

Modelo SIR para la propagación de enfermedades

Ulises Maximino Garibay Valladolid

Facultad de ciencias Físico-Matemáticas, Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Cd. Universitaria, 58040 Morelia, Michoacán

(Dated: May 19, 2020)

En esta practica el objetivo será trabajar con el modelo SIR ejemplificando 3 casos distintos y analizar su comportamiento.

I. INTRODUCCIÓN

Resolveremos el modelo básico de propagación de un brote epidémico. Este modelo asume la existencia de tres poblaciones interactuando: los individuos susceptibles a ser infectados S , la población de individuos infectados I y la población de individuos curados R . Las tres poblaciones interactúan de acuerdo al siguiente sistema de ecuaciones:

$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= \mu N - \mu S - \beta \frac{SI}{N} \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{SI}{N} - \gamma I - \mu I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I - \mu R\end{aligned}\quad (1)$$

sujeto a la condición $N = S + I + R$ constante, y todos los coeficientes $\mu\beta\gamma$ tienen que ser positivos.

El coeficiente μ indica en la primera ecuación, que el numero de posibles infectados incrementa con el numero de infectados y recuperados, notese que $\mu N - S = \mu I + R$. En la tercera ecuación se indica el decrecimiento de R y que es transferido a la población S , lo que debe indicar que los infectados se recuperaron y son susceptibles de nuevo. El coeficiente β en la primera ecuación indica las personas susceptibles, en contacto con las personas infectadas produce un descenso de personas susceptibles saludables. Note que el mismo termino aparece en la segunda ecuación con signo positivo, lo que significa que los individuos en el conjunto S han sido transferidos al conjunto I por la interacción entre susceptibles y infectados. Finalmente γ indica cuan rápido los individuos son transferidos de los infectados a los recuperados.

Una normalización que ayuda a analizar los resultados consiste en definir nuevas variables $s = S/N$, $i = I/N$ y $r = R/N$. El sistema de arriba escrito usando estas variables normalizadas es

$$\begin{aligned}\frac{ds}{dt} &= \mu - \mu s - \beta si \\ \frac{di}{dt} &= \beta si - \gamma i - \mu i \\ \frac{dr}{dt} &= \gamma i - \mu r\end{aligned}\quad (2)$$

En esta normalización $\sigma = \frac{\beta}{\mu + \gamma}$ es interpretada como la cantidad de contactos entre las poblaciones normalizadas i y s . El numero $1/\mu$ es interpretado como el lapso medio de tiempo necesitado para que un individuo susceptible se infecte.

Diferentes valores de β, γ, μ y diferentes condiciones iniciales $s_0 = s(t=0)$, $i_0 = i(t=0)$ y $r_0 = r(t=0)$ implicaran diferentes resultados

II. RESULTADOS Y CONCLUSIÓN

Consideraremos 3 escenarios para ilustrar el comportamiento del modelo. Usaremos una resolución $\Delta t = 0.1$ para cada escenario y el tiempo t sera contado en días.

Escenario 1.- Para este caso usaremos los parámetros $1/\mu = 60$, $\gamma = 1/3$ y $\sigma = 1/2$. Como condiciones iniciales empezaremos con 0 recuperados y usaremos varias combinaciones iniciales de poblaciones de susceptibles y infectados tal que $s_0 + i_0 = 1$, con $s_0 = 0.1, 0.2, 0.3, \dots, 0.9$. Como se puede observar en 1a el valor asintotico para infectados en el tiempo tiende a 0, y la población susceptible a 1, esto nos dice que la población en el tiempo estará saludable y que la infección acabara por terminar, sin embargo en este caso la población se vuelve totalmente susceptible lo que la hace propensa a un nuevo brote. En 1b se muestra el espacio de fase para los individuos susceptibles e infectados s, i como se puede observar a medida que hay menos infectados hay mas numero de individuos susceptibles ya que $1/\mu = 60$ es un valor relativamente grande.

Escenario 2.- En este caso fijamos los parámetros $1/\mu = 60$, $\gamma = 1/3$ y $\sigma = 3$, lo que significa que la cantidad de contactos, parametrizado como σ es seis veces mas grande que en el escenario 1, también se usaran las mismas condiciones iniciales anteriores. El resultado para diferentes condiciones iniciales dirigen cada población a un valor asintotico constante no cero. Este comportamiento se dice que es endémico porque las 3 poblaciones coexisten con poblaciones no-cero. En 2a se puede observar el comportamiento de las 3 poblaciones en el tiempo y como los valores asintoticos no dependen de las 9 condiciones iniciales, también se observa como la curva de infección es algo pronunciada en poco tiempo y en el espacio de fase (2b)

para s,i se muestra una espiral con un valor atractor que refleja la relación de susceptibles e infectados que habrá en el tiempo

Escenario 3.- En este caso fijaremos los parámetros $1/\mu = 365$, $\gamma = 1/14$ y $\sigma = 15$, lo que buscamos con estos parámetros es representar el caso específico del virus del sarampión (En el caso donde no existe vacuna ni hay inmunidad previa), tampoco se consideran en este tipo de modelo varias variables importantes como el número de muertes, la población variable, etc. Solo estamos considerando $\sigma = 15$ lo que se refiere a la tasa de reproducción del virus la cual es muy grande en el caso del sarampión si no se toman medidas, $\mu = 1/365$ un valor pequeño ya que los recuperados no se pueden infectar nuevamente y solo los nuevos individuos enferman, y $\gamma = 1/14$ que es la tasa de recuperación equivalente a un periodo de latencia de 14 días, valor promedio que dura la enfermedad. Como se puede observar en 3a, la curva de individuos infectados, la cual corresponde a la curva roja es muy pronunciada mucho mas que en 2a al poco tiempo de iniciar la enfermedad si no se toman medidas, la mayor parte de la población estará infectada, y después decrece hasta llegar a un valor asintótico en el tiempo en el cual no hay muchos infectados ni personas susceptibles pero que sigue un comportamiento endémico. En 3b se muestra el diagrama de espacio de fase entre susceptibles e infectados, se aprecia como resulta en una espiral atractora pero muy diferente a la del escenario anterior, en esta el valor atractor esta cerca del origen lo que concuerda con los valores asintóticos pequeños de la gráfica 3a, y también se observa como la población susceptible decrece rápidamente a medida que crece la población infectada.

Es importante analizar que entre mayor tasa de transmisión β la curva de infección es mas pronunciada y crece de manera muy rápida, sobre todo en el ultimo caso que se llega a una infección muy grande de la población en muy poco tiempo, es importante tratar de reducir el contacto y tomar medidas de manera rápida y oportuna para tratar de que la curva de infección sea mas reducida y que no haya una población demasiado grande de enfermos en tan poco tiempo, osea se busca una β lo mas pequeña posible y por tanto que $\sigma = \frac{\beta}{\gamma + \mu}$ tenga un valor pequeño.

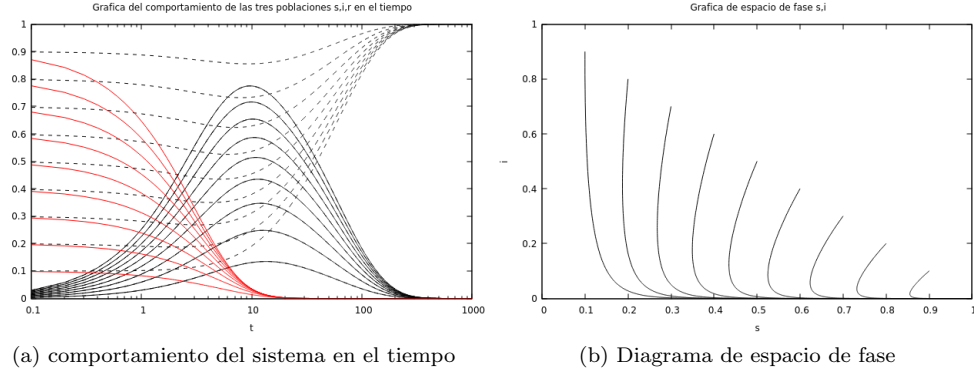


FIG. 1: Se muestran los dos gráficos para el escenario 1. En 1a se muestra el comportamiento de las 3 poblaciones en el tiempo, las líneas punteadas corresponden a s las rojas a i y las negras continuas a r . En 1b se muestra el diagrama de espacio de fase s, i

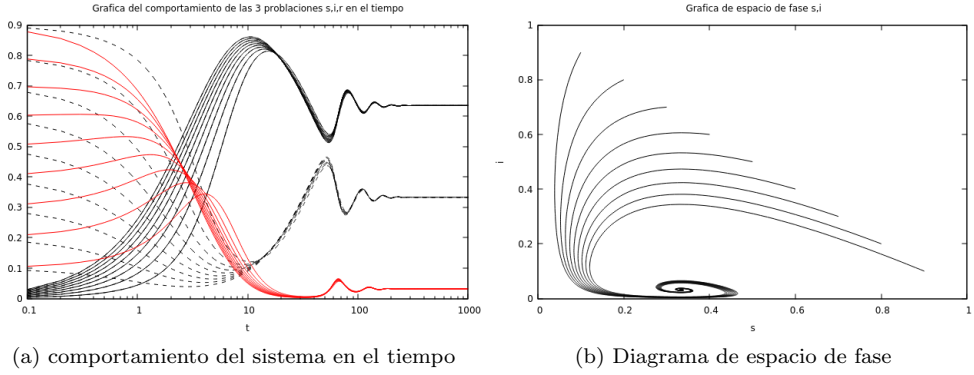


FIG. 2: Se muestran los dos gráficos para el escenario 2. En 2a se muestra el comportamiento de las 3 poblaciones en el tiempo, las líneas punteadas corresponden a s las rojas a i y las negras continuas a r . En 2b se muestra el diagrama de espacio de fase s, i

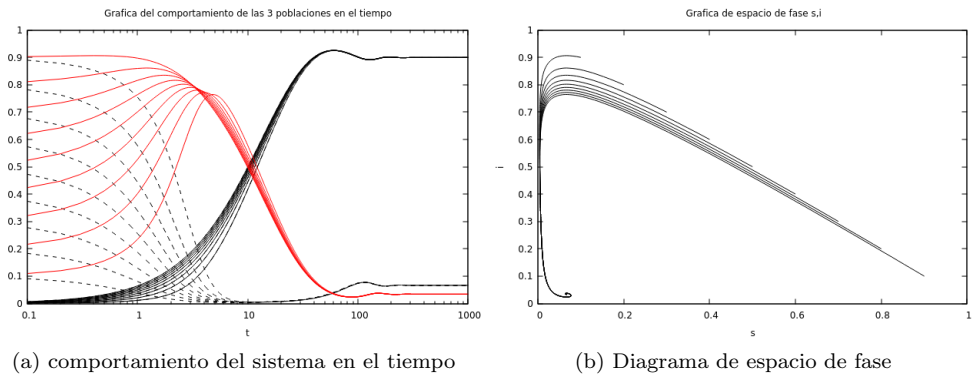


FIG. 3: Se muestran los dos graficos para el escenario 3. En 3a se muestra el comportamiento de las 3 poblaciones en el tiempo, las líneas punteadas corresponden a s las rojas a i y las negras continuas a r . En 3b se muestra el diagrama de espacio de fase s, i