

Simulación del modelo SIR

Modelación Epidemiológica en R

Antonio Alvarez

[linkedin.com/in/aaalvarez94](https://www.linkedin.com/in/aaalvarez94)

aqalag94@gmail.com

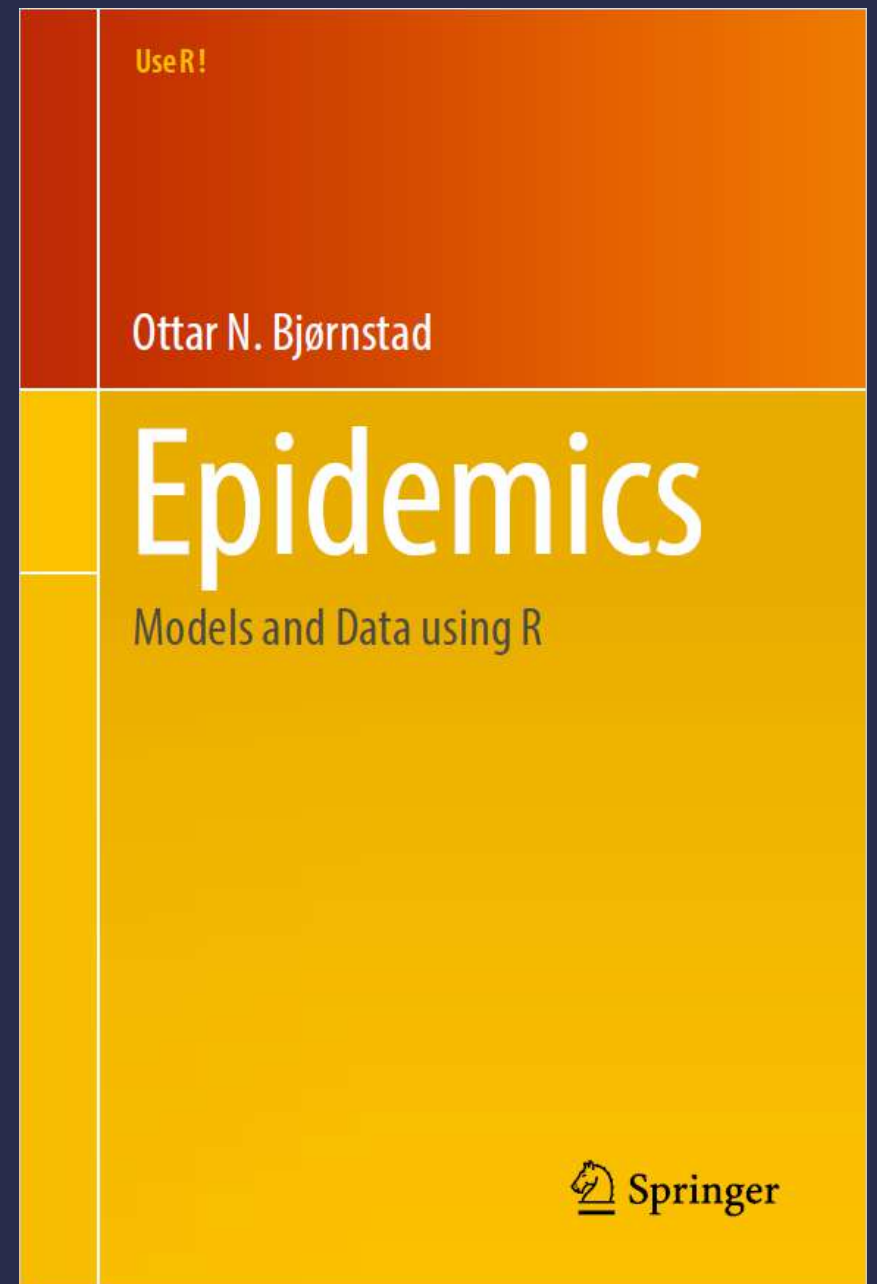
5.04.2020



Fuente

Esta charla fue altamente influenciada por el trabajo de Ottar N. Bjørnstad y su libro "Epidemics: Models and data using R"

Para mas detalles y modelos mas complejos, referirse a este trabajo. El cual lo pueden descargar desde este [link](#).



Modelos Epidemiológicos

Modelos matemáticos que tratan de modelar la evolución de una epidemia en sus diferentes **etapas**, teniendo en cuenta una lista *presunciones*



Ayudan a científicos determinar la duración de una epidemia y entender formas de disminuir su impacto en la población en general

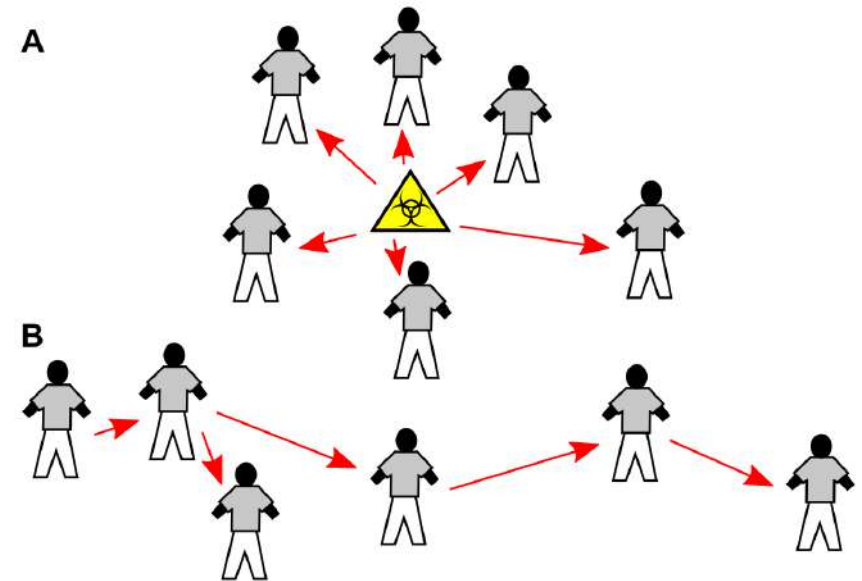
Características de los modelos

Define **ecuaciones diferenciales** evaluadas en la *escala temporal*

Poseen parámetros que logran definir la naturaleza de la enfermedad, la distribución de la población y/o intervenciones en salud pública

2 tipos

- *Deterministas*
- *Estocásticas*



Modelo SIR

Modelo de compartimientos con 3 espacios

1. El tamaño de la población es constante
2. La velocidad de contagio es proporcional al contacto
3. Los infectados son removidos a una velocidad constante

Susceptibles: $S(t)$

El numero de personas que pueden adquirir la enfermedad

Infectados: $I(t)$

El numero de personas que están contagiados

Removidos: $R(t)$

Personas que ya no pueden contraer el contagio

Explicación

SIR

Susceptibles

$$\frac{dS}{dt} = -\beta I \frac{S}{N} + \mu(N - S)$$

Infectados

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

Removidos

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I - \mu R$$

Implementación en R

```
sirmod <- function(t, y, parms) {  
  # Condiciones iniciales  
  S <- y[1]  
  I <- y[2]  
  R <- y[3]  
  # Parametros del modelo  
  beta <- parms["beta"]  
  mu <- parms["mu"]  
  gamma <- parms["gamma"]  
  N <- parms["N"]  
  # Ecuaciones  
  dS <- mu * (N - S) - beta * S * I/N  
  dI <- beta * S * I/N - (mu + gamma) * I  
  dR <- gamma * I - mu * R  
  res <- c(dS, dI, dR)  
  # Resultados del gradiente  
  list(res)  
}
```

```
tiempo <- seq(0, 26, by = 1/10)  
parms <- c(mu = 0, beta = 2, gamma = 1/2, N = 1)  
inic <- c(S = 0.999, I = 0.001, R = 0)  
  
df <- ode(y=inic, times=tiempo, func=sirmod, parms=parms)  
df <- as_tibble(out)
```

Definimos las ecuaciones diferenciales
usando una función de 3 parámetros

- Tiempo

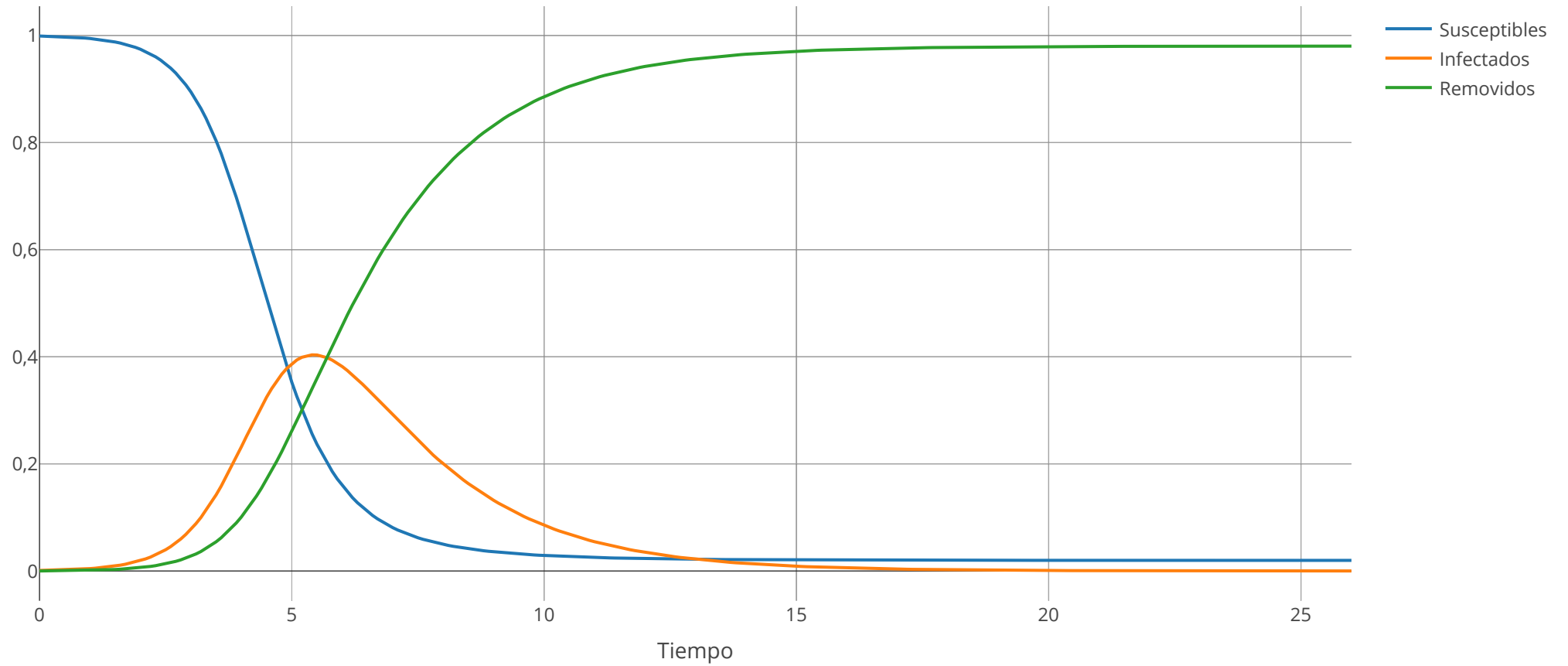
- Condiciones iniciales

- Parámetros de las e.d. μ, β, γ, N

Para la integración, usaremos la función
ode del paquete **deSolve**

Definimos los vectores para empezar la
simulación

Simulación



3 parámetros que necesita un Epidemiólogo

La velocidad de
recuperación/remoción
Fatality rate

α

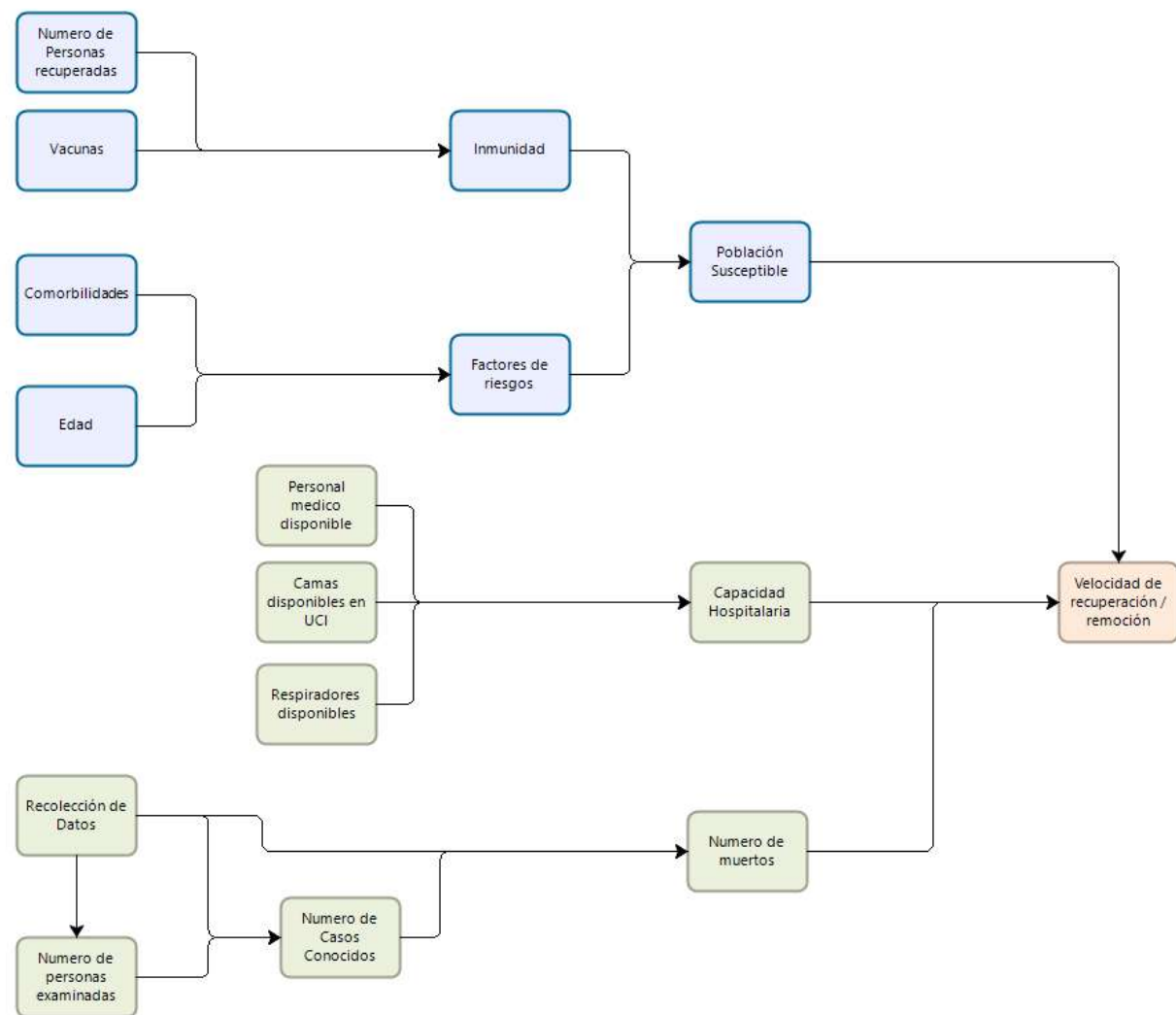
La velocidad de infección
Infection rate

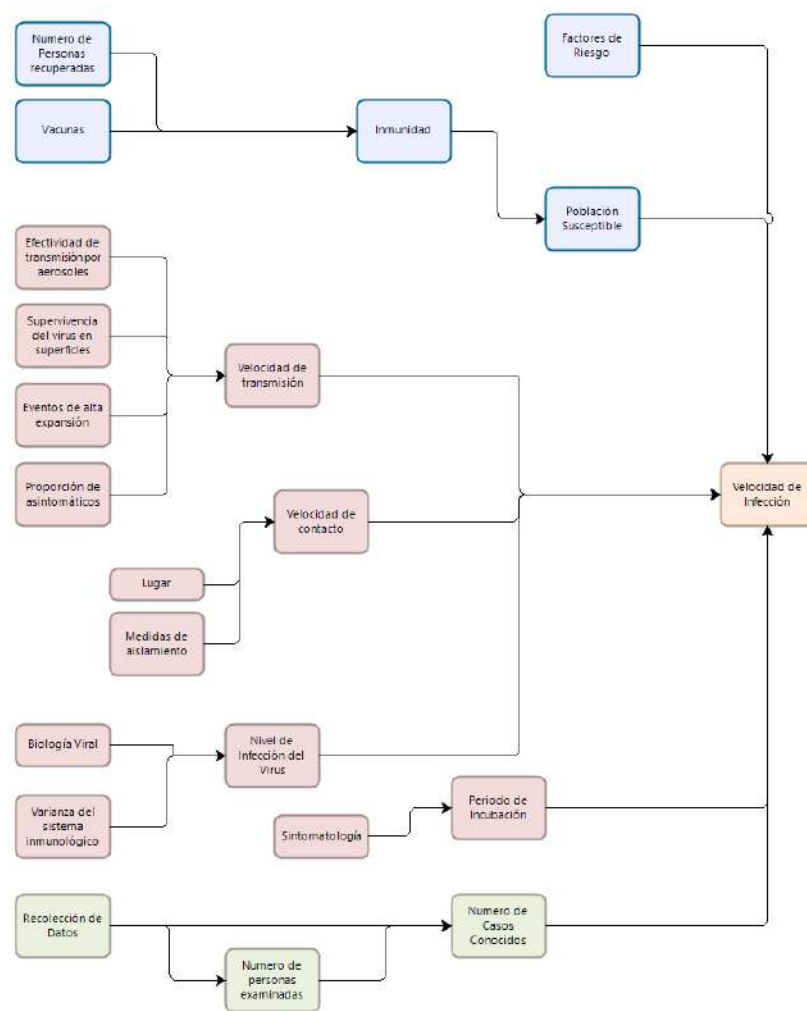
β

Numero de susceptibles
Susceptible Population

S

α



β 

Depende de muchos parámetros y presunciones

Siempre necesitara recoger datos

Hay que convivir con alta incertidumbre

'Todos modelos están mal, pero algunos son útiles' - E.P. Box, FRS

Epidemiología es compleja...



Mas lecturas

- Bjørnstad, O., 2018. Epidemics: models and data with R. Springer Science+Business Media, New York, NY.
- D'Souza, G., 2020. Fighting COVID-19 with Epidemiology: A Johns Hopkins Teach-Out. URL <https://www.coursera.org/learn/covid19-epidemiology>
- Koerth, M., Bronner, L., Mithani, J., n.d. Why It's So Freaking Hard To Make A Good COVID-19 Model. URL <https://fivethirtyeight.com/features/why-its-so-freaking-hard-to-make-a-good-covid-19-model/>
- Rock, T., n.d. Oxford Mathematician explains SIR disease model for COVID-19 (Coronavirus). URL <https://www.youtube.com/watch?v=NKMHhm2Zbkw>