



Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo  
Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería  
Área Académica de Matemáticas y Física

---

# Un modelo para la dinámica de una ETS con poblaciones hetero, homo y bisexuales mediante ecuaciones diferenciales con retardo

---

T E S I S

Que para obtener el título de

Maestro en Matemáticas

PRESENTA

Lic. José Juan Hernández Cervantes

Bajo la dirección de

Dr. Roberto Ávila Pozos

Dra. Brenda Tapia Santos

Mineral de la Reforma, Hidalgo.

Marzo de 2025



# Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

Instituto de Ciencias Básicas e Ingeniería

School of Engineering and Basic Sciences

Área Académica de Matemáticas y Física

Department of Physics and Mathematics

Mineral de la Reforma, Hgo., a 21 de marzo de 2025

Número de control: ICBI-AAMyF/257/2025

Asunto: Autorización de impresión de tesis

**MTRA. OJUKY ROCÍO ISLAS MALDONADO**  
**DIRECTORA DE ADMINISTRACIÓN ESCOLAR**

El Comité Tutorial de la tesis titulada “Un modelo para la dinámica de una ETS con poblaciones hetero, homo y bisexuales mediante ecuaciones diferenciales con retardo”, realizada por el sustentante **José Juan Hernández Cervantes**, con número de cuenta **294803**, perteneciente a la **Maestría en Matemáticas**, una vez que ha revisado, analizado y evaluado el documento recepcional de acuerdo a lo estipulado en el Artículo 110 del Reglamento de Estudios de Posgrado, tiene a bien extender la presente:

### AUTORIZACIÓN DE IMPRESIÓN

Por lo que el sustentante deberá cumplir los requisitos del Reglamento de Estudios de Posgrado y con lo establecido en el proceso de grado vigente.

Atentamente  
“Amor, Orden y Progreso”

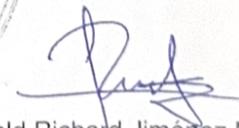
El Comité Tutorial

  
Dr. Roberto Ávila Pozos  
Director



  
Dra. Brenda Tapia Santos  
Co Directora

  
Dr. Benjamín Alfonso Itzá Ortiz  
Miembro del comité

  
Dr. Ronald Richard Jiménez Munguía  
Miembro del comité



Ciudad del Conocimiento, Carretera Pachuca-Tulancingo Km. 4.5 Colonia Carboneras, Mineral de la Reforma, Hidalgo, México. C.P. 42184  
Teléfono: 52 (771) 71 720 00 Ext: 40124, 40119  
aamyf\_icbi@uaeh.edu.mx, ravila@uaeh.edu.mx

uaeh.edu.mx

## Agradecimientos

Primeramente a mis padres, Enrique y Lore, por siempre confiar en mí. Su amor y apoyo incondicional han sido el motor que me ha traído hasta aquí. En todo lo que hago están ustedes. Este logro también es suyo.

A Glo, por esas noches en que se desveló conmigo ayudándome a realizar y verificar esas largas y tediosas operaciones, pero sobre todo, por su gran cariño y por recordarme siempre que, incluso en los momentos más difíciles, soy capaz de seguir adelante.

Al Dr. Roberto Ávila Pozos por su paciencia y sobre todo por ser mi mentor a lo largo de este proceso y desde mi etapa en licenciatura. La enorme confianza que depositó en mí ha sido fundamental en mi desarrollo académico y personal.

De igual forma, a la Dra. Brenda Tapia Santos, por brindarme su guía durante el desarrollo de mi tesis y por motivarme a compartir parte de los resultados de este trabajo en la Universidad Veracruzana, así como por su cálida hospitalidad.

Agradezco también a los sinodales por sus valiosas observaciones, algunas de las cuales yo no podría haber notado y que sin duda han ayudado a completar el trabajo

Finalmente al CONAHCyT por haberme brindado la Beca Nacional para Estudios de Posgrado (No. CVU 1249920), apoyo indispensable sin el cual no podría haber concluido mis estudios de maestría.

*“Las matemáticas logran abordar la realidad tangible siendo conceptuales. No podemos hacer frente a toda la complejidad física; debemos idealizar”.*

*-George Pólya*

## Resumen/Abstract

Se propone un modelo matemático epidemiológico tipo SI (que divide a la población en Susceptibles e Infectados) para el estudio de la dinámica de una enfermedad de transmisión sexual (ETS), considerando a la población por sexo y orientación sexual, tomando en cuenta el periodo de incubación que debe transcurrir antes de que un individuo susceptible contagiado se convierta en un individuo infectado que puede propagar la enfermedad. Para ello, se utilizará un sistema de ecuaciones diferenciales con retardo (EDR), sobre el que se calcula la matriz de la siguiente generación y su correspondiente polinomio característico, para el cálculo por métodos numéricos del número reproductivo básico. Se encuentran también dos de los equilibrios del sistema y se revisa la teoría para el estudio de su estabilidad. Finalmente, se realizan y describen diversas simulaciones numéricas usando el software libre **R**.

**Palabras clave :** Ecuaciones diferenciales con retardo, matriz de la siguiente generación, enfermedades de transmisión sexual, modelación matemática.

An SI type epidemiological mathematical model is proposed (which divides the population into Susceptible and Infected) for the study of the dynamics of a sexually transmitted disease (STD), considering the population by sex and sexual orientation, taking into account the incubation period that must elapse before an infected susceptible individual becomes an infected individual who can spread the disease. To do this, a system of delay differential equations (DDE) will be used, on which the matrix of the next generation and its corresponding characteristic polynomial are calculated to obtain the basic reproductive number by numerical methods. Two of the system's equilibria are found and the theory is reviewed to study their stability. Finally, various numerical simulations are performed and described using the free software **R**.

**Keywords :** Delay differential equations, next generation matrix, sexually transmitted diseases, mathematical modeling.

# Índice general

<b>Agradecimientos</b>	<b>III</b>
<b>Resumen/Abstract</b>	<b>IV</b>
<b>Introducción</b>	<b>VII</b>
<b>1. Preliminares</b>	<b>1</b>
1.1. Ecuaciones diferenciales con retardo . . . . .	1
1.2. Análisis cualitativo . . . . .	4
1.2.1. Sistemas lineales autónomos . . . . .	5
1.2.2. La ecuación característica . . . . .	6
1.2.3. La ecuación escalar . . . . .	8
1.2.4. Principio de estabilidad linealizada . . . . .	8
1.2.5. Estabilidad absoluta . . . . .	9
1.3. $\mathfrak{R}_0$ y matriz de la siguiente generación . . . . .	10
<b>2. Modelo</b>	<b>11</b>
2.1. Existencia, unicidad y no negatividad de la solución . . . . .	13
2.2. Análisis cualitativo del modelo . . . . .	14
2.2.1. Puntos de equilibrio . . . . .	14
2.3. Cálculo de $\mathfrak{R}_0$ . . . . .	16
2.4. Linealización del sistema . . . . .	17
<b>3. Simulaciones Numéricas</b>	<b>21</b>
3.1. Simulaciones didácticas . . . . .	21
3.1.1. Caso en que $\mathfrak{R}_0 < 1$ . . . . .	22
3.1.2. Caso en que $\mathfrak{R}_0 > 1$ . . . . .	28
3.1.3. Diferentes dinámicas para valores similares de $\mathfrak{R}_0$ . . . . .	33

3.2. Simulación del modelo aplicado al estudio de la gonorrea . . . . .	34
<b>4. Conclusiones</b>	<b>41</b>
4.1. Trabajos Futuros . . . . .	42
<b>A. Apéndice</b>	<b>43</b>
A.1. Código en Python para determinar el equilibrio $E_1$ . . . . .	43
A.2. Código en Python para el cálculo del polinomio característico del modelo .	44
A.3. Polinomio característico asociado al equilibrio libre de enfermedad . . . . .	45
A.4. Código en R para generar los parámetros del modelo. . . . .	48

# Introducción

Uno de los objetivos de las matemáticas es el poder predecir, dentro de ciertas limitaciones, los fenómenos que suceden a nuestro alrededor y que suponen un impacto en nuestro modo de vida. La modelación matemática es la disciplina encargada de estudiar los comportamientos de sistemas que, de algún modo, describen una parte del mundo real que es difícil de observar, para ello se hace uso de herramientas matemáticas tales como las ecuaciones diferenciales, las cuales han sido útiles en la modelación de varios fenómenos como lo pueden ser físicos, económicos, químicos, biológicos o epidemiológicos. En concreto, nos centraremos en la modelación epidemiológica. Esta última es la ciencia que estudia los patrones de salud, enfermedad y factores asociados a nivel poblacional [15].

En los modelos con ecuaciones diferenciales ordinarias se supone que las tasas de cambio de las variables dependen únicamente de sus valores actuales y que estos cambios ocurren de manera inmediata. Sin embargo, en la modelación de ciertos fenómenos biológicos o epidémicos, suele ser más apropiado permitir que las tasas de cambio dependan de la historia previa. En este sentido, las ecuaciones diferenciales con retardo (EDR) permiten que la evolución de un sistema no solo dependa de su estado en el presente, sino también de su estado en tiempos pasados [14]. Este tipo de ecuaciones diferenciales se han estudiado durante los últimos 200 años y entre sus aplicaciones destaca nuestro campo de interés, la modelación epidemiológica. Para más información sobre la historia de las ecuaciones diferenciales con retardo puede consultarse [9].

Siguiendo con un contexto histórico, el primer acercamiento al estudio de las enfermedades data de, aproximadamente, el año 400, cuando Hipócrates publica un ensayo titulado “Sobre los aires, aguas y lugares”, en el que se sugería que los factores ambientales y los comportamientos personales influían en el avance de la enfermedad. Un suceso destacado ocurrió en 1760, cuando Daniel Bernoulli presentó ante la Real Academia de Ciencias de París, un modelo matemático para estudiar la efectividad de las técnicas del cálculo de variaciones, aplicadas al estudio de la viruela, lo que significó el primer intento para modelar matemáticamente la difusión de una enfermedad. Posteriormente, en 1927 Kermack y McKendrick publican un modelo epidemiológico determinista que incluye individuos susceptibles, infecciosos y recuperados [1]. En la segunda mitad del siglo XX, con la aparición del VIH, los esfuerzos por entender esta epidemia también llegaron a la epidemiología matemática [16].

La creciente incidencia de enfermedades de transmisión sexual constituye un importante problema de salud pública tanto en los países desarrollados como en los países en desarrollo. El caso particular de la epidemia de VIH ha sido ampliamente estudiado, en buena parte, por el enorme impacto social que ha significado [2]. Sin embargo, otras enfermedades de transmisión sexual (ETS) también han sido estudiadas desde la perspectiva de la

epidemiología matemática [8, 18, 20, 24].

La contribución original de este trabajo reside en la formulación de un modelo epidemiológico que integra, tanto retardos temporales para modelar periodos de incubación, como la heterogeneidad poblacional, considerando además, la orientación sexual de la población, lo cual no ha sido ampliamente explorado en la literatura revisada. Estas consideraciones pueden tener implicaciones importantes en la implementación de políticas de prevención de enfermedades en poblaciones específicas, proporcionando una base teórica para estrategias más eficaces y adaptadas a las características demográficas.

Este trabajo está dividido de la siguiente manera. En el capítulo 1 se hace una breve revisión de los conceptos y resultados necesarios para el estudio cualitativo de los sistemas de ecuaciones diferenciales con retardo. En el capítulo 2 se define el modelo a utilizar, y se procede a su estudio cualitativo, incluyendo la obtención de la matriz de la siguiente generación. En el capítulo 3 se presentan y describen diversas simulaciones numéricas. Finalmente, el capítulo 4 se dedica a las conclusiones.

# Preliminares

*“Simplemente deseo que, en una cuestión que concierne tan estrechamente al bienestar de la raza humana, no se tome ninguna decisión sin todos los conocimientos que un poco de análisis y cálculo pueden proporcionar”.*

*-Daniel Bernoulli*

En este capítulo presentamos las definiciones y resultados básicos necesarios para el desarrollo de este trabajo. Las demostraciones de todos los resultados aquí vistos se pueden encontrar en [21].

## 1.1. Ecuaciones diferenciales con retardo

**Definición 1.1.1** Sean  $x : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$  y  $\tau_i \in \mathbb{R}^+$  ( $i = 1, \dots, m$ ). Una ecuación diferencial escalar con retardos discretos (EDR) es aquella con la forma

$$x'(t) = f(t, x(t), x(t - \tau_1), \dots, x(t - \tau_m)). \quad (1.1)$$

Donde  $f : D \subset \mathbb{R} \times \mathbb{R}^{m+1} \rightarrow \mathbb{R}$  es una función y  $D$  es abierto.

Cuando  $f$  no depende explícitamente de  $t$ , es decir, cuando se tiene  $x'(t) = f(x(t), x(t - \tau_1), \dots, x(t - \tau_m))$ , se dice que la ecuación es autónoma.

Si en adición a la ecuación (1.1) pedimos que la solución  $x(t)$  satisfaga la condición

$$x(t) = \varphi(t), \quad t \in [t_0 - \max_i \{\tau_i\}, t_0], \quad (1.2)$$

para algún  $t_0 \in \mathbb{R}$  y  $\varphi : [t_0 - \max_i \{\tau_i\}, t_0] \rightarrow \mathbb{R}$  continua, obtenemos un problema de valor inicial.

Estas definiciones se pueden extender al caso de sistemas de ecuaciones:

$$X'(t) = F(t, X(t), X(t - \tau_1), \dots, X(t - \tau_m)),$$

$$X(t) = \Phi(t).$$

Donde  $X : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^n$ ,  $F : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^{n(m+1)}$  y  $\Phi : [t_0 - \max_i \{\tau_i\}, t_0] \rightarrow \mathbb{R}^n$  continua.

**Ejemplos:**

- Aquellas de la forma  $\frac{d}{dt} [x(t) - g(x(t - \tau))] = f(x(t), x(t - \tau))$  son llamadas EDR Neutrales.
- Aquellas de la forma  $x'(t) = f(t, x(t), \int_0^\tau w(s)x(t - s)ds)$  se conocen como ecuaciones diferenciales con retardo distribuido y la función  $w : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}$  es llamada función de peso.

Referimos al lector interesado a [13].

**Teorema 1.1.1** Sean  $t_0 \in \mathbb{R}$  fijo,  $\tau > 0$  y  $\varphi : [t_0 - \tau, t_0] \rightarrow \mathbb{R}$ . Considere el problema de valor inicial

$$\begin{aligned} x'(t) &= f(t, x(t), x(t - \tau)), \\ x(t) &= \varphi(t), \quad t \in [t_0 - \tau, t_0]. \end{aligned} \tag{1.3}$$

Si  $f$ ,  $\frac{\partial f}{\partial x(t)}$  y  $\varphi$  son continuas, entonces existe  $\sigma > t_0$  y una única solución al problema de valor inicial (1.3) en  $[t_0 - \tau, \sigma]$ .

Análogamente al caso de las EDO, se pueden definir los conceptos de prolongación y solución maximal. De acuerdo con el teorema anterior, el intervalo maximal de definición es de la forma  $I_{\text{máx}} = [t_0 - \tau, \sigma)$ . Esto se debe a que, en caso de que la solución no se pudiera extender para todo  $t \geq t_0$  e  $I_{\text{máx}} = [t_0 - \tau, \sigma]$ , podríamos volver a aplicar el teorema y obtener una extensión de la solución a un intervalo mayor, lo cual contradice la definición de solución maximal.

En el siguiente resultado, vemos que una solución maximal que no está definida para todo  $t \geq t_0 - \tau$  tiende (en módulo) a infinito cuando  $t$  tiende a  $\sigma$  (“explota”).

**Teorema 1.1.2** Sea  $f$  como en el Teorema 1.1.1 y  $x : [t_0 - \tau, \sigma) \rightarrow \mathbb{R}$  una solución maximal del problema al valor inicial (1.3). Si  $\sigma < \infty$ , entonces

$$\lim_{t \rightarrow \sigma^-} |x(t)| = \infty.$$

**Observación 1.1.1** Estos resultados se pueden extender a los casos en que  $f : \mathbb{R} \times \mathbb{R}^n \times \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  o al caso en el que hay múltiples retardos discretos  $\tau_1 < \dots < \tau_m$ .

Un aspecto importante que se verifica en las ecuaciones diferenciales es la dependencia de las soluciones en las condiciones iniciales. En el enfoque que usaremos, el de la modelación epidemiológica, no tiene sentido plantearse cantidades negativas. Por ello, es necesario establecer qué condiciones iniciales darán lugar a soluciones no negativas.

**Notación:** Dado  $x = (x_1, \dots, x_n) \in \mathbb{R}^n$ , escribimos  $x > 0$  si  $x_i > 0 \forall 1 \leq i \leq n$  y denotamos por  $\mathbb{R}_+^n$  al conjunto de vectores  $x \in \mathbb{R}^n$  tales que  $x > 0$ .

**Teorema 1.1.3 (De no negatividad)** Supongamos que  $f : \mathbb{R} \times \mathbb{R}_+^n \times \mathbb{R}_+^n \rightarrow \mathbb{R}^n$  tiene funciones componentes  $f = (f_1, \dots, f_n)$  y satisface las condiciones del teorema 1.1.1.

Sean  $x = (x_1, \dots, x_n)$ ,  $y \in \mathbb{R}_+^n$  y supongamos que para cada  $1 \leq i \leq n$  y cada  $t \in \mathbb{R}$  se tiene  $f_i(t, x, y) \geq 0$  siempre que  $x_i = 0$ .

Si la condición inicial (1.2) cumple  $\varphi \geq 0$ , entonces la solución  $x(t)$  al problema de valor inicial (1.3) verifica  $x(t) \geq 0$  para todo  $t \geq t_0$  donde esté definida.

**Ejemplo:** Considere el sistema Lotka - Volterra con retardo discreto [19]:

$$\begin{cases} N_1'(t) &= N_1(t)[b - N_2(t)] \\ N_2'(t) &= N_2(t)[-c + N_1(t - \tau)] \\ N_1(t) &= \varphi_1(t) \geq 0, \forall t \in [-\tau, 0] \\ N_2(0) &= N_2^0 > 0 \end{cases}$$

Donde  $b, c, \tau > 0$ .

Si identificamos  $x = (x_1, x_2) = (N_1(t), N_2(t))$ ,  $y = (y_1, y_2) = (N_1(t - \tau), N_2(t - \tau))$ , podemos escribir el sistema en la forma (1.1) haciendo

$$f = (f_1, f_2) = (x_1[b - x_2], x_2[-c + y_1]).$$

Es claro que  $f$  y  $\frac{\partial f}{\partial x}$  existen y son continuas. En virtud del teorema 1.1.1, el sistema tiene solución única en algún intervalo  $[-\tau, \sigma)$ .

Observe que si  $x, y \in \mathbb{R}_+^2$  y  $x_i = 0$ , entonces  $f_i(t, x, y) = 0$ , pues  $x_i$  es factor del resto de la expresión que conforma la función componente, por tanto, por el teorema 1.1.3 la solución es no negativa.

Para  $\tau > 0$ , denotaremos como  $C = C([-\tau, 0], \mathbb{R}^n)$  al espacio de Banach de funciones continuas de  $[-\tau, 0]$  en  $\mathbb{R}^n$ , con la topología de convergencia uniforme (es decir,  $\|\varphi\| = \sup_{t \in [-\tau, 0]} |\varphi(t)|$ ).

**Definición 1.1.2 (Condición de Lipschitz)** Sean  $J = [a, b] \subset \mathbb{R}$  un intervalo compacto,  $F : J \times C \rightarrow \mathbb{R}^n$  una función y  $\Omega \subset J \times C$  acotado.

Decimos que  $F$  cumple la condición de Lipschitz en la segunda variable si:

$$|F(t, \Phi) - F(t, \Psi)| \leq K \|\Phi - \Psi\|, \quad t \in J, \quad \|\Phi\|, \|\Psi\| \leq M.$$

Para algún  $K > 0$  y para todos  $(t, \Phi), (t, \Psi) \in \Omega$ .

Observe que  $K$  depende tanto de  $J$  como de  $M$ .  $K$  es llamada constante de Lipschitz asociada a  $F, J$  y  $M$ .

En caso de que  $K$  no dependa de  $J$  ni de  $M$  se dice que  $F$  es globalmente lipschitziana.

En lo que sigue será útil adoptar la siguiente

**Notación:** Dada una función continua  $x : \mathbb{R} \rightarrow \mathbb{R}^n$ , definimos a  $x_t$ ,  $t \in \mathbb{R}$  como el estado perteneciente a  $C$

$$x_t(s) := x(t + s), \quad s \in [-\tau, 0].$$

**Teorema 1.1.4** Considere el problema de valor inicial para el sistema no autónomo

$$\begin{aligned}x'(t) &= f(t, x_t), \quad t \geq t_0 \\x_\sigma &= \varphi\end{aligned}\tag{1.4}$$

Donde  $f : \mathbb{R} \times C \rightarrow \mathbb{R}^n$  es continua y satisface la condición de Lipshitz en cada subconjunto acotado  $\Omega$  de  $\mathbb{R} \times C$ ,  $\sigma \in \mathbb{R}$  y  $x_t, \varphi \in C$  es el estado del sistema al tiempo  $t_0$ .

Es decir,

$$x(\sigma + s) = \varphi(s), \quad s \in [-\tau, 0].$$

O equivalentemente

$$x(t) = \varphi(t - \sigma), \quad t \in [\sigma - \tau, \sigma].$$

Sea  $M > 0$ , si  $\varphi$  satisface  $\|\varphi\| \leq M$ , entonces existen  $A > 0$  (que depende solo de  $M$ ) y una única solución  $x(t) = x(t, \Phi)$  definida en  $[\sigma - \tau, \sigma + A]$  para el problema (1.4).

Más aún, si  $K$  es la constante de Lipshitz asociada a la función  $f$ , al intervalo  $[\sigma, \sigma + A]$  y a la constante  $M$ , entonces:

$$\max_{\eta \in [\sigma - \tau, \sigma + A]} |x(\eta, \Phi) - x(\eta, \Psi)| \leq e^{KA} \|\Phi - \Psi\| ; \|\Phi\|, \|\Psi\| \leq M\tag{1.5}$$

**Observación 1.1.2** Si  $f$  es globalmente lipshitziana, el resultado anterior se verifica para todo  $A > 0$ . Es decir, la solución existe para todo  $t \geq \sigma$  y (1.5) también es cierta para todo  $t \geq \sigma$ .

## 1.2. Análisis cualitativo

Una parte importante del análisis de sistemas no lineales es determinar la estabilidad de los equilibrios. El método clásico para determinar la estabilidad consiste en linealizar el sistema con respecto al equilibrio y determinar tasas exponenciales de crecimiento o decrecimiento para el sistema lineal asociado. El marco para llevar a cabo esto se aborda en esta sección.

Comenzamos por definir los conceptos de estabilidad, estabilidad asintótica e inestabilidad. Observe que ahora la condición inicial se define en un intervalo temporal, por lo que la norma de la misma vendrá dada por  $\|\phi\| = \sup_{t \in [-\tau, 0]} \{|\phi(t)|\}$ .

Consideremos el sistema  $x'(t) = f(t, x_t)$  y supongamos que satisface  $f(t, 0) = 0$  para todo  $t \in \mathbb{R}$ , es decir,  $x(t) = 0$  es solución.

Sea  $x_t(\sigma, \phi)$  la solución del problema (1.4), entonces la solución  $x = 0$  se puede clasificar conforme a la siguiente definición;

**Definición 1.2.1** Decimos que  $x = 0$  es:

- **Estable** si para todo  $\sigma \in \mathbb{R}$  y  $\epsilon > 0$  existe  $\delta = \delta(\sigma, \epsilon) > 0$  tal que si  $\varphi \in C$  y  $\|\varphi\| < \delta$ , entonces  $\|x_t(\sigma, \varphi)\| < \epsilon$ .
- **Asintóticamente estable** si es estable y existe  $b(\sigma) > 0$  tal que si  $\varphi \in C$  y  $\|\varphi\| < b(\sigma)$ , entonces  $\lim_{t \rightarrow \infty} x(t, \sigma, \varphi) = 0$ .
- **Inestable** si no es estable.

### 1.2.1. Sistemas lineales autónomos

Incluso cuando sólo se está interesado en soluciones reales para los sistemas, es útil permitir soluciones con valores complejos. Por eso, en esta sección, modificaremos nuestro espacio a  $C = C([-\tau, 0], \mathbb{C}^n)$ .

**Definición 1.2.2** Una función  $L : C \rightarrow \mathbb{C}^n$  se dice lineal si verifica

$$L(a\varphi + b\psi) = aL(\varphi) + bL(\psi) \quad \forall a, b \in \mathbb{C}, \varphi, \psi \in C.$$

La función  $L$  se dice acotada si existe una constante  $K > 0$  tal que

$$|L(\varphi)| \leq K\|\varphi\|.$$

Nuestro objetivo es el de estudiar algunas características de la EDR

$$x'(t) = L(x_t) \tag{1.6}$$

De aquí en adelante consideraremos a  $L$  como una función lineal y acotada.

Un caso particular importante es cuando

$$L(\phi) = A\phi(0) + B\phi(-\tau)$$

donde  $A$  y  $B$  son matrices cuadradas de orden  $n$ .

Observe que toda función lineal y acotada  $L$  es globalmente lipshitziana, pues

$$|L(\varphi) - L(\psi)| = |L(\varphi - \psi)| \leq K\|\varphi - \psi\|.$$

En este caso en particular se tiene

$$|L(\phi)| \leq (|A| + |B|)\|\phi\|.$$

Consecuentemente  $L$  es acotado y la ecuación 1.6 toma la forma

$$x'(t) = Ax(t) + Bx(t - \tau) \tag{1.7}$$

y en el caso de más de un retardo

$$x'(t) = Ax(t) + \sum_{j=1}^m B_j x(t - \tau_j) \tag{1.8}$$

con  $A, B_j$  matrices y  $\tau_j \geq 0$ .

La ecuación 1.6 es claramente un sistema autónomo, así que si añadimos una condición inicial del tipo

$$x(t) = \varphi(t), \quad t \in [-\tau, 0], \quad \varphi \in C$$

obtenemos un problema de valor inicial y en virtud del teorema 1.1.4 y la observación 1.1.2, existe una única solución maximal en el intervalo  $[-\tau, \infty)$  que toma valores en  $\mathbb{C}^n$ .

### 1.2.2. La ecuación característica

Buscamos soluciones al problema (1.6) de la forma

$$x(t) = e^{\lambda t}v, \quad v \neq 0. \quad (1.9)$$

Donde  $\lambda \in \mathbb{C}$  y  $v$  es un vector con componentes complejas.

Es conveniente usar la notación  $\exp_\lambda(\theta) = e^{\lambda\theta}$  para referirnos a dicha función continua y definida en el intervalo  $[-\tau, 0]$ . Observe que  $\exp_\lambda(\theta) \in C$ .

Es claro que el estado  $x_t$  correspondiente a  $x(t)$  es  $x_t = e^{\lambda t} \exp_\lambda(\theta)v$ , luego, para que  $x(t)$  sea solución de 1.6, debe satisfacer  $\lambda e^{\lambda t}v = L(x_t) = e^{\lambda t}L(\exp_\lambda(\theta)v)$ , equivalentemente  $\lambda v = L(\exp_\lambda(\theta)v)$ . Si descomponemos a  $v$  como  $\sum_{j=1}^n v_j e_j$  (donde, por supuesto,  $\{e_j\}_{j=1}^n$  es la base canónica de  $\mathbb{C}^n$ ), obtenemos  $L(\exp_\lambda(\theta)v) = \sum_{j=1}^n v_j L(\exp_\lambda(\theta)e_j)$ . Definimos  $L_\lambda$  como la matriz cuadrada de orden  $n$ :

$$L_\lambda = (L(\exp_\lambda e_1) | L(\exp_\lambda e_2) \dots | L(\exp_\lambda e_n)) = (L_i(\exp_\lambda e_j))$$

Donde  $L_i(\cdot)$  denota la componente  $i$ -ésima de  $L(\cdot)$ . Así pues  $L(\exp_\lambda v) = L_\lambda v$  y vemos que  $x(t) = e^{\lambda t}v$  es una solución no nula de (1.6) si  $\lambda$  es solución de la ecuación característica

$$\det(\lambda I - L_\lambda). \quad (1.10)$$

Nos referiremos a las soluciones  $\lambda \in \mathbb{C}$  de la ecuación característica como raíces características.

Para el caso particular de 1.7, la ecuación característica es

$$\det[\lambda I - A - e^{-\lambda\tau}B] = 0 \quad (1.11)$$

El siguiente resultado, si bien no se emplea explícitamente en este trabajo, considero que forma parte esencial de la teoría de ecuaciones diferenciales con retardo.

**Teorema 1.2.1** La función  $h(\lambda) = \det(\lambda I - L_\lambda)$  es una función entera.

**Teorema 1.2.2** Dado  $\sigma \in \mathbb{R}$ , existen a lo sumo un número finito de raíces características tales que  $Re(\lambda) > \sigma$ . Si hay un número infinito de raíces características  $\{\lambda_\alpha\}$ , entonces

$$Re(\lambda_\alpha) \rightarrow -\infty \text{ cuando } \alpha \rightarrow \infty$$

Este resultado implica la existencia de un  $\sigma \in \mathbb{R}$  y de un conjunto finito de raíces características cuya parte real será igual a  $\sigma$ , mientras que todas las demás tendrán parte real estrictamente menor que  $\sigma$ .

Otra resultado importante es que las raíces características complejas vendrán en pares conjugados:

**Teorema 1.2.3** Sea  $L$  tal que  $L(C([-\tau, 0], \mathbb{R}^n)) \subset \mathbb{R}^n$ . Entonces  $\lambda$  es una raíz característica si y solo si  $\bar{\lambda}$  lo es.

A continuación el resultado principal de esta sección, la estabilidad de la solución  $x = 0$  para (1.6).

**Teorema 1.2.4** Supongamos que para toda raíz característica  $\lambda$  se tiene  $Re(\lambda) < \mu$ . Entonces existe un  $K > 0$  tal que

$$|x(t, \varphi)| \leq Ke^{\mu t} \|\varphi\|. \quad (1.12)$$

Donde  $t \in \mathbb{R}$  y  $x(t, \varphi)$  es la solución de (1.6) con condición inicial  $x_0 = \varphi \in C = C([- \tau, 0], \mathbb{C}^n)$ .

En particular,  $x = 0$  es asintóticamente estable si  $Re(\lambda) < 0$  para toda raíz característica, y es inestable si existe algún  $\lambda$  con  $Re(\lambda) > 0$ .

Obteniendo así condiciones para la estabilidad asintótica y para la inestabilidad.

Es natural entonces preguntarse ¿hasta qué punto es relevante el retardo en el estudio de las raíces características?. Para responder esta pregunta considere el sistema

$$z'(t) = Az(t) + Bz(t - \tau)$$

y el sistema sin retardo asociado

$$z'(t) = (A + B)z(t)$$

y exploremos las diferencias entre las raíces características de

$$h(\lambda, \tau) = \det(\lambda I - A - e^{\lambda \tau} B) = 0$$

y los valores propios de  $A + B$  dados por

$$h(\lambda, 0) = \det(\lambda I - A - B) = 0.$$

**Teorema 1.2.5** Sean  $z_1, \dots, z_k$  los distintos valores propios de  $A + B$ ,  $\delta > 0$  y  $s \in \mathbb{R}$  tal que  $s < \min_{i=1, \dots, k} Re(z_i)$ . Entonces existe un  $\tau_0 > 0$  tal que si  $0 < \tau < \tau_0$  y  $h(z, \tau) = 0$  para algún  $z$  entonces  $Re(z) < s$  o  $|z - z_i| < \delta$  para algún  $i$ .

Es decir, si el retardo es suficientemente pequeño, las raíces características del sistema con retardo, o bien están muy cerca de los valores propios de  $A + B$ , o bien tienen parte real más pequeña que cualquiera de los valores propios de  $A + B$ .

En otras palabras, podemos considerar que los pequeños retardos no afectan considerablemente en el sentido que, en caso de tener estabilidad asintótica para  $\tau = 0$ , podemos seguir teniéndola para retardos pequeños, simplemente tomando  $\delta$  suficientemente pequeño como para que la bola de radio  $\delta$  centrada en cada uno de los valores propios de  $A + B$  siga estando en el semiplano negativo y escogiendo  $s$  negativo. Por otro lado, si tenemos inestabilidad para  $\tau = 0$  debida a una raíz simple positiva o una pareja de raíces complejas conjugadas con parte real positiva, la inestabilidad permanece siempre que consideremos retardos pequeños.

### 1.2.3. La ecuación escalar

En esta sección obtendremos un panorama más amplio de las raíces características asociadas a la ecuación (1.7) en el caso en que  $A$  y  $B$  son escalares reales. En ese caso (1.11) se convierte en

$$\lambda = A + Be^{\lambda\tau}. \quad (1.13)$$

Haciendo el cambio de variable  $z = \lambda\tau$ ,  $\alpha = A\tau$ ,  $\beta = B\tau$ , podemos reescribir lo anterior como

$$z = \alpha + \beta e^{-z} \quad (1.14)$$

El objetivo ahora sería estudiar las raíces de esta ecuación. El lector interesado puede encontrar los detalles en [21] página 50.

Volvamos al problema original, la estabilidad del estado  $x = 0$  para la ecuación escalar (1.7) que depende de las raíces de la ecuación característica (1.14). Supongamos que  $A + B \neq 0$ , pues de lo contrario,  $\lambda = 0$  sería una raíz.

**Teorema 1.2.6** Las siguientes afirmaciones se verifican para (1.7):

- Si  $A + B > 0$ ,  $x = 0$  es inestable.
- Si  $A + B < 0$  y  $B \geq A$ ,  $x = 0$  es asintóticamente estable.
- Si  $A + B < 0$  y  $B < A$ , existe  $\tau^* > 0$  tal que  $x = 0$  es asintóticamente estable para  $\tau \in (0, \tau^*)$  e inestable para  $\tau > \tau^*$ .

### 1.2.4. Principio de estabilidad linealizada

Pasemos ahora a la determinación de la estabilidad de los equilibrios de sistemas no lineales mediante el método del linealizado. Recordemos que  $C = C([- \tau, 0], \mathbb{C}^n)$ .

Consideremos el sistema no lineal

$$x'(t) = f(x_t). \quad (1.15)$$

Entonces  $x(t) = x_0 \in \mathbb{R}^n$ ,  $t \in \mathbb{R}$  es una solución estacionaria para (1.15) si y sólo si  $f(\hat{x}_0) = 0$ , donde  $\hat{x}_0 \in C$  es la función constante igual a  $x_0$ . Si  $x(t)$  es una solución de (1.15) y  $x(t) = x_0 + y(t)$ , entonces  $y(t)$  satisface

$$y'(t) = f(\hat{x}_0 + y_t). \quad (1.16)$$

Queremos entender el comportamiento de las soluciones de (1.15) que empiezan cerca de  $\hat{x}_0$  y, para ello, es suficiente entender el comportamiento de las soluciones de (1.16) para soluciones que empiezan cerca de  $y = 0$ . Vamos a asumir que

$$f(\hat{x}_0 + \varphi) = L(\varphi) + g(\varphi), \quad \varphi \in C, \quad (1.17)$$

donde, siguiendo lo considerado hasta ahora,  $L : C \rightarrow \mathbb{R}^n$  es acotada y lineal, mientras que  $g$  verifica

$$\lim_{\varphi \rightarrow 0} \frac{|g(\varphi)|}{\|\varphi\|} = 0.$$

Esto último significa que para cada  $\epsilon > 0$ , existe un  $\delta > 0$  tal que  $|g(\varphi)| \leq \epsilon \|\varphi\|$  siempre que  $\|\varphi\| \leq \delta$ .

El sistema lineal

$$z'(t) = L(z_t) \quad (1.18)$$

recibe el nombre de ecuación linealizada en torno al equilibrio  $\hat{x}_0$  y debe ser vista en el espacio  $C = C([- \tau, 0], \mathbb{C}^n)$ .

A continuación el resultado central de esta sección, que relaciona los valores propios del sistema linealizado con la estabilidad del punto de equilibrio.

**Teorema 1.2.7** Sea  $\chi(\lambda) = 0$  la ecuación característica asociada al sistema (1.18). Si

$$-\sigma := \max_{\chi(\lambda)=0} \operatorname{Re}(\lambda) < 0,$$

entonces  $\hat{x}_0$  es un estado estacionario localmente asintóticamente estable de (1.15). Más aún, existe  $b > 0$  tal que

$$\|\varphi - \hat{x}_0\| < b \Rightarrow \|x_t(\varphi) - \hat{x}_0\| \leq K \|\varphi - \hat{x}_0\| e^{-\sigma t/2}, \quad t \geq 0.$$

Con  $K$  constante. Si  $\operatorname{Re}(\lambda) > 0$  para alguna raíz característica, entonces  $\hat{x}_0$  es inestable.

Consideremos el caso particular de (1.15) en donde hacemos  $f(x_t) = F(x(t), x(t - \tau))$ . Entonces tenemos

$$x'(t) = F(x(t), x(t - \tau)), \quad (1.19)$$

donde supondremos que  $D \subset \mathbb{R}^n$  es abierto y  $F : D \times D \rightarrow \mathbb{R}^n$  es continuamente diferenciable. Si  $F(x_0, x_0) = 0$  para algún  $x_0 \in D$ , entonces  $x(t) = x_0$  con  $t \in \mathbb{R}$  es un equilibrio, así  $f(\varphi) = F(\varphi(0), \varphi(-\tau))$ , por lo que (1.17) se convierte en

$$f(\hat{x}_0 + \varphi) = A\varphi(0) + B\varphi(-\tau) + G(\varphi(0), \varphi(-\tau)),$$

donde  $A = f_x(x_0, x_0)$  y  $B = f_y(x_0, x_0)$ . Se sigue que el sistema linealizado para  $x = x_0$  asociado a (1.19) es

$$x'(t) = Ax(t) + Bx(t - \tau), \quad (1.20)$$

que ya hemos estudiado.

### 1.2.5. Estabilidad absoluta

A menudo la ecuación característica tiene la forma

$$p(\lambda) + q(\lambda)e^{-\tau\lambda} = 0 \quad (1.21)$$

donde  $p$  y  $q$  son polinomios con coeficientes en  $\mathbb{R}$ , algo muy común en caso de que el sistema tenga un solo argumento retardado. Habitualmente,  $p$  es de grado mayor que  $q$ .

La conclusión del siguiente resultado recibe el nombre de estabilidad absoluta, puesto que la estabilidad se mantiene, bajo esas hipótesis, para cualquier retardo.

**Teorema 1.2.8** Sean  $p$  y  $q$  polinomios con coeficientes reales satisfaciendo:

- $p(\lambda) \neq 0$  si  $Re(\lambda) \geq 0$ ,
- $|q(iy)| < |p(iy)|$  con  $y \geq 0$ ,
- $\lim_{|\lambda| \rightarrow \infty} |q(\lambda)/p(\lambda)| = 0$ .

Entonces  $Re(\lambda) < 0$  para cada raíz  $\lambda$  de (1.21) y  $\tau > 0$ .

### 1.3. $\mathfrak{R}_0$ y matriz de la siguiente generación

El número reproductivo básico  $\mathfrak{R}_0$  se define como el número promedio de nuevos casos de una infección causada por un individuo infectado y es, posiblemente, la cantidad más importante en la epidemiología de las enfermedades infecciosas [7]. Se encuentra entre las cantidades estimadas con mayor urgencia para las enfermedades infecciosas en situaciones de brote, y su valor proporciona información a la hora de diseñar intervenciones de control para infecciones establecidas [5].

A raíz de esta definición se consideran especialmente los casos en que  $\mathfrak{R}_0$  es menor o mayor que uno; si es menor, la población de infectados es poco efectiva a la transmisión de la enfermedad y en consecuencia se espera que esta desaparezca. En el otro caso, los individuos infecciosos aumentarán la tasa de contagio sobre los susceptibles y se producirá una epidemia.

La matriz de la siguiente generación es la base natural para la definición y cálculo de  $\mathfrak{R}_0$ . Esta matriz, usualmente denotada por  $\mathcal{K}$ , fue introducida en [6], donde se propuso definir a  $\mathfrak{R}_0$  como el valor propio dominante de  $\mathcal{K}$  (también llamado radio espectral). En ese trabajo se explica, usando teoría espectral (específicamente teoría de operadores positivos), el porque  $\mathcal{K}$  siempre tiene un valor propio real positivo.

Para el cálculo de  $\mathfrak{R}_0$  se parte de aquellas ecuaciones del sistema que describen la producción de nuevas infecciones y cambios de estado entre individuos infectados. Este conjunto de ecuaciones se conoce como el subsistema de infectados. El primer paso es linealizar este subsistema de ecuaciones no lineales en torno al equilibrio libre de enfermedad que, por regla general, existe. Este subsistema infectado linealizado es el punto de partida de nuestros cálculos. A continuación se descompone la matriz como  $T + \Sigma$ , donde  $T$  es la parte de transmisión, que describe la producción de nuevas infecciones y  $\Sigma$  es la parte de la transición, que describe los cambios de estado (incluida la eliminación por muerte o adquisición de inmunidad). Finalmente,  $\mathfrak{R}_0$  es el valor propio dominante, también llamado radio espectral de la matriz  $-T\Sigma^{-1}$ .

## Modelo

*“Las enfermedades de la clase epidémica siguen sus propias leyes; permanecen casi estacionarias durante meses, años y, como aprendemos de la historia médica, siglos; luego, de repente, se elevan como una niebla desde la tierra y siembran desolación en las naciones, para desaparecer tan rápidamente o de manera tan imperceptible como llegaron[...] Las epidemias han proporcionado mucho material para la discusión y aún ofrecen un amplio campo para la investigación.”.*

*-William Farr*

El modelo más conocido en epidemiología es el SIR compartamental (Susceptible-Infectado-Recuperado), propuesto por W. O. Kermack y A. G. McKendrick a principios del siglo XX en su trabajo “A contribution to the mathematical theory of epidemics”[11]. Este divide a la población en 3 compartimentos,  $S, I, R$ , donde  $S$  son los individuos susceptibles de padecer la enfermedad,  $I$  los infectados por la misma y, por último,  $R$  son los recuperados. Sin embargo, hay enfermedades en las que este último compartimento no tiene lugar, ya sea porque la enfermedad no tiene cura, o porque una vez que te infectas con un virus, vives con él de por vida. Un claro ejemplo de esto son las ETS como el VIH/SIDA, VPH, hepatitis B o el herpes vaginal u oral. En este trabajo no consideraremos el caso de reinfecciones, por lo que se trabajará con un modelo SI. El modelo de Kermack y McKendrick también supone que el ingreso a la población infectada es inmediato, pero en muchas enfermedades no ocurre esto, sino que los individuos pasan por un periodo latente o de incubación desde el contagio hasta la aparición de síntomas o la posibilidad de contagiar a otro individuo. Dicho esto, los retardos nos permiten considerar el tiempo en que un individuo se encuentra en la transición entre susceptible y ser considerado infectado e infeccioso.

Las consideraciones para nuestro modelo serán las siguientes :

- Dividiremos a la población en 6 compartimentos de la siguiente manera: En el compartimento 1 estarán los hombres heterosexuales, en el 2 los hombres homosexuales, en el 3 hombres bisexuales, el 4 será para mujeres heterosexuales, 5 para mujeres homosexuales y en el 6 las mujeres bisexuales. Además, cada uno de estos puede estar en el estado susceptible o infectado (ver figura 2.1).
- Se introducirá un retardo en las poblaciones infectadas.
- El ingreso a la población susceptible se da a una tasa constante positiva  $\Lambda$ .
- La salida de la población susceptible se da mediante una tasa de mortalidad natural constante  $\mu$ , que incluye cualquier motivo menos la propia enfermedad.

- La salida de la población infectada ocurre a una tasa constante  $\mu_h$  o  $\mu_m$ , según el sexo, que incluye la tasa de mortalidad natural más la de la propia enfermedad.
- La población susceptible del compartimiento  $i$  disminuye debido al contagio al que es expuesto por interactuar con infectados del compartimiento  $j$ , el cual ocurre a una tasa  $\beta_{ij}$ . Esta disminución en la población de susceptibles de cada compartimiento, se ve reflejada en un aumento de las poblaciones infectadas.

En resumen :

Descripción de las Variables y los Parámetros	
$S_i$	Población susceptible del compartimiento $i$
$I_i$	Población Infectada del compartimiento $i$
$\Lambda$	Tasa de ingreso a la población susceptible
$\beta_{ij}$	Tasa de contagio de los individuos susceptibles en el compartimiento $i$ debido al contacto con individuos infectados del compartimiento $j$
$\mu$	Tasa de mortalidad por causas distintas a la enfermedad
$\mu_h$	Tasa de mortalidad incluyendo la enfermedad en hombres
$\mu_m$	Tasa de mortalidad incluyendo la enfermedad en mujeres
$\tau$	Tiempo transcurrido entra la infección y la aparición de síntomas (Retardo)

Así pues el modelo queda de la siguiente manera :

$$\left\{ \begin{array}{l}
 S_1(t)' = \Lambda - S_1(t) [\beta_{14}I_4(t) + \beta_{16}I_6(t) + \mu] \\
 I_1(t)' = S_1(t) [\beta_{14}I_4(t - \tau) + \beta_{16}I_6(t - \tau)] - \mu_h I_1(t) \\
 S_2(t)' = \Lambda - S_2(t) [\beta_{22}I_2(t) + \beta_{23}I_3(t) + \mu] \\
 I_2(t)' = S_2(t) [\beta_{22}I_2(t - \tau) + \beta_{23}I_3(t - \tau)] - \mu_h I_2(t) \\
 S_3(t)' = \Lambda - S_3(t) [\beta_{32}I_2(t) + \beta_{33}I_3(t) + \beta_{34}I_4(t) + \beta_{36}I_6(t) + \mu] \\
 I_3(t)' = S_3(t) [\beta_{32}I_2(t - \tau) + \beta_{33}I_3(t - \tau) + \beta_{34}I_4(t - \tau) + \beta_{36}I_6(t - \tau)] - \mu_h I_3(t) \\
 S_4(t)' = \Lambda - S_4(t) [\beta_{41}I_1(t) + \beta_{43}I_3(t) + \mu] \\
 I_4(t)' = S_4(t) [\beta_{41}I_1(t - \tau) + \beta_{43}I_3(t - \tau)] - \mu_m I_4(t) \\
 S_5(t)' = \Lambda - S_5(t) [\beta_{55}I_5(t) + \beta_{56}I_6(t) + \mu] \\
 I_5(t)' = S_5(t) [\beta_{55}I_5(t - \tau) + \beta_{56}I_6(t - \tau)] - \mu_m I_5(t) \\
 S_6(t)' = \Lambda - S_6(t) [\beta_{61}I_1(t) + \beta_{63}I_3(t) + \beta_{65}I_5(t) + \beta_{66}I_6(t) + \mu] \\
 I_6(t)' = S_6(t) [\beta_{61}I_1(t - \tau) + \beta_{63}I_3(t - \tau) + \beta_{65}I_5(t - \tau) + \beta_{66}I_6(t - \tau)] - \mu_m I_6(t)
 \end{array} \right. \quad (2.1)$$

Definimos las condiciones iniciales como  $x(t) = \varphi(t) = (\varphi_1(t), \dots, \varphi_{12}(t))$ ,  $t \in [-\tau, 0]$ , de tal manera que cada  $\varphi_i(t)$  sea continua y no negativa.

En el siguiente diagrama se aprecian los contactos que tienen los individuos en los diferentes compartimentos.

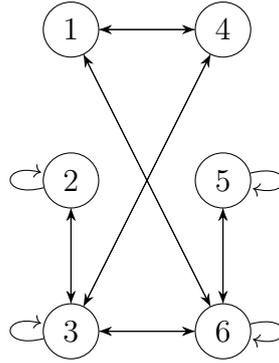


Figura 2.1: Diagrama de contactos.

Observe que una posible interpretación epidemiológica de las cantidades

- $\gamma = \frac{\Lambda}{\mu}$
- $\xi_{ij}^h = \frac{\beta_{ij}}{\mu_h}$ ,  $j = 1, 2, 3$
- $\xi_{ij}^m = \frac{\beta_{ij}}{\mu_m}$ ,  $j = 4, 5, 6$

es la de tasa de supervivencia de las poblaciones susceptibles, hombres infectados y mujeres infectadas respectivamente. Estas cantidades serán importantes más adelante en la revisión de los equilibrios del sistema.

## 2.1. Existencia, unicidad y no negatividad de la solución

Si identificamos como  $X = (x_1, \dots, x_{12})^T = (S_1(t), I_1(t), \dots, S_6(t), I_6(t))^T$  y  $Y_\tau = (y_1, \dots, y_{12}) = (S_1(t - \tau), I_1(t - \tau), \dots, S_6(t - \tau), I_6(t - \tau))^T \in \mathbb{R}_+^{12}$ , podemos reescribir el sistema en la forma  $X' = F(X, Y_\tau)$  haciendo :

$$F = (f_{2i-1}, f_{2i}) = \left( \Lambda - x_i \left( \sum_{j=1}^6 \beta_{ij} x_{2j} + \mu \right), x_i \left( \sum_{j=1}^6 \beta_{ij} y_{2j} \right) - \mu_g x_{2i} \right); \quad 1 \leq i \leq 6.$$

Donde los subíndices impares hace referencia a las ecuaciones de los susceptibles y los pares a las ecuaciones de los infectados. Además

$$\mu_g = \begin{cases} \mu_h & \text{si } i = 1, 2, 3 \\ \mu_m & \text{si } i = 4, 5, 6 \end{cases}$$

y las constantes  $\beta_{ij}$  corresponden a las entradas de la siguiente matriz :

$$\beta = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \beta_{14} & 0 & \beta_{16} \\ 0 & \beta_{22} & \beta_{23} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \beta_{32} & \beta_{33} & \beta_{34} & 0 & \beta_{36} \\ \beta_{41} & 0 & \beta_{43} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \beta_{55} & \beta_{56} \\ \beta_{61} & 0 & \beta_{63} & 0 & \beta_{65} & \beta_{66} \end{pmatrix}$$

Por ejemplo, para  $i = 1$ :

$$F = (f_1, f_2) = (\Lambda - S_1(\beta_{14}I_4 + \beta_{16}I_6 + \mu), S_1(\beta_{14}I_4(t - \tau) + \beta_{16}I_6(t - \tau)) - \mu_h I_1).$$

Dado que se trata de combinaciones lineales de las variables, es claro que cada función componente  $f_i$  de  $F$  es continua, por lo tanto  $F$  también lo es. Luego, derivando :

$$\frac{\partial f_{2i-1}}{\partial x_k} = \begin{cases} -\left(\sum_{j=1}^6 \beta_{ij}x_{2j} + \mu\right) & \text{si } k = 2i - 1 \\ 0 & \text{si } k = 2j - 1 \\ -\beta_{i2j}x_i & \text{si } k = 2j \end{cases}$$

$$\frac{\partial f_{2i}}{\partial x_k} = \begin{cases} -\mu_g & \text{si } k = 2i \\ 0 & \text{si } k = 2j \\ \sum_{j=1}^6 \beta_{ij}y_{2j} & \text{si } k = 2i - 1 \end{cases}$$

todas ellas continuas. En virtud del teorema 1.1.1, el sistema tiene solución única.

Por otro lado, observe que para  $1 \leq i \leq 6$ , si  $x_{2i-1} = 0$  entonces  $f_{2i-1} = \Lambda > 0$  y para  $x_{2i} = 0$ ,  $f_{2i} = x_i \sum_{j=1}^6 \beta_{ij}y_{2j} > 0$ . Por el teorema 1.1.3 la solución es no negativa.

## 2.2. Análisis cualitativo del modelo

### 2.2.1. Puntos de equilibrio

Pasemos ahora al estudio cualitativo de este sistema. Para ello, en primer lugar mostraremos algunos de los puntos de equilibrio. Necesitamos que estos sean estacionarios, es decir, que no varíen con el tiempo. Por tanto, podemos igualar a 0 las ecuaciones (2.1) ignorando el retardo.

#### Equilibrio libre de enfermedad

Lo denotaremos por  $E_0$  y es aquel donde la enfermedad no está presente, es decir, cuando  $I_i = 0 \forall i$ . Es fácil verificar por simple sustitución que

$$E_0 = \frac{\Lambda}{\mu}(1, 0, 1, 0, 1, 0, 1, 0, 1, 0, 1, 0).$$

#### Equilibrio endémico cuando solo hay infecciones en la población heterosexual

Lo denotaremos por  $E_1$  y es aquel donde  $I_2 = I_3 = I_5 = I_6 = 0$ .

Con el apoyo de la librería “SymPy” del software **Python** (puede consultarse el código en A.1) encontramos que las componentes de este equilibrio son las siguientes:

$$\begin{aligned}
\blacksquare S_1^* &= \frac{\mu_m(\Lambda\beta_{41} + \mu\mu_h)}{\beta_{41}(\Lambda\beta_{14} + \mu\mu_m)} & \blacksquare S_4^* &= \frac{\mu_h(\Lambda\beta_{14} + \mu\mu_m)}{\beta_{14}(\Lambda\beta_{41} + \mu\mu_h)} \\
\blacksquare I_1^* &= \frac{\Lambda^2\beta_{14}\beta_{41} - \mu^2\mu_h\mu_m}{\beta_{41}\mu_h(\Lambda\beta_{14} + \mu\mu_m)} & \blacksquare I_4^* &= \frac{\Lambda^2\beta_{14}\beta_{41} - \mu^2\mu_h\mu_m}{\beta_{14}\mu_m(\Lambda\beta_{41} + \mu\mu_h)} \\
\blacksquare S_2^* &= \frac{\Lambda}{\mu} & \blacksquare S_5^* &= \frac{\Lambda}{\mu} \\
\blacksquare I_2^* &= 0 & \blacksquare I_5^* &= 0 \\
\blacksquare S_3^* &= \frac{\Lambda\beta_{14}\mu_m(\Lambda\beta_{41} + \mu\mu_h)}{\Lambda^2\beta_{14}\beta_{41}\beta_{34} + \Lambda\beta_{14}\beta_{41}\mu\mu_m + \mu^2\mu_h\mu_m(\beta_{14} - \beta_{34})} & \blacksquare S_6^* &= \frac{\Lambda\beta_{41}\mu_h(\Lambda\beta_{14} + \mu\mu_m)}{\Lambda^2\beta_{14}\beta_{41}\beta_{61} + \Lambda\beta_{14}\beta_{41}\mu\mu_h + \mu^2\mu_h\mu_m(\beta_{41} - \beta_{61})} \\
\blacksquare I_3^* &= 0 & \blacksquare I_6^* &= 0
\end{aligned}$$

Si llamamos:

$$\begin{aligned}
\blacksquare C_1 &= \Lambda\beta_{41} + \mu\mu_h & \blacksquare C_5 &= \Lambda^2\beta_{41}\beta_{14} - \mu^2\mu_h\mu_m \\
\blacksquare C_2 &= \Lambda\beta_{14} + \mu\mu_m & \blacksquare C_6 &= \Lambda\beta_{14}\beta_{41} \\
\blacksquare C_3 &= \Lambda\beta_{61} + \mu\mu_h & \blacksquare C_7 &= \mu^2\mu_h\mu_m \\
\blacksquare C_4 &= \Lambda\beta_{34} + \mu\mu_m
\end{aligned}$$

y usamos la notación de tasas de supervivencia, podemos rescribir el equilibrio de la siguiente manera más compacta:

$$\begin{aligned}
\blacksquare S_1^* &= \frac{C_1}{C_2} \cdot (\xi_{41}^m)^{-1} & \blacksquare S_4^* &= \frac{C_2}{C_1} \cdot (\xi_{14}^h)^{-1} \\
\blacksquare I_1^* &= \frac{C_5}{C_2} \cdot \frac{1}{\beta_{41}\mu_h} & \blacksquare I_4^* &= \frac{C_5}{C_1} \cdot \frac{1}{\beta_{14}\mu_m} \\
\blacksquare S_2^* &= \gamma & \blacksquare S_5^* &= \gamma \\
\blacksquare I_2^* &= 0 & \blacksquare I_5^* &= 0 \\
\blacksquare S_3^* &= \frac{\Lambda\beta_{14}\mu_m C_1}{C_4 C_6 + C_7(\beta_{14} - \beta_{34})} & \blacksquare S_6^* &= \frac{\Lambda\beta_{14}\mu_h C_2}{C_3 C_6 + C_7(\beta_{41} - \beta_{61})} \\
\blacksquare I_3^* &= 0 & \blacksquare I_6^* &= 0
\end{aligned}$$

**Observación:** El equilibrio  $E_1$  es epidemiológicamente consistente (es decir, todas las expresiones son positivas) si  $\gamma^2 \xi_{41}^h \xi_{14}^m > 1$ .

Cierto pues, las únicas cantidades que pudieran ser negativas son  $I_1^*$  e  $I_4^*$ . Como en ambos casos el denominador es positivo, solo nos debemos ocupar del signo del numerador, el cual comparten y está dado por  $C_5$ , por lo tanto:

$$C_5 > 0 \iff \Lambda^2\beta_{41}\beta_{14} > \mu^2\mu_h\mu_m \iff \left(\frac{\Lambda}{\mu}\right)^2 \frac{\beta_{41}}{\mu_h} \frac{\beta_{14}}{\mu_m} = \gamma^2 \xi_{41}^h \xi_{14}^m > 1.$$

**Nota:** Para el caso  $I_1 = I_4 = 0$ , que corresponde al equilibrio endémico cuando no hay infecciones en las poblaciones heterosexuales, el caso  $I_2 = I_5 = 0$ , correspondiente al equilibrio endémico cuando no hay infecciones en las poblaciones homosexuales y el caso

$I_3 = I_6 = 0$ , propio del equilibrio endémico cuando no hay infecciones en la población bisexual, el software **Python** vuelve a producir el equilibrio libre de enfermedad.

### 2.3. Cálculo de $\mathfrak{R}_0$

Siguiendo lo planteado en el capítulo de Preliminares, para el cálculo de  $\mathfrak{R}_0$ , debemos linealizar la matriz Jacobiana del subsistema de infectados que, en nuestro caso, está dado por las componentes pares de la ecuación (2.1), en torno al equilibrio libre de enfermedad  $E_0$ . Así las matrices  $T$  y  $\Sigma$  quedan de la siguiente manera:

$$T = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{14} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{16} \\ 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{22} & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{23} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{32} & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{33} & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{34} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{36} \\ \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{41} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{43} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{55} & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{56} \\ \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{61} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{63} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{65} & \frac{\Lambda}{\mu}\beta_{66} \end{pmatrix}$$

$$\Sigma = \begin{pmatrix} -\mu_h & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & -\mu_h & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & -\mu_h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & -\mu_m & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & -\mu_m & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & -\mu_m \end{pmatrix}.$$

Por lo tanto la matriz de la siguiente generación es:

$$-T\Sigma^{-1} = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{14} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{16} \\ 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{22} & \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{23} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{32} & \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{33} & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{34} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{36} \\ \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{41} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{43} & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{55} & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{56} \\ \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{61} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_h}\beta_{63} & 0 & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{65} & \frac{\Lambda}{\mu\mu_m}\beta_{66} \end{pmatrix}$$

O equivalentemente, en notación de tasas de supervivencia:

$$-T\Sigma^{-1} = \gamma \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & \xi_{14}^m & 0 & \xi_{16}^m \\ 0 & \xi_{22}^h & \xi_{23}^h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \xi_{32}^h & \xi_{33}^h & \xi_{34}^m & 0 & \xi_{36}^m \\ \xi_{41}^h & 0 & \xi_{43}^h & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \xi_{55}^m & \xi_{56}^m \\ \xi_{61}^h & 0 & \xi_{63}^h & 0 & \xi_{65}^m & \xi_{66}^m \end{pmatrix}$$

Se puede demostrar que el polinomio característico de esta matriz es:

$$\mathcal{P}(\lambda) = \lambda^6 + B\lambda^5 + C\lambda^4 + D\lambda^3 + E\lambda^2 + F\lambda + G.$$

Donde:

- $B = -(c + f + k + p)$
- $C = (-ai - bm + cf + ck + cp - de + fk + fp - gj - hn + kp - lo)$
- $D = (aci + afi + aik + aip + bcm + bfm + bkm - cfk - cfp + cgj + chn - ckp + clo + dek + dep - fkp + flo + gjk + gjp + hkn)$
- $E = (-acfi - acik - acip + adei - afik - afip + ahin - ahjm - aikp + ailo - bcfm - bckm + bdem - bfgm - bgin + bgjm + cfkp - cflo - cgjk - cgjp - chkn - dekp + delo - gjkp + gjlo)$
- $F = (acfik + acfip - achin + achjm + acikp - acilo - adeik - adeip + afikp - afile - ahikn + ahjkm + bcfkm + bcgin - bcgjm - bdek m + bgikn - bgjkm + cgjkp - cgjlo)$
- $G = (-acfikp + acfile + achikn - achjkm + adeikp - adeilo - bcgikn + bcgjkm)$

Siendo:

- |   |   |   |   |
|---|---|---|---|
| ▪ $a = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{14}$ | ▪ $e = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{32}$ | ▪ $i = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{41}$ | ▪ $m = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{61}$ |
| ▪ $b = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{16}$ | ▪ $f = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{33}$ | ▪ $j = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{43}$ | ▪ $n = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{63}$ |
| ▪ $c = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{22}$ | ▪ $g = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{34}$ | ▪ $k = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{55}$ | ▪ $o = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{65}$ |
| ▪ $d = \frac{\Lambda}{\mu\mu_h} \beta_{23}$ | ▪ $h = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{36}$ | ▪ $l = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{56}$ | ▪ $p = \frac{\Lambda}{\mu\mu_m} \beta_{66}$ |

$\mathfrak{R}_0$  será entonces el máximo de las soluciones de  $\mathcal{P}(\lambda) = 0$ .

## 2.4. Linealización del sistema

Para estudiar la estabilidad haremos el linealizado del sistema. Hallaremos las matrices jacobianas con respecto a las variables con y sin retardo.

En lo que respecta a las variables sin retardo, la matriz de linealización será

$$J(S_i, I_i) = \begin{pmatrix} a_{1,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{1,8} & 0 & 0 & 0 & a_{1,12} \\ a_{2,1} & a_{2,2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{3,3} & a_{3,4} & 0 & a_{3,6} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & a_{4,3} & a_{4,4} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & a_{5,4} & a_{5,5} & a_{5,6} & 0 & a_{5,8} & 0 & 0 & 0 & a_{5,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & a_{6,5} & a_{6,6} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{7,6} & a_{7,7} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{8,7} & a_{8,8} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{9,9} & a_{9,10} & 0 & a_{9,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{10,9} & a_{10,10} & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{11,6} & 0 & 0 & 0 & a_{11,10} & a_{11,11} & a_{11,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & a_{12,11} & a_{12,12} \end{pmatrix}$$

donde:

- $a_{1,1} = -(\beta_{14}I_4 + \beta_{16}I_6) - \mu$
- $a_{1,8} = -\beta_{14}S_1$
- $a_{1,12} = -\beta_{16}S_1$
- $a_{2,1} = \beta_{14}I_{\tau,4} + \beta_{16}I_{\tau,6}$
- $a_{2,2} = -\mu_h$
- $a_{3,3} = -(\sum_{j=2}^3 \beta_{2,j}I_j) - \mu$
- $a_{3,4} = -\beta_{22}S_2$
- $a_{3,6} = -\beta_{23}S_2$
- $a_{4,3} = \sum_{j=2}^3 \beta_{2,j}I_{\tau,j}$
- $a_{4,4} = -\mu_h$
- $a_{5,4} = -\beta_{32}S_3$
- $a_{5,5} = -(\sum_{\substack{j=2 \\ j \neq 5}}^6 \beta_{3,j}I_j) - \mu$
- $a_{5,6} = -\beta_{33}S_3$
- $a_{5,8} = -\beta_{34}S_3$
- $a_{5,12} = -\beta_{36}S_3$
- $a_{6,5} = \sum_{\substack{j=2 \\ j \neq 5}}^6 \beta_{3,j}I_{\tau,j}$
- $a_{6,6} = -\mu_h$
- $a_{7,2} = -\beta_{41}S_4$
- $a_{7,6} = -\beta_{43}S_4$
- $a_{7,7} = -(\beta_{41}I_1 + \beta_{43}I_3) - \mu$
- $a_{8,7} = \beta_{41}I_{\tau,1} + \beta_{43}I_{\tau,3}$
- $a_{8,8} = -\mu_m$
- $a_{9,9} = -(\sum_{j=5}^6 \beta_{5,j}I_j) - \mu$
- $a_{9,10} = -\beta_{55}S_5$
- $a_{9,12} = -\beta_{56}S_5$
- $a_{10,9} = (\sum_{j=5}^6 \beta_{5,j}I_{\tau,j})$
- $a_{10,10} = -\mu_m$
- $a_{11,2} = -\beta_{61}S_6$
- $a_{11,6} = -\beta_{63}S_6$
- $a_{11,10} = -\beta_{65}S_6$
- $a_{11,11} = -(\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq 2,4}}^6 \beta_{6,j}I_j) - \mu$
- $a_{11,12} = -\beta_{66}S_6$
- $a_{12,11} = (\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq 2,4}}^6 \beta_{6,j}I_{\tau,j})$
- $a_{12,12} = -\mu_m$

Es importante señalar que la notación  $I_{\tau,j}$  significa  $I_j(t - \tau)$ .

Por otro lado, la matriz jacobiana respecto a las variables con retardo será

$$J_\tau(S_i, I_i) = \begin{pmatrix} 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & b_{2,8} & 0 & 0 & 0 & b_{2,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & b_{44} & 0 & b_{46} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & b_{64} & 0 & b_{66} & 0 & b_{68} & 0 & 0 & 0 & b_{6,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & b_{82} & 0 & 0 & 0 & b_{86} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & b_{10,10} & 0 & b_{10,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & b_{12,2} & 0 & 0 & 0 & b_{12,6} & 0 & 0 & 0 & b_{12,10} & 0 & b_{12,12} \end{pmatrix}$$

donde:

- $b_{2,8} = \beta_{14}S_1$       ▪  $b_{6,4} = \beta_{32}S_3$       ▪  $b_{8,2} = \beta_{41}S_4$       ▪  $b_{12,2} = \beta_{61}S_6$
- $b_{2,12} = \beta_{16}S_1$       ▪  $b_{6,6} = \beta_{33}S_3$       ▪  $b_{8,6} = \beta_{43}S_4$       ▪  $b_{12,6} = \beta_{63}S_6$
- $b_{4,4} = \beta_{22}S_2$       ▪  $b_{6,8} = \beta_{34}S_3$       ▪  $b_{10,10} = \beta_{55}S_5$       ▪  $b_{12,10} = \beta_{65}S_6$
- $b_{4,6} = \beta_{23}S_2$       ▪  $b_{6,12} = \beta_{36}S_3$       ▪  $b_{10,12} = \beta_{56}S_5$       ▪  $b_{12,12} = \beta_{66}S_6$

Una vez que tenemos las matrices jacobianas, planteamos la ecuación característica. En nuestro caso, esta ecuación se obtiene igualando a cero el determinante de la matriz  $L = (L_{ij}) = \lambda Id - J - e^{-\lambda\tau} J_\tau$ . Escrita explícitamente:

$$L = \begin{pmatrix} L_{1,1} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & L_{1,8} & 0 & 0 & 0 & L_{1,12} \\ L_{2,1} & L_{2,2} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & L_{2,8} & 0 & 0 & 0 & L_{2,12} \\ 0 & 0 & L_{3,3} & L_{3,4} & 0 & L_{3,6} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & L_{4,3} & L_{4,4} & 0 & L_{4,6} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & L_{5,4} & L_{5,5} & L_{5,6} & 0 & L_{5,8} & 0 & 0 & 0 & L_{5,12} \\ 0 & 0 & 0 & L_{6,4} & L_{6,5} & L_{6,6} & 0 & L_{6,8} & 0 & 0 & 0 & L_{6,12} \\ 0 & L_{7,2} & 0 & 0 & 0 & L_{7,6} & L_{7,7} & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & L_{8,2} & 0 & 0 & 0 & L_{8,6} & L_{8,7} & L_{8,8} & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & L_{9,9} & L_{9,10} & 0 & L_{9,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & L_{10,9} & L_{10,10} & 0 & L_{10,12} \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & L_{11,10} & L_{11,11} & L_{11,12} \\ 0 & L_{12,2} & 0 & 0 & 0 & L_{12,6} & 0 & 0 & 0 & L_{12,10} & L_{12,11} & L_{12,12} \end{pmatrix}$$

donde:

- $L_{1,1} = \lambda + \beta_{14}I_4 + \beta_{16}I_6 + \mu$       ▪  $L_{2,8} = -e^{-\lambda\tau}\beta_{14}S_1$
- $L_{1,8} = \beta_{14}S_1$       ▪  $L_{2,12} = -e^{-\lambda\tau}\beta_{16}S_1$
- $L_{1,12} = \beta_{16}S_1$       ▪  $L_{3,3} = \lambda + (\sum_{j=2}^3 \beta_{2,j}I_j) + \mu$
- $L_{2,1} = -\beta_{14}I_{\tau,4} - \beta_{16}I_{\tau,6}$       ▪  $L_{3,4} = \beta_{22}S_2$
- $L_{2,2} = \lambda + \mu_h$       ▪  $L_{3,6} = \beta_{23}S_2$

- $L_{4,3} = -\sum_{j=2}^3 \beta_{2,j} I_{\tau,j}$
- $L_{4,4} = \lambda + \mu_h - e^{-\lambda\tau} \beta_{22} S_2$
- $L_{4,6} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{23} S_2$
- $L_{5,4} = \beta_{32} S_3$
- $L_{5,5} = \lambda + (\sum_{\substack{j=2 \\ j \neq 5}}^6 \beta_{3,j} I_j) + \mu$
- $L_{5,6} = \beta_{33} S_3$
- $L_{5,8} = \beta_{34} S_3$
- $L_{5,12} = \beta_{36} S_3$
- $L_{6,4} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{32} S_3$
- $L_{6,5} = -\sum_{\substack{j=2 \\ j \neq 5}}^6 \beta_{3,j} I_{\tau,j}$
- $L_{6,6} = \lambda + \mu_h - e^{-\lambda\tau} \beta_{33} S_3$
- $L_{6,8} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{34} S_3$
- $L_{6,12} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{36} S_3$
- $L_{7,2} = \beta_{41} S_4$
- $L_{7,6} = \beta_{43} S_4$
- $L_{7,7} = \lambda + (\beta_{41} I_1 + \beta_{43} I_3) + \mu$
- $L_{8,2} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{41} S_4$
- $L_{8,6} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{43} S_4$
- $L_{8,7} = -\beta_{41} I_{\tau,1} - \beta_{43} I_{\tau,3}$
- $L_{8,8} = \lambda + \mu_m$
- $L_{9,9} = \lambda + (\sum_{j=5}^6 \beta_{5,j} I_j) + \mu$
- $L_{9,10} = \beta_{55} S_5$
- $L_{9,12} = \beta_{56} S_5$
- $L_{10,9} = -(\sum_{j=5}^6 \beta_{5,j} I_{\tau,j})$
- $L_{10,10} = \lambda + \mu_m - e^{-\lambda\tau} \beta_{55} S_5$
- $L_{10,12} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{56} S_5$
- $L_{11,2} = \beta_{61} S_6$
- $L_{11,6} = \beta_{63} S_6$
- $L_{11,10} = \beta_{65} S_6$
- $L_{11,11} = \lambda + (\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq 2,4}}^6 \beta_{6,j} I_j) + \mu$
- $L_{11,12} = \beta_{66} S_6$
- $L_{12,2} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{61} S_6$
- $L_{12,6} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{63} S_6$
- $L_{12,10} = -e^{-\lambda\tau} \beta_{65} S_6$
- $L_{12,11} = -(\sum_{\substack{j=1 \\ j \neq 2,4}}^6 \beta_{6,j} I_{\tau,j})$
- $L_{12,12} = \lambda + \mu_m - e^{-\lambda\tau} \beta_{66} S_6$

y  $L_{ij} = 0$  en otro caso.

El polinomio característico asociado al equilibrio  $E_i$  está dado por  $|L(E_i)|$ . Al tratarse de una matriz de tamaño  $12 \times 12$ , dicho polinomio adquiere una estructura algebraica extremadamente densa y extensa. En la sección A.2 mostramos un código en **Python** para el cálculo del polinomio. Además, en A.3 se puede encontrar la expresión completa de  $|L(E_0)|$ .

Debido a la complejidad de los coeficientes del polinomio, no fue posible verificar puntualmente las condiciones de estabilidad dictadas por el teorema 1.2.8.

## Simulaciones Numéricas

Todas las simulaciones que se muestran a continuación fueron realizadas en **R** [17] usando la función “dede” del paquete “deSolve” [23]. Para más información puede consultarse [22]. Las simulaciones presentadas ilustran las dinámicas que se pueden presentar, de manera que los parámetros utilizados son aquellos que satisfacen las condiciones mencionadas en cada sección, mientras que las condiciones iniciales son valores tomados de la literatura.

Como condiciones iniciales de todas las simulaciones aquí presentadas se eligieron los valores mostrados en el cuadro 3.1

$S_1(0)$	43,796,416	$S_2(0)$	1,196,169	$S_3(0)$	1,191,551
$S_4(0)$	46,360,408	$S_5(0)$	485,474	$S_6(0)$	1,220,897
$I_1(0)$	2,394	$I_2(0)$	66	$I_3(0)$	65
$I_4(0)$	4,870	$I_5(0)$	52	$I_6(0)$	128

Cuadro 3.1: Condiciones iniciales empleadas para las simulaciones numéricas.

Estos valores corresponden al número de habitantes en México que se identifican con las distintas orientaciones sexuales, extraídos de la Encuesta Nacional sobre Diversidad Sexual y de Género (ENDISEG) 2021 [4], proporcionados por el Instituto Nacional de Estadística y Geografía (INEGI), y al número de personas infectadas de gonorrea, datos proporcionados por la Dirección General de Epidemiología (DGE) [3].

En las figuras de la sección 3.1 se muestran las simulaciones del modelo con  $\tau = 25$ <sup>1</sup>. El tiempo está medido en días. La población está normalizada (dividida entre el número total de la población, para cada  $t$ , puesto que la población no es constante). La curva de color azul representa a los hombres heterosexuales, la de color cian a los hombres homosexuales, la verde a los hombres bisexuales, la curva roja a las mujeres heterosexuales, la magenta a las mujeres homosexuales y en rosa las mujeres bisexuales.

### 3.1. Simulaciones didácticas

Con el fin de obtener combinaciones de parámetros que ilustren los casos en que  $\mathfrak{R}_0$  es menor o mayor que 1, se desarrolló un código en **R** que genera una muestra aleatoria de parámetros proveniente de una distribución uniforme en el intervalo  $[0, 1]$  para, posteriormente, calcular numéricamente el valor de  $\mathfrak{R}_0$ . El código se puede encontrar en A.4.

<sup>1</sup>La gonorrea tarda en mostrar síntomas entre 2 y hasta 30 días después del contagio.

### 3.1.1. Caso en que $\mathfrak{R}_0 < 1$

El código mostrado arrojó los siguientes valores, los cuales producen un  $\mathfrak{R}_0 = 0.98$ .

$\Lambda$	0.274	$\mu$	0.948	$\mu_h$	0.435	$\mu_m$	0.860
$\beta_{14}$	0.821	$\beta_{16}$	0.549	$\beta_{22}$	0.671	$\beta_{23}$	0.666
$\beta_{32}$	0.644	$\beta_{33}$	0.800	$\beta_{34}$	0.492	$\beta_{36}$	0.311
$\beta_{41}$	0.987	$\beta_{43}$	0.017	$\beta_{55}$	0.753	$\beta_{56}$	0.732
$\beta_{61}$	0.650	$\beta_{63}$	0.822	$\beta_{65}$	0.237	$\beta_{66}$	0.481

Cuadro 3.2: Valores de los parámetros que producen un  $\mathfrak{R}_0 < 1$ .

Las siguientes figuras muestran la dinámica de los distintos grupos de infectados.

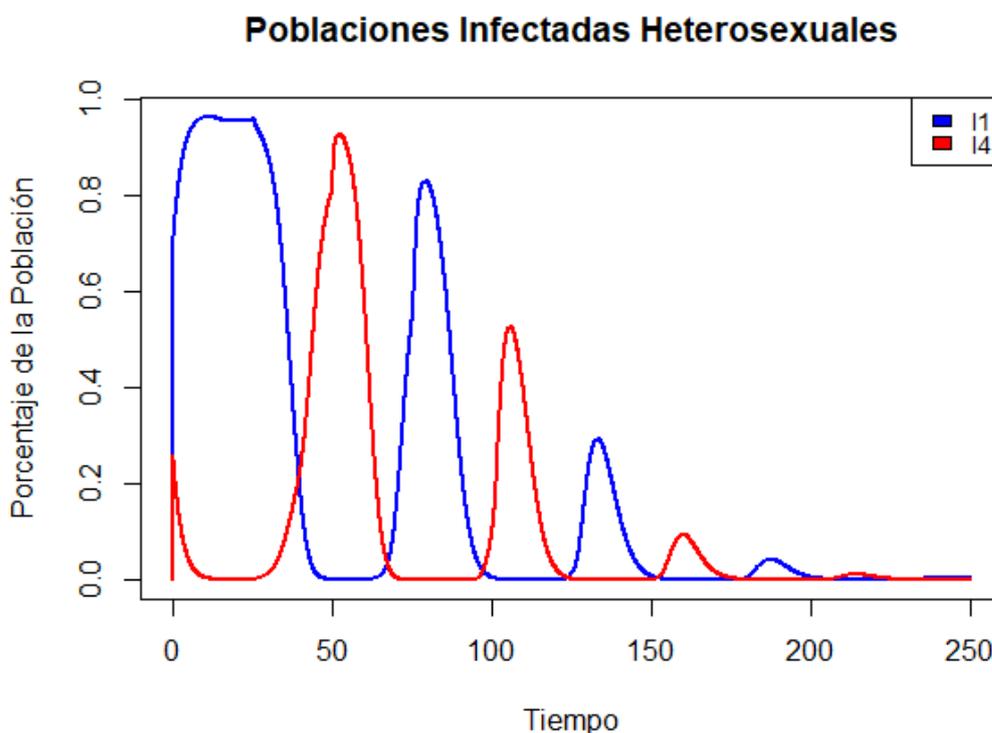


Figura 3.1: Dinámica de las poblaciones infectadas heterosexuales con un  $\mathfrak{R}_0 < 1$ .

Se presentan oscilaciones en la dinámica de ambas poblaciones heterosexuales que van decreciendo en amplitud conforme pasa el tiempo. Cuando la población masculina está en un pico, la población femenina registra un mínimo de contagios, no es hasta que finaliza el retardo que los papeles se invierten. Este comportamiento se asemeja a la dinámica del modelo de Lotka-Volterra visto en la sección de Preliminares.

Cuando finaliza el primer retardo, la dinámica en la población masculina empieza a ser decreciente, mientras que la femenina comienza a ser ascendente.

Al término del segundo retardo, en la dinámica de las mujeres (que viene siendo ascendente) se presenta un nuevo rebrote. Algo similar ocurre en los hombres pero al término del tercer retardo.

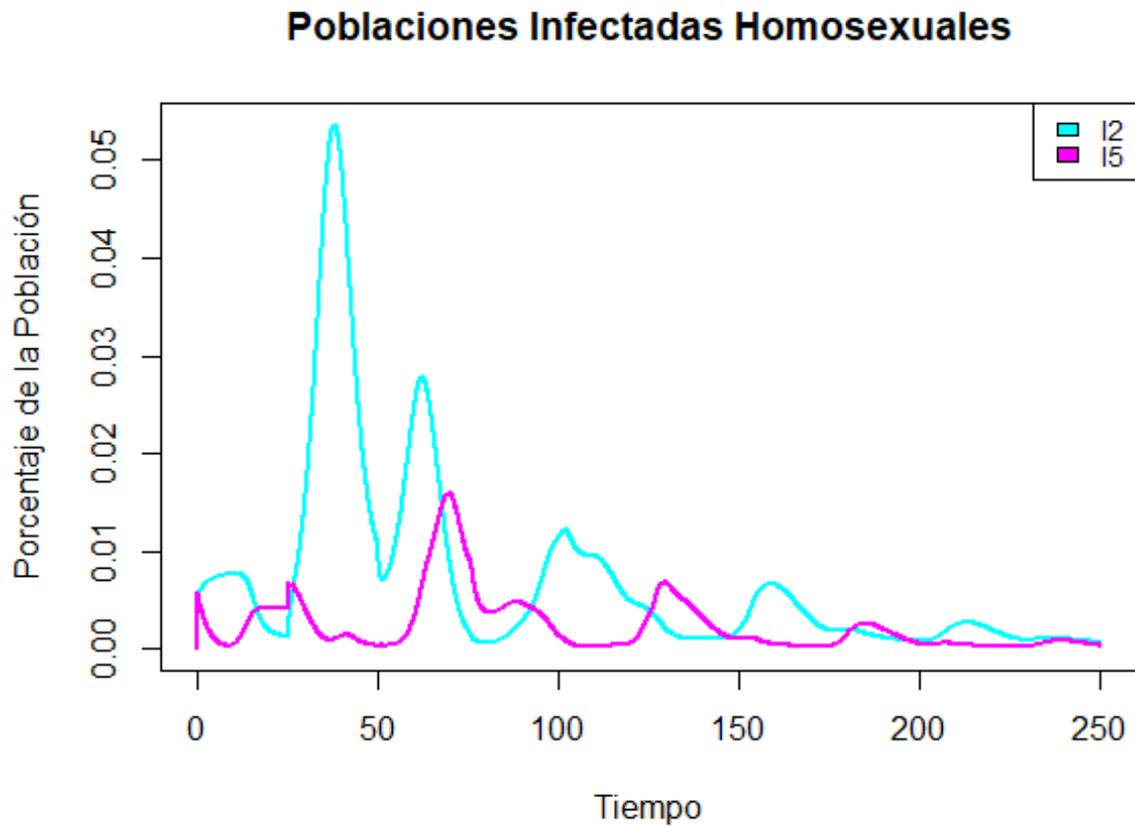


Figura 3.2: Dinámica de las poblaciones infectadas homosexuales con un  $\mathfrak{R}_0 < 1$ .

La dinámica de estas poblaciones es irregular en comparación con las poblaciones heterosexuales. No se presentan oscilaciones. Se aprecian dos olas muy pronunciadas en la población masculina, cuyos puntos más altos parecen ocurrir justo a la mitad del retardo, es decir, en los tiempos  $\frac{3\pi}{2}$  y  $\frac{5\pi}{2}$ . Por otro lado, la población femenina presenta una breve meseta que culmina en un asenso brusco justo al finalizar el primer retardo.

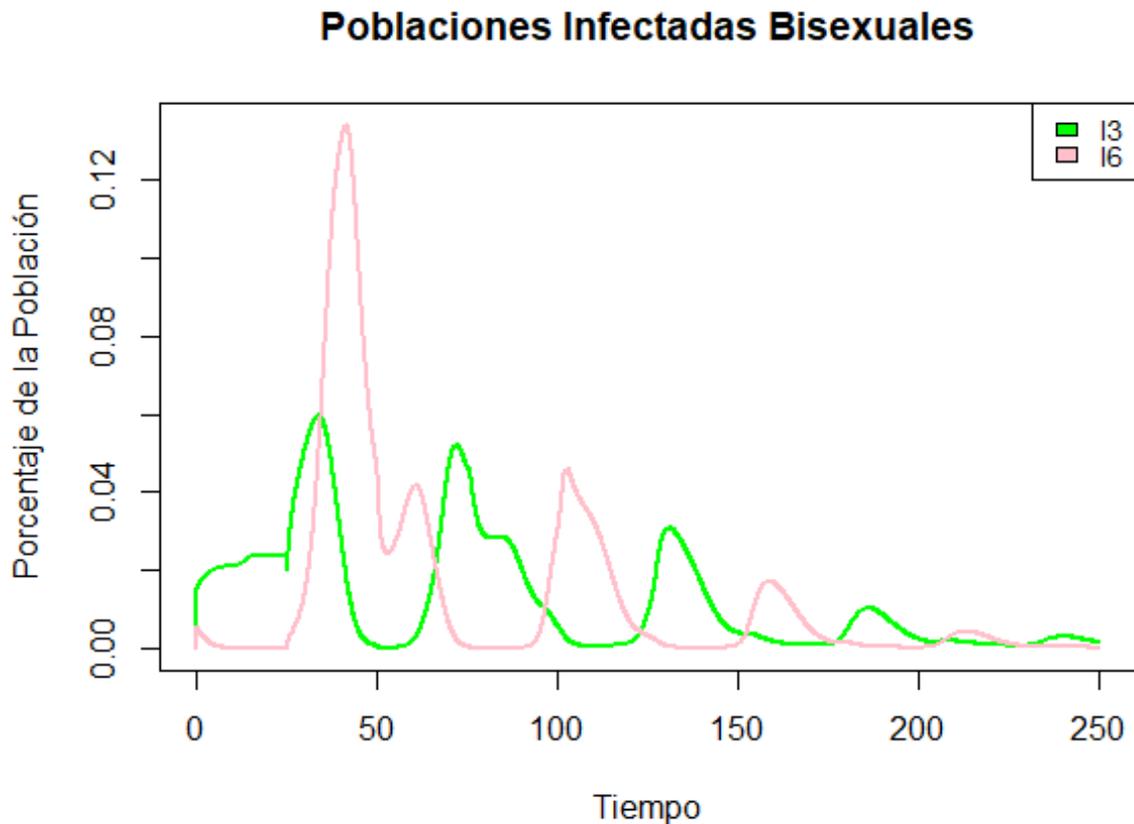


Figura 3.3: Dinámica de las poblaciones infectadas bisexuales con un  $\mathfrak{R}_0 < 1$ .

Se observa un primer pico (más pronunciado en la población femenina) que ocurre entre los tiempos  $\tau$  y  $2\tau$ .

La segunda ola en la población masculina ocurre entre los tiempos  $\frac{5\tau}{2}$  y  $\frac{7\tau}{2}$ , mientras que la tercera ola ocurre entre  $5\tau$  y  $6\tau$ .

Mientras que la segunda ola en las mujeres inicia al tiempo  $2\tau$  y termina en  $\frac{5\tau}{2}$ .

Note que los porcentajes de la población son distintos en cada gráfica, siendo mayor para las personas heterosexuales, menor para las bisexuales, y aún más pequeña para las homosexuales.

### Diferentes valores de $\tau$

Con el fin de estudiar los cambios que se producen en la dinámica del modelo en función del parámetro  $\tau$ , a continuación se muestran simulaciones del modelo con los mismos parámetros del cuadro 3.2 pero con distintos valores del retardo.

En la figura 3.4 se observa la dinámica de los infectados de las tres orientaciones sexuales consideradas para valores de  $\tau$  de 10, 20 y 30.

Mientras que en las figuras 3.5, 3.6 y 3.7 se varía el parámetro entre 1 y 30 con incrementos de 1.5.

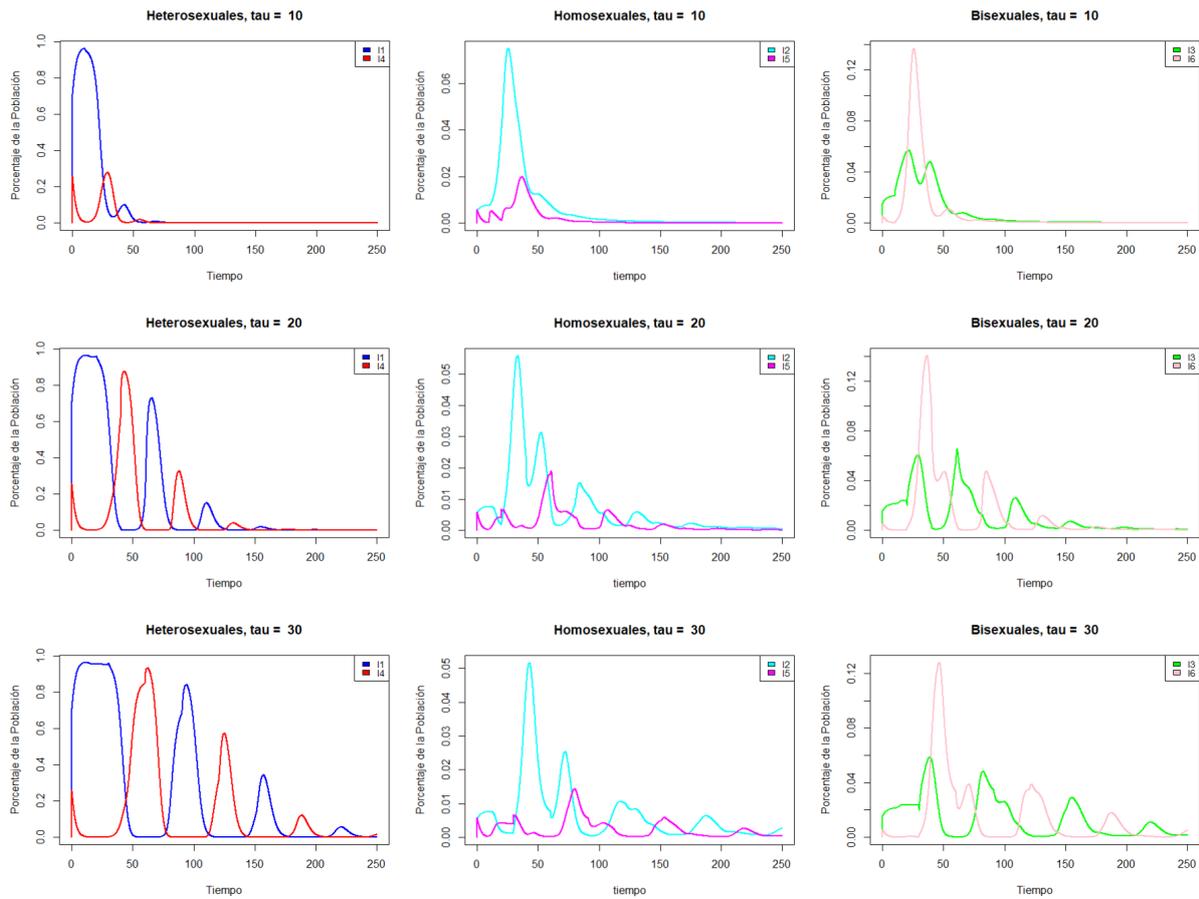


Figura 3.4: Dinámica de las distintas poblaciones infectadas para  $\tau = 10, 20$  y  $30$ .

Para  $\tau = 10$  las dinámicas epidémicas muestran una rápida disminución de los infectados en todas las poblaciones. En  $\tau = 20$  las oscilaciones se vuelven más amplias y persistentes. Mientras que para  $\tau = 30$  se amplifican aún más estas oscilaciones en todas las poblaciones.

Las poblaciones heterosexuales tienen los picos más altos y un comportamiento más uniforme. En cuanto a las poblaciones homosexuales, presentan dinámicas más moderadas, con amplitudes más pequeñas en comparación con las demás poblaciones. Por otro lado, las poblaciones bisexuales muestran oscilaciones amplias y complejas, siendo más prominente el caso de los hombres.

En todos los casos, el sistema tiende a estabilizarse hacia cero, pero este proceso es más lento y complejo conforme  $\tau$  aumenta.

En lo que respecta a la figura 3.5, se puede ver que la primera ola en la población masculina alcanza la misma altura para cualquier valor del retardo, lo único que cambia es el tiempo que tarda en empezar a decrecer, el cual incrementa conforme aumenta el retardo. El resto de olas, tanto en hombres como en mujeres, alcanzan alturas cada vez más altas, mismas que acontecen cada vez más tarde.

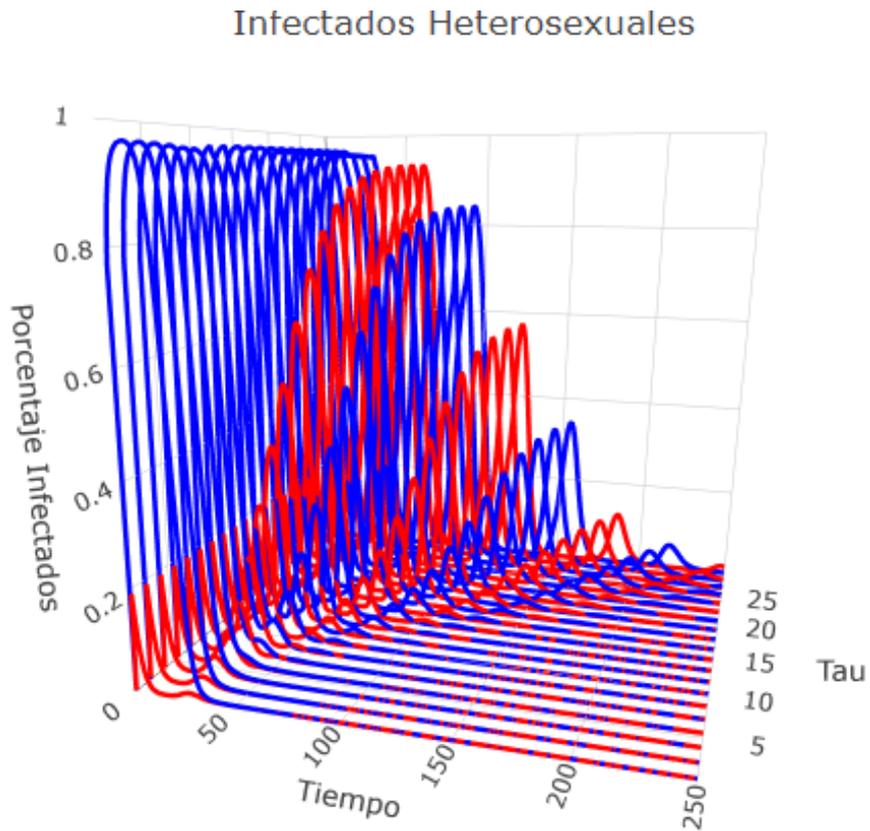


Figura 3.5: Dinámica de las poblaciones infectadas heterosexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

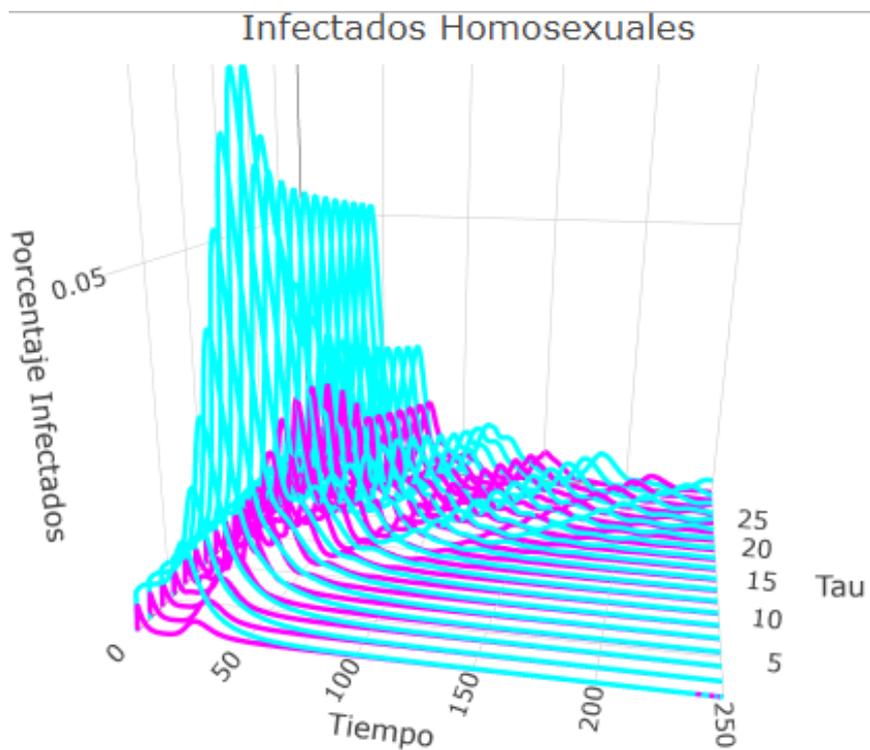


Figura 3.6: Dinámica de las poblaciones infectadas homosexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

En la figura 3.6 se observa que la altura de la primera ola en los hombres aumenta para

$\tau$  entre 1 y 11, alcanza un máximo en 11.5 y después comienza a disminuir. Lo mismo ocurre con la primera ola en las mujeres, solo que ésta alcanza su máximo en  $\tau = 14.5$ .

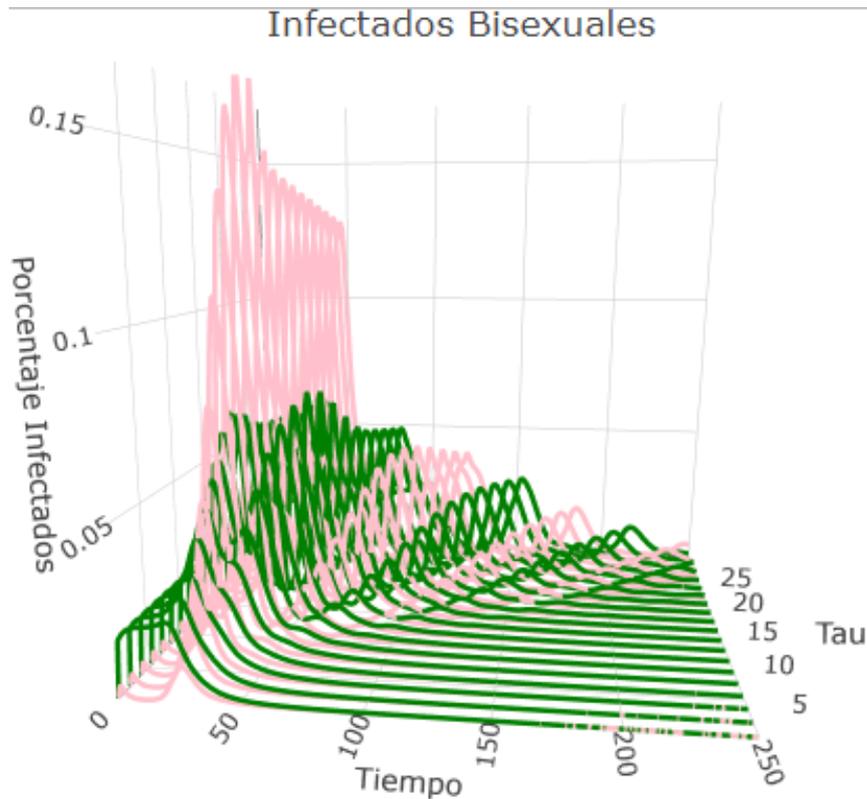


Figura 3.7: Dinámica de las poblaciones infectadas bisexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

En la figura 3.7 podemos ver que la primera ola en los hombres está precedida de una meseta cuya longitud aumenta en función de  $\tau$ , la altura de la misma es creciente para valores del retardo entre 1 y 12, parece alcanzar un máximo en  $\tau = 13$ , y después comienza a decrecer. Lo mismo ocurre con la primera ola de las mujeres, solo que ésta está precedida de un valle; la altura del pico parece mantenerse constante para valores de tau entre 11.5 y 20.5 y después empieza a decrecer lentamente.

Persiste el comportamiento de desfases en las demás olas.

En las poblaciones homo y bisexuales, el comportamiento presenta un cambio más evidente cerca del valor  $\tau = 15$ , a diferencia de lo observado en la población heterosexual.

### 3.1.2. Caso en que $\mathfrak{R}_0 > 1$

El código mostrado arrojó los siguientes valores, los cuales producen un  $\mathfrak{R}_0 = 4.61$ .

$\Lambda$	0.956	$\mu$	0.428	$\mu_h$	0.490	$\mu_m$	0.475
$\beta_{14}$	0.639	$\beta_{16}$	0.238	$\beta_{22}$	0.201	$\beta_{23}$	0.894
$\beta_{32}$	0.297	$\beta_{33}$	0.054	$\beta_{34}$	0.901	$\beta_{36}$	0.441
$\beta_{41}$	0.079	$\beta_{43}$	0.579	$\beta_{55}$	0.292	$\beta_{56}$	0.477
$\beta_{61}$	0.126	$\beta_{63}$	0.015	$\beta_{65}$	0.006	$\beta_{66}$	0.500

Cuadro 3.3: Valores de los parámetros que producen un  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

En las siguientes figuras se muestra la dinámica de los distintos grupos de infectados.

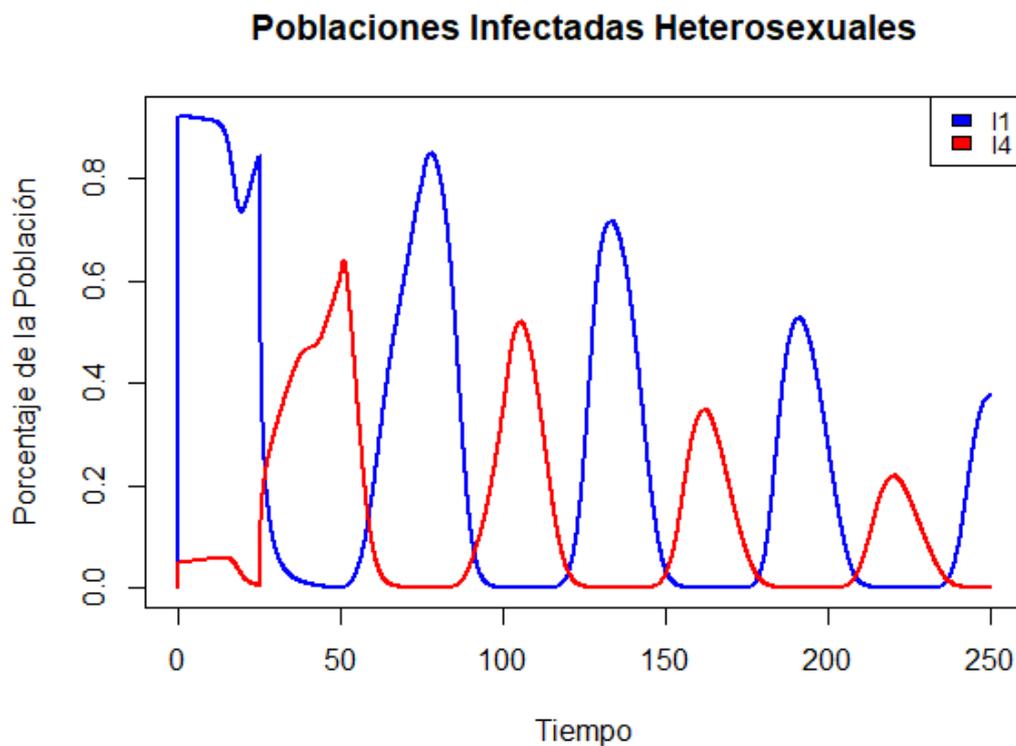


Figura 3.8: Dinámica de las poblaciones infectadas heterosexuales con un  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

Al igual que en la figura 3.1, se presentan oscilaciones que van decreciendo con el tiempo, solo que en este caso, se tardan más tiempo en hacerlo. Persiste el fenómeno de que cuando un sexo está en un máximo el otro está en un mínimo.

Llama la atención los picos que se producen en los hombres al finalizar el primer retardo y en las mujeres al finalizar dos retardos.

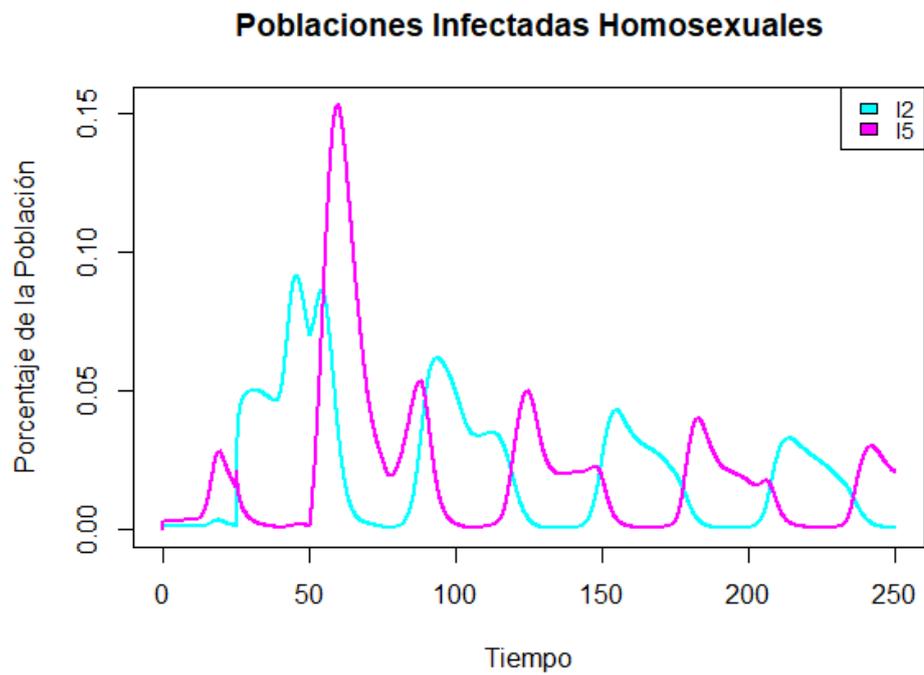


Figura 3.9: Dinámica de las poblaciones infectadas homosexuales con un  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

En cuanto a los hombres, se presentan tres alzas en el número de contagios antes de finalizar el primer retardo. En este caso el número máximo de contagios para esta orientación sexual se produce en las mujeres en la segunda ola. Después de esto, las siguientes olas (en ambos sexos) van decreciendo a un ritmo lento.

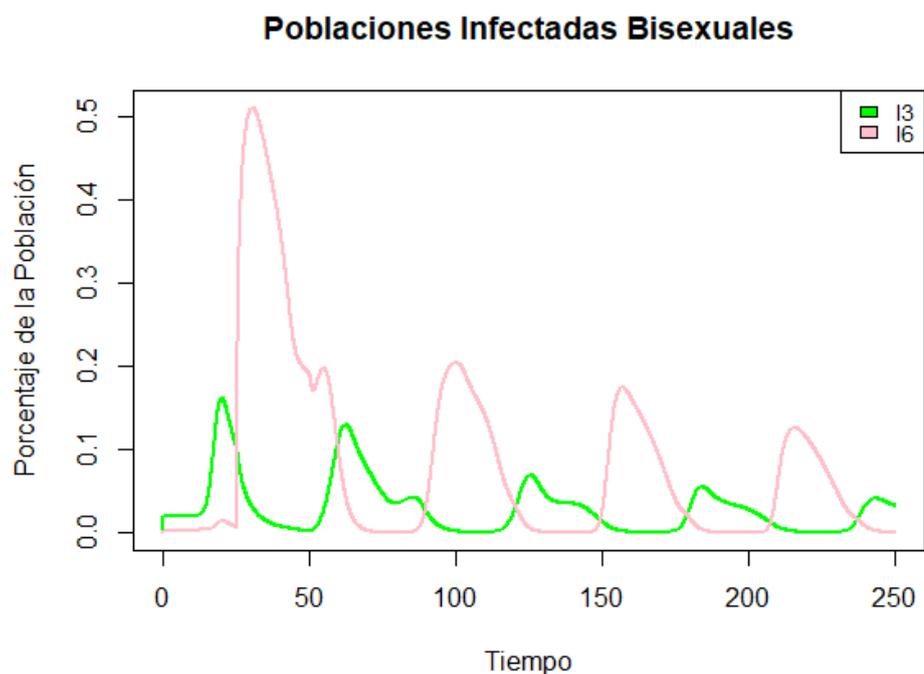


Figura 3.10: Dinámica de las poblaciones infectadas bisexuales con un  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

Es notoria la diferencia en el número de infectados por sexo, siendo las mujeres las que presentan más en la primera ola.

En torno al segundo retardo, en las mujeres, ocurre de manera rápida un descenso, subida y nuevo descenso. Este fenómeno no se vuelve a presentar después.

Nuevamente las oscilaciones tardan más en descender en comparación al caso  $\mathfrak{R}_0 > 1$ .

### Diferentes valores de $\tau$

Al igual que antes, aquí presentamos simulaciones manteniendo el valor de los parámetros del cuadro 3.3 pero con distintos valores del retardo. Nuevamente primero mostraremos la dinámica de las tres orientaciones sexuales consideradas para valores del retardo de 10, 20 y 30 (figura 3.11). Posterior a ello, mostramos simulaciones individuales de cada orientación sexual para valores de  $\tau$  entre 1 y 30 (figuras 3.12, 3.13 y 3.14).

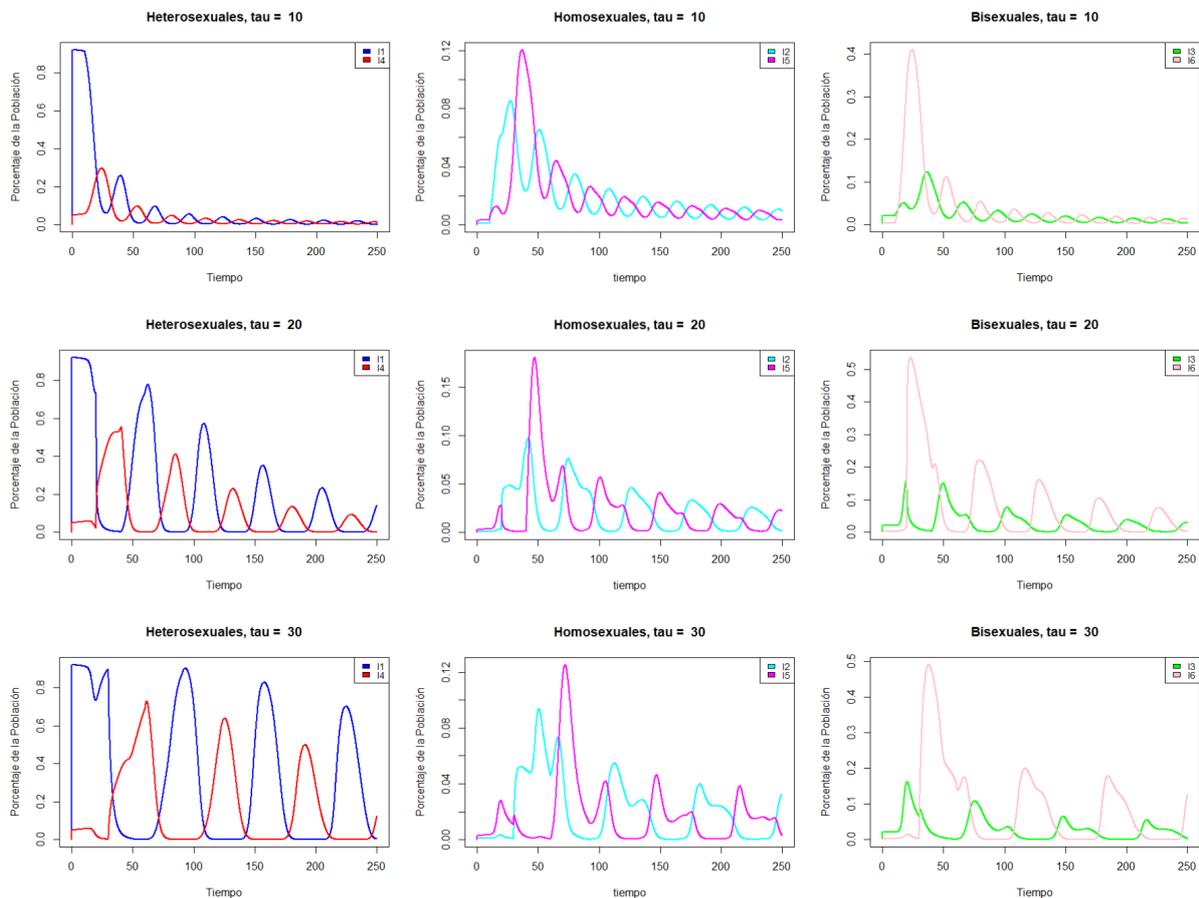


Figura 3.11: Dinámica de las poblaciones infectadas para distintos valores de  $\tau$ .

Para  $\tau = 10$  hay un pico inicial significativo para los hombres, seguido de oscilaciones que se amortiguan rápidamente, mientras que la población de mujeres muestra valores bajos pero persistentes. En  $\tau = 20$  aparecen oscilaciones más pronunciadas y persistentes para ambos grupos. Los picos son más amplios, indicando que la dinámica epidémica toma más tiempo en estabilizarse. Mientras que cuando  $\tau = 30$  las oscilaciones se amplifican

aún más, con ciclos prolongados de contagio. Los picos de los hombres son claramente dominantes.

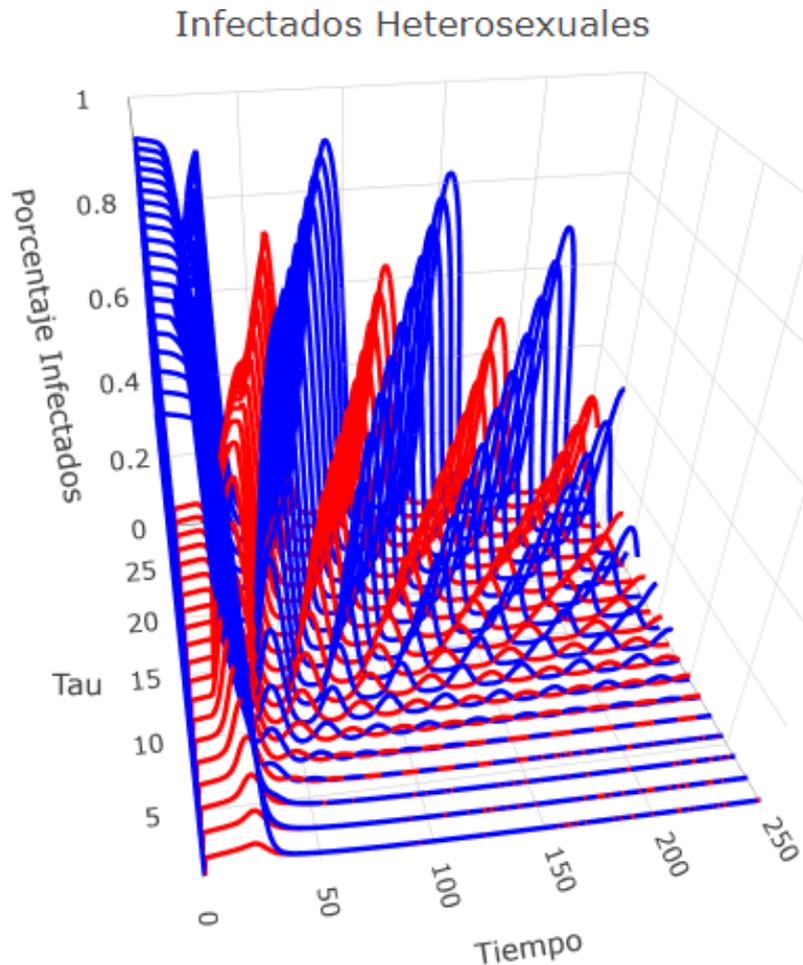


Figura 3.12: Dinámica de las poblaciones infectadas heterosexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

En la figura 3.12, nuevamente se observa que la altura de la primera ola es la misma en hombres para todos los valores del retardo, cosa que no ocurre en las mujeres, en ellas la altura de la primera ola es más alta conforme  $\tau$  aumenta, sin embargo ocurre algo muy interesante en ambos sexos; a partir de  $\tau = 22$  en hombres y  $\tau = 19$  en mujeres, la primera ola parece comenzar a disminuir pero rápidamente se presenta un nuevo rebrote, mismo que poco tiempo después decae rápidamente haciendo que la curva parezca tener un pico. Este fenómeno se asemeja a una “joroba”. Nuevamente vemos que el efecto del retardo provoca desfases en la dinámica en ambos sexos.

En cuanto a la figura 3.13 podemos ver un comportamiento interesante; primero, se repite el fenómeno de las jorobas del caso anterior, en hombres a partir de  $\tau = 11.5$  y en mujeres a partir de  $\tau = 10$ . En segundo lugar, se ve claramente que las oscilaciones se hacen persistentes en ambos sexos a partir de  $\tau = 8.5$ , antes de ese valor las curvas decaen suavemente. Finalmente, se observa que la ola más grande (que en este caso ocurre en las mujeres) alcanza una altura máxima en  $\tau = 19$ , posterior a ello la altura disminuye. Persiste el fenómeno de los desfases.

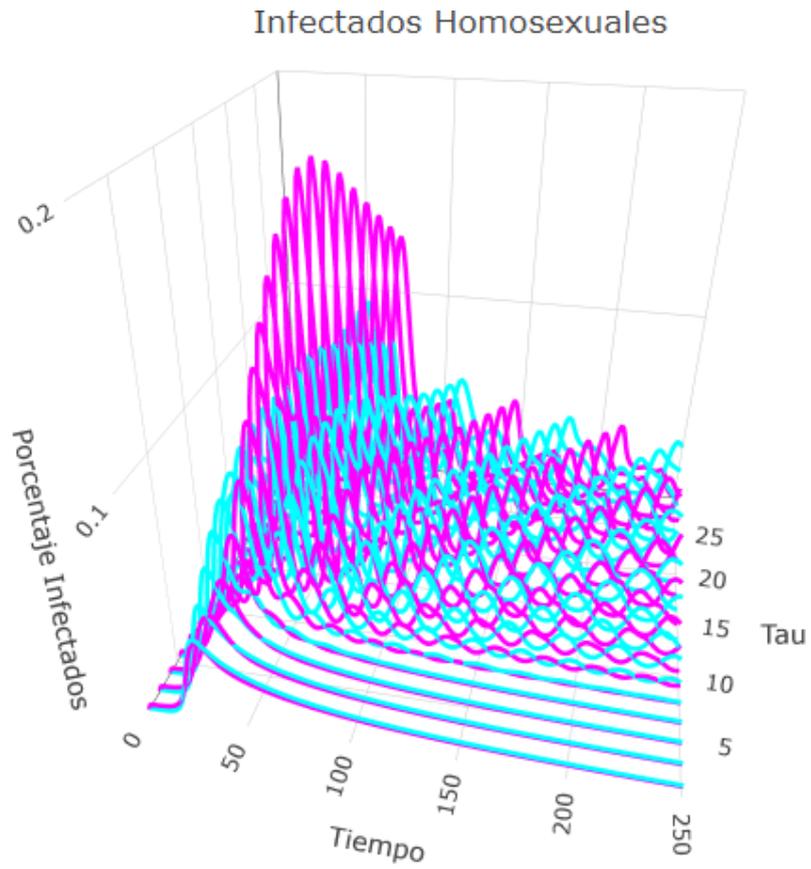


Figura 3.13: Dinámica de las poblaciones infectadas homosexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

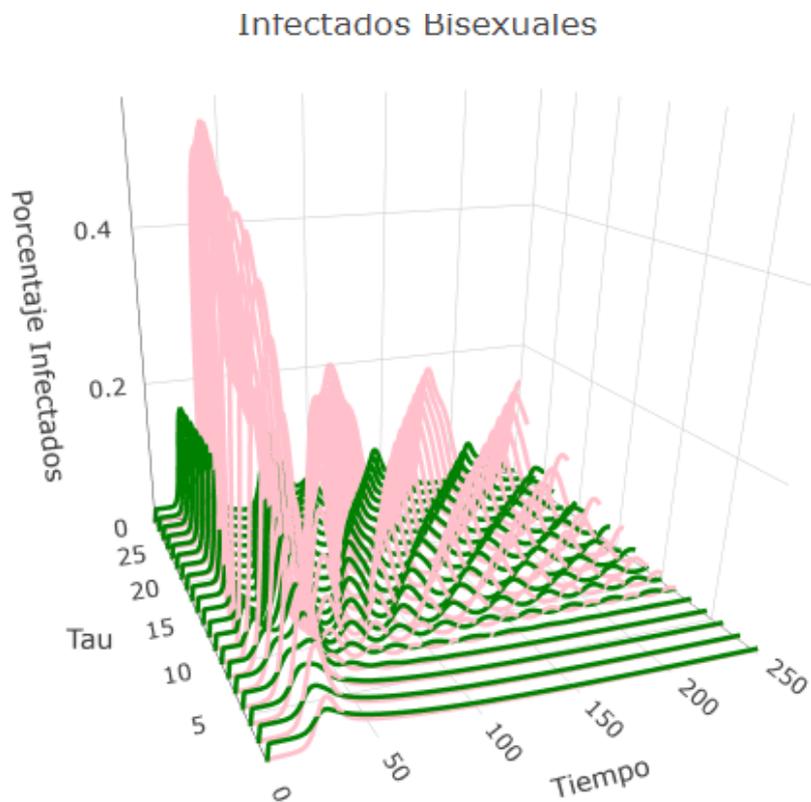


Figura 3.14: Dinámica de las poblaciones infectadas bisexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

En la figura 3.14 podemos ver que para valores de  $\tau$  entre 1 y 10 el comportamiento tiende a amortiguarse rápidamente, alcanzando valores cercanos a cero. Para valores intermedios, como lo son de 11 a 20, aparecen oscilaciones con ciclos más largos, con un aumento gradual en la amplitud de los picos. Mientras que para valores entre 21 y 30 las oscilaciones se vuelven más amplias y persistentes, con patrones cíclicos bien definidos que abarcan más tiempo.

Se observa también una clara interacción entre los dos grupos, con fases alternadas en la intensidad de los picos.

### 3.1.3. Diferentes dinámicas para valores similares de $\mathfrak{R}_0$ .

Un aspecto importante del número reproductivo básico es que se utiliza como un valor umbral. Sin embargo, como puede apreciarse en la idea para calcular dicho valor, este es una relación entre muchos otros parámetros, por lo que el resultado final se debe a cualquiera de las combinaciones entre estos. Puesto que estos parámetros representan tasas de ingreso, defunción y de contagio, las distintas combinaciones de posibles valores de estos generan dinámicas distintas. Para ilustrar esto, a continuación mostramos 4 diferentes simulaciones con valores similares de  $\mathfrak{R}_0$  que tienen dinámicas muy diferentes. Entiéndase por similar que  $|\mathfrak{R}_0 - 3| < \frac{1}{10}$ .

**Nota:** el valor de 3 se eligió de manera arbitraria únicamente para ilustrar la idea.

Los parámetros utilizados fueron los siguientes y producen valores de 2.944, 3.068 y 3.048 respectivamente.

- |                                      |                                      |
|--------------------------------------|--------------------------------------|
| ▪ $\Lambda = 0.304, 0.733, 0.978$    | ▪ $\beta_{34} = 0.248, 0.879, 0.065$ |
| ▪ $\mu = 0.698, 0.592, 0.596$        | ▪ $\beta_{36} = 0.225, 0.825, 0.494$ |
| ▪ $\mu_h = 0.144, 0.717, 0.711$      | ▪ $\beta_{41} = 0.584, 0.757, 0.908$ |
| ▪ $\mu_m = 0.766, 0.925, 0.897$      | ▪ $\beta_{43} = 0.639, 0.779, 0.955$ |
| ▪ $\beta_{14} = 0.609, 0.130, 0.538$ | ▪ $\beta_{55} = 0.842, 0.307, 0.379$ |
| ▪ $\beta_{16} = 0.645, 0.955, 0.061$ | ▪ $\beta_{56} = 0.078, 0.851, 0.149$ |
| ▪ $\beta_{22} = 0.508, 0.408, 0.988$ | ▪ $\beta_{61} = 0.721, 0.086, 0.784$ |
| ▪ $\beta_{23} = 0.503, 0.607, 0.209$ | ▪ $\beta_{63} = 0.210, 0.531, 0.566$ |
| ▪ $\beta_{32} = 0.605, 0.230, 0.961$ | ▪ $\beta_{65} = 0.820, 0.862, 0.995$ |
| ▪ $\beta_{33} = 0.264, 0.836, 0.099$ | ▪ $\beta_{66} = 0.525, 0.884, 0.800$ |

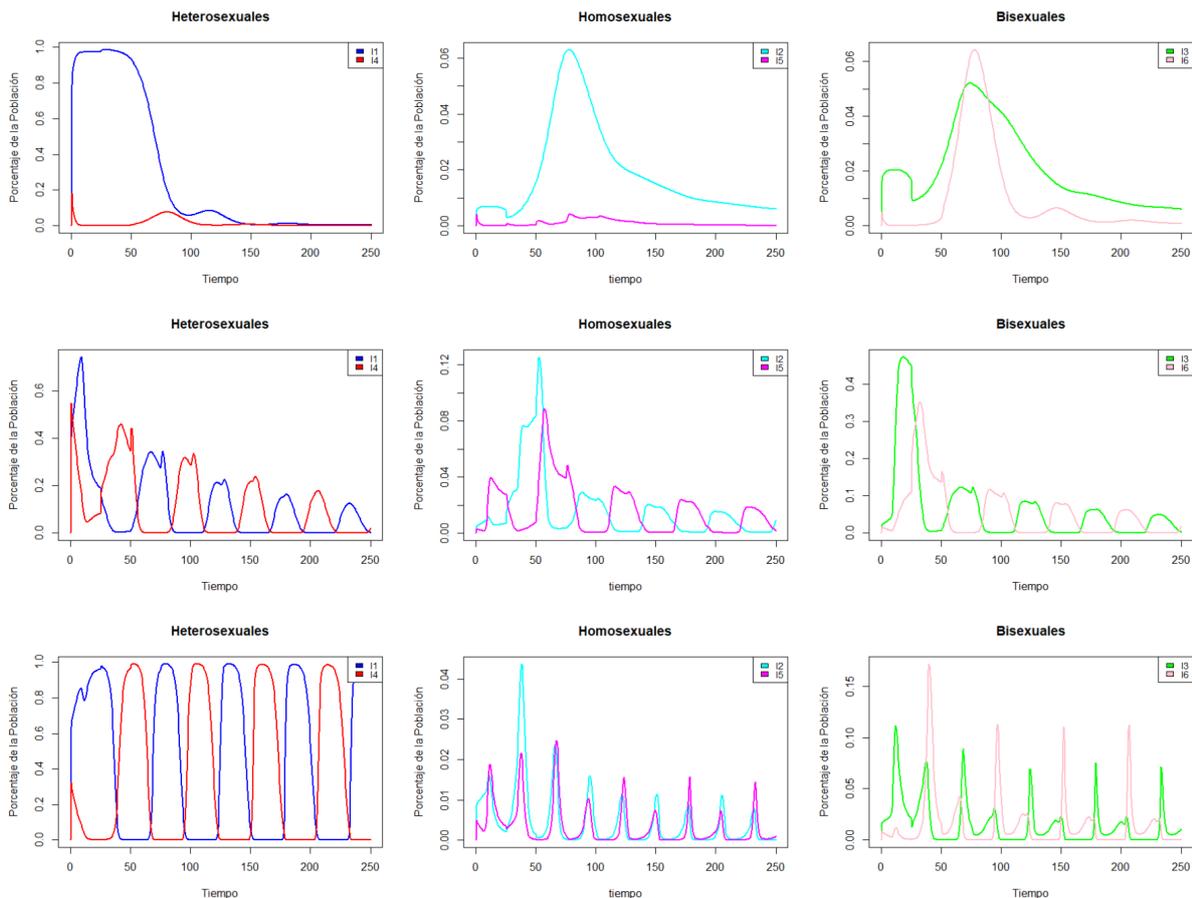


Figura 3.15: Dinámicas de las distintas poblaciones de infectados para valores similares de  $\mathfrak{R}_0$ .

En el primer caso, todas las poblaciones (salvo mujeres hetero y homosexuales) tienen un breve brote que cesa rápidamente. No hay oscilaciones.

En el segundo caso, todas las poblaciones presentan oscilaciones que van decreciendo con el tiempo.

En el último caso se presenta una dinámica más regular; las oscilaciones parecen ser uniformes y mantenerse en el tiempo. A diferencia del segundo caso, en la población homosexual, tanto hombres como mujeres crecen y decrecen al mismo ritmo.

### 3.2. Simulación del modelo aplicado al estudio de la gonorrea

Los parámetros correspondientes a las tasas de contagio fueron extraídas del artículo [12], mientras que la tasa de ingreso  $\Lambda$  y las tasas de mortalidad  $\mu$ ,  $\mu_h$  y  $\mu_m$  se obtuvieron a partir del comunicado de prensa publicado por el INEGI [10]. Estos parámetros se muestran en el cuadro 3.4, mismos que generan un  $\mathfrak{R}_0 = 0.1908284$ .

### 3.2. SIMULACIÓN DEL MODELO APLICADO AL ESTUDIO DE LA GONORREA35

$\Lambda$	1.66	$\beta_{34}$	$1.57315 \times 10^{-2}$
$\mu$	1.66	$\beta_{36}$	$1.5695 \times 10^{-2}$
$\mu_h$	$9.287 \times 10^{-1}$	$\beta_{41}$	$8.395 \times 10^{-3}$
$\mu_m$	$7.373 \times 10^{-1}$	$\beta_{43}$	$8.76 \times 10^{-3}$
$\beta_{14}$	$1.5768 \times 10^{-2}$	$\beta_{55}$	$6.9715 \times 10^{-2}$
$\beta_{16}$	$1.58045 \times 10^{-2}$	$\beta_{56}$	$7.008 \times 10^{-2}$
$\beta_{22}$	$6.862 \times 10^{-2}$	$\beta_{61}$	$8.3585 \times 10^{-3}$
$\beta_{23}$	$6.8985 \times 10^{-2}$	$\beta_{63}$	$8.4315 \times 10^{-3}$
$\beta_{32}$	$6.8985 \times 10^{-2}$	$\beta_{65}$	$6.862 \times 10^{-2}$
$\beta_{33}$	$6.935 \times 10^{-2}$	$\beta_{66}$	$7.008 \times 10^{-2}$

Cuadro 3.4: Valores de los parámetros empleados para las simulación en el estudio de la gonorrea.

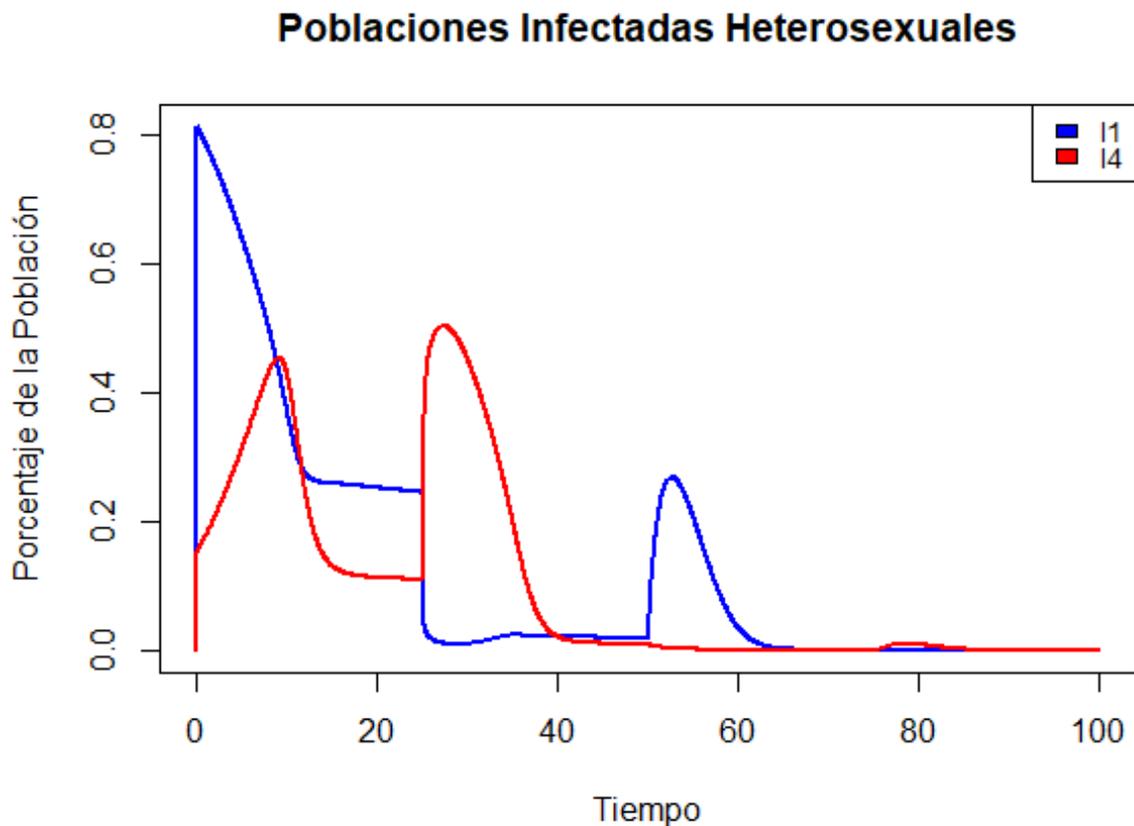


Figura 3.16: Dinámica de las poblaciones heterosexuales infectadas de gonorrea.

La dinámica en este caso parece estar conformada principalmente por dos olas en ambos sexos. Tanto en hombres como en mujeres se aprecia una meseta desde  $t = 10$  hasta que se ve interrumpida por un cambio brusco en ambas poblaciones al tiempo  $t = \tau = 25$ ; descenso en el caso de los hombres y aumento en las mujeres. Los contagios ceden después de  $t = 60$ .

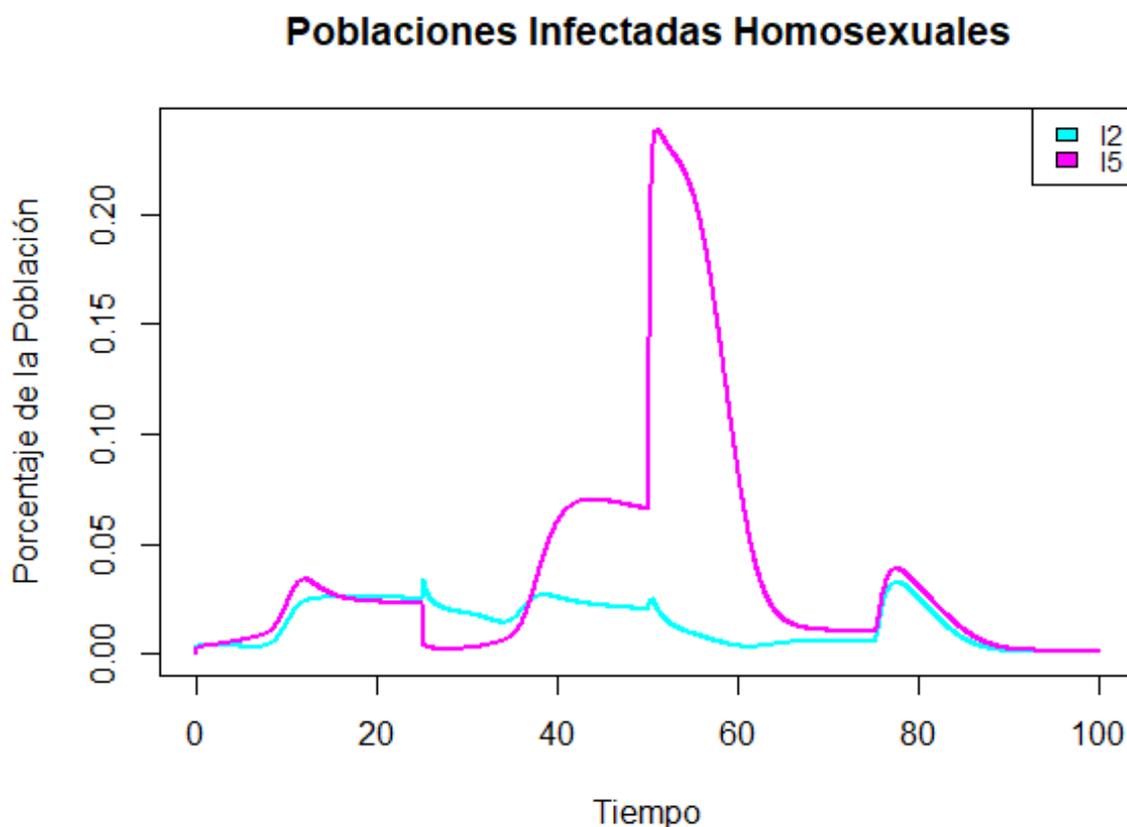


Figura 3.17: Dinámica de las poblaciones homosexuales infectadas de gonorrea.

En el caso de la figura 3.17, la dinámica es más compleja; ocurren fenómenos de interés epidémico en múltiplos enteros del retardo. En  $t = \tau$  hay un pequeño pico en los hombres mientras que en las mujeres sucede un breve descenso. Cuando  $t = 2\tau$  vuelve a ocurrir un pequeño pico en los hombres pero en las mujeres hay un brote extremo, alcanzando el máximo de contagios para esta orientación sexual, mismo que va decayendo para volver a aumentar con menor intensidad en  $t = 3\tau$ .

Algo similar ocurre con la dinámica de la figura 3.18, al finalizar el retardo la población femenina sufre un incremento drástico mientras que la masculina presenta una caída. Al cabo de dos retardos los papeles se invierten y al finalizar el tercer retardo ambas poblaciones presentan un ligero incremento.

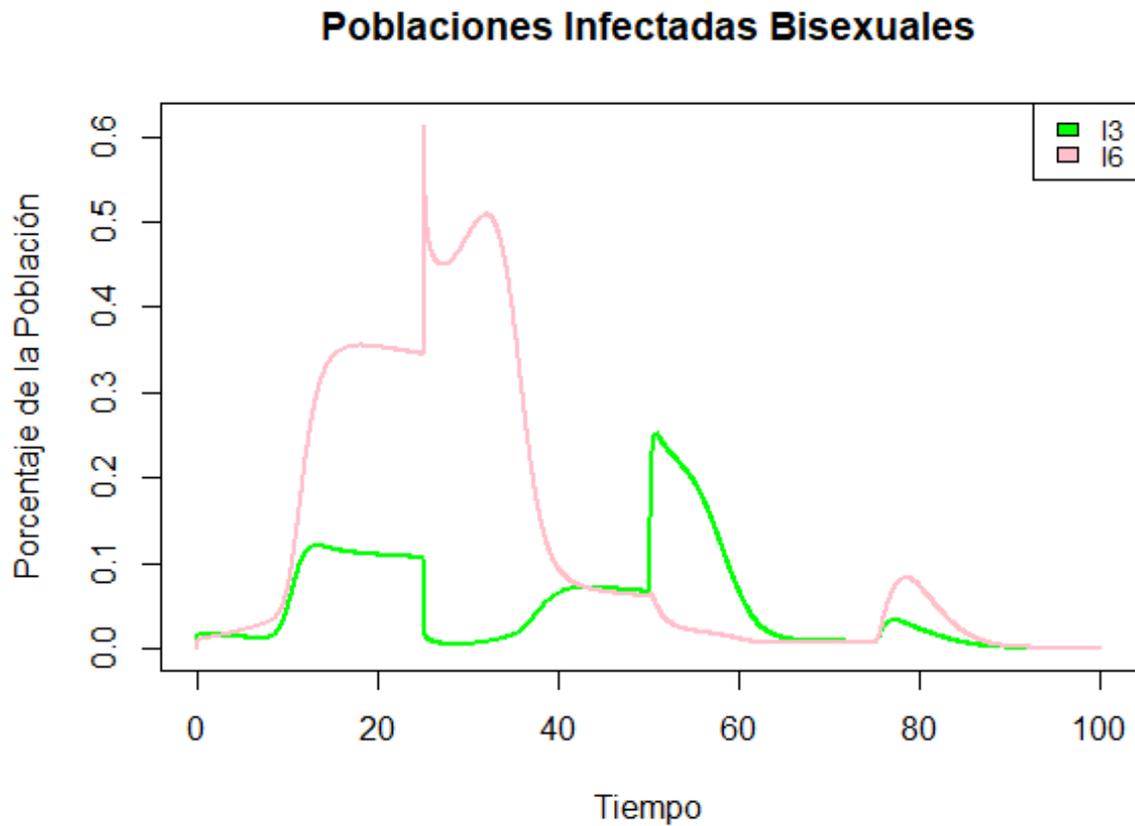


Figura 3.18: Dinámica de las poblaciones bisexuales infectadas de gonorrea.

#### Diferentes valores de $\tau$

Continuando como antes, ahora mantendremos los parámetros del cuadro 3.4 y variamos el valor de  $\tau$ .

**Nota:** las figuras 3.20 y 3.21 se muestran desde una perspectiva diferente a la estándar con el fin de apreciar de mejor manera los cambios en la dinámica producidos por el retardo.

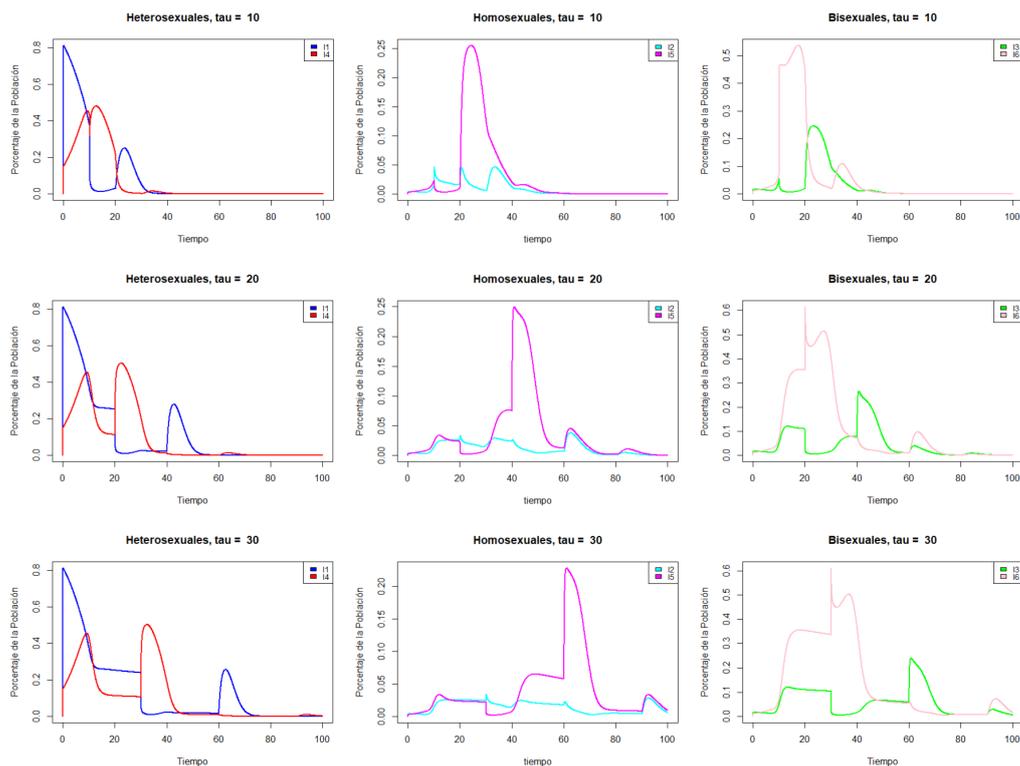


Figura 3.19: Dinámica de las poblaciones infectadas para distintos valores de  $\tau$ .

En la columna izquierda podemos ver que los cambios en la dinámica son meros desfases, mientras que en las otras dos columnas si hay un cambio en la dinámica para después ser solo desfases; la población homosexual masculina presenta tres picos con  $\tau = 10$ , mismos que disminuyen y se espacian conforme el retardo aumenta. Por otro lado las mujeres alcanzan el pico máximo de manera más suave con  $\tau = 10$ , mientras que, con retardos mayores éste se alcanza de manera más abrupta.

Por su parte, la población bisexual, en el caso de los hombres, con  $\tau = 10$  se logran dos picos, siendo el segundo el más grande con una altura que ronda el valor 0.25, mientras que para valores del retardo de 20 y 30, se alcanzan tres picos, con la altura máxima rondando el valor 0.27.

En la figura 3.20 confirmamos lo visto anteriormente; los cambios que produce el retardo son únicamente desfases. Llama la atención las grandes mesetas que se forman en ambas poblaciones antes de finalizar el primer retardo y antes de empezar la segunda ola en los hombres.

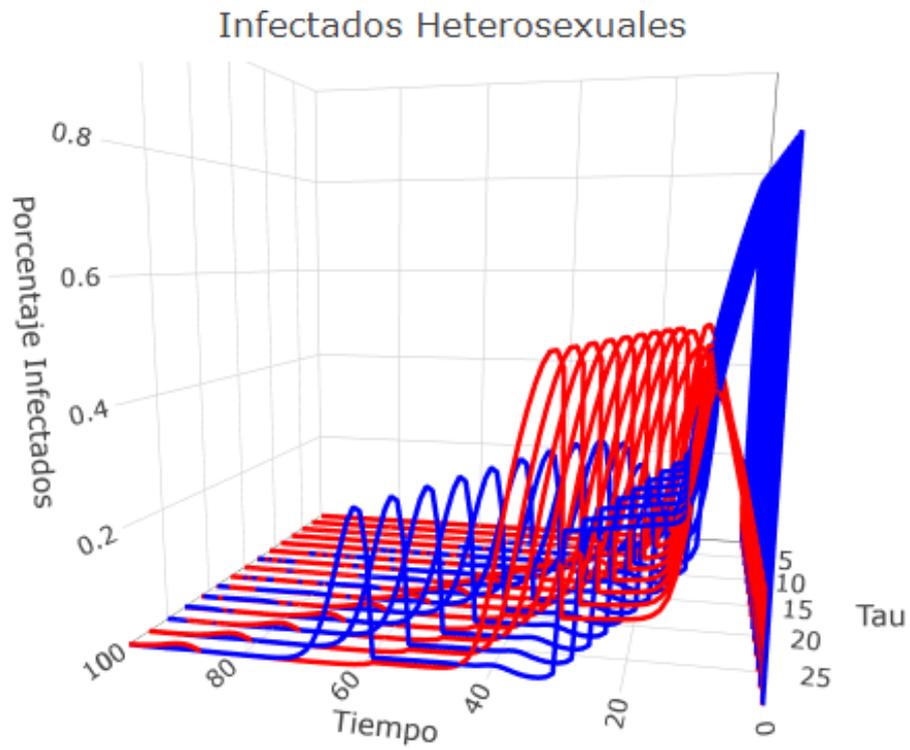


Figura 3.20: Dinámica de las poblaciones infectadas heterosexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

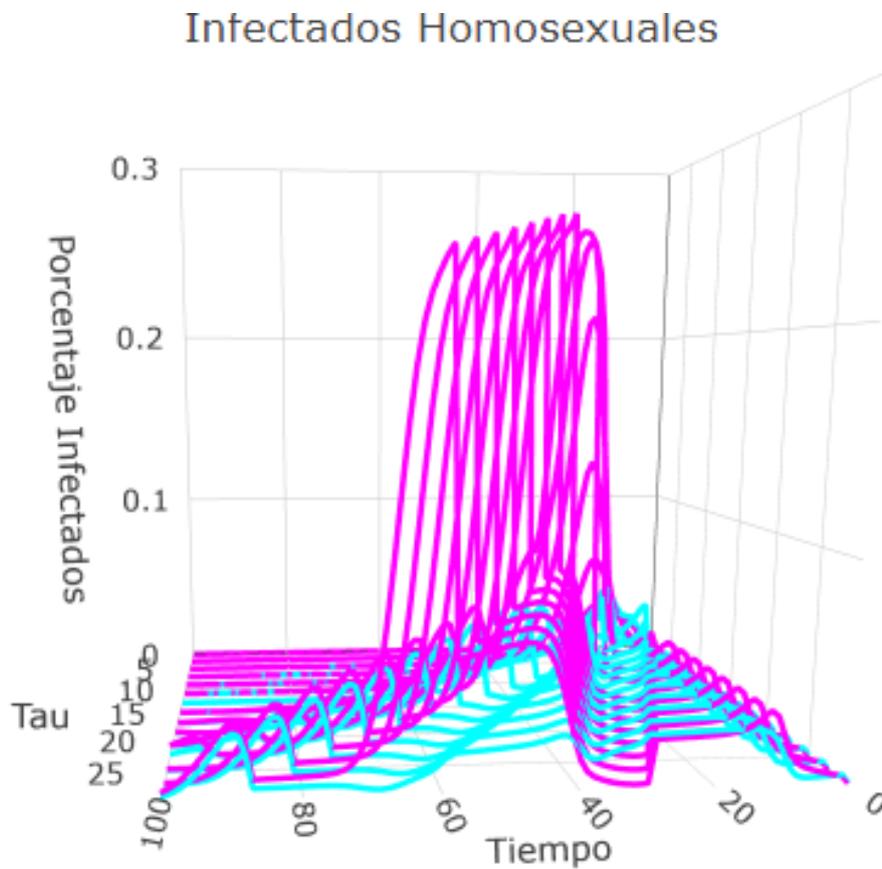


Figura 3.21: Dinámica de las poblaciones infectadas homosexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

La figura 3.21 muestra que un incremento en el valor del retardo, se traduce en un aumento en el valor del pico máximo para las mujeres homosexuales, mientras que en los hombres, se ve muy marcado la prolongación del tiempo que transcurre antes de alcanzar un nuevo pico.

Finalmente, en la figura 3.22, se puede notar que, para valores pequeños de  $\tau$ , en la población masculina se logra una sola ola, misma que alcanza una baja altura y cede rápidamente. A partir de  $\tau = 7$  se generan dos olas, y para valores mayores del retardo, los cambios en la dinámica consisten de incrementos en la altura de las olas y desfases en la aparición de la segunda de estas, cabe mencionar que para valores de  $\tau$  menores a 13, estas olas se dan de manera suave, y para valores mayores aparecen con un pico. Por otra parte, la primer ola presenta una meseta que termina súbitamente al termino del retardo.

El número de olas en la población femenina igual cambia en función del valor del retardo; para valores de  $\tau$  menores a 7 solo se genera una ola y, aunque ésta supera en altura a la de los hombres, decae prácticamente a la misma velocidad. Para valores del retardo mayores a 7 se generan dos olas, la segunda parece alcanzar la misma altura siempre, solo se desfasa su aparición. La primer ola es quien tiene la dinámica más compleja; para  $7 < \tau < 15$  la ola crece rápidamente, adopta la forma de pico y vuelve a crecer un poco más para terminar cayendo de manera suave. Para el resto de los valores del retardo vuelve a aparecer el fenómeno de las jorobas, mismas que se prolongan más cuanto más grande es el retardo.

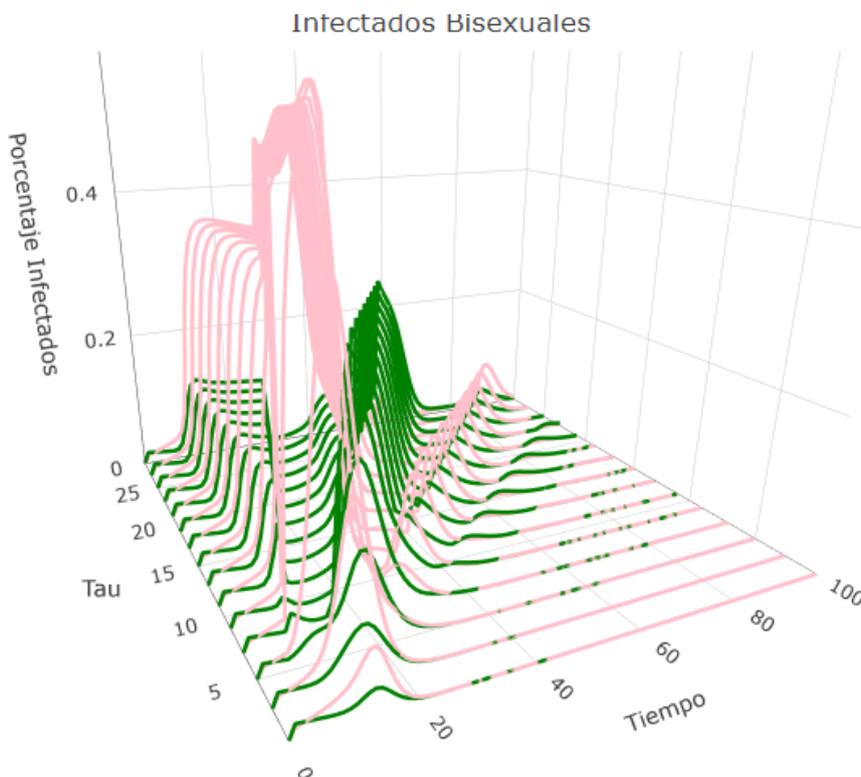


Figura 3.22: Dinámica de las poblaciones infectadas bisexuales para  $\tau \in [1, 30]$ .

## Conclusiones

El modelo propuesto brinda una alternativa al clásico modelo compartamental tipo SI. El modelo aquí presentado se apega más a la realidad, en el sentido de que considera que tanto la aparición de síntomas como la capacidad de contagiar a un susceptible, no es inmediata. Además, el considerar diversas orientaciones sexuales puede ayudar a establecer políticas de salud pública dirigidas a poblaciones específicas.

Sin embargo, el costo de estas adecuaciones se vio claramente reflejado en la dificultad de calcular tanto una expresión cerrada para el valor de  $\mathfrak{R}_0$ , como en el estudio de la estabilidad de los equilibrios. El enfoque numérico aquí propuesto sorteó, de manera satisfactoria, al menos la primera de estas problemáticas, pues se brindó un código que es capaz de calcular el valor del número reproductivo básico. De igual forma, las simulaciones numéricas realizadas fueron de gran utilidad para sacar conclusiones respecto al modelo.

La principal conclusión es (como era de esperarse) que el valor del parámetro  $\tau$  influye en la dinámica del modelo. Este presenta fenómenos de interés epidemiológico en valores del tiempo que son múltiplos de  $\tau$  y, en algunos casos, de  $\frac{\tau}{2}$ . Un aumento en el valor de  $\tau$  parece amplificar la magnitud de las oscilaciones epidémicas, aunque no de manera monótona. Otro efecto encontrado fue que, en la mayoría de los casos, aumentar el valor del retardo se traduce en un desfaseamiento de la dinámica, esto pudiera ser de gran interés al momento de implementar estrategias de control. Conjeturo la existencia de un valor umbral  $\tau^*$  a partir del cual, los cambios en la dinámica de la enfermedad pasan a ser solo desfases. También se observaron cambios en la dinámica para los casos de homo y bisexuales ante ciertos valores de  $\tau$ . Esto podría deberse a las condiciones iniciales, a la combinación de los parámetros elegidos o a la propia enfermedad.

Las características intrínsecas de cada enfermedad se ven reflejadas en el tiempo de aparición de síntomas y, por ende, este modelo tendría que adecuarse tanto en los retardos como en los parámetros si se desea emplear para estudiar otra ETS.

Las simulaciones numéricas han demostrado ser herramientas esenciales para el estudio de sistemas no lineales. En contraste de los métodos analíticos que, en muchos casos, no permiten obtener soluciones exactas debido a la complejidad inherente de estos sistemas, las simulaciones ofrecen una alternativa viable para explorar su comportamiento. El uso de software como **Python** o **R** permite no solo resolver ecuaciones diferenciales con retardo, sino también generar gráficos que facilitan la comprensión de la dinámica del sistema. Estas representaciones gráficas son fundamentales para identificar patrones y características del comportamiento no lineal que podrían no ser evidentes mediante análisis puramente matemático.

## 4.1. Trabajos Futuros

1. Explorar los cambios que se producen en el modelo al considerar dos retardos,  $\tau_h$  y  $\tau_m$ , uno para cada sexo. De igual forma considerar dos tasas de ingreso distintas,  $\Lambda_h$  y  $\Lambda_m$  con el fin de apegar aún más a la realidad el modelo.
2. Incorporar al modelo estrategias de control.
3. Realizar un análisis de sensibilidad en los parámetros del modelo.
4. Tratar de encontrar de manera analítica condiciones para la estabilidad de los equilibrios.

## A.1. Código en Python para determinar el equilibrio $E_1$ .

```

1 import sympy as sp
2 # Definir las variables
3 S1, S2, S3, S4, S5, S6, I1, I2, I3, I4, I5, I6, L, mu, muh, mum, b14,
   b16, b22, b23, b32, b33, b34, b36, b41, b43, b55, b56, b61, b63, b65,
   b66 = (
4     sp.symbols('S1 S2 S3 S4 S5 S6 I1 I2 I3 I4 I5 I6 L mu muh mum b14 b16
   b22 b23 b32 b33 b34 b36 b41 b43 b55 b56 b61 b63 b65 b66'))
5
6 # Definir las ecuaciones (Caso I2=I3=I5=I6=0; E_1)
7 eq1 = sp.Eq(L - S1 * (b14 * I4 + mu), 0) # S1'
8 eq2 = sp.Eq(S1 * (b14 * I4) - muh * I1, 0) # I1'
9 eq3 = sp.Eq(L - S2 * mu, 0) # S2'
10 eq4 = sp.Eq(I2, 0) # I2'
11 eq5 = sp.Eq(L - S3 * (b34 * I4 + mu), 0) # S3'
12 eq6 = sp.Eq(I3, 0) # I3'
13 eq7 = sp.Eq(L - S4 * (b41 * I1 + mu), 0) # S4'
14 eq8 = sp.Eq(S4 * (b41 * I1) - mum * I4, 0) # I4'
15 eq9 = sp.Eq(L - S5 * mu, 0) # S5'
16 eq10 = sp.Eq(I5, 0) # I5'
17 eq11 = sp.Eq(L - S6 * (b61 * I1 + mu), 0) # S6'
18 eq12 = sp.Eq(I6, 0) # I6'
19
20 # Resolver el sistema de ecuaciones
21 solucion = sp.solve([eq1, eq2, eq3, eq4, eq5, eq6, eq7, eq8, eq9, eq10,
   eq11, eq12],
22 (S1, I1, S2, I2, S3, I3, S4, I4, S5, I5, S6, I6))
23 print(solucion)

```

## A.2. Código en Python para el cálculo del polinomio característico del modelo

```

1 import sympy as sp
2
3 # Definir las variables de la matriz J
4 x, e, a11, a18, a112, a21, a22, a33, a34, a36, a43, a44, a54, a55, a56,
5   a58, a512, a65, a66, a72, a76, a77, a87, a88, a99, a910, a912, a10_9,
6   a10_10, a11_2, a11_6, a11_10, a11_11, a11_12, a12_11, a12_12 = (
7   sp.symbols('x e a11 a18 a112 a21 a22 a33 a34 a36 a43 a44 a54 a55 a56
8   a58 a512 a65 a66 a72 a76 a77 a87 a88 a99 a910 a912 a10_9 a10_10
9   a11_2 a11_6 a11_10 a11_11 a11_12 a12_11 a12_12'))
10
11 # Definir las variables de la matriz J_tau
12 b28, b212, b44, b46, b64, b66, b68, b612, b82, b86, b10_10, b10_12,
13   b12_2, b12_6, b12_10, b12_12 = sp.symbols(
14   'b28 b212 b44 b46 b64 b66 b68 b612 b82 b86 b10_10 b10_12 b12_2 b12_6
15   b12_10 b12_12')
16 )
17
18 # Definir las matrices
19 xId = sp.Matrix([
20   [x, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
21   [0, x, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
22   [0, 0, x, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
23   [0, 0, 0, x, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
24   [0, 0, 0, 0, x, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
25   [0, 0, 0, 0, 0, x, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
26   [0, 0, 0, 0, 0, 0, x, 0, 0, 0, 0, 0],
27   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, x, 0, 0, 0, 0],
28   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, x, 0, 0, 0],
29   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, x, 0, 0],
30   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, x, 0],
31   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, x]
32 ])
33
34 J = sp.Matrix([
35   [a11, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, a18, 0, 0, 0],
36   [a112, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
37   [a21, a22, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
38   [0, 0, a33, a34, 0, a36, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
39   [0, 0, a43, a44, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
40   [0, 0, 0, a54, a55, a56, 0, a58, 0, 0, 0, 0],
41   [a512, 0, 0, 0, a65, a66, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
42   [0, a72, 0, 0, 0, a76, a77, 0, 0, 0, 0, 0],
43   [0, 0, 0, 0, 0, 0, a87, a88, 0, 0, 0, 0],
44   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, a99, a910, 0, 0],
45   [a912, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, a10_9, a10_10, 0, 0],
46   [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, a10_9, a10_10],
47 ])

```

```

0],
39 [0, a11_2, 0, 0, 0, a11_6, 0, 0, 0, a11_10, a11_11,
a11_12],
40 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, a12_11,
a12_12]
41 ])
42
43 J_tau = sp.Matrix([
44 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
45 [0, 0, 0, 0, 0, 0, b28, 0, 0, 0, b212],
46 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
47 [0, 0, 0, b44, 0, b46, 0, 0, 0, 0, 0],
48 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
49 [0, 0, 0, b64, 0, b66, 0, b68, 0, 0, b612],
50 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
51 [0, b82, 0, 0, 0, b86, 0, 0, 0, 0, 0],
52 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
53 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, b10_10, 0, b10_12],
54 [0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0, 0],
55 [0, b12_2, 0, 0, 0, b12_6, 0, 0, 0, b12_10, 0, b12_12],
56 ])
57
58 # Calcular el determinante
59 L = xId - J - e * J_tau
60
61 determinante = L.det(method='berkowitz')
62
63 print(determinante)

```

### A.3. Polinomio característico asociado al equilibrio libre de enfermedad

```

1 (mu + x)**6*(b41*e*gamma*(-b16*e*gamma*(b56*b65*e**2*gamma**2*(b14*b61*e
**2*gamma**2 + b34*b63*e**2*gamma**2) - b61*e*gamma*(-b14*e*gamma*(
muh + x)**2 - b16*e*gamma*(b14*b61*e**2*gamma**2 + b34*b63*e**2*gamma
**2)) - b63*e*gamma*(-b23*b32*b34*e**3*gamma**3 - b34*e*gamma*(-b33*e
*gamma + muh + x)**2 - b36*e*gamma*(b14*b61*e**2*gamma**2 + b34*b63*e
**2*gamma**2)) + (-b66*e*gamma + mum + x)*(b14*b61*e**2*gamma**2*(muh
+ x) + b34*b63*e**2*gamma**2*(-b33*e*gamma + muh + x) + (b14*b61*e
**2*gamma**2 + b34*b63*e**2*gamma**2)*(-b66*e*gamma + mum + x))) + (
muh + x)*(-b16*e*gamma*(b14*b61*e**2*gamma**2*(muh + x) + b34*b63*e
**2*gamma**2*(-b33*e*gamma + muh + x) + (b14*b61*e**2*gamma**2 + b34*
b63*e**2*gamma**2)*(-b66*e*gamma + mum + x)) + (muh + x)*(-b14*e*
gamma*(muh + x)**2 - b16*e*gamma*(b14*b61*e**2*gamma**2 + b34*b63*e
**2*gamma**2)))) + b43*e*gamma*(-b32*e*gamma*(-b23*e*gamma*(-b23*b32*
b34*e**3*gamma**3 - b34*e*gamma*(-b33*e*gamma + muh + x)**2 - b36*e*
gamma*(b14*b61*e**2*gamma**2 + b34*b63*e**2*gamma**2)) + (b23*b34*e
**2*gamma**2*(-b22*e*gamma + muh + x) + b23*b34*e**2*gamma**2*(-b33*e
*gamma + muh + x))*(-b22*e*gamma + muh + x)) - b36*e*gamma*(b56*b65*e
**2*gamma**2*(b14*b61*e**2*gamma**2 + b34*b63*e**2*gamma**2) - b61*e*
gamma*(-b14*e*gamma*(muh + x)**2 - b16*e*gamma*(b14*b61*e**2*gamma**2
+ b34*b63*e**2*gamma**2)) - b63*e*gamma*(-b23*b32*b34*e**3*gamma**3
- b34*e*gamma*(-b33*e*gamma + muh + x)**2 - b36*e*gamma*(b14*b61*e
**2*gamma**2 + b34*b63*e**2*gamma**2)) + (-b66*e*gamma + mum + x)*(

```

$$\begin{aligned}
& b_{14}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(\mu + x) + b_{34}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x) + (b_{14}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2} + b_{34}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2})(-b_{66}e\gamma + \mu + x)) + (-b_{33}e\gamma + \mu + x)(-b_{32}e\gamma(b_{23}b_{34}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{22}e\gamma + \mu + x) + b_{23}b_{34}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x)) - b_{36}e\gamma(b_{14}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(\mu + x) + b_{34}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x) + (b_{14}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2} + b_{34}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2})(-b_{66}e\gamma + \mu + x)) + (-b_{33}e\gamma + \mu + x)(-b_{23}b_{32}b_{34}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{34}e\gamma(-b_{33}e\gamma + \mu + x)**2 - b_{36}e\gamma(b_{14}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2} + b_{34}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2}))) + (-\mu - x)(-b_{16}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{66}e\gamma + \mu + x)(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2} + (b_{22}e\gamma - \mu - x)(b_{55}e\gamma - \mu - x) + (b_{33}e\gamma - \mu - x)(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x) + (b_{66}e\gamma - \mu - x)(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma - 2\mu - \mu - 3x)) - b_{16}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{22}e\gamma + \mu + x) - b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2}(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x) - b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x) - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{55}e\gamma + \mu + x) + (-b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2})(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma - 2\mu - \mu - 3x) + (b_{22}e\gamma - \mu - x)(b_{33}e\gamma - \mu - x)(b_{55}e\gamma - \mu - x) + (b_{66}e\gamma - \mu - x)(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2} + (b_{22}e\gamma - \mu - x)(b_{55}e\gamma - \mu - x) + (b_{33}e\gamma - \mu - x)(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x))) + b_{16}e\gamma(-b_{63}e\gamma(b_{36}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x) + b_{36}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{66}e\gamma + \mu + x)) - b_{65}e\gamma(b_{56}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{55}e\gamma + \mu + x) + b_{56}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{66}e\gamma + \mu + x)) + (-b_{66}e\gamma + \mu + x)(-b_{36}b_{61}b_{63}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{56}b_{61}b_{65}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{61}e\gamma(-b_{66}e\gamma + \mu + x)**2)) + b_{16}e\gamma(-b_{36}b_{61}b_{63}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{56}b_{61}b_{65}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{61}e\gamma(-b_{66}e\gamma + \mu + x)**2)(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma + b_{66}e\gamma - 2\mu - 2\mu - 4x) + (-\mu - x)(-b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{55}e\gamma + \mu + x)**2 + b_{63}e\gamma(-b_{23}b_{32}b_{36}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{36}e\gamma(-b_{33}e\gamma + \mu + x)**2) + (-b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2})(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2} + (b_{22}e\gamma - \mu - x)(b_{55}e\gamma - \mu - x) + (b_{33}e\gamma - \mu - x)(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x)) + (-b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x) - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{55}e\gamma + \mu + x))(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma - 2\mu - \mu - 3x) + (b_{66}e\gamma - \mu - x)(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{22}e\gamma + \mu + x) - b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2}(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x) + (b_{22}e\gamma - \mu - x)(b_{33}e\gamma - \mu - x)(b_{55}e\gamma - \mu - x)))) + (-b_{14}b_{41}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{34}b_{43}e^{**2}\gamma^{**2})(-b_{16}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{66}e\gamma + \mu + x)(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma + b_{66}e\gamma - 2\mu - 2\mu - 4x) - b_{16}b_{61}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2} + (b_{22}e\gamma - \mu - x)(b_{55}e\gamma - \mu - x) + (b_{33}e\gamma - \mu - x)(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x) + (b_{66}e\gamma - \mu - x)(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma - 2\mu - \mu - 3x)) + b_{16}e\gamma(-b_{36}b_{61}b_{63}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{56}b_{61}b_{65}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{61}e\gamma(-b_{66}e\gamma + \mu + x)**2) - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{55}e\gamma + \mu + x)**2 + b_{63}e\gamma(-b_{23}b_{32}b_{36}e^{**3}\gamma^{**3} - b_{36}e\gamma(-b_{33}e\gamma + \mu + x)**2) + (-\mu - x)(-b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{22}e\gamma + \mu + x) - b_{23}b_{32}e^{**2}\gamma^{**2}(b_{22}e\gamma + b_{55}e\gamma - \mu - \mu - 2x) - b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{33}e\gamma + \mu + x) - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2}(-b_{55}e\gamma + \mu + x) + (-b_{36}b_{63}e^{**2}\gamma^{**2} - b_{56}b_{65}e^{**2}\gamma^{**2})(b_{22}e\gamma + b_{33}e\gamma + b_{55}e\gamma - 2\mu - \mu - 3x) + (b_{22}
\end{aligned}$$

### A.3. POLINOMIO CARACTERÍSTICO ASOCIADO AL EQUILIBRIO LIBRE DE ENFERMEDAD47

$$\begin{aligned}
 & *e*\gamma - \mu h - x)*(b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b55*e*\gamma - \mu m - x) + \\
 & (b66*e*\gamma - \mu m - x)*(-b23*b32*e**2*\gamma**2 + (b22*e*\gamma - \mu h \\
 & - x)*(b55*e*\gamma - \mu m - x) + (b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b22*e*\gamma \\
 & + b55*e*\gamma - \mu h - \mu m - 2*x))) + (-b36*b63*e**2*\gamma**2 - b56* \\
 & b65*e**2*\gamma**2)*(-b23*b32*e**2*\gamma**2 + (b22*e*\gamma - \mu h - x) \\
 & *(b55*e*\gamma - \mu m - x) + (b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b22*e*\gamma + b55 \\
 & *e*\gamma - \mu h - \mu m - 2*x)) + (-b36*b63*e**2*\gamma**2*(-b33*e*\gamma \\
 & + \mu h + x) - b56*b65*e**2*\gamma**2*(-b55*e*\gamma + \mu m + x))*(b22*e* \\
 & \gamma + b33*e*\gamma + b55*e*\gamma - 2*\mu h - \mu m - 3*x) + (b66*e*\gamma \\
 & - \mu m - x)*(-b23*b32*e**2*\gamma**2*(-b22*e*\gamma + \mu h + x) - b23* \\
 & b32*e**2*\gamma**2*(b22*e*\gamma + b55*e*\gamma - \mu h - \mu m - 2*x) + ( \\
 & b22*e*\gamma - \mu h - x)*(b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b55*e*\gamma - \mu m - x \\
 & ))) + (b41*e*\gamma*(-b14*e*\gamma*(\mu h + x)**2 - b16*e*\gamma*(b14*b61* \\
 & e**2*\gamma**2 + b34*b63*e**2*\gamma**2)) + b43*e*\gamma*(-b23*b32*b34*e \\
 & **3*\gamma**3 - b34*e*\gamma*(-b33*e*\gamma + \mu h + x)**2 - b36*e*\gamma \\
 & *(b14*b61*e**2*\gamma**2 + b34*b63*e**2*\gamma**2)))*(-b16*b61*e**2* \\
 & \gamma**2 - b23*b32*e**2*\gamma**2 - b36*b63*e**2*\gamma**2 - b56*b65*e \\
 & **2*\gamma**2 + (-\mu h - x)*(b22*e*\gamma + b33*e*\gamma + b55*e*\gamma + \\
 & b66*e*\gamma - 2*\mu h - 2*\mu m - 4*x) + (b22*e*\gamma - \mu h - x)*(b55*e* \\
 & \gamma - \mu m - x) + (b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b22*e*\gamma + b55*e*\gamma \\
 & - \mu h - \mu m - 2*x) + (b66*e*\gamma - \mu m - x)*(b22*e*\gamma + b33*e* \\
 & \gamma + b55*e*\gamma - 2*\mu h - \mu m - 3*x)) + (b41*e*\gamma*(-b16*e* \\
 & \gamma*(b14*b61*e**2*\gamma**2*(\mu h + x) + b34*b63*e**2*\gamma**2*(-b33* \\
 & e*\gamma + \mu h + x) + (b14*b61*e**2*\gamma**2 + b34*b63*e**2*\gamma**2) \\
 & *(-b66*e*\gamma + \mu m + x)) + (\mu h + x)*(-b14*e*\gamma*(\mu h + x)**2 - \\
 & b16*e*\gamma*(b14*b61*e**2*\gamma**2 + b34*b63*e**2*\gamma**2))) + b43*e \\
 & *\gamma*(-b32*e*\gamma*(b23*b34*e**2*\gamma**2*(-b22*e*\gamma + \mu h + x) \\
 & + b23*b34*e**2*\gamma**2*(-b33*e*\gamma + \mu h + x)) - b36*e*\gamma*(b14* \\
 & b61*e**2*\gamma**2*(\mu h + x) + b34*b63*e**2*\gamma**2*(-b33*e*\gamma + \\
 & \mu h + x) + (b14*b61*e**2*\gamma**2 + b34*b63*e**2*\gamma**2)*(-b66*e* \\
 & \gamma + \mu m + x)) + (-b33*e*\gamma + \mu h + x)*(-b23*b32*b34*e**3*\gamma \\
 & **3 - b34*e*\gamma*(-b33*e*\gamma + \mu h + x)**2 - b36*e*\gamma*(b14*b61* \\
 & e**2*\gamma**2 + b34*b63*e**2*\gamma**2))))*(b22*e*\gamma + b33*e*\gamma \\
 & + b55*e*\gamma + b66*e*\gamma - 3*\mu h - 2*\mu m - 5*x) + (-b14*b41*e**2* \\
 & \gamma**2*(\mu h + x) - b34*b43*e**2*\gamma**2*(-b33*e*\gamma + \mu h + x)) \\
 & *(-b16*b61*e**2*\gamma**2*(-b66*e*\gamma + \mu m + x) - b16*b61*e**2* \\
 & \gamma**2*(b22*e*\gamma + b33*e*\gamma + b55*e*\gamma + b66*e*\gamma - 2* \\
 & \mu h - 2*\mu m - 4*x) - b23*b32*e**2*\gamma**2*(-b22*e*\gamma + \mu h + x) - \\
 & b23*b32*e**2*\gamma**2*(b22*e*\gamma + b55*e*\gamma - \mu h - \mu m - 2*x) \\
 & - b36*b63*e**2*\gamma**2*(-b33*e*\gamma + \mu h + x) - b56*b65*e**2*\gamma \\
 & **2*(-b55*e*\gamma + \mu m + x) + (-\mu h - x)*(-b23*b32*e**2*\gamma**2 - \\
 & b36*b63*e**2*\gamma**2 - b56*b65*e**2*\gamma**2 + (b22*e*\gamma - \mu h - \\
 & x)*(b55*e*\gamma - \mu m - x) + (b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b22*e*\gamma + \\
 & b55*e*\gamma - \mu h - \mu m - 2*x) + (b66*e*\gamma - \mu m - x)*(b22*e*\gamma \\
 & + b33*e*\gamma + b55*e*\gamma - 2*\mu h - \mu m - 3*x)) + (-b36*b63*e**2* \\
 & \gamma**2 - b56*b65*e**2*\gamma**2)*(b22*e*\gamma + b33*e*\gamma + b55*e* \\
 & \gamma - 2*\mu h - \mu m - 3*x) + (b22*e*\gamma - \mu h - x)*(b33*e*\gamma - \\
 & \mu h - x)*(b55*e*\gamma - \mu m - x) + (b66*e*\gamma - \mu m - x)*(-b23*b32* \\
 & e**2*\gamma**2 + (b22*e*\gamma - \mu h - x)*(b55*e*\gamma - \mu m - x) + ( \\
 & b33*e*\gamma - \mu h - x)*(b22*e*\gamma + b55*e*\gamma - \mu h - \mu m - 2*x)) \\
 & ))
 \end{aligned}$$

## A.4. Código en R para generar los parámetros del modelo.

```

1 # Cargar librerías necesarias
2 library(pracma)
3 library(polynom)
4
5 # Crear la función que genera los parámetros aleatorios siguiendo una
  distribución uniforme en [0,1]
6 generar_parametros = function() {
7   parametros = list(
8     L = runif(1, 0, 1)[[1]],
9     mu = runif(1, 0, 1)[[1]],
10    muh = runif(1, 0, 1)[[1]],
11    mum = runif(1, 0, 1)[[1]],
12    b14 = runif(1, 0, 1)[[1]],
13    b16 = runif(1, 0, 1)[[1]],
14    b22 = runif(1, 0, 1)[[1]],
15    b23 = runif(1, 0, 1)[[1]],
16    b32 = runif(1, 0, 1)[[1]],
17    b33 = runif(1, 0, 1)[[1]],
18    b34 = runif(1, 0, 1)[[1]],
19    b36 = runif(1, 0, 1)[[1]],
20    b41 = runif(1, 0, 1)[[1]],
21    b43 = runif(1, 0, 1)[[1]],
22    b55 = runif(1, 0, 1)[[1]],
23    b56 = runif(1, 0, 1)[[1]],
24    b61 = runif(1, 0, 1)[[1]],
25    b63 = runif(1, 0, 1)[[1]],
26    b65 = runif(1, 0, 1)[[1]],
27    b66 = runif(1, 0, 1)[[1]])
28   return(parametros)
29 }
30
31 # Crear función que calcula R0
32 Rzero = function(parametros) {
33   L = parametros$L
34   mu = parametros$mu
35   muh = parametros$muh
36   mum = parametros$mum
37   b14 = parametros$b14
38   b16 = parametros$b16
39   b22 = parametros$b22
40   b23 = parametros$b23
41   b32 = parametros$b32
42   b33 = parametros$b33
43   b34 = parametros$b34
44   b36 = parametros$b36
45   b41 = parametros$b41
46   b43 = parametros$b43
47   b55 = parametros$b55
48   b56 = parametros$b56
49   b61 = parametros$b61
50   b63 = parametros$b63
51   b65 = parametros$b65
52   b66 = parametros$b66

```

```

53
54 a = (L / (mu * mum)) * b14
55 b = (L / (mu * mum)) * b16
56 c = (L / (mu * muh)) * b22
57 d = (L / (mu * muh)) * b23
58 e = (L / (mu * muh)) * b32
59 f = (L / (mu * muh)) * b33
60 g = (L / (mu * mum)) * b34
61 h = (L / (mu * mum)) * b36
62 i = (L / (mu * muh)) * b41
63 j = (L / (mu * muh)) * b43
64 k = (L / (mu * mum)) * b55
65 l = (L / (mu * mum)) * b56
66 m = (L / (mu * muh)) * b61
67 n = (L / (mu * muh)) * b63
68 o = (L / (mu * mum)) * b65
69 p = (L / (mu * mum)) * b66
70
71 B = -(c + f + k + p)
72 C = (-a * i - b * m + c * f + c * k + c * p - d * e + f * k + f * p
- g * j - h * n + k * p - l * o)
73 D = a * c * i + a * f * i + a * i * k + a * i * p + b * c * m + b *
f * m + b * k * m - c * f * k - c * f * p + c * g * j + c * h * n - c
* k * p + c * l * o + d * e * k + d * e * p - f * k * p + f * l * o
+ g * j * k + g * j * p + h * k * n
74 E = (-a * c * f * i - a * c * i * k - a * c * i * p + a * d * e * i
- a * f * i * k - a * f * i * p + a * h * i * n - a * h * j * m - a *
i * k * p + a * i * l * o - b * c * f * m - b * c * k * m + b * d *
e * m - b * f * k * m - b * g * i * n + b * g * j * m + c * f * k * p
- c * f * l * o - c * g * j * k - c * g * j * p - c * h * k * n - d
* e * k * p + d * e * l * o - g * j * k * p + g * j * l * o)
75 F = (a * c * f * i * k + a * c * f * i * p - a * c * h * i * n + a *
c * h * j * m + a * c * i * k * p - a * c * i * l * o - a * d * e *
i * k - a * d * e * i * p + a * f * i * k * p - a * f * i * l * o - a
* h * i * k * n + a * h * j * k * m + b * c * f * k * m + b * c * g
* i * n - b * c * g * j * m - b * d * e * k * m + b * g * i * k * n -
b * g * j * k * m + c * g * j * k * p - c * g * j * l * o)
76 G = (-a * c * f * i * k * p + a * c * f * i * l * o + a * c * h * i
* k * n - a * c * h * j * k * m + a * d * e * i * k * p - a * d * e *
i * l * o - b * c * g * i * k * n + b * c * g * j * k * m)
77
78 # Definir los coeficientes del polinomio
79 coeficientes = c(G, F, E, D, C, B, 1)
80
81 # Crear el polinomio P(lambda) usando la libreria 'polynom'
82 P = polynomial(coeficientes)
83
84 # Calcular las raices del polinomio (valores propios)
85 raices = solve(P)
86
87 R0 = max(Re(raices))
88
89 return(list(R0 = R0))
90 }
91
92 resultados_mayor_que_1 = list()
93 resultados_menor_que_1 = list()
94 contador_mayor_que_1 = 0

```

```
95 contador_menor_que_1 = 0
96 i = 1
97 while (contador_mayor_que_1 < 3 | contador_menor_que_1 < 3) {
98   parametros = generar_parametros()
99   resultado = Rcero(parametros)
100   R0 = resultado$R0
101   if (Re(R0) > 1 & contador_mayor_que_1 < 3) {
102     resultados_mayor_que_1[[contador_mayor_que_1 + 1]] = list(parametros
103     = parametros, R0 = R0)
104     contador_mayor_que_1 = contador_mayor_que_1 + 1
105   }
106   if (Re(R0) < 1 & contador_menor_que_1 < 3) {
107     resultados_menor_que_1[[contador_menor_que_1 + 1]] = list(parametros
108     = parametros, R0 = R0)
109     contador_menor_que_1 = contador_menor_que_1 + 1
110   }
111   i = i + 1
112 }
```

## Bibliografía

- [1] BACAËR, N. *A short history of mathematical population dynamics*, vol. 618. Springer, 2011.
- [2] CAI, L., LI, X., AND YU, J. Analysis of a delayed HIV/AIDS epidemic model with a saturation incidence. *Journal of Applied Mathematics and Computing* 27, 1-2 (2008), 365–377.
- [3] DE EPIDEMIOLOGÍA, D. G. Información epidemiológica., 2024.
- [4] DE ESTADÍSTICA Y GEOGRAFÍA (INEGI), I. N. Encuesta nacional sobre diversidad sexual y de género (endiseq) 2021, 2022.
- [5] DIEKMANN, O., HEESTERBEEK, H., AND BRITTON, T. *Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics*, vol. 7. Princeton University Press, 2013.
- [6] DIEKMANN, O., HEESTERBEEK, J. A. P., AND METZ, J. A. J. On the definition and the computation of the basic reproduction ratio  $r_0$  in models for infectious diseases in heterogeneous populations. *Journal of mathematical biology* 28 (1990), 365–382.
- [7] DIEKMANN, O., HEESTERBEEK, J. A. P., AND ROBERTS, M. G. The construction of next-generation matrices for compartmental epidemic models. *Journal of the royal society interface* 7, 47 (2010), 873–885.
- [8] DUAN, Q., CARMODY, C., DONOVAN, B., GUY, R. J., HUI, B. B., KALDOR, J. M., LAHRA, M. M., LAW, M. G., LEWIS, D. A., MALEY, M., ET AL. Modelling response strategies for controlling gonorrhoea outbreaks in men who have sex with men in Australia. *PLoS Computational Biology* 17, 11 (2021), e1009385.
- [9] HALE, J. History of delay equations. *Delay Differential Equations and Applications* (2006), 1–28.
- [10] INEGI. Estadísticas de defunciones registradas 2023. comunicado de prensa. *Instituto Nacional de Geografía, Estadística e Informática EDR*, 1 (2024), 1–14.
- [11] KERMACK, W. O., AND MCKENDRICK, A. G. 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* 115, 772 (1927), 700–721.
- [12] KIRKCALDY, R. D., WESTON, E., SEGURADO, A. C., AND HUGHES, G. Epidemiology of gonorrhoea: a global perspective. *Sexual health* 16, 5 (2019), 401–411.

- [13] KUANG, Y. *Delay Differential Equations with Applications In Population Dynamics*, vol. 191. MATHEMATICS IN SCIENCE AND ENGINEERING, 1993.
- [14] MACDONALD, N. *Time lags in biological models*, vol. 27. Springer Science & Business Media, 2013.
- [15] MARTCHEVA, M. *An introduction to mathematical epidemiology*, vol. 61. Springer, 2015.
- [16] MAY, R., AND ANDERSON, R. Transmission dynamics of HIV infection. *Nature* 326 (1987), 137–142.
- [17] R CORE TEAM. *R: A Language and Environment for Statistical Computing*. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria, 2021.
- [18] SAMANTA, G., AND SHARMA, S. Analysis of a delayed chlamydia epidemic model with pulse vaccination. *Applied Mathematics and Computation* 230 (2014), 555–569.
- [19] SCUDO, F. M., AND ZIEGLER, J. R. *The golden age of theoretical ecology: 1923–1940*, vol. 22. Springer Science & Business Media, 2013.
- [20] SIERRA-ROJAS, J. C., REYES-CARRETO, R., VARGAS-DE-LEÓN, C., AND CAMACHO, J. F. Modeling and mathematical analysis of the dynamics of HPV in cervical epithelial cells: Transient, acute, latency, and chronic infections. *Computational and Mathematical Methods in Medicine* 2022 (2022).
- [21] SMITH, H. *An Introduction to Delay Differential Equations with Applications to the Life Sciences*, vol. 57. Springer, New York, 2011.
- [22] SOETAERT, K., CASH, J., AND MAZZIA, F. *Solving ordinary differential equations in R*. Springer, 2012.
- [23] SOETAERT, K., PETZOLDT, T., AND SETZER, R. W. Solving differential equations in R: Package deSolve. *Journal of Statistical Software* 33, 9 (2010), 1–25.
- [24] YAESOUBI, R., COHEN, T., HSU, K., GIFT, T. L., CHESSON, H., SALOMON, J. A., AND GRAD, Y. H. Adaptive guidelines for the treatment of gonorrhea to increase the effective life span of antibiotics among men who have sex with men in the United States: A mathematical modeling study. *PLoS medicine* 17, 4 (2020), e1003077.