

Resumen Proyecto final

SIR generalizado para modelo epidemiológico

El modelo Susceptible-Infectado-Recuperado (SIR) es un importante modelo epidemiológico presentado en 1927 por los bioquímicos Kermarck y McKendrick que a través de un sistema de EDO's representa la evolución de contagio de alguna enfermedad infecciosa en cierta población (como supuesto, infinita). Dicho sistema se basa en ecuaciones para cada individuo de la población (s: susceptible, i: infectado y r: recuperado) donde β corresponde al número promedio de contactos por persona en el tiempo y γ es una proporción a la tasa global de recuperación.

$$s' = -\beta si \quad i' = \beta si - \gamma i \quad r' = \gamma i \quad (1)$$

En este proyecto, se trabajará con una extensión del modelo anterior expuesto en (2) que considera el número de personas por reunión como una variable aleatoria con distribución Binomial o Poisson. En donde $\mu s B(i)$ corresponde al valor esperado de la tasa de incidencia de infección.

$$s' = -\mu s B(i) \quad i' = \mu s B(i) - \gamma i \quad r' = \gamma i \quad (2)$$

A este último se le dará una interpretación probabilística explícita mediante simulación con cadenas de Markov considerando, como antes, tamaños aleatorios en las reuniones sociales, pero en una población finita, con el fin de demostrar numéricamente que para una población considerablemente grande, dicha simulación converge a la solución del sistema de EDO's asociado a dicho modelo SIR generalizado. Este resultado se sostiene en base al teorema 13 del artículo *SIR model with social gatherings*¹.

Para lo anterior, se crea la Cadena de Markov (a tiempo continuo) $X_t^N = (S_t^N, I_t^N, R_t^N)$ correspondiente a la evolución del número de individuos susceptibles, infectados y recuperados de una población finita de tamaño N , tal que, cuando X_t^N se encuentra en un estado (S, I, R) dado, se tiene la siguiente dinámica:

- A tasa γI se recupera un individuo, es decir, de (S, I, R) salta a $(S, I - 1, R + 1)$.
- A tasa μN ocurre una reunión de tamaño Θ , en donde Θ es una variable aleatoria de distribución dada a valores en $\{0, 1, 2, 3, \dots\}$. Luego, cada uno de los individuos susceptibles de la reunión se infectará tantas veces como la cantidad de individuos infectados se encuentran en la misma, cada vez con probabilidad p . Así, si J representa el número de nuevos infectados, salta de (S, I, R) a $(S - J, I + J, R)$.

Finalmente, se concluye que utilizando dicha simulación con Cadenas de Markov, las proporciones $(S_t^N/N, I_t^N/N, R_t^N/N)$ convergen a la solución del sistema de EDO's (2) asociado al modelo SIR generalizado con tamaños de reunión aleatorios, cuando el tamaño de la población N es considerablemente grande.

¹ Cortez, Roberto. (2022). SIR model with social gatherings. 14-17.