

# Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros

Salvador Galindo Uribarri\*, Mario Alberto Rodríguez Meza\* y Jorge Luis Cervantes Cota\*

Recepción: 22 de febrero de 2013

Aceptación: 17 de mayo de 2013

\* Departamento de Física, Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares, México.

Correos electrónicos: salvador.galindo@inin.gob.mx;

marioalberto.rodriguez@inin.gob.mx y

jorge.cervantes@inin.gob.mx

Se agradecen los comentarios de los árbitros de la revista.

**Resumen.** Se presenta el modelo epidemiológico SIR que se aplicó a tres epidemias: dos históricas y una de brote reciente; esta última fue la del virus AH1N1 que apareció en México y en otras naciones. El modelo SIR, a pesar de su simplicidad, describe adecuadamente las tres epidemias. En general, las curvas de predicción del modelo se ajustan muy bien a los datos. El modelo requiere el conocimiento de datos históricos confiables o bien datos precisos actuales. Estos datos no siempre se tienen y por ende las predicciones resultan verdaderas sólo cualitativamente y no correctas en detalle. Éste fue el caso de la de la epidemia del virus AH1N1 en México.

**Palabras clave:** AH1N1, modelo SIR, epidemia, México.

## Mathematics of Epidemics: 2009 Mexican Epidemiological Case and Others

**Abstract.** We present the SIR epidemiological model, applied to three epidemics: two historical and one recent outbreak. The latter was produced by AH1N1 virus which appeared in Mexico and other nations. Despite its simplicity the SIR model adequately describes the three epidemics. In general, the prediction curves of the model fit very well to the data. The model requires the knowledge of reliable historical data or current accurate data. These data are not always at hand and therefore the predictions are true only qualitatively but are not correct in detail. This was the case of the AH1N1 virus epidemic in Mexico.

**Key words:** AH1N1, SIR model, epidemic, Mexico.

## Introducción

Una mañana de mayo de 1665, George Vicars, sastre de la pequeña villa de Eyam, Inglaterra, recibió un paquete proveniente de Londres. El bulto contenía telas que usaría en la elaboración de ropa para los lugareños. Días más tarde el sastre yacía sepultado en una tumba en el cementerio de la iglesia local. Las víctimas continuaron. Quedaba claro que la peste bubónica había llegado al pueblo.

La población de Eyam recurrió al consejo del reverendo William Mompesson de la parroquia anglicana local y al ministro puritano Thomas Stanley, quienes propusieron un

plan para detener la peste. Establecieron, entre otras medidas, que los habitantes evitarían el contacto con el mundo exterior y ahí permanecerían. Cada familia enterraría a sus muertos en los patios de sus propias casas. Para evitar cualquier trato, los residentes de los pueblos cercanos les dejarían comida en las afueras y recogerían las monedas depositadas previamente en pago de los alimentos. Antes de recoger las monedas, los foráneos las rociarían con vinagre para su desinfección.

La medida fue efectiva, pues la epidemia no se extendió a las poblaciones vecinas, pero murieron aproximadamente 250 habitantes de un total de 350. Hoy en día aún se pueden ver las lápidas de sus sepulturas (Wood, 2009).

El ser humano es gregario, una condición que ha hecho inevitable que las epidemias sean recurrentes a lo largo de nuestra historia (Hays, 2005). Por esta razón resulta imprescindible investigar sus causas y formas de propagación para tomar acciones preventivas y de control.

Una forma de entender la propagación de infecciones es a través de la modelación matemática de las epidemias. Daniel Bernoulli (1760), uno de los primeros en desarrollar un modelo matemático, evaluó el efecto de vacunar a la población contra la viruela.

El desarrollo de modelos matemáticos de epidemias tuvo gran progreso a principios del siglo xx. Tal vez se deba a los contagios que azotaron a la población mundial a principios del siglo pasado, entre las cuales destaca la epidemia de influenza de 1918 que mató millones de personas (Pettit y Bailie, 2008). Actualmente existe una gran cantidad de modelos tanto de la dinámica de crecimiento del contagio como de su propagación geográfica. Hoy la literatura al respecto es extensa. Por ejemplo, el libro de Brauer (2008) muestra que el campo de la epidemiología matemática es muy activo y que los modelos epidemiológicos se siguen perfeccionando.

El propósito de este trabajo es presentar un modelo muy simple de la dinámica de epidemias elaborado por el bioquímico William Ogilvy Kermack y por el teniente coronel Anderson Gray McKendrick (1927, 1933). Uno de los resultados fundamentales de la mayoría de los modelos, es exhibir un umbral en su comportamiento a partir del cual el número de contagiados por la infección disminuirá por sí mismo o bien a partir del cual se convertirá en una epidemia. Posteriormente presentamos las aplicaciones que se han hecho de este modelo simple a situaciones reales para que el lector aquilate su utilidad. Finalmente lo aplicaremos al reciente caso de la epidemia del virus AH1N1 en la República Mexicana.

### 1. El modelo SIR

Como en todo modelo matemático de algún fenómeno natural, se requiere incluir en él condiciones que representen, a grandes rasgos, los mecanismos involucrados. En el caso del desarrollado por Kermack y McKendrick (1927, 1933) se divide en tres clases: el número de los individuos susceptibles  $S(t)$ , es decir aquellos que pueden contagiarse; los infecciosos  $I(t)$ , los que al estar enfermos pueden transmitir la enfermedad; los removidos  $R(t)$ , aquellos que después de enfermarse y aliviarse quedan en un estado de inmunidad o bien están aislados en algún sitio (como un hospital) o fallecieron. El escenario que se le presenta a un individuo puede ser descrito por el modelo SIR estándar:

$$S \rightarrow I \rightarrow R$$

El modelo presenta los siguientes postulados:

- a) En la epidemia, una sola infección es la responsable de ocasionar un proceso infeccioso en el huésped.
- b) El desenlace de la enfermedad es la muerte o la inmunidad completa.
- c) La tasa de contagio  $c(t)$  es proporcional al número de enfermos, i.e.,  $c(t) = aI(t)$ , siendo  $a > 0$  constante.
- d) El número de individuos susceptibles que se contagian por unidad de tiempo es  $c(t)S(t)$ ; por lo tanto, la cantidad de personas que se contagian por unidad de tiempo es:

$$aI(t) S(t) \text{ con } a > 0$$

En otras palabras el número de susceptibles  $S(t)$  al transcurrir un tiempo  $\Delta t$  será:

$$S(t + \Delta t) = S(t) - aI(t) S(t)\Delta t \tag{1}$$

- e) Todos los individuos sanos son susceptibles.
- f) La población es cerrada para cualquier tiempo  $S + I + R = N$ . Es decir, no se toman en cuenta nacimientos ni migraciones.
- g) El periodo de incubación que contempla el modelo más general de Kermack y McKendrick es muy corto. El individuo susceptible se enferma y puede contagiar a otro.
- h) La velocidad de decremento de infecciosos es proporcional a su número. En términos matemáticos:

$$bI(t) \text{ con } b > 0,$$

donde  $b$  es la razón de removidos por unidad de tiempo y es constante.

En otras palabras el número de infecciosos  $I(t)$  al transcurrir un tiempo  $\Delta t$  será:

$$I(t + \Delta t) = I(t) + aI(t)S(t)\Delta t - bI(t)\Delta t \tag{2}$$

y el de removidos  $R(t)$  al transcurrir un tiempo  $\Delta t$  será:

$$R(t + \Delta t) = R(t) + bI(t)\Delta t \tag{3}$$

El modelo supone además que los individuos de todas las clases están mezclados y entran en contacto (excepto los que están aislados en hospitales y los muertos).

Al tomar estas condiciones y al usar variables normalizadas del número total de la población,  $N, s \equiv S/N, i \equiv I/N, r \equiv R/N$ , el modelo se describe por las siguientes ecuaciones diferenciales

que resultan del sistema dinámico dado por las tres relaciones dinámicas indicadas por (1), (2) y (3):

La ecuación (4) indica la velocidad a la que disminuye el número de susceptibles, debido a que se están infectando, de acuerdo con el postulado número *d*).

$$ds/d\tau = -s(\tau)i(\tau), \tag{4}$$

La ecuación (5) nos presenta la velocidad a la que se incrementan los infecciosos de acuerdo con los postulados *d*) y *h*).

$$di/d\tau = s(\tau)i(\tau) - \rho i(\tau), \tag{5}$$

Cabe aclarar que el término negativo de esta expresión es el que debemos restar, de acuerdo con el postulado 8, cuando algunos miembros del compartimiento  $r(\tau)$  pasan al  $i(\tau)$ , es decir, al grupo inmunizado o aislado o muerto. En último lugar, la velocidad de incremento de los removidos está contemplada en la ecuación (6) de acuerdo con el postulado *h*).

$$dr/d\tau = \rho i(\tau), \tag{6}$$

donde la constante  $\rho \equiv b/aN$  es la razón de los removidos a los infectados. La variable temporal  $\tau \equiv Nat$  da el tiempo en unidades del periodo de infección.

La formulación matemática del modelo epidemiológico se completa fijando las condiciones iniciales del sistema, por ejemplo al tiempo  $\tau = 0$ , que marca el inicio de la epidemia:

$$\begin{aligned} s(\tau = 0) &= s_0 > 0, \\ i(\tau = 0) &= i_0 > 0, \\ r(\tau = 0) &= r_0 = 0. \end{aligned}$$

Éste es un modelo muy rudimentario, al cual se le han hecho algunas modificaciones a lo largo del tiempo, adecuándolo a situaciones específicas. Algunos modelos han relajado las condiciones señaladas arriba con los postulados *e*) y *h*) al introducir dinámicas más complicadas. Por ejemplo el periodo latente del VIH es sumamente variable. Hay enfermos que manifiestan sus primeros síntomas pocos años después de haber sido infectados, algunos nunca. En una epidemia muy larga como el Sida los hijos de padres infectados como no infectados alteran el número total de pobladores. Esto último no está contemplado en el modelo original ya que lleva implícito conservar la población. Simplemente la suma de las tres ecuaciones diferenciales en (4), (5) y (6) es igual a cero, así  $s(\tau) + i(\tau) + r(\tau) = 1$ , donde la unidad representa el total de la población (susceptibles, infectados y removidos), que es constante.

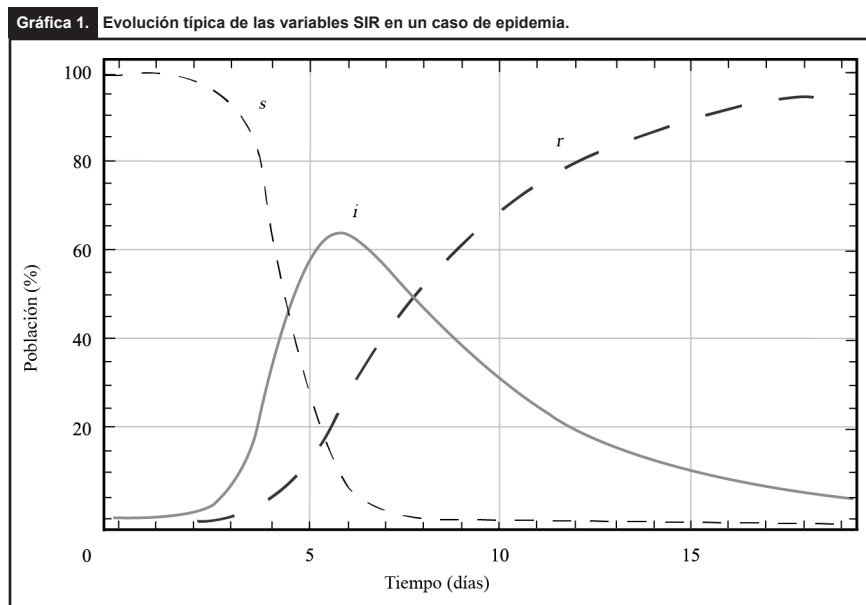
Otras variaciones al modelo SIR contemplan casos de epidemias donde la población de susceptibles es heterogénea, ya que pueden integrarla niños y ancianos. Mollison (1995) detalla más sobre las modificaciones al modelo SIR. Aun cuando el estándar es elemental, permite hacer algunos señalamientos relevantes sobre las epidemias.

## 2. Características del modelo SIR

Las ecuaciones diferenciales que representan al modelo no son solubles analíticamente, pero pueden encontrarse sus soluciones numéricas.

La gráfica 1 muestra la solución numérica de cómo evolucionan las tres variables del modelo SIR para un caso de epidemia, donde se observa que el número de infectados aumenta hasta un máximo y después decrece.

Sin embargo, sin necesidad de recurrir a métodos numéricos, inferimos algunas de las características cualitativas de las soluciones. Para comenzar, el modelo sólo tiene sentido si las funciones  $s(\tau)$  e  $i(\tau)$  se mantienen no negativas porque representan un número de personas de alguna de las dos clases. En otras palabras, si alguna de las dos funciones alcanza el valor 0, el sistema termina, es decir, con cero susceptibles o cero infecciosos.



Subrayamos además que el número de susceptibles disminuye todo el tiempo en el modelo, esto es,  $ds/d\tau < 0$ . Asimismo, observamos que para que exista una epidemia debe cumplirse que el número de infecciosos  $i(\tau)$  al inicio aumente con el tiempo. Queremos remarcar que por epidemia se entiende que  $i(\tau) > i_0$  para algún tiempo  $\tau$ . En términos matemáticos, hay epidemia si  $di/d\tau > 0$  y esto ocurre si y sólo si  $s > \rho$  (véase ecuación 5). Sin embargo, acabamos de mencionar que  $s$  disminuye todo el tiempo, por lo que en algún momento la desigualdad se puede invertir y causaría que ahora  $di/d\tau < 0$ : el número de infecciosos disminuirá con el tiempo. En pocas palabras, eventualmente se acaba la epidemia. La discusión anterior significa que existe un umbral, dentro del modelo, que determina si se desarrolla una epidemia o no.

Ahora, si un pequeño número de infectivos entra en contacto con una comunidad de susceptibles, nos preguntamos si es posible que se desate una epidemia. Con este propósito el modelo define una cantidad umbral llamada número básico de reproducción  $R_0$  igual a  $s_0/\rho$ , que puede determinar la respuesta. Es fácil ver en la ecuación (5), que si  $R_0 < 1$  la infección se acaba, pero si  $R_0 > 1$ , ocurre una epidemia, su magnitud será determinada por el valor  $R_0$ . En caso de que se desarrolle, el número de infectados llegará a un máximo, después del cual disminuirá.

### 3. Plano de fase del modelo SIR

Para visualizar el comportamiento del sistema de ecuaciones diferenciales (4), (5) y (6) examinaremos trayectorias en un plano de fase sencillo ( $i$  versus  $s$ ). Para este propósito eliminaremos de dicho sistema la dependencia en el tiempo y dividiremos la ecuación (4) entre la (5) para obtener:

$$di/ds = -1 + \rho/s \tag{7}$$

Cabe notar que todas las singularidades aparecen en  $di/ds = 0$ , es decir, en  $s = \rho$ . Al integrar obtenemos las trayectorias en el plano ( $i, s$ )

$$i - i_0 = s - s_0 + \rho \ln(s/s_0) \tag{8}$$

donde hemos utilizado las condiciones iniciales para fijar la constante de integración.

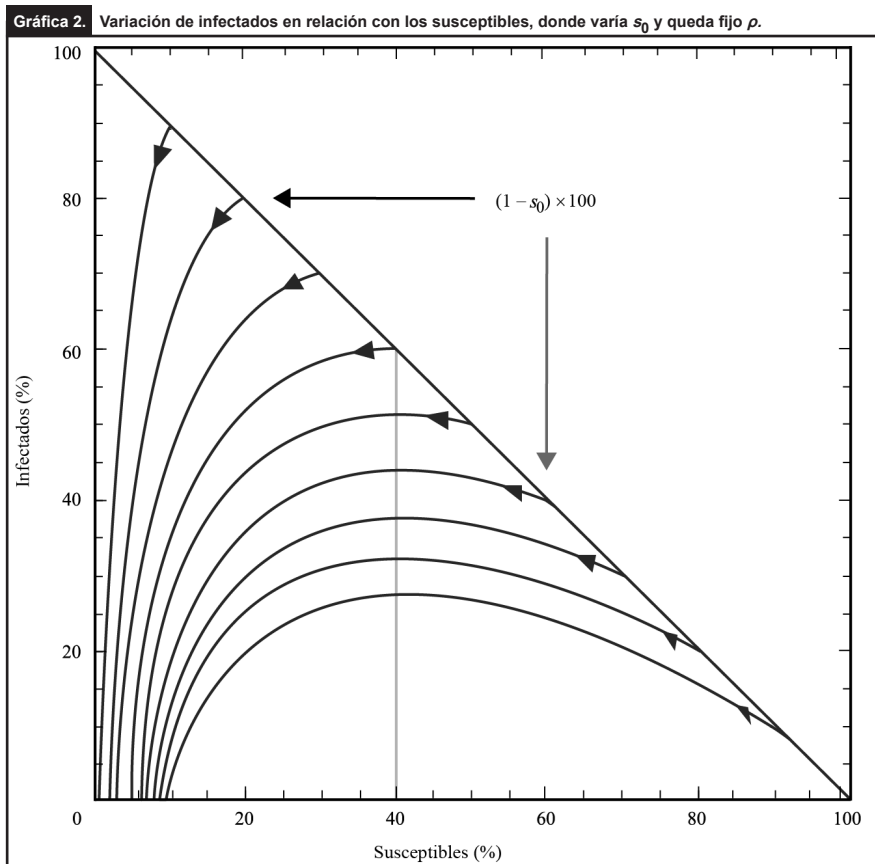
Las trayectorias en el plano de fase se muestran esquematizadas en la gráfica 2. La línea recta inclinada muestra la condición inicial caracterizada por  $r_0 = 0$ , donde no hay removidos.

Si la epidemia se presenta, sería bueno saber qué tan severa será. Usamos la condición  $di/d\tau = 0$  para encontrar el punto crítico, el cual ocurre en  $s = \rho$ , que corresponde al máximo de infectados,  $i_{max}$ . Al usar la ecuación (8) para las trayectorias de fase y al hecho de que el número de removidos es nulo inicialmente, tenemos:

$$i_{max} = \rho \ln(\rho/s_0) - \rho + 1$$

que nos determina el número máximo de infectados a un cierto tiempo si conocemos el número inicial de personas susceptibles y el parámetro  $\rho$ . Cuando  $s_0 < \rho$  disminuyen los infectados y la epidemia acontece. En caso contrario, la epidemia comienza y el número de infectados evoluciona hasta un máximo en  $s = \rho$ , y después decrece. La línea vertical de la gráfica 2 muestra los máximos de las curvas de los infectados, la cual separa las curvas tipo epidemia (lado derecho) de las no epidemias (lado izquierdo).

El proceso de infección evoluciona a partir de la línea recta inclinada, puede aumentar o disminuir el número inicial de infectados. La línea vertical separa las condiciones



iniciales de epidemia (derecha) y no epidemia (izquierda), además señala el valor máximo de infectados que puede tener la población.

#### 4. Casos de epidemias históricas

A continuación aplicamos el formalismo SIR en tres casos de pandemias, los dos primeros son británicos, de los cuales hay datos confiables, excepto en el caso de México en 2009. Los autores del modelo SIR eran escoceses y lo aplicaron principalmente en Gran Bretaña.

##### 4. 1. Internado en Inglaterra (1978)

Durante enero de 1978 ocurrió una epidemia de influenza en un internado en el norte de Inglaterra. Un total de 763 jóvenes de edades entre 10 y 18 años estuvieron expuestos al contagio, 30 de ellos estaban de entrada por salida. Comenzó cuando un estudiante de Hong Kong tuvo fiebre del 15 al 18 de enero. Para el 22 de enero, tres estudiantes ya se encontraban en la enfermería del colegio. Se propagó rápidamente y afectó a 512 internos (67%) . De 130 adultos que tuvieron contacto con los jóvenes, solamente una persona presentó síntomas. La mayoría de los infectados al principio tuvo síntomas de fatiga, después dolor de cabeza e irritación en la garganta. Su temperatura osciló entre 38 y 39 °C.

La gráfica 3 muestra el número de casos que se presentaron durante el evento y el ajuste con el modelo SIR. El tiempo promedio de convalecencia fue de seis días. Las muestras tomadas de los infectados revelaron la presencia del virus de influenza A, similar al A/USSR 90/77(H1N1) (Iftimovici *et al.*, 1980). Para realizar el ajuste tomamos  $a = 1.69$ ,  $\rho = 0.2617$ ,  $s_0 = 0.99869$ . Observamos que  $s_0 > \rho$ , y además la epidemia

es severa ya que  $r/\rho$  no es pequeña. El ajuste con el modelo SIR resultó adecuado.

##### 4. 2. Caso Bombay, India (1908)

La epidemia de peste bubónica en la India, en particular en Bombay (hoy Mumbai), fue desastrosa pues ocasionó una gran mortandad entre la población. De hecho se volvió endémica durante el último par de décadas del siglo XIX y tuvo un repunte entre 1905 y 1906. Los datos concernientes a esta tragedia fueron documentados por las autoridades coloniales británicas. Datos que sirvieron para que Kermack y McKendrick (1927) desarrollaran su modelo epidemiológico SIR.

Uno de los resultados más interesantes de la investigación es la necesidad de poder aplicar el modelo SIR en tiempo real, puesto que, durante una epidemia es difícil determinar cuántas personas se contagian cada día ya que, en la mayoría de las situaciones, sólo es posible contar el número de removidos por ingreso al hospital o por muerte.

La gráfica 4 muestra los infectados ocurridos durante la epidemia de 1905-1906. La línea sólida fue ajustada con los siguientes parámetros:  $a = 1.69$ ,  $\rho = 0.869397$ ,  $s_0 = 0.99997$ .

Como puede observarse en la gráfica 4 el ajuste del modelo de Kermack y McKendrick funciona bien y resalta la confiabilidad del modelo. Cabe aclarar que a finales del siglo XIX Bombay era un conjunto de islas que poco a poco fueron unidas en una sola base de rellenos. Posteriormente la isla se unió a tierra firme, aclaración pertinente pues el modelo SIR es un esquema aplicable a una población aislada.

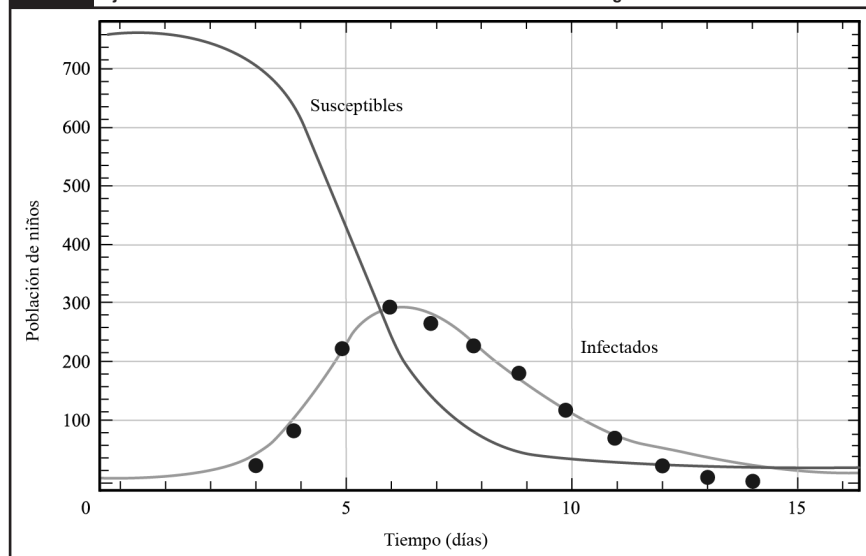
##### 4. 3. Caso México (2009)

La primavera de 2009 trajo consigo la mala noticia de una nueva pandemia, la cual tuvo un origen todavía desconocido,

pero con claro arranque en México. Apareció en Oaxaca, Veracruz, Ciudad de México, San Luis Potosí, Estado de México y así sucesivamente en toda la República Mexicana.

El 18 de marzo de 2009, el Sistema Nacional de Notificación y Vigilancia Epidemiológica de México reportó un incremento en el número de infecciones respiratorias causadas por diversos agentes. Se avisó y advirtió a todo el país sobre el fenómeno con la finalidad de que se notificaran más casos. El 12 de abril, la Secretaría de Salud le comunicó a la Organización Panamericana de la Salud del incremento inusual en el número de infecciones

Gráfica 3. Ajustes a los datos de infectados de influenza en el internado en Inglaterra.



respiratorias agudas. Ese mismo día, los Servicios Estatales de Salud de Oaxaca informaron que una mujer de 39 años ingresó al Hospital General Aurelio Valdivieso, debido a un cuadro muy grave de neumonía, y murió el 13 de abril. Un estudio de laboratorio informó de la presencia de una infección respiratoria del tipo coronavirus. El 16 de abril se decretó la alerta epidemiológica.

El Centro de Prevención y Control de Enfermedades (CDC) de Estados Unidos de América informa, el 20 de abril, que se ha propagado el virus de influenza del tipo AH1N1, que tiene un componente porcino. La Secretaría de Salud envió al Laboratorio Nacional de Salud de Canadá 51 muestras de los casos de influenza registrados en México hasta el 22 de abril. Al día siguiente el laboratorio canadiense informa que logró aislar la cepa viral porcina en 17 de las muestras mexicanas. Por la noche, el gobierno federal informó que se trata de una emergencia sanitaria y deben suspenderse las clases en todos los niveles educativos en el Distrito Federal y el Estado de México.

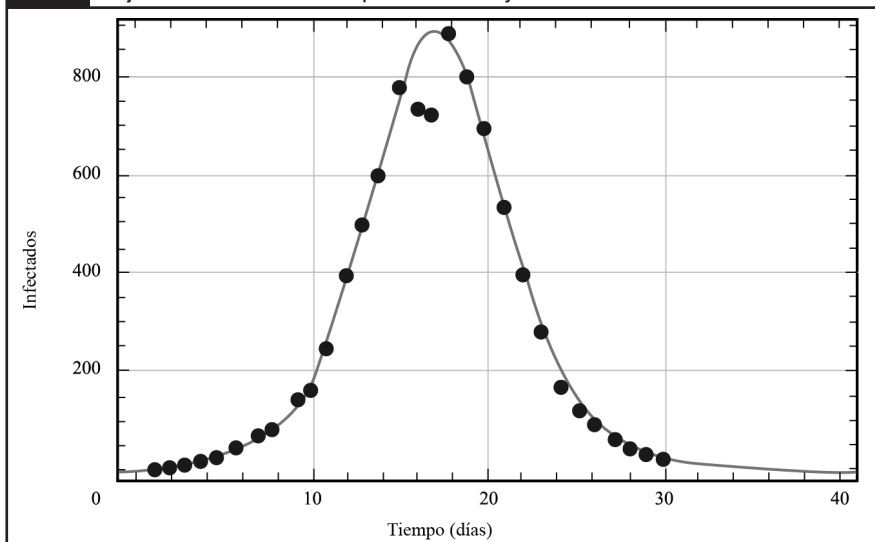
El encargado de dar a conocer estos datos es el secretario de salud a través de reportes como “Situación actual de la epidemia” de la página electrónica de la Secretaría de Salud (Portal salud, 2009). La cifra oficial, el 24 de abril, es de 1 004 enfermos y 60 muertos, al día siguiente la cifra sube a 1 324 afectados y 81 defunciones, el 26 la cifra de enfermos se eleva a 1 614 y 103 decesos. Se reportaron 1 995 enfermos, de los cuales 776 continuaron hospitalizados. Murieron 149 individuos. En un mensaje a la población mexicana, el domingo 26, el presidente Felipe Calderón informó que hasta ese momento tenían registrados 1 384 casos de personas con complicaciones respiratorias y 81 muertes. Nótese que las cifras dadas por Calderón no concuerdan con las cifras anteriores correspondientes a ese mismo día. El 28 de abril las cifras oficiales indicaron que los enfermos suman 2 498, 1 311 permanecen en hospitales y 159 muertes. Sin embargo este día, el Secretario de Salud reveló que con base en “un esfuerzo de depuración” del Sistema Nacional de Vigilancia Epidemiológica se han comprobado 26 casos de influenza porcina en México y, que de las 159 muertes registradas, sólo 7 las causó nuevo virus. No obstante, el miércoles 29 de abril, el secretario de salud ordenó suspender actividades en la administración pública federal, así como los trabajos no esenciales de los sectores productivos del 1 al 5 de mayo.

Durante la primera semana de mayo, la Secretaría de Salud reporta el número de casos infectados confirmados y de defunciones, aunque continúan las dudas sobre la confiabilidad de los datos. Por ejemplo, los que corresponden al 7 de mayo sobre el total de infecciosos es de 1 364, y el del 8 de mayo es de 1 625, pero la diferencia no sólo radica en los casos nuevos, sino en los reportados los primeros días de la contingencia.

Los datos “depurados” del 12 al 24 de abril fueron los que utilizamos mediante el empleo del modelo SIR. El lapso considerado se debe al evidente despegue de la epidemia, y como no variaron nos parecieron confiables. Esta última fecha de corte, 8 de mayo de 2009, se sitúa cinco días antes de la suspensión oficial de actividades en la administración pública federal, así como de los trabajos no esenciales de los sectores productivos. Nuestra intención fue estimar cuál hubiese sido, según el modelo SIR, la severidad de la epidemia sin la intervención gubernamental. El resultado del ajuste para los datos del 12 al 24 de abril se muestra en la gráfica 5a. La gráfica 5b muestra el pronóstico de la dinámica de la epidemia (línea continua) que hicimos ese día (8 mayo), y se contrasta con los datos reportados hasta esa misma fecha (los puntos en la gráfica 5b).

En la gráfica 5b se observa que el número máximo de infectados por día alcanza 400 pacientes, mientras que el dato máximo reportado del 8 de mayo fue alrededor de 200 contagiados. No debe sorprender que el número máximo de contagios sea inferior al predicho, ya que los datos no fluyen de manera inmediata. Estos últimos dependen de una detección y reporte rápido de los contagios. Sin embargo, los reportes difundidos por la Secretaría de Salud, un mes después (9 de junio), coinciden con el valor predicho.

Gráfica 4. El ajuste con el modelo SIR de la epidemia en Bombay.

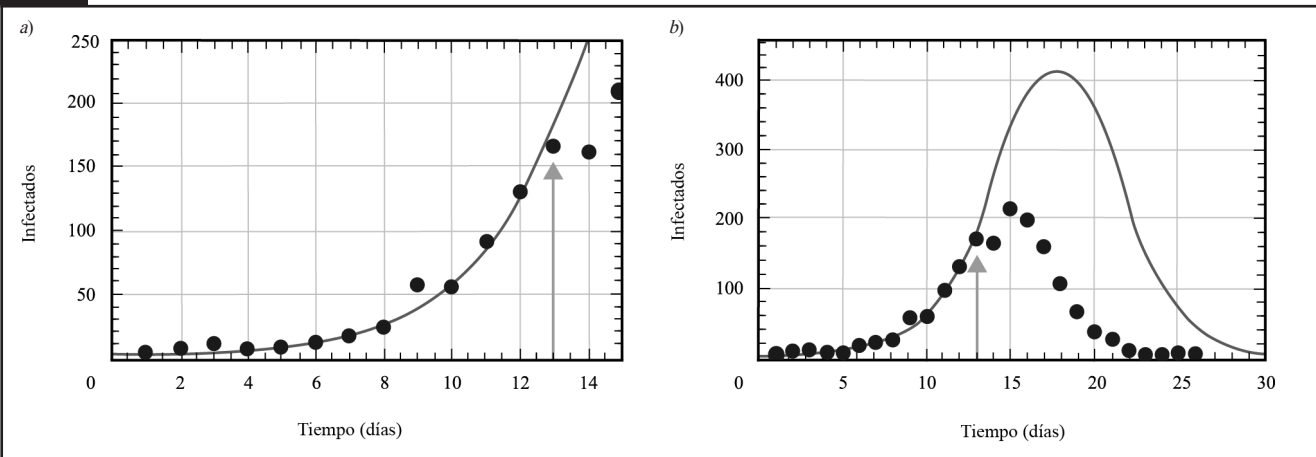


La gráfica 6 muestra los datos correspondientes al 9 de junio. Destacan dos situaciones: a) la primera es el hecho de que el modelo al parecer predice exitosamente el número máximo de infectados por día; b) la segunda es que el modelo no pudo predecir la dinámica posterior de la epidemia como puede apreciarse. Situación explicable dado que el modelo SIR estándar no contempla una situación en donde el número inicial de susceptibles es variable. En otras palabras, el modelo es directamente aplicable a sitios cerrados de población, por ejemplo al caso del internado inglés o al caso de Bombay. Sin embargo, como la epidemia en México también se propagó geográficamente, el modelo SIR estándar no es aplicable y debemos a la postre hacer algún tipo de modificación. A este modelo se le han realizado

extensiones que tomen en cuenta dinámicas poblacionales más complejas en cuanto a propagación geográfica, donde se le agregan nuevos términos a las ecuaciones SIR originales (Brauer, van den Driessche y Wu, 2008).

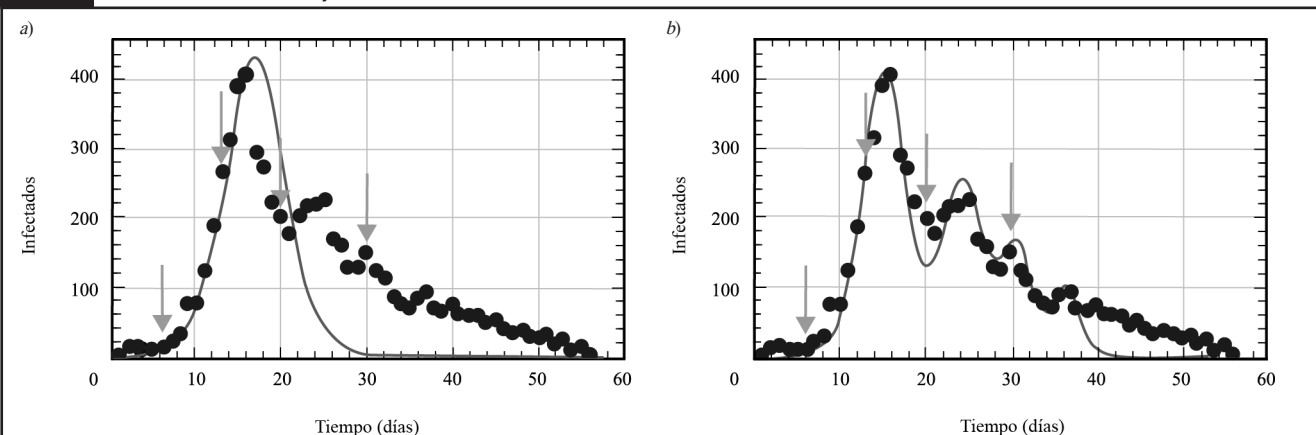
El modelo SIR con el objetivo de modelar la dinámica que siguió la epidemia. La hipótesis que elaboramos es que en varios lugares de la República Mexicana surgieron focos de infección con un cierto desfase temporal y en cada uno de ellos lo aplicamos, pero desfasado temporalmente varias veces. La suma de todos los efectos se muestra en la gráfica 6b, donde observamos que en general la tendencia dinámica es ajustada con el supuesto de que varias epidemias locales desfasadas aparecen con menos severidad.

**Gráfica 5.** Datos de infectados al 8 de mayo de 2009.



a) Panel izquierdo: ajuste y datos tomando en cuenta sólo los primeros 13 días de epidemia.  
 b) Panel derecho: el mismo ajuste, proyección y comparación con los datos reportados por la Secretaría de Salud del 8 de mayo.  
 Nota: los datos que se encuentran a partir de la flecha no fueron considerados.

**Gráfica 6.** Datos de infectados del 9 de junio de 2009.



a) Panel izquierdo: datos al 9 de junio y su ajuste tomando en cuenta los datos a partir del 12 de abril.  
 b) Panel derecho: los mismos datos, pero ahora sobreponiendo varios modelos SIR, correspondientes a epidemias independientes que se generaron en otras localidades.  
 Nota: las flechas indican, de izquierda a derecha, las fechas de la alerta epidemiológica, suspensión de actividades educativas (DF y Estado de México), suspensión de actividades no esenciales y regreso a clases de educación básica, respectivamente.

## Conclusiones

La Organización Mundial de la Salud (OMS), el 11 de junio del 2009, clasificó la epidemia de influenza porcina en alerta seis, la fase más alta de su escala: una “pandemia en curso”. Sin embargo, queremos enfatizar que esta fase no expone la gravedad de la enfermedad producida por el virus, sino tan solo su dispersión geográfica. De hecho, esta epidemia tuvo una tasa de mortandad baja en contraste con su amplia distribución geográfica. En términos de defunciones, fue una epidemia benigna, pues fallecieron 229 personas por esta variedad de influenza, de acuerdo con la última actualización de la Secretaría de Salud en marzo de 2012. En términos económicos la epidemia no fue nada benigna, ya que las pérdidas monetarias del comercio y el turismo fueron severas (Monterrubio, 2010)

Según el estudio de Monterrubio, una de las causas de estos daños económicos se debió a los reportes de datos no confirmados, proporcionados por las autoridades sanitarias mexicanas, los cuales contribuyeron a crear una atmósfera de pánico entre la población. Por ejemplo, el 28 de abril, el secretario de salud mexicano reportó 1 995 casos de infectados y 149 decesos en el país. Basados en estas cifras preliminares, las autoridades de la Ciudad de México se apresuraron a cerrar temporalmente los restaurantes. Una semana más tarde la OMS afirmó que la misma Secretaría de Salud les había reportado tan solo 590 casos confirmados por las pruebas de laboratorio y únicamente 25 decesos.

La gran y continua variación provocó un clima de desconfianza entre la sociedad. Suspenderon conmemoraciones públicas. Al mismo tiempo la cobertura sensacionalista y alarmista de la prensa nacional, sobre todo de las cadenas de televisión, contribuyó a causar alarma y pánico en la sociedad. Además los intereses económicos internacionales aprovecharon para restringir las visitas de extranjeros en nuestro país. Se promovieron hábitos de higiene entre la población como el uso de cubrebocas o el uso de productos antibacteriales. Si fueron o no efectivas estas medidas es la pregunta que puede responder una modelación matemática de la dinámica de la epidemia, en particular la aplicación del sencillo modelo SIR.

Veamos ahora si podríamos valorar la efectividad de las medidas sanitarias. En los tres casos presentados, el modelo de epidemias SIR, a más de 80 años de su publicación (Kermack y McKendrick, 1927), demuestra ser exitoso, ya que en general, las curvas de predicción se ajustaron muy bien a la realidad. Con este buen ajuste en mente podríamos contestar la pregunta hecha sobre la efectividad de las medidas sanitarias, en el caso de que así fuese se registraría un desajuste

“a la baja” entre los datos reales y las curvas predichas por el modelo. En particular, el efecto de una medida efectiva se notaría en la disminución del número máximo de infectados  $i_{max}$  en los posteriores brotes epidémicos. Aquí referimos de nuevo al diagrama de fase mostrado en la gráfica 2, en el cual se nota que las trayectorias del proceso epidémico cruzan la línea vertical, que indica el valor máximo que puede tener la población de infectados  $i_{max}$ . En la gráfica 2 se observa que el punto de cruce ( $i_{max}$ ) depende del número inicial de infectados  $i_0$  (i.e. a menor  $i_0$  menor  $i_{max}$ ). Por lo tanto, una acción sanitaria efectiva es aquella que disminuye el número inicial de infectados. En el caso de las medidas aplicadas en México, como la suspensión de actividades educativas mostrada con una flecha en la gráfica 6, tuvieron un efecto apreciable, pues en los brotes posteriores de la epidemia el valor de  $i_{max}$  no alcanzó el valor predicho inicialmente por el modelo. Si bien la medida adoptada en México fue efectiva tuvo un alto costo en la educación y el turismo. Recordemos que cuando esta epidemia se presentó en Nueva York, las autoridades locales cerraron una escuela en el barrio de Queens, y cinco más en Long Island, por una semana. Pusieron en cuarentena sólo a los estudiantes que presentaron síntomas de contagio (New York Times, 2009). De este modo se evitó su propagación en la ciudad. Por lo que concierne a las medidas higiénicas promovidas entre la población mexicana lograron que la epidemia no registrara nuevos brotes.

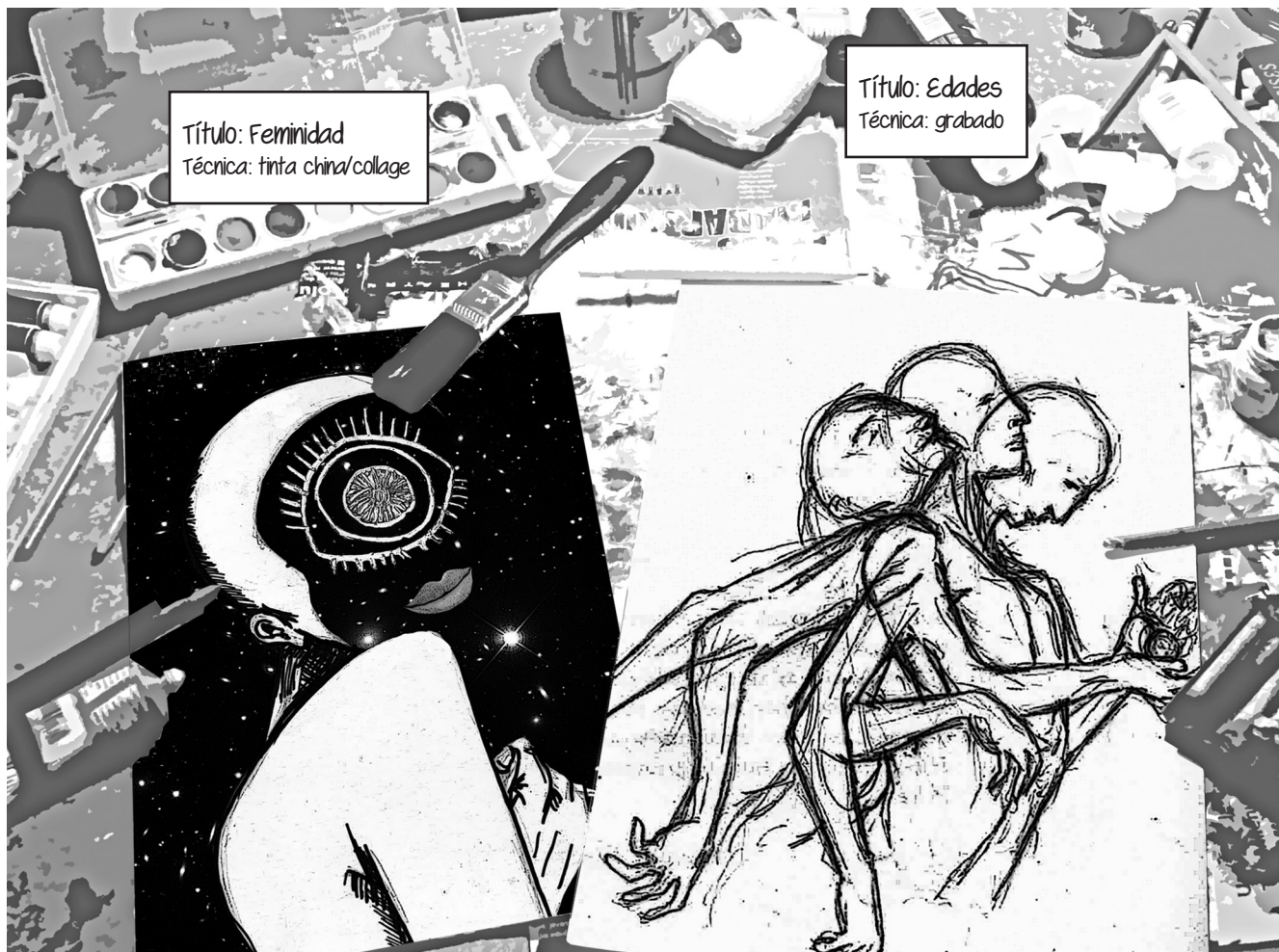
Finalmente queremos advertir que el modelo SIR no es un medio infalible porque tiene sus limitaciones, pues parte de varios supuestos que en principio no se cumplen estrictamente. Entre ellos, es que se aplica a poblaciones sin variación en el número de habitantes ( $N = \text{constante}$ ) y no considera la movilidad humana, además existe la posibilidad de mutación del virus durante su fase epidémica, lo que podría alterar la tasa de contagios y se traduciría en un desajuste —quizás a la alta— entre los datos reales y las curvas predichas por el modelo e introduciría una segunda tasa de contagio. En este caso el modelo tendría que ser ampliado, como es discutido en la literatura (Brauer, van den Driessche y Wu, 2008).

No obstante las limitaciones del modelo, puede dar una idea de la gravedad de propagación de una epidemia siempre y cuando se tenga un conocimiento inicial, oportuno y lo más preciso posible de los datos reales. En el caso México, el modelo SIR predijo el número máximo de infecciosos por día y esto es de valor indudable para la toma de decisiones por parte de las autoridades. A futuro, es necesario tener un centro de recolección de datos confiables, que junte la información real de todos los rincones de la nación para elaborar predicciones acertadas de lo que podría suceder en tiempo real.





- Bernoulli, D. (1760). Esai d' une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole, et des avantages de l'inoculation pour la prévenir. *Mém Math. Phys.Acad. Roy. Sci.*, 1-45.
- Brauer, F, van den Driessche, P. y Wu, J. (Ed.) (2008). *Mathematical Epidemiology* (Lecture Notes in Mathematics / Mathematical Biosciences Subseries). Springer-Verlag.
- Hays, J. N. (2005). *Epidemics and Pandemics: Their Impacts on Human History*. ABC-CLIO.
- Iftimovici, R., Iacobescu, V., Peterescu, A. L., Mitiu, A., & Chelaru, M. (1980). *Isolation of Influenza Virus A. USSR/90/77 (H1N1) from wild birds*. *Revue Roumaine de Médecine, Virologie*, 31. 243.
- Kermack, W. O. y McKendrick, A.G. (1927). "Contributions to the Mathematical Theory of Epidemics". *Proc. Roy. Soc. A*. vol. 115, pp. 700-721
- Kermack W. O., McKendrick, A. G. (1933). Contributions to the Mathematical theory of Epidemics. III Further studies on the problem of endemicity. *Proc. Roy. Soc. A*. 141-94-122.
- Mollison, D. (1995) *Epidemic Models: Their Structure and Relation to Data*. Newton Institute Series, No. 5. Cambridge University Press.
- Monterrubio, J. C. (2010). Short-Term Economic Impacts of Influenza A (H1N1) and Government Reaction on the Mexican Tourism Industry: an Analysis of the Media. *International Journal of Tourism Policy*, 3(1), 15.
- Barnard, A. (2009, 4 de mayo). St Francis Reopens After Flu Outbreak. *New York Times*.
- Pettit, D. A. and Bailie, J. (2008). *A Cruel Wind: Pandemic Flu in America 1918-1920*. Timberline Books.
- Portal salud.(2009). <http://portal.salud.gob.mx/>(consultado el 12 de octubre de 2009).
- Wood, W. (2009). *The History and Antiquities of Eyam (1842): With a full and Particular Account of the Great Plague, Which Desolated that Village, 1666*. Kessinger Publishing, LLC.



Título: Feminidad  
Técnica: tinta china/collage

Título: Edades  
Técnica: grabado