

# Capítulo 1

## Modelo SIR

Antes de establecer el modelo SIR, es importante conocer o tener la idea principal sobre lo que es un modelo compartimental, por lo que se podría definir de la siguiente manera.

Los modelos compartimentales suelen ser modelos determinísticos, esto indica que las mismas entradas producirán las mismas salidas por lo que no es contemplado el azar. Este tipo de modelos nos permiten segmentar a la población en conjuntos específicos durante el desarrollo de la epidemia, los tres conjuntos básicos son:

- **Susceptible:** Representa el número de personas susceptibles, personas sanas que al entrar en contacto con la enfermedad pueden contraer la infección.
- **Infectado:** Representa el número de personas infectadas, personas que adquirieron la enfermedad y pueden transmitir la infección.
- **Recuperado:** Representa el número de personas recuperadas, personas que se han recuperado en su totalidad de la infección y pueden o no generar inmunidad.

Su principal objetivo es describir y modelar cada uno de los estados por los que pasará la población al contraer la infección. Los compartimentos reciben su nombre del flujo que existe entre los diferentes conjuntos en los que se clasifica a la población y suelen ser expresados matemáticamente por ecuaciones diferenciales (EDO).

### 1.1. Conociendo el modelo SIR

El modelo epidemiológico SIR está constituido por tres compartimientos que son, susceptible, infectado y recuperado, por lo que considera que toda la población comienza en un estado susceptible, luego de infectarse pasará al compartimiento de los infectados y por último se genera una inmunidad a la enfermedad por lo que pasa al compartimiento de los recuperados, por lo que su modelo compartimental es de la siguiente manera.

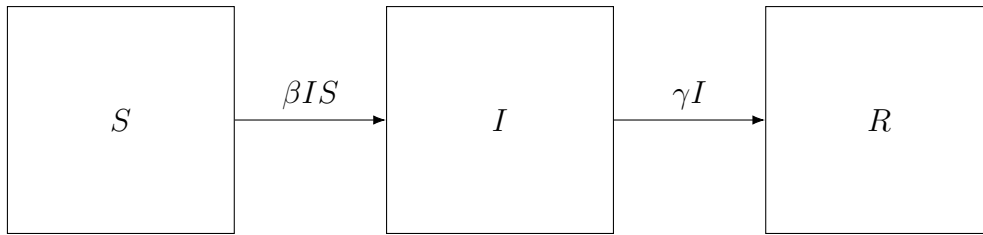


Figura 1.1: Modelo Compartmental SIR

y las ecuaciones diferenciales que corresponden a cada compartimiento son las siguiente:

$$S' = -\beta S(t) I(t) \quad (1.1)$$

$$I' = \beta S(t) I(t) - \gamma I(t) \quad (1.2)$$

$$R' = \gamma I(t) \quad (1.3)$$

Este modelo se ha usado con mayor frecuencia para conocer el comportamiento de las epidemias, un ejemplo reciente fué la pandemia provocada por el SARS-COV2 [2].

Una parte fundamental de los modelos compartimentales son sus parametros en este caso  $\beta$  (tasa de contagio) y  $\gamma$  (tasa de recuperación), ya que estos parametros son los que nos proporcionaran la información sobre el comportamiento de la enfermedad que buscamos modelar.

## 1.2. Parámetros

### 1.2.1. Tasa de recuperación $\gamma$

Para poder encontrar un valor aproximado al parametro  $\gamma$ , asumiremos que no se estan generando nuevas personas infectadas, por lo que el flujo de personas que entra a este compartimiento ha parado obteniendo la siguiente ecuación.

$$I' = -\gamma I, \quad I(0) = I_0 \quad (1.4)$$

**Afirmación 1** *El número de personas en el compartimiento de los infectados esta dado por  $\frac{I(t)}{I_0} = e^{-\gamma t}$ .*

**Demostración:** En efecto, al resolver la ecuacion 1.8 por variables separables, tenemos:

$$\frac{dI}{dt} = -\gamma I$$

$$\ln I = -\gamma t + C$$

$$I = e^{-\gamma t} \cdot e^C$$

$$I = I_0 e^{-\gamma t}$$

$$\frac{I(t)}{I_0} = e^{-\gamma t}$$

□

Con estas ecuaciones previamente obtenidas podemos calcular de forma probabilística la cantidad de personas que han abandonado el compartimento de los infectados.

$$F(t) = 1 - e^{-\gamma t} \quad t \geq 0 \quad (1.5)$$

definiendo la función de desidad en el intervalo  $[0, t)$  de la siguiente forma.

$$F(t) = \begin{cases} \gamma e^{-\gamma t} & t \geq 0 \\ 0 & t < 0 \end{cases}$$

y dado que el tiempo promedio que pasa una persona en el compartimento de los infectados está dado por valor el esperado, así obtenemos que el parametro  $\gamma$  se encuentra definido como:

$$E[X] = \int_0^{\infty} t f(t) dt = \int_0^{\infty} t \gamma e^{-\gamma t} dt = \frac{1}{\gamma} \quad (1.6)$$

**Afirmación 2** *El tiempo de permanencia de una persona en la clase I es  $\frac{1}{\gamma}$ . [2]*

**Demostración:**

Para mostrar que en efecto  $\frac{1}{\gamma}$  es el tiempo que permanece una persona en la clase I, basta con resolver la integral impropia.

$$\int_0^{\infty} t \gamma e^{-\gamma t} dt = \lim_{b \rightarrow \infty} \int_0^b t \gamma e^{-\gamma t} dt$$

$$\lim_{b \rightarrow \infty} \int_0^b t \gamma e^{-\gamma t} dt = \lim_{b \rightarrow \infty} \left[ \gamma \cdot \left( \frac{-te^{-\gamma t}}{\gamma} - \int_0^b \frac{-e^{-\gamma t}}{\gamma} dt \right) \right] = \dots$$

$$\dots = \lim_{b \rightarrow \infty} \left( \left[ -te^{-\gamma t} - \frac{e^{-\gamma t}}{\gamma} \right]_0^b \right) = \lim_{b \rightarrow \infty} \left[ -be^{-\gamma b} - \frac{e^{-\gamma b}}{\gamma} \right] - \lim_{b \rightarrow \infty} \left[ -(0)e^{-\gamma(0)} - \frac{e^{-\gamma(0)}}{\gamma} \right] = \frac{1}{\gamma}$$

□

Podemos concluir que  $\gamma$ <sup>a</sup> está definida con el inverso de los días que una persona tarda en recuperarse de la enfermedad, por tanto tenemos que  $\gamma = \frac{1}{d}$ .

Con el resultado previo y utilizando la ecuación 1.7, podemos establecer la siguiente afirmación.

**Afirmación 3** *La cantidad de personas dentro de la clase R es  $R(t + \frac{1}{\gamma}) = R(t) + I(t)$*

**Demostración:**

$$\gamma I = R'(t)$$

$$\gamma I = R'(t) = \frac{R(t+h) - R(t)}{h}, \quad h \neq 0$$

tomando  $h = \frac{1}{\gamma}$  y despejando:

$$\gamma I = R'(t) = \frac{R\left(t + \frac{1}{\gamma}\right) - R(t)}{\frac{1}{\gamma}}$$

por tanto

$$R\left(t + \frac{1}{\gamma}\right) = R(t) + I(t)$$

□

Con este ultimo resultado podemos interpretar que el número de individuos recuperados en un determinado tiempo  $t + \frac{1}{\gamma}$  es la suma de las personas que se recuperaron en un tiempo t más las personas infectadas en el tiempo t.

---

<sup>a</sup>el resultado de la ecuación 1.10 lo obtenemos en termino de gamma, para no causar confucion dicha gamma se cambia por d, donde d representa los días que tarda una persona en recuperarse de la enfermedad

**1.2.2. Tasa de contagio**

**Afirmación 4** *Podemos aproximar al parametro  $\beta$  a partir de  $\ln(I) = mt + \ln(I_0)$  [4]*

**Demostración:** Partiendo de la ecuación 1.6

$$\frac{dI}{dt} = \beta SI - \gamma I$$

factorizando I y tomando  $m = (\beta S - \gamma)$

$$\frac{dI}{dt} = I (\beta S - \gamma)$$

$$\frac{dI}{dt} = mI$$

resolviendo la ecuación diferencial anterior por variables separables, se tiene:

$$\ln(I) = mt + c$$

$$I = I_0 e^{mt}$$

Aplicando logaritmo:

$$\ln(I) = mt + \ln(I_0)$$

□

# Bibliografía

- [1] Brauer, F., Castillo-Chavez, C., Feng, Z. (2019). Mathematical Models in Epidemiology. Alemania: Springer New York.
- [2] Martcheva, M. (2015). An Introduction to Mathematical Epidemiology. Alemania: Springer US.
- [3] Montesinos-López, Osva Antonio, & Hernández-Suárez, Carlos Moisés. (2007). *Modelos matemáticos para enfermedades infecciosas*. Salud Pública de México, 49(3), 218-226.
- [4] Lounis M, Bagal DK. Estimation of SIR model's parameters of COVID-19 in Algeria. Bull Natl Res Cent. 2020,44(1):180.