

Modelos SIR exactamente solubles y sus extensiones en la predicción de curvas de infección y el caso COVID 19 en México

Los Dres. Emerson Sadurní y Germán Luna, Profesores Investigadores del Instituto de Física de la BUAP, publicaron recientemente el artículo de investigación “*Exactly solvable SIR models, their extensions and their application to sensitive pandemic forecasting*” en la revista “*Nonlinear Dynamics*” (*Dinámica No Lineal*), de la prestigiada editorial alemana Springer Nature (<https://doi.org/10.1007/s11071-021-06248-y>). Una reseña de sus resultados escrita para el público no especializado en el tema, fue preparada por los autores la cual se presenta a continuación:

En estos tiempos de pandemia COVID-19, hemos atestiguado el desarrollo de diversos tipos de curvas de infección en diferentes países. Su gran variedad e irregularidad es cada vez más aparente; es incuestionable el impacto social y económico del movimiento de dichas curvas en nuestra vida cotidiana. Tanto para el ciudadano común como para el científico en el área físico-matemática --no necesariamente de salud-- surgen numerosas dudas sobre los procesos de transmisión de la enfermedad y los posibles métodos de alivio, incluyendo las vacunas. Sobre todo, al seguir cuidadosamente la evolución pandémica por los canales oficiales, queda en general una gran incertidumbre sobre las técnicas de toma de datos relacionadas con la población susceptible, la infectada y la removida; la toma es llevada a cabo por organismos que suponemos son calificados. Por esta razón, nos hemos dado a la tarea de modelar, resolver y extender los sistemas de dinámica poblacional pertinentes con el fin no solo de aproximar, sino de predecir a tiempos razonablemente cortos los datos fenomenológicos que se nos presentan. Dichos datos influyen en el devenir de políticas públicas por aplicarse, las cuales también pueden incorporarse en nuestros modelos como función del tiempo. En el caso de México, hemos encontrado una gran regularidad en la primera parte de la evolución infecciosa, con curvas obtenibles no solo de modelos dinámicos de tres especies, sino de modelos simplificados comunes, como el mapeo logístico. Hemos encontrado una estimación para el número de defunciones en escenarios donde las políticas de confinamiento son relajadas en cualquier ventana de tiempo, así como su sensibilidad a fluctuaciones en los datos tomados. Sin embargo, también pueden señalarse las grandes irregularidades ocurridas el 19 de noviembre de 2020 y el 4 de enero de 2021 en las curvas publicadas. Aunque estas variaciones adversas pueden aducirse a las festividades de temporada (y otros eventos, como el 'buen fin') existe una fuerte interrogante sobre la drástica velocidad de cambio de infecciones y muertes. El cambio drástico no parece congruente con mapeos dinámicos de n -grados de libertad, incluso aquellos controlados por tasas de infección variables en el tiempo. Nuestras soluciones, tanto exactas como numéricas, pueden arrojar luz sobre lo que es un dato

erróneo, sea este exagerado o subestimado, en función de la velocidad de respuesta de un sistema de ecuaciones diferenciales. Continuaremos explorando estas líneas.

E. Sadurní