



Universidad Nacional José Faustino Sánchez Carrión

Facultad de Ciencias

Escuela Profesional de Matemática Aplicada

Comparación del modelo SIR con y sin dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias, Huacho - 2026

Tesis

Para optar el Título Profesional de Licenciado en Matemática Aplicada

Autores

Romel Pabel Ocaña Martínez
Antony Steven Romero Romero

Asesor

Dr. Alex Fidel Torres Calderon



Huacho – Perú
2026



Reconocimiento - No Comercial – Sin Derivadas - Sin restricciones adicionales

<https://creativecommons.org/licenses/by-nc-nd/4.0/>

Reconocimiento: Debe otorgar el crédito correspondiente, proporcionar un enlace a la licencia e indicar si se realizaron cambios. Puede hacerlo de cualquier manera razonable, pero no de ninguna manera que sugiera que el licenciante lo respalda a usted o su uso. **No Comercial:** No puede utilizar el material con fines comerciales. **Sin Derivadas:** Si remezcla, transforma o construye sobre el material, no puede distribuir el material modificado. **Sin restricciones adicionales:** No puede aplicar términos legales o medidas tecnológicas que restrinjan legalmente a otros de hacer cualquier cosa que permita la licencia.



UNIVERSIDAD NACIONAL JOSÉ FAUSTINO SÁNCHEZ CARRIÓN

LICENCIADA

(Resolución de Consejo Directivo N° 012-2020-SUNEDU/CD de fecha 27/01/2020)

FACULTAD DE CIENCIAS
ESCUELA PROFESIONAL DE MATEMÁTICA APLICADA

METADATOS

DATOS DEL AUTOR (ES):		
NOMBRES Y APELLIDOS	DNI	FECHA DE SUSTENTACIÓN
Romel Pabel Ocaña Martinez	75139165	15/07/2026
Antony Steven Romero Romero	73654629	15/07/2026
DATOS DEL ASESOR:		
NOMBRES Y APELLIDOS	DNI	CÓDIGO ORCID
Alex Fidel Torres Calderon	40182411	https://orcid.org/0000-0003-3077-1159
DATOS DE LOS MIEMBROS DE JURADOS – POSGRADO-MAESTRÍA:		
NOMBRES Y APELLIDOS	DNI	CODIGO ORCID
Jhonny Javier Albitres Infantes	18067237	https://orcid.org/0000-0001-6217-7344
Miguel Angel Castañeda Samanamu	15726159	https://orcid.org/0000-0001-9883-5759
Jaime Augusto Pinto Borja	15863203	https://orcid.org/0000-0002-4213-5291

Romel Pabel Ocaña Martinez & Antony Steven Rom...

Comparación del modelo SIR con y sin dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordi...

 Quick Submit
 Quick Submit
 Facultad de Ciencias

Detalles del documento

Identificador de la entrega

trn:old::1:3604501285

Fecha de entrega

30 jun 2026, 9:07 p.m. GMT-5

Fecha de descarga

30 jun 2026, 9:12 p.m. GMT-5

Nombre del archivo

ROMERO_Y_OCA_A.pdf

Tamaño del archivo

3.3 MB

57 páginas

6843 palabras

41.843 caracteres



Página 2 de 61 - Descripción general de integridad

Identificador de la entrega trn:old::1:3604501285

15% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Filtrado desde el informe

- Bibliografía
- Texto mencionado
- Coincidencias menores (menos de 10 palabras)

Fuentes principales

14%  Fuentes de Internet

3%  Publicaciones

9%  Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Marcas de integridad

N.º de alertas de integridad para revisión

No se han detectado manipulaciones de texto sospechosas.

Los algoritmos de nuestro sistema analizan un documento en profundidad para buscar inconsistencias que permitirían distinguirlo de una entrega normal. Si advertimos algo extraño, lo marcamos como una alerta para que pueda revisarlo.

Una marca de alerta no es necesariamente un indicador de problemas. Sin embargo, recomendamos que preste atención y la revise.

DEDICATORIA

Dedicamos esta investigación a nuestros padres, quienes a lo largo de nuestra vida nos han brindado un apoyo incondicional en nuestra formación académica.

Romel Pabel Ocaña Martínez

Antony Steven Romero Romero

AGRADECIMIENTO

Agradecer a Dios y a nuestras familias, quienes han sido los principales promotores de nuestros sueños y aspiraciones.

Romel Pabel Ocaña Martinez

Antony Steven Romero Romero

ÍNDICE

DEDICATORIA	v
AGRADECIMIENTO	vi
RESUMEN.....	xi
ABSTRACT	xii
INTRODUCCIÓN.....	xiii
 CAPÍTULO I. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	 1
1.1. Descripción de la realidad problemática	1
1.2. Formulación del problema	2
1.2.1. Problema general	2
1.2.2. Problemas específicos	2
1.3. Objetivos de la investigación	2
1.3.1. Objetivo general	2
1.3.2. Objetivos específicos	2
1.4. Justificación de la investigación.....	3
1.5. Delimitación del estudio.....	5
 CAPITULO II. MARCO TEÓRICO	 6
2.1 Antecedentes de la investigación	6
2.1.1 Antecedentes internacionales	6
2.1.2 Antecedentes nacionales.....	7
2.2 Bases teóricas.....	9
2.3 Bases filosóficas	18
2.4 Definición de términos básicos.....	19
2.5 Hipótesis de investigación.....	20
2.5.1 Hipótesis general	20
2.5.2 Hipótesis específicas	20
2.6 Operacionalización de las variables.....	21
 CAPÍTULO III. METODOLOGÍA	 22
3.1 Diseño metodológico	22
3.2 Población y muestra.....	23

3.2.1 Población.....	23
3.2.2 Muestra.....	23
3.3 Técnica de recolección de datos	23
3.4 Técnicas para el procesamiento de la información.....	23
CAPÍTULO IV. RESULTADOS	24
4.1 Análisis Cualitativo del modelo SIR sin dinámica vital	24
4.2 Análisis Cualitativo desde un punto de vista epidemiológico	26
4.3 Análisis de comparación entre la población susceptible con la población recuperada.	27
4.4 Simulación del modelo SIR sin dinámica Vital.....	28
4.5 Modelo SIR con dinámica vital con una población constante.....	30
4.5 Simulación del modelo SIR con dinámica vital	32
4.6 Comparación cualitativa del modelo matemático SIR sin y con dinámica vital	34
CAPÍTULO V. DISCUSIÓN.....	35
5.1 Discusión de los resultados.....	35
CAPÍTULO VI. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	38
6.1 Conclusiones.....	38
6.2 Recomendaciones	40
CAPITULO VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	41
ANEXO	
Matriz de consistencia	45

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Tabla comparativa de estabilidad entre sistemas lineales y sistemas localmente lineales.....	14
Tabla 2. Interpretación de los parámetros del modelo SIR con dinámica	15
Tabla 3. Interpretación de las ecuaciones del sistema del modelo SIR con dinámica	15
Tabla 4. Interpretación de los parámetros del modelo SIR con dinámica	16
Tabla 5. Interpretación de las ecuaciones del sistema del modelo SIR con dinámica	17
Tabla 6. Síntesis de situaciones posibles, de acuerdo con valores de R_0	32
Tabla 7. Comparación cualitativa del modelo SIR sin y con dinámica vital.....	34

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Modelo SIR sin dinámica vital y T constante	15
Figura 2. Modelo SIR con dinámica vital y T variable	16
Figura 3. Modelo SIR sin dinámica vital.....	29
Figura 4. Modelo SIR con dinámica vital con población constante	33

RESUMEN

El presente estudio tuvo como finalidad analizar la estabilidad del modelo SIR con y sin dinámica vital en sus distintas formulaciones, la primera incorpora nacimientos y muertes en cambio sin dinámica vital no incorpora, ambas expresadas mediante un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias. Se desarrolló un análisis cualitativo del modelo SIR sin y con dinámica vital, primeramente, considerando una población cerrada y constante, donde se determinaron los puntos de equilibrio su estabilidad que se realizó mediante la linealización y la matriz jacobiana, y se interpretó el número reproductivo básico como parámetro umbral para la propagación de la enfermedad. Los resultados muestran desde el punto de vista epidemiológico la epidemia tiene un carácter transitorio, ya que la población infectada tiende a desaparecer con el transcurso del tiempo. De igual forma se realizó el análisis cualitativo para el sistema SIR con dinámica vital, si no que la diferencia aquí radica que se encontraron dos puntos de equilibrio, uno libre de enfermedad y el otro punto presenta un equilibrio endémico que puede ser estable cuando el número reproductivo básico supera a la unidad. En esta situación la enfermedad puede persistir de manera sostenida dentro de la población. En cuanto a la simulación numérica realizadas con datos hipotéticos confirmaron visualmente estas diferencias cualitativas. En el modelo sin dinámica vital, la infección alcanza un pico y luego se extingue; en cambio, en el modelo con dinámica vital, la enfermedad puede estabilizarse en un nivel positivo cuando se cumplen determinadas condiciones paramétricas. Por lo tanto, el estudio demuestra que la incorporación de dinámica vital no representa únicamente un cambio algebraico en el sistema, sino un cambio estructural que transforma la naturaleza del fenómeno epidemiológico modelado, pasando de una epidemia transitoria a la posibilidad de un estado endémico.

Palabras claves: Modelo SIR, Comparación del modelo SIR, Modelo SIR sin dinámica y con dinámica vital.

ABSTRACT

The purpose of this study was to analyze the stability of the SIR model with and without vital dynamics in its different formulations. The first incorporates births and deaths, while the second does not, both expressed through a system of ordinary differential equations. A qualitative analysis of the SIR model with and without vital dynamics was developed. First, considering a closed and constant population, equilibrium points were determined, along with its stability, using linearization and the Jacobian matrix. The basic reproduction number was interpreted as a threshold parameter for disease propagation. The results show, from an epidemiological point of view, that the epidemic has a transient character, since the infected population tends to disappear over time. A similar qualitative analysis was performed for the SIR system with vital dynamics; however, the difference here lies in the fact that two equilibrium points were found: one free of disease and the other exhibiting an endemic equilibrium that can be stable when the basic reproduction number exceeds one. In this situation, the disease can persist sustainably within the population. Numerical simulations using hypothetical data visually confirmed these qualitative differences. In the model without vital dynamics, the infection reaches a peak and then dies out; in contrast, in the model with vital dynamics, the disease can stabilize at a positive level when certain parametric conditions are met. Therefore, the study demonstrates that incorporating vital dynamics does not merely represent an algebraic change in the system, but a structural change that transforms the nature of the modeled epidemiological phenomenon, shifting from a transient epidemic to the possibility of an endemic state.

Keywords: SIR model, Comparison of the SIR model, SIR model without and with vital dynamics.

INTRODUCCIÓN

Durante mucho tiempo, uno de los problemas más preocupantes para la población general ha sido la propagación de enfermedades infecciosas, causante de un gran número de muertes. Debido a la existencia de estas enfermedades, se comenzaron a realizar estudios con el objetivo de caracterizar cada tipo de epidemia, determinar los factores causales y buscar formas de controlarlos. Una herramienta que facilita este estudio es la modelización matemática. La modelación matemática es un área de conocimiento que permite describir matemáticamente diferentes situaciones del mundo real.

Es así que estos tipos de modelos son una herramienta importante para estimar y predecir la escala y la evolución temporal de las epidemias, evaluar la eficacia de las intervenciones de salud pública e informar sobre las políticas de salud pública (Roda, Varughese, Han, y Li, 2020).

En este contexto, se han desarrollado diversos modelos epidemiológicos, importantes porque permiten comprender cómo se propagan estas enfermedades entre la población, así como predecir ciertos fenómenos y, por lo tanto, generar acciones que eviten su transmisión o protejan a la población.

Por consiguiente, el objetivo fundamental de nuestro estudio es describir y analizar el modelo SIR con y sin dinámica formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias.

CAPÍTULO I

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

1.1. Descripción de la realidad problemática

Durante mucho tiempo, uno de los problemas más preocupantes para la población general ha sido la propagación de enfermedades infecciosas, causante de un gran número de muertes.

Debido a la existencia de estas enfermedades, se comenzaron a realizar estudios con el objetivo de caracterizar cada tipo de epidemia, determinar los factores causales y buscar formas de controlarlos. Una herramienta que facilita este estudio es la modelización matemática. Esta consiste en transformar situaciones reales en modelos matemáticos que, tras su análisis, proporcionan resultados que pueden interpretarse y aplicarse en la realidad.

La modelización matemática es una herramienta importante para estimar y predecir la escala y la evolución temporal de las epidemias, evaluar la eficacia de las intervenciones de salud pública e informar sobre las políticas de salud pública (Roda et al., 2020).

En este contexto, los modelos matemáticos surgen como una herramienta muy importante para comprender, describir y predecir el comportamiento de las epidemias y así apoyar con la epidemiología. Entre uno de los modelos más destacados es el modelo SIR (Susceptible–Infectado–Recuperado) se ha convertido una herramienta más utilizada por su simplicidad y capacidad para capturar los elementos esenciales de la transmisión de enfermedades infecciosas (Kermack & McKendrick, 1927).

Debido a la complejidad del comportamiento epidemiológico real, el modelo clásico SIR ha desarrollado diversas versiones incorporando dinámica en sus parámetros, permitiendo una representación más flexible y cercana a la realidad (Hethcote, 2000).

A pesar de los diferentes estudios realizados del modelo SIR, nuestro propósito es describir, analizar y comparar de manera clara y sistemática el comportamiento de ambos modelos, con y sin dinámica vital incorporando el rigor matemático su análisis de estabilidad.

1.2. Formulación del problema

1.2.1. Problema general

¿Qué diferencia existe en aplicar el modelo SIR con y sin dinámica formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias?

1.2.2. Problemas específicos

1. ¿Cuál es la formulación y el análisis del modelo SIR sin dinámica vital mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias?
2. ¿Cuál es la formulación y el análisis del modelo SIR con dinámica vital mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias?
3. ¿Qué diferencias existen entre modelo SIR con y sin dinámica vital formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias?

1.3. Objetivos de la investigación

1.3.1. Objetivo general

Describir y analizar el modelo SIR con y sin dinámica formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias.

1.3.2. Objetivos específicos

1. Describir la formulación y analizar el modelo SIR sin dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.

2. Describir y analizar el modelo SIR con dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.
3. Determinar las diferencias que existen entre modelo SIR con y sin dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.

1.4. Justificación de la investigación

Justificación teórica

Nuestra investigación se justifica porque contribuirá en el fortalecimiento del conocimiento en epidemiología sobre la modelación matemática del modelo SIR con dinámica y sin dinámica mediante el análisis comparativo. Al realizar el análisis de ambas formulaciones permite comprender con mayor profundidad el comportamiento del sistema, así como identificar las diferencias y alcances de cada enfoque desde una perspectiva matemática y epidemiológica (Kermack & McKendrick, 1927; Hethcote, 2000).

Por otro lado, la investigación también servirá como base fundamental en la formación académica al consolidar conceptos fundamentales de ecuaciones diferenciales, estabilidad y análisis cualitativo de sistemas dinámicos, integrándolos al contexto epidemiológico. Por consiguiente, el estudio de esta investigación se integra la parte del análisis matemático y sus aplicaciones en la epidemiología, el cual servirá como literatura científica (Brauer et al., 2019).

Justificación práctica

Esta investigación se justifica de manera práctica por su relevancia en el análisis comparativo del modelo SIR con y sin dinámica permite evaluar el impacto que tiene la variación temporal de los parámetros en la evolución de una enfermedad infecciosa. Aunque nuestro estudio no se cuenta con datos reales para la comparación

de ambos modelos mediante la simulación, facilitara la interpretación de escenarios epidemiológicos y mejora la capacidad de análisis de futuros estudios aplicados.

Por otro lado, la comprensión de las diferencias entre modelos con parámetros constantes y dinámicos constituye una base importante para investigaciones posteriores que incluyan datos reales. Nuestra investigación proporciona una herramienta conceptual importante y útil para estudiantes de pregrado e investigadores que deseen ampliar en el uso de modelos matemáticos en epidemiología, contribuyendo en la parte del análisis y la modelación (Hethcote, 2000).

Justificación social

Desde el contexto social, nuestra investigación será de gran importancia al tratar, desde un enfoque académico, la comprensión de la propagación de enfermedades infecciosas, un fenómeno que afecta directamente a la población y a los sistemas de salud. Si bien el estudio es de carácter teórico, el conocimiento generado contribuye a una mejor interpretación de los modelos epidemiológicos utilizados en la toma de decisiones sanitarias, especialmente en contextos de brotes o epidemias.

Por consiguiente, nuestro estudio servirá como un aporte al fortalecimiento de la cultura científica y a la formación de profesionales capaces de analizar y comunicar de forma responsable los fenómenos epidemiológicos, lo cual resulta relevante para la sociedad en su conjunto.

1.5. Delimitación del estudio

Delimitación espacial

El presente estudio tiene un contexto abstracto y no geográfico, el estudio se desarrolla mediante un análisis profundo sobre su estabilidad del modelo SIR con y sin dinámica vital mediante las ecuaciones diferenciales ordinarias.

Delimitación temporal

La presente investigación se desarrollará desde enero hasta abril del 2026.

Delimitación metodológica

La investigación es de carácter analítico y comparativo sobre un modelo SIR con y sin dinámica vital, mediante ecuaciones diferenciales ordinarias y simulaciones numéricas, utilizando datos no reales. Por lo tanto, los resultados obtenidos se interpretan desde un punto de vista académico y conceptual, que servirán de apoyo para otras investigaciones.

CAPITULO II

MARCO TEÓRICO

2.1 Antecedentes de la investigación

2.1.1 Antecedentes internacionales

Lin, Q., Zhao, S., Gao, D., et al (2020) en su investigación “*A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action*” en China. El objetivo fue analizar la propagación de una enfermedad infecciosa aplicando un modelo SIR, considerando distintos parámetros en el tiempo. En la parte metodología para el desarrollo del modelo, usaron ecuaciones diferenciales ordinarias, incorporando variaciones temporales en la tasa de transmisión, también se aplicaron simulaciones para observar el comportamiento del sistema para distintos parámetros. Los autores concluyen que evidenciaron diferencias significativas, especialmente en la predicción del pico epidémico al incluir la dinámica en los parámetros del modelo SIR permitiendo representar de manera más realista la evolución de una epidemia, frente al modelo con parámetros constantes.

He, S., Peng, Y., & Sun, K (2020) publicaron “*SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics*” en China. La finalidad fue analizar modelo epidémico SEIR para la COVID-19 según algunas estrategias generales de control, como hospital, cuarentena e insumos externos. En la parte metodológica se aplica el algoritmo de optimización de enjambre de partículas (PSO) para estimar los parámetros del sistema. Asimismo, hicieron un análisis exhaustivo del modelo, como encontrar la existencia de los equilibrios, estabilidad y número reproductivo R_0 . Se encontró que los parámetros del modelo SEIR propuesto son diferentes para diferentes escenarios. Luego, el modelo se emplea para mostrar la evolución de la epidemia en la provincia de Hubei, lo que demuestra que puede usarse para pronosticar la

situación epidémica de la COVID-19. Además, al introducir la estacionalidad y los parámetros de infección estocástica, se encuentran dinámicas no lineales que incluyen caos en el sistema. Finalmente, se discuten las estrategias de control de la COVID-19 basadas en la estructura y los parámetros del modelo propuesto

Roda et al. (2020) publicaron “Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic?”. El objetivo del estudio fue demostrar los desafíos que enfrentan los modeladores para predecir brotes de esta naturaleza y proporcionar una explicación parcial de la amplia variabilidad en las predicciones de modelos anteriores sobre la epidemia de COVID-19. Compararon dos modelos SIR y SEIR estándar para predecir la epidemia utilizando el Criterio de Información de Akaike, demostramos que, dado el mismo conjunto de datos de casos confirmados, los modelos más complejos pueden no ser necesariamente más fiables para realizar predicciones debido al mayor número de parámetros del modelo que deben estimarse. Concluyeron que utilizando un modelo SIR simple y el conjunto de datos de casos recién diagnosticados en Wuhan para la calibración del modelo, demostramos que existe una relación entre la tasa de transmisión β y la razón de casos-infección ρ , lo que resulta en un continuo de valores de parámetros de mejor ajuste, lo que puede producir predicciones del modelo significativamente diferentes de la epidemia.

2.1.2 Antecedentes nacionales

Huarachi-Olivera, y Lazarte (2021) en su investigación tuvieron como fin “Analizar la evolución de la pandemia de COVID-19 en el Perú mediante la aplicación del **modelo SIR clásico**, con el fin de estimar el comportamiento temporal de los casos infectados y el pico epidémico”. Utilizaron un modelo clásico SIR sin dinámica vital, aplicando las ecuaciones diferenciales ordinarias. Utilizaron datos reales reportados por el Ministerio de Salud del Perú durante la fase inicial de la pandemia.

Las conclusiones finales de los autores fue que el modelo SIR sin dinámica vital es útil para describir la propagación inicial de la enfermedad y estimar el pico de contagios. No obstante, estos modelos no se ajustan para un análisis de largo plazo al no considerar nacimientos ni muertes naturales, lo cual justifica la necesidad de modelos más completos.

Vergara, León y More (2020) en su investigación tuvieron como finalidad “Aplicar el **modelo SIR básico** para analizar la evolución del COVID-19 en diferentes regiones del Perú, evaluando el comportamiento regional de la epidemia. Los autores emplearon el modelo clásico SIR sin dinámica vital. Los datos obtenidos fueron reales de las diferentes regiones de infectados y recuperados. Además, realizaron simulaciones para cada región analizada. Concluyendo que el modelo SIR básico permite describir adecuadamente la dinámica epidémica regional en el corto plazo. Sin embargo, afirman que el modelo no captura efectos demográficos, lo que limita su aplicación para escenarios a largo plazo.

Rubio, Quispe , y Vergara (2023) en su investigación “*Simulation of the behaviour of COVID-19 with the stochastic SIRD model: case of Peru*”. Tuvieron como objetivo “Simular la evolución del COVID-19 en el Perú mediante un **modelo SIRD**, comparando el comportamiento determinista y estocástico del sistema epidemiológico”. Se utilizaron datos nacionales para realizar las simulaciones en distintos escenarios epidemiológicos.

Los autores concluyen que la incorporación de variables adicionales mejora la representación de la dinámica real de la pandemia. Además, mencionan que los modelos clásicos sin dinámica vital presentan limitaciones, lo que respalda la inclusión de componentes demográficos en estudios comparativos.

2.2 Bases teóricas

2.2.1 Conceptos introductorios

Definición 1. Sea $V \subset \mathbb{R}^3$ abierto y $H = (H_1, H_2, H_3)$ donde $H: V \rightarrow \mathbb{R}^3$ una función.

Se dice que H es de clase C^1 en V si y sólo si, cumplen las siguientes condiciones

- a) $\forall z \in V$, y existen las derivadas parciales $\frac{\partial H_i(z)}{\partial z_j}, \forall 1 \leq i, j \leq 3$
- b) $\forall 1 \leq i, j \leq 3$ las funciones $\frac{\partial H_i(z)}{\partial z_j}: V \rightarrow \mathbb{R}$ son continuas en V y se denota como:

$$J(z) = \frac{\partial(H_1, H_2, H_3)}{\partial(z_1, z_2, z_3)} = \begin{bmatrix} \frac{\partial H_1(z)}{\partial z_1} & \frac{\partial H_1(z)}{\partial z_2} & \frac{\partial H_1(z)}{\partial z_3} \\ \frac{\partial H_2(z)}{\partial z_1} & \frac{\partial H_2(z)}{\partial z_2} & \frac{\partial H_2(z)}{\partial z_3} \\ \frac{\partial H_3(z)}{\partial z_1} & \frac{\partial H_3(z)}{\partial z_2} & \frac{\partial H_3(z)}{\partial z_3} \end{bmatrix}$$

A esta expresión se le llama Matriz Jacobiana.

Definición 2. Sistemas de Ecuaciones diferenciales ordinarias lineales y no lineales

Dado el siguiente sistema de tres ecuaciones diferenciales ordinarias autónomas

$$\begin{cases} z_1' = H_1(z_1, z_2, z_3) \\ z_2' = H_2(z_1, z_2, z_3) \\ z_3' = H_3(z_1, z_2, z_3) \end{cases} \quad (1)$$

Donde $H_i: V \subset \mathbb{R}^3$ para $i = 1, 2, 3$

Si cada una de las componentes H_i para $i = 1, 2, 3$ son lineales en consecuencia (1) es llamado sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias, caso contrario se denominan no lineales.

Los sistemas de n ecuaciones diferenciales ordinarias en nuestro caso particular para tres ecuaciones también se pueden representar en forma matricial, es decir

$$z(t) = \begin{bmatrix} z_1(t) \\ z_2(t) \\ z_3(t) \end{bmatrix} \text{ y } H(z) = \begin{bmatrix} z_1(t) \\ z_2(t) \\ z_3(t) \end{bmatrix}$$

Por consiguiente, el sistema (1) tendría la forma siguiente

$$z' = H(z)$$

Es decir, su representación del sistema de tres EDOs autónomas lineales es la siguiente

$$\begin{cases} z_1' = b_{1,1}z_1 + b_{1,2}z_2 + b_{1,3}z_3 + c_1 \\ z_2' = b_{2,1}z_1 + b_{2,2}z_2 + b_{2,3}z_3 + c_2 \\ z_3' = b_{3,1}z_1 + b_{3,2}z_2 + b_{3,3}z_3 + c_3 \end{cases}$$

Donde

$$B(t) = \begin{bmatrix} b_{1,1} & b_{1,2} & b_{1,3} \\ b_{2,1} & b_{2,2} & b_{2,3} \\ b_{3,1} & b_{3,2} & b_{3,3} \end{bmatrix} \text{ y } c = \begin{bmatrix} c_1 \\ c_2 \\ c_3 \end{bmatrix}$$

Si $c_i = 0$ para $i = 1, 2, 3$ entonces el sistema es llamado homogéneo, caso contrario no homogéneo.

Definición 3. Sea $V \subseteq \mathbb{R}^3$ abierto y $H: V \rightarrow \mathbb{R}^3$ una función, para las cuales se tiene la ecuación diferencial ordinaria

$$z' = H(z)$$

Entonces $z^* \in \mathbb{R}^3$ es llamado punto crítico si y sólo si $H(z^*) = 0$.

Ahora veremos la linealización de un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias no lineales. Sin pérdida de generalidad consideramos un sistema autónomo de tres ecuaciones

$$\begin{cases} z_1' = H_1(z_1, z_2, z_3) \\ z_2' = H_2(z_1, z_2, z_3) \\ z_3' = H_3(z_1, z_2, z_3) \end{cases} \quad (2)$$

Con un punto crítico (z_1^*, z_2^*, z_3^*) , es decir

$$\begin{aligned} H_1(z_1^*, z_2^*, z_3^*) &= 0 \\ H_2(z_1^*, z_2^*, z_3^*) &= 0 \\ H_3(z_1^*, z_2^*, z_3^*) &= 0 \end{aligned}$$

Si $H_1(z_1, z_2, z_3)$, $H_2(z_1, z_2, z_3)$ y $H_3(z_1, z_2, z_3)$ admiten solución mediante la serie de

Taylor de orden uno alrededor de $\mathcal{U}^* = (z_1^*, z_2^*, z_3^*)$, tenemos

$$H_1(z_1, z_2, z_3) = H_1(\mathcal{U}^*) + \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*)(z_1 - z_1^*) + \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*)(z_2 - z_2^*) + \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*)(z_3 - z_3^*) + R_1$$

$$H_2(z_1, z_2, z_3) = H_2(\mathcal{U}^*) + \frac{\partial H_2}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*)(z_1 - z_1^*) + \frac{\partial H_2}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*)(z_2 - z_2^*) + \frac{\partial H_2}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*)(z_3 - z_3^*) + R_2$$

$$H_3(z_1, z_2, z_3) = H_3(\mathcal{U}^*) + \frac{\partial H_3}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*)(z_1 - z_1^*) + \frac{\partial H_3}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*)(z_2 - z_2^*) + \frac{\partial H_3}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*)(z_3 - z_3^*) + R_3$$

Luego,

$$H_1(z_1, z_2, z_3) = \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*)(z_1 - z_1^*) + \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*)(z_2 - z_2^*) + \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*)(z_3 - z_3^*) + R_1$$

$$H_2(z_1, z_2, z_3) = \frac{\partial H_2}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*)(z_1 - z_1^*) + \frac{\partial H_2}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*)(z_2 - z_2^*) + \frac{\partial H_2}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*)(z_3 - z_3^*) + R_2$$

$$H_3(z_1, z_2, z_3) = \frac{\partial H_3}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*)(z_1 - z_1^*) + \frac{\partial H_3}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*)(z_2 - z_2^*) + \frac{\partial H_3}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*)(z_3 - z_3^*) + R_3$$

realizando un cambio de variable $a = z_1 - z_1^*$, $b = z_2 - z_2^*$ y $c = z_3 - z_3^*$, se tiene

$$a' = z_1' = H_1(z_1, z_2, z_3)$$

$$b' = z_2' = H_2(z_1, z_2, z_3)$$

$$c' = z_3' = H_3(z_1, z_2, z_3)$$

Entonces,

$$\begin{cases} a' = a \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*) + b \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*) + c \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*) + R_1 \\ b' = a \frac{\partial H_2}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*) + b \frac{\partial H_2}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*) + c \frac{\partial H_2}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*) + R_2 \\ c' = a \frac{\partial H_3}{\partial z_1}(\mathcal{U}^*) + b \frac{\partial H_3}{\partial z_2}(\mathcal{U}^*) + c \frac{\partial H_3}{\partial z_3}(\mathcal{U}^*) + R_3 \end{cases} \quad (3)$$

De (3) se puede observar que tanto el resto $R_i, i = 1, 2, 3$ y sus derivadas parciales son números, por consiguiente, podemos denotar de la siguiente manera

$$\begin{bmatrix} a' \\ b' \\ c' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \\ \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \\ \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a \\ b \\ c \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} R_1 \\ R_2 \\ R_3 \end{bmatrix} \quad (4)$$

Cuando $|a|, |b|, |c|$ son suficientemente pequeños, entonces $(a, b, c) \rightarrow (0, 0, 0)$, podemos despreciar los $R_i, i = 1, 2, 3$ del sistema (4) por consiguiente deduciremos el comportamiento cualitativo del sistema (4) cercano del punto crítico (z_1^*, z_2^*, z_3^*) es idéntico al sistema lineal asociado

$$\begin{bmatrix} a' \\ b' \\ c' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \\ \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \\ \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \end{bmatrix} \begin{bmatrix} a \\ b \\ c \end{bmatrix} \quad (5)$$

Donde

$$\det(J_{U^*}) = \begin{vmatrix} \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \\ \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \\ \frac{\partial H_1}{\partial z_1}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_2}(U^*) & \frac{\partial H_1}{\partial z_3}(U^*) \end{vmatrix} \neq 0$$

Se conoce como la matriz jacobiana, de la parte lineal del sistema (5) evaluada en el punto crítico U^* .

Por consiguiente, el proceso que se ha realizado al sustituir el sistema no lineal (4) por el sistema lineal (5) se denominan la linealización del sistema (2) en el punto crítico $U^* = (z_1^*, z_2^*, z_3^*)$.

Teorema 1. El punto crítico z^* del sistema autónomo $z' = Bz$ será.

- a) Asintóticamente estable, si los valores propios η_1 y η_2 son reales y negativos o tienen una parte real negativa.
- b) Estable, pero no asintóticamente estable, si η_1 y η_2 son puramente imaginarios.
- c) Inestable, si η_1 y η_2 son reales y uno de ellos es positivo, o si ambos tienen una parte real positiva.

Prueba. Ver (Boyce, DiPrima, p. 418).

Teorema 2. Sea $z^* = (0,0)$ un punto crítico del sistema lineal

$$\begin{cases} z_1'(t) = b_{1,1}z_1 + b_{1,2}z_2 \\ z_2'(t) = b_{2,1}z_1 + b_{2,2}z_2 \end{cases}$$

Diremos que z^*

- a) Es asintóticamente estable si $\text{traz}(B) < 0$ y $\det(B) > 0$.
- b) Es estable si $\text{traz}(B) = 0$ y $\det(B) > 0$.
- c) Es inestable si $\text{traz}(B) > 0$ o $\det(B) < 0$ donde B es una matriz de coeficientes.

Teorema 3. Sean η_1 y η_2 los valores propios del sistema lineal $x' = Bx$, correspondientes al sistema localmente lineal $x' = Bx + h(x)$. Por lo tanto, el tipo y la estabilidad del punto crítico $(0, 0)$ del sistema lineal $x' = Bx$ y del sistema localmente lineal $x' = Bx + h(x)$. se detallan en la tabla siguiente,

Tabla 1. Tabla comparativa de estabilidad entre sistemas lineales y sistemas localmente lineales

Autovalores	Sistema lineal		Sistema localmente lineal	
	Tipo de punto crítico	Estabilidad	Tipo de punto crítico	Estabilidad
$\eta_1 > \eta_2 > 0$	N	inestable	N	inestable
$\eta_1 < \eta_2 < 0$	N	Asintóticamente estable	N	Asintóticamente estable
$\eta_2 < 0 < \eta_1$	PS	inestable	PS	inestable
$\eta_1 = \eta_2 > 0$	NP o NI	inestable	N o PE	inestable
$\eta_1 = \eta_2 < 0$	NP o NI	Asintóticamente estable	N o PE	Asintóticamente estable

Nota: N=nodo, NI = Nodo impropio, NP = nodo propio, PS= punto silla, PE= punto espirar

Fuente: (Boyce y Bimpresa, 2010).

Prueba: Ver (Boyce y Bimpresa, 2010)

2.2.2 Modelo matemático SIR

El modelo SIR de Kermack-McKendrick describe enfermedades de tal manera que los individuos susceptibles que las contraen se infectan a una tasa τ , y quienes se recuperan adquieren inmunidad a una tasa δ . No se consideran los períodos de latencia ni los aislamientos. Las enfermedades que mejor se ajustan a este modelo son principalmente enfermedades infantiles, como la varicela, la viruela, la rubéola y las paperas. A continuación, se muestran dos variantes de este modelo: el SIR sin dinámica vital y el SIR con dinámica vital.

2.2.3 Modelo SIR sin dinámica vital

Este es el modelo SIR clásico. Más precisamente, presenta las características mencionadas al principio de esta sección, además del supuesto de que el tamaño total de la población N es constante, no hay nacimientos ni muertes, y la variación en la población eliminada es proporcional a la población infectada. Representamos este modelo con el diagrama a continuación.

Figura 1. Modelo SIR sin dinámica vital y T constante**Tabla 2.** Interpretación de los parámetros del modelo SIR con dinámica

Parámetros	interpretación
τ	Representa la tasa de contagio, es decir representa la velocidad de transmisión de la enfermedad de una persona por unidad de tiempo.
δ	Representa la tasa de las personas recuperadas, es decir representa la velocidad con la que los infectados se recuperan.

Según a la figura 1. El modelo SIR sin dinámica vital con una población total constante, esta formulada mediante el sistema EDOs, que es el siguiente

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\tau SI \\ \frac{dI}{dt} = \tau SI - \delta I \\ \frac{dR}{dt} = \delta I \end{cases} \quad (2.1)$$

Donde $\tau, \delta > 0$ y $T = S + I + R$. Además, con condiciones iniciales

$$\begin{cases} S(0) = S_0 = T - I_0 \\ I(0) = I_0 \\ R(0) = 0 \end{cases} \quad (2.2)$$

Tabla 3. Interpretación de las ecuaciones del sistema del modelo SIR con dinámica

Derivada	Interpretación
$\frac{dS}{dt}$	Representa el cambio promedio de la población susceptible con respecto al tiempo. Donde τSI representa la probabilidad de la población susceptible de infectarse al contactarse un susceptible con infectado. El signo negativo significa la disminución de susceptible con el tiempo.

$\frac{dI}{dt}$	Representa el cambio promedio de los infectados por unidad de tiempo. Donde τSI significa los susceptibles que pasaron a ser infectados a la cual se le resta δI que representan a los infectados y que luego pasan ser removidos.
$\frac{dR}{dt}$	Representa el cambio promedio de los removidos con respecto al tiempo. Donde δI representa a la población que paso de infectado a recuperado.

2.2.4 Modelo SIR con dinámica Vital

En este modelo SIR, asumimos que el tamaño total de la población, T , es variable y que todos los individuos nacen susceptibles. Por lo tanto, τ es la tasa de transmisión, δ la tasa de recuperación de la enfermedad y los individuos de cada clase nacen con una tasa de natalidad ∇ y mueren con una tasa de mortalidad per cápita γ . A continuación, se presenta un diagrama de este modelo.

Figura 2. Modelo SIR con dinámica vital y T variable

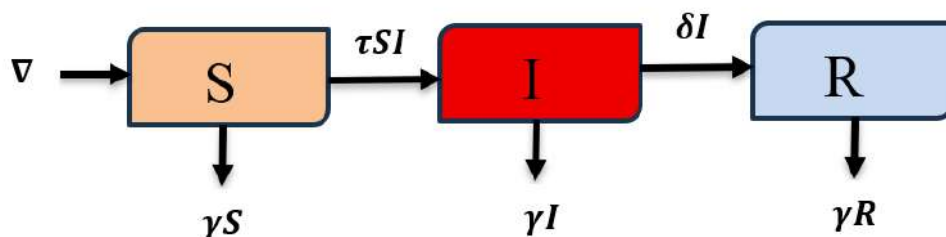


Tabla 4. Interpretación de los parámetros del modelo SIR con dinámica

Parámetros	interpretación
ω	Tasa de nacimiento
∇	Representa el ingreso de nuevas personas a la población susceptible
τ	Representa la tasa de transmisión que tiene en cuenta la probabilidad de ser contagiado por contacto entre un susceptible y un objeto infeccioso.
δ	Representa la tasa de las personas infectadas se recuperan
γ	Representa tasa de muerte natural

De acuerdo a la figura 2, el modelo SIR con dinámica vital está representado por el sistema

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \nabla - \tau SI - \gamma S \\ \frac{dI}{dt} = \tau SI - \delta I - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \delta I - \gamma R \end{cases} \quad (2.3)$$

Donde $\tau, \delta, \gamma, \nabla = \omega T > 0$ y la población total es $T = S + I + R$

Tabla 5. Interpretación de las ecuaciones del sistema del modelo SIR con dinámica

Derivada	Interpretación
$\frac{dS}{dt}$	Razón de cambio promedio de la población susceptible con respecto al tiempo. Donde ∇ representa el reclutamiento de personas susceptibles que ingresan al modelo, la disminución debido a la infección por contacto con personas infectadas (τSI) y seguido de una pérdida de susceptibles por mortalidad natural (γS).
$\frac{dI}{dt}$	Razón de cambio promedio de los infectados por unidad de tiempo. Donde τSI significa los susceptibles que pasaron a ser infectados a la cual se le resta δI que representan a los infectados y que luego pasan ser removidos y también se le resta la expresión γI que significa la disminución por muerte natural. Esta ecuación expresa el balance entre la transmisión de la enfermedad y los procesos de salida del estado infeccioso
$\frac{dR}{dt}$	Representa razón de cambio promedio de los removidos con respecto al tiempo. Donde δI representa a la población que paso de infectado a recuperado a la cual se le resta γR que significa muertes naturales, describiendo así la dinámica de individuos inmunes en el sistema.

2.2.5 Análisis comparativo del modelo SIR con y sin dinámica vital

En nuestro estudio de investigación trataremos de realizar un análisis comparativo del modelo SIR sin dinámica frente al modelo SIR con dinámica, para identificar las diferencias en el comportamiento de cada uno de su sistema bajo distintas suposiciones con respecto al tiempo. La comparación de ambos modelos o enfoques nos permitirá la

comprensión de cómo la variación temporal de los parámetros influye en la propagación de la enfermedad y en la interpretación de los resultados obtenidos.

Para este estudio en el contexto de pregrado trataremos el análisis comparativo de cada uno de su sistema aplicando las ecuaciones diferenciales ordinarias, sistemas dinámicos y la modelación matemática aplicada. Esta investigación servirá de base sólida para futura investigaciones que incorporen datos reales o aumentar algunos parámetros a los modelos y hacerlos más complejos.

2.3 Bases filosóficas

Desde la antigüedad, la humanidad ha ideado métodos y técnicas para descubrir lo oculto. En la ciencia moderna, los modelos y las teorías desempeñan un papel indispensable en este empeño. Muchas disciplinas científicas desarrollan teorías que se utilizan tanto para descubrir, explorar y controlar fenómenos como para sistematizar, organizar y resumir nuestro conocimiento sobre ellos.

Los modelos y las teorías son fundamentales en la ciencia, y los científicos dedican una cantidad considerable de tiempo a desarrollarlos, probarlos, compararlos y revisarlos. Por consiguiente, no sorprende que la naturaleza de los modelos y las teorías científicas haya sido un tema ampliamente debatido en la filosofía de la ciencia durante muchos años.

¿Qué son los modelos? ¿Qué son los modelos SIR con y sin dinámica vital? ¿Y cómo se relacionan los modelos y las teorías entre sí? Estas son las preguntas centrales que aborda nuestra investigación.

En este trabajo, presentaremos un estudio del modelo epidemiológico SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado), desarrollado por McKendrick y Kermack en 1927, que se refiere a enfermedades en las que el individuo adquiere inmunidad tras la curación de la infección. En este contexto, nuestra investigación se centra filosóficamente en el positivismo

científico, quien nos manifiesta que dichos modelos son analizables y verificables y que pueden explicar, describir y predecir el comportamiento de las enfermedades infecciosas a través del tiempo (Bhaskar, 1975). Por otro lado, desde el punto de vista del realismo científico, se considera que las variables del modelo SIR representan procesos epidemiológicos reales (Bhaskar, 1975). Por último, desde el enfoque sistémico, esta filosofía admite comparar el comportamiento de los modelos SIR con y sin dinámica vital, entendiendo la epidemia como un sistema dinámico cuya evolución está determinada por ecuaciones diferenciales ordinarias (Hethcote, 2000).

2.4 Definición de términos básicos.

• Susceptibles (S)

Conjunto de personas que no han adquirido la enfermedad, pero que están dispuestos a infectarse al entrar en contacto con individuos infectados. (Hethcote, 2000)

• Infectados (I)

Grupo de personas que han adquirido la enfermedad y están dispuestos a transmitirla a la población susceptible. (Anderson & May, 1991)

• Recuperados (R)

Personas que han sido sanados de la enfermedad y han adquirido inmunidad permanente, dejando de participar en la transmisión del contagio. (Hethcote, 2000)

• Dinámica vital

Está compuesto de procesos demográficos que incluyen nacimientos y muertes naturales, los cuales influyen en la estructura y evolución de la población a lo largo del tiempo. (Murray, 2002)

• Número básico de reproducción (R_0)

Es un indicador importante para determinar la propagación o extinción de una enfermedad. También nos indica número promedio de casos secundarios que genera un individuo infectado en una población completamente susceptible (Diekmann, Heesterbeek & Roberts, 2010)

- **Equilibrio endémico**

Es la solución de equilibrio de un sistema epidemiológico donde la enfermedad persiste en la población y que la proporción de personas infectada es positiva a través del tiempo (Hethcote, 2000).

- **Sistema dinámico**

Es el análisis del comportamiento a corto y a largo plazo del modelo matemático que describe la evolución temporal a través del tiempo de un fenómeno mediante ecuaciones diferenciales ordinarias (Strogatz, 2015).

2.5 Hipótesis de investigación

2.5.1 Hipótesis general

Según Hernández et al., (2014) afirman que en toda investigación descriptivas no es obligatorio formular hipótesis, ya que el propósito de este estudio es ver la parte teórica y el análisis del modelo SIR, mas no comprobar relaciones causales.

2.5.2 Hipótesis específicas

Según Hernández et al., (2014) afirman que en toda investigación descriptivas no es obligatorio formular hipótesis, ya que el propósito de este estudio es ver la parte teórica y el análisis del modelo SIR, mas no comprobar relaciones causales.

2.6 Operacionalización de las variables

COMPARACIÓN DEL MODELO SIR CON Y SIN DINÁMICA VITAL FORMULADO MEDIANTE SISTEMAS DE ECUACIONES DIFERENCIALES ORDINARIAS, HUACHO-2026

VARIABLE	DEF. CONCEPTUAL	DEF. OPERACIONAL	DIMENSIÓN	INDICADORES	TIPO DE VAR.
(X1): COMPARACIÓN DEL MODELO SIR	El modelo SIR describe el flujo de los individuos en tres clases epidemiológicas susceptibles, infectados y recuperados y la especifica como las tasas de cambio entre estas clases mediante ecuaciones diferenciales ordinarias, con el fin de analizar y predecir la dinámica de propagación de enfermedades transmisibles en una población (Kermack y McKendrick, 1927).	El modelo SIR describe el flujo de las personas en dos modelos con y sin dinámica vital.	Modelo SIR sin dinámica Vital	• Equilibrio endémico • Número básico de reproducción $\mathcal{R}_0$. • Pico endémico • Duración de la epidemia	Cualitativa
			Modelo SIR con dinámica vital	• Equilibrio endémico • Número básico de reproducción $\mathcal{R}_0$. • Existencia endémica. • Estabilidad del sistema. • Extinción o persistencia de la enfermedad	

CAPÍTULO III

METODOLOGÍA

3.1 Diseño metodológico

- **Tipo de investigación**

El tipo de investigación es básica, porque está orientada a realizar una comparación y análisis del modelo SIR con y sin dinámica vital, con la finalidad de observar sus comportamientos dinámicos y sus propiedades matemáticas, es decir solo se va ampliar conocimientos teóricos (Hernández, Fernández y Baptista, 2014)

- **Nivel de investigación**

El estudio es de nivel descriptivo porque solo se pretende analizar y comparar el modelo SIR con y sin dinámica vital mediante las ecuaciones diferenciales ordinarias y a su vez observar sus comportamientos dinámicos sobre la extinción o desaparición de una enfermedad epidemiológica (Hernández, Fernández & Baptista, 2014).

- **Enfoque de investigación**

El estudio tiene un enfoque **cuantitativo**, dado que solo se va analizar y comparar el modelo SIR con y sin dinámica vital utilizando las ecuaciones diferenciales ordinarias, las cuales nos permitirán tener datos numéricos para describir el comportamiento dinámico de la enfermedad.

- **Diseño de investigación**

La investigación es de diseño no experimental ya que es teórico – analítico y compara formulaciones del modelo SIR sin y con dinámica vital sin manipular directamente las variables y no tiene de intervenciones experimentales.

3.2 Población y muestra

3.2.1 Población

Debido a que el estudio es de carácter teórico y analítico, es decir el objetivo de este estudio es ver la comparación y análisis del modelo SIR con y sin dinámica vital, por consiguiente, no se considera una población en el sentido estadístico.

3.2.2 Muestra

Según **Tamayo y Tamayo (2003)** mencionan cuando una investigación es teórica no es necesario definir población y muestra en términos estadísticos, ya que el análisis se centra en modelos, teorías o constructos conceptuales. Por consiguiente, como es teórico y analítico, no se seleccionó una muestra estadística. El análisis se realizará sobre las ecuaciones diferenciales ordinarias planteadas por los modelos SIR con y sin dinámica vital.

3.3 Técnica de recolección de datos

Según Hernández et al. (2014) mencionan que la técnica es análisis documental, ya que se seleccionaran fuentes escritas con respecto a modelos epidemiológicos y en particular al modelo SIR sin y con dinámica vital. A través de las fuentes se identificarán dichas ecuaciones del modelo mencionado anteriormente, con sus respectivos parámetros para el análisis comparativo.

3.4 Técnicas para el procesamiento de la información

El procesamiento de la información se llevará a cabo mediante un análisis riguroso del modelo SIR sin y con dinámica vital, aplicando las ecuaciones diferenciales ordinarias para observar su comportamiento dinámico. Por otro lado, se aplicará un análisis cualitativo de su estabilidad de modelo SIR con y sin dinámica con la finalidad de interpretar la evolución a través del tiempo. Además, se usarán simulaciones de los modelos para ver las diferencias entre ambos modelos planteados en diferentes escenarios.

CAPÍTULO IV

RESULTADOS

4.1 Análisis Cualitativo del modelo SIR sin dinámica vital

Puntos Críticos

El modelo SIR sin dinámica vital con una población total constante, está dada por el siguiente sistema, formada por tres ecuaciones diferenciales ordinarias.

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\tau SI \\ \frac{dI}{dt} = \tau SI - \delta I \\ \frac{dR}{dt} = \delta I \end{cases} \quad (3.1)$$

Donde $\tau, \delta > 0$ y $T = S + I + R$. Además, con condiciones iniciales

$$\begin{cases} S(0) = S_0 = T - I_0 \\ I(0) = I_0 \\ R(0) = 0 \end{cases} \quad (3.2)$$

Del sistema podemos observar que las dos primeras ecuaciones dependen de S e I , por consiguiente, podemos reducir (3.1) al sistema siguiente

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = -\tau SI \\ \frac{dI}{dt} = \tau SI - \delta I \end{cases}$$

Donde $\tau, \delta > 0$ e $T = S + I$. Ahora consideramos

$$\begin{cases} P(S, I) = -\tau SI \\ Q(S, I) = \tau SI - \delta I \end{cases}$$

Para determinar los puntos de equilibrio de este modelo, hacer $P(S, I) = Q(S, I) = 0$, es decir tenemos el siguiente sistema de ecuaciones

$$\begin{cases} -\tau SI = 0 \\ \tau SI - \delta I = 0 \end{cases}$$

con soluciones $S = 0$ o $S = T$. En consecuencia, tenemos $I = 0$ para estos dos valores de S .

Por lo tanto, los puntos de equilibrio del sistema quedan dado de la siguiente manera

$$P_1 = (T, 0) \text{ y } P_2 = (0, 0).$$

No obstante, como T es constante para nuestro modelo, ignoraremos el punto $P_2 = (0, 0)$.

Linealización del sistema SIR sin dinámica vital

Debido a que el sistema de ecuaciones es no lineal, por consiguiente, resulta conveniente desarrollar un proceso de linealización con la finalidad de facilitar el análisis cualitativo.

Por lo tanto, se procede a calcular la matriz jacobiana asociada al sistema

$$J = \begin{pmatrix} P_S & P_I \\ Q_S & Q_I \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\tau I & -\tau S \\ \tau I & \tau S - \delta \end{pmatrix}$$

Ahora realizaremos el análisis cualitativo en el punto $P_1 = (T, 0)$

El sistema lineal que se aproxima al sistema (3.1) en la vecindad del punto $(T, 0)$ es:

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & -\tau S \\ 0 & \tau S - \delta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix}$$

Cuya matriz de coeficientes está dada por:

$$C = \begin{pmatrix} 0 & -\tau S \\ 0 & \tau S - \delta \end{pmatrix}$$

Luego, la traza y la determinante de la matriz C son:

$$\text{Traz}(C) = \tau S - \delta > 0$$

$$\det(C) = 0$$

Por lo tanto, por el teorema 2 y teorema 3, se tiene que el punto $P_1 = (T, 0)$ es inestable.

4.2 Análisis Cualitativo desde un punto de vista epidemiológico

Ahora analizaremos $\frac{dI}{dt}$, en el instante en que $t = 0$, se tiene

$$\frac{dI}{dt} = \tau S_0 I_0 - \delta I_0 \text{ cuando } t = 0$$

Que será positivo cuando $S_0 > \frac{\delta}{\tau}$ y será negativo cuando $S_0 < \frac{\delta}{\tau}$.

Además, $\frac{dS}{dt} \leq 0$ y $S \leq S_0$, entonces, si $S_0 < \frac{\delta}{\tau}$ o $\frac{\tau S_0}{\delta} < 1$ entonces se tiene $S < \frac{\delta}{\tau}$, y

de eso se sigue que:

$$\frac{dI}{dt} = I(\tau S - \delta) \leq 0, \forall I \geq 0$$

En este caso, $I(t) \rightarrow 0$ cuando $t \rightarrow \infty$, y no se produce una epidemia.

Por otro lado, si $S_0 > \frac{\delta}{\tau}$ o $\frac{\tau S_0}{\delta} > 1$, $I(t)$ aumenta y la enfermedad se propaga, por lo que se produce una epidemia, es decir, $I(t) > I_0$ para algún $t > 0$.

Valor reproductivo Básico R_0

Del análisis anterior se define el número reproductivo básico como,

$$R_0 = \frac{\tau S_0}{\delta}$$

Por lo tanto, en una población total constante, R_0 indica si habrá propagación de la enfermedad. Teniendo en cuenta que:

- $R_0 < 1$ entonces la enfermedad o epidemia se extingue
- $R_0 > 1$ entonces la enfermedad o epidemia se propaga

4.3 Análisis de comparación entre la población susceptible con la población recuperada.

Ahora presentamos un análisis del comportamiento de la población susceptible frente a la población recuperada, donde se muestra que cuando $t \rightarrow \infty$, obtenemos $S(t) \rightarrow 0$ y $R(t) \rightarrow T$. Esto es previsible porque, al disminuir el número de susceptibles, aumenta el número de individuos infectados, que luego son recuperados y la epidemia se extingue.

Considerando las funciones:

$$V(S, R) = -\tau SI$$

$$W(S, R) = \delta I,$$

Y como $I = T - S - R$, se sigue que:

$$V(S, R) = -\tau S(T - S - R)$$

$$W(S, R) = \delta(T - S - R).$$

El punto de equilibrio obtenido es $P_1 = (0, T)$.

En este punto se analizará mediante la traza de una matriz y el determinante de dicha matriz de coeficiente del sistema linealizado. La matriz jacobiana está dada por

$$J = \begin{pmatrix} V_S & V_R \\ W_S & W_R \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} -\tau T + 2\tau S + \tau R & \tau S \\ -\delta & -\delta \end{pmatrix}$$

Un sistema lineal que se aproxima al sistema (3.1) en una vecindad del punto $P_1 = (0, T)$ es:

$$\frac{d}{dt} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ -\delta & -\delta \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_1 \\ v_2 \end{pmatrix}$$

Cuya matriz de coeficiente es la siguiente

$$C = \begin{pmatrix} 0 & 0 \\ -\delta & -\delta \end{pmatrix}$$

Luego, la traza y la determinante son:

$$\text{Traz}(C) = -\delta < 0$$

$$\det(C) = 0$$

Por consiguiente, no se puede decir nada sobre la estabilidad.

Ahora analizaremos $\frac{dS}{dR}$, tenemos:

$$\frac{dS}{dR} = \frac{-\tau SI}{\delta I} = -\frac{\tau S}{\delta}$$

$$dR = -\frac{\delta dS}{\tau S}$$

Integrando se obtiene,

$$R = \frac{\delta}{\tau} (-\ln S + C) \quad \dots (3.3)$$

Donde C es una constante de integración.

De las condiciones iniciales de (3.2) se obtiene

$$0 = \frac{\delta}{\tau} (-\ln S_0 + C) \rightarrow C = \frac{\delta}{\tau} \ln S_0$$

Reemplazando en (3.3) obtenemos

$$R = \frac{\delta}{\tau} \ln \left(\frac{S_0}{S} \right)$$

De (3.1), S es siempre decreciente, ya que $\frac{dS}{dt} \leq 0$. Por otro lado R es siempre creciente, ya que $\frac{dR}{dt} \geq 0$.

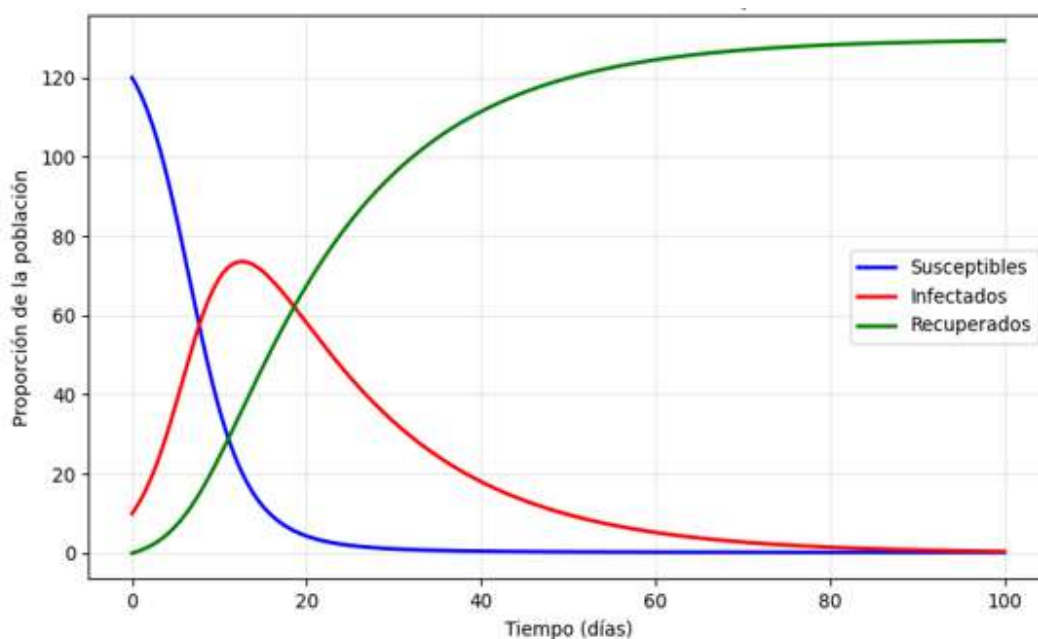
Nótese que se espera que, cuando $t \rightarrow \infty$, $S(t) \rightarrow 0$ y $R(t) \rightarrow T$, pues cuando el número de individuos susceptibles disminuye, consecuentemente el número de infectados aumenta, los cuales, en seguida, pasan a ser removidos, y la epidemia se extingue.

4.4 Simulación del modelo SIR sin dinámica Vital

Ahora presentamos La simulación del modelo SIR sin dinámica vital con datos no reales que nos permite visualizar con claridad la dinámica interna de la epidemia bajo los

parámetros $\tau = 0.0031$ y $\delta = 0.063$, con condiciones iniciales $S(0) = 120$, $I(0) = 10$ y $R(0) = 0$.

Figura 3. Modelo SIR sin dinámica vital



Nota. Elaboración propia con datos no reales mediante Python

De la gráfica se puede observar, que al inicio la población de susceptibles es considerablemente mayor durante los siete primeros días aproximadamente que la curva de los infectados, lo que implica el aumento de nuevos contagios. Sin embargo, la infección alcanza un pico máximo aproximadamente a los 15 días, reflejando el momento en el que la propagación es más intensa. No obstante, a medida que pasa el tiempo, la población susceptible disminuye rápidamente, lo que provoca que la curva de la población de infectados también disminuya aproximadamente a cero. Por otro lado, la curva de los recuperados presenta un crecimiento monótono creciente, estabilizándose cuando prácticamente cuando la curva de los infectados tiende a cero.

Epidemiológicamente el modelo SIR sin dinámica vital mediante la simulación numérica confirma que la epidemia es transitoria. Sin embargo, puede existir un brote significativo si el número reproductivo básico (R_0) es mayor que 1.

4.5 Modelo SIR con dinámica vital con una población constante.

El modelo SIR con dinámica vital es aquel que considera nacimientos y muertes. En este caso solo vamos a tratar de un modelo que posee una población constante (T), ósea, donde suponemos que el número de nacimientos es igual al número de muertes, dicho modelo está dado por el siguiente sistema de ecuaciones:

$$\begin{cases} \frac{dS}{dt} = \nabla - \tau SI - \gamma S \\ \frac{dI}{dt} = \tau SI - \delta I - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} = \delta I - \gamma R \end{cases} \quad (3.3)$$

Donde $\tau, \delta, \gamma, \nabla = \gamma T > 0$ y la población total es $T = S + I + R$

Con condiciones iniciales: $S(0) = S_0, I(0) = T - S_0, R(0) = 0$

Nótese que, al igual que en el modelo SIR sin dinámica vital, cuando sumamos las tres ecuaciones de (3.3), la variación de la población total (T) con respecto al tiempo es

$$\frac{dT}{dt} = \gamma T - \gamma S - \gamma I - \gamma R = \gamma T - \gamma(S + I + R) = \gamma T - \gamma T = 0.$$

Indicando que la población es una constante.

Puntos críticos y estabilidad

Del sistema (3.3) igualando sus ecuaciones a cero.

Observe que las tres ecuaciones dependen de I , por consiguiente, de $\frac{dI}{dt} = 0$, obtenemos

$$\tau SI - \delta I - \gamma I = 0 \rightarrow I(\tau S - \delta - \gamma) = 0.$$

De donde, $I = 0$ o $S = \frac{\delta + \gamma}{\tau}$.

a) Para $I = 0$ tenemos

$$\frac{dS}{dt} = \gamma T - \gamma S \rightarrow S = T$$

$$\frac{dR}{dt} = -\gamma R = 0 \rightarrow R = 0$$

Por lo tanto, el primer punto crítico es

$$PC_1 = (T, 0, 0)$$

b) Para $S = \frac{\delta + \gamma}{\tau}$ tenemos

$$\frac{dS}{dt} = \gamma T - \tau I \left(\frac{\delta + \gamma}{\tau} \right) - \gamma \left(\frac{\delta + \gamma}{\tau} \right) = 0 \rightarrow I = \left(\gamma T - \gamma \left(\frac{\delta + \gamma}{\tau} \right) \right) \left(\frac{1}{\delta + \gamma} \right)$$

Ósea que,

$$I = \frac{\gamma T}{\gamma + \delta} - \frac{\gamma}{\tau}$$

$$\frac{dR}{dt} = \delta \left(\frac{\gamma T}{\gamma + \delta} - \frac{\gamma}{\tau} \right) - \gamma R = 0 \rightarrow R = \frac{\delta T}{\gamma + \delta} - \frac{\delta}{\tau}$$

Por consiguiente, el segundo punto críticos es

$$PC_2 = \left(\frac{\delta + \gamma}{\tau}, \frac{\gamma T}{\gamma + \delta} - \frac{\gamma}{\tau}, \frac{\delta T}{\gamma + \delta} - \frac{\delta}{\tau} \right)$$

El cual es llamado el punto de equilibrio endémico, esto se da cuando la enfermedad existe, pero la población infectada se encuentra en equilibrio. Estas coordenadas de los puntos críticos nos indicaran la convergencia de estos puntos en el sistema, de acuerdo a las condiciones iniciales y los parámetros (Marquesone, 2020, p.6).

Intuitivamente, podemos interpretar que, si la variación en el número de individuos infectados con respecto al tiempo es positiva, el número de individuos infectados está aumentando, lo que significa que la enfermedad se está propagando. Por lo tanto,

$$\frac{dI}{dt} > 0 \Rightarrow \frac{dI}{dt} = \tau SI - (\delta + \gamma)I > 0 \Rightarrow \tau T > (\gamma + \delta) \Rightarrow \frac{\tau T}{\delta + \gamma} > 1$$

Ósea que,

- Si $\frac{\tau T}{\delta + \gamma} < 1$, entonces PC_1 es estable y PC_2 es inestable;
- Si $\frac{\tau T}{\delta + \gamma} > 1$, entonces PC_1 es inestable y PC_2 es estable.

Número reproductivo Básico R_0

Se define el número básico reproductivo como:

$$R_0 = \frac{\tau T}{\delta + \gamma}$$

Por lo tanto, en una población total constante, R_0 indica si habrá propagación de la enfermedad. Teniendo en cuenta que:

- $R_0 < 1$ entonces la enfermedad o epidemia no progresa se extingue
- $R_0 > 1$ entonces cada individuo infectado transmite la enfermedad a más de una persona, lo que provoca su propagación y avance de la enfermedad.

Por consiguiente, se puede decir que R_0 es un factor decisivo para clasificar los puntos de equilibrio como estables o inestables. En resumen, se puede representar de la siguiente manera

Tabla 6. Síntesis de situaciones posibles, de acuerdo con valores de R_0

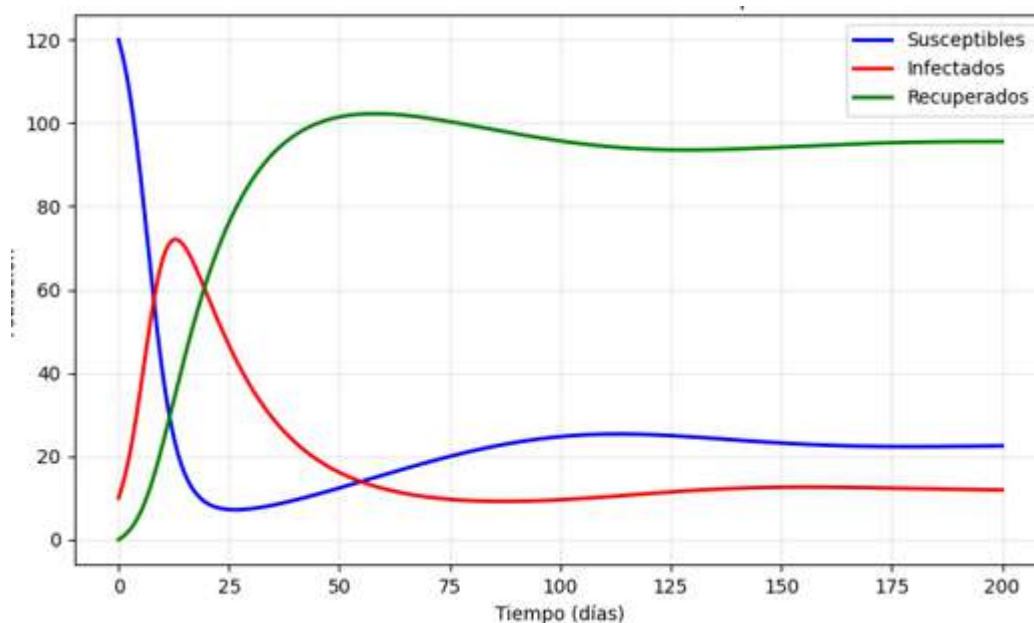
Valor reproductivo	Matemáticamente	Biológicamente
$R_0 < 1$	PC_1 es estable y PC_2 es inestable	La enfermedad no avanza
$R_0 > 1$	PC_1 es inestable y PC_2 es estable	La enfermedad avanza

Fuente: Adactado de marquesona (2020)

4.5 Simulación del modelo SIR con dinámica vital

Ahora presentamos La simulación del modelo SIR con dinámica vital para una población constante con datos no reales que nos permite visualizar con claridad la dinámica interna de la epidemia bajo los parámetros $\tau = 0.0031$ y $\delta = 0.063$, $\gamma = 0.0079$, con condiciones iniciales $S(0) = 120$, $I(0) = 10$ y $R(0) = 0$.

Figura 4. Modelo SIR con dinámica vital con población constante



Nota. Elaboración propia con datos no reales mediante Python

De la gráfica se puede observar, que al inicio la población de susceptibles es considerablemente mayor durante los doce primeros días aproximadamente que la curva de los infectados, lo que implica el aumento de nuevos contagios. Sin embargo, la infección alcanza un pico máximo aproximadamente a los 16 días, reflejando el momento en el que la propagación es más intensa. No obstante, a diferencia del modelo sin dinámica vital, la infección no desaparece completamente con el paso del tiempo.

De manera similar, la población infectada, tras disminuir luego del pico epidémico, no converge a cero, sino que se estabiliza alrededor de un valor constante distinto de cero. Este comportamiento evidencia la existencia de un **equilibrio endémico**, lo cual implica que la enfermedad persiste en la población a largo plazo.

En términos epidemiológicos, la simulación confirma que la inclusión de dinámica vital transforma la naturaleza del sistema: la enfermedad deja de ser un fenómeno transitorio y puede mantenerse de forma sostenida si el número reproductivo básico es mayor que uno.

Epidemiológicamente el modelo SIR con dinámica vital mediante la simulación numérica confirma que la enfermedad deja de ser un fenómeno transitorio y puede mantenerse de forma sostenida si el número reproductivo básico (R_0) es mayor que 1.

4.6 Comparación cualitativa del modelo matemático SIR sin y con dinámica vital

De acuerdo a los resultados obtenidos, esto nos permite evidenciar cómo la incorporación de demográficos modifica de manera sustancial la estructura matemática del sistema y su interpretación epidemiológica.

A continuación, se presenta un resumen comparativo de los resultados obtenidos.

Tabla 7. Comparación cualitativa del modelo SIR sin y con dinámica vital

Comparación	Modelo SIR sin dinámica vital	Modelo SIR con dinámica vital
De acuerdo al sistema	No lineal sin términos demográficos	No lineal que incorpora nacimientos y muertes naturales.
Total, de la población	Sin reposición de individuos, pero constante.	Con renovación continua mediante nacimientos y muertes y constante.
Número reproductivo básico	$R_0 = \frac{\tau S_0}{\delta}$	$R_0 = \frac{\tau T}{\delta + \gamma}$
Números críticos	Depende del número inicial de susceptibles Un punto crítico relevante libre de enfermedad epidemiológicamente	Depende de la población total y de la tasa de mortalidad natural Dos puntos críticos: Uno libre de enfermedad y el otro equilibrio endémico.
Existencia de equilibrio endémico	No existe	Existe cuando $R_0 > 1$
Comportamiento a largo plazo	$I(t) \rightarrow 0$. La enfermedad desaparece.	$I(t) \rightarrow I^* > 0$ cuando $R_0 > 1$ La enfermedad persiste.
Dinámica epidemiológica	Epidemia Transitoria	Existe el riesgo de una posibilidad endémica.

Fuente: elaboración propia

CAPÍTULO V

DISCUSIÓN

5.1 Discusión de los resultados

A continuación, se presenta la discusión de los resultados obtenidos en nuestra investigación con antecedentes similares a nuestro estudio.

Los hallazgos de nuestra investigación guardan coherencia con lo manifestado por Lin et al. (2020), quienes demostraron que la incorporación de variaciones dinámicas en los parámetros del modelo SIR permite representar de manera más realista la evolución de una epidemia. Aunque su trabajo se enfocó en parámetros dependientes del tiempo más no en dinámica vital. Por consiguiente, nuestros resultados del sistema SIR con dinámica vital, capturan comportamientos epidemiológicos que el modelo clásico no puede describir, particularmente la posibilidad de endemidad.

Por otro lado, la investigación de He, Peng y Sun (2020) analizan modelos más complejos como el SEIR, donde trabajan en el análisis de la estabilidad y del número reproductivo básico. Los autores afirman que la estructura del modelo influye directamente en la existencia y estabilidad de los equilibrios. Estas afirmaciones o resultados coinciden con nuestra investigación, donde se demuestra que el modelo SIR sin dinámica vital posee únicamente un equilibrio epidemiológicamente relevante libre de enfermedad, mientras que con dinámica vital se acepta, además, un equilibrio endémico cuya estabilidad depende del valor de reproducción R_0 .

Por otra parte, Roda et al. (2020) indican que la complejidad adicional en los modelos epidemiológicos no garantiza necesariamente una mayor precisión predictiva, especialmente cuando los parámetros son difíciles de estimar. Si bien nuestro modelo presenta con dinámica vital presenta una representación más completa del comportamiento poblacional a largo plazo,

su aplicación exige una adecuada estimación de parámetros como la tasa de mortalidad natural. Desde esta perspectiva, los resultados de nuestra investigación no pretenden afirmar la superioridad absoluta de un modelo sobre otro, sino evidenciar que cada formulación responde a distintos supuestos y horizontes temporales.

Por otro lado, a nivel nacional tenemos a Huarachi-Olivera y Lazarte (2021) afirman que el modelo SIR sin dinámica vital resulta útil para describir la fase inicial de propagación del COVID-19 y estimar el pico epidémico; no obstante, afirman que presenta limitaciones para análisis de largo plazo debido a la ausencia de factores demográficos. Esta afirmación coincide con los resultados de nuestra investigación, donde se demuestra que, en ausencia de dinámica vital, el sistema conduce inevitablemente a la extinción de la enfermedad en el largo plazo, incluso cuando inicialmente se cumple $R_0 > 1$.

Del mismo modo, Vergara, León y More (2020) sostienen que el modelo SIR básico permite describir adecuadamente la dinámica regional en el corto plazo, pero no captura efectos demográficos. Coincide con nuestra investigación y confirma esta limitación estructural: la falta de reposición de susceptibles impide la existencia de un equilibrio endémico. Por consiguiente, los resultados aquí obtenidos profundizan teóricamente una observación empírica ya señalada en estudios nacionales.

Por último, tenemos a Rubio, Quispe y Vergara (2023) mencionan que la incorporación de variables adicionales mejora la representación de la dinámica real de la pandemia y que los modelos clásicos presentan restricciones importantes. En tanto al planteamiento del sistema, el análisis cualitativo desarrollado comprueba que la inclusión de nacimientos y muertes naturales modifica de manera determinante el comportamiento global del sistema, permitiendo la persistencia de la enfermedad cuando $R_0 > 1$. Así, el modelo con dinámica vital amplía el

alcance interpretativo del modelo clásico y lo adapta mejor a escenarios epidemiológicos prolongados.

En resumen, esta discusión nos afirma que el modelo SIR sin dinámica vital es apropiado para describir brotes epidémicos de carácter transitorio en poblaciones cerradas, mientras que el modelo SIR con dinámica vital resulta más adecuado para analizar enfermedades persistentes o endémicas en poblaciones abiertas con renovación demográfica. Esta diferencia no solo es matemática, sino profundamente conceptual: mientras el primer modelo conduce inevitablemente a la extinción de la infección, el segundo permite la estabilización de la enfermedad en el tiempo.

CAPÍTULO VI

CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

6.1 Conclusiones

De acuerdo a los resultados el presente estudio analizó de manera rigurosa el modelo matemático SIR con y sin dinámica vital, partiendo no solo de su formulación de su sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias, si no también de manera epidemiológica que se desprende su estructura dinámica. Se presenta las siguientes conclusiones:

- Con respecto al modelo SIR sin dinámica vital, se realizó un análisis cualitativo del modelo, encontrando un único punto de equilibrio libre de enfermedad. Su análisis de estabilidad y su comportamiento asintótico nos indican que la enfermedad es transitoria, debido a que la población infectada tiende a cero cuando el tiempo tiende a un número muy grande. Además, se encontró el valor reproductivo básico $R_0 = \frac{\tau S_0}{\delta}$ el cual determina si la enfermedad persiste o desaparece.
- Por otro lado, también se realizó un análisis exhaustivo, en este caso a la estructura del sistema se incorporó nacimientos y muertes, encontrando dos números críticos, uno libre de enfermedad y el otro endémico. Además, se encontró el valor reproductivo básico $R_0 = \frac{\tau T}{\delta + \tau}$, donde si $R_0 > 1$, el equilibrio endémico es estable, lo que implica que la enfermedad puede mantenerse a través del tiempo en la población.
- En cuanto a la diferencia entre los modelos SIR con y sin dinámica vital, radica en el comportamiento a largo plazo. Además, el modelo sin dinámica vital la

enfermedad se extingue a largo plazo, mientras el modelo con dinámica vital permite su persistencia bajo ciertas condiciones paramétricas.

- Ambos modelos presentan el número reproductivo básico el cual actúa como un parámetro umbral; no obstante, su formulación depende de la estructura demográfica considerada, lo que incide directamente en la clasificación de la estabilidad de los equilibrios críticos.

6.2 Recomendaciones

- Realizar un análisis de estabilidad de forma global mediante funciones de Lyapunov, lo que permitirá obtener resultados más rigurosos.
- Introducir al modelo parámetros o tasas de transmisión variables que dependan del tiempo, con el fin de aproximar de una manera más realista los escenarios epidemiológicos.
- Las simulaciones se deben realizar con casos reales, es decir utilizar datos reales de enfermedades que se adapten al modelo con el fin de validar empíricamente el comportamiento teórico de los modelos.

CAPITULO VII

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Anderson, R. M., & May, R. M. (1991). *Infectious diseases of humans: Dynamics and control*. Oxford University Press.

BOYCE, W. E.; DIPRIMA, R. C. *Equações Diferenciais Elementares e Problemas de Valor de Contorno*, 10. ed., LTC Editora, Rio de Janeiro, 2010.
https://www.academia.edu/49048515/Equa%C3%A7%C3%B5es_Diferenciais_Elementares_e_Problemas_de_Valores_de_Contorno_11a_Edi%C3%A7%C3%A3o_BOYCE_E_W_2020

Bhaskar, R. (1975). *A realist theory of science*. Leeds Books.

<https://doi.org/10.4324/9780203394437>

Brauer, F., Castillo-Chávez, C., & Feng, Z. (2019). *Mathematical models in epidemiology*. Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4939-9828-9>

Diekmann, O., Heesterbeek, J. A. P., & Roberts, M. G. (2010). The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the Royal Society Interface*, 7(47), 873–885. <https://doi.org/10.1098/rsif.2009.0386>

He, S., Peng, Y., & Sun, K. (2020). SEIR modeling of the COVID-19 and its dynamics. *Nonlinear Dynamics*, 101(3), 1667–1680. <https://doi.org/10.1007/s11071-020-05743>.

Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653.

<https://doi.org/10.1137/S0036144500371907>

Hernández, R., Fernández, C., & Baptista, P. (2014). *Metodología de la investigación* (6.^a ed.). McGraw-Hill.

Hethcote, H. W. (2000). The mathematics of infectious diseases. *SIAM Review*, 42(4), 599–653. <https://doi.org/10.1137/S0036144500371907>

Huarachi-Olivera, R. E., & Lazarte Rivera, A. M. (2021). Modelo SIR de la tendencia pandémica de COVID-19 en Perú. *Revista de la Facultad de Ciencias Médicas de Córdoba*, 78(3), 236–242. <https://doi.org/10.31053/1853.0605.v78.n3.31142>

Kermack, W. O., & McKendrick, A. G. (1927). A contribution to the mathematical theory of epidemics. *Proceedings of the Royal Society of London. Series A*, 115(772), 700–721. <https://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>

Lin, Q., Zhao, S., Gao, D., et al. (2020). A conceptual model for the coronavirus disease 2019 (COVID-19) outbreak in Wuhan, China with individual reaction and governmental action. *Infectious Disease Modelling*, 5, 211–216. <https://doi.org/10.1016/j.ijid.2020.02.058>

Luiz, M. H. R. (2012). *Modelos matemáticos em epidemiologia* (Tesis de maestría, Universidade Estadual Paulista). Repositorio Institucional UNESP. <http://hdl.handle.net/11449/94348>

Murray, J. D. (2002). *Mathematical biology I: An introduction* (3rd ed.). Springer.

Roda, W. C., Varughese, M. B., Han, D., & Li, M. Y. (2020). Why is it difficult to accurately predict the COVID-19 epidemic? *Infectious Disease Modelling*, 5, 271–281. <https://doi.org/10.1016/j.idm.2020.03.001>

Rubio, O., Quispe Sánchez, D., & Vergara-Moreno, E. (2023). Simulation of the behaviour of COVID-19 with the stochastic SIRD model: Case of Peru. *Selecciones Matemáticas*, 10(1), 1–12. <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2023.01.08>

Strogatz, S. H. (2015). *Nonlinear dynamics and chaos* (2nd ed.). Westview Press.

Vergara-Moreno, E., León Navarro, R., More Ayala, J., Arteaga Blas, D., Asmat Uceda, R., Peralta Castañeda, J., & Quito Santos, C. (2020). Basic epidemiologic model SIR for COVID-19: Case of Peruvian regions. *Selecciones Matemáticas*, 9(1), 137–144. <https://doi.org/10.17268/sel.mat.2020.01.14>

ANEXO

Matriz de consistencia

PROBLEMA	OBJETIVO	HIPÓTESIS	VARIABLES	TIPO Y DISEÑO DE INVESTIGACIÓN
Problema general: ¿Qué diferencia existe en aplicar el modelo SIR con y sin dinámica formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias? Problemas específicos • ¿Cuál es la formulación y el análisis del modelo SIR sin dinámica vital mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias? • ¿Cuál es la formulación y el análisis del modelo SIR con dinámica vital mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias? • ¿Qué diferencias existen entre modelo SIR con y sin dinámica vital formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias?	Objetivo general Describir y analizar el modelo SIR con y sin dinámica formulado mediante ecuaciones diferenciales ordinarias. Objetivos específicos • Describir la formulación y analizar el modelo SIR sin dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias. • Describir y analizar el modelo SIR con dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias. • Determinar las diferencias que existen entre modelo SIR con y sin dinámica vital formulado mediante sistemas de ecuaciones diferenciales ordinarias.	No se formularon hipótesis ya que nuestra investigación es descriptiva.	Variables en estudio Variable: Comparación del modelo SIR	Nivel Descriptivo Diseño: No experimental Enfoque: Cuantitativo