

Revisión

## Factores ambientales y enfermedades infecciosas: Una revisión sistemática

### *Environmental factors and infectious diseases: A systematic review*

<https://doi.org/10.52808/bmsa.7e5.612.004>

Iván Pimienta Concepción<sup>1\*</sup>

<https://orcid.org/0000-0002-7623-7499>

Olivia Elizabeth Altamirano Guerrero<sup>1</sup>

<https://orcid.org/0000-0002-0095-3237>

Guillermo de Jesús Bastidas Tello<sup>1</sup>

<https://orcid.org/0000-0002-1887-3366>

Carlos Alberto Pérez Padilla<sup>1</sup>

<https://orcid.org/0000-0003-1898-0492>

Recibido: 01/03/2021

Aceptado: 25/05/2021

### RESUMEN

Factores ambientales y enfermedades infecciosas están estrechamente relacionadas, los modelos matemáticos buscan explicar estas interacciones, sin embargo, las mismas prácticas de análisis se observan a menudo con las enfermedades infecciosas a pesar de las diferencias sustanciales con las enfermedades no infecciosas que pueden resultar en desafíos analíticos. Objetivo: Por tal razón, se realizó una revisión bibliográfica sobre los antecedentes, importancia y utilización de modelos matemáticos empleados en las enfermedades infecciosas. Métodos: Después de filtrar se analizaron 15 artículos de las bases de datos multidisciplinarias: Biblioteca virtual en salud, EBSCO Host, Scielo, los motores de búsqueda Google académico y Science Direct. Resultados: Estudios publicados sobre las asociaciones entre factores climáticos relacionados con malaria, cólera, dengue, influenza y SARS. Los modelos matemáticos son un instrumento útil para el abordaje de problemas en salud actuales. La utilización de modelos más complejos como lo son los modelos SI, SIS y SIR son un mejor esquema de modelación para las enfermedades infecciosas, la importancia de la inmunidad cruzada en modelos de influenza, la importancia de las campañas de vacunación y períodos de cuarentena en un modelo epidemiológico. Conclusión: La consecuencia de no tomar las medidas adecuadas para abordar estos problemas es la distorsión de las cuantificaciones adecuadas del riesgo de los factores de exposición. Los estudios futuros deben prestar especial atención a los detalles de interacción, infección, recuperación y examinar modelos o métodos alternativos que mejoren los estudios, utilizando análisis de regresión de series de tiempo para determinantes ambientales de las enfermedades infecciosas.

**Palabras clave:** Factores ambientales, enfermedades infecciosas, epidemiología, modelos matemáticos.

### ABSTRACT

*Environmental factors and infectious diseases are closely related, mathematical models seek to explain these interactions, however, the same analytical practices are often observed with infectious diseases despite substantial differences from non-infectious diseases that can result in analytical challenges. Objective: For this reason, a bibliographic review was carried out on the antecedents, importance and use of mathematical models used in infectious diseases. Methods: After filtering, 15 articles from the multidisciplinary databases were analyzed: Virtual Health Library, EBSCO Host, Scielo, the academic search engines Google and Science Direct. Results: Published studies on the associations between climatic factors related to malaria, cholera, dengue, influenza and SARS. Mathematical models are a useful instrument for addressing current health problems. The use of more complex models such as the SI, SIS and SIR models are a better modeling scheme for infectious diseases, the importance of cross immunity in influenza models, the importance of vaccination campaigns and quarantine periods in an epidemiological model. Conclusion: The consequence of not taking adequate measures to address these problems is the distortion of adequate quantifications of the risk of exposure factors. Future studies should pay particular attention to the details of interaction, infection, recovery and examine alternative models or methods that improve the studies, using time series regression analysis for environmental determinants of infectious diseases.*

**Key words:** Environmental factors, infectious diseases, epidemiology, mathematical models.

<sup>1</sup> Universidad Regional Autónoma de los Andes, Ambato, Ecuador

\*Autor de Correspondencia: [ua.ivanpimienta@uniandes.edu.ec](mailto:ua.ivanpimienta@uniandes.edu.ec)

### Introducción

Las enfermedades infecciosas son causadas por microorganismos patógenos, entre las que se destacan: bacterias, virus, parásitos y hongos. Dentro de estas enfermedades también se encuentran las zoonosis, que tienen lugar en los animales y que al ser transmitidas al hombre pueden causar la enfermedad (Martínez, 2014). Desde los comienzos de la civilización estas enfermedades han afectado a los humanos, permaneciendo como causas líderes de morbi-mortalidad en todo el planeta, ocupando así, la segunda causa de muerte y la principal responsable de pérdida de años de vida por discapacidad a escala mundial (Martínez, ob cit.).

A lo largo de la historia de la humanidad, el hombre ha sufrido el azote de diversas enfermedades, las cuales se extendieron rápidamente produciendo epidemias y pandemias dejando a su paso un gran número de muertos. Dentro de

las enfermedades infecciosas se encuentran las emergentes, entendiéndose por estas, a una clase de enfermedades infecciosas que surgen en lugares y momentos específicos, convirtiéndose en latentes amenazas epidémicas. Las enfermedades infecciosas emergentes son una gran amenaza para la salud, pues la aparición de nuevas cepas en los virus, por ejemplo, podría provocar una gran epidemia incrementando la tasa de mortalidad de una población (Pliego & Fraguela, 2011). Por otra parte, están las enfermedades infecciosas reemergentes, refiriéndose al resurgimiento de enfermedades que ya habían sido aparentemente erradicadas o su incidencia había sido disminuida pero que siempre deben ser vigiladas dado que las condiciones y/o factores de riesgo persisten en dichas regiones geográficas (Pliego & Fraguela, ob cit).

Las enfermedades infecciosas son el resultado de la invasión de microorganismos dañinos en un hospedero, la supervivencia de los microorganismos depende de una eficaz transmisión a un hospedador susceptible. Es por ello que el conocer las formas de transmisión y las condiciones que favorecen la supervivencia de un agente infeccioso es fundamental para la aplicación de técnicas de control de una enfermedad. La transmisión de estos microorganismos puede ser de manera horizontal directa e indirecta o vertical congénita y hereditaria (Pliego & Fraguela, 2011; Medina, 2010).

Según la OMS, la epidemiología es el estudio de la distribución y los determinantes de estados o eventos (en particular de enfermedades) relacionados con la salud y la aplicación de esos estudios al control de enfermedades y otros problemas de salud (OMS, 2020). El tema de los factores determinantes de la salud de las poblaciones se ha instalado con gran fuerza en las agendas sanitarias de la mayoría de los países y de los organismos internacionales.

Dentro de estos determinantes de salud de las enfermedades infecciosas se encuentran los factores ambientales o del entorno, donde se incluyen las causas biológicas (bacterias, virus, protozoarios, toxinas, hongos, alérgenos), como agentes etiológicos y vectores dentro del ciclo de transmisión (Mesa, 2011). Ejemplo de estas enfermedades transmitidas por vectores son las arbovirosis, donde se incluye la enfermedad del dengue, que se posiciona como un problema muy grave a nivel mundial, debido a que su vigilancia y prevención implica también la vigilancia de sus vectores, lo que hace difícil su control y casi imposible evitar su expansión a cualquier país tropical o subtropical, e incluso algunas regiones templadas (Arredondo-García, Méndez-Herrera & Medina-Cortina, 2016).

La ecoepidemiología, utiliza herramientas ecológicas, para la evaluación integral de la interacción de las personas y las poblaciones con factores ambientales que puedan influir en la evolución de la enfermedad en estudio. El análisis, que se centra en las causas ambientales de las enfermedades y en la influencia de los factores ambientales en diversas enfermedades, proporciona nuevos conocimientos acerca de la relación recíproca entre el medio ambiente y la salud. Según las estimaciones, cada año se registran más de 13 millones de defunciones provocadas por causas ambientales prevenibles. Casi un tercio de la carga de mortalidad y morbilidad en las regiones menos adelantadas como África subsahariana y Asia meridional se debe a causas ambientales, incluyendo contaminación del agua y aire (OMS, 2020).

En el grupo de modelos teóricos y metodológicos que apoyan los estudios epidemiológicos se encuentra la modelación matemática, que establece un modelo conformado por un conjunto de símbolos y relaciones matemáticas formales que representan una aproximación a las relaciones reales existentes en el objeto de estudio (Mesa, 2011).

El esfuerzo por descifrar el comportamiento de las enfermedades a través de fórmulas matemáticas, los llamados “modelos”, ha tenido recientemente un gran resurgir, especialmente en el caso de enfermedades infecciosas nuevas como la pandemia por el SARS-CoV-2 actual (Casals, Guzmán & Caylá, 2009; Grillo *et al.*, 2020). Pero el interés no es nuevo, Daniel Bernoulli, en 1760 propuso varios modelos matemáticos para algunas enfermedades infecciosas, especialmente la viruela que afectaba en ese tiempo a la población inglesa (Bernoulli & Blower, 2004; Montesinos & Hernández, 2007). Ronald Ross, explicó el modelo de la malaria humana, con el ciclo completo y la inclusión del mosquito como vector y el parásito *Plasmodium*, razón por la cual obtuvo el premio Nobel en 1902 (González *et al.*, 2020).

El uso de métodos cuantitativos basados en modelos matemáticos para estudiar la dinámica de transmisión y control de las enfermedades infecciosas ha ganado importancia de forma notoria entre los científicos y profesionales de la salud para idear programas efectivos de control e interpretar patrones epidemiológicos. Por tal razón, se realizó una revisión bibliográfica sobre los antecedentes, importancia y utilización de modelos más complejos como lo son los modelos SI (Susceptibles Infectados), SIS (Susceptibles, Infectados, Susceptibles) y SIR (Susceptibles, Infectados, Recuperados), que se utilizan cada vez más para modelar las enfermedades infecciosas.

## **Materiales y Métodos**

Se realizó una revisión sistemática de literatura a partir de una búsqueda de artículos por sensibilidad en las bases de datos multidisciplinarias: Biblioteca virtual en salud, EBSCO Host (AcademicSearch complete, GreenFILE,

MedicLatina, MEDLINE, salud para todos), Scielo y los motores de búsqueda Google académico y ScienceDirect. Dicha búsqueda se realizó entre enero y mayo de 2020.

Los términos utilizados para la búsqueda fueron localizados en DeCS y MeSH y corresponden a: factores ambientales, enfermedades infecciosas, epidemiología y modelos matemáticos.

Los criterios de inclusión fueron: artículos donde se describían modelos epidemiológicos y matemáticos sobre los factores ambientales y las enfermedades infecciosas, en idioma español, inglés y portugués, e investigaciones que contenían los términos de búsqueda en el título o el resumen.

El análisis de la información se realizó mediante una tabla de Excel teniendo en cuenta las siguientes variables:

- 1) Datos generales del artículo: título, objetivo, año de publicación, institución que realizó la investigación (universidad, institución del sector salud, institución gubernamental), región donde se ejecutó la investigación, lugar donde se llevó a cabo el estudio (escuela, colegio, comunidad), población y tipo de investigación.
- 2) Enfermedad infecciosa y factores ambientales abordados.
- 3) Modelo matemático usado para la vigilancia epidemiológica y control de la enfermedad.

En la búsqueda inicial se identificaron 750 artículos, de los cuales 683 fueron hallados Biblioteca virtual de salud, 35 en Science Direct; 17, en EBSCO y 15 en Scielo. Una vez revisados los títulos y resúmenes, se realizó la lectura completa de 42 artículos. Dos evaluadores de forma independiente examinaron los textos completos, aplicando los criterios de elegibilidad, 15 quedaron para evaluación final (Figura 1).

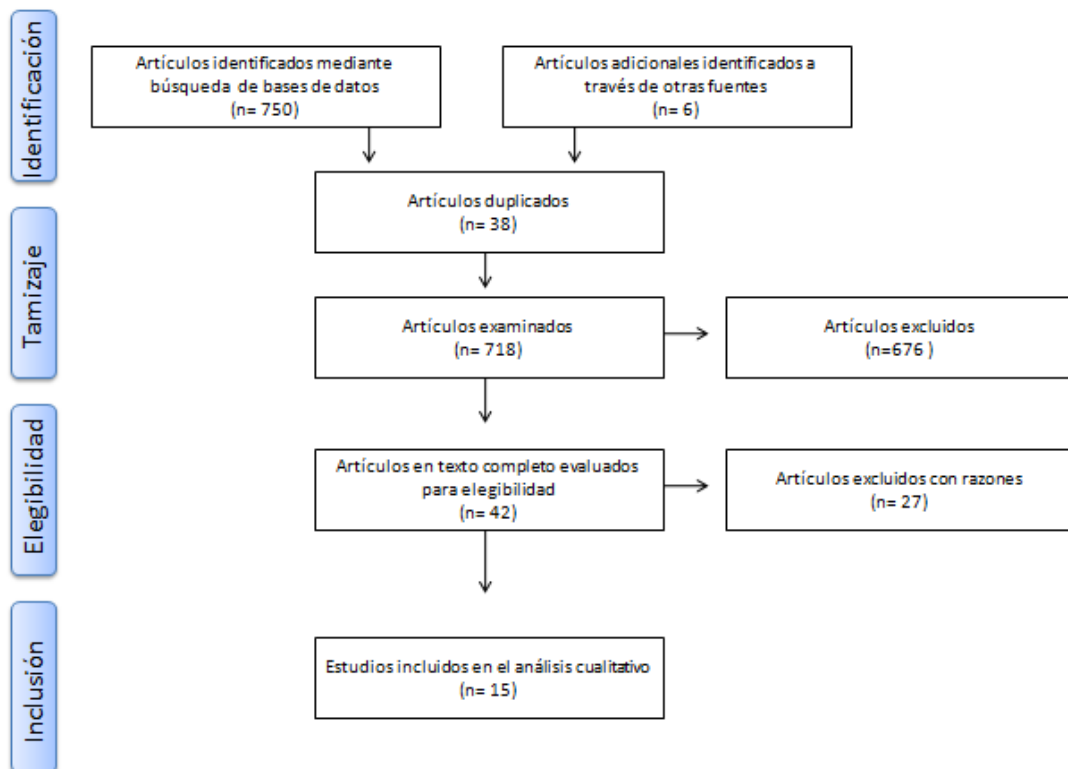


Figura 1. Flujograma de información (Moher *et al.*, 2009)

## Resultados y Discusión

### Factores ambientales y enfermedades infecciosas

Para poder prevenir y controlar enfermedades infecciosas, es primordial comprenderlas como un fenómeno complejo en el que intervienen diversos factores y agentes. De esta manera, su estudio se nutre del aporte de diversas

disciplinas como la biología, epidemiología, ecología, matemática, sociología y muchas otras, construyendo un gran campo de estudio interdisciplinario (Martínez, 2014).

Las tres enfermedades en las que más influyen las malas condiciones ambientales son: la diarrea, el 94% provocada en gran medida por la insalubridad del agua y de los servicios de saneamiento, y por la falta de higiene, las infecciones de las vías respiratorias inferiores, producidas en gran medida por la contaminación del aire en espacios tanto exteriores como interiores y la malaria, por deficiencias en el abastecimiento de agua, en la vivienda y en la ordenación del uso de la tierra, que impiden reducir efectivamente las poblaciones de vectores (OMS, 2020).

La dinámica epidémica de los patógenos asociados con las enfermedades transmitidas por el agua, como es el caso de las infecciones por *Vibrio* tienen una gran dependencia de los factores físicos-químicos y biológicos del medio ambiente que van a modular su presencia y su abundancia mediante un equilibrio entre crecimiento y depredación. Variaciones en las condiciones ambientales y ecológicas del medio van a repercutir sobre la dinámica biológica de estos microorganismos favoreciendo o limitando su abundancia y promoviendo la aparición de infecciones cuando las condiciones ambientales permiten alcanzar altas cargas de organismos en alimentos marinos de consumo (Baker *et al.*, 2010; Martínez *et al.*, 2010).

En las enfermedades producidas por arbovirosis como fiebre amarilla, dengue, chikungunya, zika, entre otros, los factores ambientales, como la humedad y la temperatura, condicionan notablemente el comportamiento poblacional de los vectores involucrados en la transmisión (López-Latorre & Neira, 2016; Llibre-Mendoza & Corrales-Reyes, 2020). Ejemplo, los mosquitos de la especie *Aedes* depositan sus huevos en superficies de agua estancada y por lo tanto la lluvia tiene el potencial de aumentar la producción de huevos por los mosquitos adultos. Además, en bajas temperaturas disminuyen su actividad y entonces se reproducen más en las épocas cálidas (Cocucci & Sibona, 2015).

Las lluvias, en principio aumentan los hábitats de reproducción y por lo tanto incrementan la cantidad de mosquitos. Por ejemplo, los *Aedes*, les basta colocar sus huevos sobre lugares húmedos, cuando una lluvia aumenta el nivel de agua, los huevos eclosionan. Por lo tanto, esta especie surge con mayor rapidez luego de las precipitaciones (Cocucci & Sibona, 2015).

La temperatura, se sabe que afecta el comportamiento de los mosquitos. Debajo de cierto umbral los mosquitos entran en un estado de inactividad llamado diapausia. A medida que suben las temperaturas los mosquitos retoman sus actividades y vuelven a reproducirse. De esta manera, están bastante marcadas la estación fría y la cálida en el ciclo de vida de los mosquitos. Se estima que el umbral mencionado es aproximadamente 14 °C (Cocucci & Sibona, 2015).

Un modelo de ecuaciones diferenciales para representar la dinámica de infección del West Nile virus en Córdoba, incorpora la influencia de la temperatura y la humedad en la capacidad reproductiva de los vectores. Al implementarlo se evidenció un fuerte peso de las precipitaciones en la población total de mosquitos que se traslada al resto del ciclo infeccioso del virus. Quedan muy marcados picos anuales de las poblaciones de mosquitos, tanto en la infectada como en la no infectada, en las épocas de mayores precipitaciones. Además, en la población de huéspedes se observa un rápido traspaso de las aves desde la clase de susceptibles hacia la de recuperadas, pasando previamente por la de infectadas. Se da un crecimiento en la población de aves sanas en la temporada fría que se corta con la llegada de los mosquitos en la temporada más cálida. Esta acumulación de aves susceptibles puede llevar a brotes de la enfermedad cuando se termina la temporada fría pues con el retorno de los mosquitos y la mayor cantidad de huéspedes se incrementan abruptamente las poblaciones infectadas. Esto tiene la consecuencia que una reemergencia de la enfermedad puede ser amplificada por este efecto de acumulación de huéspedes sanos (Cocucci & Sibona, 2015).

### Primeros modelos matemáticos

Los primeros intentos que se dieron para modelar matemáticamente la difusión de una enfermedad fueron realizados en 1760 por el matemático Daniel Bernoulli, quien presentó ante la Real Academia de Ciencias de París un modelo matemático para estudiar la efectividad de las técnicas del cálculo de variaciones aplicados al estudio de la viruela, cabe destacar que el problema teórico planteado por Bernoulli surgió de un problema real y sus conclusiones se relacionaron con acciones prácticas, es decir, influyó en las políticas de salud de esa época (Daley & Gani, 1999). Aunque en el siglo XVIII se presentó el primer modelo matemático, fue hasta el siglo XIX donde se obtuvo un desarrollo de la epidemiología matemática. Este desarrollo y crecimiento exponencial fue gracias a las teorías de gérmenes de Jacob Henle (1809 - 1885), Robert Koch (1843-1910), Joseph Lister (1827-1912) y los trabajos de Louis Pasteur (1827-1875), debido a los cuales se conocen los mecanismos de transmisión físicos involucrados en una enfermedad. Esto permitió el desarrollo de modelos matemáticos adecuados para explicar la propagación de una enfermedad en una población (Daley & Gani, 1999).

El conocer los mecanismos de difusión de una enfermedad dio pie a nuevos desarrollos en la epidemiología. Hammer (1906), en su intento por comprender la recurrencia de epidemias de sarampión postuló que el curso de una epidemia depende de la tasa de contactos entre individuos susceptibles e infectados. Esta idea se convirtió en uno de los conceptos más importantes en la epidemiología matemática la ley de acción de masas de la epidemiología, la cual dice

que la tasa a la cual una enfermedad se propaga es proporcional al número de individuos susceptibles por el número de individuos infecciosos. Con el uso de esta idea Hammer pudo deducir la existencia de brotes epidémicos recurrentes (aparición repentina de una enfermedad debido a una infección en un lugar específico) (Sánchez, Miramontes & Gutiérrez, 2002).

Modelos matemáticos más recientes han incluido aspectos como la inmunidad pasiva, la pérdida gradual del efecto de una vacuna contra la enfermedad y la inmunidad adquirida, las etapas de la infección, transmisión vertical, estructura de edades y sociales, difusión espacial, vacunación y cuarentena. Un modelo global para predecir la dinámica del COVID-19 considera el comportamiento del virus en la población y tiene en cuenta tres grupos: **Susceptibles**, **Infectados** y **Recuperados**, conocido como modelo **S.I.R.** Para el modelo es importante conocer las tasas de infección ( $\beta$ ) (% de infectados entre los expuestos) y recuperación ( $\gamma$ ) (% de recuperados entre los infectados) (Grillo *et al.*, 2020).

### Importancia de los modelos matemáticos en el control de las enfermedades infecciosas

A lo largo de la historia se han empleado los modelos matemáticos para controlar diferentes enfermedades infecciosas con resultados favorables (Tabla 1). Un modelo matemático busca describir los procesos asociados a la dinámica de la infección, los datos recolectados y el fin que se le quiera dar. Estos permiten simular el comportamiento de la enfermedad dando acceso a información sumamente importante tal como la probabilidad de que se produzcan brotes, su magnitud, el efecto que tendría una posible campaña de vacunación u otro intento de erradicación, entre otras cosas (Diekman Heesterbeek & Metz, 1990).

**Tabla 1. Modelos Matemáticos empleados en enfermedades infecciosas**

Autor/año	Investigación	Modelo matemático	Fundamentos
Montesinos-López & Hernández-Suárez (2007).	Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas.	S. I (Susceptibles, Infectados), S. I. S. (Susceptibles, Infectados, Susceptibles) S. I. R (Susceptibles, Infectados y Recuperados)	Contribuyen a prevenir futuras situaciones patológicas, determinar la prevalencia e incidencia y coadyuvar a tomar decisiones objetivas para el control o supresión de las enfermedades infecciosas.
Casals, Guzmán & Caylá, (2009)	Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles	S. I. S. (Susceptibles, Infectados, Susceptibles) S. I. R (Susceptibles, Infectados y Recuperados)	Los modelos matemáticos en el estudio de las enfermedades transmisibles despiertan un interés creciente que aumentará todavía más con los estudios que se están realizando en torno a la nueva gripe A/H1N1, o a posibles nuevas pandemias que sin duda se registrarán en los próximos años
Mesa-Mazo <i>et al.</i> , (2010)	Modelo matemático para la dinámica de transmisión del VIH/SIDA en una población sexualmente activa	S. I (Susceptibles, Infectados)	Describe la dinámica de transmisión del VIH-SIDA, síndrome de inmunodeficiencia adquirida, es decir, la población se divide en susceptibles (individuos que pueden ser infectados) e infectados (individuos portadores del VIH-SIDA)
López <i>et al.</i> , (2012)	Modelo matemático para el control de la transmisión del Dengue	S. I. R (Susceptibles, Infectados y Recuperados)	El modelo matemático propuesto es capaz de simular la dinámica de transmisión del dengue, muestra el comportamiento de las poblaciones del <i>Aedes aegypti</i> y de las personas afectadas y puede ser una herramienta precisa y sostenible a tener en cuenta para apoyar de forma científica la toma de decisiones en los programas de vigilancia y control
Fresnadillo <i>et al.</i> , (2013)	Modelización matemática de la propagación de enfermedades infecciosas: de dónde venimos y hacia dónde vamos	S. I. R (Susceptibles, Infectados y Recuperados)	Estudia el carácter individual, esto es, la probabilidad de contagio, de recuperación, el periodo de incubación e infeccioso dependerá del individuo en cuestión (no obstante, algunos de estos parámetros siempre se moverán en un cierto intervalo).
Grillo <i>et al.</i> , (2020)	Modelos matemáticos y el COVID-19	S. I. R (Susceptibles, Infectados y Recuperados)	Conocer las tasas de infección ( $\beta$ ) (% de infectados entre los expuestos) y recuperación ( $\gamma$ ) (% de recuperados entre los infectados).

La importancia de la construcción de los modelos matemáticos para enfermedades infecciosas radica en:

- a) La construcción de modelos revela algunas veces relaciones que no son obvias a primera vista;
- b) Una vez construido el modelo matemático es posible extraer de él propiedades y características de las relaciones entre los elementos que de otra forma permanecerían ocultas;

c) En la mayor parte de los problemas de enfermedades infecciosas del mundo real no es factible experimentar con la realidad, ya que puede ser muy costoso, peligroso, inmoral o incluso imposible. Por lo tanto, es natural intentar superar esta dificultad con la construcción de un modelo que describa de manera adecuada las características básicas de la epidemia y entonces usar el modelo para predecir las consecuencias de introducir cambios específicos (Diekman, Heesterbeek & Metz, 1990).

d) La función principal de un modelo para una enfermedad infecciosa consiste en proveer un medio que posibilite entender la dispersión de una enfermedad infecciosa a través de una población bajo diferentes escenarios.

### Principales modelos de transmisión de enfermedades infecciosas: Modelos *SI*, *SIS* y *SIR*

Los modelos para enfermedades, se distinguen dos enfoques predominantes pero que en algunos casos se mezclan: los modelos estocásticos y los determinísticos. Los estocásticos involucran variables cuyo comportamiento es desconocido o muy complejo y se las representa vía variables aleatorias de manera que adoptan valores de manera azarosa al momento de implementar el modelo. Así no se obtiene el mismo resultado en distintas “corridas” del mismo modelo. En contraste, los modelos determinísticos proponen una serie de reglas fijas que rijan al sistema de manera que, dados los datos iniciales necesarios siempre se obtiene lo mismo: el resultado está determinado por las condiciones iniciales. Un aspecto que se suele analizar en modelos determinísticos es su estabilidad. Una situación generada por un modelo bajo ciertas condiciones iniciales se dice estable si al perturbar ligeramente esas condiciones la situación no cambia dramáticamente (Cocucci & Sibona, 2015).

En los modelos epidemiológicos estándar se parte del supuesto de que los individuos se encuentran en uno de varios estados posibles. En función de dichos estados, la población puede incluirse en algunas categorías: individuos susceptibles (*S*), infectados (*I*) o removidos (*R*), etc. Los modelos más importantes son: *SI*, *SIS* y *SIR*, que pueden modelarse en forma determinista o estocástica y en todos ellos se asume que la interacción entre los individuos es aleatoria (Dietz, 1967). La mejor manera de modelar las enfermedades infantiles consiste en emplear un modelo *SIR* puesto que la infección lleva una inmunidad vitalicia. Para la mayor parte de las enfermedades de transmisión sexual (ETS) resulta más útil el modelo *SIS*, toda vez que tan sólo un número reducido de ETS confiere inmunidad tras la infección (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007). El VIH es una excepción clara y todavía puede describirse de forma adecuada, al menos en el mundo occidental, mediante el modelo *SI*. A continuación, se describen de modo sinóptico los modelos *SI*, *SIS* y *SIR* bajo sus dos versiones: determinística y estocástica. La ecuación 1 presenta el modelo *SI* en su versión determinística, es decir, como un modelo continuo en su forma más simple, consistente en un sistema de ecuaciones diferenciales:

$$\frac{dS}{dt} = -\lambda I(t)S(t)/N$$

$$\frac{dI}{dt} = \lambda I(t)S(t)/N$$

(Ec. 1)

En la ecuación 1 aparecen dos variables dependientes: el número de personas susceptibles (*S*) y el número de personas infectadas (*I*). En este modelo, bajo su versión estocástica, cada individuo infeccioso tiene contacto con otro, escogido al azar, a una tasa  $\lambda$  (contactos por unidad de tiempo). Por lo tanto, la variable aleatoria  $t_k$ , tiempo transcurrido entre la infección del individuo  $k-1$  y el individuo  $k$ , para  $k=1, 2, 3, \dots$  tiene una distribución exponencial con parámetro  $\lambda$ , una constante que no cambia con el tiempo. Esto significa que la variable aleatoria  $X(t)$ , que se refiere al número de susceptibles e infectados al tiempo  $t$ , es un proceso Poisson homogéneo (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007). Los estados del proceso al tiempo  $t$  se identifican por  $X(t) = \{S(t), I(t)\}$ , esto es, el número de susceptibles e infectados al tiempo  $t$ . Por consiguiente, cuando hay  $I$  infectados y  $S$  susceptibles, las probabilidades de transición son:

$$P(X(t+\delta) = \{S(t)-1, I(t)+1\} | X(t) = \{S(t)\}) = \lambda I(t)/S(t)/N$$

(Ec. 2)

Donde  $o(\delta)$  es una cantidad que tiende a cero cuando  $\delta$  tiende a cero. Para cada valor de tiempo bajo ambos modelos  $N = S(t) + I(t)$ , donde  $N$  es el tamaño de la población. Además, el significado de un contacto es cualquier actividad que resulta en la infección de un susceptible por un individuo infeccioso. También este modelo en ambas versiones es homogéneo para las personas, ya que se presupone que cada individuo tiene el mismo número *esperado* de contactos, de tal forma que es posible afirmar que el modelo presupone una interacción aleatoria. La solución a este modelo en ambas versiones traza una trayectoria en forma de *S*, debido a que el número de individuos infectados que puede transmitir la infección es bajo en las primeras etapas del proceso, mientras que el número de individuos

susceptibles es bajo en las últimas etapas. Como resultado, el número de infectados experimenta el mayor crecimiento durante la etapa intermedia del proceso (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007).

El modelo *SIS* puede formularse como un sistema de dos ecuaciones diferenciales, como se ilustra a continuación:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\lambda I(t)S(t)/N + \mu I(t) \\ \frac{dI}{dt} &= \lambda I(t)S(t)/N - \mu I(t) \end{aligned} \quad (\text{Ec.3})$$

La ecuación para el modelo *SIS* difiere de la del modelo *SI* porque se agrega el término  $\mu I(t)$  en la ecuación 3, que describe el ritmo al que los individuos se recuperan de la enfermedad o se convierten en susceptibles, por lo que se aplica en ambas ecuaciones. En el modelo *SIS* estocástico la tasa de contacto es también  $\lambda$  (contactos por unidad de tiempo). De nueva cuenta, la variable aleatoria tiempo transcurrido entre la infección del individuo  $k-1$  y el individuo  $k$ , para  $k=1,2,3, \dots$  tiene una distribución exponencial con parámetro  $\lambda$ . Del mismo modo, la variable aleatoria tiempo transcurrido entre la recuperación (el individuo se vuelve otra vez susceptible) del individuo  $k-1$  y el individuo  $k$ , para  $k=1,2,3, \dots$  tiene una distribución exponencial con parámetro  $\mu$ . Ambas,  $\lambda$  y  $\mu$ , son constantes que no cambian con el tiempo. Por lo tanto, la variable aleatoria  $X(t)$ , que alude al número de susceptibles e infectados al tiempo  $t$ , es un proceso Poisson homogéneo y también  $N=S(t)+I(t)$ , de manera que los estados del proceso al tiempo  $t$  se identifican por  $X(t)=\{S(t),I(t)\}$ , es decir, el número de susceptibles e infectados al tiempo  $t$ . Aquí, cuando hay  $I$  infectados y  $S$  susceptibles, las probabilidades de transición son (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007):

$$\begin{aligned} P(X(t+\delta)=\{S(t)-1,I(t)+1\}/X(t)) &= \{S(t),I(t)\} = I(t)S(t)/N \\ P(X(t+\delta)=\{S(t)+1,I(t)-1\}/X(t)) &= \{S(t),I(t)\} = \mu I(t) + o(\delta) \end{aligned} \quad (\text{Ec. 4})$$

De igual manera,  $o(\delta)$  es una cantidad que tiende a cero cuando también lo hace  $\delta$ . La solución al modelo *SIS* en ambas versiones también muestra que se debería esperar una trayectoria en forma de S en la cifra de infectados. No obstante, la trayectoria *SIS* difiere de la *SI* en que el número de personas infectadas al mismo tiempo nunca alcanza el total de la población (lo que no excluye la posibilidad de que cada uno de los individuos pueda infectarse en algún otro momento). Por el contrario, el proceso alcanza un equilibrio cuando exactamente el mismo número de individuos infecciosos se convierte en susceptible o viceversa (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007).

Finalmente, el modelo *SIR*, que en su forma más simple puede formularse como un conjunto de ecuaciones diferenciales, tal y como se muestra a continuación:

$$\begin{aligned} \frac{dS}{dt} &= -\lambda I(t)S(t)/N \\ \frac{dI}{dt} &= \lambda I(t)S(t)/N - \mu I(t) \\ \frac{dR}{dt} &= \mu I(t) \end{aligned} \quad (\text{Ec. 5})$$

En el modelo *SIR* estocástico cada individuo infeccioso tiene también contacto con otro, escogido al azar, a una tasa  $\lambda$  (contactos por unidad de tiempo). A diferencia del modelo *SIS*, un individuo infectado se recupera y en lugar de susceptible se vuelve inmune a una tasa  $\mu$ . De nueva cuenta, la variable aleatoria tiempo transcurrido entre la infección del individuo  $k-1$  y el individuo  $k$ , para  $k=1,2,3, \dots$ , muestra una distribución exponencial con parámetro  $\lambda$ . Del mismo modo, la variable aleatoria tiempo transcurrido entre la recuperación (el sujeto se vuelve inmune) de los individuos  $k-1$  y  $k$ , para  $k=1,2,3, \dots$ , tiene una distribución exponencial con parámetro  $\mu$ . Ambas,  $\lambda$  y  $\mu$ , son constantes que no cambian con el tiempo. Por consiguiente, la variable aleatoria  $X(t)$ , que denota el número de susceptibles e infectados al tiempo  $t$ , es un proceso Poisson homogéneo y aquí  $N=S(t)+I(t)+R(t)$ ; en consecuencia, los estados del proceso al tiempo  $t$  pueden identificarse con  $X(t)=\{S(t),I(t)\}$ , esto es, el número de susceptibles e infectados al tiempo  $t$ . Aquí, las probabilidades de transición son (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007):

$$\begin{aligned} P(X(t+\delta)=\{S(t)-1, I(t)+1/X(t)\}=\{S(t), I(t)\}) &= \lambda I(t)S(t)/N \\ P(X(t+\delta)=\{S(t), I(t)-1/X(t)\}=\{S(t), I(t)\}) &= \mu I(t) + o(\delta) \end{aligned} \quad (\text{Ec. 6})$$

También en este caso  $o(d)$  es una cantidad que tiende a cero cuando  $d$  también lo hace. El modelo *SIR* describe el proceso en las tres distintas etapas. La solución al modelo *SIR* muestra asimismo una trayectoria en forma de S en las primeras fases de la epidemia. Este modelo difiere tanto del modelo *SI* como del *SIS* porque muestra una propensión a acabar en cero infectados a largo plazo (Montesinos-López & Hernández-Suárez, 2007).

En epidemiología es natural pensar que los procesos son estocásticos debido a los eventos azarosos en juego (por ejemplo, es sostenible que el contacto entre una persona enferma y una sana, y el posible contagio de la enfermedad, sea un evento azaroso), sin embargo, situaciones que involucren a un gran número de individuos, admiten descripciones determinísticas ya que los eventos azarosos parecen “emparejarse” o adquirir cierto patrón fijo. Que el mundo parezca “ser estocástico” no implica que los modelos estocásticos sean mejores que los determinísticos. Desde ambos enfoques se puede lograr una buena descripción de un fenómeno biológico (Cocucci & Sibona, 2015).

## Conclusión

Los factores ambientales están estrechamente relacionados en la dispersión de las enfermedades infecciosas. Los modelos matemáticos son un instrumento útil para el abordaje de problemas en salud actuales. La utilización de modelos más complejos como lo son los modelos *SI*, *SIS* y *SIRS* son un mejor esquema de modelación para las enfermedades infecciosas, la importancia de la inmunidad cruzada en modelos de influenza, la importancia de las campañas de vacunación y períodos de cuarentena en un modelo epidemiológico.

El uso de modelos matemáticos proporciona un estudio dinámico de la transmisión y dispersión de las enfermedades infecciosas, proveyendo información relevante para programas efectivos de control e interpretar patrones epidemiológicos, útil para tomar decisiones, e instituir medidas operativas en el control o erradicación de una enfermedad infecciosa. Por lo tanto, contribuyen a prevenir futuras situaciones patológicas, determinar la prevalencia e incidencia y coadyuvar a tomar decisiones objetivas para el control o supresión de las enfermedades infecciosas.

La consecuencia de no tomar las medidas adecuadas para abordar estos problemas es la distorsión de las cuantificaciones adecuadas del riesgo de los factores de exposición. Los estudios futuros deben prestar especial atención a los detalles y examinar modelos o métodos alternativos que mejoren los estudios utilizando análisis de regresión de series de tiempo para determinantes ambientales de las enfermedades infecciosas.

## Conflictos de intereses

No hubo conflictos de intereses.

## Agradecimiento

Al Dios de la Vida por permitirnos seguir avanzando

## Referencias

- Arredondo-García J. L., Méndez-Herrer, A., & Medina-Cortina H. (2016). Arbovirus en Latinoamérica. *Acta pediátrica de México*. 37(2), 111-131.
- Baker C., Stockley L., Rangdale R. & Martinez-Urtaza J. (2010). Environmental occurrence and clinical impact of *Vibrio vulnificus* and *Vibrio parahaemolyticus*: a European perspective. *Environmental Microbiology Reports*. 2(1):7-18.
- Bernoulli D. & Blower S. (2004). An attempt at a new analysis of the mortality caused by smallpox and of the advantages of inoculation to prevent it. *RevMed Virol*. 14(5):275-88.
- Casals M., Guzmán K., & Caylà J.A. (2009). Modelos matemáticos utilizados en el estudio de las enfermedades transmisibles. *Revista Española de Salud Pública*. 83(5), 689-695.
- Cocucci T.J. & Sibona, G. (2015). Un modelo matemático para el West Nile Virus. Tesis de Grado presentado como requisito parcial para optar el Título de Especialista en Matemáticas. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina. Disponible en: <https://core.ac.uk/download/pdf/72042223.pdf>. (Acceso diciembre 2020).
- Daley D.J. & Gani J. (1999). *Epidemic Modelling: An Introduction*, Cambridge Studies in Mathematical Biology, Cambridge University Press.



- Diekman O., Heesterbeek J.A.P & Metz, J. (1990). On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $R_0$  in models of infectious diseases in heterogeneous populations. *J Math Biol.* 28:365-382.
- Dietz, K. (1967). Epidemics and Rumors: A survey. *JR Stat Soc.* 130(4):505-528.
- Fresnadillo M.J., García-Sánchez E., García-Merino E., Martín del Rey A. & García-Sánchez J.E. (2013). Modelización matemática de la propagación de enfermedades infecciosas: de dónde venimos y hacia dónde vamos. *Rev Esp Quimioter.* 26(2):81-9.
- González-Jaramillo V., González-Jaramillo N., Gómez-Restrepo C., Palacio-Acosta C. A., Gómez-López A, & Franco O.H. (2020). Proyecciones de impacto de la pandemia COVID-19 en la población colombiana, según medidas de mitigación. Datos preliminares de modelos epidemiológicos para el periodo del 18 de marzo al 18 de abril de 2020. *Rev Salud Pública.* 22:1-6.
- Grillo E.K., Santaella-Tenorio J., Guerrero R. & Bravo L.E. (2020). Modelos matemáticos y el COVID-19. *Colombia Médica.* 51(2):e-4277.
- Llibre-Mendoza E.Y. & Corrales-Reyes, I.E. (2020). Caracterización de pacientes con sospecha de arbovirosis atendidos en un policlínico de Jiguaní, Granma. *Revista Cubana de Investigaciones Biomédicas.* 39(4):e671.
- López-Latorre M.A. & Neira M. (2016). Influencia del cambio climático en la biología de *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) mosquito transmisor de arbovirosis humanas. *Rev Ecuador Med Cienc Biol.* 37(2):11-21.
- Martínez, J. (2014). Las enfermedades infecciosas emergentes y reemergentes, un tema de interés para todos. *Revista Médica Electrónica.* 36(5):537-539.
- Martinez-Urtaza J., Bowers J., Trinanes J. & DePaola, A. (2010). Climate anomalies and the increasing risk of *Vibrio parahaemolyticus* and *Vibrio vulnificus* illnesses. *Food Research International.* 43(7):1780-90.
- Medina, G. (2010). Ecología de enfermedades infecciosas emergentes y conservación de especies silvestres. *Archivos de medicina veterinaria.* 42(1): 11-24.
- Mesa M.J. (2011). Modelos epidemiológicos. Marco Teórico. Blog Modelos Matemáticos en Epidemiología. Disponible en: <http://modelosepidemiologicos.blogspot.com/2011/12/modelos-epidemiologicos-marcoteorico.html> (Acceso enero 2021).
- Mesa-Mazo M.J., Vergaño-Salazar J.G., Sánchez-Botero C E., & Muñoz-Loaiza, A. (2010). Modelo matemático para la dinámica de transmisión del VIH/SIDA en una población sexualmente activa. *Rev. Salud Pública.* 12 (2):308-316.
- Moher D., Liberati A. & Tetzlaff, D.G. (2009). Preferred reporting items for systematic reviews and meta-analysis: The PRISMA Statement. *PlosMed*;6(6): e1000097.
- Montesinos-López O.A. & Hernández-Suárez C.M. (2007). Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas. *Salud Pública Mex.* 49(3):218-26.
- Organización Mundial de la Salud. (2020). Epidemiología. Disponible en: <https://www.who.int/topics/epidemiology/es/#:~:text=La%20epidemiolog%C3%ADa%20es%20el%20estudio,y%20otros%20problemas%20de%20salud>. (Acceso enero 2021).
- Organización Mundial de la Salud. (2020). La exposición a riesgos ambientales provoca casi una cuarta parte de las enfermedades. Disponible en: <https://www.who.int/mediacentre/news/releases/2006/pr32/es/#:~:text=Las%20cuatro%20enfermedades%20en%20las,traumatismos%20involuntarios%2C%20y%20la%20malaria>. (Acceso febrero 2021).
- Pliego E.C. & Fraguera, A. (2011). Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas. [Tesis de Grado presentado como requisito parcial para optar el Título de Especialista en Matemáticas]. Benemérita Universidad Autónoma de Puebla. México.
- Sánchez F., Miramontes P. & Gutiérrez J.L. (2002). Clásicos de la Biología Matemática, Siglo XXI, Primera edición 2002.