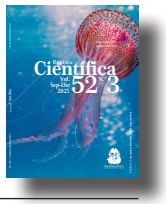
UNIVERSIDAD DISTRITAL
FRANCISCO JOSÉ DE CALDAS

Revista Científica

http://revistas.udistrital.edu.co/ojs/index.php/revcie/index



Artículo de investigación científica

Estabilidad global en un modelo para la dinámica del VIH/SIDA, considerando inmigración, diagnóstico y tratamiento antirretroviral

Global Stability in a Model for HIV/AIDS Dynamics, Considering Immigration, Diagnosis, and Antiretroviral Treatment

Estabilidade global em um modelo de dinâmica de HIV/AIDS, considerando imigração, diagnóstico e tratamento antirretroviral

José Armando Ortega[1]
Miller Orlando Cerón[2]
Eduardo Ibarguen Mondragon[3]

Recibido: 04 de enero de 2025 **Aceptado:** 10 de diciembre de 2025

Para citar este artículo: Ortega, J. A., Cerón, M. O. y Mondragon, E. I. (2025). Estabilidad global en un modelo para la dinámica del VIH/SIDA, considerando inmigración, diagnóstico y tratamiento antirretroviral. *Revista Científica*, *52*(3), 1-14. https://doi.org/10.14483/23448350.23342

Resumen

En este artículo se presenta un modelo matemático para la dinámica del VIH/SIDA que incluye inmigración y trasmisión vertical, diagnóstico y terapia antirretroviral (TAR). El modelo considera cinco grupos de población: individuos susceptibles, individuos infectados no diagnosticados, individuos diagnosticados con SIDA, individuos diagnosticados con infección no detectable e individuos diagnosticados con infección detectable. Posteriormente, se analiza el modelo sin inmigración y trasmisión vertical. Para ambos modelos, se determinan los puntos de equilibrio y la estabilidad global. Las simulaciones numéricas respaldan los resultados teóricos, ilustrando el impacto del TAR en el control de la propagación del VIH. Los hallazgos refuerzan la importancia del diagnóstico temprano y la adherencia al TAR, así como disminuir las tasas de migración y transmisión vertical para reducir la transmisión y mejorar la expectativa de vida.

Palabras clave: estabilidad global, terapia antirretroviral, inmigración, VIH/SIDA

1. Estudiante de Maestría en Matemática Aplicada, Universidad de Puerto Rico, Mayagüez, jose.ortega14@upr.edu
2. Docente Departamento de Matemáticas, Universidad de Nariño, millercg@udenar.edu.co
3. Docente Departamento de Matemáticas, Universidad de Nariño, edbargun@udenar.edu.co

Abstract
This work presents a mathematical model for the dynamics of HIV/AIDS with immigration and vertical transmission, diagnosis, and antiretroviral therapy (ART). The model considers five population groups: susceptible individuals, undiagnosed infected individuals, individuals diagnosed with AIDS, diagnosed individuals with an undetectable infection, and diagnosed individuals with a detectable infection. Afterwards, the model without immigration and vertical transmission is analyzed. For both models, the equilibrium points and global stability are determined. Numerical simulations support the theoretical results, illustrating the impact of ART in controlling the spread of HIV. The findings reinforce the importance of early diagnosis and adherence to ART, as well as the importance of decreasing migration and vertical transmission rates in order to reduce transmission and improve life expectancy.
Keywords: global stability, antiretroviral therapy, immigration, HIV/AIDS

Resumo
Este artigo apresenta um modelo matemático para a dinâmica do HIV/AIDS que inclui imigração e transmissão vertical, diagnóstico e terapia antirretroviral (TAR). O modelo considera cinco grupos populacionais: indivíduos suscetíveis, indivíduos infectados não diagnosticados, indivíduos diagnosticados com AIDS, indivíduos diagnosticados com infeção não detectável e indivíduos diagnosticados com infeção detectável. Posteriormente, analisa-se o modelo sem imigração e transmissão vertical. Para ambos os modelos, os pontos de equilíbrio e a estabilidade global são determinados. As simulações numéricas apoiam os resultados teóricos, ilustrando o impacto da TAR no controle da disseminação do HIV. As descobertas reforçam a importância do diagnóstico precoce e da adesão à TAR, bem como a importância de diminuir as taxas de migração e transmissão vertical para reduzir a transmissão e melhorar a expectativa de vida.
Palavras-chaves: estabilidade global, terapia antirretroviral, imigração, HIV/AIDS

INTRODUCCIÓN

El síndrome de inmunodeficiencia humana (SIDA) es la consecuencia de la infección causada por el por virus de inmunodeficiencia humana (VIH). Según datos de UNAIDS, en el año 2024 había 40.8 millones de personas viviendo con VIH, de las cuales 39.4 millones eran adultos (mayores de 15 años) y 1.4 millones eran menores—el 53 % de todas las personas infectadas eran mujeres. 87 % de estas personas conocían su estado, y alrededor de 5.3 millones de personas lo desconocían, aumentando los índices de contagio de personas susceptibles. El VIH ataca principalmente a las células inmunológicas CD4+, responsables de proteger al cuerpo de posibles infecciones. Así, una persona con SIDA puede morir a causa de un simple resfriado, lo que en la actualidad puede ser tratado y controlado eficazmente sin la presencia del virus.

El tratamiento más efectivo para el VIH se llama *tratamiento antirretroviral* (TAR), y su objetivo es disminuir la morbilidad y la mortalidad asociadas al SIDA. Este tratamiento es un conjunto de tres fármacos conocido como *triple coctel*, que actúan para mantener la carga viral del paciente en niveles indetectables (Tuladhar, 2018). La expectativa de vida de un individuo con VIH ha incrementado desde que apareció la TAR: un paciente no tratado tiene una expectativa de vida de ocho a diez años, mientras que una persona con buena adherencia a la TAR es muy similar a una persona sana, dependiendo de varios aspectos como el diagnóstico temprano, el inicio del tratamiento y el conteo de células CD4+, entre otros (Nakagawa *et al.*, 2013). Sin duda, una de las ventajas de un tratamiento con buena adherencia es la indetectabilidad,

que puede interpretarse como intransmisibilidad, recalcando que la primera se alcanza aproximadamente después de cuatro meses de iniciado el tratamiento (PCDT, 2018).

El objetivo de este estudio es formular un modelo matemático basado en ecuaciones diferenciales que evalúa los efectos de la TAR y las tasas de diagnóstico, inmigración y transmisión vertical en la dispersión del VIH.

PLANTEAMIENTO DEL MODELO

En el modelo matemático se consideran cinco poblaciones: los individuos susceptibles (S), la población de infectados no diagnosticados (I_A), las personas diagnosticadas con SIDA (A) y dos poblaciones de individuos infectados: los que han alcanzado la indetectabilidad (I_{k2}) y los que no (I_{k1}). La indetectabilidad es importante, pues en este estado no se transmite la enfermedad (HIV.gov, 2025).

Respecto a las nuevas infecciones, los infectados diagnosticados con SIDA no deberían afectar las tasas de transmisión, asumiendo que estas personas conocen su estado y se cuidan de transmitir la enfermedad, evitando el contacto sexual y sometiéndose a la TAR. A pesar de estar diagnosticados con SIDA, estos individuos aún pueden alcanzar la indetectabilidad (HIV.gov, 2025). Cabe añadir que, en Colombia, la TAR es muy accesible (CAC, 2025). Por otra parte, los infectados indetectables tampoco afectan las tasas de transmisión, pues esta condición implica intrasmisibilidad. Así, los individuos S pueden ser infectados por los I_A y los I_{k_1} a las tasas de transmisión β_1 y β_2 respectivamente. En estas tasas se considera el promedio de contactos sexuales por unidad de tiempo y la probabilidad de transmisión en cada en cada encuentro, *i.e.*, $\beta_i = c_i \cdot p_i$, donde c_i es el promedio de contactos sexuales y p_i es la probabilidad de contagio (Boily, 2009). También se incluye una razón de entrada de nuevos susceptibles (λ_1), relacionada con los nacimientos y la inmigración, y una tasa de mortalidad natural (μ_1) en la población estudiada.

La población de infectados no diagnosticados influye en la transmisión de la enfermedad, pero se considera que esta proporción está incluida en I_A y no en la población de pacientes diagnosticados con SIDA (A). Se introduce una tasa de diagnóstico (α_1) que corresponde al inverso del tiempo promedio que transcurre entre la infección y la detección clínica (UNAIDS, 2024), una razón de entrada de inmigración o nacimientos de nuevos infectados (transmisión vertical, λ_2) y una tasa de mortalidad natural y por la enfermedad (μ_2).

Una vez el infectado recibe su diagnóstico, debe someterse a la TAR. Cuando inicia el tratamiento, este individuo no es indetectable, por lo que sigue transmitiendo la enfermedad. Si la persona no indetectable es prevalente en la TAR, la indetectabilidad se logra entre los cuatro y los seis meses (UNAIDS, 2024). Sin embargo, una vez se alcanza la indetectabilidad, debe haber una buena adherencia al tratamiento para conservarla. En vista de lo anterior, nuestro modelo matemático considera una tasa de adquisición de la indetectabilidad (α_2), que describe el tiempo requerido para que una persona diagnosticada y sometida a TAR alcance la supresión viral, así como una tasa de pérdida de la misma (α_3) cuando se suspende la TAR (PCDT, 2018). Además, para la población de infectados no indetectables, se considera una razón de entrada de inmigración y nacimientos de nuevos infectados (λ_2) y una tasa de mortalidad natural y por la enfermedad (μ_3). En la población de infectados indetectables también se considera la mortalidad natural y por la enfermedad (μ_5).

Finalmente, suponemos que los parámetros λ_2 y λ_3 son mayores que 0, pues representan inmigración. El modelo matemático está representado en el siguiente diagrama de flujo:

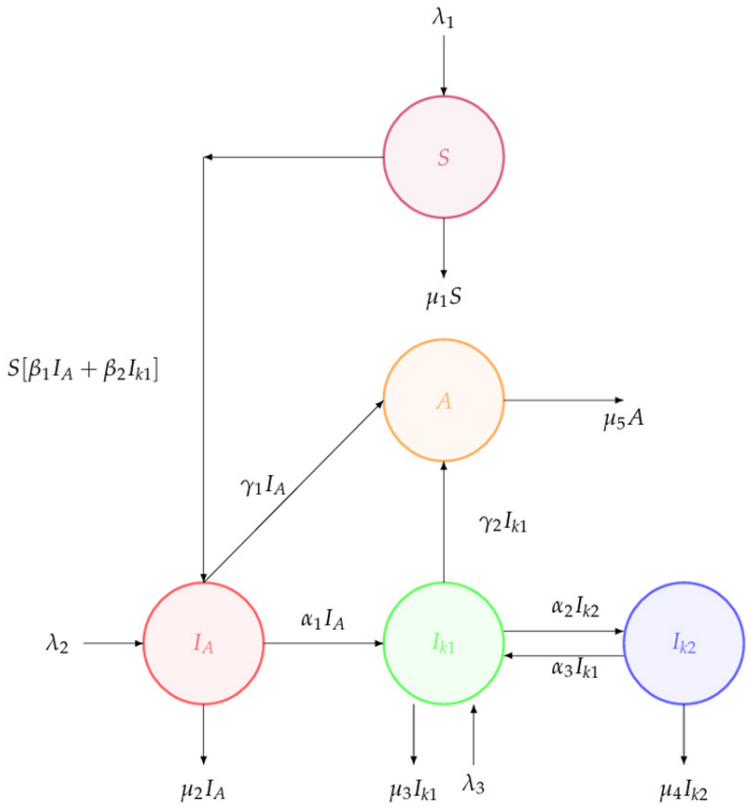


Figura 1. *Diagrama de flujo del modelo para VIH/SIDA*

$$\begin{aligned}
\dot{S} &= -S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \mu_1 S + \lambda_1 \\
\dot{I_A} &= S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \alpha_1 I_A - \mu_2 I_A - \gamma_1 I_A + \lambda_2 \\
\dot{I_{k1}} &= \alpha_1 I_A - \alpha_2 I_{k1} + \alpha_3 I_{k2} - \mu_3 I_{k1} - \gamma_2 I_{k1} + \lambda_3 \\
\dot{I_{k2}} &= \alpha_2 I_{k1} - \alpha_3 I_{k2} - \mu_4 I_{k2} \\
\dot{A} &= \gamma_1 I_A + \gamma_2 I_{k1} - \mu_5 A
\end{aligned} \tag{1}$$

Es importante tener en cuenta el conjunto de interés biológico, *i.e.*, el conjunto formado por todos los valores posibles de las variables del modelo que son biológicamente viables, o aquellos en los que todas las poblaciones son no negativas y permanecen acotadas en el tiempo. Este conjunto contiene todas las soluciones del sistema que tienen sentido desde el punto de vista epidemiológico, y es un dominio positivamente invariante, ya que cualquier solución que empieza dentro de él permanece en él para todo $t \geq 0$, (Martcheva, 2015). En el caso de este modelo matemático, este conjunto es:

$$\Omega = \{(S, I_A, I_{k1}, I_{k2}, A) \in \mathbb{R}^5 : S \geq 0, I_A \geq 0, I_{k1} \geq 0, I_{k2} \geq 0, A \geq 0.\}$$

Las poblaciones y las tasas del modelo se resumen en las Tablas 1 y 2 respectivamente:

Tabla 1. *Poblaciones del modelo*

Población	Definición
S	Población de susceptibles
I_A	Infectados sin diágnostico
I_{k1}	Diagnosticados no indetectables
I_{k2}	Diagnosticados indetectables
A	Individuos diagnosticados con SIDA

Tabla 2. *Parámetros del modelo*

Parámetro	Definición
β_1	Tasa de contagio de los infectados sin diagnóstico
β_2	Tasa de contagio de los infectados no indetectables
α_1	Tasa de diagnóstico
α_2	Tasa de adquisición de la indetectabilidad
α_3	Tasa de pérdida de la indetectabilidad
μ_1	Tasa de mortalidad natural
μ_2	Tasa de mortalidad natural y mortalidad por la enfermedad
μ_3	Tasa de mortalidad natural y mortalidad por la enfermedad
μ_4	Tasa de mortalidad natural y mortalidad por la enfermedad
μ_5	Tasa de mortalidad natural y mortalidad por la enfermedad
λ_1	Razón de entrada de nuevos susceptibles
λ_2	Razón de entrada de inmigración de los infectados sin diagnóstico
λ_3	Razón de entrada de inmigración de los infectados sin indetectabilidad
γ_1	Tasa de diagnóstico del SIDA de los infectados sin diagnóstico
γ_2	Tasa de adquisición del SIDA de los infectados sin supresión viral

En las Tablas 3 y 4 se resumen algunos valores utilizados en las simulaciones numéricas, donde las semanas se toman como unidad de tiempo para las tasas. En la columna *Fuente* se muestran las fuentes bibliográficas de los datos para los valores de la columna *A*. Los datos que no surgieron de estas fuentes son una estimación propia (EP), *i.e.*, son valores que se deducen de distintas fuentes de información disponibles en Internet—este es el caso para las tasas γ_1 y γ_2. En las columnas *B, C, D, E, F, G* y *H* se modificaron ligeramente los datos para llevar a cabo las simulaciones. Las diferencias principales se observan en la tasa de diagnóstico (α_1), la perdida de la indetectabilidad (α_3) y los valores de λ_2 y λ_3.

Tabla 3. *Parámetros usados en las simulaciones*

Parámetro	Fuente	Valor A	Valor B	Valor C	Valor D
β_1	(Ortega, Cerón, & Mondragón, 2023)	$1 \cdot 10^{-7}$	$1 \cdot 10^{-7}$	$1 \cdot 10^{-7}$	$1 \cdot 10^{-7}$
β_2	(Ortega, Cerón, & Mondragón, 2023)	$5.8 \cdot 10^{-9}$	$5.8 \cdot 10^{-9}$	$5.8 \cdot 10^{-9}$	$5.8 \cdot 10^{-9}$
α_1	(Ortega, Cerón, & Mondragón, 2023)	$4.6 \cdot 10^{-2}$	$4.6 \cdot 10^{-2}$	$9.8 \cdot 10^{-2}$	$9.8 \cdot 10^{-2}$
α_2	(CAC, 2025)	0.729	0.729	0.729	0.729
α_3	(CAC, 2025)	0.2703	0.2703	0.18	0.18
μ_1	(OMS, 2023)	1/924	1/924	1/924	1/924
μ_2	(OMS, 2023)	1/900	1/900	1/900	1/900
μ_3	(OMS, 2023)	1/912	1/912	1/912	1/912
μ_4	(CAC, 2025)	1/924	1/924	1/924	1/924
μ_5	(CAC, 2025)	$1.1 \cdot 10^{-3}$	$1.1 \cdot 10^{-3}$	$1.1 \cdot 10^{-3}$	$1.1 \cdot 10^{-3}$
λ_1	(OMS, 2023) y EP	$\frac{455678}{924} + 1$	$\frac{455678}{924} + 1$	$\frac{455678}{924} + 1$	$\frac{455678}{924} + 1$
λ_2	(OMS, 2023) y EP	0.015	0.15	0.015	0.15
λ_3	(OMS, 2023) y EP	0.001	0.1	0.001	0.1
γ_1	EP	$2.7 \cdot 10^{-5}$	$2.7 \cdot 10^{-5}$	$2.7 \cdot 10^{-5}$	$2.7 \cdot 10^{-5}$
γ_2	EP	$1 \cdot 10^{-5}$	$1 \cdot 10^{-5}$	$1 \cdot 10^{-5}$	$1 \cdot 10^{-5}$
R_0	Calculado	1.612532	1.612532	0.939739	0.939739

Tabla 4. *Parámetros usados en las simulaciones*

Parámetro	Valor E	Valor F	Valor G	Valor H
β_1	$1 \cdot 10^{-7}$	$1 \cdot 10^{-7}$	$1 \cdot 10^{-7}$	$1 \cdot 10^{-7}$
β_2	$5.8 \cdot 10^{-9}$	$5.8 \cdot 10^{-9}$	$5.8 \cdot 10^{-9}$	$5.8 \cdot 10^{-9}$
α_1	$6 \cdot 10^{-2}$	$6 \cdot 10^{-2}$	$9.8 \cdot 10^{-2}$	$9.8 \cdot 10^{-2}$
α_2	0.729	0.729	0.729	0.729
α_3	0.1	0.1	0.03	0.03

Parámetro	Valor E	Valor F	Valor G	Valor H
μ_1	1/924	1/924	1/924	1/924
μ_2	1/900	1/900	1/900	1/900
μ_3	1/912	1/912	1/912	1/912
μ_4	1/924	1/924	1/924	1/924
μ_5	$1.1 \cdot 10^{-3}$	$1.1 \cdot 10^{-3}$	$1.1 \cdot 10^{-3}$	$1.1 \cdot 10^{-3}$
λ_1	$\frac{455678}{924} + 1$	$\frac{455678}{924} + 1$	$\frac{455678}{924} + 1$	$\frac{455678}{924} + 1$
λ_2	0.015	0.15	0.015	0.15
λ_3	0.001	0.1	0.001	0.1
γ_1	$2.7 \cdot 10^{-5}$	$2.7 \cdot 10^{-5}$	$2.7 \cdot 10^{-5}$	$2.7 \cdot 10^{-5}$
γ_2	$1 \cdot 10^{-5}$	$1 \cdot 10^{-5}$	$1 \cdot 10^{-5}$	$1 \cdot 10^{-5}$
R_0	1.038477	1.038477	0.559399	0.559399

PUNTOS DE EQUILIBRIO

Para encontrar los puntos de equilibrio, procedimos a resolver el sistema homogéneo asociado al Sistema de Ecuaciones (1).

$$\begin{aligned} -S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \mu_1 S + \lambda_1 &= 0 \\ S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \alpha_1 I_A - \mu_2 I_A - \gamma_1 I_A + \lambda_2 &= 0 \\ \alpha_1 I_A - \alpha_2 I_{k1} + \alpha_3 I_{k2} - \mu_3 I_{k1} - \gamma_2 I_{k1} + \lambda_3 &= 0 \\ \alpha_2 I_{k1} - \alpha_3 I_{k2} - \mu_4 I_{k2} &= 0 \\ \gamma_1 I_A + \gamma_2 I_{k1} - \mu_5 A &= 0 \end{aligned} \tag{2}$$

Nótese que, en la última ecuación del sistema anterior, si se encuentran los valores I_{k1} e I_{k2}, se obtiene A, y esta variable no influye en las demás ecuaciones. Lo anterior deviene en el siguiente Sistema de Ecuaciones:

$$\begin{aligned} -S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}) - \mu_1 S + \lambda_1 &= 0 \\ S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}) - \alpha_1 I_A - \mu_2 I_A - \gamma_1 I_A + \lambda_2 &= 0 \\ \alpha_1 I_A - \alpha_2 I_{k1} + \alpha_3 I_{k2} - \mu_3 I_{k1} - \gamma_2 I_{k1} + \lambda_3 &= 0 \\ \alpha_2 I_{k1} - \alpha_3 I_{k2} - \mu_4 I_{k2} &= 0. \end{aligned} \tag{3}$$

Al despejar la variable S de la primera Ecuación, se obtiene

$$S = \frac{\lambda_1}{\beta_1 I_A + \beta_2 I_{k1} + \mu_1}. \tag{4}$$

Si despejamos I_{k1}, obtenemos

$$I_{k1} = \frac{(\alpha_3 + \mu_4) I_{k2}}{\alpha_2}. \tag{5}$$

Al reemplazar el valor de I_{k1} y despejar I_{k2} se obtiene

$$I_{k2} = \frac{\alpha_1 \alpha_2 I_A + \alpha_2 \lambda_3}{T_1}, \tag{6}$$

donde $T_1 = \alpha_2 \mu_4 + \mu_3 \alpha_3 + \mu_3 \mu_4 + \gamma_2 \alpha_3 + \gamma_2 \mu_4$.

Luego, I_{k1} es

$$I_{k1} = \frac{(\alpha_1 I_A + \lambda_3)(\alpha_3 + \mu_4)}{T_1}. \tag{7}$$

Con los valores de I_{k1}, I_{k2} y S en términos de I_A, se trabaja en la segunda ecuación del nuevo sistema, a fin de despejar I_A en términos de los parámetros del modelo. Para simplificar los cálculos, se hacen las siguientes sustituciones:

$$T_2 = \alpha_1 + \mu_1 + \gamma_1, \quad T_3 = \alpha_3 + \mu_4, \quad T_4 = \lambda_1 + \lambda_2.$$

Así, se obtiene una ecuación cuadrática de la forma $a \cdot I_A^2 + b \cdot I_A + c = 0$, donde

$$a = T_2[\beta_1 T_1 + \beta_2 \alpha_1 T_3),$$

$$b = T_2[\beta_2 T_3 \lambda_3 + \mu_1 T_1) - T_4[\beta_1 T_1 + \beta_2 T_3 \alpha_1),$$

$$c = -\lambda_2[\beta_2 T_3 \lambda_3 + \mu_1 T_1) - \lambda_1 \lambda_3 \beta_2 T_3$$

Por tanto, la solución para I_A es $I_A = \frac{-b \pm \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$.

Nótese que $a > 0$, $c < 0$, y b puede ser tanto positivo como negativo. En el caso de $b < 0$, ocurre que $-b > 0$ y $\sqrt{b^2 - 4ac} > -b$, por lo que $-b - \sqrt{b^2 - 4ac} < 0$ y $-b + \sqrt{b^2 - 4ac} > 0$. Así las cosas, se toma la solución positiva de $I_A = \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$. Si $b > 0$, entonces $\sqrt{b^2 - 4ac} > b$, de ahí que $-b + \sqrt{b^2 - 4ac} > 0$ y $-b - \sqrt{b^2 - 4ac} < 0$. Por tanto, también se toma la solución positiva de $I_A = \frac{-b + \sqrt{b^2 - 4ac}}{2a}$. Ambos casos demuestran que solo hay un punto de equilibrio.

Respecto a I_A, el valor de la componente A es

$$A = \frac{\gamma_1 I_A + \gamma_2 I_{k1}}{\mu_5}. \tag{8}$$

Al simplificar y aplicar las sustituciones, se obtiene

$$A = \frac{T_1\gamma_1 I_A + \gamma_2 T_3(\alpha_1 I_A + \lambda_3)}{\mu_5 T_1}. \tag{9}$$

Al simplificar los términos en la componente S, se obtiene

$$S = \frac{\lambda_1 T_1}{\beta_1 T_1 I_A + \beta_2 T_3(\alpha_1 I_A + \lambda_3) + \mu_1 T_1}. \tag{10}$$

Nota: Debido a que el modelo considera inmigración, siempre va a existir la enfermedad. Por ende, el punto de equilibrio trivial o libre de la enfermedad no existe, y no se puede calcular el número reproductivo básico de la enfermedad (R_0).

ESTABILIDAD GLOBAL

Considérese el conjunto

$$\Phi = \{(S, I_A, I_{k1}, I_{k2}, A) \in R^5 : S + I_A + I_{k1} + I_{k2} + A \leq \frac{\Lambda}{\upsilon}\},$$

donde $\Lambda = \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3$, $\upsilon = min\{\mu_1, \mu_2, \mu_3, \mu_4, \mu_5\}$, y $(S, I_A, I_{k1}, I_{k2}, A)$ es la solución del Sistema (1). Se puede verificar que este conjunto es positivamente invariante, *i.e.*, cualquier solución que inicia con valores poblacionales no negativos permanece en esta región para todo $t \geq 0$. Matemáticamente, esto implica que, si $X(0) \in \Phi$, entonces $X(t) \in \Phi$ para todo tiempo futuro. Biológicamente, esta propiedad garantiza que el modelo nunca produzca valores negativos para las poblaciones, preservando la coherencia con la dinámica real de la enfermedad.

Teorema 1

El conjunto Φ es positivamente invariante.

Demostración. Sea $N(t) = S + I_A + I_{k1} + I_{k2} + A$. Al derivar $N(t)$ con respecto a t, se obtiene.

$$\dot{N(t)} = \dot{S} + \dot{I_A} + \dot{I_{k1}} + \dot{I_{k2}} + \dot{A}$$

Al sustituir las igualdades del Sistema (1) y realizar las operaciones, se obtiene

$$\dot{N(t)} = -\mu_1 S + \lambda_1 - \mu_2 I_A + \lambda_2 - \mu_3 I_{k1} + \lambda_3 - \mu_4 I_k 2 - \mu_5 A$$

Teniendo en cuenta que $\Lambda = \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3$ y $\upsilon = min\{\mu_1, \mu_2, \mu_3, \mu_4, \mu_5\}$, se obtiene la siguiente desigualdad:

$$\dot{N(t)} \leq \Lambda - \upsilon N(t)$$

Al resolver esta inecuación diferencial para valores de t lo suficientemente grandes, se obtiene

$$N(t) \leq \frac{\Lambda}{\upsilon},$$

con lo cual finaliza la demostración.

Teorema 2. *El punto de equilibrio* $(\mathrm{S}^*, I_A^*, I_{k1}^*, I_{k2}^*, A^*)$ *es globalmente asintóticamente estable*.

Demostración. Sea $\mathbf{L}$ la función definida de la forma

$$L = S - S^* - S^* ln\left(\frac{S}{S^*}\right) + I_A - I_A^* - I_A^* ln\left(\frac{I_A}{I_A^*}\right) + D_1\left(I_{k1} - I_{k1}^* - I_{k1}^* ln\left(\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}\right)\right) + D_2\left(I_{k2} - I_{k2}^* - I_{k2}^* ln\left(\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}\right)\right)$$

Al sustituir las soluciones del Sistema (1), se obtiene

$$\dot{L} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right)\left(-S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \mu_1 S + \lambda_1\right) + \left(1 - \frac{I_A^*}{I_A}\right)\left(S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - (\alpha_1 + \mu_2 + \gamma_1) I_A + \lambda_2\right)$$

$$+D_1\left(1 - \frac{I_{k1}^*}{I_{k1}}\right)\left(\alpha_1 I_A - (\alpha_2 + \mu_3 + \gamma_2) I_{k1} + \alpha_3 I_{k2} + \lambda_3\right) + D_2\left(1 - \frac{I_{k2}^*}{I_{k2}}\right)\left(\alpha_2 I_{k1} - (\alpha_3 + \mu_4) I_{k2}\right).$$

Al emplear las Ecuaciones del sistema homogéneo asociado a (1), se obtiene

$$\lambda_1 = S^* \cdot [\beta_1 \cdot I_A^* + \beta_2 \cdot I_{k1}^*] + \mu_1 S^*,$$

$$\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2 = \frac{S^* \cdot [\beta_1 \cdot I_A^* + \beta_2 \cdot I_{k1}^*] + \lambda_2}{I_A *},$$

$$\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3 = \frac{\alpha_1 I_A^* + \alpha_3 I_{k2}^* + \lambda_3}{I_{k1} *},$$

$$\alpha_3 + \mu_4 = \frac{\alpha_2 I_{k1}^*}{I_{k2}^*}.$$

Al sustituir en la derivada, se obtiene

$$\dot{L} = \left(1 - \frac{S^*}{S}\right)\left(-S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \mu_1 S + S^* \cdot [\beta_1 \cdot I_A^* + \beta_2 \cdot I_{k1}^*] + \mu_1 S^*\right) + \left(1 - \frac{I_A^*}{I_A}\right)\left(S \cdot [\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \frac{S^* \cdot [\beta_1 \cdot I_A^* + \beta_2 \cdot I_{k1}^*] + \lambda_2}{I_A *} I_A + \lambda_2\right)$$

$$+D_1\left(1 - \frac{I_{k1}^*}{I_{k1}}\right)\left(\alpha_1 I_A - \frac{\alpha_1 I_A^* + \alpha_3 I_{k2}^* + \lambda_3}{I_{k1} *} I_{k1} + \alpha_3 I_{k2} + \lambda_3\right)$$

$$+D_2\left(1 - \frac{I_{k2}^*}{I_{k2}}\right)\left(\alpha_2 I_{k1} - \frac{\alpha_2 I_{k1}^*}{I_{k2}^*} I_{k2}\right).$$

Hacer agrupaciones y factorizar resulta en

$$\dot{L} = -\frac{\mu_1(S-S^*)^2}{S} - \frac{\lambda_2(I_A-I_A^*)^2}{I_A I_A^*} - \frac{D_1\lambda_3(I_{k1}-I_{k1}^*)^2}{I_{k1}I_{k1}^*} + S^*I_A^*\beta_1\left(1-\frac{S^*}{S}\right)\left(1-\frac{SI_A}{S^*I_A^*}\right)$$
$$+S^*I_{k1}^*\beta_2\left(1-\frac{S^*}{S}\right)\left(1-\frac{SI_{k1}}{S^*I_{k1}^*}\right) + S^*I_A^*\beta_1\left(1-\frac{I_A^*}{I_A}\right)\left(\frac{SI_A}{S^*I_A^*}-\frac{I_A}{I_A^*}\right)+$$
$$S^*I_{k1}^*\beta_2\left(1-\frac{I_A^*}{I_A}\right)\left(\frac{SI_{k1}}{S^*I_{k1}^*}-\frac{I_A}{I_A^*}\right) + D_1I_A^*\alpha_1\left(1-\frac{I_{k1}^*}{I_{k1}}\right)\left(\frac{I_A}{I_A^*}-\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}\right)$$
$$+D_1I_{k2}^*\alpha_3\left(1-\frac{I_{k1}^*}{I_{k1}}\right)\left(\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}-\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}\right) + D_2I_{k1}^*\alpha_2\left(1-\frac{I_{k2}^*}{I_{k2}}\right)\left(\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}\right).$$

Al operar y distribuir, se obtiene

$$\dot{L} = -\frac{\mu_1(S-S^*)^2}{S} - \frac{\lambda_2(I_A-I_A^*)^2}{I_A I_A^*} - \frac{D_1\lambda_3(I_{k1}-I_{k1}^*)^2}{I_{k1}I_{k1}^*} + S^*I_A^*\beta_1\left(2-\frac{S^*}{S}-\frac{S}{S^*}\right)$$
$$+S^*I_{k1}^*\beta_2\left(2-\frac{S^*}{S}-\frac{I_A}{I_A^*}-\frac{SI_{k1}I_A^*}{S^*I_{k1}^*I_A}+\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}\right) + D_1I_A^*\alpha_1\left(1-\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}+\frac{I_A}{I_A^*}\right)$$
$$+D_1I_{k2}^*\alpha_3\left(\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}-\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k1}^*I_{k2}}{I_{k1}I_{k2}^*}+1\right) + D_2I_{k1}^*\alpha_2\left(\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}-\frac{I_{k2}^*I_{k1}}{I_{k2}I_{k1}^*}+1\right).$$

El término $+S^*I_{k1}^*\beta_2\left(2-\frac{S^*}{S}-\frac{I_A}{I_A^*}-\frac{SI_{k1}I_A^*}{S^*I_{k1}^*I_A}+\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}\right)$ se transforma en

$$+S^*I_{k1}^*\beta_2\left(3-\frac{S^*}{S}-\frac{SI_{k1}I_A^*}{S^*I_{k1}^*I_A}-\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}\right) + S^*I_{k1}^*\beta_2\left(-1-\frac{I_A}{I_A^*}+\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}+\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}\right)$$

Al reemplazar esta igualdad y los valores de D_1 y D_2, la derivada se transforma en

$$\dot{L} = -\frac{\mu_1(S-S^*)^2}{S} - \frac{\lambda_2(I_A-I_A^*)^2}{I_A I_A^*} - \frac{S^*\beta_2\lambda_3\ I_{k1}-I_{k1}^*)^2}{\alpha_1 I_A^*I_{k1}} + S^*I_A^*\beta_1\left(2-\frac{S^*}{S}-\frac{S}{S^*}\right)$$
$$+S^*I_{k1}^*\beta_2\left(3-\frac{S^*}{S}-\frac{SI_{k1}I_A^*}{S^*I_{k1}^*I_A}-\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}\right) + S^*I_{k1}^*\beta_2\left(-1-\frac{I_A}{I_A^*}+\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}+\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}\right)$$
$$+S^*I_k1^*\beta_2\left(1-\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}+\frac{I_A}{I_A^*}\right) + \frac{I_{k2}^*\alpha_3S^*I_{k1}^*\beta_2}{\alpha_1I_A^*}\left(\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}-\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k1}^*I_{k2}}{I_{k1}I_{k2}^*}+1\right)+$$
$$\frac{I_{k2}^*\alpha_3S^*I_{k1}^*\beta_2}{\alpha_1I_A^*}\left(\frac{I_{k1}}{I_{k1}^*}-\frac{I_{k2}}{I_{k2}^*}-\frac{I_{k2}^*I_{k1}}{I_{k2}I_{k1}^*}+1\right).$$

Al operar los términos semejantes, se obtiene

$$\dot{L} = -\frac{\mu_1(S-S^*)^2}{S} - \frac{\lambda_2(I_A-I_A^*)^2}{I_A I_A^*} - \frac{S^*\beta_2\lambda_3(I_{k1}-I_{k1}^*)^2}{\alpha_1 I_A^*I_{k1}} + S^*I_A^*\beta_1\left(2-\frac{S^*}{S}-\frac{S}{S^*}\right)$$
$$+S^*I_{k1}^*\beta_2\left(3-\frac{S^*}{S}-\frac{SI_{k1}I_A^*}{S^*I_{k1}^*I_A}-\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}\right) + \frac{I_{k2}^*\alpha_3S^*I_{k1}^*\beta_2}{\alpha_1I_A^*}\left(2-\frac{I_{k1}^*I_{k2}}{I_{k1}I_{k2}^*}-\frac{I_{k1}I_{k2}^*}{I_{k1}^*I_{k2}}\right).$$

Así, $\dot{L}$ es negativa, puesto que $\left(2-\frac{S^*}{S}-\frac{S}{S^*}\right)\leq 0$, $\left(3-\frac{S^*}{S}-\frac{SI_{k1}I_A^*}{S^*I_{k1}^*I_A}-\frac{I_{k1}^*I_A}{I_{k1}I_A^*}\right)\leq 0$ y $\left(2-\frac{I_{k1}^*I_{k2}}{I_{k1}I_{k2}^*}-\frac{I_{k1}I_{k2}^*}{I_{k1}^*I_{k2}}\right)\leq 0$. Además, $\dot{L}=0$ si y solo si $(\mathrm{S},\mathrm{I}_A,I_{k1},I_{k2})=(S^*,I_A^*,I_{k1}^*,I_{k2}^*,A^*)$. Por lo tanto, el punto de equilibrio $(\mathrm{S}^*,I_A^*,I_{k1}^*,I_{k2}^*,A^*)$ es globalmente asintóticamente estable.

MODELO MATEMÁTICO SIN INMIGRACIÓN Y TRANSMISIÓN VERTICAL

Cuando $\lambda_2=\lambda_3=0$, el modelo matemático se transforma de la siguiente manera:

$$\begin{aligned}\dot{S}&=-S\cdot[\beta_1\cdot I_A+\beta_2\cdot I_{k1}]-\mu_1S+\lambda_1\\ \dot{I_A}&=S\cdot[\beta_1\cdot I_A+\beta_2\cdot I_{k1}]-\alpha_1I_A-\mu_2I_A-\gamma_1I_A\\ \dot{I_{k1}}&=\alpha_1I_A-\alpha_2I_{k1}+\alpha_3I_{k2}-\mu_3I_{k1}-\gamma_2I_{k1}\\ \dot{I_{k2}}&=\alpha_2I_{k1}-\alpha_3I_{k2}-\mu_4I_{k2}\\ \dot{A}&=\gamma_1I_A+\gamma_2I_{k1}-\mu_5A\end{aligned}\tag{11}$$

Este modelo cuenta con dos puntos de equilibrio. El punto de equilibrio libre de la enfermedad es $E_0=\left(\frac{\lambda_1}{\mu_1},0,0,0,0\right)$, y el punto de equilibrio endémico E_1 es

$$I_A=\frac{\lambda_1(\beta_1T_1+\beta_2T_3\alpha_1)-T_2T_1\mu_1}{T_2(\beta_1T_1+\beta_2T_3\alpha_1)},\tag{12}$$

$$S=\frac{\lambda_1T_1}{\beta_1T_1I_A+\beta_2T_3\alpha_1I_A+\mu_1T_1},\tag{13}$$

$$I_{k2}=\frac{\alpha_1\alpha_2I_A}{T_1},\tag{14}$$

$$I_{k1}=\frac{\alpha_1I_A(\alpha_3+\mu_4)}{T_1},\tag{15}$$

$$A=\frac{T_1\gamma_1I_A+\gamma_2T_3\alpha_1I_A}{\mu_5T_1},\tag{16}$$

donde $\mathrm{T_2T_1\mu_1}<\lambda_1(\beta_1\mathrm{T_1}+\beta_2\mathrm{T_3}\alpha_1)$.

Numero reproductivo básico (R_0)

Con el punto de equilibrio $E_0=\left(\frac{\lambda_1}{\mu_1},0,0,0,0\right)$, se puede obtener un cálculo estimado del número reproductivo básico de la enfermedad (R_0). Para ello, se utiliza el método del radio espectral de la matriz de la siguiente generación. Dicho cálculo considera lo siguiente:

1. $F(x)$ es un campo vectorial donde están definidos los términos que producen nuevas infecciones.
2. $V(x)$ es un campo vectorial que contiene los términos que no generan nuevas infecciones.

Considerando el Sistema de Ecuaciones (2), se tienen las siguientes matrices:

$$F(x) = \begin{pmatrix} S(\beta_1 I_A + \beta_2 I_{k1}) \\ 0 \\ 0 \end{pmatrix} \quad V(x) = \begin{pmatrix} (\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2) I_A \\ (\alpha_2 + \mu_3 + \gamma_2) I_{k1} - \alpha_1 I_A - \alpha_3 I_{k2} \\ (\mu_4 + \alpha_3) I_{k2} - \alpha_2 I_{k1} \end{pmatrix}$$

El equilibrio libre del Modelo (2) es $E_0 = \left(\frac{\lambda_1}{\mu_1}, 0,0,0,0\right)$. Por lo tanto,

$$F = \frac{\partial}{\partial x} F(x) \Big|_{x=E_0} = \begin{pmatrix} \beta_1 S & \beta_2 S & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix} \Big|_{S=\frac{\lambda_1}{\mu_1}} = \begin{pmatrix} \beta_1 \frac{\lambda_1}{\mu_1} & \beta_2 \frac{\lambda_1}{\mu_1} & 0 \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

$$V = \frac{\partial}{\partial I} V(x) \Big|_{x=E_0} = \begin{pmatrix} \alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2 & 0 & 0 \\ -\alpha_1 & \alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3 & -\alpha_3 \\ 0 & -\alpha_2 & \alpha_3 + \mu_4 \end{pmatrix}$$

Se calcula la matriz inversa de V:

$$V^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{1}{(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)} & 0 & 0 \\ \frac{\alpha_1(\alpha_3 + \mu_4)}{(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)[(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3]} & \frac{\alpha_3 + \mu_4}{(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3} & \frac{\alpha_3}{(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3} \\ \frac{\alpha_1\alpha_2}{(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)[(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3]} & \frac{\alpha_2}{(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3} & \frac{\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3}{(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3} \end{pmatrix}$$

Se calcula el producto FV^{-1}:

$$FV^{-1} = \begin{pmatrix} \frac{\beta_1\lambda_1}{\mu_1(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)} + \frac{\beta_2\lambda_1\alpha_1(\alpha_3 + \mu_4)}{\mu_1(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)[(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3]} & \frac{\beta_2\lambda_1(\alpha_3 + \mu_4)}{\mu_1[(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3]} & \frac{\beta_2\lambda_1\alpha_3}{\mu_1[(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3]} \\ 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 \end{pmatrix}$$

Como $\theta I - FV^{-1}$ es una matriz triangular superior, sus valores propios son

$$\theta_1 = \frac{\beta_1\lambda_1}{\mu_1(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)} + \frac{\beta_2\lambda_1\alpha_1(\alpha_3 + \mu_4)}{\mu_1(\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)[(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3)} \quad , \quad \theta_2 = 0 \quad , \quad \theta_3 = 0.$$

Así,

$$R_0 = max\{\theta_1, \theta_2, \theta_3\} = \theta_1 = \frac{\beta_1\lambda_1}{\mu_1(\alpha_1+\gamma_1+\mu_2)} + \frac{\beta_2\lambda_1\alpha_1(\alpha_3+\mu_4)}{\mu_1(\alpha_1+\gamma_1+\mu_2)[(\alpha_2+\gamma_2+\mu_3)(\alpha_3+\mu_4)-\alpha_2\alpha_3)}$$

Estabilidad de los puntos de equilibrio

Teorema 3. *Los puntos de equilibrio E_0 y E_1 del modelo del Modelo sin Inmigración y Transmisión Vertical (2) satisfacen lo siguiente:*

a. *El punto de equilibrio trivial es* $E_0 = (S_0, 0, 0, 0, 0)$*, donde* $S_0 = \frac{\lambda_1}{\mu_1}$ *es globalmente asintóticamente estable si* $R_0 \leq 1$.
b. *El punto endémico* E_1 *es globalmente asintóticamente estable si* $R_0 > 1$.

Demostración. Iniciamos probando el ítem a. Sea L la función de Lyapunov definida por la siguiente expresión:

$$L = a\left(S - S_0 ln\left(\frac{S}{S_0}\right)\right) + aI_A + bI_{k_1} + cI_{k_2},$$

donde $a = \frac{\beta_1}{\beta_2 P_1} + \frac{\alpha_1(\alpha_3+\mu_4)}{P_1 P_2} = \frac{R_0}{\beta_2 S_0}$, $b = \frac{(\alpha_3+\mu_4)}{P_2}$, $c = \frac{\alpha_3}{P_2}$, $P_1 = (\alpha_1 + \gamma_1 + \mu_2)$ y $P_2 = [(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)(\alpha_3 + \mu_4) - \alpha_2\alpha_3)$. Al derivar la función L, obtenemos

$$\dot{L} = a\left(1 - \frac{S_0}{S}\right)\dot{S} + a\dot{I}_A + b\dot{I}_{k_1} + c\dot{I}_{k_2}$$

Puesto que $\lambda_1 = \mu_1 S_0$, tenemos que

$$\dot{L} = a\left(1 - \frac{S_0}{S}\right)(\mu_1 S_0 - \mu_1 S) + aS_0[\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}) - a(\alpha_1 + \mu_2 + \gamma_1)I_A$$
$$+b(\alpha_1 I_A + \alpha_3 I_{k2}) - b(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)I_{k1} + c\alpha_2 I_{k1} - c(\alpha_3 + \mu_4)I_{k2}$$

Recordando el valor de P_1, tenemos que

$$\dot{L} = -\mu_1 Sa\left(1 - \frac{S_0}{S}\right)^2 + aS_0[\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}) - aP_1 I_A$$
$$+b\alpha_1 I_A + b\alpha_3 I_{k_2} - b(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3)I_{k1} + c\alpha_2 I_{k1} - c(\alpha_3 + \mu_4)I_{k2}$$

Ahora, tomando en cuenta los valores de a, b y c, tenemos

$$\dot{L} = -\mu_1 Sa\left(1 - \frac{S_0}{S}\right)^2 + aS_0[\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \left(\frac{\beta_1}{\beta_2} + \frac{\alpha_1(\alpha_3 + \mu_4)}{P_2}\right) I_A$$
$$+ \frac{(\alpha_3 + \mu_4)}{P_2}\alpha_1 I_A + \frac{(\alpha_3 + \mu_4)}{P_2}\alpha_3 I_{k_2} - \frac{(\alpha_3 + \mu_4)}{P_2}(\alpha_2 + \gamma_2 + \mu_3) I_{k1}$$
$$+ \frac{\alpha_3}{P_2}\alpha_2 I_{k1} - \frac{\alpha_3}{P_2}(\alpha_3 + \mu_4) I_{k2}$$

Cancelando algunos términos semejantes, llegamos a

$$= -\mu_1 Sa\left(1-\frac{S_0}{S}\right)^2 + aS_0[\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \frac{\beta_1}{\beta_2} I_A - \frac{(\alpha_3+\mu_4)(\alpha_2+\gamma_2+\mu_3)-\alpha_2\alpha_3}{P_2} I_{k1}$$

Ahora, teniendo en cuenta el valor de P_2, tenemos que

$$= -\mu_1 Sa\left(1-\frac{S_0}{S}\right)^2 + aS_0[\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \frac{\beta_1}{\beta_2} I_A - I_{k1}$$

$$= -\mu_1 Sa\left(1-\frac{S_0}{S}\right)^2 + aS_0[\beta_1 \cdot I_A + \beta_2 \cdot I_{k1}] - \frac{\beta_1 I_A + \beta_2 I_{k1}}{\beta_2}$$

$$= -\mu_1 Sa\left(1-\frac{S_0}{S}\right)^2 + \frac{\beta_1 I_A + \beta_2 I_{k1}}{\beta_2}(\beta_2 aS_0 - 1)$$

$$= -\mu_1 Sa\left(1-\frac{S_0}{S}\right)^2 + \frac{\beta_1 I_A + \beta_2 I_{k1}}{\beta_2}(R_0 - 1)$$

Luego, $\dot{L} \leq 0$ si y solo si $R_0 \leq 1$. Además, $\dot{L} = 0$ implica que $S = S_0$, $I_A = 0$, $I_{k_1} = 0$ y I_{k_2} es libre. Se puede verificar que el único conjunto invariante bajo estas condiciones es $\{E_0\}$. Así, por el principio de invarianza de LaSalle, E_0 es globalmente y asintóticamente estable.

Para probar el ítem b, basta con usar la misma función de Lyapunov usada en el Teorema 2 y hacer que $\lambda_2 = \lambda_3 = 0$. Por ello, dicha prueba no se incluye en el presente documento.

RESULTADOS NUMÉRICOS

Para las simulaciones numéricas, se compararon los modelos con y sin inmigración y trasmisión vertical. El tiempo se midió en semanas, y los datos usados correspondieron a fuentes bibliográficas sobre el VIH/SIDA en Colombia, tal como se presenta en las Tablas 3 y 4. En todos los casos se consideró la misma población inicial: 455 678 susceptibles, 10 infectados asintomáticos, 20 infectados no indetectables, 80 infectados indetectables y 100 infectados con SIDA.

Las principales tasas que se variaron fueron α_1 y α_3, produciendo valores de R_0 mayores o menores que 1, con el fin de estudiar el efecto de la inmigración y la trasmisión vertical en la diseminación de la enfermedad.

Valores de las columnas A y B

La Figura 2 presenta los resultados para el modelo sin inmigración y transmisión vertical. El valor de R_0 para este caso es de 1.612532, lo que implica que la enfermedad está creciendo.

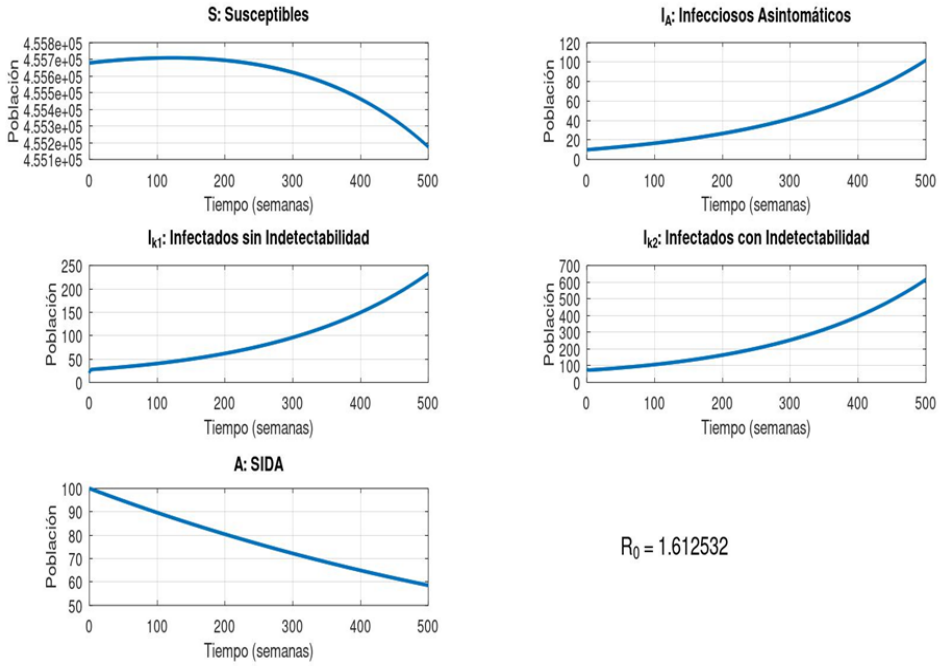


Figura 2. Simulaciones para el modelo sin inmigración con R_0 mayor que 1

Posterior a ello, se simuló el modelo con inmigración y transmisión vertical, con tasas λ_2 y λ_3 bajas, obteniendo la dinámica que se muestra en la Figura 3.

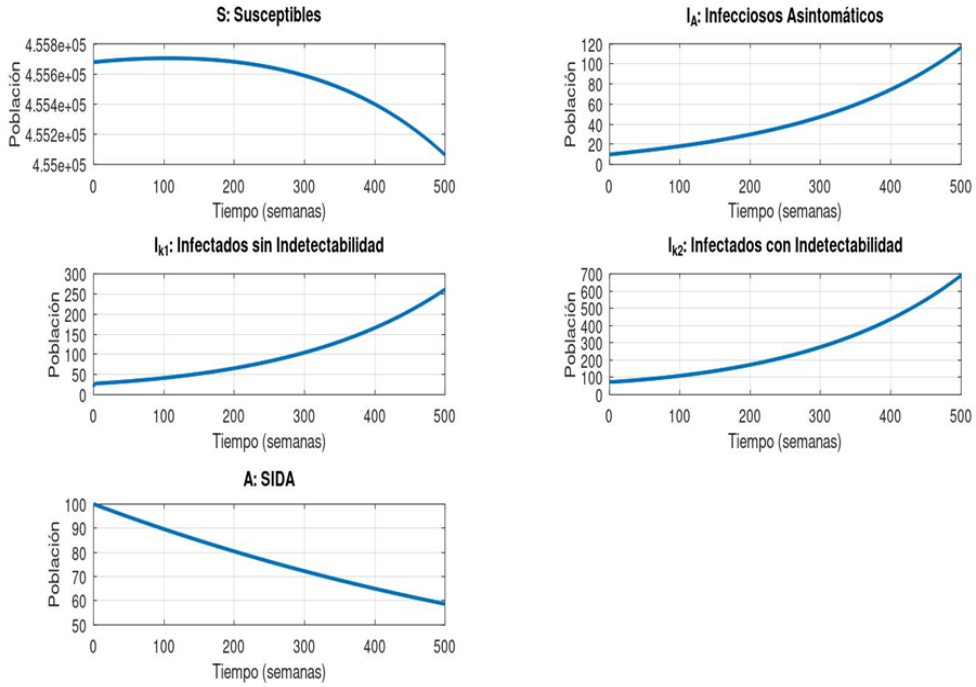


Figura 3. Modelo con inmigración

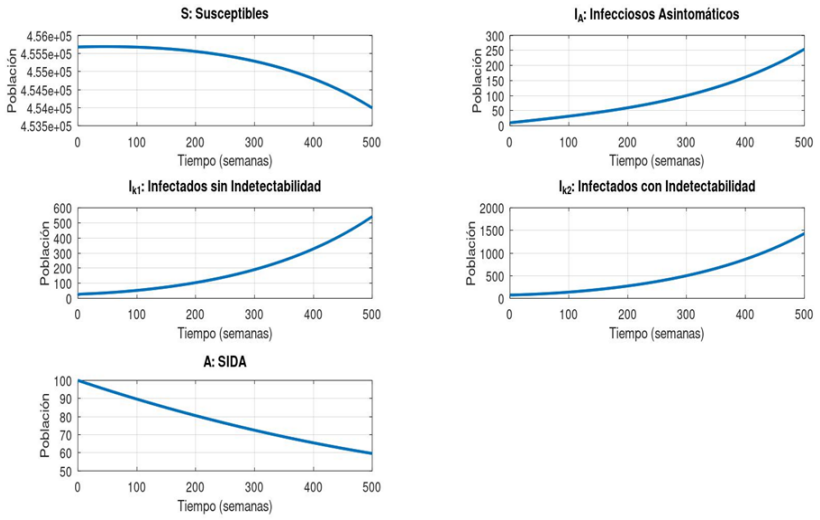


Figura 4. Inmigración más alta

Nótese que el aumento en el número de infectados es más alto al final del tiempo estudiado. Lo anterior sugiere que controlar la inmigración o atender a los pacientes inmigrantes es crucial para que no se propague la enfermedad. En este caso, el diagnóstico oportuno y el acceso a la TAR para inmigrantes son vitales.

Valores de las columnas C y D

Esta sección estudia el efecto de la inmigración y la transmisión vertical con un valor de R_0 cercano a 1—específicamente 0.93. Para lograr que $R_0 < 1$, se aumentó la tasa de diagnóstico y se disminuyó la tasa de perdida de la indetectabilidad. La Figura 5 presenta los resultados las simulaciones sin el efecto de la inmigración y la transmisión vertical.

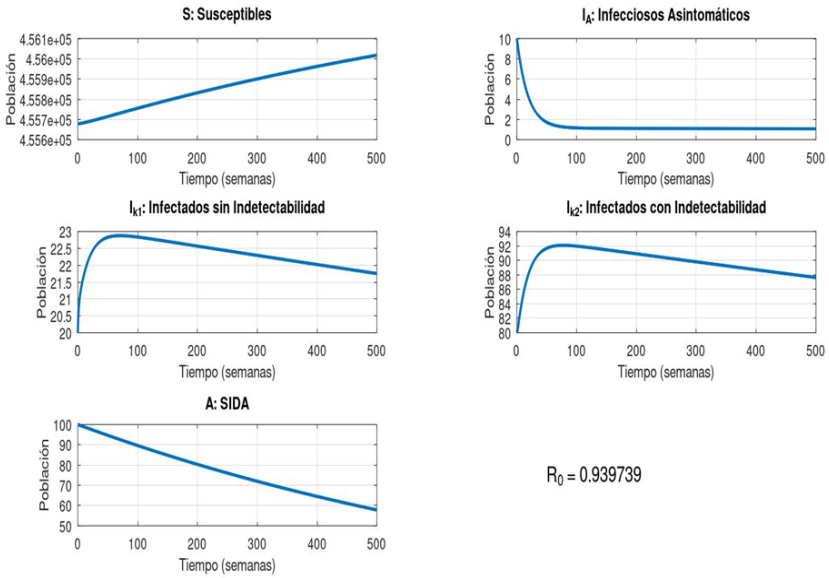


Figura 5. Modelo sin inmigración con R_0 menor que 1

Nótese que la enfermedad decrece con el tiempo en todas las poblaciones de infectados. En este caso, se puede apreciar la importancia del diagnóstico para el control de la enfermedad, así como la importancia de la prevalencia en la TAR.

Acto seguido, se analizó el efecto de tasas bajas y altas de inmigración para λ_2 y λ_3 (Figura 7).

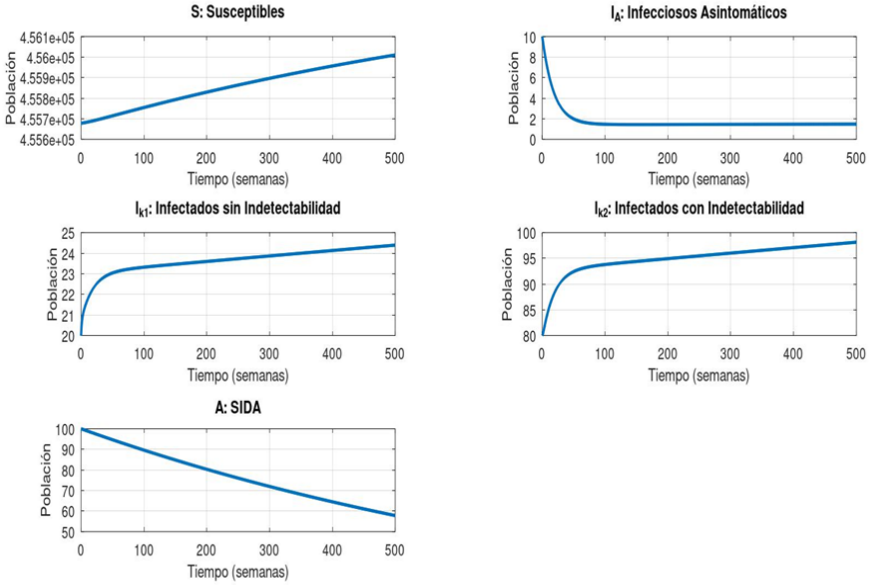


Figura 6. Inmigración baja

Nótese que, en este caso, las poblaciones de infectados no indetectables e indetectables empiezan a crecer. Sin embargo, la cantidad de infectados no diagnosticados se mantiene constante. Esto se debe al valor de la tasa de diagnóstico (α_1).

A continuación, en la Figura 7 se presenta el resultado de aumentar la inmigración:

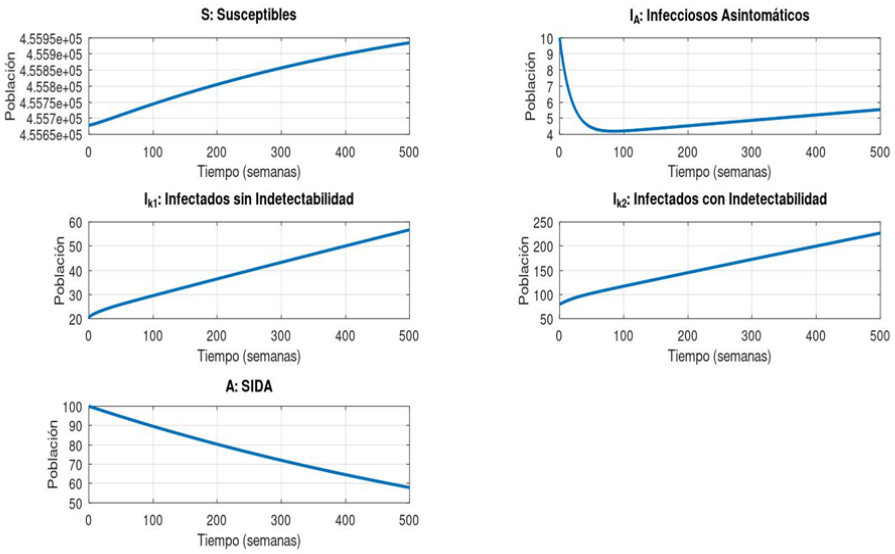


Figura 7. Inmigración más alta

Nótese que, cuando la inmigración es alta, con el tiempo empieza a crecer también la población de infectados no diagnosticados. Además, las otras poblaciones de infectados crecen a un mayor ritmo. Esto refuerza la importancia del diagnóstico y el acceso a la TAR para todos los infectados al controlar la expansión de la enfermedad.

Valores de las columnas E y F

En este caso, se tomó un valor de R_0 ligeramente mayor que 1 ($R_0 = 1.038477$), haciendo que la enfermedad prevalezca en el tiempo. Para el modelo sin inmigración, se obtuvieron las dinámicas que se presentan en la Figura 8.

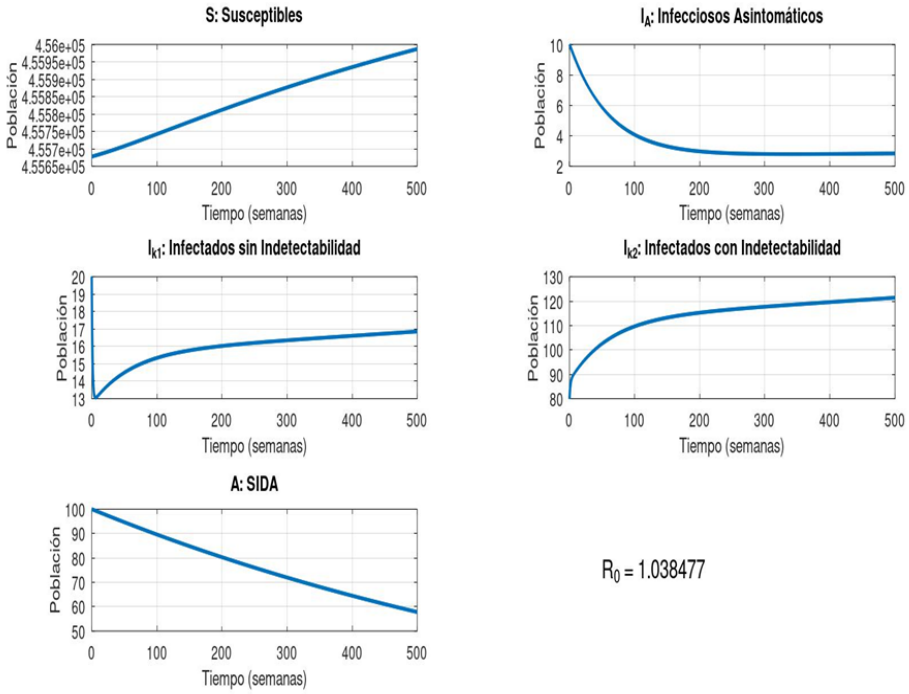


Figura 8. Modelo sin inmigración con R_0 mayor que 1

El número de infectados no diagnosticados se mantiene constante en el tiempo, mientras que las poblaciones de infectados empiezan a crecer. Adicionalmente, se observa un decrecimiento inicial en los infectados no indetectables, que luego empiezan a aumentar.

Al considerar tasas altas de inmigración y transmisión vertical, se mantiene un comportamiento similar. Sin embargo, se puede apreciar que, después de un tiempo, la población de infectados no diagnosticados empieza a crecer (Figura 9).

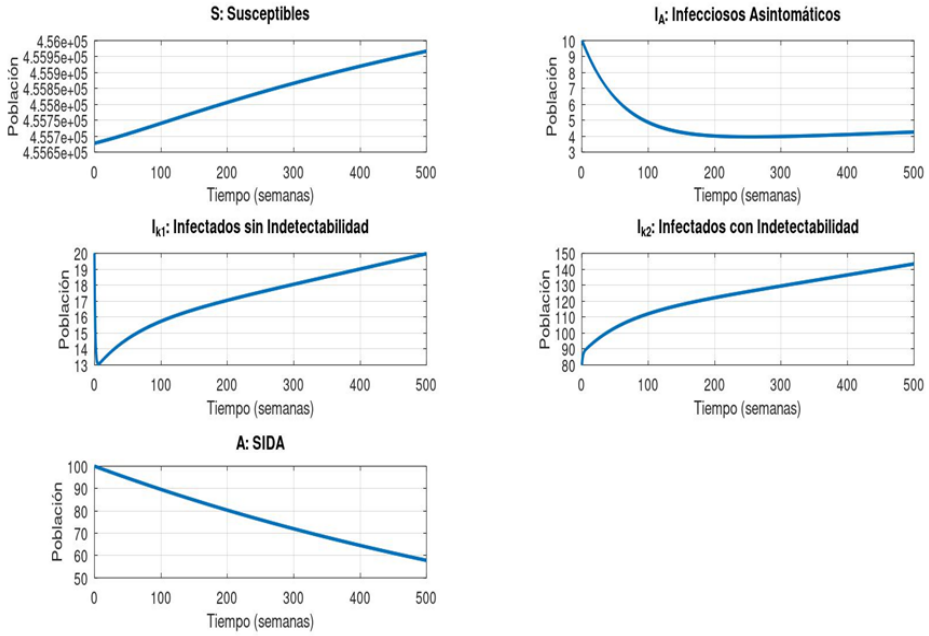


Figura 9. Inmigración baja

Al aumentar la inmigración, todas las poblaciones de infectados empiezan a crecer, y la población de susceptibles disminuye luego de un tiempo. En este caso, se puede apreciar cómo la inmigración puede afectar el comportamiento de la epidemia (Figura 10).

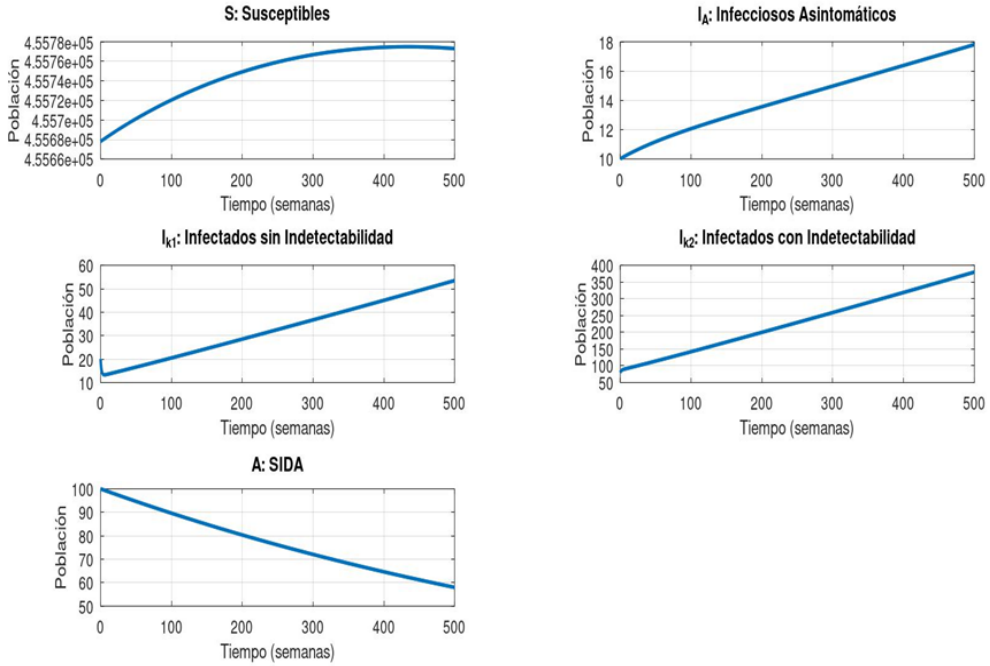


Figura 10. Inmigración alta

En este caso, el hecho de que existan altas tasas de infección e inmigración contribuye a que el crecimiento de la población de infectados sea mayor. Si bien es cierto que muchos de ellos se vuelven indetectables en algunas simulaciones, esto no opaca el hecho de que la población de infectados sigue creciendo.

Valores de las columnas G y H

Para estas simulaciones, se consideró un valor de R_0 bajo—específicamente $R_0 = 0.559399$—, caracterizado por una alta tasa de diagnóstico y una tasa baja de perdida de la indetectabilidad. Los resultados muestran que, para el modelo sin inmigración, todas las poblaciones de infectados tienden a desparecer con el tiempo. Esto, debido a la tasa de diagnóstico alta y el control oportuno de la enfermedad (Figura 11).

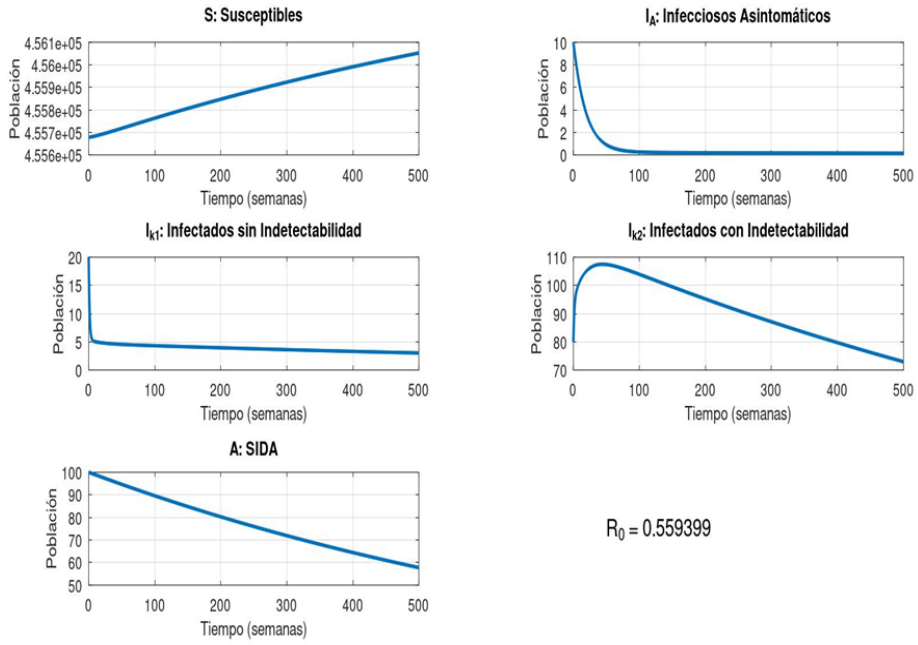


Figura 11. Modelo sin inmigración

Cuando se agrega inmigración, se puede apreciar que los infectados no diagnosticados prevalecen más en el tiempo. No obstante, los cambios no son significativos (Figura 12).

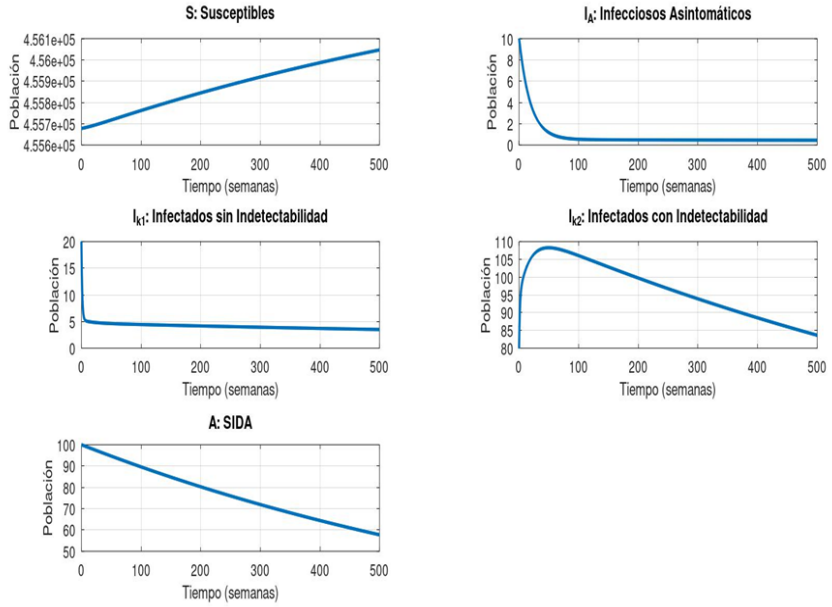


Figura 12. Inmigración baja columnas G y H

Para una tasa de inmigración más alta, podemos observar que las poblaciones de infectados con y sin indetectabilidad empiezan a crecer rápidamente, recalcando nuevamente el efecto de la inmigración en la prevalencia de la enfermedad (Figura 13).

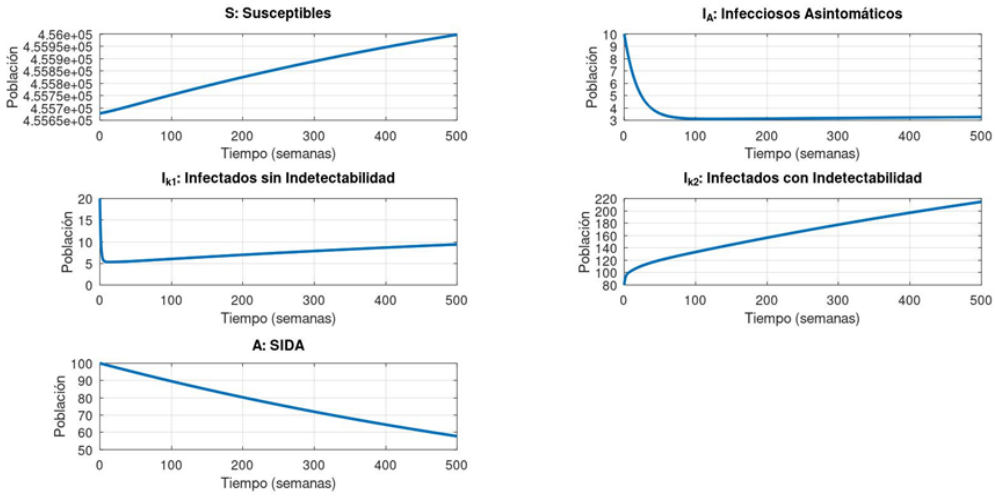


Figura 13. Inmigración alta columnas G y H

Nuevamente, se puede apreciar la importancia del diagnóstico y la prevalencia en la TAR en contextos de inmigración: a pesar de que crecen las poblaciones de individuos infectados, estos son diagnosticados rápidamente, y su tratamiento contribuye a que la enfermedad se expanda menos.

DISCUSIÓN

En este estudio se desarrolló un modelo matemático para estudiar la dinámica poblacional del VIH/SIDA, considerando inmigración, transmisión vertical, diagnóstico y TAR. En Ortega *et al.* (2023) se plantea un modelo matemático con tasas de inmigración y profilaxis previa a la exposición (PrEP), *i.e.*, la estrategia de tomar medicamentos para no adquirir la enfermedad. Nuestro modelo se basa en el modelo propuesto en este artículo, si bien no se considera la PrEP. En el modelo de Ortega *et al.* (2023), el análisis se centra en varios escenarios epidemiológicos y en la estimación de parámetros (las tasas de infección y la tasa de diagnóstico). Nuestro trabajo buscó determinar la manera en que las tasas de transmisión vertical y la inmigración afectan la dinámica del modelo.

Primero, se analizó el modelo con estas tasas. La característica principal de nuestra propuesta es que solo tiene un punto de equilibrio: el de coexistencia. Este punto es globalmente asintóticamente estable, lo que implica que, bajo las condiciones estudiadas, la enfermedad persistirá en la población. Sin embargo, con una alta tasa de diagnóstico, una alta adherencia a la TAR y bajas tasas de inmigración y transmisión vertical, es posible mantener la propagación bajo cierto umbral, donde los nuevos infectados no crezcan demasiado. En el Modelo (2), donde no se considera inmigración ni transmisión vertical, obtuvimos dos puntos de equilibrio: el de coexistencia y el de eliminación de la enfermedad. Los dos puntos de equilibrio son globalmente asintóticamente estables si el número reproductivo básico (R_0) es mayor o menor o igual que 1. Esto quiere decir que, en este modelo, es posible eliminar la enfermedad ($R_0 \leq 1$).

La PrEP es una estrategia poco usada en Colombia, país en el cual se basó nuestro modelo, (CAC, 2025). Sin embargo, su implementación previene nuevas infecciones y permite que no se disperse la enfermedad. Esta característica puede ser estudiada en futuros trabajos, así como su impacto en la estabilidad local o global.

CONCLUSIONES

Nuestros resultados sugieren que la inclusión de factores como la inmigración y la trasmisión vertical en el modelo contribuye al aumento de la población infectada. Sin embargo, si la tasa de diagnóstico es alta, el crecimiento de los casos se mantiene controlado. En cambio, con una baja tasa de diagnóstico, la expansión de la enfermedad puede volverse exponencial y difícil de manejar.

La modelación matemática y las simulaciones numéricas confirman que la adherencia a la TAR reduce significativamente la propagación del VIH al disminuir la carga viral hasta niveles indetectables, lo que se traduce en intransmisibilidad y en una mayor expectativa de vida para las personas diagnosticadas.

Se evidencia que un diagnóstico temprano del VIH, junto con el inicio oportuno de la TAR, es crucial para controlar la transmisión de la enfermedad. Un retraso en el diagnóstico conlleva un aumento en la cantidad de individuos asintomáticos, con SIDA y sin indetectabilidad, lo que incrementa el riesgo de propagación del virus.

Este estudio resalta la importancia de políticas de salud pública que prioricen el diagnóstico del VIH, el acceso rápido y oportuno a la TAR y una buena adherencia al tratamiento. Además, es importante que la población inmigrante acceda a dichas políticas, pues puede influir notablemente en el crecimiento de la enfermedad.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad de Nariño por el apoyo económico recibido mediante el proyecto de investigación con código 2210/2022.

REFERENCIAS

Boily, M. C., Baggaley, R. F., Wang, L., Masse, B., White, R. G., & Hayes, R. J. (2009). Heterosexual risk of HIV-1 infection per sexual act: Systematic review and meta-analysis. *The Lancet Infectious Diseases*, 9(2), 118-129. https://doi.org/10.1016/S1473-3099(09)70021-0

Centros para el Control y Prevención de Enfermedades (2025). *Información básica sobre el VIH*. https://www.cdc.gov/hiv/spanish/basics/whatishiv.html

Fondo Colombiano de Enfermedades de Alto Costo, Cuenta de Alto Costo (CAC). (2020). *Situación del VIH en Colombia 2019*. CAC.

Fondo Colombiano de Enfermedades de Alto Costo, Cuenta de Alto Costo (CAC). (2025). *Situación del VIH en Colombia 2020*. CAC.

HIV.gov. (2025). *Viral suppression. An undetectable viral load*. https://www.hiv.gov/hiv-basics/staying-in-hiv-care/hiv-treatment/viral-suppression

Martcheva, M. (2015). *An Introduction to mathematical epidemiology*. Springer.

Nakagawa, F., May, M., & Phillips, A. (2013). Life expectancy living with HIV: Recent estimates and future implications. *Current Opinion in Infectious Diseases, 26*(1), 17-25. https://doi.org/10.1097/QCO.0b013e32835ba6b1

Organización Mundial de la Salud (2023). *VIH, SIDA*. https://www.who.int/es/news-room/fact-sheets/detail/hiv-aids

Ortega, J. A., Cerón, M. O., & Mondragón, E. I. (2023). Un modelo matemático para la dinámica del VIH/SIDA considerando asintomáticos. *Ciencia en Desarrollo, 14*(2), 81-89. https://doi.org/10.19053/01217488.v14.n2.2023.14424

PCDT (2018). Protocolo clínico e diretrizes terapêuticas para manejo da infecçõa pelo HIV em adultos. [Clinical Protocol and Therapeutic Guidelines for Management of HIV Infection in Adults], Ministério de Saúde do Brasil. https://www.gov.br/aids/pt-br/central-de-conteudo/pcdts/2013/hivaids/pcdt_manejo_adulto_12_2018_web.pdf/view

Tuladhar, A. (2018). *Mathematical model for HIV epidemic in far western nepal due to seasonal male labor migration to India* [Tesis de doctorado, Kathmandu University].

UNAIDS (2024). *Global HIV & AIDS statistics — 2024 fact sheet*. Centers for Disease Control and Prevention. https://www.unaids.org/en/resources/fact-sheet