

Simulación y optimización de un modelo de difusión de epidemia

Profesor: Dr. Servando López Aguayo

Equipo: Dr. J. Poncho

Índice general

1.	Introducción: El modelo SIR	1
1.1.	Estudios y aplicaciones del modelo SIR en epidemias	2
2.	Simulaciones del modelo SIR	4
3.	Trayectoria de una bacteria	7
4.	Anexos	8
4.1.	Reflexiones	8
4.2.	Código 'Trayectoria de una bacteria'	10
4.3.	Código 'Modelo SIR'	11

Referencias	13
-------------	----

1. Introducción: El modelo SIR

El modelo SIR es una representación matemática utilizado para simular la propagación de enfermedades epidémicas calculando teóricamente la cantidad de personas infectadas y recuperadas de cierta enfermedad contagiosa a lo largo del tiempo (I). El sistema de ecuaciones que modelan el comportamiento epidemiológico es,

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\frac{\beta I(t)}{N} S(t), \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \frac{\beta I(t)}{N} S(t) - \gamma I(t), \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \gamma I(t), \quad (3)$$

donde $S(t)$ representa la cantidad de susceptibles, $I(t)$ la cantidad de infectados y $R(t)$ la cantidad de recuperados en el tiempo. Este modelo considera que una proporción de la población hará contacto con otras personas de manera que la enfermedad se transmita con una tasa de βN por unidad de tiempo, mientras que los infectados dejarán de infectar a una tasa de γ y no hay crecimiento o decrecimiento de la población durante la transmisión de la enfermedad(2). Por lo tanto, el parámetro β representa la cantidad de personas infectas por unidad temporal, mientras que γ representa la tasa de personas recuperadas por unidad de tiempo. En estos casos, ambas tasas están normalizadas, causando que $\gamma, \beta \in [0, 1]$.

En este sistema de ecuaciones se puede caracterizar a través de un parámetro que representa el número de personas infectadas por una persona ya infectada ($I, 2$), este parámetro se expresa de la siguiente manera,

$$R_o = \frac{\beta}{\gamma}. \quad (4)$$

Este parámetro es adimensional y se puede usar como una herramienta para caracterizar el comportamiento de la propagación de la enfermedad, como se muestra en la tabla 1.

R_o	Enfermedad
1 - 2	Gripe porcina
2 - 5	Covid-19
5 - 7	Paperas
7 - 12	Varicela
12 - 18	Sarampión

Tabla 1: Rangos de R_o para las enfermedades a identificar

Es importante también destacar que este modelo no se limita a una única formulación. Una característica distintiva es su adaptabilidad, lo que permite la creación de variantes como el modelo SEIR, que considera el período de incubación o latencia de la enfermedad. Este enfoque proporciona una mejor comprensión de los cambios en la población a lo largo del tiempo, enriqueciendo así la capacidad de predecir la propagación de enfermedades.

1.1. Estudios y aplicaciones del modelo SIR en epidemias

En términos de su implementación práctica, el modelo SIR se ha utilizado en diversas regiones y situaciones para predecir y abordar epidemias. Ejemplos concretos en diferentes países ilustran cómo este modelo ha sido aplicado con éxito. En Cuba, la implementación del modelo SIR por Kermack y McKendrick(3), ha sido adaptado a una población dividida en clases epidemiológicas, permitiendo un análisis más detallado y enriquecido por un sistema de salud sólido y políticas de salud coherentes.

La figura 1. muestra los datos hasta el día 37 epidémico (17 de abril) cuando ya se habían tomado las medidas más importantes. Se puede observar la predicción de 1247 casos de máxima prevalencia en el día 63 epidémico.

En Colombia, el modelo SIR ha sido empleado para predecir la evolución de la pandemia de COVID-19 en Santa Marta (4), lo que ha contribuido a comprender las bases para las deci-

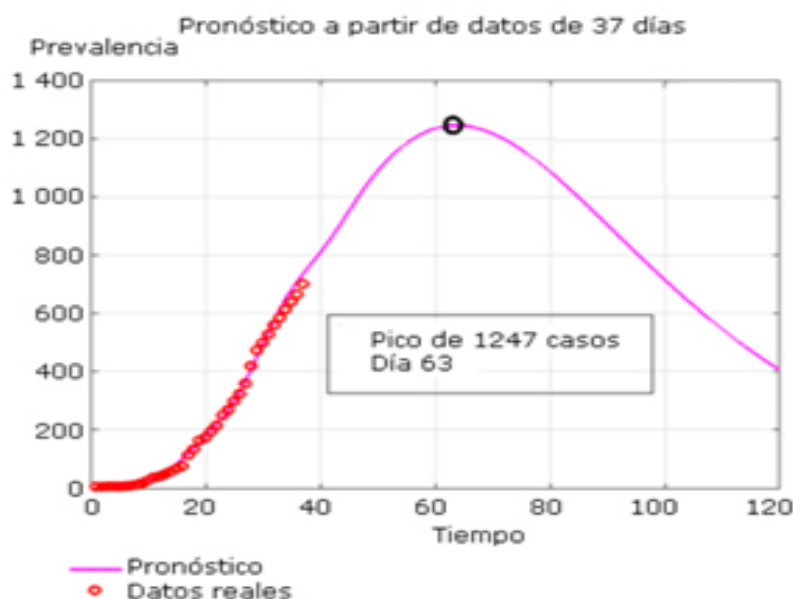


Figura 1: Ajuste del modelo y predicción hasta 120 días utilizando datos de los 37 primeros días epidémicos. Imágen obtenida de (3)

siones de contención adoptadas en todo el mundo. Por otro lado, en México, el enfoque de análisis de sensibilidad global aplicado al modelo SIR ha permitido obtener información valiosa sobre cómo los resultados se relacionan con las variaciones en los parámetros biológicos del modelo, en lugar de los datos en sí. La proyección del número de susceptibles, infectados y recuperados desde el inicio de la pandemia, del 20 de marzo de 2020 hasta el 1 de enero de 2022, se muestra en la figura 2. Se tomó un periodo de observación lo suficientemente extenso a fin de visualizar completamente el comportamiento de la pandemia.

Un aspecto crucial del modelo SIR es su impacto en la toma de decisiones en salud pública. El Departamento de Salud Pública y otros organismos utilizan este modelo para estimar la probabilidad de contagio y la efectividad de las medidas de intervención. Su precisión, que ha sido evaluada en un rango del 90 al 97 por ciento, refuerza su utilidad y relevancia en la gestión de epidemias.

En resumen, el modelo SIR, con su enfoque en los individuos susceptibles, infectados y recuperados, ha demostrado ser una herramienta fundamental en la comprensión y predicción de la propagación de enfermedades epidémicas. Su adaptabilidad y aplicación en diferentes contextos, como los ejemplos en Cuba, Colombia y México, lo convierten en un recurso valioso para la toma de decisiones en salud pública y la formulación de estrategias de intervención.

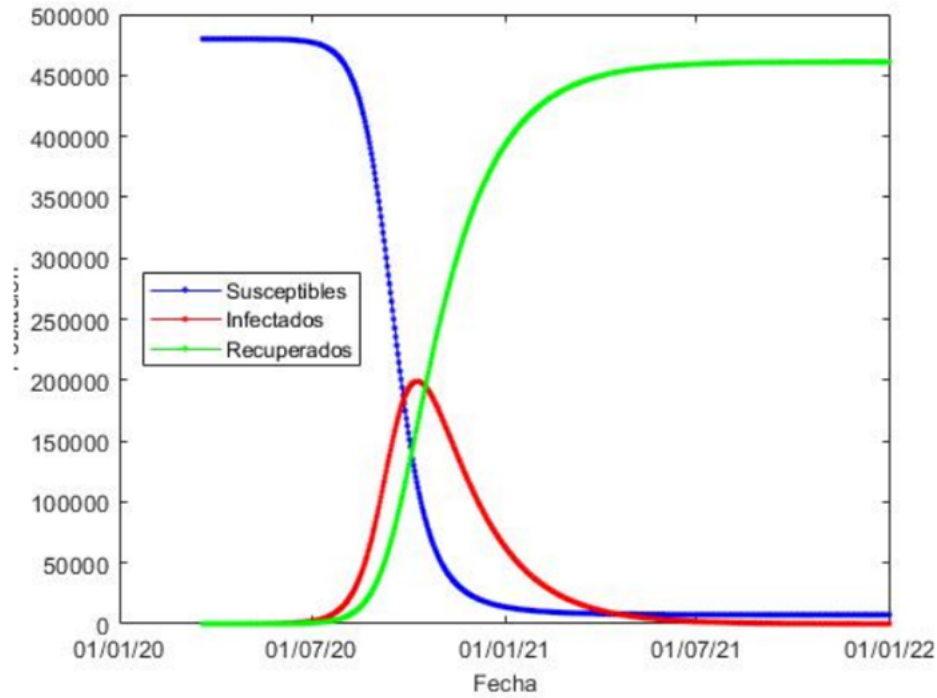


Figura 2: Curva de la cantidad de susceptibles, infectados y recuperados estimados para la pandemia por Covid-19 en Santa Marta, Colombia, para un $Re=2,9$ entre el 20 de marzo de 2020 y el 1 de enero de 2022. Imagen obtenida de: (4)

2. Simulaciones del modelo SIR

En esta sección se muestran 3 simulaciones numéricas para observar el comportamiento de los susceptibles, infectados y recuperados a través del tiempo al cambiar las condiciones iniciales y los parámetros γ y β , considerando una población total de 1000 personas durante 100 días. Estas simulaciones se modelaron a partir de implementar diferencias finitas en las ecuaciones (1),(2),(3),

$$\begin{aligned} dS &= S - \beta S, \\ dI &= \beta S - \gamma I + I, \\ dR &= \gamma I + R. \end{aligned}$$

A continuación se obtienen las gráficas de S, I y R para el modelo sin normalizar, considerando una población inicial $N=1000$ y una evolución de 100 días, con diferentes condiciones iniciales.

La primer simulación se usan las siguientes condiciones iniciales $[S_o = 997, I_o = 3]$ y parámetros $\beta = 0.5$ y $\gamma = 0.5$. En la figura 3 se observa que la cantidad de personas infectadas es casi nula, indicando que la transmisión de la infección no superó el ritmo de recuperación. Se puede aseverar lo anterior, debido a que la curva de recuperados tiene un crecimiento pequeño hasta estabilizarse a un valor constante. Este comportamiento es esperado, ya que la tasa de infección y recuperación son iguales, por lo que no llega a desarrollarse una epidemia (un caso donde los infectados van superando a los recuperados).

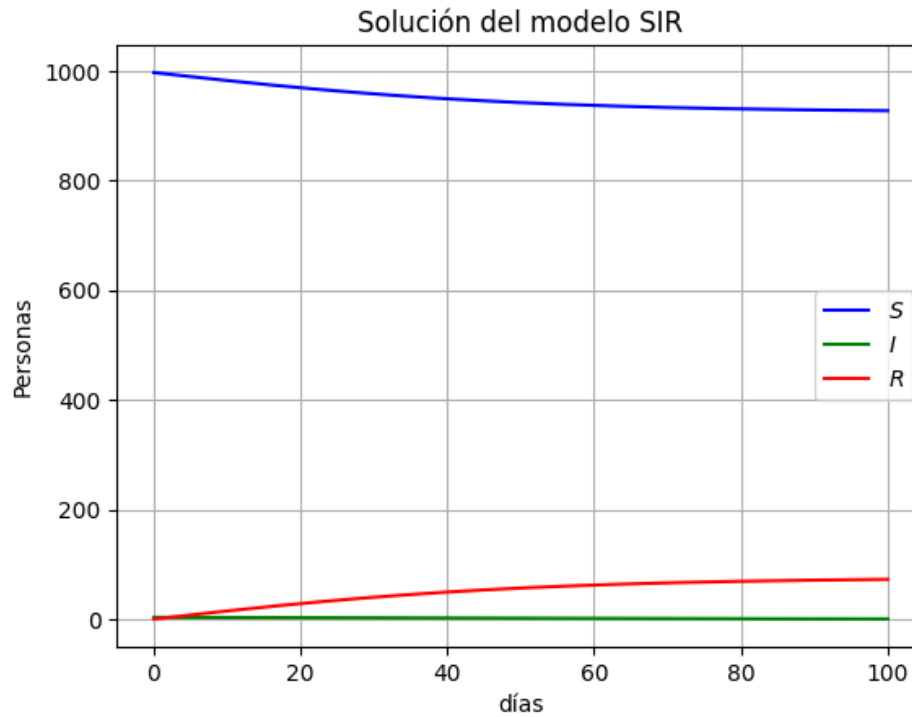


Figura 3: Simulación SIR con condiciones iniciales $S_0 = 997$, $I_0 = 3$ y parámetros $\beta = 0.5$, $\gamma = 0.5$.

Por otro lado, en la segunda simulación, figura 4 con parámetros $\beta = 0.5$, $\gamma = 0.05$, ($\beta = 10\gamma$) y condiciones iniciales a $[S_o = 990, I_o = 10]$, se observa que el ritmo de infección es mucho mayor al ritmo de recuperación a tal grado que llega un punto en el que más de la mitad de la población esta infectada en un lapso de iteraciones temporales. También se puede observar que todos los susceptibles pasan a ser infectados y posteriormente pasan a ser recuperados.

Estos resultados indican que cuando β es mayor que γ , por lo menos en un factor de 10, se tendrá que toda la población se contagiará a lo largo del tiempo, sin embargo, existirá un lapso de tiempo en el que toda la población se recuperé.

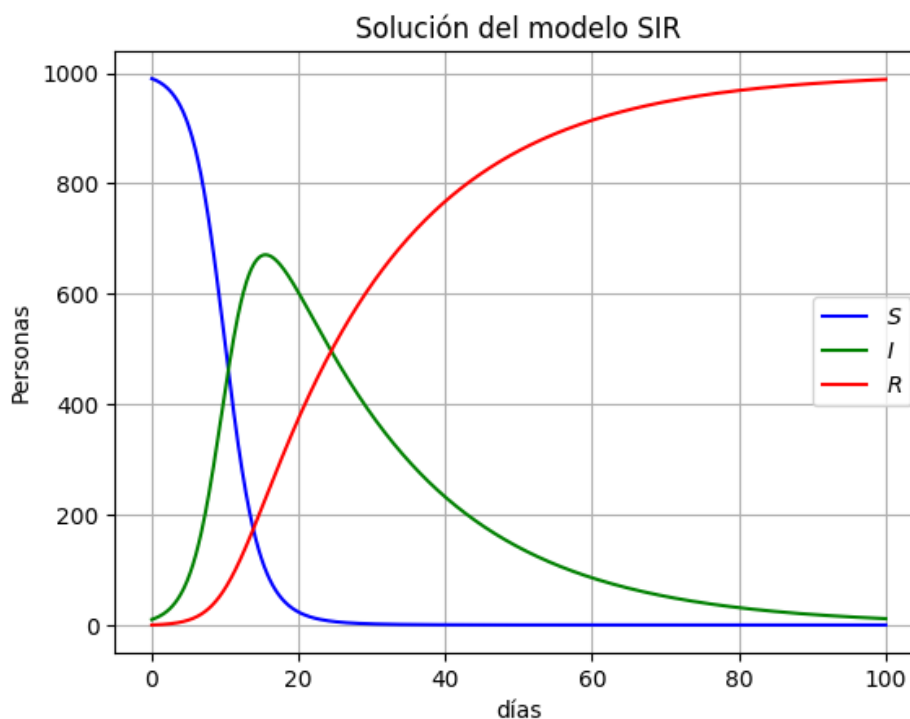


Figura 4: Simulación SIR con condiciones iniciales $S_0 = 990$, $I_0 = 10$ y parámetros $\beta = 0.5$, $\gamma = 0.05$.

Por último, en la última simulación se plantea un caso en el que $\beta \approx \gamma$, ($\beta = 0.2$, $\gamma = 0.1$) con condiciones iniciales de $[S_0 = 998, I_0 = 2]$, figura 5. En esta situación se puede observar que el ritmo de recuperación supera al ritmo de recuperación, ya que la cantidad de infectados nunca supera a la cantidad de susceptibles, ni de recuperados.

Este resultado es algo contra intuitivo, ya que, independientemente de que $\beta \approx \gamma$, se establece que $\beta > \gamma$, indicando que la tasa de contagios es mayor a la tasa de recuperación, sin embargo, al considerar que se inicia con un solo infectado en la simulación y que la tasa de infección depende fuertemente de la cantidad de infectados, se puede asumir que para casos en los que $\beta \approx \gamma$, las condiciones iniciales determinan fuertemente la transmisión de la infección.

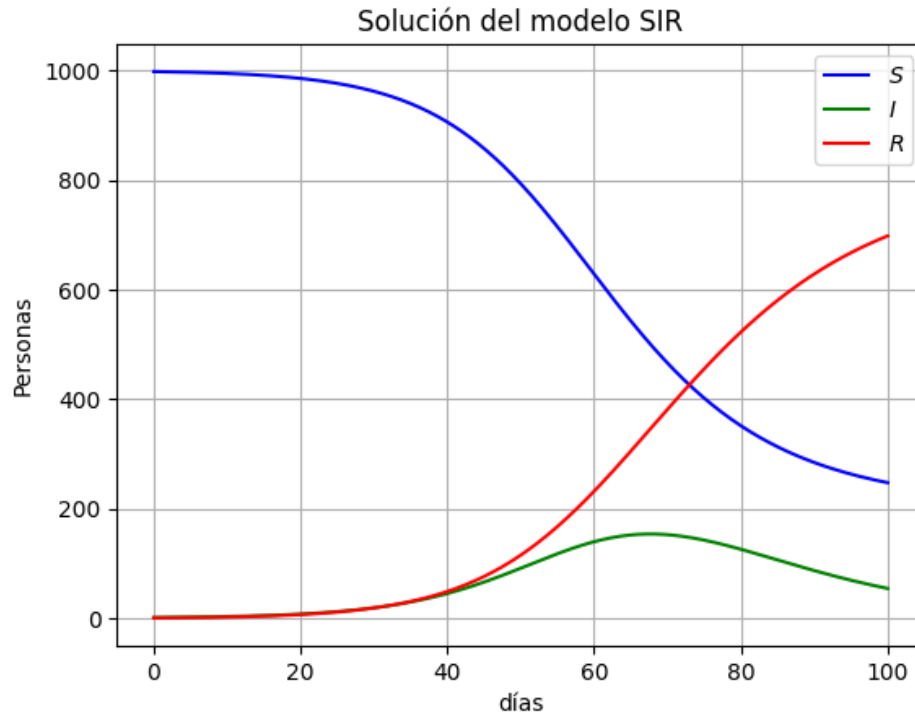


Figura 5: SIR con condiciones iniciales $S_0 = 998, I_0 = 1$ y parámetros $\beta = 0.2, \gamma = 0.1$.

3. Trayectoria de una bacteria

En esta sección se realiza una pequeña discusión acerca del valor promedio de un proceso con valores negativos. Para esto se plantea una bacteria confinada en un tubo de carbono de tal manera que la bacteria sólo se puede mover a la izquierda o derecha (haciéndolo con igual probabilidad) en cada unidad de tiempo. Por conveniencia, se dice que la bacteria inicia en el punto $x = 0$ y para representar si se movió a la derecha se suma 1 y si se movió a la izquierda, se suma -1 .

Al realizar este proceso 1×10^5 veces y obtener el promedio del desplazamiento, $\langle n \rangle$, se tiene que es igual a 0. Este resultado hace sentido, ya que al sumar los eventos de un conjunto con valores 1 y -1 con la misma frecuencia, se espera que el valor de la media sea 0. Por otro lado, al obtener el valor promedio de la distancia recorrida ($\langle n^2 \rangle$) se tiene un valor de 1. Esto es porque al elevar al cuadrado el valor de la variable, se eliminan los signos negativos, obteniendo una suma de N 1 y al dividirlo por la cantidad de iteraciones, se obtiene la unidad.

4. Anexos

4.1. Reflexiones

Alberto Anaya Velasco

En esta fase del reto fue interesante modelar de manera simplificada el comportamiento de una epidemia. Fue interesante el ver cómo un sencillo sistema de ecuaciones de tres variables (Susceptibles, Infectados y Recuperados), con dos parámetros (β y γ) es suficiente para obtener una modelación más o menos precisa de un comportamiento que puede parecer tan complejo o involucrar tantas variables como lo es una epidemia. Además creo que comprendí un poco mejor sobre lo que es una variable aleatoria (o pseudo-aleatoria) y cómo se puede comprender su comportamiento a largo plazo simulando un proceso aleatorio con varias iteraciones y obteniendo promedio u otras cantidades útiles.

Ishan Joel Don Wickramage Madwala Guzmán

Este reto de modelización de epidemias ha sido revelador. Explorar los modelos SIR y su aplicación en situaciones del mundo real nos ha demostrado la versatilidad y utilidad de estas herramientas en la comprensión de la propagación de enfermedades. A medida que resolvíamos casos específicos, se hizo evidente cómo los parámetros β y γ influyen en la dinámica epidémica. Nos enfrentamos a la complejidad de generar números aparentemente aleatorios y cómo estos influyen en las simulaciones. En definitiva, hemos adquirido una perspectiva más profunda sobre la importancia de los modelos en la salud pública y cómo pequeñas variaciones pueden tener grandes repercusiones en los resultados.

Arif Morán Velázquez

A lo largo del desarrollo de esta nueva simulación determinista comprendí la forma en que un conjunto de ecuaciones puede capturar la propagación de una enfermedad y predecir su curso. A medida que ajustábamos los parámetros en el modelo SIR, pude observar cómo pequeños cambios pueden tener un gran impacto en la trayectoria de la epidemia. Además, la noción de variables aleatorias y la utilización de la simulación para obtener resultados significativos a largo plazo me hizo reflexionar sobre cómo la incertidumbre puede influir en nuestras predicciones y decisiones, asimismo me intriga como y como entrara en futuras simulaciones estocásticas. En general, esta actividad ha ampliado mi comprensión de cómo las herramientas matemáticas y de programación pueden ayudarnos a abordar desafíos de

la vida real, como la propagación de enfermedades y fenómenos aleatorios, en el caso del borrachito, y cómo la ciencia de datos puede respaldar la toma de decisiones informadas para el bienestar de la sociedad.

Mayra Stefany Gómez Triana

En este reto comprendí la importancia de considerar la aplicabilidad y las limitaciones del modelo. Más allá de las cifras y las curvas, está la responsabilidad de influir en decisiones informadas. El propósito es ayudar a los responsables de la toma de decisiones a comprender los posibles escenarios y a diseñar estrategias de mitigación adecuadas. En tanto que ingeniero, mi enfoque se extiende más allá de la simulación técnica para abordar el impacto humano y la relevancia práctica de los resultados generados.

Borja Martínez Ramírez A mi parecer, esta actividad es una gran forma de introducir los conceptos e ideas con las que trabajaremos a lo largo del reto, pues no solo se nos presentó el modelo SIR, y sus aplicaciones, si no también tuvimos oportunidad de trabajar directamente con el, y simular distintos escenarios. Además de esto, pudimos tener un primer contacto con los procesos estocásticos, y su naturaleza aleatoria, misma que nos puede llevar en ocasiones a resultados poco intuitivos, pero no por eso menos reales.

Francisco Javier Vázquez Tavares

En esta entrega se aprendí distintos comportamientos de las variables de susceptibles, infectados y recuperados la cambiar la tasa de infección y recuperación. También observé las aplicaciones que puede tener este modelo en la gestión de epidemias y prevención o mejora de los sistemas de salud en distintas naciones. Por último, aprendí lo contra-intuitivo que puede ser el obtener el promedio de una variable aleatoria y el cuadrado del promedio.

4.2. Código 'Trayectoria de una bacteria'

```
k=1;
distanciap=zeros(1,10000);
while k<=10000 %Numero de veces que se repite
    %opciones
    a=1;
    b=-1;
    paso=100000;
    r = randi([0 a],1,paso); %Genera numeros aleatorios entre 0 y 1
    i=1;
    while i <= paso %cambia los 0 por -1
        if r(i) == 0
            r(i) = b;
        end
        i=i+1;
    end

    %Promedio
    if k==1
        pp=(a+b)/2;
        p=['El promedio del desplazamiento es ', num2str(pp)];
        %disp(p);
    end

    j=1;
    sum=0;
    while j <= paso
        sum=r(j)+sum; %Suma la distancia total recorrida
        j=j+1;
    end
    if k == 1
        p=['El promedio de la distancia es ', num2str(sum)];
        %disp(p)
    end
    distanciap(k)=sum;
    k=k+1;
end
promedio=mean(abs(distanciap))
```

4.3. Código 'Modelo SIR'

4.3.1. MATLAB

```
% Modelo SIR

[t,y] = ode45(@vdp1,[0 10],[998; 2; 0]);

adjusted_t = t / t(end) * 100;

plot(adjusted_t , y(:,1) , adjusted_t , y(:,2) , adjusted_t , y(:,3))

%plot(t,y(:,1),t,y(:,2),t,y(:,3))
title('Solucion del modelo SIR');
xlabel('Dias ');
ylabel('Personas ');
legend('Suceptibles ','Infectados ','Recuperados ')

function dydt = vdp1(t,y)
B=0.005;
r=0.5;
dydt = [(-B)*y(1)*y(2); (B*y(1)*y(2))-(r*y(2)); r*y(2)];
end
```

4.3.2. Python

```
import numpy as np
import matplotlib.pyplot as plt
from scipy.integrate import odeint
from IPython.display import display , Latex

def SIR(x, t, beta , gamma):
    S, I, R = x
    dydt = [-(beta/N) * S * I, (beta/N) * S * I - gamma * I, gamma * I]
    return dydt

beta = 0.5
gamma = 0.5
N = 1000
```

```
x0 = [997, 3, 0]
t = np.linspace(0, 100, 1000)
sol = odeint(SIR, x0, t, args=(beta, gamma))
plt.plot(t, sol[:, 0], 'b', label='$S$')
plt.plot(t, sol[:, 1], 'g', label='$I$')
plt.plot(t, sol[:, 2], 'r', label = '$R$')
plt.legend(loc='best')
plt.title('Solucion del modelo SIR')
plt.ylabel('Personas')
plt.xlabel('dias')
plt.grid()
plt.show()
```

Referencias

1. E. Weisstein, *Kermack-McKendrick model*, (<https://mathworld.wolfram.com/Kermack-McKendrickModel.html>).
2. F. Brauer, *Mathematical Biosciences* **198**, 119-131 (2005).
3. A. Ugalde, I. Alfredo, G. Díaz y M. Lezca, págs. 1-24.
4. (https://www.sanidad.gob.es/biblioPublic/publicaciones/recursos_propios/resp/).
5. Mayo de 2020, (<https://gaceta.facmed.unam.mx/index.php/2020/05/13/modelo-sir-aplicaciones-en-la-actual-epidemia-por-covid-19/>).
6. (<https://www.matem.unam.mx/investigacion/fordecyt/talleric-2019/mario-zamora-aleman>).