

Modelación Matemática de la Incidencia de la Tuberculosis y Aplicación a la Población de la Región Mixteca de Oaxaca

Mathematical Modeling of Tuberculosis Incidence and Application to the Population of the Mixteca Region of Oaxaca

Gamaliel Fernán López Bautista^a, Silvia Reyes Mora^b

Resumen

La tuberculosis es causada por la *Mycobacterium tuberculosis* se transmite principalmente a través del aire cuando una persona tose, estornuda o habla, liberando pequeñas partículas que contagian a otras personas con las que conviven a diario. El objetivo de este trabajo es exponer el proceso de la modelación matemática de la enfermedad utilizando como base la información recopilada durante la búsqueda bibliográfica. El modelo matemático está basado en ecuaciones diferenciales dividiendo a la población en individuos susceptibles, latentes, infecciosos, en tratamiento y vacunados. Con herramientas matemáticas y datos proporcionados por autoridades de salud de la región de la Mixteca, calculamos los parámetros propios del modelo y lo resolvimos numéricamente. A partir de las soluciones numéricas se obtiene información sobre la incidencia de la enfermedad en la población de la Mixteca Oaxaqueña, se pronostica el número de contagios en los próximos años y se realizan simulaciones para observar distintos escenarios al variar los valores de los parámetros.

Palabras clave: Tuberculosis, epidemiología, ecuaciones diferenciales, modelación matemática.

Abstract

Tuberculosis is caused by *Mycobacterium tuberculosis* and is primarily transmitted through the air when an infected person coughs, sneezes, or talks, releasing small particles that can infect others they interact with daily. This study aims to present the process of mathematically modelling the disease using information gathered from a bibliographic review. The model is based on differential equations and divides the population into susceptible, latent, infectious, under-treatment, and vaccinated individuals. Using mathematical tools and data provided by health authorities in the Mixteca region, we estimate the model's parameters and solve it numerically. The numerical solutions provide insights into the incidence of tuberculosis in the Oaxacan Mixteca population, predict future infection rates, and allow for simulations of different scenarios by varying parameter values.

Keywords: Tuberculosis, epidemiology, differential equations, mathematical modeling.

^aMaestría en Modelación Matemática.
Universidad Tecnológica de la Mixteca.
Oaxaca, México.

^bDivisión de Estudios de Posgrado.
Universidad Tecnológica de la Mixteca.
Oaxaca, México.

Correspondencia: Gamaliel Fernán López Bautista
Maestría en Modelación Matemática
Correo electrónico: lobg980929@gs.utm.mx

Introducción

La tuberculosis es considerada una de las enfermedades más antiguas en el planeta, los primeros reportes de esta enfermedad datan del periodo neolítico (1). En la antigüedad se creía que la tuberculosis era producida por *Mycobacterium bovis*, una bacteria que originalmente afectaba a los bovinos se había transmitido y adaptado a los humanos. Este microorganismo es muy resistente al frío, la congelación y la desecación, pero sensible al calor, la luz solar y la luz ultravioleta. Estas características, junto con lenta capacidad de división y su dependencia de condiciones locales como la presencia o ausencia de oxígeno y la dependencia del pH del medio, pueden ocasionar un estado de letargo o latencia (2).

La infección por tuberculosis se clasifica en (3):

- Tuberculosis no pulmonar: Afecta a otros órganos del ser humano, como los ojos, la piel, el intestino, etc.
- Tuberculosis pulmonar: Compromete los pulmones y puede propagarse a otros órganos.
- Tuberculosis multirresistente (TB-MDR): Las bacterias son resistentes, al menos, a los dos medicamentos de primera línea más importantes: la isoniazida y la rifampicina.
- Tuberculosis extremadamente resistente (TB-XDR): Las cepas presentan resistencia a antibióticos más fuertes, como la isoniazida, rifampicina, fluoroquinolonas y al menos a un agente inyectable (amikacina, capreomicina, kanamicina). En casos más graves, algunas bacterias de la tuberculosis pueden volverse resistentes a casi todos los medicamentos disponibles.

La tuberculosis latente es una forma de infección en la que las bacterias están presentes en el cuerpo, sin causar síntomas

clínicos (4). Las personas con esta forma de la enfermedad no pueden transmitirla a otros. El sistema inmunológico controla la infección, pero existe el riesgo de que se active en el futuro, especialmente en personas con sistemas inmunológicos debilitados (5).

La tuberculosis activa es cuando las bacterias causan síntomas clínicos (4). Esta forma es contagiosa y se propaga por vía aérea. Requiere tratamiento con antibióticos específicos para curar la enfermedad y prevenir complicaciones graves (4).

Los síntomas clínicos comunes de la tuberculosis activa incluyen (4):

- tos persistente,
- fiebre,
- sudores nocturnos,
- pérdida de peso inexplicada,
- debilidad general.

Una persona con tuberculosis activa (TB) sin tratamiento puede infectar de 15 a 20 personas por año. La tuberculosis puede afectar cualquier órgano; sin embargo, la forma más frecuente es la pulmonar, presente en el 85% de los casos (6).

La vacuna contra la tuberculosis llamada BCG (Bacilo de Calmette-Guerin) es muy eficaz para prevenir la meningitis tuberculosa y la tuberculosis miliar en niños, pero su eficacia para prevenir la tuberculosis pulmonar activa es menor. Un artículo publicado en la revista *The Lancet* en 2022 (7) evaluó la eficacia de la vacuna BCG en la prevención de la tuberculosis pulmonar activa en adultos, los resultados del estudio mostraron que la vacuna BCG redujo el riesgo de tuberculosis pulmonar activa en un 46% para menores de 5 años; sin embargo, el efecto protector de la vacuna disminuyó con el tiempo.

Existen múltiples formas de diagnosticar la infección por tuberculosis en las personas, entre las que destacan (8):

- Diagnóstico de la infección tuberculosa in vivo (prueba de tuberculina).
- Diagnóstico de la infección tuberculosa in vitro.
- Antibiograma.
- Radiología y técnicas de imagen, entre muchas otras.

Según estimaciones hechas por la Organización Mundial de la Salud (OMS) una cuarta parte de la población mundial se ha enfermado con tuberculosis, de la cual un porcentaje entre 5% y 10% ha presentado síntomas (9). De acuerdo con la Secretaría de Salud, desde el año 2016, en México más de la mitad de los municipios del país reportan cada año casos de Tuberculosis (6).

La OMS también indica que, en 2021, se enfermaron 10.6 millones de personas y murieron cerca de 1.6 millones de personas en todo el mundo, por lo que aseguran que es necesaria la cantidad de \$13 millones de dólares anuales para la prevención, diagnóstico y tratamiento de la tuberculosis (9).

La Mixteca Oaxaqueña es una región del estado de Oaxaca ubicada al norte del estado, está compuesta por 155 municipios, de los cuales, las ciudades más importantes son Huajuapán de León y Tlaxiaco. Su principal actividad es la producción artesanal, por lo que es una zona turística importante del estado, lo que hace que haya un flujo constante de personas que visitan a los distintos municipios de la región.

Estudiar la dinámica de infección en la región es de gran importancia, pues se supone que la población desconoce muchos aspectos de la enfermedad y por tanto las medidas de prevención que toman son pocas, esto produce que los hábitos sociales de las personas influyan en el incremento de casos de Tuberculosis. Esta enfermedad fue un tema de interés para las autoridades sanitarias de la región, quienes se acercaron a la universidad con la intención de que se realizara un estudio para estimar la incidencia en los próximos

años, es esta la principal motivación para el desarrollo de esta investigación.

Fundamentos teóricos

Para este trabajo se considera un sistema autónomo no lineal de ecuaciones diferenciales ordinarias (10):

$$x'(t) = f(x(t)).$$

Donde f es una función vectorial y $x(t)$ es un vector en el campo vectorial.

Se entenderá a los puntos de equilibrio o críticos de este sistema de ecuaciones a los puntos x_0 que cumplen que:

$$f(x_0) = 0$$

Definición de número reproductivo básico

En epidemiología existen diversos conceptos teóricos que brindan información importante sobre el curso de una enfermedad; uno de ellos es el número reproductivo básico, que funciona como un umbral para determinar si la enfermedad se desarrollará y contagiará a muchas personas de la población o se podrá controlar de manera sencilla.

Definición: El número reproductivo básico, denotado por R_0 , es el número de casos secundarios producidos en una población completamente susceptible por un individuo infeccioso durante todo su periodo de infección (11).

Si $R_0 < 1$, entonces, en promedio un individuo infeccioso produce menos de un individuo infectado durante todo su periodo infeccioso, y la infección no puede crecer. Si $R_0 > 1$, entonces cada individuo infeccioso produce, en promedio más de una nueva infección durante todo su periodo infeccioso,

y la enfermedad se puede propagar a la población.

Este número reproductivo básico se calcula a través del método de la matriz de la siguiente generación.

Metodología

La metodología utilizada en esta investigación es cuantitativa con un enfoque matemático. Se utilizó como población de estudio a la Mixteca Oaxaqueña, los datos son del año 2023 y las primeras 6 semanas del año 2024. Se crea un modelo matemático basado en ecuaciones diferenciales y se aplica a la población de estudio, obteniendo algunos resultados interesantes.

El modelo que se propone para estudiar la dinámica de contagio supone que existen cinco posibles estados, susceptibles (S), latentes (L), infecciosos (I), tratados (T) y vacunados (V); está basado en las siguientes suposiciones:

- La población de estudio no se clasificará por edades o sexo, pues se supone que esto no influye significativamente en el desarrollo de la enfermedad.
- Se considera que existe la misma probabilidad de infección entre todas las personas en la población; es decir, es la misma para las personas que están en contacto en el día a día, como para las personas que no necesariamente están en contacto directo.
- La tasa de nacimiento de las personas es constante.
- La tasa de transmisión de la enfermedad es constante.
- El modelo no considera la afectación de otras enfermedades en la infección por tuberculosis.
- La infección por tuberculosis puede inducir a la muerte.
- El tratamiento no induce la muerte significativamente.

- Las tasas de inmigración al lugar se asumen constantes respecto al tiempo.
- Los individuos pierden inmunidad con respecto a la vacuna al pasar del tiempo.
- Las personas infecciosas pueden curarse debido a un tratamiento exitoso.
- Las personas latentes pueden acceder a un tratamiento preventivo para evitar pasar a un estado infeccioso.

Con las suposiciones anteriores se genera el siguiente modelo matemático escrito mediante un sistema de ecuaciones:

$$\frac{dS}{dt} = \Lambda - \beta SI - \xi_2 S + \xi_1 V + k\delta T - \mu S,$$

$$\frac{dL}{dt} = \beta SI + \theta I - \gamma L - \rho L - \mu L + \lambda_2,$$

$$\frac{dI}{dt} = \gamma L + (1 - k)\delta T - \theta I - \eta I - \mu I - \alpha I + \lambda_3,$$

$$\frac{dT}{dt} = \rho L + \eta I - \delta T - \mu T + \lambda_4,$$

$$\frac{dV}{dt} = \xi_2 S - \xi_1 V - \mu V + \lambda_5,$$

donde $\Lambda = r + \lambda_1$.

Los parámetros de este modelo se definen como:

- r es la tasa de nacimiento de individuos.
- λ_1 es la tasa de inmigración de personas susceptibles.
- λ_2 es la tasa de inmigración de personas latentes.
- λ_3 es la tasa de inmigración de personas infecciosas.
- λ_4 es la tasa de inmigración de personas en tratamiento.
- λ_5 es la tasa de inmigración de personas vacunadas.
- μ es la tasa de muerte natural.
- β es la tasa de contagio por encuentro de personas susceptibles con personas infecciosas.
- γ es la tasa de activación de la infección.
- δ es la tasa de salida del compartimento de los tratados.

- θ la tasa de eficacia del sistema inmune en personas que dejan de ser contagiosas.
- η la tasa de incorporación de una persona infecciosa a un tratamiento.
- k es la proporción de personas en las que el tratamiento es eficiente, $0 < k < 1$.
- ξ_1 es la tasa de pérdida de eficacia de la vacuna.
- ξ_2 es la tasa de personas susceptibles a los que se les puede vacunar por primera vez.
- α es la tasa de mortalidad por la infección por tuberculosis.
- ρ es la tasa de incorporación de una persona latente a un tratamiento.

Además, los $\lambda_i \neq 0$, con $i = 1, \dots, 5$, pues la inmigración siempre estará presente a lo largo del tiempo.

La primera ecuación representa el cambio del número de las personas susceptibles (S) a la infección con respecto al tiempo, la cantidad de individuos en un cierto tiempo t dependerá del reclutamiento de personas, más las personas vacunadas que se vuelven susceptibles debido a la pérdida de efectividad de la vacuna, menos los individuos susceptibles que tienen contacto con personas infecciosas, menos los niños que son vacunados antes de los 15 años, menos las personas que mueren de forma natural.

La segunda ecuación representa el cambio del número de los individuos latentes (L) con respecto al tiempo t , la cantidad de personas en este compartimento dependerá de las personas susceptibles cuyos contactos con personas infecciosas resultaron efectivos, más las personas infectadas donde su sistema inmune se hace cargo de la infección, menos los individuos latentes cuyo sistema inmune no pudo contener el número de bacterias y se les desarrolla la infección, menos las personas latentes que consiguen un tratamiento, menos la muerte natural de estas personas

latentes, más las personas que inmigran a la población con una fase de latencia sin tener antes un primer tratamiento.

La tercera ecuación representa el cambio de la cantidad de personas infecciosas (I) con respecto al tiempo t , su población dependerá de las personas latentes a las que inminentemente se les ha desarrollado la infección, más las personas que estaban en tratamiento y no les funcionó el tratamiento o no cumplieron adecuadamente con el régimen, menos las personas en las que su sistema inmune controle la infección y regresen a un estado de latencia, menos las personas a las que se les aplique algún tratamiento, menos las personas que se mueran por causas naturales, menos las personas que mueran por acción de la infección, más las personas infecciosas que inmigran a la población.

La cuarta ecuación representa el cambio del número de los individuos que reciben un tratamiento (T) con respecto al tiempo t , la cantidad de personas en este compartimento estará determinado por las personas infecciosas que toman el tratamiento, más las personas latentes que toman un tratamiento, menos las personas que regresan a un estado de susceptibilidad debido a un tratamiento exitoso, menos las personas que recaen en la enfermedad, menos las que mueren de manera natural, más una cantidad de personas que inmigran a la población y que ya están cumpliendo con un tratamiento.

Por último, la quinta ecuación representa el cambio del número de los individuos vacunados (V) con respecto al tiempo, estará determinada por las personas susceptibles a las que se les aplica la vacuna contra la tuberculosis, menos las personas que por pérdida de eficacia de la vacuna se vuelven susceptibles, menos las personas que mueren de forma natural, más las personas que inmigran a la población y aún están protegidas por la cobertura de la vacuna.

Para encontrar los puntos de equilibrio es necesario que se tomen las ecuaciones diferenciales que describen el fenómeno de la infección e igualarlas a cero, al resolver el sistema de ecuaciones se puede decir explícitamente cuales son estos puntos de equilibrio. Para determinar la estabilidad de un punto de equilibrio se calcula la matriz Jacobiana, se sustituye el punto de equilibrio y se extrae el signo de los valores propios de la matriz; si todos los signos son negativos, entonces el punto de equilibrio es estable, si al menos un signo de un valor propio de la matriz Jacobiana no es positivo, entonces es inestable.

En el caso del modelo anterior se encuentra que tiene dos únicos puntos de equilibrio, al primero se le llamó punto de equilibrio libre de enfermedad y al segundo punto de equilibrio endémico.

Sería deseable que el punto de equilibrio libre de enfermedad fuera estable, pues lo que diría es que, si en algún momento las diferentes poblaciones estén cerca de este punto de equilibrio, entonces a futuro la infección debería decrecer hasta el punto de desaparecer y llegaría a una población completamente sana. En segundo lugar, se tiene al punto de equilibrio endémico; es decir, un punto donde se tiene presente a la enfermedad, en este caso es deseable que éste fuera inestable y el primer punto de equilibrio estable, pues esto llevaría a que la población en general tendría que librarse de la enfermedad en algún momento. Si el punto de equilibrio endémico fuera estable, diría que la enfermedad siempre estará presente en la población y no importaría el tiempo, esta persistiría.

Con respecto al punto de equilibrio libre de enfermedad se obtiene un resultado que consiste en una conjunción de condiciones sobre los parámetros, el parámetro de muerte tiene que ser mayor que el parámetro de incorporación de una persona infecciosa

a un tratamiento, el parámetro de eficacia del sistema inmune en personas que dejan de ser contagiosas tiene que ser mayor que el parámetro de activación de la infección, el parámetro de incorporación de una persona infecciosa a un tratamiento tiene que ser mayor que el parámetro de incorporación de una persona latente a un tratamiento, por último tiene que existir un umbral para el parámetro de contagio por encuentro de personas susceptibles con personas infecciosas. Si se cumplen estas condiciones el punto de equilibrio libre de enfermedad se asegura que es estable.

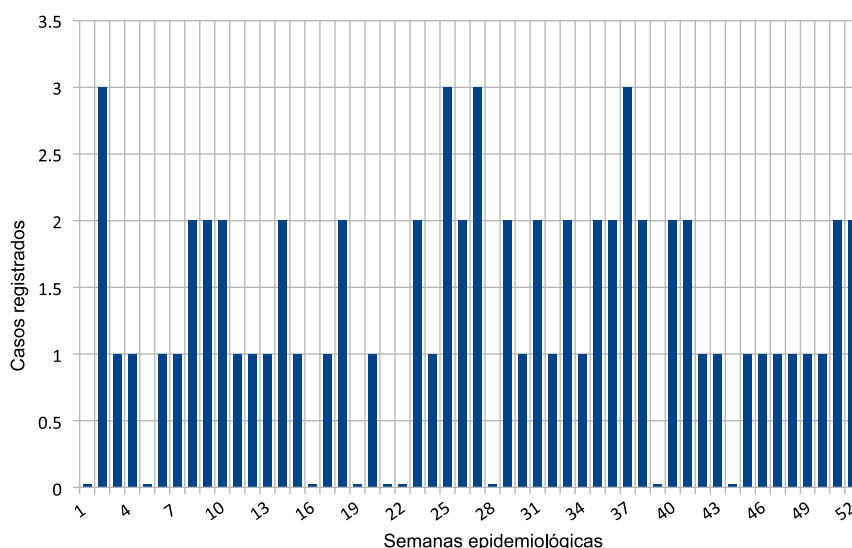
Resultados

Con el análisis de los modelos propuestos se valida el modelo propuesto con datos obtenidos de la misma población de estudio, en este caso los datos fueron facilitados por la Jurisdicción Sanitaria No. 5, con sede en la Ciudad de Huajuapán de León, proporcionados de forma electrónica. Esta base de datos si bien contiene mucha información sobre las personas que han sido diagnosticadas también presenta mucha información de las personas a las que se les descartó la infección. Existe una gran confiabilidad en los datos que fueron proporcionados, ya que cada centro de salud público o privado debe reportar sus hallazgos a esta Institución.

El estudio se concentró en los casos que fueron positivos para poder generar el gráfico de la Figura 1, correspondiente al 2023, de los individuos infectados.

Sin embargo, no era posible hacer que funcionara el modelo creado, pues había muchos parámetros que no era posible calcular con los datos, por lo que fue necesario simplificar el modelo de modo que solo funcionara con los datos entregados. De esta simplificación, se obtiene un nuevo modelo matemático descrito por el sistema:

Figura 1. Infectados nuevos en la Mixteca por semana epidemiológica.



Fuente: Elaboración propia, utilizando los datos proporcionados por la Jurisdicción Sanitaria.

$$\frac{dS}{dt} = r - \beta SI + k\delta T - \mu S,$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI + (1 - k)\delta T - \eta I - \mu I,$$

$$\frac{dT}{dt} = \eta I - \delta T - \mu T.$$

En este nuevo modelo el significado de los parámetros sigue siendo el mismo que en el modelo general.

En la Tabla 1 se muestran los parámetros que son aproximados a través de bases de datos publicadas por el INEGI y algunos otros a partir de la base de datos de tuberculosis proporcionada por la Jurisdicción Sanitaria:

Mientras que la Tabla 2 muestra el valor del parámetro calculado con Python cuando se usa la función *minimize*, la cual implementa el método *Nelder-Mead* disponible en la paquetería *scipy.optimize*, utilizando la base de datos de tuberculosis, de los parámetros calculados en la Tabla 1 y el uso de métodos

numéricos que resuelven el sistema de ecuaciones antes planteado:

Tabla 1. Parámetros del modelo simplificado.

Parámetro	Valor
r	0.0002991875
k	0.8235294118
δ	0.0168383086
η	0.0169683257
μ	0.0001562398

Fuente: Elaboración propia con datos de INEGI y Jurisdicción Sanitaria.

Tabla 2. Parámetro deducido a partir del modelo y la base de datos de la tuberculosis.

Parámetro	Valor
β	0.0000005162

Fuente: Elaboración propia.

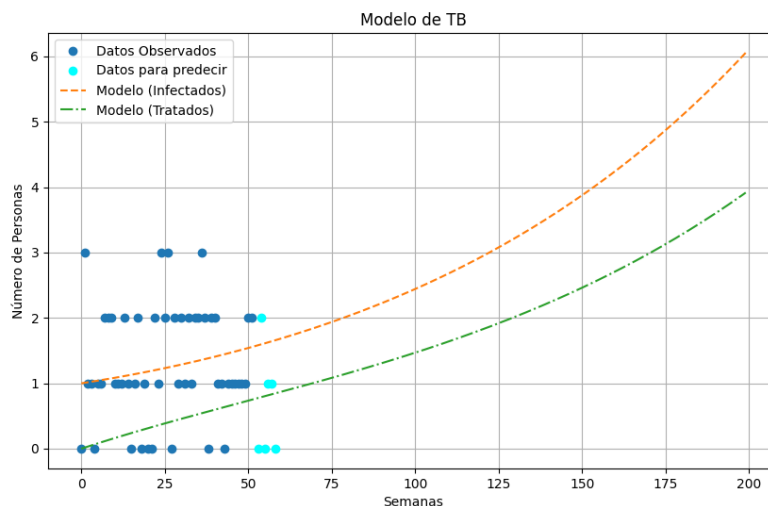
Una vez calculados los parámetros se utiliza el modelo para generar una predicción de hasta 148 semanas después de las mediciones mostradas en la base de datos, se puede observar puntos de distintos colores y curvas de diferentes colores, los puntos de color azul marino son los datos de casos confirmados del año 2023, mientras que los puntos color azul cian son los datos correspondientes a los casos confirmados en las primeras seis semanas epidemiológicas reportadas en el año 2024. La curva de color naranja se refiere a los casos esperados de personas infecciosas con tuberculosis a través del tiempo y la curva en color verde las personas en tratamiento a través del tiempo, nótese que el modelo predice que como máximo tendremos seis casos en los próximos 2 años, un número bastante bajo para la población de estudio; sin embargo, esto no quiere decir que el riesgo sea inexistente, por el contrario, recuérdese que la tuberculosis tiene distintas etapas de contagio y el verdadero problema se encuentra en las personas latentes, aspecto que en este modelo se tomó en cuenta dada la forma en cómo se encontraron los datos. Al respecto se generó la siguiente gráfica:

Para la sexta semana epidemiológica del año 2024 el modelo predice que tendremos entre uno y dos casos confirmados, según los datos proporcionados, para el año 2024 se tenía la sospecha de una persona infectada, por lo que el modelo estaría prediciendo bastante bien lo que sucede en la realidad.

Se logra calcular que el número reproductivo básico es $R_0=0.000006982$, lo que quiere decir que en promedio una persona infectada contagia siete personas en una población completamente susceptible de un millón de personas.

Por supuesto, este modelo es muy simple y aunque se aproxima muy bien a los datos proporcionados por la Jurisdicción Sanitaria, no se apega del todo a la vida real, pues recuérdese que existen más estados de infección. Por lo que después se aproximan los parámetros del modelo general que se mostró al principio con datos publicados en la red, para tratar de aproximar las distintas poblaciones del modelo y con esto dar una idea de la situación actual de la dinámica de la infección en la Mixteca.

Figura 2. Número de infecciosos reportados por Jurisdicción Sanitaria y predicción del modelo simplificado para los datos.



Fuente: Elaboración propia, a partir de los datos de la Jurisdicción Sanitaria.

En la Tabla 3 se muestra el valor de los parámetros que se pudieron encontrar en la red y algunos otros que se determinaron anteriormente con el modelo simplificado:

Tabla 3. Parámetros encontrados a través de información en la red y descubiertos por el modelo simplificado para los datos.

Parámetro	Valor
r	0.0002991875
k	0.8235294118
δ	0.0168383086
η	0.0169683257
μ	0.0001562398
β	0.0000005162
α	0
ρ	0
ξ_1	0.0666666666
ξ_2	0.785

Fuente: Elaboración propia.

De nuevo, utilizando Python con la misma función y el mismo método numérico se puede determinar los parámetros restantes; estos valores se encuentran en la Tabla 4.

Tabla 4. Parámetros encontrados utilizando los datos y técnicas numéricas.

Parámetro	Valor
θ	0.1321981560
γ	0.0000016546
λ_1	0.0122302933
λ_2	0.0000117162
λ_3	0.0000977573
λ_4	0.0000094306
λ_5	0.0103643519

Fuente: Elaboración propia.

Al igual que en el modelo planteado originalmente también se obtiene una gráfica de predicción que permite ver los contagios a través del tiempo y cómo el modelo se comportaba con respecto a los datos oficiales. La predicción muestra que el número de infectados siempre estará cerca de uno y de la misma manera las personas en tratamiento también estarán cerca de uno, por lo que no supone un riesgo grande en los próximos años.

Al comparar el modelo que se hizo exclusivo para los datos con el modelo general que se propuso al inicio, se pueden ver ciertas diferencias entre uno y otro, mientras que el modelo exclusivo para los datos dice que los casos de tuberculosis irán en crecimiento con el pasar de los años, el modelo general indica que los casos de infección se mantendrán estables y en un número pequeño. Sin embargo, no quiere decir que haya una gran contradicción, puesto que ambos coinciden en que los casos de infección no son motivo de preocupación pues el número es pequeño, siendo siete el número máximo de contagios y esto en comparación con la gran cantidad de personas que habitan la región Mixteca es un número muy pequeño aún. La Figura 3 muestra los resultados.

A continuación, se presentan algunas simulaciones que se realizaron en este trabajo para ejemplificar qué es lo que pasaría si algunos parámetros se modifican de alguna manera.

Primero se hace el cambio en el parámetro η , este parámetro dice cómo es la salida de los infectados y su incorporación a un tratamiento, por lo que primero se aumenta el valor, como se puede apreciar en la Figura 4.

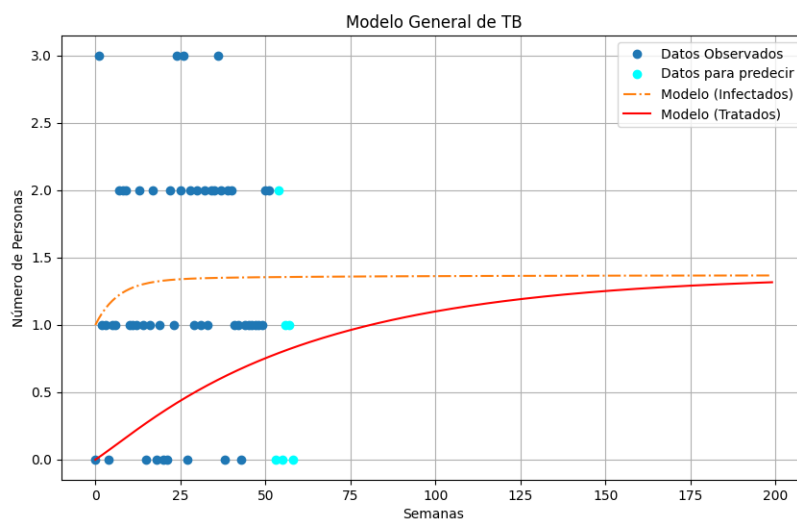
Después nótese el caso en el que su valor decrece para ver qué cambios hay, esto genera la Figura 5.

Un parámetro importante en el modelo es γ el parámetro que indica el tiempo promedio de una persona que está contagiada con

la bacteria y es latente antes de pasar a ser infecciosa, aunque este parámetro no es posible moverlo pues depende enteramente del crecimiento y desarrollo de la bacteria dentro del cuerpo humano. Es importante ver qué pasa si este parámetro se mueve o se puede alterar, pues el tiempo de paso de

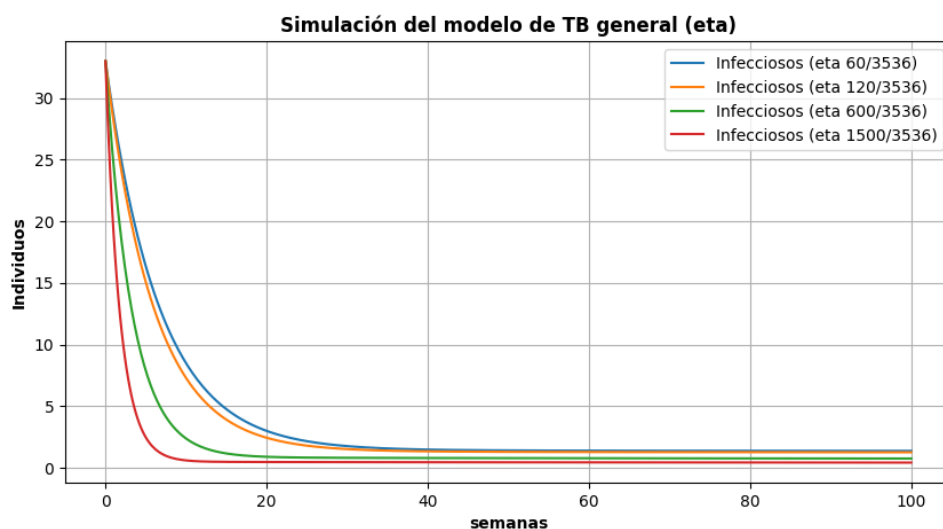
ser latente a infeccioso depende también del sistema inmune de las personas huéspedes de la bacteria, por lo que se puede hacer una reflexión si es posible ayudar al sistema inmune e inhibir el desarrollo de la bacteria por un tiempo más prolongado. Esto se ve ejemplificado en la Figura 6.

Figura 3. Número de infecciosos reportados por Jurisdicción Sanitaria y predicción del modelo general planteado para los datos.



Fuente: Elaboración propia.

Figura 4. Incremento de η y visualización de los individuos infectados según el modelo general.

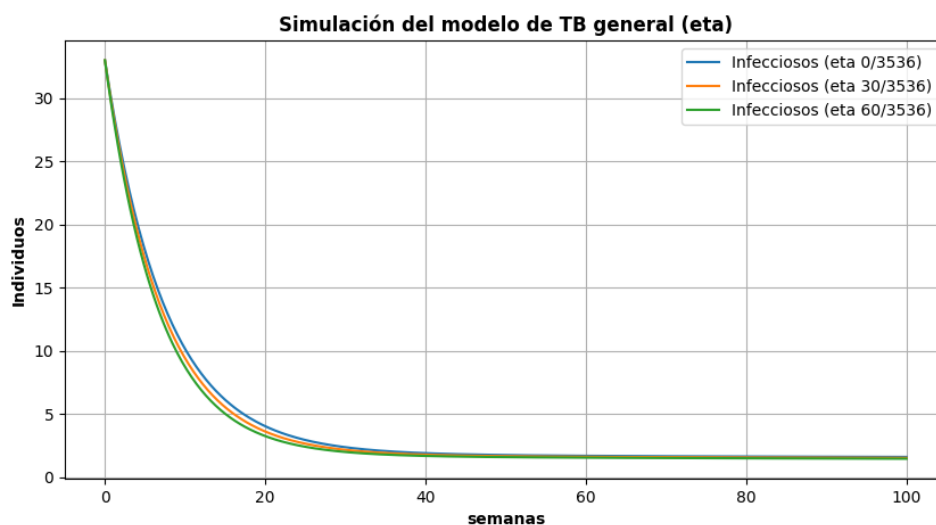


Fuente: Elaboración propia, a partir de los datos de la Jurisdicción Sanitaria.

Con esta simulación se puede observar que mientras más grande es este parámetro la cantidad de personas infecciosas aumenta; es decir, entre menos tiempo tenga una persona en estado latente es más factible que contagie a más personas y entre más pequeña se hace la tasa la cantidad de personas infecciosas decrece más rápido.

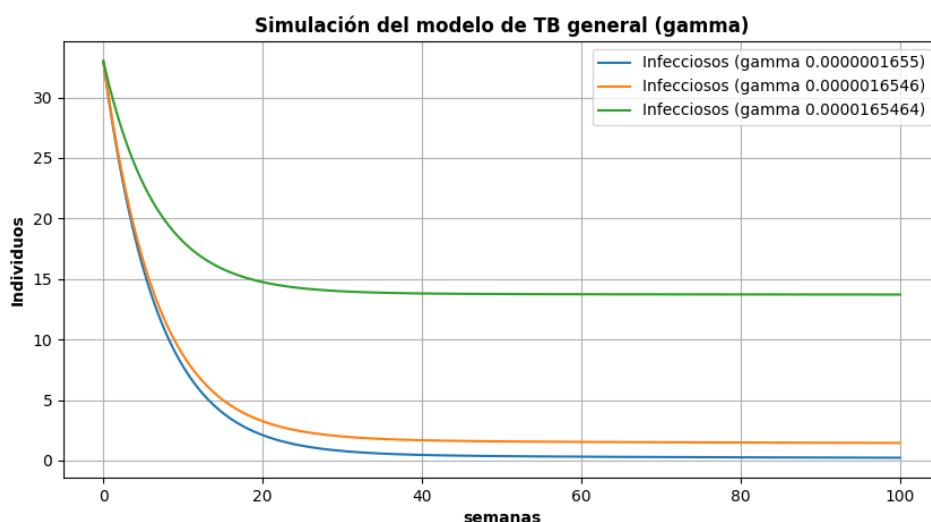
La siguiente duda que se presenta es qué pasaría si, por alguna razón, el parámetro de cobertura de vacunación se modifica; es decir, disminuye o aumenta. Nuestro modelo dice que la diferencia es notable en el compartimento de los susceptibles y que, en caso de que las campañas de salud decrezcan al punto que solo se logre una cobertura del

Figura 5. Decremento de η y visualización de los individuos infectados según el modelo general.



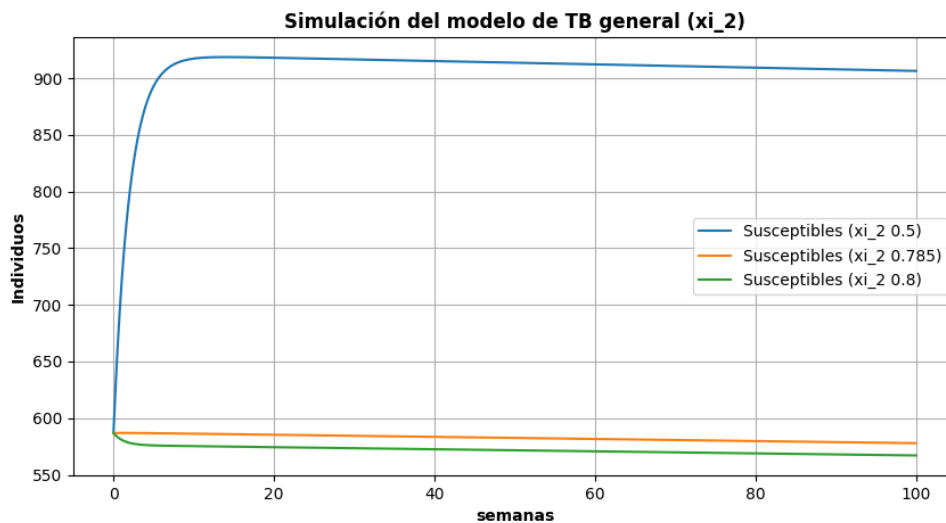
Fuente: Elaboración propia.

Figura 6. Variación del parámetro γ y curvas de simulación para los individuos infecciosos.



Fuente: Elaboración propia.

Figura 7. Movimiento de ξ_2 y visualización de los individuos susceptibles.



Fuente: Elaboración propia.

50%, la cantidad de individuos susceptibles aumenta, por lo que una afectación en el número de infecciosos se verá reflejado con el paso de los años, contrario a que si se aumenta la cobertura de vacunación a un 80%, como se puede apreciar en la Figura 7.

Conclusiones

Una vez terminado el análisis de los modelos y habiendo realizado las aproximaciones necesarias, se determinan los siguientes resultados importantes.

- En el modelo planteado para los datos se encontró que aunque la enfermedad va a seguir creciendo en los próximos años, ésta no supone un riesgo importante a mediano plazo, pues el máximo de contagios en los próximos dos años solo será de a lo más siete enfermos en todo el año, que se considera relativamente bajo para una enfermedad tan peligrosa como lo es la tuberculosis.
- En el mismo modelo planteado exclusivamente para los datos, se determina que si una persona infectada con tuberculosis, y que es infecciosa, es introducida en una población

de un millón de personas y convive con cada una de ellas, ésta solo puede producir en promedio siete nuevos infectados con tuberculosis, lo que también plantea que, aunque es bajo el riesgo, no se debe descartar del todo que exista una epidemia importante.

- Con el modelo general planteado al inicio y de nuevo utilizando los datos, se logran aproximar algunos parámetros tales que no se pueden deducir de otra información, con esto se encontró que el número promedio de infecciosos a través del tiempo se mantendrá cercano a uno todo el tiempo, por lo que tampoco supone un gran riesgo en la población.
- Al hacer las simulaciones, se puede rescatar que en los próximos años se mantendrán las infecciones y que no es posible llevarla a cero a menos que se ataque el problema principal como es el tiempo de paso de latentes a infecciosos, y el incremento de la tasa de adquisición de tratamiento de las personas infecciosas.
- Considerando que en un modelo basado en un sistema de ecuaciones diferenciales se

promedia los encuentros efectivos y no toma en cuenta la espacialidad que este fenómeno requiere, sí ilustra la dinámica de la infección por tuberculosis y sugiere los cambios a realizar para una disminución del riesgo que existe en el área estudiada. A futuro se podría optar por un modelo que esté basado en otra área de las matemáticas y que considere la espacialidad, lo que propondrá mejores resultados y más información de cómo se contagia la población dependiendo de su lugar de residencia, cosa que se podría tratar en otro trabajo a futuro.

- Se espera que esta investigación sirva como punta de lanza para una colaboración más estrecha entre autoridades sanitarias y el cuerpo académico presente en todo el estado de Oaxaca y en específico con el SUNEО para seguir obteniendo resultados importantes en favor de la comunidad Oaxaqueña.

Agradecimientos

Agradecemos al Dr. Ernesto Orduña Ruiz coordinador de la Jurisdicción Sanitaria 5 de la Mixteca por la disposición para trabajar y proporcionar los datos para la investigación aquí expuesta.

Referencias

- 1]. Cartes Parra JC. Breve historia de la tuberculosis. *Revista médica de Costa Rica y Centroamérica*. 2013; 70(605):145–150. Disponible en: <https://www.medigraphic.com/pdfs/revmedcoscen/rmc-2013/rmc131z.pdf>
- 2]. Dorransoro I, Torroba L. Microbiología de la tuberculosis. *Anales del sistema sanitario de Navarra*. 2007; 30:67–85. Disponible en: <https://scielo.isciii.es/pdf/asisna/v30s2/original5.pdf>
- 3]. Velasco AG, Torres CAM, Cabrera LV, Alerm AB, Jiménez SGM, Pérez HJS, et al. Diversidad genética del Complejo de *Mycobacterium tuberculosis*: implicaciones clínicas y epidemiológicas. *TIP Revista Especializada en Ciencias Químico-Biológicas*. 2023; 26:1–13. Disponible en: https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S1405-888X2023000100205&script=sci_arttext
- 4]. MedlinePlus. [Internet]. Bethesda (MD): U.S. National Library of Medicine; Tuberculosis. 2023. [Consultado: el 05 de noviembre de 2023]. Disponible en: <https://medlineplus.gov/spanish/tuberculosis.html>
- 5]. Centros para el Control y la Prevención de Enfermedades (USA). Tuberculosis (TB) – Español [Internet]. [Consultado: 05 de noviembre de 2023]. Disponible en: <https://www.cdc.gov/tb/esp/topic/basics/tbinfectiondisease.html>
- 6]. Secretaria de Salud. Tuberculosis. [Internet]. Secretaria de Salud; [Consultado el 7 de noviembre de 2023]. Disponible en: <https://www.gob.mx/salud/acciones-y-programas/tuberculosis>
- 7]. Martinez L, Cords O, et al. Infant BCG vaccination and risk of pulmonary and extrapulmonary tuberculosis throughout the life course: a systematic review and individual participant data meta-analysis. *The Lancet Global Health*. 2022; 10(9):e1307–e1316. Disponible en: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2214109X22002832>
- 8]. Roberto BE. Tuberculosis. ¿Es la pandemia ignorada? *Revista Mexicana de Patología Clínica y medicina de laboratorio*. 2020; 93–112. Disponible en: https://web.archive.org/web/20201005220331id_/https://www.medigraphic.com/pdfs/patol/pt-2020/pt202g.pdf
- 9]. OMS. Tuberculosis. [Internet]. Organización Mundial de la Salud. [Consultado el 10 de noviembre de 2023]. Disponible en: <https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/tuberculosis>
- 10]. Perko L. *Differential equations and dynamical systems*. Vol. 7. Springer Science & Business Media, 2013.
- 11]. Diekmann O, Heesterbeek JAP, Metz JAJ. "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. Disponible en: <https://link.springer.com/article/10.1007/bf00178324>

of_infectious_disease_dynamics/links/5602a36d08ae0b84c4d2269e/Mathematical-modeling-of-infectious-disease-dynamics.pdf

- 12]. Choisy M, Guégan JF, Rohani P. Mathematical modelling of infectious diseases dynamics. *Encyclopedia of infectious diseases: modern methodologies*. 2007 ; 379. Disponible en: https://www.researchgate.net/profile/Marc-Choisy/publication/282085494_Mathematical_modeling_

Recibido: 29 de noviembre de 2024.

Corregido: 4 de marzo de 2025.

Aceptado: 14 de marzo de 2025.

Conflictos de interés: Los autores declaran que no existen conflictos de intereses.