, donde se asume que el total de la población objeto de este estudio es constante y se encuentra distribuida en compartimentos. Las tasas de transferencia entre los compartimentos se expresan matemáticamente como derivadas con respecto al

tiempo de los tamaños de los compartimentos, y como resultado se formula como un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias. Se asume que el proceso de epidemia es determinístico, es decir, que el comportamiento de la población está completamente determinado por su historia y por las reglas que describen el modelo. Se describe un modelo de epidemias, que actúa en una escala de tiempo lo suficientemente rápida de manera tal que los efectos demográficos, como nacimientos, muertes naturales y migración de la población puedan ser ignorados.

Para modelar este tipo de epidemia se utiliza un modelo tipo *SIR*, el cual consiste en dividir la población, objeto de estudio, en tres clases, denotadas con las etiquetas *S*, *I* y *R*. La variable independiente en este modelo es el tiempo. $S(t)$ es el número de individuos que son susceptibles a la enfermedad, es decir, que aún no han sido infectados para el momento t . $I(t)$ es el número de personas infectadas, para el tiempo t , y $R(t)$ es el número de personas infectadas que se recuperaron para el tiempo t , sin posibilidad de ser infectado de nuevo o de propagar la infección. La recuperación se lleva a cabo mediante la inmunización contra la infección, a través de haberse recuperado de la enfermedad con plena inmunidad contra la reinfección.

Todos los miembros de la población al inicio son igualmente susceptibles a la enfermedad, y se supone además que la inmunidad completa es conferida por una sola infección. Por otro lado, dado que la duración de una epidemia es corta en comparación con la vida de un individuo, se puede considerar que la población permanece constante.

El punto de partida de este estudio es el planteamiento del siguiente modelo *SIR*:

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta S(t)I(t) \\ I'(t) &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ R'(t) &= \alpha I(t) \end{aligned}$$

con las condiciones iniciales en $t = t_0$,

$$\begin{aligned} S(t_0) &= S_0 > 0 \\ I(t_0) &= I_0 > 0 \\ R(t_0) &= 0 \end{aligned}$$

donde S_0 representa al número inicial de individuos susceptibles e I_0 representa al número inicial de infectados, con β y α constantes positivas. A β se le denomina la tasa de infección, y a α la tasa de recuperación.

Este modelo se basa en las siguientes suposiciones:

1. La forma en que una persona puede dejar al grupo susceptible S , es llegar a ser infectado. La forma en que una persona puede dejar el grupo infectado I , es recuperarse de la enfermedad. Cualquier persona recuperada de R tiene inmunidad permanente.
2. La tasa de recuperación α y la velocidad de infección β son los mismos para todos los individuos y se suponen positivos.
3. Un miembro promedio de la población toma el contacto suficiente con los otros βN miembros por unidad de tiempo para transmitir la infección. Los infectados salen de la clase I a la tasa αI por unidad de tiempo. No hay ninguna entrada o salida de la población, excepto posiblemente a través de la muerte por la misma enfermedad.

Representa una epidemia que infecta rápidamente muchas personas y luego desaparece. El modelo *SIR* es un modelo simple que no toma en cuenta la edad, el sexo, la posición espacial o cualquier otro factor, como por ejemplo la población de mosquitos. El modelo se validó a partir de los datos reportados de la epidemia de virus zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1), y se simuló la dinámica de propagación del virus zika en el software matemático *MATLAB* por medio del método *Runge – Kutta (RK)*, considerando varias formas por las que la enfermedad se puede expandir entre algunos municipios específicos.

Resultados

Se tomaron los reportes de los casos confirmados de virus zika de los boletines epidemiológicos semanales por municipio suministrados por la secretaria de salud departamental, los cuales se detallan en la *Tabla 1*.

Municipios	Casos Zika			
	2015	2016	2017	2018-1
Saladoblanco	0	75	0	1
Acevedo	1	837	1	0
Agrado	1	24	0	0
Aipe	57	286	1	0
Algeciras	6	2780	1	0
Altamira	0	27	1	2
Baraya	4	52	0	0
Campoalegre	7	349	2	1
Colombia	1	63	0	0
Elias	0	42	0	0
Garzón	8	17	5	0
Gigante	8	139	2	0
Guadalupe	1	54	2	0
Hobo	2	6	1	0
Iquira	1	16	0	0
Isnos (San José de Isnos)	1	155	0	0
La argentina	0	88	0	0
La plata	1	180	3	4
Nataga	0	2	0	0
Neiva	625	23	11	1
Oporapa	1	95	0	0
Paicol	0	348	0	0
Palermo	6	39	1	0
Palestina	0	9	0	0
Pital	1	115	4	0
Pitalito	3	94	7	2
Rivera	2	142	0	2
San Agustin	1	27	0	0
Santa Maria	0	21	0	0
Suaza	0	23	3	0
Tarqui	2	2	0	0
Tello	4	49	0	0
Teruel	0	86	0	0
Tesalia	0	11	0	0
Timana	0	6	3	0
Villa Vieja	1	18	1	0
Yaguara	5	6	0	0
Total General	750	6306	49	13

Tabla 1. Distribución por municipio de los casos reportados del virus Zika, periodo 2015-2018(1)

En el departamento del Huila se confirmó la presencia del virus zika desde la semana 35 de 2015.

Durante este año, se presentaron en total 750 casos, con una mediana de casos igual a 1, el 50% de los municipios reportaron de 0 a 1 caso, tan solo un 25% reporto más de 4 casos. Esto en términos de incidencia, nos muestra el inicio del brote, ya que la mitad de los municipios del departamento del Huila tienden a reportar entre 0 y 1 caso, a excepción de los municipios con reporte de casos atípicos, tales como Neiva, que reporto 625 casos, equivalentes

al 83,3% del total de casos reportados, siendo así el municipio con la mayor incidencia de virus Zika durante este periodo, seguido del municipio de Aipe con 57 casos, equivalentes al 7,6% del total de casos reportados. (*Figura 1*)

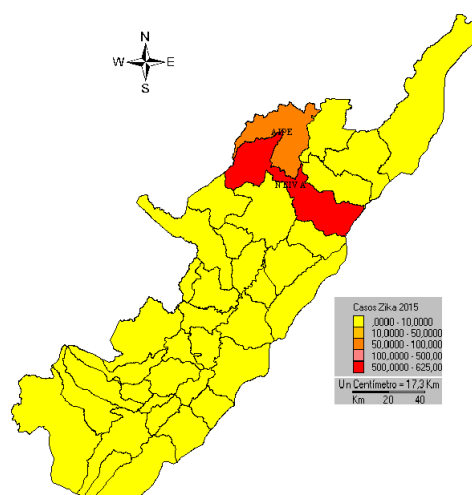


Figura 1. Mapa de distribución de los casos de zika en el Departamento de Huila durante el año 2015.

Para el año 2016, el reporte de casos por virus zika fluctuó notablemente. Durante este año, el brote alcanzó su máximo reporte de casos. En total, se reportaron 6306 casos. (*Tabla 1*).

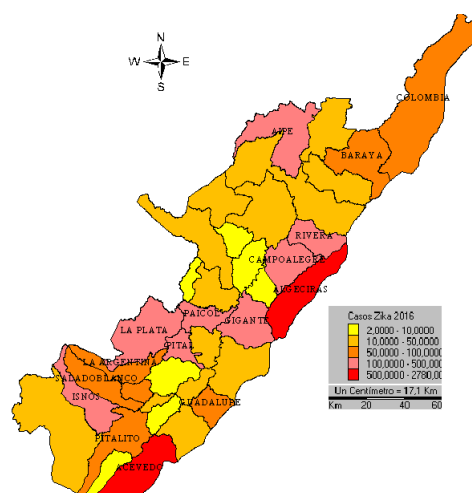


Figura 2. Mapa de distribución de los casos de zika en el Departamento de Huila durante el año 2016.

Con una mediana de casos igual a 49, el 50 % de los municipios reportó entre 2 y 49 casos; el 50 % restante reportó más de 49 casos por virus zika, de los cuales 5 tuvieron un reporte atípico. El municipio de Algeciras con 2780 casos, equivalentes al 44,1 % del total de casos reportados fue el municipio con la mayor incidencia de virus zika, seguido del municipio de Acevedo con 837 casos, equivalentes al 13,3 %; Campoalegre con 349 casos, equivalentes al 5,5 %; Paicol con 348 casos, equivalentes al 5,5 % y el municipio de Aipe con 286 casos, equivalentes al 4,5 % del total de casos reportados. Estos, hacen parte de un 25 % de municipios que reportaron más de 115 casos en el año. (*Figura 2*)

Durante el año 2017, el brote por virus zika logró estabilizarse. En total, se reportaron 49 casos en todo el departamento.

El número de casos reportados en los municipios del departamento del Huila durante este año fue en promedio 1,32 casos. La mitad de los municipios no reportaron casos por virus zika, tan solo un 25 % reportó más de 2 casos, de los cuales el reporte máximo lo hizo el municipio de Neiva con 11 casos, equivalentes al 22,4 % del total de casos reportados, seguido del municipio de Pitalito, donde se reportaron 7 casos, equivalentes al 14,3 % del total de casos reportados.

El brote por virus zika se estabilizó completamente al término del primer semestre del año 2018. En total, se reportaron hasta la fecha 13 casos (*Tabla 1*).

La dinámica de propagación del virus zika en el departamento del Huila, se analizó teniendo en cuenta la curva epidémica de los casos reales confirmados durante el periodo de estudio (150 semanas).

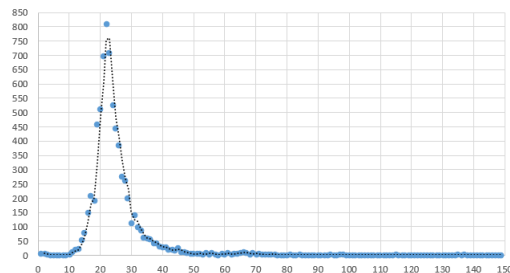


Figura 3. Media móvil (de periodo 2) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Aplicando una línea de tendencia mediante el método de media móvil (de periodo 2), se observa, que una vez que el brote alcanzó un máximo número de infectados en un determinado tiempo, este decreció de manera exponencial, a tal punto que tendió a estabilizarse. (*Figura 3*)

Del mismo modo, variando dicho periodo de la media móvil, se evaluó el comportamiento de los casos infectados por virus zika a futuro. (*Figura 4, 5, 6*)

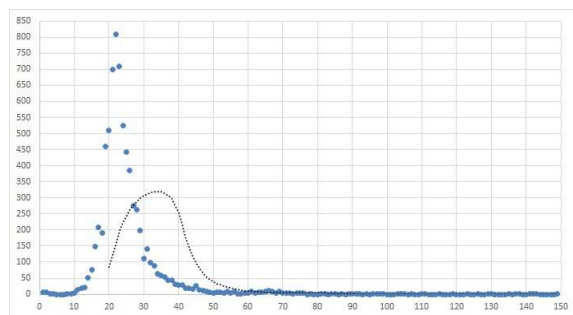


Figura 4. Media móvil (de periodo 20) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

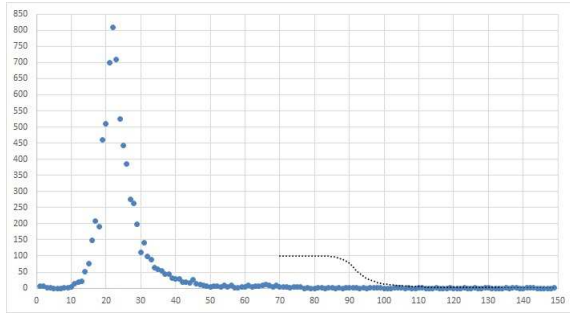


Figura 5. Media móvil (de periodo 70) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

De tal forma, que un brote a futuro no sobrepasará un reporte máximo de 50 casos infectados por semana epidemiológica. Por lo tanto, se infiere que el brote de virus zika en el Departamento del Huila está y estará controlado.

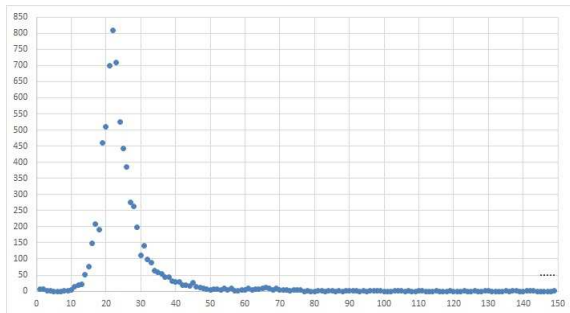


Figura 6. Media móvil (de periodo 145) de los casos reales confirmados de zika en el departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Análisis cualitativo del modelo matemático mediante el método numérico Runge - Kutta de orden 4

Inicialmente, se representa el número de casos reportados del virus zika por semana, en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1) (150 semanas).

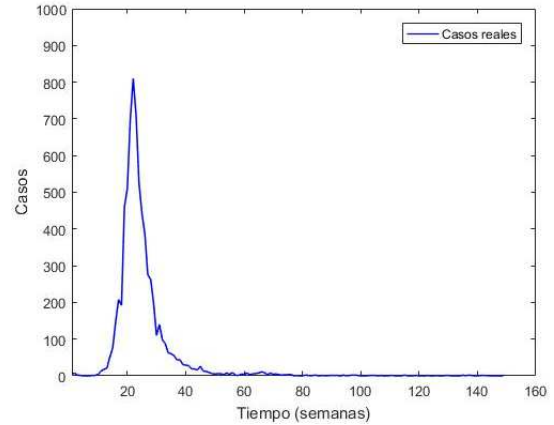


Figura 7. Número de casos reales de virus zika reportados en el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

El modelo *SIR* planteado pronostica el comportamiento cualitativo de los casos infectados por el virus zika al transcurso del tiempo (semanas), simulado mediante el método de Runge - Kutta de orden 4.

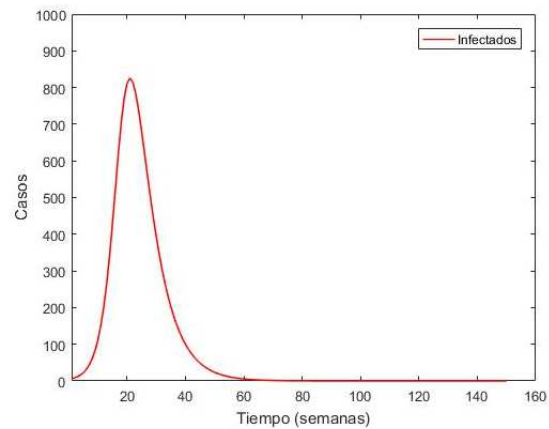


Figura 8. Número de casos de virus zika pronosticados para el Departamento del Huila, durante el periodo 2015 – 2018(1).

Al realizarse el ajuste de las dos representaciones anteriores, se puede apreciar que el modelo *SIR* planteado para el estudio, predice de manera precisa el comportamiento del brote de zika durante el final del año 2015 (semana 1 a la 18) e inicios del año 2016 (semana 19 a la 25), y muestra la tendencia de los casos a decrecer para las semanas futuras. (Figura 9).

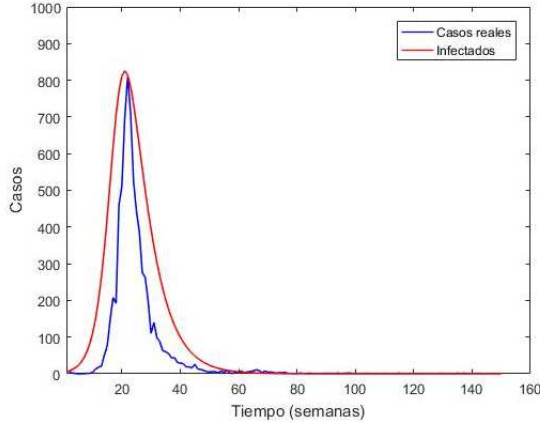


Figura 9. Número de casos pronosticados de virus zika vs Número de casos reales de virus zika reportados.

Los valores iniciales y parámetros utilizados para realizar la simulación del modelo SIR son detallados en la *Tabla 2*.

Parámetros	Valor
$S(t_0)$	1,168,800
$I(t_0)$	6
$R(t_0)$	0
β	1/3
α	1/7
Tiempo (semanas)	150

Tabla 2. Valor de los parámetros utilizados

Análisis de estabilidad del modelo matemático

Modelo SIR :

$$\begin{aligned} S'(t) &= -\beta S(t)I(t) \\ I'(t) &= \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ R'(t) &= \alpha I(t) \end{aligned}$$

Teorema.

En un modelo SIR sin nacimientos ni muertes la enfermedad acaba desapareciendo, por lo que dicho modelo corresponde a una epidemia no endémica en la que se cumple:

$$\lim_{t \rightarrow \infty} I(t) = 0, \quad \lim_{t \rightarrow \infty} S(t) = S_\infty,$$

$$\lim_{t \rightarrow \infty} R(t) = R_\infty = 1 - S_\infty$$

con el correspondiente estado de equilibrio:

$$(S_\infty, 0, 1 - S_\infty)$$

Demostación.

Sumando las tres ecuaciones del sistema se obtiene $S' + I' + R' = 0$, lo que nos asegura que el modelo matemático verifica la condición de que el tamaño de la población no varía. Busquemos los puntos de equilibrio del sistema, en los que $S' = I' = R' = 0$. Si dos de las derivadas se anulan, la tercera también se anulará. Analizaremos únicamente las derivadas de los estados susceptibles y recuperado.

La única manera de que se anulen ambas derivadas a la vez es que $I = 0$, es decir, que el número de individuos infecciosos sea cero. Por tanto, este equilibrio corresponde con el punto de equilibrio.

Comprobamos su estabilidad y obtenemos los valores propios a través del jacobiano:

$$A = \begin{pmatrix} -\beta I & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \alpha & 0 \\ 0 & \alpha & 0 \end{pmatrix}$$

Con lo cual

$$\begin{aligned} |A - \lambda| &= \begin{vmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S & 0 \\ \beta I & \beta S - \alpha - \lambda & 0 \\ 0 & \alpha & -\lambda \end{vmatrix} = \\ &= (-\lambda) \begin{vmatrix} -\beta I - \lambda & -\beta S \\ \beta I & \beta S - \alpha - \lambda \end{vmatrix} \end{aligned}$$

Sustituimos el punto de equilibrio $(S_\infty, 0, 1 - S_\infty)$ e igualamos a 0 para obtener los valores propios, tenemos lo siguiente:

$$(-\lambda) \begin{vmatrix} -\lambda & -\beta S_\infty \\ 0 & \beta S_\infty - \alpha - \lambda \end{vmatrix} =$$

$$(-\lambda)(-\lambda\beta S_\infty + \alpha\lambda + \lambda^2) = \lambda^2(\beta S_\infty - \alpha - \lambda)$$

De donde obtenemos

$$\begin{cases} \lambda_1 = 0 \\ \lambda_2 = \beta S_\infty - \alpha \end{cases}$$

Analizando los signos de los valores propios podemos decir que,

- Si $\beta S_\infty - \alpha < 0$ las trayectorias tienden a los puntos críticos.
- Si $\beta S_\infty - \alpha > 0$ las trayectorias se alejará de dichos puntos aumentando el número de infectados hasta que se cumpla $\beta S_\infty - \alpha < 0$

Por lo tanto, independientemente del valor de R_0 tendremos un único punto fijo estable. En el caso $R_0 > 1$ éste deberá cumplir $S_\infty < \frac{\alpha}{\beta}$

Método para hallar el número básico de reproducción “ R_0 ”

Debemos saber cuando $\frac{dI}{dt} > 0$, es decir:

$$\begin{aligned} \frac{dI}{dt} > 0 &\iff \beta S(t)I(t) - \alpha I(t) \\ &\iff I(t)(\beta S(t) - \alpha) \end{aligned}$$

Como tenemos que $I(t) > 0$ entonces

$$\begin{aligned} \beta S(t) - \alpha &> 0 \\ \beta S(t) &> \alpha \\ \frac{\beta S(t)}{\alpha} &> 1 \end{aligned}$$

Obteniendo a R_0 :

$$R_0 = \frac{\beta S(t)}{\alpha} > 1$$

Como la población es totalmente susceptible, $S(t) = 1$, quedando:

$$R_0 = \frac{\beta}{\alpha} > 1$$

Reemplazando los valores de β y α tenemos,

$$R_0 = 2,333$$

Teniendo en cuenta este valor, se espera que el brote por virus zika se disemine, a tal punto que el sistema sea endémico. Aunque con base a que el valor de R_0 no es muy alto, dicho brote será controlado. Lo anterior, confirma la dinámica real de los casos presentados durante el periodo de estudio.

Fracción Crítica asociada al número básico de reproducción “ R_0 ”

En caso de que existiera una vacuna contra el virus zika y suponiendo que hubiera una mezcla al azar de toda la población, la fracción crítica indica que se debería vacunar al 57% de la población de habitantes del Departamento del Huila para lograr la erradicación del virus.

Conclusiones

El modelamiento matemático es una herramienta muy útil y suficiente para la representación de fenómenos biológicos. Su aplicación en problemas de salud pública permite estimar parámetros, los cuales pueden materializarse mediante simulaciones, de tal forma que aporten a la toma de decisiones para minimizar el impacto de ciertas enfermedades.

Se llevó a cabo un primer intento por evaluar un modelo tipo *SIR* que estudia el proceso de propagación de la infección producida por el virus Zika en el Departamento del Huila, en el periodo 2015 – 2018(1). Para ello analizamos un modelo, previamente considerado en estudios de dengue y otras enfermedades transmitidas por vector, que toma en cuenta la población de humanos, con sus poblaciones constantes, y con cierta dinámica demográfica natural. Un hecho importante del estudio fue la variación de los parámetros del modelo, los cuales permitieron la comparación de los datos predichos con los datos disponibles de la población de infectados en el periodo de estudio, los cuales fueron suministrados por la secretaria de salud departamental.

Se caracterizó el comportamiento epidemiológico del virus Zika en el Departamento del Huila, en el periodo 2015 – 2018(1), para posteriormente analizar cualitativamente el modelo planteado, obteniendo de esta manera el punto de equilibrio donde se presenta el brote y el número básico de reproducción $R_0 = 2,33$.

Por último, se simuló la dinámica de propagación de la infección por el virus Zika, donde se observó que el modelo *SIR* planteado predice de mane-

ra precisa el comportamiento del brote durante el periodo de estudio. Para dicha simulación se usó el método *Runge – Kutta* de orden 4 en el software matemático *Matlab* (versión 2016).

Como trabajo futuro está el de añadir al modelo propuesto el fenómeno de difusión, al considerar, aparte de la variable temporal, la variable espacial, además de tomar en cuenta la variabilidad de las poblaciones de mosquitos, al considerar sus criaderos, el estado de latencia temporal de la enfermedad en humanos y la transmisión vertical. Sin duda, esto llevara a considerar un modelo más complejo, pero también más realista del proceso infeccioso causado por el virus Zika en el Departamento del Huila.

Referencias Bibliográficas

1. Tetro J., Zika virus: the making of an epidemic, Popular Science, 2016.
<http://www.popsci.com/zika-virus-making-an-epidemic>.
2. Berkowitz B, Karklis L, Tan S, Lu D, Clark P. What you need to know about the zika virus. The Washington Post, 2016.
3. Rodriguez, M.G. (2004). Dinámica de transmisión y modelos matemáticos en enfermedades transmitidas por vectores. Venezuela: Entomotropica.
4. Ospina, E.C. (s.f). Bases estadísticas de salud pública.
5. Elmerde, B. (2012). Estudios en biomatemática. En B. s. Elmerde la pava salgado. Univesidad Autonoma de Occidente.
6. Murray, J. (s.f). Mathematical Biology. I. An Introduction, Third Edition.
7. Carlos Castillo - Chaves, (2015). Modelos de propagación de Enfermedades Infecciosas, Cali.
8. Bernolli D, Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité cause par la petite véro-le, et des avantages de l'inoculation pour la pré-venir. Paris: Memoires de mathématiques et de physiques tires des registres al l'Academie Royale des Sciences, de l'année 1760.p. 1-45.
9. Hamer WH. Epidemic disease in England. Lancet 1906; 1:733-39.
10. Ross R.A The Prevention of Malaria. 2nd ed. John Murray, London, 1991.
11. Kermack W.O, Mckendrick A.G. A contribution to the mathematical theory of epidemics. Proc. Royal Soc. London, 115: 700-721, 1927.
12. Ross R, Hudson HP. An application of the theory of probabilities to the study of a priory pathometry, part III. Proc Roy Soc London A 1917; 93: 225-240.
13. Diekmann O, Heesterbeek JAP. Mathematical Epidemiology of Infectious Diseases. Chichester: John Wiley & Sons, 2000.
14. Hethcote HW. Qualitative analyses of communicable disease models. Math Biosci 1976; 28:335-356.
15. Zhang T, Teng Z. Pulse vaccination delayed SEIRS epidemic model with saturation incidence. Appl Math Model 2008; 32; 1403-1416.
16. Vall M. Modelos matemáticos para el estudio de la epidemiología de las enfermedades infecciosas. Enferm Infecc Microbiol Clin 1999; 17: 207-8.
17. Brauer F, Castillo-Chaves C, De La Pava-Salgado E, Barley K, Castillo-Garsow C.W, Chowell D, Espinoza B, Gonzáles Parra P, Hernandez Suarez C, Moreno V.M. Modelos de la propagación de enfermedades infecciosas. Universidad Autonoma de Occidente, Cali, Colombia, 2015. ISBN 978-958-8713-65-6.