

Actividad 2: Modelo SIR

Arif Morán Velázquez/A01234442

Franco Mendoza Muraira/A01383399

Luis Fernando Sandoval Silva/A01742322

Lunes 21 de Noviembre del 2022

El modelo SIR

Consideremos un modelo para describir la dinámica de un grupo de individuos de una población con exposición a una enfermedad que puede contagiarse entre los miembros de la población. Esto puede modelarse como un sistema dinámico denominado *SIR* para una población de N individuos en la que se considera la interacción entre un conjunto de S individuos *susceptibles* de contraer la enfermedad, un conjunto I de individuos *infectados* y uno conjunto R de individuos *recuperados* de la enfermedad.

Este modelo tiene los siguientes supuestos:

- la probabilidades de infectarse son iguales para todos los individuos de la población;
- la población es homogénea, es decir que los riesgos de infectarse son iguales para todos los susceptibles y que los tiempos para recuperarse son iguales para todos los infectados; y
- el tamaño N de la población es constante.

El modelo maneja los diferentes conjuntos S , I y R como si fueran compartimentos bien separados y considera que los individuos pueden pasar de uno a otro en el caso de que se enfermen (cambio $S \rightarrow I$) o que una vez enfermos se recuperen (cambio $I \rightarrow R$). Además, se asume que un individuo no puede pasar del conjunto de susceptibles directamente al conjunto de recuperados.

Con estos supuestos y consideraciones, las ecuaciones diferenciales del modelo SIR son:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

donde:

$$N = S + R + I$$

- la cantidad $\beta \frac{I}{N}$ representa la razón con que las personas salen del compartimento S (se infectan);
- en la primera ecuación dS representa el cambio debido a las personas que salen del compartimento S (el signo negativo se debe a que las personas salen)
- en la segunda ecuación dI representa el cambio debido a las personas que salen del compartimento I (una parte se debe a las personas que del compartimento S pasan al compartimento I, y otra parte se debe a las personas que salen del compartimento I porque se recuperan);
- la cantidad γ representa la razón con que las personas se recuperan.

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

mb=function(beta,gamma,t,v){
  initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                             #
                             I = 1,      # Se inicia con una persona
                             # infectada
                             R = 0)       #

  #razones en unidades de días^-1
  parameters <- c(beta,gamma) # razón de recuperación

  #valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 60 días
  times <- seq(from = 0, to = t, by = 0.01)

  sir_model <- function(time, state, parameters) {
    with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá Los nombres de
      variables a
      # partir de inputs de estados y
      parametros
      N <- S+I+R
      lambda <- beta * I/N
      dS <- -lambda * S-v*S
      dI <- lambda * S - gamma * I
      dR <- gamma * I+v*S
      return(list(c(dS, dI, dR)))
    })
  }

  # poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
```

```

output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

return(output)
}

```

Segundo Modelo

```

# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

hh=function(beta,gamma,b,mu,t,v){
  initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                           #
                           I = 1,      # Se inicia con una persona
infectada
                           R = 0)      #

#razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta,gamma,b,mu,v) # razón de recuperación

#valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 60 días
times <- seq(from = 0, to = t, by = 0.001)

sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de
variables a
                                     # partir de inputs de estados y
parametros
    N <- S+I+R
    lambda <- beta * I/N
    dS <- -lambda * S+b*N-mu*S-v*S
    dI <- lambda * S - gamma * I-mu*I
    dR <- gamma * I-mu*R+v*S
    return(list(c(dS, dI, dR)))
  })
}

# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

return(output)
}

```

Con el modelo SIR se define la constante

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

que representa el número de personas que cada contagiado infecta. Para que la enfermedad analizada logre dispararse en forma de una epidemia debe cumplirse que $R_0 > 1$.

También se define

$$R_{eff} = R_0 \frac{S}{N}$$

que corresponde al número promedio de personas que cada contagiado infecta. Este segundo valor R_{eff} toma en cuenta de que durante la evolución de la pandemia, al aumentar del número de personas inmunes en la población cada persona contagiada infectará a un número de personas cada vez menor.

Pregunta 1

Haga cambios en el modelo para tomar en cuenta el hecho de que la población no es constante:

- agregar un término de incremento en dS para tomar en cuenta los individuos nacidos $+bN$
- agregar un término de decremento en dS para tomar en cuenta las personas susceptibles que mueren $-\mu S$
- agregar un término de decremento en dI para tomar en cuenta las personas infectadas que mueren $-\mu I$
- agregar un término de decremento en dR para tomar en cuenta las personas recuperadas que fallecen $-\mu R$

Usar ahora los paámetros

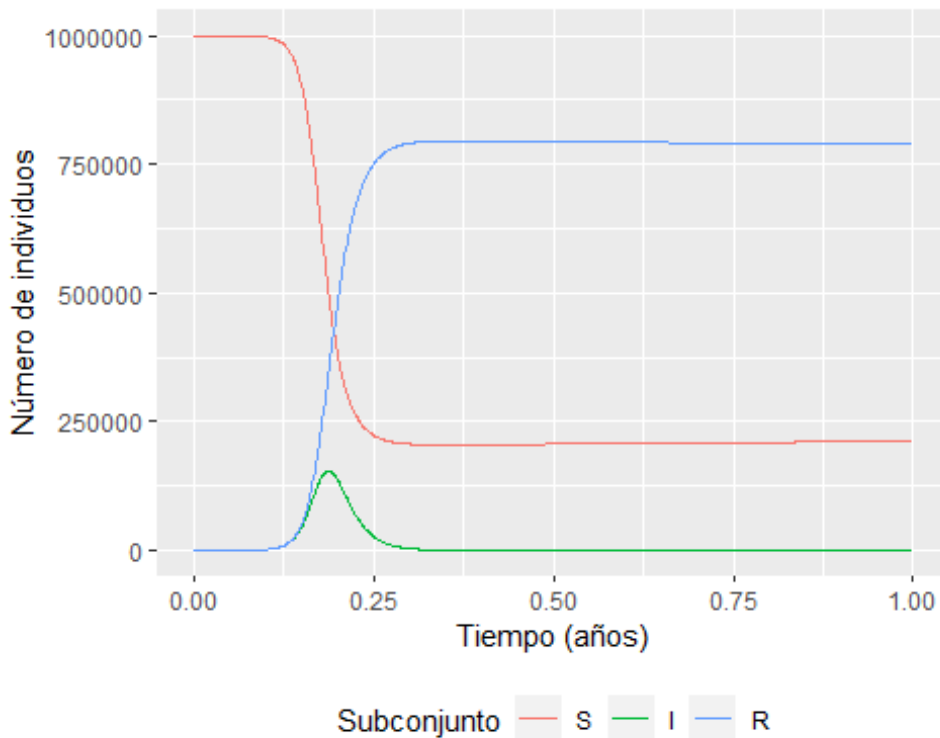
$$\begin{aligned}\beta &= 0.4 \text{days}^{-1} = (0.4 \times 365) \text{years}^{-1} \\ \gamma &= 0.2 \text{days}^{-1} = (0.2 \times 365) \text{years}^{-1} \\ \mu &= \frac{1}{70} \text{years}^{-1} \\ b &= \frac{1}{70} \text{years}^{-1}\end{aligned}$$

y considerar una duración de 1 año.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S + bN - \mu S - vS \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R + vS\end{aligned}$$

Gráficos de la evolución del sistema

```
output=hh(beta = 0.4*365,gamma = 0.2*365,b=1/70,mu=1/70,t=1,v=0)
output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")
ggplot(data = output_long,
aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
geom_line() +
xlab("Tiempo (años)") +
ylab("Número de individuos") +
labs(colour = "Subconjunto") +
theme(legend.position = "bottom")
```



Pregunta 2

Considerando el modelo SIR básico, haga cambios para tomar en cuenta un programa de vacunación. Suponga que una fracción v de susceptibles se vacuna de manera que queda inmune (y entra ahora directamente en el conjunto de los recuperados). Calcule la dinámica de la epidemia en este caso usando los parámetros $\beta = 0.4$, $\gamma = 0.1$ y considere un periodo de 2 años.

Su modelo debe ser capaz de mostrar que si la fracción v es suficiente, no es necesario vacunar a todos los susceptibles para evitar la epidemia. A este efecto se le conoce como *inmunidad de rebaño* y se refiere a que si un sector grande de la población es inmune, entonces los contagios se mantienen a un nivel en el que la enfermedad es eliminada.

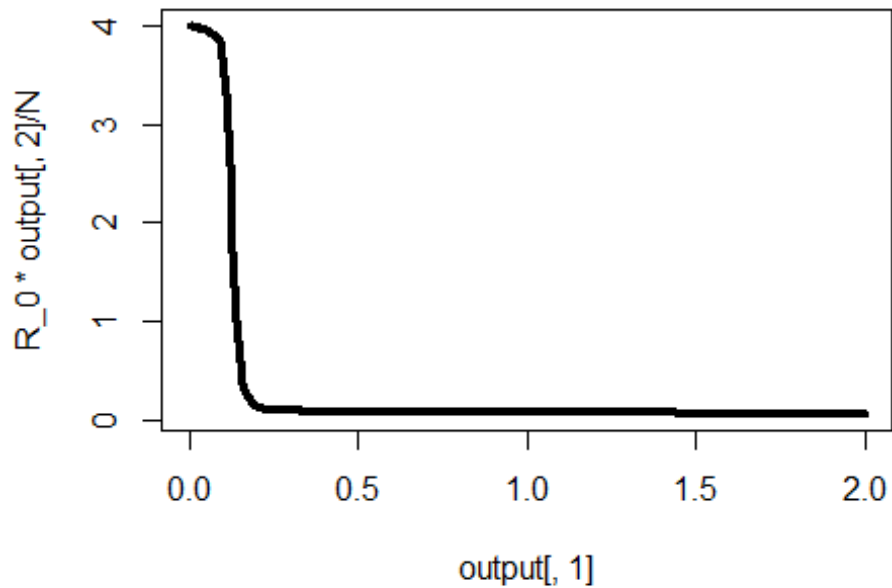
¿Cómo se puede calcular la fracción mínima v de personas que se deben vacunar para poder evitar una epidemia? La inmunidad de rebaño ocurre cuando $R_{eff} < 1$.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S - vS \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R + vS \\ R_{eff} &= R_0 \frac{S}{N} \\ R_0 &= \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0.4}{0.1} = 4 \\ 1 &> R_0 \frac{S}{N} \\ \frac{N}{R_0} &> S \\ \frac{100,000}{4} &= 25,000 > S \\ v = \frac{25,000}{99,999} &\approx \frac{1}{4} \therefore v < \frac{1}{4}\end{aligned}$$

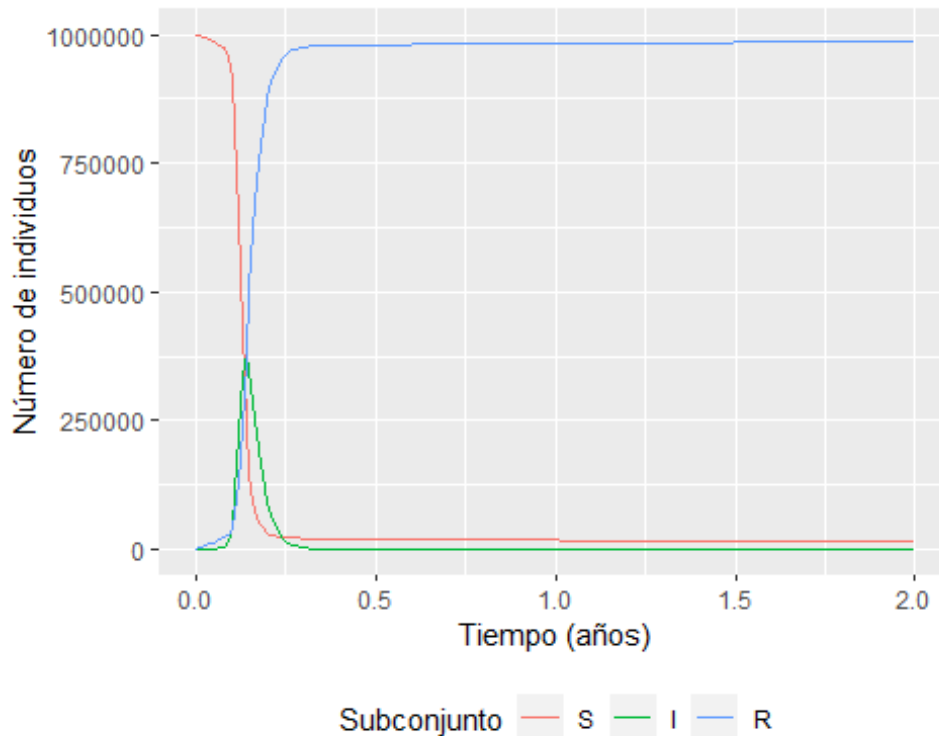
```
g=0.1
b=0.4
R_0 =b/g

output=mb(beta = b*365,gamma = g*365,t=2,v=1/4)
##Reff
N=output[,2]+output[,3]+output[,4]
plot(output[,1],R_0*output[,2]/N,main="Reff vs
tiempo(años)",type="l",col="black",lwd="4")
```

Reff vs tiempo(años)



```
output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")
ggplot(data = output_long,
aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
geom_line() +
xlab("Tiempo (años)") +
ylab("Número de individuos") +
labs(colour = "Subconjunto") +
theme(legend.position = "bottom")
```



Pregunta 3

Haga cambios en el modelo para tomar en cuenta de que la población no es constante:

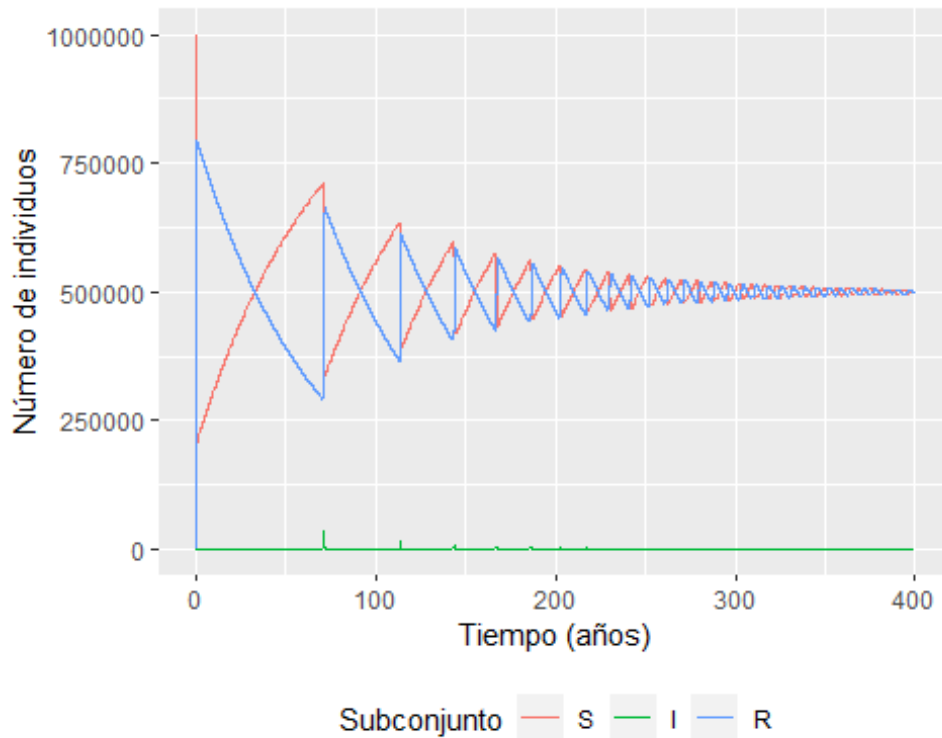
- agregar un término de incremento en dS para tomar en cuenta los nacidos $+bN$
- agregar un término de decremento en dS para tomar en cuenta las personas susceptibles que mueren $-\mu S$
- agregar un término de decremento en dI para tomar en cuenta las personas infectadas que mueren $-\mu I$
- agregar un término de decremento en dR para tomar en cuenta las personas recuperadas que fallecen $-\mu R$

Use los parámetros

$$\begin{aligned}\beta &= 0.4 \text{days}^{-1} = (0.4 \times 365) \text{years}^{-1} \\ \gamma &= 0.2 \text{days}^{-1} = (0.2 \times 365) \text{years}^{-1} \\ \mu &= \frac{1}{70} \text{years}^{-1} \\ b &= \frac{1}{70} \text{years}^{-1}\end{aligned}$$

y considere una duración de 400 años en sus cálculos.


```
output=hh(beta = 0.4*365,gamma = 0.2*365,b=1/70,mu=1/70,t=400,v=0)
output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")
ggplot(data = output_long,
aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
geom_line() +
xlab("Tiempo (años)") +
ylab("Número de individuos") +
labs(colour = "Subconjunto") +
theme(legend.position = "bottom")
```



Pregunta 4

Considerando el modelo SIR básico, haga cambios para tomar en cuenta un programa de vacunación. Suponga que una fracción v de susceptibles se vacuna de manera que queda inmune (y entra ahora directamente en el conjunto de los recuperados), mientras que la fracción $(1 - v)$ sigue siendo susceptible.

Calcule la dinámica de la epidemia en este caso, estudiando cómo cambia la dinámica variando la fracción v . Utilice $\beta = 0.6$, $\gamma = 0.1$ y considere un periodo de 2 años.

Su modelo debe ser capaz de mostrar que si la fracción v es suficiente, no es necesario vacunar a todos los susceptibles para evitar la epidemia. A este efecto se le conoce como *inmunidad de rebaño* y se refiere a que si un sector grande de la población es inmune, entonces los contagios se mantienen a un nivel en el que la enfermedad es eliminada.

¿Cómo se puede calcular la fracción mínima v de personas que se deben vacunar para poder evitar una epidemia? La inmunidad de rebaño ocurre cuando $R_{eff} < 1$.

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S - (1-v)S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I + vS\end{aligned}$$

$$\begin{aligned}R_{eff} &= R_0 \frac{S}{N} \\ R_0 &= \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0.4}{0.1} = 4\end{aligned}$$

$$1 > R_0 \frac{S}{N}$$

$$\frac{N}{R_0} > S$$

$$\frac{100,000}{4} = 25,000 > S$$

$$(1-v) = \frac{25,000}{99,999} \approx \frac{1}{4} \therefore (1-v) < \frac{1}{4}$$

$$v > \frac{3}{4}$$

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

m3=function(beta,gamma,t,v){
  initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                             #
                             I = 1,      # Se inicia con una persona
infectada
                             R = 0)      #

#razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta,gamma) # razón de recuperación

#valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a t años
times <- seq(from = 0, to = t, by = 0.01)

sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de
variables a
```

```

# partir de inputs de estados y
parametros
  N <- S+I+R
  lambda <- beta * I/N
  dS <- -lambda * S-(1-v)*S
  dI <- lambda * S - gamma * I
  dR <- gamma * I+v*S
  return(list(c(dS, dI, dR)))
})
}

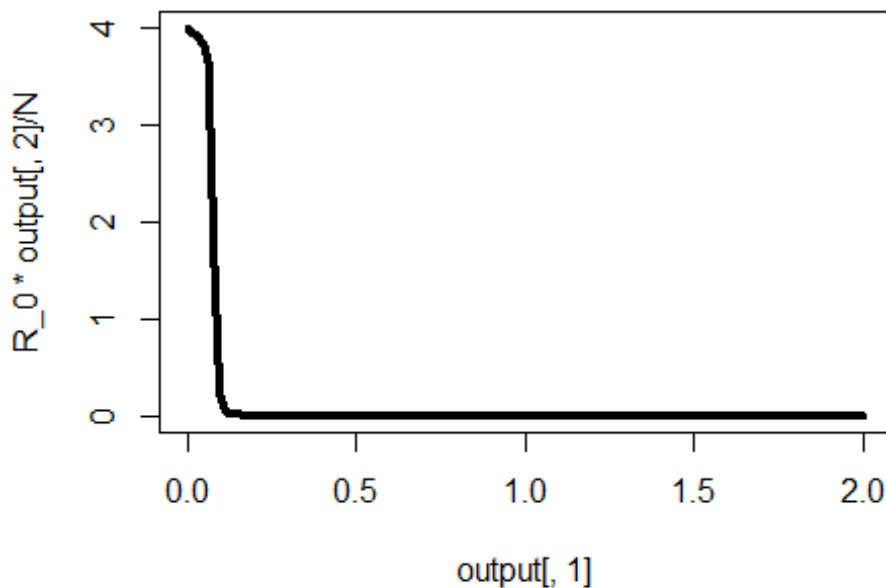
# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

return(output)
}

output=m3(beta = 0.6*365,gamma = 0.1*365,t=2,v=3/4)
###Reff
N=output[,2]+output[,3]+output[,4]
plot(output[,1],R_0*output[,2]/N,main="Reff vs
tiempo(años)",type="l",col="black",lwd="4")

```

Reff vs tiempo(años)



```

output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")
ggplot(data = output_long,

```

```

aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
geom_line() +
xlab("Tiempo (años)") +
ylab("Número de individuos") +
labs(colour = "Subconjunto") +
theme(legend.position = "bottom")

```

