



Universidad Politécnica  
de Madrid

**Escuela Técnica Superior de  
Ingenieros Informáticos**



Grado en Matemáticas e Informática

Trabajo Fin de Grado

**Modelización y Estudio de Fenómenos  
Epidemiológicos con Reinfección de  
Individuos**

Autor: Adrián Raposo Pozuelo  
Tutor: Javier López de la Cruz

Madrid, Junio 2024

Este Trabajo Fin de Grado se ha depositado en la ETSI Informáticos de la Universidad Politécnica de Madrid para su defensa.

*Trabajo Fin de Grado*  
*Grado en Matemáticas e Informática*

*Título:* Modelización y Estudio de Fenómenos Epidemiológicos con Re-  
infección de Individuos

Junio 2024

*Autor:* Adrián Raposo Pozuelo

*Tutor:* Javier López de la Cruz

Departamento de Matemática Aplicada a las TIC  
Escuela Técnica Superior de Ingenieros Informáticos  
Universidad Politécnica de Madrid

# Resumen

A lo largo de la historia, la humanidad se ha enfrentado al desafío de las pandemias y epidemias. Para hacer frente a estas crisis se requiere un enfoque multidisciplinar, en el que las Matemáticas desempeñan un papel crucial en el desarrollo de estrategias preventivas y estudios detallados de la dinámica de las enfermedades. Los modelos matemáticos nos permiten predecir los resultados y aplicar medidas para reducir los posibles impactos.

La reciente pandemia de COVID-19 mostró la importancia de la modelización matemática para comprender y controlar las enfermedades infecciosas. Conceptos como aplanar la curva, curva de contagio o coeficiente de transmisión del virus, pasaron a ser incorporados de manera significativa en la sociedad.

Este trabajo se centra en la modelización matemática de fenómenos epidemiológicos, en particular los que implican reinfección. Comenzamos explorando el modelo clásico SIR (Susceptible-Infectado-Recuperado), que ha sido fundamental en el campo de la epidemiología. Posteriormente se incorporan parámetros para modelar la dinámica vital y después se añade un parámetro para tener en cuenta la posible reinfección de individuos, desarrollando así modelos más completos que reflejan con mayor precisión las complejidades de las epidemias del mundo real.

El análisis incluye un estudio teórico que determina las condiciones bajo las que una enfermedad puede erradicarse o hacerse endémica, así como el comportamiento de las soluciones a largo plazo. Todo el estudio se hace bajo el marco teórico de las ecuaciones diferenciales, los sistemas dinámicos y la teoría de los atractores globales. Adicionalmente mediante el uso de simulaciones numéricas ilustramos todos los resultados anteriores y presentamos una simulación de distintos escenarios para ver cómo afecta el parámetro de reinfección a la evolución de la enfermedad.

La inclusión del parámetro de reinfección al modelo nos permitirá estudiar cómo la pérdida de inmunidad y las reinfecciones afectan a la propagación de la enfermedad y ayudará a las autoridades sanitarias a establecer las medidas de control que deberán tomar para controlar las enfermedades o incluso erradicarlas.



# Abstract

Throughout history, society has faced the challenge of pandemics and epidemics. Addressing these crises requires a multidisciplinary approach, with mathematics playing a crucial role in the development of preventive strategies and detailed studies of disease dynamics. Mathematical models allow us to predict outcomes and implement measures to reduce potential impacts.

The recent COVID-19 pandemic showed the importance of mathematical modelling in understanding and controlling infectious diseases. Concepts such as flattening the curve, contagion curve or virus transmission coefficient, came to be incorporated significantly into society.

This paper focuses on the mathematical modelling of epidemiological phenomena, in particular those involving reinfection. We begin by studying the classical SIR (Susceptible-Infected-Recovered) model, which has been fundamental in epidemiology. After that, we consider new parameters to model vital dynamics and later a parameter to model reinfection. Then, we develop extended models which reflect in a better manner the complexities of real-world epidemics.

The analysis includes a theoretical study that determines the conditions under which a disease can be eradicated or becomes endemic, and the long-term behaviour of the solutions. The whole study is done under the theoretical framework of differential equations, dynamical systems and the theory of global attractors. Additionally, using numerical simulations, we will contrast the previous results and simulate different scenarios to illustrate how the re-infection parameter affects the evolution of the disease.

The inclusion of the reinfection parameter in the model will allow us to study how loss of immunity and reinfections affect the spread of the disease and will help health authorities to establish the control measures they should take to control or even eradicate diseases.



# Tabla de contenidos

|   |           |
|---|-----------|
| <b>1. Introducción</b>  | <b>1</b>  |
| 1.1. Modelización . . . . .   | 2         |
| <b>2. Modelo SIR con dinámica vital</b>                                       | <b>9</b>  |
| 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital . . . . .              | 9         |
| 2.1.1. Existencia de solución y unicidad de solución global positiva          | 10        |
| 2.1.2. Estabilidad local. Puntos de equilibrio . . . . .                      | 11        |
| 2.1.3. Existencia y estructura interna del atractor global . . . . .          | 15        |
| 2.2. Simulaciones numéricas . . . . .   | 22        |
| 2.2.1. Caso 1: $\mu + \gamma > \beta$ . . . . .                               | 22        |
| 2.2.2. Caso 2: $\mu + \gamma = \beta$ . . . . .                               | 23        |
| 2.2.3. Caso 3: $\mu + \gamma > \beta$ . . . . .                               | 24        |
| <b>3. Modelo SIR con dinámica vital y reinfección</b>                         | <b>27</b> |
| 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección . .      | 27        |
| 3.1.1. Existencia de solución y unicidad de solución global positiva          | 28        |
| 3.1.2. Estabilidad local. Puntos de equilibrio . . . . .                      | 30        |
| 3.1.3. Existencia y estructura interna del atractor global . . . . .          | 33        |
| 3.2. Simulaciones numéricas . . . . .   | 40        |
| 3.2.1. Caso 1: $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ . . . . .                      | 40        |
| 3.2.2. Caso 2: $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ . . . . .                      | 41        |
| 3.2.3. Caso 3: $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . . . . .                      | 42        |
| <b>4. Resultados y conclusiones</b>   | <b>45</b> |
| 4.1. Simulación de escenarios . . . . .                                       | 46        |
| <b>5. Análisis de impacto</b>   | <b>49</b> |
| 5.1. Modelos SIR en el cumplimiento de la meta 3.3 del ODS 3 . . . . .        | 50        |
| <b>Bibliografía</b>   | <b>53</b> |
| <b>Anexos</b>   | <b>57</b> |
| <b>A. Preliminares sobre ecuaciones diferenciales y teoría de estabilidad</b> | <b>57</b> |
| A.1. Ecuaciones diferenciales ordinarias . . . . .                            | 57        |
| A.2. Teoría de estabilidad . . . . .  | 61        |

## TABLA DE CONTENIDOS

---

|   |           |
|---|-----------|
| A.2.1. Estabilidad de sistemas lineales . . . . .   | 62        |
| A.2.2. Estabilidad de sistemas no lineales . . . . .  | 62        |
| <b>B. Preliminares teoría de semigrupos</b>   | <b>65</b> |
| B.1. Semigrupos . . . . .   | 65        |
| B.2. Existencia de atractor global . . . . .  | 68        |
| B.3. Estructura interna del atractor . . . . .  | 68        |
| <b>C. Códigos de las simulaciones numéricas</b>   | <b>71</b> |
| C.1. Código simulación modelo sir con dinámica vital . . . . .                                | 71        |
| C.2. Código simulación modelo sir con dinámica vital y reinfección de<br>individuos . . . . . | 74        |
| C.3. Código simulación de escenarios variando el parámetro de reinfección                     | 77        |

# Capítulo 1

## Introducción

Las enfermedades infecciosas han significado a lo largo de la historia un problema muy importante para las civilizaciones. Con el avance en el sector de la medicina en los últimos siglos, la sociedad ha pensado que este tipo de enfermedades están controladas, pero como hemos visto en los últimos años con enfermedades como el coronavirus, causada por el virus SARS-CoV-2, o el SIDA, causada por el VIH, han supuesto y siguen suponiendo un gran desafío para la sociedad.

Uno de los principales problemas de las enfermedades contagiosas es la transmisión de la enfermedad. Cuando infecta a un número de individuos superior al esperado en una población durante un tiempo determinado se denomina epidemia. Este fenómeno no solo representa un desafío de salud pública, sino que también pone a prueba la capacidad de respuesta y adaptación de las sociedades.

Algunas de las epidemias más importantes a lo largo de la historia según [1] son la reciente COVID-19, con más de tres millones de muertos, la peste negra (541-700, 1347-1353), causando 75 millones de muertes, o la viruela que provocó alrededor de 300 millones de personas muertas en todos los continentes en distintas épocas.

Como vemos, estudiar, prevenir y comprender las epidemias ha sido, es y será un objetivo y una necesidad en la sociedad. Es por ello que muchas ramas de la ciencia se dedican a la investigación en el campo de la epidemiología, que consiste en el estudio de patrones, las causas y el control de las enfermedades en los grupos de personas. La biología, la medicina, la informática o las matemáticas son algunas de las muchas ciencias que trabajan en conjunto para obtener una comprensión completa de las enfermedades y su impacto, y desarrollar estrategias efectivas para su prevención y control.

Una de las herramientas que permite predecir la propagación de enfermedades y evaluar estrategias para su control y prevención es el modelado de las epidemias a través de modelos matemáticos. Muchos de los modelos matemáticos que se usan en las epidemias tienen que ser susceptibles a cambios a lo largo del tiempo, es por ello que el uso de el cálculo diferencial es crucial para poder

## Capítulo 1. Introducción

---

describir cómo cambian las tasas de infección, recuperación y mortalidad a largo del tiempo en una población a través de las ecuaciones diferenciales parciales y ordinarias. También es importante que mencionemos que algunas veces conseguimos modelos complejos que no pueden ser resueltos analíticamente y es por eso que la realización de simulaciones numéricas también aporta gran ayuda y permite explorar el impacto de diferentes estrategias de intervención y realizar análisis predictivos.

Uno de los primeros modelos matemáticos fue desarrollado por Daniel Bernoulli en 1760 (véase [2]). Este modelo evaluó los efectos de vacunar a la población contra la viruela y abrió el camino para futuras investigaciones y desarrollos en modelos de enfermedades. Posteriormente, a principios del siglo XX W.H.Hamer exploró la periodicidad de las epidemias, especialmente en relación con enfermedades como el sarampión y la escarlatina [3]. El enfoque de W.H.Hamer fue uno de los primeros en aplicar un marco matemático a la transmisión de enfermedades basado en principios de interacción directa, lo que influyó en el desarrollo de modelos epidemiológicos más sofisticados en décadas posteriores. Más tarde, en 1911 Ronald Ross utilizó un modelo matemático para demostrar cómo intervenciones específicas pueden alterar significativamente la probabilidad de brotes de malaria, y proporciona un marco cuantitativo para evaluar la efectividad de diferentes estrategias de prevención [4]. Finalmente, en 1927, W. O. Kermack y A. G. McKendrick desarrollaron el modelo SIR (Susceptible, Infectado, Recuperado), que se ha convertido en uno de los pilares de la epidemiología matemática [5]. En este último modelo nos centraremos para desarrollar el trabajo.

### 1.1. Modelización

Vamos a introducir el modelo SIR clásico con más detalle que el resto de los modelos puesto que será el que utilizaremos para realizar el trabajo. Este modelo divide a la población en tres grupos distintos y estudia cómo la población transita de un grupo a otro. Los tres grupos en los que se divide el modelo son:

- **Susceptibles (S)** : Estos son los individuos que no están infectados con la enfermedad en cuestión, pero son susceptibles a la infección.
- **Infectados (I)** : Estos son los individuos que están actualmente infectados y son capaces de transmitir la enfermedad a los susceptibles.
- **Recuperados (R)** : Estos son los individuos que se han recuperado de la enfermedad y han desarrollado inmunidad o que han fallecido y, por lo tanto, no pueden ser infectados nuevamente o transmitir la enfermedad.

Es necesario dejar claro qué hipótesis usaremos para poder trabajar con este modelo.

- **Población constante:** El modelo asume que la población total  $N$  será constante en cualquier instante de tiempo y, además, para que el estudio tenga sentido la población  $N$  será positiva, es decir, mayor que cero. De esto podemos deducir que la suma de los tres grupos en cualquier instante de tiempo será igual al mismo número de personas que será el número total

de individuos:

$$S(t) + I(t) + R(t) = N, \quad \forall t \geq 0.$$

- **Transición de Susceptibles a Infectados:** Los individuos que son susceptibles solo dejarán su grupo (S) si entran en contacto directo con una persona infectada y se contagian. En ese momento, pasarán a integrar el grupo de infectados (I).
- **Recuperación o Fallecimiento de Infectados:** Los miembros del grupo de infectados solo se trasladarán a otro grupo si se recuperan o si fallecen debido a la enfermedad, momento en el cual se incorporarán al grupo de recuperados (R).
- **Inmunidad permanente:** Una vez que los individuos se recuperan, se considera que son inmunes de manera permanente a la enfermedad y permanecerán en el grupo de los recuperados (R). No se considera la posibilidad de reinfección (inicialmente).

Teniendo en cuenta con que hipótesis vamos a trabajar, vamos definir las transiciones de un grupo a otro en los modelos con los siguientes parámetros:

- El parámetro  $\beta$  representará el coeficiente de transmisión de la enfermedad. Este coeficiente  $\beta$  será mayor que cero.
- El parámetro  $\frac{1}{\gamma}$  representará el tiempo medio en el que un individuo permanece infectado. El tiempo medio  $\frac{1}{\gamma}$  será mayor que cero.

Para visualizar cómo se definen las transiciones entre los grupos, teniendo en cuenta las hipótesis y parámetros anteriores, lo representaremos con el diagrama de la Figura 1.1.

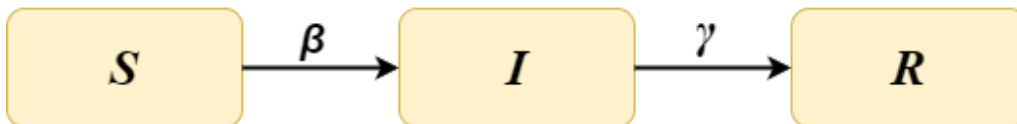


Figura 1.1: Transición entre los grupos del modelo SIR clásico

A partir de todo lo que hemos mencionado anteriormente podemos obtener el modelo SIR clásico, dado por el siguiente sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{SI}{N}, \quad (1.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I, \quad (1.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I, \quad (1.3)$$

sabiendo que  $S = S(t)$ ,  $I = I(t)$ ,  $R = R(t)$  representan el número de susceptibles, infectados y recuperados, respectivamente, en un instante de tiempo  $t > 0$ .  $N > 0$

## Capítulo 1. Introducción

representa una población constante tal que  $S(t) + I(t) + R(t) = N$  y los parámetros  $\beta > 0$  y  $1/\gamma > 0$  representan el coeficiente de transmisión de la enfermedad y el tiempo medio de recuperación, respectivamente.

El modelo SIR clásico anterior, proporciona un marco sólido para entender cómo una enfermedad evoluciona. Sin embargo, este modelo asume que la población total es constante y cerrada, sin entradas (nacimientos) o salidas (muertes) excepto por la enfermedad. Esto puede ser una simplificación excesiva para enfermedades que se extienden en tiempo o para poblaciones donde la dinámica demográfica (natalidad y mortalidad) juega un papel importante. Es por esto que vamos a introducir al modelo SIR clásico (1.1)-(1.3) dinámica vital, es decir, añadiremos al modelo la tasa de natalidad y mortalidad.

Suponemos que la tasa de natalidad y la tasa de mortalidad son iguales para mantener constante la población total. Denotaremos con  $\mu$  tanto la tasa de natalidad como la de mortalidad donde  $\mu > 0$  para que el modelo tenga sentido. Por tanto, obtenemos una nueva transición entre grupos que podemos ver en la Figura 1.2.

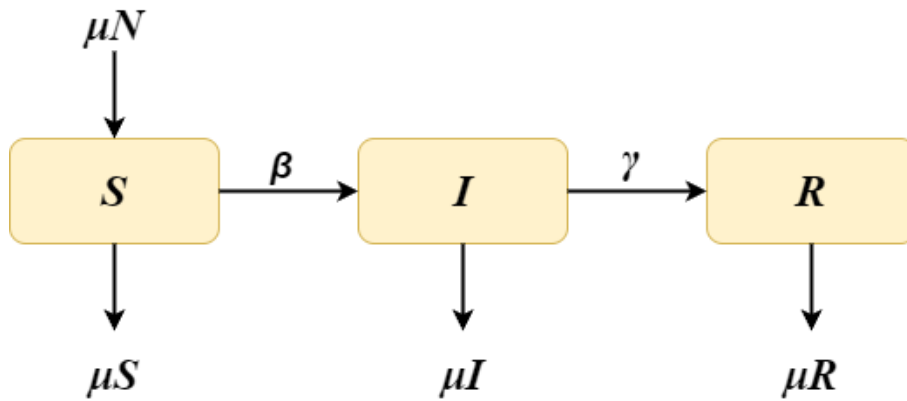


Figura 1.2: Transición entre los grupos del modelo SIR clásico con dinámica vital

Añadiendo la dinámica vital al modelo obtenemos un nuevo sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S, \quad (1.4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I, \quad (1.5)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (1.6)$$

donde  $\mu N$  representa los nacimientos, que se consideran susceptibles, y  $\mu S$ ,  $\mu I$  y  $\mu R$  representan las fallecimientos por causas ajenas a la enfermedad en cada grupo.

La primera parte del trabajo consistirá en estudiar el modelo SIR con dinámica vital (1.4)-(1.6) mediante los conceptos y resultados relacionados con ecuaciones diferenciales y estabilidad que hemos expuesto en el Anexo A y los conceptos y

resultados sobre teoría de semigrupos que hemos expuesto en el Anexo B. Con ello proporcionaremos resultados acerca de la estructura interna del atractor global que no permitirá establecer condiciones sobre los parámetros del modelo para indicar si la infección desaparece o, por lo contrario, se vuelve endémica. Estas conclusiones aportarán información a las autoridades sanitarias de qué medidas deben tomar para el control de la epidemia sin necesidad de esperar a ver cómo evoluciona en tiempo real.

Como hemos observado en el modelo SIR con dinámica vital, el proceso de transición de los individuos se define claramente entre los estados de susceptibles, infectados y recuperados, asumiendo que una vez recuperados (transición de infectados a recuperados), los individuos adquieren inmunidad permanente. No obstante, en el caso de enfermedades como el coronavirus, se ha evidenciado que la inmunidad puede ser temporal y los infectados pueden volver a ser susceptibles directamente, sin necesariamente pasar por un estado de recuperación completa que les confiera inmunidad a largo plazo.

Para modelar este comportamiento, modificaremos el modelo SIR tradicional para permitir que un porcentaje de los infectados regrese al grupo de susceptibles, sin alcanzar un estado de recuperado con inmunidad. Esto puede realizarse introduciendo un nuevo parámetro en el modelo que represente la tasa a la cual los infectados vuelven a ser susceptibles.

El parámetro  $\alpha$  representará la tasa de infectados que pueden ser reinfectados, es decir, representa la tasa de personas que pasan del grupo de infectados a susceptibles porque no han obtenido inmunidad a la enfermedad tras su recuperación. Consideraremos  $\alpha > 0$  para que el modelo tenga sentido. Aplicando estos cambios al modelo se puede visualizar la nueva transición entre los grupos infectados y susceptibles en la Figura 1.3.

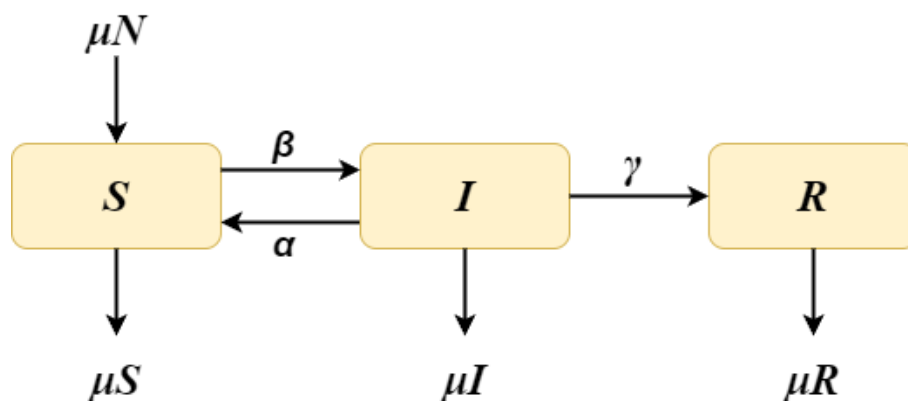


Figura 1.3: Transición entre los grupos del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

Añadiendo la reinfección al modelo obtenemos un nuevo sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias

## Capítulo 1. Introducción

---

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S + \alpha I, \quad (1.7)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I - \alpha I, \quad (1.8)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \quad (1.9)$$

Este último modelo será el que estudiaremos en la segunda parte del trabajo, obteniendo más resultados e información de las epidemias con reinfección de individuos. Para este modelo emplearemos los mismos métodos utilizados en la primera parte del trabajo, pero centrandó nuestro estudio en el impacto de la reinfección en la dinámica de la epidemia. Exploraremos cómo varía la evolución de la epidemia en función de la tasa de reinfección  $\alpha$  de los individuos recuperados que vuelven a ser susceptibles para ver cómo influye esta tasa en los posibles resultados y conclusiones.

Este trabajo se estructura de la siguiente manera. Hemos comenzado en el Capítulo 1 con una introducción general del tema que abordaremos a lo largo de esta memoria y hemos presentado la modelización de los dos modelos que se van a estudiar.

En el Capítulo 2 realizaremos un estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital, especificado en las ecuaciones (1.4)-(1.6). Estudiaremos la existencia y unicidad de la solución global, los puntos de equilibrio, su estabilidad local y presentaremos un conjunto absorbente que asegurará la existencia y unicidad del atractor global. Profundizaremos en la estructura interna del atractor, sus propiedades y determinaremos en qué condiciones la enfermedad puede erradicarse o permanecer endémica.

En el Capítulo 3, llevaremos a cabo un análisis parecido al del Capítulo 2, pero enfocándonos en el modelo SIR con dinámica vital y reinfección, especificado en las ecuaciones (1.7)-(1.9). Resaltaremos cómo la inclusión de la reinfección modifica la dinámica del modelo y explicaremos los distintos escenarios que surgen al modificar los parámetros del sistema.

En el Capítulo 4 nos centraremos en las simulaciones numéricas, mostrando de forma visual los conceptos tratados en capítulos anteriores y ofreciendo una interpretación biológica de los resultados. Esto nos facilitará evaluar las diversas estrategias que las autoridades sanitarias podrían implementar para controlar y, potencialmente, erradicar la enfermedad.

En el Capítulo 5, exploraremos cómo este estudio contribuye a alcanzar los objetivos de desarrollo sostenible, particularmente el objetivo 3 que se centra en la salud y el bienestar, como parte de la Agenda 2030. Destacaremos el impacto y la relevancia de investigaciones de este tipo para comprender y apoyar la realización de dichos objetivos.

El trabajo finaliza con tres anexos: el Anexo A, que cubre los fundamentos de las ecuaciones diferenciales ordinarias y la teoría de estabilidad, el Anexo B, que

## **1.1. Modelización**

---

contiene la teoría de sistemas dinámicos autónomos y el concepto de atractor global y su estructura interna, y el Anexo C, que contiene los códigos utilizados para realizar las simulaciones numéricas.



## Capítulo 2

# Modelo SIR con dinámica vital

En este capítulo aplicaremos conceptos y resultados teóricos sobre ecuaciones diferenciales ordinarias, teoría de estabilidad, sistemas dinámicos autónomos y atractores globales, expuestos en los anexos Anexo A y Anexo B, para estudiar el primero de los modelos definidos en el Capítulo 1, detallado por el sistema de ecuaciones ordinarias (1.4)-(1.6). Concluiremos este capítulo realizando simulaciones de este modelo, para verificar los resultados obtenidos en este estudio.

### 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

En esta sección se utilizarán los resultados y conceptos mencionados anteriormente para poder aplicarlos al modelo SIR clásico con dinámica vital descrito en (1.4)-(1.6) que esta formado por la siguientes ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S, \quad (2.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I, \quad (2.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \quad (2.3)$$

donde  $S = S(t)$ ,  $I = I(t)$  y  $R = R(t)$  indican el número de individuos susceptibles, infectados y recuperados respectivamente en cada instante de tiempo  $t$ . Además recordemos que  $N > 0$  representa la población de individuos y es constante en todo tiempo  $t > 0$ . Los parámetros  $\beta$ ,  $1/\gamma$  y  $\mu$  representan el coeficiente de transmisión de la enfermedad, el tiempo medio que permanece infectado un individuo y la tasa tanto de mortalidad como de natalidad, respectivamente. También hay que recordar que para que el modelo tenga sentido  $\beta > 0$ ,  $\gamma > 0$  y  $\mu > 0$  y  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ .

Para el estudio que realizaremos a lo largo de la sección usaremos como espacio de fases el octante positivo de  $\mathbb{R}^3$  y lo denotaremos como

$$\mathcal{X} := \{(x, y, z) \in \mathbb{R}^3 | x, y, z \geq 0\}.$$

**2.1.1. Existencia de solución y unicidad de solución global positiva**

El objetivo de esta sección es demostrar que existe una única solución global positiva para el sistema (2.1)-(2.3) que representa al modelo SIR clásico con dinámica vital. Para garantizar todo lo anterior usaremos el siguiente teorema.

**Teorema 2.1.1.** *Para cada dato inicial  $x_0 = (S_0, I_0, R_0) \in \mathcal{X}$ , el sistema tiene una única solución global positiva que viene dada por*

$$x(\cdot; 0, x_0) = (S(\cdot, 0, x_0), I(\cdot, 0, x_0), R(\cdot, 0, x_0)) \in \mathcal{C}^1([0, +\infty), \mathcal{X}),$$

con  $x_0 = x(0; 0, x_0)$ ,  $I_0 = x(0; 0, I_0)$ ,  $R_0 = x(0; 0, R_0)$  y  $R_0 = x(0; 0, R_0)$ . Además, la solución genera un semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$  definido como

$$\begin{aligned} T(t) : \mathcal{X} &\rightarrow \mathcal{X}, \\ x(x_0) &\mapsto T(t)x_0, \end{aligned}$$

con  $T(t)x_0 = x(t; 0, x_0)$ , es decir, el valor de la solución  $x$  en el tiempo  $t$  que en el tiempo  $t_0 = 0$  tenía un valor  $x_0$ .

*Demostración.* Empezaremos reescribiendo el sistema (2.1)-(2.3) como

$$\begin{aligned} g_1(S, I, R) &:= \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S, \\ g_2(S, I, R) &:= \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I, \\ g_3(S, I, R) &:= \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{aligned}$$

Veamos ahora que  $g = (g_1, g_2, g_3)$  es continuamente diferenciable en  $\mathcal{X}$ . Para ello hallaremos la derivadas parciales de  $g_1, g_2$  y  $g_3$  respecto de  $S, I$  y  $R$ , en las que obtenemos lo siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{\partial g_1}{\partial S} &= -\mu - \beta \frac{I}{N}, & \frac{\partial g_2}{\partial S} &= \beta \frac{I}{N}, & \frac{\partial g_3}{\partial S} &= 0, \\ \frac{\partial g_1}{\partial I} &= -\beta \frac{S}{N}, & \frac{\partial g_2}{\partial I} &= \beta \frac{S}{N} - \mu - \gamma, & \frac{\partial g_3}{\partial I} &= \gamma, \\ \frac{\partial g_1}{\partial R} &= 0, & \frac{\partial g_2}{\partial R} &= 0, & \frac{\partial g_3}{\partial R} &= -\mu. \end{aligned}$$

Podemos observar que las derivadas parciales de primer orden de  $g$  existen y son continuas en  $\mathcal{X}$ , por tanto, por el Teorema A.1.4, existe una solución maximal única del sistema (2.1) - (2.3) definida en un intervalo maximal  $I_{max}$ .

A continuación, demostraremos que toda solución del sistema (2.1)-(2.3) es positiva para todo  $t > 0$ . Observemos que como la solución es continua, si un valor de la solución es negativo antes tendrá que haber pasado por el cero. Entonces, vamos estudiar qué ocurre cuando cada una las soluciones  $S(t) = 0, I(t) = 0$  y  $R(t) = 0$ .

- Si  $S = 0$  e  $I, R \geq 0$ , tenemos de (2.1) que

$$\left. \frac{dS}{dt} \right|_{S=0} = \mu N \geq 0,$$

## 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

ya que  $\mu, I, R \geq 0$ . Por tanto, como es mayor o igual que cero, tenemos que  $S \geq 0$ .

- Si  $I = 0$  y  $S, R \geq 0$ , tenemos de (2.2) que

$$\left. \frac{dI}{dt} \right|_{I=0} = 0,$$

por tanto  $I \geq 0$ .

- Si  $R = 0$  y  $S, I \geq 0$ , tenemos que (2.2)

$$\left. \frac{dR}{dt} \right|_{R=0} = \gamma I \geq 0,$$

por ser  $I, \gamma \geq 0$ . Por tanto,  $R \geq 0$ .

Podemos observar que como  $S, I, R \geq 0$  tenemos que toda solución del sistema (2.1)-(2.3) que parte de  $\mathcal{X}$  permanecerá en  $\mathcal{X}$ .

Finalmente, probaremos que la solución del sistema (2.1)-(2.3) es global y no solo local. Podemos observar que como la población  $N$  es constante tenemos

$$S(t; 0, S_0), I(t; 0, I_0), R(t; 0, R_0) \leq N, \quad \forall t \geq 0 \text{ y } \forall (S_0, I_0, R_0) \in \mathcal{X}.$$

Con esto deducimos que las soluciones del sistema (2.1)-(2.3) están acotadas  $\forall t \geq 0$ . Por tanto, aplicando el Teorema A.1.5 tenemos que no explotan en tiempo finito y, como consecuencia, la solución es global.

Queda demostrado entonces que existe una solución única global positiva para el sistema (2.1)-(2.3). ■

### 2.1.2. Estabilidad local. Puntos de equilibrio

En esta sección el objetivo será estudiar los puntos de equilibrio del sistema (2.1)-(2.3) para analizar su estabilidad.

Observemos que como la población  $N$  es constante, tenemos que  $N = S + I + R$ , lo que implica que  $R = N - S - I$ . Esto significa que podemos reducir el sistema a dos ecuaciones quedando el sistema de la siguiente manera

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{IS}{N} - \mu S, \tag{2.4}$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I. \tag{2.5}$$

Este será el sistema con el que trabajaremos a lo largo de la sección para hallar los puntos de equilibrio y analizar la estabilidad del sistema.

## Capítulo 2. Modelo SIR con dinámica vital

---

Para obtener los puntos de equilibrio del sistema (2.4)-(2.5) tenemos que resolver el siguiente sistema no lineal

$$\begin{aligned}\mu N - \beta \frac{IS}{N} - \mu S &= 0, \\ \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I &= 0.\end{aligned}$$

Resolviendo el sistema obtenemos dos puntos de equilibrio que son

$$E^0 := (N, 0),$$

que denominaremos punto de equilibrio **libre de infección**, y

$$E^* := \left( \frac{N(\mu + \gamma)}{\beta}, \mu N \left( \frac{1}{\mu + \gamma} - \frac{1}{\beta} \right) \right),$$

que denominaremos punto de equilibrio **endémico**.

Recordemos que debe cumplirse que  $\mu + \gamma \leq \beta$  para que el punto de equilibrio endémico tenga sentido biológico. Por tanto podemos distinguir tres casos.

- **Caso 1 :**  $\mu + \gamma > \beta$  : en este caso solo tenemos un punto de equilibrio que es el de libre de infección

$$E^0 = (N, 0),$$

ya que en este caso el punto de equilibrio endémico carece de sentido biológico.

- **Caso 2 :**  $\mu + \gamma = \beta$  : en este caso tenemos también un único punto de equilibrio, que vuelve a ser el libre de infección

$$E^0 = (N, 0),$$

ya que  $E^* = E^0$  cuando  $(\mu + \gamma) = \beta$

- **Caso 3 :**  $\mu + \gamma < \beta$  : en este caso tenemos dos puntos que son el libre de infección y el endémico

$$E^0 = (N, 0) \quad \text{y} \quad E^* = \left( \frac{N(\mu + \gamma)}{\beta}, \mu N \left( \frac{1}{\mu + \gamma} - \frac{1}{\beta} \right) \right).$$

A continuación, estudiaremos la estabilidad de los puntos de equilibrio. Observemos que en este caso no es posible aplicar el Teorema A.2.2 (Teorema de Estabilidad en Primera Aproximación). Entonces linealizaremos el sistema tal y como explicamos en el la Sección A.2 del Anexo A, obteniendo la matriz jacobiana del sistema (2.4)-(2.5). Esta matriz es

$$J(S, I) = \begin{pmatrix} -\frac{\beta I}{N} - \mu & -\frac{\beta S}{N} \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - \mu - \gamma \end{pmatrix}.$$

Volveremos a distinguir tres caso para estudiar la estabilidad.

## 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

- **Caso 1 :**  $\mu + \gamma > \beta$  : en este caso solo tenemos un punto de equilibrio, ya que el punto de equilibrio endémico carece de sentido biológico. Evaluando la matriz jacobiana  $J$  en el único punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , obtenemos

$$J(N, 0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta - \mu - \gamma \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de  $J(N, 0)$  son  $\lambda_1 = -\mu$  y  $\lambda_2 = \beta - (\mu + \gamma)$ . Tenemos entonces que ambos autovalores tienen parte real negativa y, por el Teorema A.2.3, podemos deducir que  $E^0$  es un punto de equilibrio localmente exponencialmente asintóticamente estable (LEAE).

- **Caso 2 :**  $\mu + \gamma = \beta$  : recordemos que en este caso tenemos solo un punto de equilibrio, ya que el punto de equilibrio endémico  $E^* = E^0$  en este caso. Evaluando la matriz jacobiana,  $J$ , en el único punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , obtenemos

$$J(N, 0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de  $J(N, 0)$  son  $\lambda_1 = -\mu$  y  $\lambda_2 = 0$ . Tenemos que el autovalor  $\lambda_1$  tiene parte real negativa pero la parte real del autovalor  $\lambda_2$  es cero y por tanto no tenemos información para concluir sobre la estabilidad del punto de equilibrio usando el Teorema A.2.3.

- **Caso 3 :**  $\mu + \gamma < \beta$  : en este caso tenemos dos puntos de equilibrio. Evaluando la matriz en el primer punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , obtenemos

$$J(N, 0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta - \mu - \gamma \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de  $J(N, 0)$  son  $\lambda_1 = -\mu$  y  $\lambda_2 = \beta - (\mu + \gamma)$ . Tenemos que el autovalor  $\lambda_1$  tiene parte real negativa pero en el autovalor  $\lambda_2$  la parte real es positiva ya que  $\mu + \gamma < \beta$  y, por el Teorema A.2.3, podemos deducir que  $E^0$  es localmente inestable.

Evaluando la matriz en el otro punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio endémico  $E^*$ , obtenemos

$$J\left(\frac{N(\mu + \gamma)}{\beta}, \mu N \left(\frac{1}{(\mu + \gamma)} - \frac{1}{\beta}\right)\right) = \begin{pmatrix} -\beta\mu \left(\frac{1}{\mu + \gamma} - \frac{1}{\beta}\right) - \mu & -(\mu + \gamma) \\ -\beta\mu \left(\frac{1}{\mu + \gamma} - \frac{1}{\beta}\right) & 0 \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de la matriz anterior son

$$\lambda_{1,2} = \frac{-\left(\beta\mu \left(\frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta}\right) + \mu\right) \pm \sqrt{\left(\beta\mu \left(\frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta}\right) + \mu\right)^2 - 4\beta\mu(\gamma + \mu) \left(\frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta}\right)}}{2}.$$

Vamos a proceder a analizar el signo de la parte real de los autovalores. Para ello empezaremos analizando

$$\beta\mu \left(\frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta}\right) + \mu$$

## Capítulo 2. Modelo SIR con dinámica vital

---

Observemos que como  $(\mu + \gamma) < \beta$  y  $\mu, \gamma, \beta > 0$  tenemos que

$$\beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu > 0$$

y, por lo tanto,

$$- \left( \beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu \right) < 0.$$

Ahora veamos qué ocurre dentro de la raíz. Tenemos que diferenciar tres casos:

1. El valor del interior de la raíz es negativo. En este caso obtendríamos autovalores complejos. Como la parte real es la que hemos analizado previamente, tenemos dos autovalores con parte real negativa.
2. El valor del interior de la raíz es 0. En este caso obtendríamos el autovalor doble

$$\frac{- \left( \beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu \right)}{2},$$

que es negativo por el análisis hecho en la primera parte.

3. El valor del interior de la raíz es positivo. En este caso hay dos autovalores. El primero lo determinaremos con el  $-$  del  $\pm$  obteniendo una resta de dos valores negativos que es otro valor negativo. Por tanto el primer autovalor tendría parte real negativa. Para el segundo autovalor usaremos el  $+$  del  $\pm$ . Tenemos entonces

$$\beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu = \sqrt{\left( \beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu \right)^2}$$

y además que

$$\sqrt{\left( \beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu \right)^2} > \sqrt{\left( \beta\mu \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right) + \mu \right)^2 - 4\beta\mu(\gamma + \mu) \left( \frac{1}{\gamma + \mu} - \frac{1}{\beta} \right)}$$

Así, tenemos que el segundo autovalor también sería negativo.

Tenemos entonces que ambos autovalores tienen parte real negativa y, por el Teorema A.2.3, podemos deducir que  $E^*$  es un punto de equilibrio localmente exponencialmente asintóticamente estable (LEAE).

Para ver todos estos casos de una forma más resumida los mostraremos en la Tabla 2.1.

## 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

|       | $\gamma + \mu > \beta$      | $\gamma + \mu = \beta$ | $\gamma + \mu < \beta$ |
|-------|-----------------------------|------------------------|------------------------|
| $E^0$ | LEAE                        | Sin información        | Localmente inestable   |
| $E^*$ | Carece de sentido biológico | No existe              | LEAE                   |

Tabla 2.1: Estabilidad local de los puntos de equilibrio

### 2.1.3. Existencia y estructura interna del atractor global

La información obtenida acerca de los puntos de equilibrio y la estabilidad solo nos aporta información local del comportamiento de las soluciones. El objetivo de esta sección es estudiar la existencia de un atractor global para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5) y, posteriormente, analizar su estructura interna para obtener información sobre el comportamiento asintótico de cada una de las variables del modelo que estamos estudiando.

Para el resto de la sección estableceremos el cuadrante positivo de  $\mathbb{R}^2$  como  $\mathcal{Y} = \{(x, y) \in \mathbb{R}^2 : x, y \geq 0\}$  y asumiremos que los datos iniciales están tomados en un conjunto arbitrario del espacio de fases  $\mathcal{Y}$ .

Como hemos mencionado al inicio de la sección el primer objetivo es estudiar la existencia de un atractor global para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5). Esta existencia la podemos garantizar gracias al siguiente teorema.

**Teorema 2.1.2.** *Para cada  $\varepsilon > 0$ , el conjunto*

$$K_\varepsilon := \{(S, I) \in \mathcal{Y} : S + I \leq N + \varepsilon\}$$

*es un compacto absorbente para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5).*

*Demostración.* Sea  $y = S + I$ . Podemos deducir del sistema (2.4)-(2.5) que

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = \mu N - \mu(S + I) - \gamma I, \quad (2.6)$$

de lo que se obtiene

$$\frac{dy}{dt} \leq \mu N - \mu y. \quad (2.7)$$

Observemos que si utilizamos el factor integrante  $e^{\mu t}$  e integramos entre 0 y  $t$  obtenemos que

$$y(t; 0, y_0) \leq y_0 e^{-\mu t} + N(1 - e^{-\mu t})$$

para todo  $t \geq 0$  y todo dato inicial  $y_0 = S_0 + I_0 > 0$ . Por lo tanto, para todo  $\varepsilon$  existe  $T(\varepsilon)$  tal que

$$y(t; 0, y_0) \leq N + \varepsilon$$

para todo  $t \geq T(\varepsilon)$  y todo dato inicial  $y_0 = S_0 + I_0 > 0$ . Como  $y = S + I$ , podemos concluir que el conjunto  $K_\varepsilon := \{(S, I) \in \mathcal{Y} : S + I \leq N + \varepsilon\}$  es un conjunto compacto absorbente para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5). Queda demostrado entonces que existe un único atractor global para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5). ■

## Capítulo 2. Modelo SIR con dinámica vital

Una vez que ya hemos estudiado la existencia de un único atractor global para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5), analizaremos su estructura interna para obtener de información de cómo se comportan las soluciones del sistema (2.4)-(2.5), para poder concluir con qué condiciones la epidemia se erradica o se vuelve endémica. Para ello demostraremos el siguiente teorema.

**Teorema 2.1.3.** *Sea  $A$  el atractor global para las soluciones del sistema (2.4)-(2.5).*

1. *Si  $\mu + \gamma > \beta$ , el atractor global  $A$  está formado por el punto de equilibrio  $E^0$ , es decir,  $A = \{E^0\}$ .*
2. *Si  $\mu + \gamma = \beta$ , el atractor global  $A$  está formado por el punto de equilibrio  $E^0$ , es decir,  $A = \{E^0\}$ .*
3. *Si  $\mu + \gamma < \beta$ , el atractor global  $A$  está formado por el punto de equilibrio  $E^0$ , el punto de equilibrio endémico  $E^*$  y las conexiones heteroclinas que los unen.*

*Demostración.* Para poder analizar el atractor global tenemos que distinguir de nuevo tres casos como lo hemos hecho anteriormente.

- **Caso 1 :**  $\mu + \gamma > \beta$ . De la ecuación (2.5) tenemos que:

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \mu I - \gamma I.$$

Como  $S \leq N$ , por ser  $N = S + I + R$ , tenemos la siguiente desigualdad diferencial

$$\frac{dI}{dt} \leq (\beta - (\mu + \gamma))I. \quad (2.8)$$

A continuación, multiplicamos (2.8) por el factor integrante  $e^{-(\beta - (\mu + \gamma))t}$ , e integramos entre 0 y  $t$ , obteniendo

$$I(t; 0, I_0) \leq I_0 e^{(\beta - (\mu + \gamma))t}. \quad (2.9)$$

Observemos que como  $\mu + \gamma > \beta$ , si tomamos el límite cuando  $t \rightarrow \infty$  obtenemos

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t; 0, I_0) = 0,$$

que por definición significa que, fijado  $I_0 > 0$ , tenemos que  $\forall \varepsilon > 0$ , existe  $T(\varepsilon) > 0$  tal que

$$I(t; 0, I_0) \leq \varepsilon, \quad \forall I_0 > 0 \text{ y } \forall t \geq T(\varepsilon). \quad (2.10)$$

Si aplicamos (2.10) a (2.3) obtenemos que

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \leq \gamma \varepsilon - \mu R, \quad \forall t \geq T(\varepsilon) \text{ y } \forall \varepsilon > 0. \quad (2.11)$$

Observemos que (2.11) es una desigualdad diferencial ordinaria de primer orden. Por tanto, resolviendo dicha desigualdad obtenemos que, fijado  $R_0 \geq 0$ , se tiene que

$$R(t; 0, R_0) \leq R_0 e^{\mu t} + \frac{\gamma \varepsilon}{\mu} - \frac{\gamma \varepsilon}{\mu} e^{-\mu t}, \quad \forall t \geq T(\varepsilon). \quad (2.12)$$

## 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

Como  $R_0 = 0$ , podemos concluir de (2.12) que

$$R(t; 0, R_0) \leq \frac{\gamma \varepsilon}{\mu} \quad \forall t \geq T(\varepsilon), \quad (2.13)$$

de lo que deducimos que

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} R(t; 0, R_0) = 0.$$

Finalmente, como  $I(t; 0, I_0) \rightarrow 0$  y  $R(t; 0, R_0) \rightarrow 0$  cuando  $t \rightarrow \infty$  y  $N = S + I + R$  tenemos que cuando  $t \rightarrow \infty$ ,  $S(t; 0, S_0) \rightarrow N$ , es decir, el número de individuos susceptibles tiende al número total de la población. Esto significa que en este caso  $\mathcal{A} = \{E^0\}$ .

- **Caso 2** :  $\mu + \gamma = \beta$ . Si estudiamos este caso de la misma manera que el anterior concluimos que

$$I(t; t, 0) \leq I_0, \quad \forall t \geq 0.$$

Es decir, tenemos que el número de infectados a lo largo del tiempo nunca superará el inicial. Este resultado no nos aporta información del comportamiento de la solución a largo plazo, por ello en este caso usaremos el método de las isoclinas. En este caso diferenciaremos dos tipos de isoclinas, las  $S$ -isoclinas y las  $I$ -isoclinas. La  $S$ -isoclina viene dada por la ecuación

$$\mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S = 0,$$

donde despejando la  $I$  obtenemos la hipérbola

$$I = \frac{\mu N^2}{\beta} \frac{1}{S} - \frac{\mu N}{\beta}, \quad (2.14)$$

A su vez las  $I$ -isoclinas vienen dadas por la ecuación

$$\beta \frac{SI}{N} - (\mu + \gamma)I = 0$$

de donde podemos ver que las isoclinas resultantes son las rectas

$$I = 0, \quad (2.15)$$

$$S = \frac{N(\mu + \gamma)}{\beta} = N. \quad (2.16)$$

En la Figura 2.1 podemos ver representadas las isoclinas (2.14)-(2.16) en el plano de fases  $(S, I)$ , el punto de equilibrio libre de infección y diferentes regiones en las que estudiaremos el comportamiento de las soluciones. Las flechas de cada región indican la dirección del campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5).

Como podemos observar, tenemos dos regiones limitadas por las isoclinas y la recta  $S + I = N$ , ya que las soluciones deben cumplir que  $S + I + R = N$ , y por tanto solo consideraremos soluciones dentro de la región  $S + I \leq N$ . Para estudiar cómo se comportan las soluciones del sistema (2.4)-(2.5) vamos a estudiar qué ocurre en cada región.

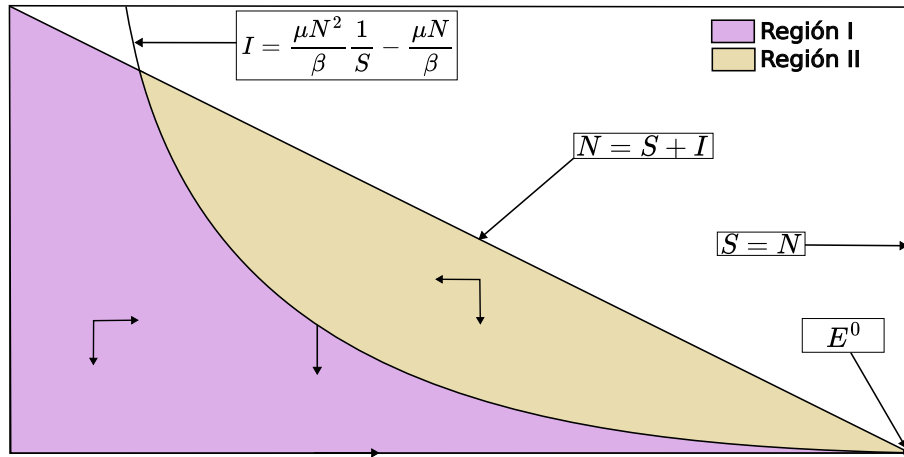


Figura 2.1: Isoclinas caso  $(\mu + \gamma) = \beta$

- **Región I.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región I. Observemos que en este caso la  $I$  decrece mientras que la  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) en esta región va hacia abajo y hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región I acabará convergiendo al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , ya que no pueden tocar a la isoclina  $I = 0$  por ser solución.
- **Región II.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región II. Observemos que en este caso tanto la  $I$  como la  $S$  decrecen, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) en esta región va hacia abajo y hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región II acabará tocando a la isoclina (2.14) y acabará entrando en el interior de la región I.
- **Isoclina  $I = \frac{\mu N^2}{\beta S} - \frac{\mu N}{\beta}$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $S$  permanece constante por ser una  $S$ -isoclina e  $I$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina (2.14) va hacia abajo. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (2.14) acabará entrando en el interior de la región I.
- **Isoclina  $I = 0$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $I$  permanece constante por ser una  $I$ -isoclina y  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina (2.14) va hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (2.15) acabará convergiendo al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ .
- **Isoclina  $S = N$ .** En este caso solo un punto pertenece a la región que

## 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

estamos estudiando. Este punto coincide con el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ .

Queda demostrado entonces que para cualquier dato inicial toda solución converge al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , es decir,  $\mathcal{A} = \{E^0\}$ .

- **Caso 3** :  $\mu + \gamma < \beta$ . En este caso volveremos a estudiar el comportamiento de las soluciones con el método de las isoclinas. Para este caso volvemos a obtener las mismas isoclinas que en el caso anterior excepto la isoclina (2.16) que como  $\mu + \gamma < \beta$ , obtenemos que la  $I$ -isoclina (2.16) pasa a ser la recta

$$S = \frac{N(\mu + \gamma)}{\beta} \quad (2.17)$$

En la Figura 2.2 podemos ver representadas las isoclinas (2.14)-(2.16) en el plano de fases  $(S, I)$ , el punto de equilibrio libre de infección, el punto de equilibrio endémico y las diferentes regiones. Las flechas de cada región indican la dirección del campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5). Como po-

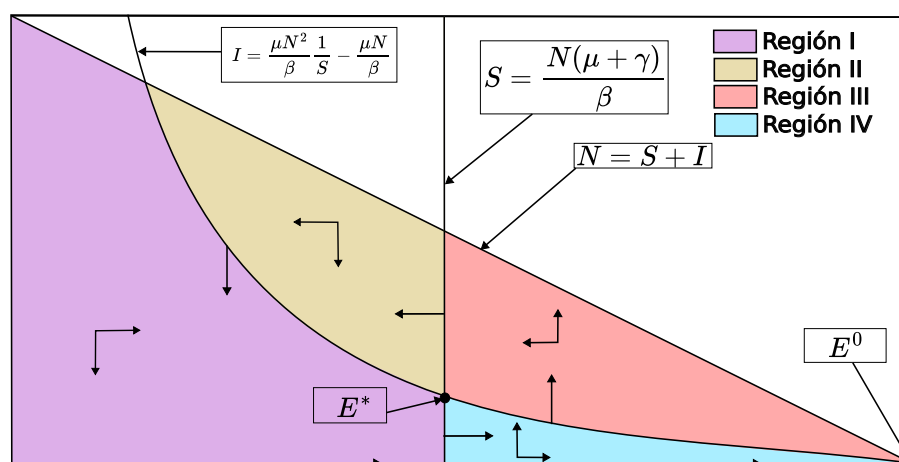


Figura 2.2: Isoclinas caso  $(\mu + \gamma) < \beta$

demos observar, tenemos cuatro regiones limitadas por las isoclinas y la recta  $S + I = N$ , ya que las soluciones deben cumplir que  $S + I + R = N$ , por tanto solo consideraremos soluciones dentro de la región  $S + I \leq N$ . Para estudiar cómo se comportan las soluciones del sistema (2.4)-(2.5) vamos a estudiar qué ocurre en cada región.

- **Región I.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región I. Observemos que en este caso la  $I$  decrece mientras que la  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) en esta región va hacia abajo y hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región I acabará tocando la isoclina (2.17) y entrado en la región IV o convergerá al punto de equilibrio endémico  $E^*$ .
- **Región II.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región II. Observemos que en este caso

tanto la  $I$  como la  $S$  decrecen, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) en esta región va hacia abajo y hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región II acabará tocando a la isoclina (2.14) y acabará entrando en el interior de la región I.

- **Región III.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región III. Observemos que en este caso la  $I$  crece y la  $S$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) en esta región va hacia arriba y hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región III acabará tocando a la isoclina (2.17) y acabará entrando en el interior de la región II o convergerá al punto de equilibrio endémico  $E^*$ .
- **Región IV.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región IV. Observemos que en este caso tanto la  $I$  como la  $S$  crecen, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) en esta región va hacia arriba y hacia la derecha. Podemos deducir entonces, que cualquier solución que comience en la región IV acabará tocando a la isoclina (2.14) y acabará entrando en el interior de la región III. Además en este caso el punto de equilibrio  $E^0$  es localmente inestable lo que significa que cuando una solución este cerca acabará repelida.
- **Isoclina  $I = \frac{\mu N^2}{\beta} \frac{1}{S} - \frac{\mu N}{\beta}$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $S$  permanece constante por ser una  $S$ -isoclina. En el caso de  $I$  tendremos que dividir dos casos que dependen de donde empiece la solución. Esta división de casos está determinada por el punto de equilibrio endémico.
  - **Caso 1:**  $S > \frac{N(\mu+\gamma)}{\beta}$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $I$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia arriba. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (2.15) acabará entrando en la región III.
  - **Caso 2:**  $S < \frac{N(\mu+\gamma)}{\beta}$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $I$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia abajo. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (2.15) acabará entrando en la región I.
- **Isoclina  $I = 0$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $I$  permanece constante por ser una  $I$ -isoclina y  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina (2.14) va hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución

## 2.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital

que comience sobre la isoclina (2.15) acabará convergiendo al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ .

- **Isoclina**  $S = \frac{N(\mu+\gamma)}{\beta}$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $I$  permanece constante por ser una  $I$ -isoclina. En el caso de  $S$  tendremos que dividir dos casos que dependen de donde empiece la solución. Esta división de casos está determinada por el punto de equilibrio endémico.
  - **Caso 1:**  $I > \mu N \left( \frac{1}{(\mu+\gamma)} - \frac{1}{\beta} \right)$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $S$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (2.15) acabará entrando en la región II.
  - **Caso 2:**  $I < \mu N \left( \frac{1}{(\mu+\gamma)} - \frac{1}{\beta} \right)$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (2.4)-(2.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (2.15) acabará entrando en la región IV.

Para finalizar analizaremos un poco más la estructura interna del atractor global de este caso. En primer lugar, como los puntos de equilibrio  $E^0$  y  $E^*$  son soluciones globales acotadas, por el Teorema B.3.1, tenemos que  $\{E^0\} \subset \mathcal{A}$  y que  $\{E^*\} \subset \mathcal{A}$ . También podemos deducir que, como el espacio de fase  $\mathcal{Y}$  es conexo, el atractor global  $\mathcal{A}$  también lo será. Además, tenemos que como los puntos de equilibrio son conjuntos compactos invariantes, aplicando el Teorema B.3.2 tenemos que las variedades inestables también pertenecen al atractor global  $\mathcal{A}$ .

Finalmente, demostraremos, con ayuda de los Teoremas B.3.3 y B.3.4, que toda solución del sistema (2.4)-(2.5) converge a un punto de equilibrio.

Sea  $\mathcal{Y} \subseteq \mathbb{R}^2$  abierto y simplemente conexo. Consideremos el sistema (2.4)-(2.5) como

$$\begin{aligned} f(S; I) &:= \frac{dS}{dt} = \mu - \beta \frac{IS}{N} - \mu S, \\ g(S, I) &:= \frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I, \end{aligned}$$

con  $f, g$  continuamente diferenciables en  $\mathcal{Y}$ . Sea  $D : \mathcal{Y} \rightarrow \mathbb{R}$  una función definida por

$$D(S, I) = \frac{1}{I}.$$

Tenemos que  $D$  es continuamente diferenciable en  $\mathcal{Y}$ . De esto se deduce que

$$\frac{\partial(Df)}{\partial S} + \frac{\partial(Dg)}{\partial I} = -\frac{\beta}{N} - \frac{\mu}{I} < 0, \quad \forall (S, I) \in \mathcal{Y}.$$

Aplicando el Teorema B.3.4, tenemos que el interior de  $\mathcal{Y}$  no contiene órbitas periódicas ni gráficas. Como consecuencia aplicando el Teorema B.3.3, tenemos que toda solución, que comienza en  $\mathcal{Y}$  converge al punto de equilibrio endémico  $E^*$ . Queda demostrado entonces, que el atractor global  $\mathcal{A}$  está formado por los dos puntos de equilibrio  $E^0$  y  $E^*$  y las órbitas heteroclinas que los unen. ■

## 2.2. Simulaciones numéricas

En esta sección expondremos distintas simulaciones numéricas para ilustrar los resultados que hemos obtenido a lo largo de este capítulo. Puesto que los resultados que hemos obtenido dependen de tres casos, separaremos sus simulaciones en tres secciones distintas.

Para cada simulación obtendremos dos gráficas. La primera nos representará la evolución temporal de la epidemia a lo largo del tiempo de cada uno de los tres grupos, susceptibles ( $S$ ), infectados ( $I$ ) y recuperados ( $R$ ), variables del sistema (2.1)-(2.3). La segunda mostrará el plano de fases de la solución del sistema (2.4)-(2.5) con la representación de su campo vectorial. Para todos los casos vamos considerar una población constante de 300 individuos ( $N = 300$ ). El resto de parámetros se establecerán específicamente en cada caso.

Para realizar la simulación numérica usaremos el método de Euler que es un método de primer orden para integrar numéricamente ecuaciones diferenciales ordinarias.

### 2.2.1. Caso 1: $\mu + \gamma > \beta$

En este caso la condición es  $\mu + \gamma > \beta$ . Vamos a utilizar  $S_0 = 78$ ,  $I_0 = 222$  y  $R_0 = 0$ , siendo los individuos susceptibles, infectados y recuperados iniciales, respectivamente. Los parámetros que usaremos serán  $\beta = 0,63$ ,  $\mu = 0,46$  y  $\gamma = 0,4$  que verifican la condición  $\mu + \gamma > \beta$ . A continuación, mostraremos dos figuras. La Figura 2.3 muestra que la infección desaparece a lo largo del tiempo. A su vez, la Figura 2.4 nos muestra cómo la solución del sistema (2.4)-(2.5) tiende al punto de equilibrio libre de infección  $E^0 = (300, 0)$ , tal y como demostramos en el Teorema 2.1.3.

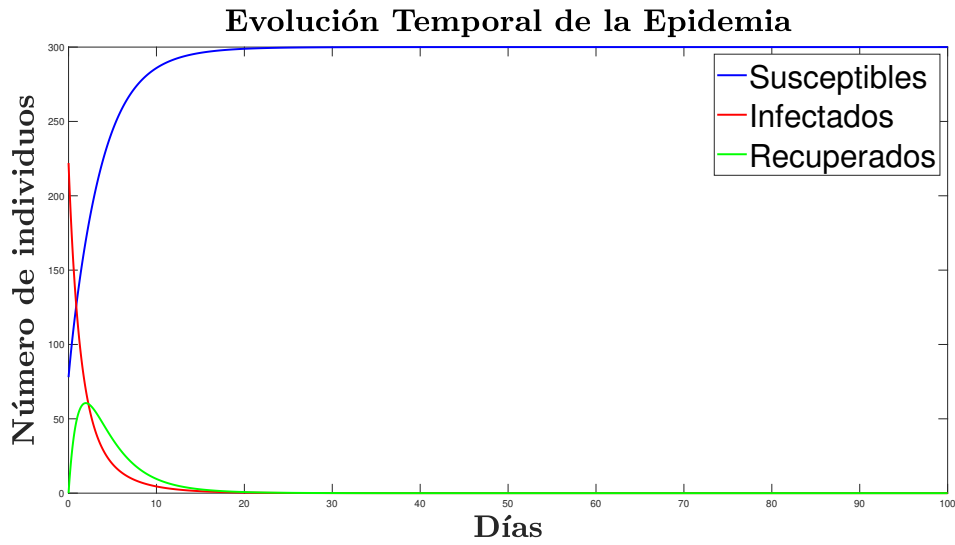


Figura 2.3: Evolución epidemia caso  $\mu + \gamma > \beta$

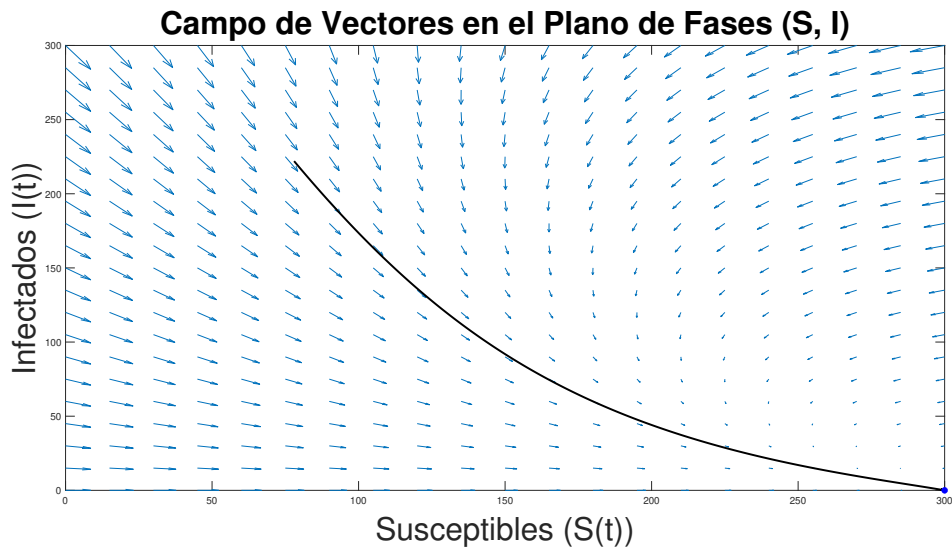


Figura 2.4: Plano de fases  $\mu + \gamma > \beta$

**2.2.2. Caso 2:  $\mu + \gamma = \beta$**

En este caso la condición es  $\mu + \gamma = \beta$ . Vamos a utilizar  $S_0 = 42$ ,  $I_0 = 258$  y  $R_0 = 0$ , siendo los individuos susceptibles, infectados y recuperados iniciales, respectivamente. Los parámetros que usaremos serán  $\beta = 0,77$ ,  $\mu = 0,47$  y  $\gamma = 0,3$  que verifican que es  $\mu + \gamma = \beta$ . A continuación, mostraremos dos figuras. La Figura 2.5 muestra que la infección desaparece a lo largo del tiempo. A su vez, la Figura 2.6 nos muestra cómo la solución del sistema (2.4)-(2.5) tiende al punto de equilibrio libre de infección  $E^0 = (300, 0)$ , tal y como demostramos en el Teorema 2.1.3.

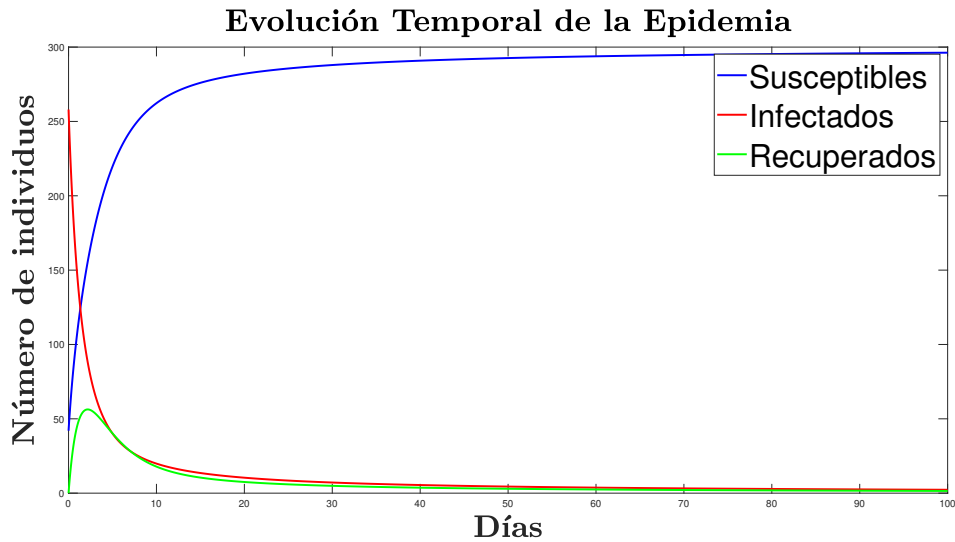


Figura 2.5: Evolución epidemia caso  $\mu + \gamma = \beta$ .

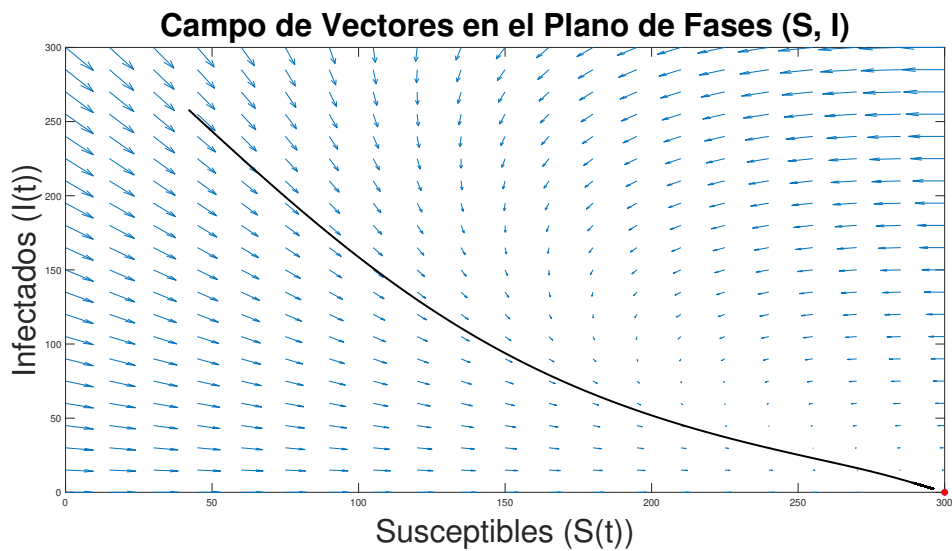


Figura 2.6: Plano de fases  $\mu + \gamma = \beta$

### 2.2.3. Caso 3: $\mu + \gamma > \beta$

En este caso la condición es  $\mu + \gamma < \beta$ . Vamos a utilizar  $S_0 = 130$ ,  $I_0 = 870$  y  $R_0 = 0$ , siendo los individuos susceptibles, infectados y recuperados iniciales, respectivamente. Los parámetros que usaremos serán  $\beta = 0,81$ ,  $\mu = 0,14$  y  $\gamma = 0,27$  que verifican la condición  $\mu + \gamma < \beta$ . A continuación, mostraremos dos figuras. La Figura 2.7 muestra que la infección no desaparece a lo largo del tiempo. A su vez, la Figura 2.8 nos muestra cómo la solución del sistema (2.4)-(2.5) tiende al punto de equilibrio endémico  $E^*$ , tal y como demostramos en el Teorema 2.1.3. En este caso con  $E^* \approx (151,9, 50,6)$  y  $E^0 = (300, 0)$ .

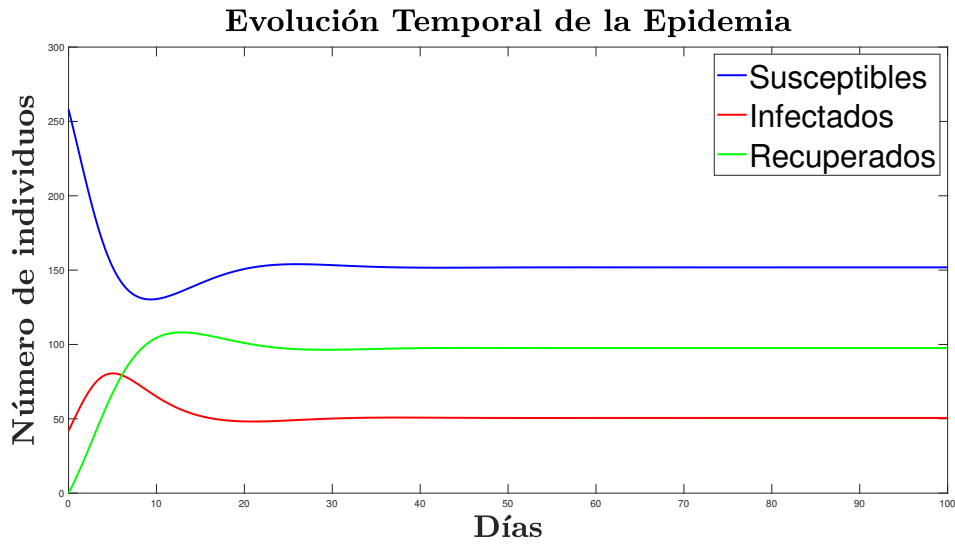


Figura 2.7: Evolución epidemia caso  $\mu + \gamma < \beta$

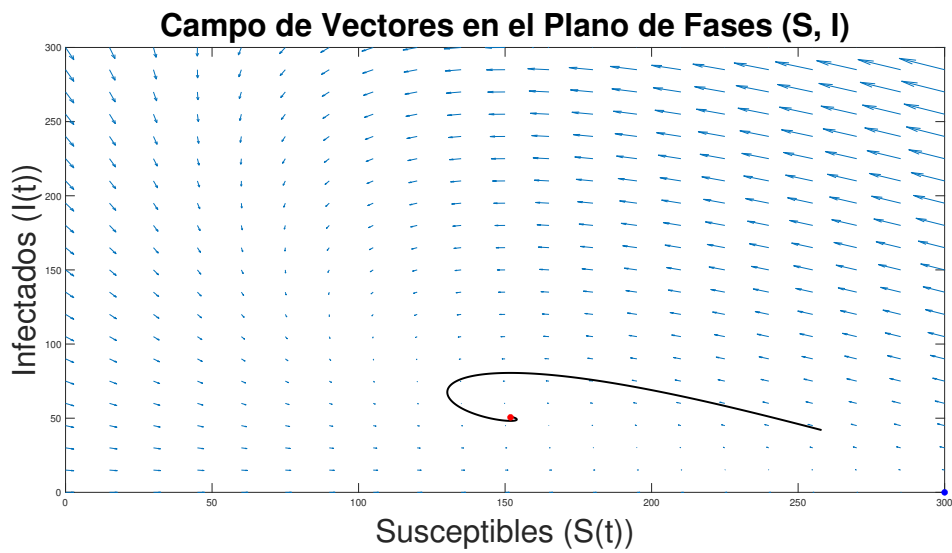


Figura 2.8: Plano de fases  $\mu + \gamma < \beta$

Todos los resultados que hemos obtenido a lo largo del capítulo los analizaremos en el Capítulo 4, sobre resultados y conclusiones.



## Capítulo 3

# Modelo SIR con dinámica vital y reinfección

En el capítulo anterior hemos estudiado el modelo SIR clásico con dinámica vital, pero no considerábamos la reinfección de los individuos. Es decir, una vez los individuos se recuperaban obtenían inmunidad completa al superar la enfermedad. Sin embargo, como hemos mencionado en la introducción se ha evidenciado que la inmunidad a largo plazo no necesariamente tiene que producirse y el individuo puede volver a ser susceptible, por ello en este capítulo el objetivo será estudiar, de forma similar al anterior capítulo, el modelo que viene dado por el sistema de ecuaciones diferenciales ordinarias (1.7)-(1.9), para obtener resultados acerca de cómo se comportan las soluciones añadiendo el parámetro de reinfección y, con ello, poder deducir resultados que ayuden a obtener conclusiones del modelo.

La primera parte del capítulo consistirá en aplicar conceptos y resultados teóricos sobre ecuaciones diferenciales ordinarias, teoría de estabilidad, sistemas dinámicos autónomos y atractores globales, expuestos en el Anexo A y en el Anexo B, tal y como hicimos en el capítulo anterior. Al final del capítulo, también, se realizarán simulaciones numéricas de este modelo para analizar los resultados teóricos obtenidos en el estudio del modelo.

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

En esta sección empezaremos estudiando el modelo de forma teórica usando los conceptos antes mencionados sobre el modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección de individuos dado por el sistema (1.7)-(1.9), que está formado por el

### Capítulo 3. Modelo SIR con dinámica vital y reinfección

siguientes sistemas ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S + \alpha I, \quad (3.1)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I - \alpha I, \quad (3.2)$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \quad (3.3)$$

donde  $S = S(t)$ ,  $I = I(t)$  y  $R = R(t)$  indican el número de individuos susceptibles, infectados y recuperados, respectivamente, en cada instante de tiempo  $t$ . Además, recordemos que  $N > 0$  representa la población de individuos y es constante en todo tiempo  $t > 0$ . Los parámetros  $\beta$ ,  $1/\gamma$ ,  $\mu$  y  $\alpha$  representan el coeficiente de transmisión de la enfermedad, el tiempo medio que permanece infectado un individuo, la tasa tanto de mortalidad como de mortalidad y la tasa de reinfección, respectivamente. También hay que recordar que para que el modelo tenga sentido  $\beta > 0$ ,  $\gamma > 0$  y  $\mu > 0$  y  $S(t) + I(t) + R(t) = N$ .

Para el resto del estudio realizado a lo largo de la sección usaremos como espacio de fases el octante positivo de  $\mathbb{R}^3$  y lo denotaremos como

$$\mathcal{X} := \{(x, y, z) \in \mathbb{R}^3 | x, y, z \geq 0\}.$$

#### 3.1.1. Existencia de solución y unicidad de solución global positiva

En esta sección demostraremos que existe una única solución global positiva para el sistema (3.1)-(3.3) que representa el modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección de individuos. Esto lo garantizaremos gracias al siguiente teorema.

**Teorema 3.1.1.** *Para cada dato inicial  $x_0 = (S_0, I_0, R_0) \in \mathcal{X}$ , el sistema tiene una única solución global positiva que viene dada por*

$$x(\cdot; 0, x_0) = (S(\cdot, 0, x_0), I(\cdot, 0, x_0), R(\cdot, 0, x_0)) \in \mathcal{C}^1([0, +\infty), \mathcal{X}),$$

con  $x_0 = x(0; 0, x_0)$ ,  $I_0 = x(0; 0, I_0)$ ,  $R_0 = x(0; 0, R_0)$  y  $R_0 = x(0; 0, R_0)$ . Además, la solución genera un semigrupo,  $\{T(t) : t \geq 0\}$  definido como

$$\begin{aligned} T(t) : \mathcal{X} &\rightarrow \mathcal{X}, \\ x(x_0) &\mapsto T(t)x_0, \end{aligned}$$

con  $T(t)x_0 = x(t; 0, x_0)$ , es decir, el valor de la solución  $x$  en el tiempo  $t$  que en el tiempo  $t_0 = 0$  tenía un valor  $x_0$ .

*Demostración.* Empezaremos reescribiendo el sistema (3.1)-(3.3) como

$$\begin{aligned} g_1(S, I, R) &:= \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S + \alpha I, \\ g_2(S, I, R) &:= \frac{dI}{dt} = \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I - \alpha I, \\ g_3(S, I, R) &:= \frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R. \end{aligned}$$

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

Veamos ahora que  $g = (g_1, g_2, g_3)$  es continuamente diferenciable en  $\mathcal{X}$ . Para ello hallaremos la derivadas parciales de  $g_1, g_2$  y  $g_3$  respecto de  $S, I$  y  $R$ , obteniendo lo siguiente:

$$\begin{aligned} \frac{\partial g_1}{\partial S} &= -\mu - \beta \frac{I}{N}, & \frac{\partial g_2}{\partial S} &= \beta \frac{I}{N}, & \frac{\partial g_3}{\partial S} &= 0, \\ \frac{\partial g_1}{\partial I} &= -\beta \frac{S}{N} + \alpha, & \frac{\partial g_2}{\partial I} &= \beta \frac{S}{N} - \mu - \gamma - \alpha, & \frac{\partial g_3}{\partial I} &= \gamma, \\ \frac{\partial g_1}{\partial R} &= 0, & \frac{\partial g_2}{\partial R} &= 0, & \frac{\partial g_3}{\partial R} &= -\mu. \end{aligned}$$

Podemos observar que las derivadas parciales de primer orden de  $g$  existen y son continuas en  $\mathcal{X}$ , por tanto, por el Teorema A.1.4, existe una solución maximal única del sistema (3.1)-(3.1) definida en un intervalo maximal  $I_{max}$ .

A continuación, demostraremos que toda solución del sistema (3.1)-(3.1) es positiva para todo  $t > 0$ . Observemos que, como la solución es continua, si un valor de la solución es negativo, antes tendrá que haber tomado el valor cero. Entonces, vamos estudiar qué ocurre cuando cada una de las soluciones  $S(t) = 0, I(t) = 0$  y  $R(t) = 0$ .

- Si  $S = 0$  e  $I, R \geq 0$ , tenemos de (3.1) que

$$\left. \frac{dS}{dt} \right|_{S=0} = \mu N + \alpha I \geq 0,$$

ya que  $N > 0$  y  $\mu, \alpha, I, R, \geq 0$ . Por tanto, tenemos que  $S \geq 0$ .

- Si  $I = 0$  y  $S, R \geq 0$ , tenemos de (3.2) que

$$\left. \frac{dI}{dt} \right|_{I=0} = 0,$$

por lo que  $I \geq 0$ .

- Si  $R = 0$  y  $S, I \geq 0$ , tenemos de (3.3) que

$$\left. \frac{dR}{dt} \right|_{R=0} = \gamma I \geq 0,$$

por ser  $I, \gamma \geq 0$ . Por tanto,  $R \geq 0$ .

Podemos observar que, como  $S, I, R \geq 0$ , toda solución del sistema (3.1)-(3.3) es positiva, ya que para cada solución que parte de  $\mathcal{X}$  permanecerá en  $\mathcal{X}$ .

Finalmente, probaremos que la solución del sistema (2.1)-(2.3) es global y no solo local. Podemos observar que, como la población  $N$  es constante, tenemos

$$S(t; 0, S_0), I(t; 0, I_0), R(t; 0, R_0) \leq N, \quad \forall t \geq 0 \text{ y } \forall (S_0, I_0, R_0) \in \mathcal{X}.$$

Con esto podemos deducir que las soluciones del sistema (3.1)-(3.3) están acotadas  $\forall t \geq 0$ . Por tanto, aplicando el Teorema A.1.5, tenemos que no explotan en tiempo finito y, como consecuencia, la solución es global.

Hemos demostrado entonces que existe una solución única global positiva para el sistema (3.1)-(3.3). ■

**3.1.2. Estabilidad local. Puntos de equilibrio**

A continuación, a lo largo de esta sección estudiaremos los puntos de equilibrio del sistema (3.1)-(3.3) y su estabilidad. Tal y como hicimos con el modelo anterior, reduciremos el sistema (3.1)-(3.3) a dos ecuaciones usando que la población  $N$  es constante y despejando  $R = N - S - I$ , obteniendo el siguiente sistema de dos ecuaciones diferenciales ordinarias

$$\frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{IS}{N} - \mu S + \alpha I, \quad (3.4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I - \alpha I. \quad (3.5)$$

Para obtener los puntos de equilibrio del sistema (3.4)-(3.5) tenemos que resolver el siguiente sistema no lineal

$$\begin{aligned} \mu N - \beta \frac{IS}{N} - \mu S + \alpha I &= 0, \\ \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I - \alpha I &= 0. \end{aligned}$$

Resolviendo el sistema obtenemos dos puntos de equilibrio que son

$$E^0 := (N, 0),$$

que denominaremos punto de equilibrio **libre de infección**, y

$$E^* := \left( \frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta}, \frac{\mu N}{\beta(\mu + \gamma)} (\beta - (\mu + \gamma + \alpha)) \right),$$

que denominaremos punto de equilibrio **endémico**.

Recordemos que no tiene sentido que las poblaciones  $S, I < 0$ , entonces debemos tener  $\mu + \gamma + \alpha \leq \beta$  para que el punto de equilibrio endémico tenga sentido biológico. Por tanto podemos distinguir tres casos.

- **Caso 1 :**  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ . En este caso solo tenemos un punto de equilibrio, que es el libre de infección

$$E^0 = (N, 0),$$

ya que, en este caso el punto de equilibrio endémico carece de sentido biológico.

- **Caso 2:**  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ . En este caso tenemos también un único punto de equilibrio, que vuelve a ser el libre de infección

$$E^0 = (N, 0),$$

ya que  $E^* = E^0$  cuando  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ .

- **Caso 3:**  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . En este caso tenemos dos puntos que son el libre de infección y el endémico

$$E^0 = (N, 0) \quad \text{y} \quad E^* = \left( \frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta}, \frac{\mu N}{\beta(\mu + \gamma)} (\beta - (\mu + \gamma + \alpha)) \right).$$

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

A continuación, estudiaremos la estabilidad de los puntos de equilibrio. Observemos que en este caso no es posible aplicar el Teorema A.2.2 (Teorema de Estabilidad en Primera Aproximación). Entonces linealizaremos el sistema, tal y como explicamos en la Sección A.2 del Anexo A, obteniendo la matriz jacobiana del sistema (3.4)-(3.4). Esta matriz es

$$J(S, I) = \begin{pmatrix} -\frac{\beta I}{N} - \mu & -\frac{\beta S}{N} + \alpha \\ \frac{\beta I}{N} & \frac{\beta S}{N} - \mu - \gamma - \alpha \end{pmatrix}.$$

Como los puntos de estabilidad variaban dependiendo de  $(\mu + \gamma + \alpha)$  y  $\beta$ , volveremos a distinguir tres caso para estudiar la estabilidad.

- **Caso 1 :**  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ . En este caso solo tenemos un punto de equilibrio, ya que el punto de equilibrio endémico en este caso carece de sentido biológico. Evaluando la matriz jacobiana  $J$  en el único punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , obtenemos

$$J(N, 0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta + \alpha \\ 0 & \beta - \mu - \gamma - \alpha \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de  $J(N, 0)$  son  $\lambda_1 = -\mu$  y  $\lambda_2 = \beta - (\mu + \gamma + \alpha)$ . Tenemos entonces que ambos autovalores tienen parte real negativa y, por el Teorema A.2.3, podemos deducir que  $E^0$  es un punto de equilibrio localmente exponencialmente asintóticamente estable (LEAE).

- **Caso 2 :**  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ . Recordemos que en este caso tenemos solo un punto de equilibrio ya que, el punto de equilibrio, endémico  $E^* = E^0$ . Evaluando la matriz jacobiana,  $J$ , en el único punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , obtenemos

$$J(N, 0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta + \alpha \\ 0 & 0 \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de  $J(N, 0)$  son  $\lambda_1 = -\mu$  y  $\lambda_2 = 0$ . Tenemos que el autovalor  $\lambda_1$  tiene parte real negativa, pero en el autovalor  $\lambda_2$  la parte real es cero y, por tanto, no tenemos información sobre la estabilidad del punto de usando el Teorema A.2.3.

- **Caso 3 :**  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . En este caso tenemos dos puntos de equilibrio. Evaluando la matriz en el primer punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , obtenemos

$$J(N, 0) = \begin{pmatrix} -\mu & -\beta \\ 0 & \beta - \mu - \gamma - \alpha \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de  $J(N, 0)$  son  $\lambda_1 = -\mu$  y  $\lambda_2 = \beta - (\mu + \gamma + \alpha)$ . Tenemos que el autovalor  $\lambda_1$  tiene parte real negativa, pero en el autovalor  $\lambda_2$  la parte real es positiva, ya que  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . Así, el Teorema A.2.3, podemos deducir que  $E^0$  es localmente inestable.

### Capítulo 3. Modelo SIR con dinámica vital y reinfección

Evaluando la matriz en el otro punto de equilibrio, que es el punto de equilibrio endémico  $E^*$ , obtenemos

$$J\left(\frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta}, \frac{\mu N}{\beta(\mu + \gamma)}(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))\right) = \begin{pmatrix} -\mu \frac{\beta - (\mu + \gamma + \alpha)}{\mu + \gamma} - \mu & -(\mu + \gamma) \\ \mu \frac{\beta - (\mu + \gamma + \alpha)}{\mu + \gamma} & 0 \end{pmatrix}.$$

Los autovalores de la matriz anterior son

$$\lambda_{1,2} = \frac{-\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu\right) \pm \sqrt{\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu\right)^2 - 4\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}}{2}.$$

Vamos a proceder a analizar el signo de la parte real de los autovalores. Para ello empezaremos analizando

$$\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu$$

Observemos que, como  $(\mu + \gamma + \alpha) < \beta$  y  $\mu, \gamma, \alpha, \beta > 0$  tenemos que

$$\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu > 0$$

y, por lo tanto,

$$-\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu\right) < 0.$$

Ahora veamos qué ocurre dentro de la raíz. Tenemos que diferencia tres casos:

1. El valor del interior de la raíz es negativo. En este caso obtendríamos autovalores complejos. Como la parte real es la que hemos analizado previamente, tenemos dos autovalores con parte real negativa.
2. El valor del interior de la raíz es 0. En este caso obtendríamos el autovalor doble

$$\frac{-\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu\right)}{2},$$

que es negativo por el análisis hecho en la primera parte.

3. El valor del interior de la raíz es positivo. En este caso hay dos autovalores. El primero lo determinaremos con el  $-$  del  $\pm$  obteniendo una resta de dos valores negativos que es otro valor negativo. Por tanto el primer autovalor tendría parte real negativa. Para el segundo autovalor usaremos el  $+$  del  $\pm$ . Tenemos entonces

$$\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu = \sqrt{\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu\right)^2}$$

y además que

$$\sqrt{\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma} + \mu\right)^2} > \sqrt{\left(\frac{\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}{\mu + \gamma}\right)^2 - 4\mu(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))}$$

Así, tenemos que el segundo autovalor también sería negativo.

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

Tenemos entonces que ambos autovalores tienen parte real negativa y, por el Teorema A.2.3, podemos deducir que  $E^*$  es un punto de equilibrio localmente exponencialmente asintóticamente estable (LEAE).

Para ver todos estos casos de una forma más resumida los mostraremos en la Tabla 3.1.

|       | $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ | $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ | $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ |
|-------|---------------------------------|---------------------------------|---------------------------------|
| $E^0$ | LEAE                            | Sin información                 | Localmente inestable            |
| $E^*$ | Carece de sentido biológico     | No existe                       | LEAE                            |

Tabla 3.1: Estabilidad local de los puntos de equilibrio

#### 3.1.3. Existencia y estructura interna del atractor global

Igual que ocurría en el capítulo anterior, los resultados obtenidos solo nos dan información acerca del comportamiento local de las soluciones. En esta sección el objetivo será estudiar la existencia de un atractor global para las soluciones de sistema (3.4)-(3.5) y, posteriormente, analizar su estructura interna para obtener información sobre el comportamiento asintótico de cada una de las variables del modelo que estamos estudiando.

Tal y como hicimos con el otro modelo consideraremos el cuadrante positivo de  $\mathbb{R}^2$  como  $\mathcal{Y} = \{(x, y) \in \mathbb{R}^2 : x, y \geq 0\}$  y asumiremos que los datos iniciales están tomados en un conjunto arbitrario del espacio de fases  $\mathcal{Y}$ .

Para garantizar la existencia de un atractor global del sistema (3.4)-(3.5), demostraremos el siguiente teorema.

**Teorema 3.1.2.** *Para cada  $\varepsilon > 0$ , el conjunto*

$$K_\varepsilon := \{(S, I) \in \mathcal{Y} : S + I \leq N + \varepsilon\}$$

*es un compacto absorbente para las soluciones del sistema (3.4)-(3.5).*

*Demostración.* Sea  $y = S + I$ . Podemos deducir del sistema (3.4)-(3.5) que

$$\frac{dS}{dt} + \frac{dI}{dt} = \mu N - \mu(S + I) - \gamma I,$$

de lo que se obtiene

$$\frac{dy}{dt} \leq \mu N - \mu y.$$

Observemos que si utilizamos el factor integrante  $e^{\mu t}$  e integramos entre 0 y  $\varepsilon > 0$ , obtenemos que

$$y(t; 0, y_0) \leq y_0 e^{-\mu t} + N(1 - e^{-\mu t})$$

para todo  $t \geq 0$  y todo dato inicial  $y_0 = S_0 + I_0 > 0$ . Por lo tanto, para todo  $\varepsilon > 0$  existe  $T(\varepsilon) > 0$  tal que

$$y(t; 0, y_0) \leq N + \varepsilon$$

### Capítulo 3. Modelo SIR con dinámica vital y reinfección

para todo  $t \geq T(\varepsilon)$  y todo dato inicial  $y_0 = S_0 + I_0 > 0$ . Como  $y = S + I$ , podemos concluir que el conjunto  $K_\varepsilon := \{(S, I) \in \mathcal{Y} : S + I \leq N + \varepsilon\}$  es un conjunto compacto absorbente para las soluciones del sistema (3.4)-(3.5). Queda demostrado entonces que existe un único atractor global para las soluciones del sistema (3.4)-(3.5). ■

Una vez que ya hemos estudiado la existencia de un único atractor global para las soluciones del sistema (3.4)-(3.5), volveremos a analizar su estructura interna como hicimos con el modelo del capítulo anterior, para obtener información de cómo se comportan las soluciones del sistema (3.4)-(3.5), para poder concluir bajo qué condiciones la epidemia se erradica o se vuelve endémica. Para ello demostraremos el siguiente teorema.

**Teorema 3.1.3.** *Sea  $A$  el atractor global para las soluciones del sistema (3.4)-(3.5).*

1. *Si  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ , el atractor global  $A$  está formado por el punto de equilibrio  $E^0$ , es decir,  $A = \{E^0\}$ .*
2. *Si  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ , el atractor global  $A$  está formado por el punto de equilibrio  $E^0$ , es decir,  $A = \{E^0\}$ .*
3. *Si  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ , el atractor global  $A$  está formado por el punto de equilibrio  $E^0$ , el punto de equilibrio endémico  $E^*$  y las conexiones heteroclíneas que los unen.*

*Demostración.* Para poder analizar el atractor global tenemos que distinguir de nuevo tres casos como lo hemos hecho anteriormente.

- **Caso 1 :**  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ . De la ecuación (3.5) tenemos que:

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I - \alpha I.$$

Como  $S \leq N$ , por ser  $N = S + I + R$ , tenemos la siguiente desigualdad diferencial

$$\frac{dI}{dt} \leq (\beta - (\mu + \gamma + \alpha))I. \quad (3.6)$$

Resolviendo dicha desigualdad diferencial obtenemos

$$I(t; 0, I_0) \leq I_0 e^{(\beta - (\mu + \gamma + \alpha))t}. \quad (3.7)$$

Observemos que como  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ , si tomamos el limite cuando  $t \rightarrow \infty$  obtenemos

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} I(t; 0, I_0) = 0,$$

que, por definición, significa que, fijado  $I_0 > 0$ ,  $\forall \varepsilon > 0$ , existe  $T(\varepsilon) > 0$  tal que

$$I(t; 0, I_0) \leq \varepsilon, \quad \forall t \geq T(\varepsilon). \quad (3.8)$$

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

Si aplicamos (3.8) a (3.3) obtenemos que

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R \leq \gamma \varepsilon - \mu R, \quad \forall t \geq T(\varepsilon). \quad (3.9)$$

Observemos que (3.9) es una desigualdad diferencial ordinaria de primer orden. Por tanto, resolviendo dicha desigualdad obtenemos que

$$R(t; 0, R_0) \leq R_0 e^{\mu t} + \frac{\gamma \varepsilon}{\mu} - \frac{\gamma \varepsilon}{\mu} e^{-\mu t}, \quad \forall t \geq T(\varepsilon), \quad \forall R_0 \geq 0. \quad (3.10)$$

Como  $R_0 = 0$ , podemos concluir de (3.10) que

$$R(t; 0, R_0) \leq \frac{\gamma \varepsilon}{\mu} \quad \forall t \geq T(\varepsilon),$$

de lo que deducimos que

$$\lim_{t \rightarrow +\infty} R(t; 0, R_0) = 0.$$

Finalmente, como  $I(t; 0, I_0) \rightarrow 0$  y  $R(t; 0, R_0) \rightarrow 0$  cuando  $t \rightarrow \infty$  y  $N = S + I + R$  tenemos que cuando  $t \rightarrow \infty$   $S(t; 0, S_0) \rightarrow N$ , es decir, el número de individuos susceptibles tiende al número total de la población. Esto significa que en este caso  $\mathcal{A} = \{E^0\}$ .

- **Caso 2 :**  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ . Si estudiamos este caso de la misma manera que el anterior concluimos que

$$I(t; t, 0) \leq I_0, \quad \forall t \geq 0.$$

Es decir, tenemos que el número de infectados a lo largo del tiempo nunca superará el inicial. Este resultado no nos aporta información del comportamiento de la solución a largo plazo, por ello usaremos el método de las isoclinas. En este caso diferenciaremos dos tipos de isoclinas, las  $S$ -isoclinas y las  $I$ -isoclinas. La  $S$ -isoclina viene dada por la ecuación

$$\mu N - \beta \frac{SI}{N} - \mu S + \alpha I = 0,$$

donde despejando la  $I$  obtenemos la la hipérbola definida

$$I = \frac{-\mu N S + \mu N^2}{\beta S - N \alpha}. \quad (3.11)$$

A su vez las  $I$ -isoclinas vienen dadas por la ecuación

$$\beta \frac{SI}{N} - (\mu + \gamma + \alpha) I = 0,$$

de donde podemos ver que las isoclinas resultantes son las rectas

$$I = 0, \quad (3.12)$$

$$S = \frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta} = N. \quad (3.13)$$

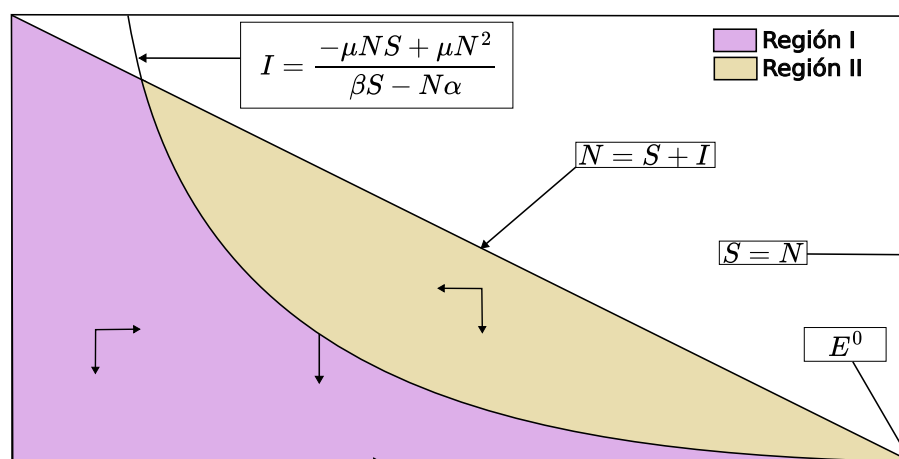


Figura 3.1: Isoclinas caso  $(\mu + \gamma + \alpha) = \beta$

En la Figura 3.1 podemos ver representadas las isoclinas (3.11)-(3.13) en el plano de fases  $(S, I)$ , el punto de equilibrio libre de infección y las diferentes regiones. Las flechas de cada región indican la dirección del campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5).

Como podemos observar, tenemos dos regiones limitadas por las isoclinas y la recta  $S + I = N$ , ya que las soluciones deben cumplir que  $S + I + R = N$  y, por tanto, solo consideraremos soluciones dentro de la región  $S + I \leq N$ . Para estudiar cómo se comportan las soluciones del sistema (3.4)-(3.5) vamos a estudiar qué ocurre en cada región.

- **Región I.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región I. Observemos que en este caso la  $I$  decrece mientras que la  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) en esta región va hacia abajo y hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región I acabará convergiendo al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , ya que no pueden tocar a la isoclina  $I = 0$  por ser solución.
- **Región II.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región II. Observemos que en este caso tanto la  $I$  como la  $S$  decrecen, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) en esta región va hacia abajo y hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región II acabará tocando a la isoclina (3.11) y acabará entrando en el interior de la región I.
- **Isoclina**  $I = \frac{-\mu N S + \mu N^2}{\beta S - N \alpha}$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $S$  permanece constante por ser una  $S$ -isoclina e  $I$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina (3.11) va hacia abajo. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.11) acabará entrando en el

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

interior de la región I.

- **Isoclina**  $I = 0$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $I$  permanece constante por ser una  $I$ -isoclina y  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina (3.11) va hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.12) acabará convergiendo al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ .
- **Isoclina**  $S = N$ . En este caso solo un punto pertenece a la región que estamos estudiando. Este punto coincide con el punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ .

Queda demostrado entonces que para cualquier dato inicial toda solución converge al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ , es decir,  $A = \{E^0\}$ .

- **Caso 3** :  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . En este caso volveremos a estudiar el comportamiento de las soluciones con el método de las isoclinas. Para este caso volvemos a obtener las mismas isoclinas que en el caso anterior, excepto la isoclina (3.13). Ahora bien, como  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ , obtenemos que la  $I$ -isoclina (3.13) pasa a ser la recta

$$S = \frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta}. \quad (3.14)$$

En la Figura 3.2 podemos ver representadas las isoclinas (3.11)-(3.13) en el plano de fases  $(S, I)$ , el punto de equilibrio libre de infección, el punto de equilibrio endémico y las diferentes regiones. Las flechas de cada región indican la dirección del campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5).

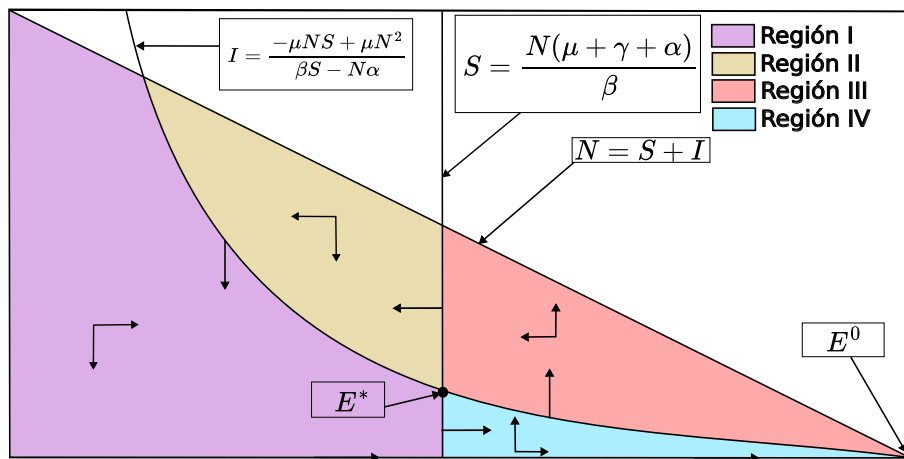


Figura 3.2: Isoclinas caso  $(\mu + \gamma + \alpha) < \beta$ .

Como podemos observar, tenemos cuatro regiones limitadas por las isoclinas y la recta  $S + I = N$ , ya que las soluciones deben cumplir que  $S + I + R = N$  y, por tanto, solo consideraremos soluciones dentro de la región  $S + I \leq N$ . Para estudiar cómo se comportan las soluciones del sistema (3.4)-(3.5) vamos a estudiar qué ocurre en cada región.

- **Región I.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región I. Observemos que en este caso la  $I$  decrece mientras que la  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) en esta región va hacia abajo y hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región I acabará tocando la isoclina (3.14) y entrando en la región IV o convergerá al punto de equilibrio endémico  $E^*$ .
- **Región II.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región II. Observemos que en este caso tanto la  $I$  como la  $S$  decrecen, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) en esta región va hacia abajo y hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región II acabará tocando a la isoclina (3.11) y acabará entrando en el interior de la región I.
- **Región III.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región III. Observemos que en este caso la  $I$  crece y la  $S$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) en esta región va hacia arriba y hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región III acabará tocando a la isoclina (3.14) y acabará entrando en el interior de la región II o convergerá al punto de equilibrio endémico  $E^*$ .
- **Región IV.** Consideremos una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre en el interior de la región IV. Observemos que en este caso tanto la  $I$  como la  $S$  crecen, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) en esta región va hacia arriba y hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience en la región IV acabará tocando a la isoclina (3.11) y acabará entrando en el interior de la región III. Además en este caso el punto de equilibrio  $E^0$  es localmente inestable lo que significa que cuando una solución este cerca acabará repelida.
- **Isoclina  $I = \frac{-\mu NS + \mu N^2}{\beta S - N\alpha}$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $S$  permanece constante por ser una  $S$ -isoclina. En el caso de  $I$  tendremos que dividir dos casos que dependen de dónde empiece la solución. Esta división de casos está determinada por el punto de equilibrio endémico.
  - **Caso 1:**  $S > \frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta}$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $I$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia arriba. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.12) en esta parte acabará entrando en la región III.
  - **Caso 2:**  $S < \frac{N(\mu + \gamma + \alpha)}{\beta}$  Consideramos ahora una solución cuyo valor

### 3.1. Estudio del modelo SIR clásico con dinámica vital y reinfección

inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $I$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia abajo. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.12) en esta parte acabará entrando en la región I.

- **Isoclina  $I = 0$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $I$  permanece constante por ser una I-isoclina y  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina (3.11) va hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.12) acabará convergiendo al punto de equilibrio libre de infección  $E^0$ .
- **Isoclina  $S = \frac{N(\mu+\gamma+\alpha)}{\beta}$ .** Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre la isoclina. Observemos que en este caso  $I$  permanece constante por ser una I-isoclina. En el caso de  $S$  tendremos que dividir dos casos que dependen de donde empiece la solución. Esta división de casos está determinada por el punto de equilibrio endémico.
  - **Caso 1:**  $I > \frac{\mu N}{\beta(\mu+\gamma)} (\beta - (\mu + \gamma + \alpha))$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $S$  decrece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia la izquierda. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.12) en esta parte acabará entrando en la región II.
  - **Caso 2:**  $I < \frac{\mu N}{\beta(\mu+\gamma)} (\beta - (\mu + \gamma + \alpha))$ . Consideramos ahora una solución cuyo valor inicial  $(S_0, I_0)$  se encuentre sobre esta parte de la isoclina. Observemos que en este caso la  $S$  crece, esto significa que el campo vectorial del sistema (3.4)-(3.5) sobre la isoclina en esta parte va hacia la derecha. Podemos deducir entonces que cualquier solución que comience sobre la isoclina (3.12) en esta parte acabará entrando en la región IV.

Para finalizar analizaremos un poco más la estructura interna del atractor global de este caso. En primer lugar, como los puntos de equilibrio  $E^0$  y  $E^*$  son soluciones globales acotadas, por el Teorema B.3.1, tenemos que  $\{E^0\} \subset \mathcal{A}$  y que  $\{E^*\} \subset \mathcal{A}$ . También podemos deducir que, como el espacio de fase  $\mathcal{Y}$  es conexo, el atractor global  $\mathcal{A}$  también lo será. Además, tenemos que, como los equilibrios son conjuntos compactos invariantes, aplicando el Teorema B.3.2, tenemos que las variedades inestables también pertenecen al atractor global  $\mathcal{A}$ .

Finalmente, demostraremos, con ayuda de los Teoremas B.3.3 y B.3.4, que toda solución del sistema (3.4)-(3.5) converge a un punto de equilibrio.

## Capítulo 3. Modelo SIR con dinámica vital y reinfección

Sea  $\mathcal{Y} \subseteq \mathbb{R}^2$  abierto y simplemente conexo. Consideremos el sistema (3.4)-(3.5), dado como

$$\begin{aligned} f(S; I) &:= \frac{dS}{dt} = \mu N - \beta \frac{IS}{N} - \mu S + \alpha I, \\ g(S, I) &:= \frac{dI}{dt} = \beta \frac{IS}{N} - \mu I - \gamma I - \alpha I, \end{aligned}$$

con  $f, g$  continuamente diferenciables en  $\mathcal{Y}$ . Sea  $D : \mathcal{Y} \rightarrow \mathbb{R}$  una función definida por

$$D(S, I) = \frac{1}{I}.$$

Tenemos entonces que  $D$  es continuamente diferenciable en  $\mathcal{Y}$ . Además, se tiene que

$$\frac{\partial(Df)}{\partial S} + \frac{\partial(Dg)}{\partial I} = -\frac{\beta}{N} - \frac{\mu}{I} < 0, \quad \forall (S, I) \in \mathcal{Y}.$$

Aplicando el Teorema B.3.4, tenemos que el interior de  $\mathcal{Y}$  no contiene órbitas periódicas ni gráficas. Como consecuencia del Teorema B.3.3, tenemos que toda solución que comienza en  $\mathcal{Y}$  converge al punto de equilibrio endémico  $E^*$ . Queda demostrado entonces que el atractor global  $\mathcal{A}$  está formado por los dos puntos de equilibrio  $E^0$  y  $E^*$  y las órbitas heteroclinas que los unen. ■

## 3.2. Simulaciones numéricas

Al igual que hicimos en el capítulo anterior, en esta sección expondremos distintas simulaciones numéricas para ilustrar los resultados que hemos obtenido a lo largo de este capítulo. En este modelo los resultados que hemos obtenido hemos visto que vuelven a depender de tres casos, entonces separaremos sus simulaciones en tres secciones distintas. Para cada simulación obtendremos dos gráficas. La primera representará la evolución temporal del número de individuos susceptibles ( $S$ ), infectados ( $I$ ) y recuperados ( $R$ ), representados como variables en el sistema (3.1)-(3.3). La segunda mostrará el plano de fases del sistema (3.4)-(3.5) con la representación de su campo vectorial. Para todos los casos vamos a considerar una población constante de 300 individuos ( $N = 300$ ). El resto de parámetros se establecerán específicamente en cada caso. Volveremos a usar el método de Euler para obtener las simulaciones numéricas.

### 3.2.1. Caso 1: $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ .

En este caso la condición es  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ . Vamos a utilizar  $S_0 = 78$ ,  $I_0 = 222$  y  $R_0 = 0$ , siendo los individuos susceptibles, infectados y recuperados iniciales, respectivamente. Los parámetros que usaremos serán  $\beta = 0,63$ ,  $\mu = 0,46$ ,  $\gamma = 0,4$  y  $\alpha = 0,2$  que verifican la condición  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$ . A continuación, mostraremos dos figuras. La Figura 3.3 muestra que la infección desaparece a lo largo del

### 3.2. Simulaciones numéricas

tiempo. A su vez, la Figura 3.4 nos muestra cómo la solución del sistema (3.4)-(3.5) tiende al punto de equilibrio libre de infección  $E^0 = (300, 0)$ , tal y como demostramos en el Teorema 3.1.3.

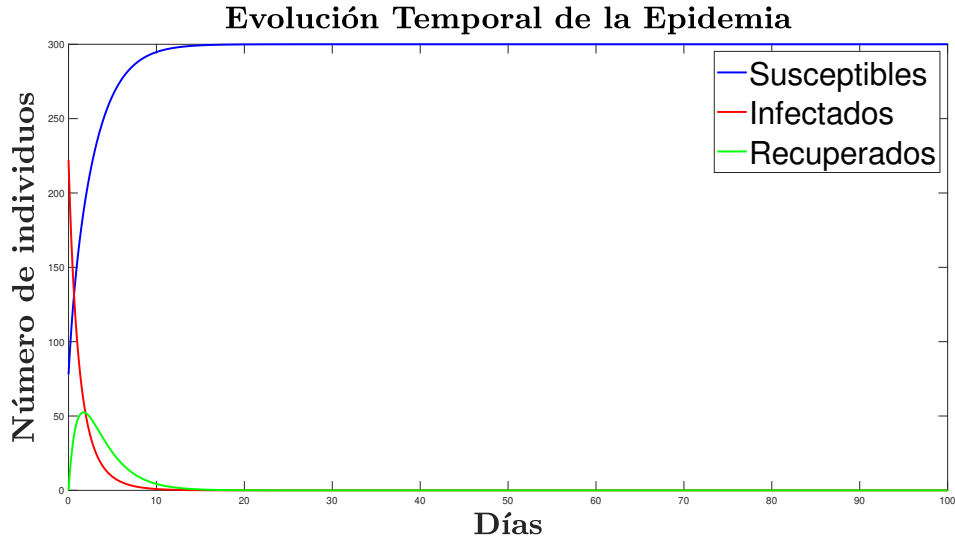


Figura 3.3: Evolución epidemia caso  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$

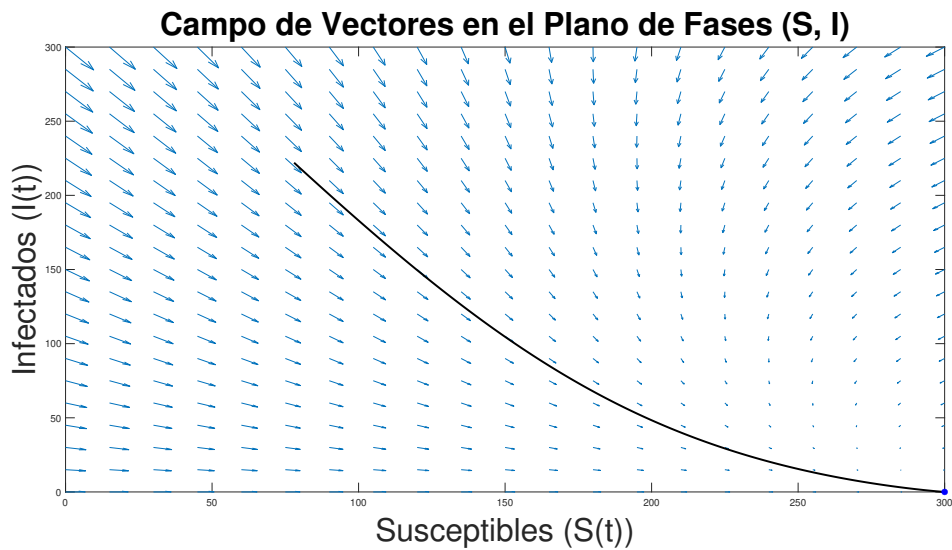


Figura 3.4: Plano de fases  $\mu + \gamma + \alpha > \beta$

#### 3.2.2. Caso 2: $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ .

En este caso la condición es  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ . Vamos a utilizar  $S_0 = 42$ ,  $I_0 = 258$  y  $R_0 = 0$ , siendo los individuos susceptibles, infectados y recuperados iniciales, respectivamente. Los parámetros que usaremos serán  $\beta = 0,77$ ,  $\mu = 0,47$ ,  $\gamma = 0,3$  y  $\alpha = 0,1$  que verifican  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$ . A continuación, mostraremos dos figuras. La Figura 3.5 muestra que la infección desaparece a lo largo del tiempo. A su

### Capítulo 3. Modelo SIR con dinámica vital y reinfección

vez, la Figura 3.6 nos muestra cómo la solución del sistema (3.4)-(3.5) tiende al punto de equilibrio libre de infección  $E^0 = (300, 0)$ , tal y como demostramos en el Teorema 3.1.3.

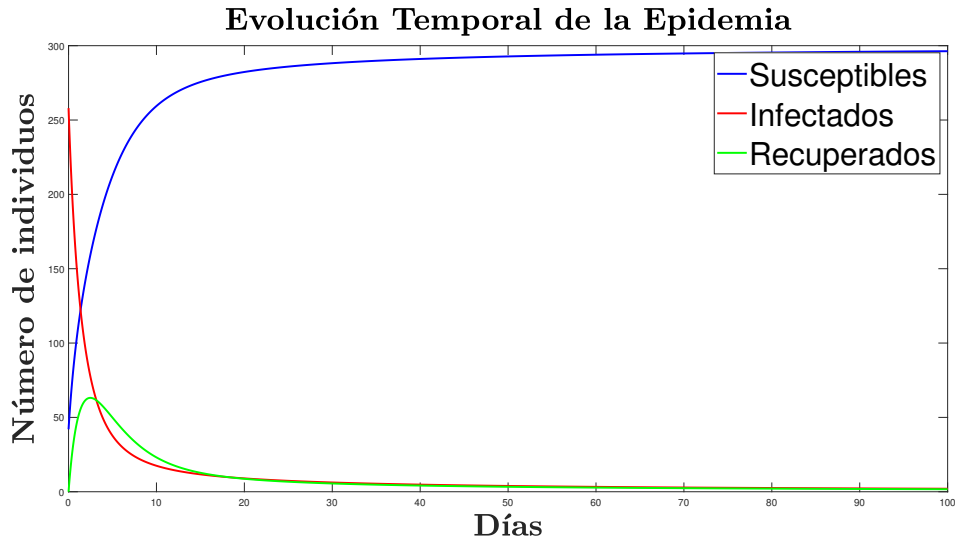


Figura 3.5: Evolución epidemia caso  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$

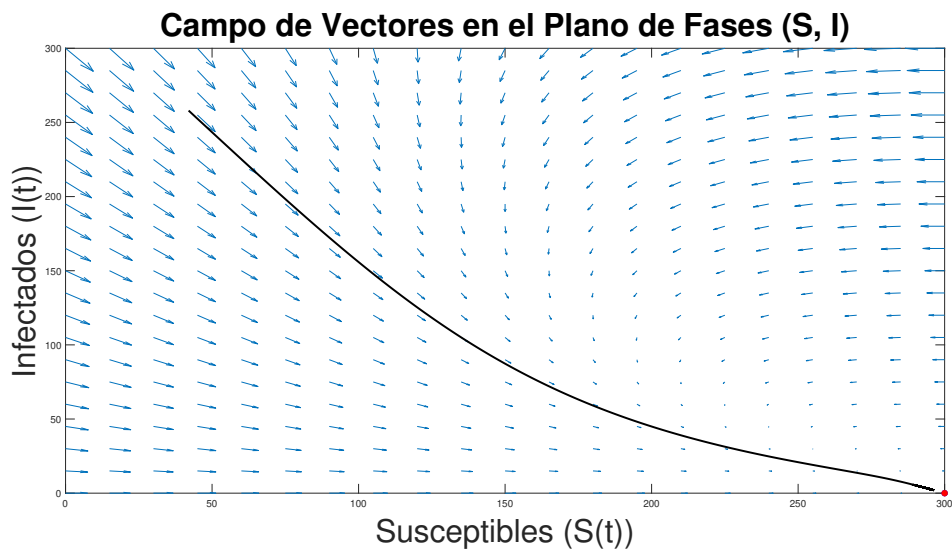


Figura 3.6: Plano de fases  $\mu + \gamma + \alpha = \beta$

#### 3.2.3. Caso 3: $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ .

En este caso la condición es  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . Vamos a utilizar  $S_0 = 130$ ,  $I_0 = 870$  y  $R_0 = 0$ , siendo los individuos susceptibles, infectados y recuperados iniciales, respectivamente. Los parámetros que usaremos serán  $\beta = 0,81$ ,  $\mu = 0,14$ ,  $\gamma = 0,27$  y  $\alpha = 0,2$  que verifican la condición  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$ . A continuación, mostraremos

### 3.2. Simulaciones numéricas

dos figuras. La Figura 3.7 muestra que la infección no desaparece a lo largo del tiempo. A su vez, la Figura 3.8 nos muestra como la solución del sistema (3.4)-(3.5) tiende al punto de equilibrio endémico  $E^*$ , tal y como demostramos en el Teorema 3.1.3. En este caso con  $E^* \approx (225,9, 25,3)$  y  $E^0 = (300, 0)$ .

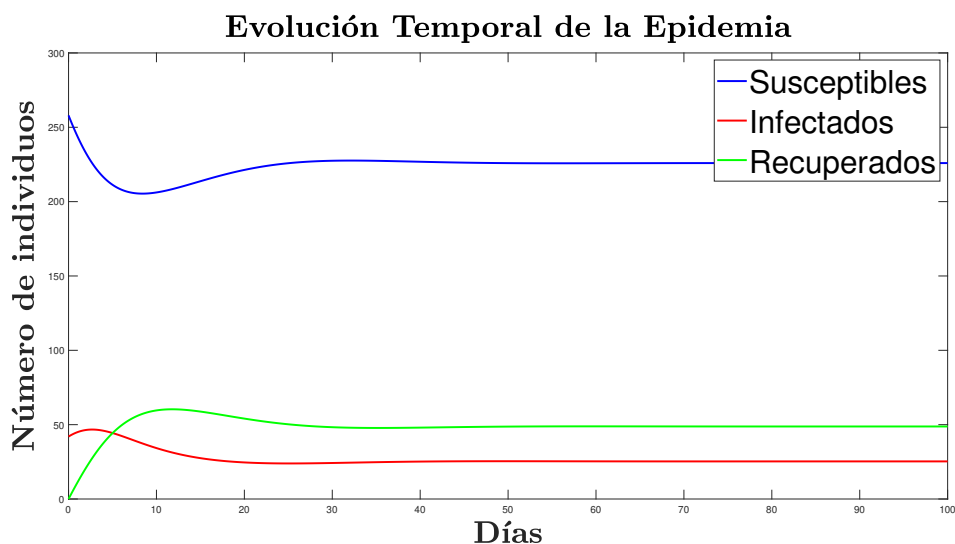


Figura 3.7: Evolución epidemia caso  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$

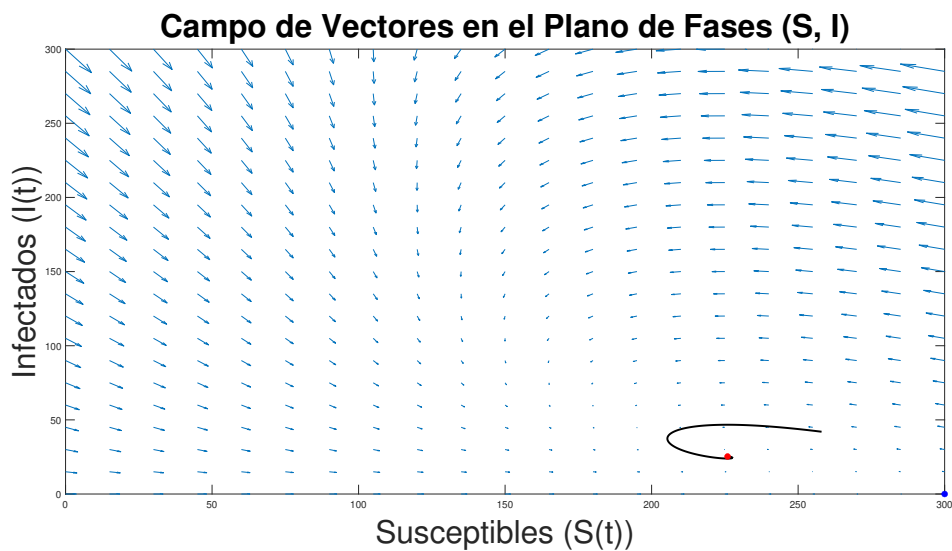


Figura 3.8: Plano de fases  $\mu + \gamma + \alpha < \beta$

Todos los resultados que hemos obtenido a lo largo del capítulo los analizaremos en el Capítulo 4, sobre resultados y conclusiones.



## Capítulo 4

# Resultados y conclusiones

A lo largo de los anteriores dos capítulos hemos presentado y estudiado dos modelos SIR diferentes, el modelos SIR con dinámica vital (2.1)-(2.3), estudiado en el Capítulo 2, y el modelo SIR con dinámica vital y reinfección de individuos (3.1)-(3.3), estudiado en el Capítulo 3.

En ambos estudios el objetivo era obtener resultados acerca de cómo se comportan las soluciones del sistema y, por tanto, poder sacar conclusiones acerca de cómo varían el número de los individuos (susceptibles, infectados y recuperados) que conforman el modelo, dependiendo de la tasa de transmisión de la enfermedad  $\beta$ , la tasa de recuperación  $\gamma$ , la tasa de natalidad y mortalidad  $\mu$  y, en el caso de la reinfección, la tasa de reinfección  $\alpha$ .

Para este estudio en ambos modelos hemos seguido el mismo procedimiento. Primero hemos verificado la existencia y unicidad de una solución positiva global, luego hemos obtenido los puntos de equilibrio y hemos analizado la estabilidad local de sus sistemas asociados. Este último análisis solo nos proporcionaba información local de las soluciones, por tanto hemos verificado la existencia de un atractor global de los sistemas y hemos analizado su estructura interna para comprender el comportamiento global del sistema.

Con los resultados obtenidos en el Capítulo 2 del modelo SIR con dinámica vital hemos podido establecer las condiciones mediante las cuales la enfermedad se erradica o por lo contrario se vuelve endémica. Estas condiciones son las siguientes:

- Si  $\beta < \mu + \gamma$ , entonces la enfermedad se erradica.
- Si  $\beta = \mu + \gamma$ , entonces la enfermedad se erradica.
- Si  $\beta > \mu + \gamma$ , entonces la enfermedad se vuelve endémica.

Las condiciones para la erradicación de la enfermedad o su conversión en endémica en el modelo con reinfección son ligeramente diferentes debido a la inclusión del parámetro  $\alpha$ . Estas condiciones son:

- Si  $\beta < \mu + \gamma + \alpha$ , entonces la enfermedad se erradica.

## Capítulo 4. Resultados y conclusiones

---

- Si  $\beta = \mu + \gamma + \alpha$ , entonces la enfermedad se erradica.
- Si  $\beta > \mu + \gamma + \alpha$ , entonces la enfermedad se vuelve endémica.

El parámetro de reinfección,  $\alpha$ , introduce un nuevo nivel de complejidad en el análisis de la epidemia. En particular, la reinfección implica que los individuos recuperados pueden volver a ser susceptibles.

Vamos a introducir ahora el concepto de **número reproductivo básico**,  $R_0$ . Este valor indica el número promedio de casos nuevos que genera un individuo infectado en una población completamente susceptible. Este valor es crucial para determinar si una enfermedad se propagará o se extinguirá en una población.

En el modelo SIR con dinámica vital, el número reproductivo básico se define como:

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma}.$$

Si  $R_0 \leq 1$ , la epidemia se erradica; si  $R_0 > 1$ , la epidemia se vuelve endémica.

Para el modelo SIR con dinámica vital y reinfección, el número reproductivo básico es ligeramente diferente:

$$R_0 = \frac{\beta}{\mu + \gamma + \alpha}.$$

Volvemos a obtener que si  $R_0 \leq 1$ , la epidemia se erradica; si  $R_0 > 1$ , la epidemia se vuelve endémica.

Observemos que si  $\alpha = 0$ , las condiciones obtenidas para el modelo SIR con dinámica vital y reinfección se reducen a las condiciones del modelo SIR con dinámica vital, demostrando que el modelo clásico es un caso particular del modelo extendido cuando no hay reinfección. Es por ello que para hacer el resto de conclusiones nos basaremos en el modelo con reinfección, ya que que las conclusiones del modelo SIR sin reinfección estarán incluidas en este modelo.

Teniendo en cuenta los resultados obtenidos, vemos que si queremos erradicar la enfermedad tenemos que tener que  $R_0 \leq 1$ . Para ello debemos reducir el coeficiente de transmisión  $\beta$ , que es el único sobre el que podemos actuar, por ejemplo, imponiendo medidas de contingencia como el lavado de manos, el uso de mascarillas, la distancia social o el confinamiento.

### 4.1. Simulación de escenarios

El objetivo en esta sección será observar que ocurre cuando variamos el parámetro de la tasa de reinfección ( $\alpha$ ) dejando fijo el coeficiente de transmisión de una enfermedad ( $\beta$ ), para ver el efecto de la reinfección en el modelo.

Para la simulación de escenarios cogeremos como enfermedad la reciente epidemia COVID-19 causada por el virus SARS-CoV-2. La simulación se realizará sobre una población constante de 300 individuos. Supondremos una población susceptible inicial de 299 individuos ( $S_0 = 299$ ) una población infectada inicial de 1 individuo ( $I_0 = 1$ ) y una población recuperada inicial de 0 individuos ( $R_0 = 0$ ).

## 4.1. Simulación de escenarios

A continuación, estableceremos el resto de parámetros que vamos a utilizar para realizar la simulación numérica. Usaremos en nuestra simulación las tasas de natalidad y mortalidad de la sociedad española en el año 2022 según [6]. Establecemos entonces que la tasa de natalidad es 6,88 y la tasa de mortalidad 9,67. Como tenemos que tener la tasa de natalidad igual a la de mortalidad para mantener la población constante, usaremos la media obteniendo 8,275. En cuanto al tiempo medio de recuperación usaremos el estimado por [7], estableciendo un tiempo medio de 14 días de recuperación. Finalmente, usaremos el  $R_0$  al inicio de la pandemia indicado por [7], estableciendo un  $R_0 = 2,5$ .

Tenemos entonces que  $\gamma = 0,071 \text{ días}^{-1}$  y  $\mu = 0,023 \text{ días}^{-1}$ . Además, supondremos una tasa de reinfección  $\alpha = 0,01$ , que iremos variando. Como sabemos que  $R_0(\mu + \gamma + \alpha) = \beta$  obtenemos un coeficiente de transmisión  $\beta = 0,26$ .

Una vez establecidos los parámetros, definiremos los diferentes escenarios para observar qué sucede cuando variamos la tasa de reinfección fijado un coeficiente de transmisión. Los escenarios que usaremos son:

- Escenario 1. La tasa de reinfección será  $\alpha = 0,01$ .
- Escenario 2. La tasa de reinfección será  $\alpha = 0,05$ .
- Escenario 3. La tasa de reinfección será  $\alpha = 0,075$ .
- Escenario 4. La tasa de reinfección será  $\alpha = 0,1$ .
- Escenario 5. La tasa de reinfección será  $\alpha = 0,15$ .

La gráfica 4.1 muestra la evolución del número de infectados a lo largo del tiempo en los distintos escenarios.

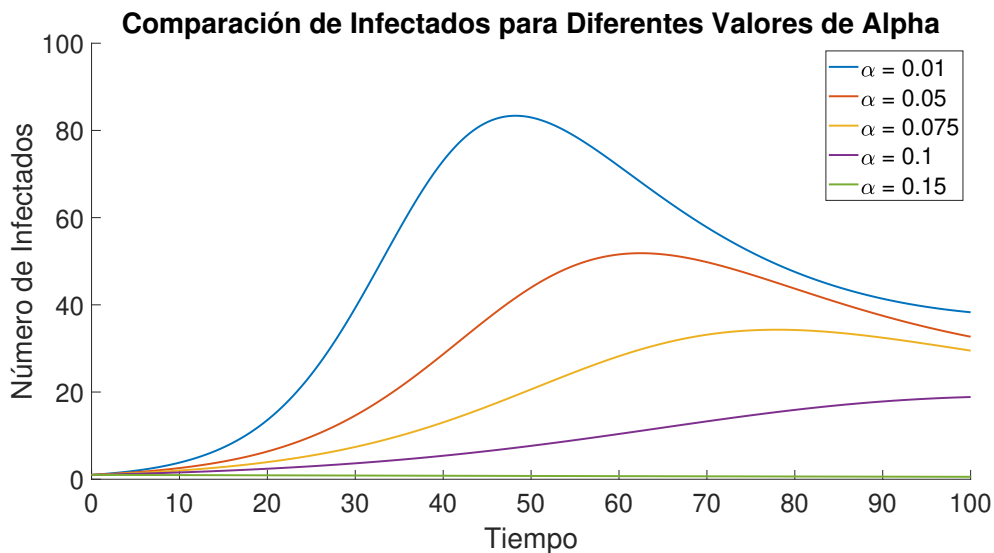


Figura 4.1: Simulación de escenarios variando la tasa de reinfección

Como podemos observar en 4.1 que a medida que  $\alpha$  aumenta, el número de infectados disminuye. Esto se debe a que la dinámica del modelo se ve afectada

## Capítulo 4. Resultados y conclusiones

---

por los valores  $\beta$  y la tasa de reinfección. Como el valor de  $\beta$  es bajo la entrada de nuevos individuos en el grupo de infectados es reducida, sin embargo, como la tasa de de reinfección es alta, comparada con  $\beta$ , los individuos que se encuentran en el grupo de infectados regresan rápidamente al grupo de susceptibles.

La explicación biológica de este resultado es que un valor alto de  $\alpha$  implica que los individuos recuperados pierdan su inmunidad rápidamente y vuelven al grupo de susceptibles. Esto acelera el ciclo de la población entre los grupos de susceptibles, infectados y recuperados. Esto significa que la enfermedad puede eventualmente ser controlada o erradicada si  $R_0$  disminuye debido a la rápida reinfección y recuperación de los individuos de la población.

## Capítulo 5

# Análisis de impacto

En este capítulo, explicaremos cómo los modelos SIR estudiados a lo largo del trabajo pueden contribuir a cumplir los Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS) establecidos en la Agenda 2030 de las Naciones Unidas. Los recientes desafíos globales en salud pública, como la COVID-19, han destacado la importancia de la ciencia en la gestión de crisis sanitarias. Es por eso que los modelos matemáticos siguen siendo fundamentales para comprender la propagación de enfermedades infecciosas y diseñar estrategias de mitigación, alineándose con los objetivos de la Agenda 2030.



Figura 5.1: Objetivos de la Agenda 2030

Los objetivos de la Agenda 2030 establecidos por la ONU, identifican cuáles son los problemas que debemos solucionar para 2030 para conseguir un futuro sostenible (véase [8]). En este trabajo nos hemos centrado especialmente en el ODS 3, que tiene como objetivo garantizar la salud y el bienestar para todos, como podemos ver en la Figura 5.2. Este ODS se pretende cumplir mediante el

uso de 13 metas. En nuestro caso, colaboramos para que se pueda cumplir la meta 3.3, que indica que se debe poner fin a ciertas epidemias para 2030 (véase [9]).



Figura 5.2: ODS 3 salud y bienestar

Por tanto, gracias a los resultados que se han expuesto a lo largo del trabajo, como las condiciones bajo las cuales una epidemia se erradica o se vuelve endémica, podemos contribuir a un estudio más eficiente pudiendo predecir la evolución de las epidemias y evaluar la efectividad de diversas medidas de control sin necesidad de tener que malgastar recursos innecesarios. Concretamente, las conclusiones y resultados obtenidos serán todavía más útiles para el caso de epidemias con reinfección de individuos.

### 5.1. Modelos SIR en el cumplimiento de la meta 3.3 del ODS 3

El uso de modelos SIR permite entender y controlar la propagación de enfermedades infecciosas. Además permite simular escenarios y estrategias de intervención, facilitando una planificación más efectiva y eficiente. Por ejemplo, al modelar la dinámica de una enfermedad, se puede identificar el umbral crítico de inmunización necesario para prevenir futuros brotes, o como en el caso de este trabajo, el impacto de la reinfección en una enfermedad.

Si aplicamos estos modelos para ayudar a contribuir a la meta 3.3 del ODS 3, que se enfoca en acabar con las epidemias, podemos:

1. **Identificar puntos críticos de intervención.** Los modelos SIR ayudan a determinar los momentos donde las intervenciones serán más efectivas, permitiendo una asignación óptima de recursos.
2. **Evaluar estrategias de mitigación.** Simulando diferentes estrategias de control, los modelos pueden predecir cuáles serán más efectivas en reducir la transmisión de la enfermedad.
3. **Prever escenarios futuros.** Los modelos permiten prever la evolución de

### 5.1. Modelos SIR en el cumplimiento de la meta 3.3 del ODS 3

---

las epidemias bajo distintos escenarios, ayudando a las autoridades a prepararse mejor para futuros brotes.

4. **Optimizar el uso de recursos.** Evaluando la efectividad de diferentes intervenciones, se pueden evitar gastos innecesarios en medidas que no proporcionen beneficios, asegurando que los recursos se utilicen de manera más eficiente.

Como podemos ver, los modelos SIR no solo son herramientas esenciales para el estudio de las enfermedades infecciosas, sino que también ayudan en el logro de los Objetivos de Desarrollo Sostenible, particularmente en el ámbito de la salud pública, ya que ayudan a diseñar estrategias de intervención más efectivas y eficientes, contribuyendo así a un futuro más saludable y sostenible para todos.



# Bibliografía

- [1] A. Corominas. «Las pandemias en la historia de la humanidad». (2023), dirección: <https://raed.academy/las-pandemias-en-la-historia-de-la-humanidad/> (visitado 14-04-2024).
- [2] M. D. Bernoulli, *Essai d'une nouvelle analyse de la mortalité causée par la petite vérole et des avantages de l'inoculation pour la prévenir*. Mémoires de mathématique et de physiques tirés des registres de l'Academie Royale des Sciences, 1760.
- [3] W. H. Hamer, «The milroy lectures on epidemic disease in england - the evidence of variability and of persistency of type», *The Lancet*, vol. 167, n.º 4305, págs. 569-574, 1906, Originally published as Volume 1, Issue 4305, ISSN: 0140-6736. DOI: [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(01\)80187-2](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(01)80187-2).
- [4] R. Ross, *The Prevention of Malaria*, 2.<sup>a</sup> ed. London: John Murray, 1911.
- [5] W. O. Kermack y A. G. McKendrick, «A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics», *Proceedings of the Royal Society of London. Series A, Containing Papers of a Mathematical and Physical Character*, vol. 115, n.º 772, págs. 700-721, 1927.
- [6] Instituto Nacional de Estadística. «Indicadores Demográficos Básicos». (2023), dirección: [https://ine.es/dyngs/INEbase/es/operacion.htm?c=Estadistica\\_C&cid=1254736177003&menu=ultiDatos&idp=1254735573002](https://ine.es/dyngs/INEbase/es/operacion.htm?c=Estadistica_C&cid=1254736177003&menu=ultiDatos&idp=1254735573002) (visitado 18-05-2024).
- [7] Ministerio de Sanidad. «Informe sobre la situación epidemiológica». (2021), dirección: [https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/20210520\\_EPIDEMIOLOGIA.pdf](https://www.sanidad.gob.es/profesionales/saludPublica/ccayes/alertasActual/nCov/documentos/20210520_EPIDEMIOLOGIA.pdf) (visitado 18-05-2024).
- [8] Organización de las Naciones Unidas. «Objetivos y metas de desarrollo sostenible». (), dirección: <https://www.un.org/sustainabledevelopment/es/sustainable-development-goals/> (visitado 25-05-2024).
- [9] Organización de las Naciones Unidas. «Objetivo 3: Garantizar una vida sana y promover el bienestar para todos en todas las edades». (), dirección: <https://www.un.org/sustainabledevelopment/es/health/> (visitado 25-05-2024).
- [10] M. Viana y J. M. Espinar, *Differential Equations. A Dynamical Systems Approach to Theory and Practise*. AMS, 2021.

## BIBLIOGRAFÍA

---

- [11] C. Carracedo y M. A. Sanz, *Introducción a las ecuaciones diferenciales ordinarias*. Editorial Reverte, 1991.
- [12] R. K. Miller y A. N. Michel, *Ordinary Differential Equations*. New York: Academic Press, 1982.
- [13] S. Sastry, *Nonlinear Systems: Analysis, Stability, and Control*. New York: Springer, 2010.
- [14] T. Caraballo y H. Xiaoying, *Applied nonautonomous and random dynamical systems* (Applied dynamical systems). Switzerland: Springer, 2016.
- [15] F. Rivero y J. A. Langa, *Introducción a los sistemas dinámicos no-autónomos*. Universidad de Sevilla, Secretariado de Publicaciones, 2014.

# **Anexos**



## Apéndice A

# Preliminares sobre ecuaciones diferenciales y teoría de estabilidad

En este capítulo del anexo presentamos los teoremas y definiciones sobre la teoría de ecuaciones diferenciales y la teoría de estabilidad que hemos necesitado para la elaboración del trabajo. Para ver más información acerca de estas teorías recomendamos [10], [11], [12] y [13].

### A.1. Ecuaciones diferenciales ordinarias

El análisis y el estudio de las ecuaciones diferenciales son una parte fundamental en el ámbito de las matemáticas ya que nos dan la capacidad de poder modelar fenómenos físicos y con ello predecir y analizar resultados. Es por ello, que el objetivo principal de esta sección es introducir y desarrollar algunos conceptos teóricos básicos que servirán como herramientas para abordar el estudio de las ecuaciones diferenciales y, por tanto, los modelos realizados a partir de estas.

Los teoremas que presentaremos a continuación se basan en dos grupos de ecuaciones diferenciales ordinarias, las ecuaciones diferenciales autónomas y las ecuaciones diferenciales no autónomas, por tanto, es necesario empezar definiendo dos grupos.

**Definición A.1.1.** *Se dice que una ecuación diferencial es autónoma si no depende explícitamente del tiempo  $y$ , por tanto, puede ser escrita de la forma*

$$\frac{dx}{dt} = f(x), \tag{A.1}$$

donde  $f : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$  con  $d \in \mathbb{N}$  es una función que satisfecerá ciertas propiedades.

## Capítulo A. Preliminares sobre ecuaciones diferenciales y teoría de estabilidad

---

**Definición A.1.2.** Se dice que una ecuación diferencial es no autónoma si depende explícitamente del tiempo, es decir, si la variable independiente  $t$  aparece explícitamente en el miembro derecho de la ecuación y, por tanto, puede ser escrita de la forma

$$\frac{dx}{dt} = f(t, x), \quad (\text{A.2})$$

donde  $f : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$  con  $d \in \mathbb{N}$  es una función que satisficará ciertas propiedades.

En el resto de sección usaremos el problema de valores iniciales (PVI), que definiremos que vamos a definir a continuación

$$\frac{dx}{dy} = f(x, t), \quad (t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^d, \quad (\text{A.3})$$

donde  $f : (a, +\infty) \times \mathbb{R}^d \subseteq \mathbb{R}^{d+1} \rightarrow \mathbb{R}^d$ , con  $a \in \mathbb{R}$  y  $d \in \mathbb{N}$ .

Los conceptos básicos y resultados teóricos clásicos que vamos a exponer a continuación son válidos tanto para las ecuaciones diferenciales autónomas como para las no autónomas.

**Definición A.1.3.** Sea  $I \subseteq (a, +\infty)$  un intervalo de tiempo. Una solución de PVI (A.3) en  $I$  es una aplicación  $\varphi : I \rightarrow \mathbb{R}^d$ ,  $d \in \mathbb{N}$ , con  $\varphi \in \mathcal{C}^1(I; \mathbb{R}^d)$  que satisface las siguientes propiedades:

1.  $\frac{d}{dy}\varphi(t) = f(t, \varphi(t)) \quad \forall t \in I.$
2.  $\varphi(t_0) = x_0.$

En este trabajo necesitamos obtener soluciones definidas globalmente en el tiempo y, por tanto, necesitamos enunciar el siguiente teorema que nos va a garantizar la existencia de soluciones globales.

**Teorema A.1.1.** Supongamos que  $f : (a, +\infty) \times \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$  con  $a \in \mathbb{R}$  y  $d \in \mathbb{N}$  con  $f \in \mathcal{C}^1$  y que existen dos aplicaciones continuas no negativas  $h, k : (a, +\infty) \rightarrow \mathbb{R}$  tales que

$$|f(t, x)| \leq h(t)|x| + k(t), \quad \forall (t, x) \in (a, +\infty) \times \mathbb{R}^d. \quad (\text{A.4})$$

Entonces, existe una única solución de PVI (A.3) que está definida globalmente en tiempo.

Observemos que en el Teorema A.1.1  $f$  está definida en todo  $\mathbb{R}^d$  y que la condición (A.4) es muy restrictiva. En lo que sigue presentamos algunos resultados que garantizan la existencia de soluciones globales para el PVI (A.3) con condiciones menos restrictivas sobre un subespacio de  $\mathbb{R}^d$ .

Sea  $\Omega \subseteq \mathbb{R}^d$ , don  $d \in \mathbb{N}$  un subconjunto no vacío, abierto, conexo y sea  $I$  un intervalo de tiempo abierto. Consideramos la función  $f$  del PVI (A.3) definida en  $I \times \Omega$ .

## A.1. Ecuaciones diferenciales ordinarias

**Definición A.1.4.** Sea  $J \subseteq I$  un intervalo de tiempo tal que  $t_0 \in \overset{\circ}{J}$ . Una aplicación  $\varphi : J \rightarrow \Omega$  es una solución local del PVI (A.3) en  $J$  si  $\varphi \in \mathcal{C}^1(J; \mathbb{R}^d)$  y satisface las siguientes condiciones:

1.  $\varphi(t) \in \Omega \quad \forall t \in J$ .
2.  $\frac{d}{dt}\varphi = f(t, \varphi(t)), \quad \forall t \in J$ .
3.  $\varphi(t_0) = x_0$ .

**Definición A.1.5.** Una aplicación  $f : (t, x) \in I \times \Omega \subset \mathbb{R}^{d+1} \rightarrow \mathbb{R}^d$  es localmente Lipschitz respecto a  $x$  en  $I \times \Omega$  si  $\forall (t_0, x_0) \in I \times \Omega$ , existe  $\varepsilon > 0$  y  $L \geq 0$ , ambas constantes dependiendo del punto  $(t_0, x_0)$ , tal que

1.  $\overline{B}((t_0, x_0); \varepsilon) \subset I \times \Omega$ .
2.  $\forall (t, x_1), (t, x_2) \in \overline{B}((t_0, x_0); \varepsilon)$ ,  $f$  satisface

$$|f(t, x_1) - f(t, x_2)| \leq L|x_1 - x_2|. \quad (\text{A.5})$$

Si la condición (A.5) se cumple  $\forall (t, x_1), (t, x_2) \in I \times \Omega$  y la constante  $L$  no depende del punto  $(t_0, x_0)$ , decimos que  $f$  es globalmente Lipschitz respecto a la variable  $x$  en  $I \times \Omega$ .

Los teoremas que vamos a enunciar a continuación nos permiten demostrar la existencia y unicidad de la solución local del PVI (A.3).

**Teorema A.1.2** (Teorema de Picard). Supongamos que  $f$  es continua respecto a  $t$  y localmente Lipschitz respecto a  $x$  en  $I \times \Omega$ . Entonces,  $\forall (t_0, x_0) \in I \times \Omega$  existe  $\delta > 0$  tal que el PVI (A.3) posee una solución única en el intervalo  $I_\delta = [t_0 - \delta, t_0 + \delta]$ .

Observemos que el Teorema de Picard asegura que existe una solución única para cada intervalo  $I_\delta$  pero no en las intersecciones de estos intervalos. Con el siguiente teorema vamos a ver que esto si se cumple en el PVI (A.3).

**Teorema A.1.3** (Unicidad de solución). [TA13] Supongamos que  $f$  es continua respecto a  $t$  y localmente Lipschitz respecto a  $x$  en  $I \times \Omega$ . Dado cualquier  $(t_0, x_0) \in I \times \Omega$ , sea  $\varphi_1(t)$  la solución del PVI (A.3) en el intervalo  $I_1$  y  $\varphi_2(t)$  la solución del PVI (A.3) en el intervalo  $I_2$ . Entonces

$$\varphi_1(t) \equiv \varphi_2(t), \quad \forall t \in I_1 \cap I_2.$$

En este trabajo tenemos un interés en estudiar y analizar las soluciones de las ecuaciones a largo plazo. Concretamente debemos asegurar que existe una solución para cualquier tiempo  $t \geq t_0$  del PVI (A.3). Por tanto, vamos a introducir el concepto de solución maximal que es una solución definida en el mayor intervalo de tiempo  $[t_0, T_{max})$  tal que no haya más soluciones en un intervalo mayor. Observemos que cuando  $T_{max} = +\infty$  entonces tendremos una solución global.

## Capítulo A. Preliminares sobre ecuaciones diferenciales y teoría de estabilidad

**Definición A.1.6.** Supongamos que  $(t_0, x_0) \in I \times \Omega$  y sea  $\varphi(t)$  la solución del PVI (A.3) en el intervalo  $J \subset I$ . Se dice que la solución  $\varphi(t)$

- puede ser continuada por la derecha, si existe otra solución  $\varphi_1(t)$  del PVI (A.3) en el intervalo  $J_1$ , tal que  $J \subset J_1$  y el  $\sup J \in \overset{\circ}{J}_1$ .
- puede ser continuada por la izquierda, si existe otra solución  $\varphi_2(t)$  del PVI (A.3) en el intervalo  $J_2$ , tal que  $J \subset J_1$  y el  $\inf J \in \overset{\circ}{J}_1$ .
- es continuable, si puede ser continuada por la izquierda, por la derecha, o por ambas.

**Definición A.1.7.** Una solución del PVI (A.3) es una solución maximal si no es continuable.

**Teorema A.1.4** (Existencia y unicidad de solución maximal). Sea  $\Omega$  un subconjunto abierto, no vacío y conexo de  $\mathbb{R}^d$  y  $f : I \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$  continua respecto a  $t$  y localmente Lipschitz respecto a  $x$ . Entonces,  $\forall (t_0, x_0) \in \Omega$ , existe una solución maximal única del PVI (A.3). Además, el intervalo de definición de esa solución maximal, denotado  $I_{max} = I_{max}(t_0, x_0)$ , es abierto.

Veamos con el siguiente teorema que cuando  $f(t, x)$  está definida en todo  $\mathbb{R} \times \mathbb{R}^d$ , una solución es global si no explota en tiempo finito.

**Teorema A.1.5.** Sea  $(m_1, m_2)$  el intervalo maximal de existencia del PVI (A.3). Si  $|m_2| < \infty$ , entonces  $\lim_{t \rightarrow m_2^-} |\varphi(t)| = \infty$ . Análogamente con  $m_1$ .

Para próximos teoremas y definiciones trabajaremos con la dependencia continua respecto del dato inicial.

Consideremos el conjunto

$$\Theta := \{(t, t_0, x_0) \in \mathbb{R}^{d+2} \mid (t_0, x_0) \in \Omega \text{ y } t \in I_{max}(t_0, x_0)\}. \quad (\text{A.6})$$

Por tanto, podemos definir la aplicación  $\varphi$  como

$$\begin{aligned} \varphi : \Theta \subset \mathbb{R}^{d+2} &\rightarrow \mathbb{R}^d, \\ (t, t_0, x_0) \in \theta &\mapsto \varphi(t; t_0, x_0) \in \mathbb{R}^d. \end{aligned}$$

Esta manera de formular la solución del PVI (A.3) es llamada solución maximal expresada en términos de los valores iniciales.

Sabemos que la solución maximal  $\varphi(\cdot; t, x_0)$  es continua respecto a  $t$  en el intervalo  $I_{max}(t_0, x_0)$  y con el siguiente teorema verificaremos que también es continua respecto al valor inicial  $(t_0, x_0)$ .

**Teorema A.1.6** (Dependencia continua respecto a los valores iniciales). Sea  $\Omega$  un subconjunto no vacío, abierto y conexo de  $\mathbb{R}^d$  y  $f : I \times \Omega \rightarrow \mathbb{R}^d$  continua respecto a  $t$  y localmente Lipschitz respecto a  $x$  y sea  $\Theta$  definido como en (A.6). Entonces, la solución global  $\varphi(\cdot; \cdot, \cdot)$  del PVI (A.3) expresada en términos del valor inicial verifica que  $\varphi \in C^0(\theta; \mathbb{R}^d)$

## A.2. Teoría de estabilidad

En esta sección presentamos algunos conceptos básicos y resultados de teoría de estabilidad. Para ello, solo consideraremos ecuaciones diferenciales autónomas y, por lo tanto, el siguiente problema de valores iniciales

$$\frac{dx}{dt} = g(x), \quad x(t_0) = x_0 \in \Omega, \quad (\text{A.7})$$

donde  $g : \Omega \subset \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$ ,  $d \in \mathbb{N}$ .

**Definición A.2.1.** Un punto  $x^*$  es un punto de equilibrio del PVI (A.7) si  $g(x^*) = 0$ .

**Definición A.2.2.** Un punto de equilibrio  $x^*$  se dice **estable** si para cualquier  $\varepsilon > 0$ , existe  $\delta(\varepsilon)$  tal que si  $|x_0 - x^*| < \delta(\varepsilon)$ , entonces  $I_{max}(t_0, x_0) \supseteq [t_0, +\infty)$  y

$$|\varphi(t; t_0, x_0) - x^*| < \varepsilon, \quad \forall t \geq 0,$$

es decir, si las soluciones empiezan cerca del punto de equilibrio, permanecerán cerca en todo tiempo futuro.

**Definición A.2.3.** Un punto de equilibrio  $x^*$  se dice **convergente o atractivo** si existe  $\delta > 0$  tal que si  $|x_0 - x^*| < \delta$ , entonces  $I_{max}(t_0, x_0) \supseteq [t_0, +\infty)$  y

$$\lim_{t \rightarrow \infty} \varphi(t; t_0, x_0) = x^*,$$

es decir, si las soluciones empiezan cerca del punto de equilibrio, convergerán a él cuando el tiempo tienda a infinito.

**Definición A.2.4.** Un punto de equilibrio  $x^*$  se dice **asintóticamente estable** si es estable y convergente.

**Definición A.2.5.** Un punto de equilibrio  $x^*$  se dice que **exponencialmente estable** si existe  $\delta > 0$  y  $\alpha, \lambda > 0$  tal que si  $|x_0 - x^*| < \delta$  entonces  $I_{max}(t_0, +\infty)$  y

$$|\varphi(t; t_0, x_0) - x^*| < \alpha |x_0 - x^*| e^{-\lambda(t-t_0)}, \quad \forall t \geq 0,$$

es decir, si las soluciones empiezan cerca del punto de equilibrio, convergerán a él de forma exponencial.

Sea  $x^*(t)$  una solución particular no trivial del PVI(A.7) si aplicamos el siguiente cambio de variable

$$y(t) := x(t) - x^*(t) \quad (\text{A.8})$$

podemos comprobar que

$$\frac{dy(t)}{dt} = \tilde{g}(t, y(t)),$$

donde  $\tilde{g} = g(y + x^*(t)) - g(x^*(t))$ , con  $\tilde{g}(t, 0) = 0 \quad \forall t \in \mathbb{R}$ . En el caso que  $x^*(t) = x^*$  es constante  $\forall t \in \mathbb{R}$ ,  $\tilde{g}(t, y) = \tilde{g}(y) = g(y + x^*) - g(x^*)$  y gracias a esto podemos contemplar que la función  $g$  del PVI (A.7) satisface que  $g(0) = 0$ .

## Capítulo A. Preliminares sobre ecuaciones diferenciales y teoría de estabilidad

---

### A.2.1. Estabilidad de sistemas lineales

Las soluciones de los sistemas de ecuaciones diferenciales lineales tienen el mismo tipo de estabilidad.

Sea el sistema de ecuaciones diferenciales lineales

$$\frac{dx}{dt} = Ax + b(t), \quad (\text{A.9})$$

donde  $A = (a_{ij})_{i,j=1,\dots,d}$  es una matriz de dimensión  $d \times d$  con coeficientes  $a_{ij} \in \mathbb{R}$ . Si  $x^*(t)$  es solución del sistema (A.9), entonces  $y(t) = x(t) - x^*(t)$  es solución de su sistema homogéneo asociado

$$\frac{dy}{dt} = Ay. \quad (\text{A.10})$$

Por tanto si estudiamos la estabilidad de cualquier solución del sistema (A.9) estamos también estudiando la del la solución trivial del sistema (A.10), sea  $b(t)$  cero o no.

**Teorema A.2.1.** *Sea  $\{\lambda_j\}_{1 \leq j \leq d} \subset \mathbb{C}$  el conjunto de autovalores de la matriz  $A$ . Entonces,*

1. *cualquier solución del sistema (A.10) es exponencialmente estable si y solo si*

$$\Re(\lambda_j) < 0 \text{ para todo } 1 \leq j \leq d.$$

2. *cualquier solución del sistema (A.10) es (uniformemente) estable si y solo si  $\Re(\lambda_j) \leq 0$  para todo  $1 \leq j \leq d$  y, si para aquellos autovalores tal que  $\Re(\lambda_j) = 0$  las multiplicidades algebraica y geométrica son iguales.*

### A.2.2. Estabilidad de sistemas no lineales

En la sección anterior, gracias al Teorema A.2.1, hemos caracterizado de forma completa la estabilidad de los sistemas diferenciales lineales con coeficientes constantes. Este mismo teorema lo podemos usar para estudiar la estabilidad de sistemas no lineales mediante el *método de primera aproximación*. Vamos a describir a continuación el método.

Supongamos que la función  $g \in \mathcal{C}^1$  en (A.7) y que  $g(0) = 0$ . Entonces, por la fórmula de Taylor,  $g$  puede ser escrita como

$$g(x) = Jx + T_1(x), \quad J = \left( \frac{\partial g_i}{\partial x_j}(0) \right)_{i,j=1,\dots,d}, \quad (\text{A.11})$$

donde el término de orden más alto de  $T_1(\cdot)$  cumple que

$$\lim_{x \rightarrow 0} \frac{|T_1(x)|}{|x|} = 0. \quad (\text{A.12})$$

**Teorema A.2.2** (Estabilidad en primera aproximación). *Supongamos que  $g \in \mathcal{C}^1(\Omega)$  y  $g(0) = 0$ . Sea  $J$  el Jacobiano de la matriz definida en (A.11). Entonces,*

1. *si todos los autovalores de la matriz  $J$  poseen parte real negativa, la solución trivial de (A.7) es (localmente) exponencialmente estable.*
2. *si alguno de los autovalores de la matriz  $J$  poseen parte real positiva, la solución trivial es (localmente) inestable.*

El Teorema A.2.2 solo puede aplicarse si se cumple (A.12). Si esta condición no se cumple entonces tendremos que linealizar el sistema como mostraremos a continuación.

Se  $g$  la función del sistema (A.3), continuamente diferenciable y sea  $x^*$  un punto de equilibrio (A.3). Entonces, podemos escribir

$$g(x) \approx J \cdot (x - x^*), \text{ si } x \approx x_0,$$

siendo  $J$  la matriz jacobiana del campo  $g$  en el punto  $x^*$ . Por tanto, el sistema (A.7) queda aproximado por el sistema linealizado

$$\frac{dx}{dt} = J \cdot (x - x^*), \text{ cuando } x \approx x_0. \tag{A.13}$$

Si además hacemos el cambio de variable (A.8), el sistema (A.13) se queda como

$$\frac{dx}{dt} = J \cdot x, \tag{A.14}$$

cuyo punto de equilibrio es el 0. Recordemos que además el punto de equilibrio  $x^*$  del sistema (A.7) hereda la estabilidad de este punto de equilibrio 0 en el sistema (A.14).

**Teorema A.2.3** (Teorema de Linealización de Liapunov y Poincaré). *Consideremos el sistema (A.14). Entonces,*

1. *si todos los valores de la matriz  $J$  poseen parte real negativa, la solución trivial del sistema (A.14) es exponencialmente asintóticamente estable.*
2. *si alguno de los autovalores de la matriz  $J$  posee parte real positiva, la solución trivial es inestable.*



## Apéndice B

# Preliminares teoría de semigrupos

En este capítulo del anexo presentamos los teoremas y definiciones sobre sistemas dinámicos autónomos y sobre el concepto de atractor global, incluyendo su estructura interna, que hemos necesitado para la elaboración del trabajo. Para ver más información acerca de estas teorías, recomendamos [14] y [15].

### B.1. Semigrupos

En esta sección utilizaremos problemas de valores iniciales de la forma

$$\frac{dx}{dt} = g(x), \quad x(t_0) = x_0 \in \mathbb{R}^d, \quad (\text{B.1})$$

donde  $g : \mathbb{R}^d \rightarrow \mathbb{R}^d$  y  $d \in \mathbb{N}$ . Particularmente nos referiremos a los casos  $d = 2$  o  $d = 3$  en las aplicaciones.

Es necesario para el trabajo que para poder utilizar los conceptos y resultados sobre semigrupos y sobre atractor global, el PVI (B.1) posea solución global y sea única y también dependencia continua respecto de los datos iniciales. Por tanto, supongamos que el PVI (B.1) posee solución global única. Entonces, la solución es una aplicación global diferenciable  $x(\cdot; t_0, x_0) : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^d$ , donde además su derivada cumple que  $x(t_0; t_0, x_0) = x_0$ . La aplicación que hemos definido cumple las siguientes propiedades:

1. **La evolución de  $x$  depende del tiempo transcurrido, no del tiempo inicial y final.** Esto se debe a que como el sistema es autónomo  $g$  no depende del tiempo. Si aplicamos el cambio de variable  $t \rightarrow t - t_0$  podemos probar que la solución

$$x(t; t_0, x_0) = x(t - t_0; 0, x_0) \quad \forall t \geq t_0.$$

Esto significa que la solución en el instante de tiempo  $t$  que empezó con el valor inicial  $(t_0, x_0)$ , es el mismo que el valor de la solución en el instante de tiempo  $t - t_0$  que empezó con el valor inicial  $(0, x_0)$ .

## Capítulo B. Preliminares teoría de semigrupos

---

2. **Propiedad del valor inicial.** Si la solución empieza en el valor inicial  $(t_0, x_0)$ , entonces tenemos que

$$x(t_0; t_0, x_0) = x_0 \quad \forall x_0 \in \mathbb{R}^d, \quad \forall t_0 \in \mathbb{R}.$$

3. **Concatenación de soluciones.** Supongamos que una solución que empieza en el valor inicial  $(0, x_0)$  pasa por  $x_1 = x(t_1; 0, x_0)$  y después sale del valor inicial  $(0, x_1)$  y llega a  $x_2 = x(t_2; 0, x_1)$ . Entonces

$$x(t_2; 0, x(t_1; 0, x_0)) = x(t_1 + t_2; 0, x_0).$$

4. **Dependencia continua de las soluciones respecto a los valores iniciales.** Debido a errores de medición que se pueden tener al obtener el dato inicial debemos comprobar si las soluciones  $x(t; t_0, x_0)$  y  $x(t; t_0, \hat{x}_0)$  están cerca cuando los datos iniciales  $x_0$  y  $\hat{x}_0$  están cerca. Si esto no sucede un error de medición en el dato inicial puede crear grandes desviaciones en las soluciones. Con suposiciones sobre  $g$  podemos garantizar esta propiedad.

A partir de este momento consideraremos que  $t_0 = 0$  en el PVI (B.1) por lo que usaremos

$$\frac{dx}{dt} = g(x), \quad x(0) = x_0 \in \mathbb{R}^d. \quad (\text{B.2})$$

La solución del PVI (B.2) la denotaremos por  $x(t; 0, x_0) = x(t; x_0)$ .

Empezaremos ahora a desarrollar el concepto de semigrupo, el cual es clave en sistemas dinámicos autónomos. Para el usaremos el espacio de fases  $\mathcal{X}$  que vendrá dado por  $\mathbb{R}^2$  o  $\mathbb{R}^3$  en las aplicaciones.

Sea el PVI (B.2) con existencia y unicidad de solución global que denotaremos por  $x(t; x_0)$ . Podemos definir la familia de aplicaciones  $\{T(t) : t \geq 0\}$ , dada por

$$\begin{aligned} T(t) : \mathcal{X} &\rightarrow \mathcal{X}, \\ x(x_0) &\mapsto T(t)x_0, \end{aligned}$$

donde  $T(t)x_0 := x(t; x_0)$ . Podemos observar que cuando  $t$  recorre  $[0, \infty)$  y  $x_0$  recorre  $\mathcal{X}$ ,  $T(t)x_0$  describe todos los puntos de las soluciones del sistema para cualquier tiempo y cualquier dato inicial.

**Definición B.1.1.** Sea  $(\mathcal{X}, d_{\mathcal{X}})$  un espacio métrico, donde  $d_{\mathcal{X}}$  denota una distancia en  $\mathcal{X}$ . La familia de aplicaciones  $T(t) : t \geq 0$  de  $\mathcal{X}$  en sí mismo se denomina semigrupo si cumple

1.  $T(0) = Id$ .
2.  $T(t)T(s) = T(s)T(t) = T(s+t), \quad \forall t, s \geq 0$ .
3.  $\{t \in \mathbb{R} \mid t \geq 0\} \times \mathcal{X} \ni (t, s) \mapsto T(t)x \in \mathcal{X}$  es continuo<sup>1</sup>

---

<sup>1</sup>Esta condición se cumple siempre que haya existencia y unicidad de solución, y dependencia continua respecto de los valores iniciales.

**Definición B.1.2.** Sea  $(Y, d_Y)$  un espacio métrico y  $A, B \subset Y$  dos conjuntos de ese espacio. La semi-distancia de Hausdorff entre  $A$  y  $B$ , se define como

$$\text{dist}(A, B) := \sup_{a \in A} \inf_{b \in B} d_Y(a, b),$$

o, equivalentemente;

$$\text{dist}(A, B) := \inf\{\varepsilon > 0 : A \subseteq N(B, \varepsilon)\},$$

donde  $N(B, \varepsilon) = \{y \in Y : d_Y(y, B) < \varepsilon\}$  denota un  $\varepsilon$ -entorno de  $B$ . Observamos que si  $\text{dist}(A, B) = 0$ , sólo podemos asegurar que  $A \subseteq B$ , con lo que la semi-distancia de Hausdorff no define una métrica. De hecho la distancia de Hausdorff se define como

$$\text{dist}_H(A, B) := \max\{\text{dist}(A, B), \text{dist}(B, A)\}.$$

Algunas de las propiedades de la semi-distancia de Hausdorff son:

1.  $\text{dist}(, Y) = 0$ , mientras que  $\text{dist}(X, )$  no está definida.
2.  $\text{dist}(X, Y) = \text{dist}(\bar{X}, Y)$ .
3. Si  $Y_1 \subseteq Y_2$ , entonces  $\text{dist}(X, Y_1) \geq \text{dist}(X, Y_2)$ .
4. Si  $X_1 \subseteq X_2$ , entonces  $\text{dist}(X_1, Y) \leq \text{dist}(X_2, Y)$ .

**Definición B.1.3.** Sean  $A$  y  $B$  subconjuntos de  $X$  y  $T(t) : t \geq 0$  un semigrupo en  $X$ . Diremos que el conjunto  $A$  atrae a  $B$  si

$$\text{dist}(T(t)B, A) \rightarrow 0, \quad \text{cuando } t \rightarrow \infty.$$

**Definición B.1.4.** Diremos que  $\{T(t) : t \geq 0\}$  es disipativo acotado (disipativo compacto) (disipativo puntual) si existe un conjunto acotado  $B \subseteq X$  tal que para todo  $D \subseteq X$  acotado (conjunto compacto  $K \subseteq X$ ) (punto  $x \in X$ ), existe  $t_0 = t_0(D)$  ( $t_0 = t_0(K)$ ) ( $t_0 = t_0(x)$ ) tal que  $T(t)D \subseteq B$  ( $T(t)K \subseteq B$ ) ( $T(t)x \subseteq B$ ) para todo  $t \geq t_0$ . Simplificando, un sistema es disipativo si sus soluciones convergen al interior de un conjunto acotado del espacio de fases  $X$ .

**Definición B.1.5.** Un conjunto  $D \subset X$  es absorbente respecto del semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$  si para todo conjunto acotado  $B \subset X$ , existe un tiempo  $T(B) \geq 0$  tal que

$$T(t)B \subset D, \quad \text{para todo } t \geq T(B).$$

**Definición B.1.6.** Un conjunto  $D$  es invariante bajo el semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$  si

$$T(t)D = D, \quad \text{para todo } t \geq 0.$$

**Definición B.1.7.** El conjunto  $A \subseteq X$  es el atractor global para el semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$  si

1. es compacto.
2. atrae acotados de  $X$ .

## Capítulo B. Preliminares teoría de semigrupos

---

3. es invariante bajo el semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$

Además, se puede demostrar que el atractor global  $A$  es el menor acotado atrayente y el mayor compacto invariante en el espacio de fases  $\mathcal{X}$ .

**Proposición B.1.1.** Sea  $B \subseteq \mathcal{X}$ . Si para algún  $t_0 > 0$  el conjunto

$$\overline{\bigcup_{t \geq t_0} T(t)B}$$

es compacto, entonces  $\omega(B)$  es no vacío, compacto e invariante, donde  $\omega(B)$  denota el conjunto  $\omega$ -límite de  $B$ .

### B.2. Existencia de atractor global

En esta sección garantizaremos la existencia de atractor global mediante los resultados siguientes.

**Proposición B.2.1.** Sean  $A, B \subseteq \mathcal{X}$  con  $A$  acotado que atrae a  $B$ . Entonces,

$$\omega(B) \subseteq \bar{A}.$$

**Teorema B.2.1.** Supongamos que el semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$  es disipativo acotado, siendo  $K \subseteq \mathcal{X}$  un conjunto absorbente. Si  $K$  es compacto, entonces existe un único atractor global  $A$  que viene dado por

$$A = \omega(K).$$

Si el espacio de fases  $\mathcal{X}$  es conexo, también lo es  $A$ .

### B.3. Estructura interna del atractor

En esta sección proporcionaremos una serie de conceptos y resultados que nos ayudarán a caracterizar el atractor global y su relación con las variedades inestables del sistema, sabiendo que el atractor existe.

**Definición B.3.1.** Llamamos solución global para el semigrupo  $\{T(t) : t \geq 0\}$  en  $\mathcal{X}$  a toda la familia  $\{\xi(t) : t \in \mathbb{R}\}$  tal que  $\xi(t) = T(t+s)\xi(s) \quad \forall t \in \mathbb{R} \text{ y } s < t$ .

**Teorema B.3.1.** Sea  $\{T(t) : t \geq 0\}$  un semigrupo en  $\mathcal{X}$  y supongamos que posee atractor global  $A$ . Entonces,  $A$  es la unión de todas las soluciones globales acotadas.

**Definición B.3.2.** Sea  $x \in \mathcal{X}$ . La variedad inestable de  $x$  es el conjunto

$$W^u(x) := \{y \in \mathcal{X} : \text{existe una solución global } \xi(\cdot) \text{ y } t_0 \in \mathbb{R} \text{ tal que } \xi(t_0) = y, \\ \xi(t) \rightarrow x \text{ cuando } t \rightarrow -\infty\}.$$

Análogamente, definimos la variedad estable de  $x$  como

$$W^s(x) := \{y \in \mathcal{X} : T(t)y \rightarrow x \text{ cuando } t \rightarrow \infty\}$$

### B.3. Estructura interna del atractor

Sea ahora el conjunto  $D \subseteq \mathcal{X}$ . La variedad inestable de  $D$  es el conjunto

$$W^u(D) := \{y \in \mathcal{X} : \text{existe una solución global } \xi(\cdot) \text{ y } t_0 \in \mathbb{R} \text{ tal que } \xi(t_0) = y, \\ \text{dist}(\xi(t), D) \rightarrow 0 \text{ cuando } t \rightarrow -\infty\}.$$

y la variedad estable de  $D$  está definida como

$$W^s(D) := \{y \in \mathcal{X} : \text{dist}(T(t)y, D) \rightarrow 0 \text{ cuando } t \rightarrow \infty\}.$$

**Teorema B.3.2.** Sea  $K \subseteq \mathcal{X}$  un compacto invariante, entonces

$$W^u(K) \subseteq \mathcal{A}.$$

**Proposición B.3.1.** Dada una trayectoria  $x(t) = T(t)x_0$ , un  $\varepsilon > 0$  y un tiempo  $T_0 > 0$ , existe un tiempo  $\tau = \tau(\varepsilon, T_0) > 0$  y un punto  $y_0 \in \mathcal{A}$  tal que

$$\|x(\tau + t) - T(t)y_0\|_X \leq \varepsilon$$

para todo  $t$  tal que  $0 \leq t \leq T_0$ .

La propiedad de aplastamiento que acabamos de definir nos garantiza que las trayectorias fuera del atractor crean una "sombra" en el interior.

**Corolario B.3.2.1.** Dada una trayectoria  $x(t) = T(t)x_0$ , existe una sucesión  $\{\varepsilon_n\}_{n=1}^{\infty}$  que tiende a cero, una sucesión de tiempos  $\{t_n\}_{n=1}^{\infty}$  con  $t_{n+1} - t_n \rightarrow \infty$  cuando  $n \rightarrow \infty$  y una sucesión de puntos del atractor  $\mathcal{A}$ ,  $\{y_n\}_{n=1}^{\infty}$ , de modo que

$$\|x(t) - T(t - t_n)y_n\|_X \leq \varepsilon, \quad \forall t \in [t_n, t_{n+1}].$$

Además, los saltos  $\|y_{n+1} - T(t_{n+1} - t_n)y_n\|_X$  decaen hacia cero.

Las siguientes definiciones y resultados nos proporcionarán información detallada sobre la estructura interna del atractor global cuando trabajamos con sistemas en dos dimensiones.

En lo que queda de sección usaremos el sistema diferencial

$$\frac{d}{dx}[t] = f(x, y), \tag{B.3}$$

$$\frac{d}{dy}[t] = g(x, y), \tag{B.4}$$

donde  $f$  y  $g$  son funciones que satisfacen ciertas propiedades.

**Definición B.3.3.** Una órbita homoclínica es una trayectoria de un semigrupo que une un punto de equilibrio consigo mismo. Una órbita heteroclínica es una trayectoria que une dos puntos de equilibrio diferentes.

**Definición B.3.4.** Una separatriz es una curva que conecta las variedades estable e inestable de un par de puntos de equilibrio.

## Capítulo B. Preliminares teoría de semigrupos

---

**Definición B.3.5.** Un ciclo separatriz consiste en la unión de un número finito de puntos de equilibrio  $x_j^*, j = 1, \dots, m$  y separatrices  $\Gamma_j$  tales que  $\Gamma_j$  va desde  $x_j^*$  a  $x_{j+1}^*$  y  $x_{m+1}^* = p_1$

**Definición B.3.6.** Una gráfica es la unión de un número finito de ciclos de separatriz orientados adecuadamente.

**Teorema B.3.3** (Tricotomía de Poincaré-Bendixson). Supongamos que  $\mathcal{X} \subseteq \mathbb{R}^2$  es un conjunto que contiene sólo un número finito de puntos de equilibrio. Sea  $x(\cdot; x_0)$  una solución en  $\mathcal{X}$  que está definida y acotada en  $[0, \infty)$  con  $\omega(x_0) \subseteq \mathcal{X}$ . Entonces se cumple uno de los siguientes resultados:

1.  $\omega(x_0)$  consiste en un equilibrio.
2.  $\omega(x_0)$  es una órbita periódica.
3.  $\omega(x_0)$  es una gráfica.

**Teorema B.3.4** (Criterio de Dulac-Bendixson). Sea  $Z \subseteq \mathcal{X}, \mathcal{X} \subseteq \mathbb{R}^2$ , abierto y simplemente conexo. Supongamos que

- las funciones  $f$  y  $g$  del sistema (B.3)-(B.4) son continuamente diferenciables en  $Z$ .
- existe una función  $D : Z \rightarrow \mathbb{R}$  continuamente diferenciable, tal que

$$\frac{\partial(Df)}{\partial x} + \frac{\partial(Dg)}{\partial y}$$

es estrictamente positiva en casi todo  $Z$  o es estrictamente negativa en casi todo  $Z$ .

Entonces  $Z$  no contiene órbitas periódicas o gráficas.

## Apéndice C

# Códigos de las simulaciones numéricas

En este anexo expondremos los códigos de Matlab usados para las simulaciones numéricas de ambos modelos y escenarios.

### C.1. Código simulación modelo sir con dinámica vital

```
1 %% MODELO SIR CLASICO CON DINAMICA VITAL
2
3 % Establecemos la poblacion constante del modelo y los valores iniciales de
4 % los distintos grupos de individuos Susceptibles (S_0), Infectados (I_0) y
5 % Recuperados (R_0)
6
7 %% Caso 1
8 % S_0 = 78;
9 % I_0 = 222;
10 % R_0 = 0;
11
12 %% Caso 2
13 % S_0 = 42;
14 % I_0 = 258;
15 % R_0 = 0;
16
17 % Caso 3
18 S_0 = 258;
19 I_0 = 42;
20 R_0 = 0;
21
22 N = S_0 + I_0 + R_0; %La poblacion es constante y es la suma de todos los
23 % individuos
24
25 % Inicializamos los parametros del modelo
26 % coeficiente de transmision (beta), inverso del tiempo medio de
27 % infeccion (gamma) y tasa de natalidad y mortalidad (mu)
28
29 %%Caso 1
30 % beta = 0.63;
```

## Capítulo C. Códigos de las simulaciones numéricas

```
30 % gamma = 0.4;
31 % mu = 0.46;
32
33 %%Caso 2
34 % beta = 0.77;
35 % gamma = 0.3;
36 % mu = 0.47;
37
38 % Caso 3
39 beta = 0.81;
40 gamma = 0.27;
41 mu = 0.14;
42
43 %Inicializamos los puntos de equilibrio para las graficas
44 E0 = [N,0]; %Punto de equilibrio libre
    de infeccion
45 E1 = [(N * (gamma + mu)) / beta ,...
46      mu * N * ((1 / (gamma + mu)) - (1 / beta))]; %Punto de equilibrio
    endemico
47
48 % Establecemos el intervalo de tiempo (en dias) que usaremos para la simulacion
49 Inicio = 0; % Tiempo inicial
50 Final = 100; % Tiempo final
51 space = 0.01; % Paso de tiempo (delta_t)
52 t = Inicio:space:Final; % Variable tiempo
53
54 % Preasignamos las matrices para las soluciones para optimizar la memoria
55 num_steps = length(t);
56 S = zeros(1, num_steps);
57 I = zeros(1, num_steps);
58 R = zeros(1, num_steps);
59
60 % Inicializamos las condiciones iniciales
61 S(1) = S_0;
62 I(1) = I_0;
63 R(1) = R_0;
64
65 % Bucle para calcular la solucion del sistema en cada paso de tiempo
66 % mediante el metodo de Euler x(t+delta_t)=x(t)+delta_t*f(t,x(t))
67 for i = 1:num_steps-1
68     Sprev = S(i); % S(t)
69     Iprev = I(i); % I(t)
70     Rprev = R(i); % R(t)
71
72     %S(t+delta_t)=S(t)+delta_t(muN - (beta/N) *S(t)I(t) - muS(t)
73     S(i+1) = Sprev + space * (mu * N - (beta / N) * Sprev ...
74         * Iprev - mu * Sprev);
75
76     %I(t+delta_t)=I(t)+ delta_t((beta/N)*S(t)I(t) - gammaI(t) -muI(t))
77     I(i+1) = Iprev + space * ((beta / N) * Sprev * Iprev ...
78         - gamma * Iprev - mu * Iprev);
79
80     %R(t+delta_t)=R(t)+delta_t(gammaI(t)-muR(t))
81     R(i+1) = Rprev + space * (gamma * Iprev - mu * Rprev);
82 end
83
84
85 % Grafico de la evolucion temporal de la epidemia
```

## C.1. Código simulación modelo sir con dinámica vital

```
86 figure;
87 plot(t, S, 'b', 'LineWidth', 2); hold on;
88 plot(t, I, 'r', 'LineWidth', 2);
89 plot(t, R, 'g', 'LineWidth', 2);
90 xlabel('\bf D\ 'ias', 'Interpreter', 'latex');
91 ylabel('\bf N\ 'mero de individuos', 'Interpreter', 'latex');
92 title('\bf Evoluci\ 'n Temporal de la Epidemia', 'Interpreter', 'latex');
93 legend('Susceptibles', 'Infectados', 'Recuperados');
94 grid off;
95
96 % Grafico del campo de vectores en el plano de fases R^2 de (S, I)
97
98 % Campo de vectores
99 [Sgrid, Igrid] = meshgrid(0:15:N, 0:15:N);
100 dSdt = mu .* N - (beta ./ N) .* Sgrid .* Igrid - mu .* Sgrid;
101 dIdt = (beta ./ N) .* Sgrid .* Igrid - gamma .* Igrid - mu .* Igrid;
102
103 %Grafica
104 figure;
105 quiver(Sgrid, Igrid, dSdt, dIdt);
106 xlabel('Susceptibles (S(t))');
107 ylabel('Infectados (I(t))');
108 title('Campo de Vectores en el Plano de Fases (S, I)');
109 axis([0 N 0 N]);
110 grid off;
111 hold on;
112 plot(S, I, 'k-', 'LineWidth', line_width);
113 plot(E0(1), E0(2), 'o-', 'MarkerFaceColor', 'blue', 'MarkerEdgeColor', 'blue',
    'MarkerSize', 6);
114 plot(E1(1), E1(2), ...
115     'o-', 'MarkerFaceColor', 'red', 'MarkerEdgeColor', 'red', 'MarkerSize', 6);
```

## C.2. Código simulación modelo sir con dinámica vital y reinfección de individuos

```
1 %% MODELO SIR CLASICO CON DINAMICA VITAL Y REINFECCION DE INDIVIDUOS
2
3 % Establecemos la poblacion constante del modelo y los valores iniciales de
4 % los distintos grupos de individuos Susceptibles (S_0), Infectados (I_0) y
   Recuperados (R_0)
5
6 %% Caso 1
7 % S_0 = 78;
8 % I_0 = 222;
9 % R_0 = 0;
10
11 %% Caso 2
12 % S_0 = 42;
13 % I_0 = 258;
14 % R_0 = 0;
15
16 % Caso 3
17 S_0 = 258;
18 I_0 = 42;
19 R_0 = 0;
20
21
22 N = S_0 + I_0 + R_0; %La poblacion es constante y es la suma de todos los
   individuos
23
24 %% Inicializamos los parametros del modelo
25 % coeficiente de transmision (beta), inverso del tiempo medio de
26 % infeccion (gamma) , tasa de natalidad y mortalidad (mu) y la
27 % tasa de reinfeccion (alpha)
28
29 %%Caso 1
30 % beta = 0.63;
31 % gamma = 0.4;
32 % mu = 0.46;
33 % alpha = 0.2;
34
35 %%Caso 2
36 % beta = 0.77;
37 % gamma = 0.3;
38 % mu = 0.37;
39 % alpha =0.1;
40
41 % Caso 3
42 beta = 0.81;
43 gamma = 0.27;
44 mu = 0.14;
45 alpha = 0.2;
46
47 %Inicializamos los puntos de equilibrio para las graficas
48 EO = [N,0]; %Punto de equilibrio
   libre de infeccion
49 EI = [(N * (gamma + mu + alpha)) / beta, ...
50 (mu*N) / (beta*(mu+gamma)) * (beta - (mu+gamma+alpha))]; %Punto de equilibrio
   endemico
51
```

## C.2. Código simulación modelo sir con dinámica vital y reinfección de individuos

```

52 % Establecemos el intervalo de tiempo (en días) que usaremos para la simulacion
53 Inicio = 0;           % Tiempo inicial
54 Final = 100;         % Tiempo final
55 space = 0.01;        % Paso de tiempo (delta_t)
56 t = Inicio:space:Final; % Variable tiempo
57
58 % Preasignamos las matrices para las soluciones para optimizar la memoria
59 num_steps = length(t);
60 S = zeros(1, num_steps);
61 I = zeros(1, num_steps);
62 R = zeros(1, num_steps);
63
64 % Inicializamos las condiciones iniciales
65 S(1) = S_0;
66 I(1) = I_0;
67 R(1) = R_0;
68
69 % Bucle para calcular la solucion del sistema en cada paso de tiempo
70 % mediante el metodo de Euler x(t+delta_t)=x(t)+delta_t*f(t,x(t))
71 for i = 1:num_steps-1
72     Sprev = S(i); % S(t)
73     Iprev = I(i); % I(t)
74     Rprev = R(i); % R(t)
75
76     %S(t+delta_t)=S(t)+delta_t(muN- (beta/N) *S(t)I(t)-muS(t)+ alphaI(t))
77     S(i+1) = Sprev + space * (mu * N - (beta / N) * Sprev * Iprev ...
78     - mu * Sprev + alpha*Iprev);
79
80     %I(t+delta_t)=I(t)+ delta_t((beta/N)*S(t)I(t)-gammaI(t)-muI(t) -alphaI(t))
81     I(i+1) = Iprev + space * ((beta / N) * Sprev * Iprev ...
82     - mu * Iprev - gamma * Iprev - alpha*Iprev);
83
84     %R(t+delta_t)=R(t)+delta_t(gammaI(t)-muR(t))
85     R(i+1) = Rprev + space * (gamma * Iprev - mu * Rprev);
86 end
87
88 % Grafico de la evolucion temporal de la epidemia
89 figure;
90 plot(t, S, 'b', 'LineWidth', 2); hold on;
91 plot(t, I, 'r', 'LineWidth', 2);
92 plot(t, R, 'g', 'LineWidth', 2);
93 xlabel('\bf D\''ias', 'Interpreter', 'latex');
94 ylabel('\bf N\''mero de individuos', 'Interpreter', 'latex');
95 title('\bf Evoluci\''n Temporal de la Epidemia', 'Interpreter', 'latex');
96 legend('Susceptibles', 'Infectados', 'Recuperados');
97 grid off;
98
99 % Grafico del campo de vectores en el plano de fases R^2 de (S, I)
100
101 % Campo de vectores
102 [Sgrid, Igrid] = meshgrid(0:15:N, 0:15:N);
103 dSdt = mu .* N - (beta ./ N) .* Sgrid .* Igrid - mu .* Sgrid + alpha .* Igrid;
104 dIdt = (beta ./ N) .* Sgrid .* Igrid - gamma .* Igrid - mu .* Igrid - alpha .*
    Igrid;
105
106 %Grafica
107 figure;
108 quiver(Sgrid, Igrid, dSdt, dIdt);

```

## Capítulo C. Códigos de las simulaciones numéricas

---

```
109 xlabel('Susceptibles (S(t))');
110 ylabel('Infectados (I(t))');
111 title('Campo de Vectores en el Plano de Fases (S, I)');
112 axis([0 N 0 N]);
113 grid off;
114 hold on;
115 plot(S, I, 'k-', 'LineWidth', line_width);
116 plot(E0(1), E0(2), 'o-', 'MarkerFaceColor', 'blue', 'MarkerEdgeColor', 'blue',
      'MarkerSize', 6);
117 plot(E1(1), E1(2), ...
118      'o-', 'MarkerFaceColor', 'red', 'MarkerEdgeColor', 'red', 'MarkerSize', 6);
```

### C.3. Código simulación de escenarios variando el parámetro de reinfección

### C.3. Código simulación de escenarios variando el parámetro de reinfección

```
1 %% SIMULACION DE ESCENARIOS
2
3 % Establecemos la poblacion constante del modelo y los valores iniciales de
4 % los distintos grupos de individuos Susceptibles (S_0), Infectados (I_0) y
5 % Recuperados (R_0)
6
7 S_0 = 299;
8 I_0 = 1;
9 R_0 = 0;
10
11 N = S_0 + I_0 + R_0; % La poblacion es constante y es la suma de todos los
12 % individuos
13
14 % Inicializamos los parametros del modelo
15 % Coeficiente de transmision (beta), inverso del tiempo medio de
16 % infeccion (gamma), tasa de natalidad y mortalidad (mu) y la
17 % tasa de reinfeccion (alpha)
18
19 beta = 0.24;
20 gamma = 0.071;
21 mu = 0.023;
22
23 % Valores de alpha a considerar
24
25 alphas = [0.01, 0.05, 0.075, 0.1,0.15];
26
27 % Establecemos el intervalo de tiempo (en dias) que usaremos para la simulacion
28 Inicio = 0; % Tiempo inicial
29 Final = 100; % Tiempo final
30 space = 0.01; % Paso de tiempo (delta_t)
31 t = Inicio:space:Final; % Variable tiempo
32
33 % Preasignamos las matrices para las soluciones para optimizar la memoria
34 num_steps = length(t);
35
36 % Inicializamos la figura para graficar
37 figure;
38 hold on;
39
40 % Bucle para diferentes valores de alpha
41 for a = 1:length(alphas)
42     alpha = alphas(a);
43
44     % Inicializamos las condiciones iniciales
45     S = zeros(1, num_steps);
46     I = zeros(1, num_steps);
47     R = zeros(1, num_steps);
48     S(1) = S_0;
49     I(1) = I_0;
50     R(1) = R_0;
51
52     % Bucle para calcular la solucion del sistema en cada paso de tiempo
53     % mediante el metodo de Euler x(t+delta_t)=x(t)+delta_t*f(t,x(t))
54     for i = 1:num_steps-1
55         Spreved = S(i); % S(t)
```

## Capítulo C. Códigos de las simulaciones numéricas

```


54     Iprev = I(i); % I(t)
55     Rprev = R(i); % R(t)
56
57     % S(t+delta_t)=S(t)+delta_t(muN- (beta/N) *S(t)I(t)-muS(t)+ alphaI(t))
58     S(i+1) = Sprev + space * (mu * N - (beta / N) * Sprev * Iprev ...
59         - mu * Sprev + alpha * Iprev);
60
61     % I(t+delta_t)=I(t)+ delta_t((beta/N)*S(t)I(t)-gammaI(t)-muI(t) -alphaI
62     (t))
63     I(i+1) = Iprev + space * ((beta / N) * Sprev * Iprev ...
64         - mu * Iprev - gamma * Iprev - alpha * Iprev);
65
66     % R(t+delta_t)=R(t)+delta_t(gammaI(t)-muR(t))
67     R(i+1) = Rprev + space * (gamma * Iprev - mu * Rprev);
68 end
69
70 % Graficar el numero de infectados (I) en una sola figura
71 plot(t, S, 'DisplayName', ['\alpha = ' num2str(alpha)], 'LineWidth', 2);
72 end
73
74 font_size = 26;
75 xlabel('Tiempo', 'FontSize', font_size);
76 ylabel('Numero de Susceptibles', 'FontSize', font_size);
77 title('Comparacion de Susceptibles para Diferentes Valores de Alpha', 'FontSize
78 ', font_size);
79 legend show;
80
81 % Aumentar el tamaño de la fuente de los ejes
82 set(gca, 'FontSize', font_size);
83
84 hold off;
85 % Inicializamos la figura para graficar
86 figure;
87 hold on;
88 for a = 1:length(alphas)
89     alpha = alphas(a);
90
91     % Inicializamos las condiciones iniciales
92     S = zeros(1, num_steps);
93     I = zeros(1, num_steps);
94     R = zeros(1, num_steps);
95     S(1) = S_0;
96     I(1) = I_0;
97     R(1) = R_0;
98
99     % Bucle para calcular la solución del sistema en cada paso de tiempo
100    % mediante el método de Euler x(t+delta_t)=x(t)+delta_t*f(t,x(t))
101    for i = 1:num_steps-1
102        Sprev = S(i); % S(t)
103        Iprev = I(i); % I(t)
104        Rprev = R(i); % R(t)
105
106        % S(t+delta_t)=S(t)+delta_t(muN- (beta/N) *S(t)I(t)-muS(t)+ alphaI(t))
107        S(i+1) = Sprev + space * (mu * N - (beta / N) * Sprev * Iprev ...
108            - mu * Sprev + alpha * Iprev);
109
110        % I(t+delta_t)=I(t)+ delta_t((beta/N)*S(t)I(t)-gammaI(t)-muI(t) -alphaI

```

### C.3. Código simulación de escenarios variando el parámetro de reinfección

```
110     (t))
111         I(i+1) = Iprev + space * ((beta / N) * Spreved * Iprev ...
112             - mu * Iprev - gamma * Iprev - alpha * Iprev);
113
114         % R(t+delta_t)=R(t)+delta_t(gammaI(t)-muR(t))
115         R(i+1) = Rprev + space * (gamma * Iprev - mu * Rprev);
116     end
117
118     % Graficar el numero de infectados (I) en una sola figura
119     plot(t, I, 'DisplayName', ['\alpha = ' num2str(alpha)], 'LineWidth', 2);
120 end
121
122 font_size = 26;
123 xlabel('Tiempo', 'FontSize', font_size);
124 ylabel('Numero de Infectados', 'FontSize', font_size);
125 title('Comparacion de Infectados para Diferentes Valores de Alpha', 'FontSize',
126     font_size);
127 legend show;
128
129 % Aumentar el tamaño de la fuente de los ejes
130 set(gca, 'FontSize', font_size);
131 hold off;
```

Este documento esta firmado por

|  |                               |   |
|--|-------------------------------|---|
|  | <b>Firmante</b>               | CN=tfgm.fi.upm.es, OU=CCFI, O=ETS Ingenieros Informaticos - UPM, C=ES   |
|  | <b>Fecha/Hora</b>             | Fri May 31 20:18:29 CEST 2024   |
|  | <b>Emisor del Certificado</b> | EMAILADDRESS=camanager@etsiinf.upm.es, CN=CA ETS Ingenieros Informaticos, O=ETS Ingenieros Informaticos - UPM, C=ES |
|  | <b>Numero de Serie</b>        | 561   |
|  | <b>Metodo</b>                 | urn:adobe.com:Adobe.PPKLite:adbe.pkcs7.sha1 (Adobe Signature)   |