



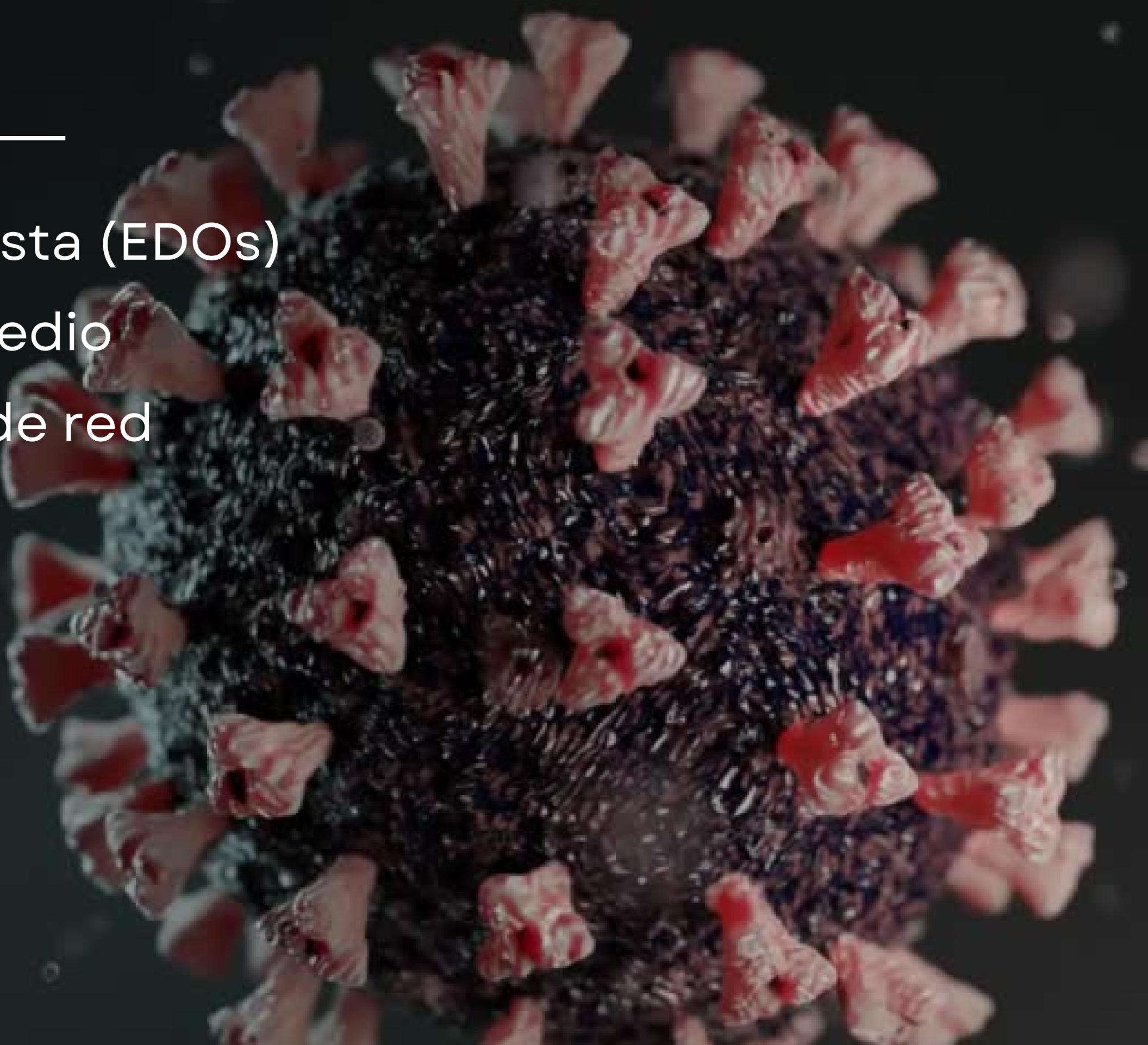
MODELO SIR:

Dinámica de propagación de un virus

José Carlos Riego Mozas y Pablo Rodríguez Soria
Mecánica Estadística

INDICE

1. Modelo SIR determinista (EDOs)
2. Modelo SIR campo medio
3. Modelo SIR discreto de red
 - 4 vecinos
 - 8 vecinos
 - Confinamiento
 - Permisivo
 - Estricto



Modelo SIR Determinista (EDOs)

- Modelo determinista que describe la dinámica no hamiltoniana de propagación de un virus en un sistema cerrado



Susceptible Infectado Recuperado

tasa de transmisión
del virus

$b \in (0, 1]$ [días⁻¹]

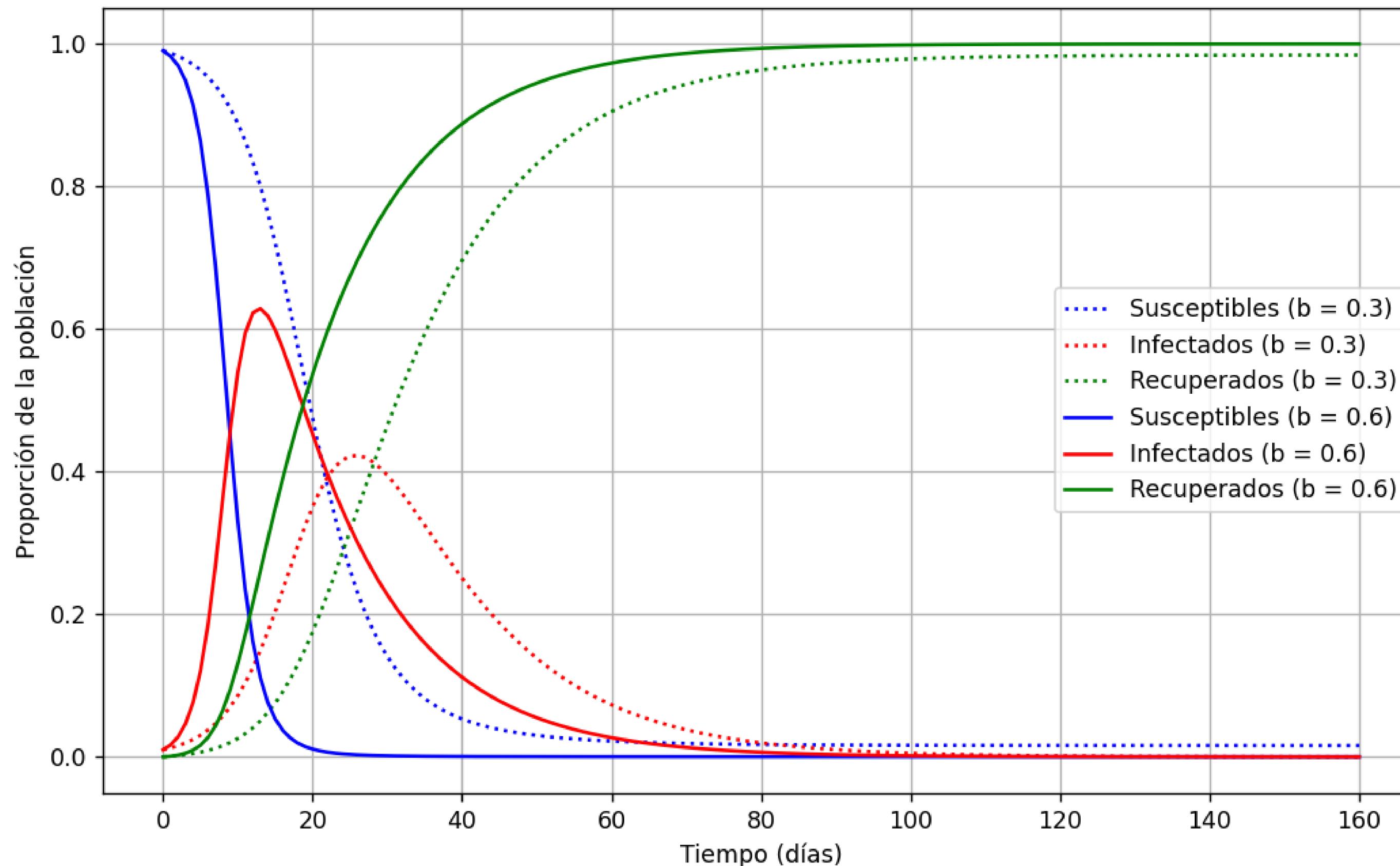
$$\frac{ds(t)}{dt} = -b i(t) s(t)$$

tiempo promedio
de recuperación

$$\frac{di(t)}{dt} = -\frac{ds(t)}{dt} - \frac{dr(t)}{dt} \quad \left| \quad \frac{dr(t)}{dt} = k i(t) \right. \quad t_p = 1/k \text{ [días]}$$

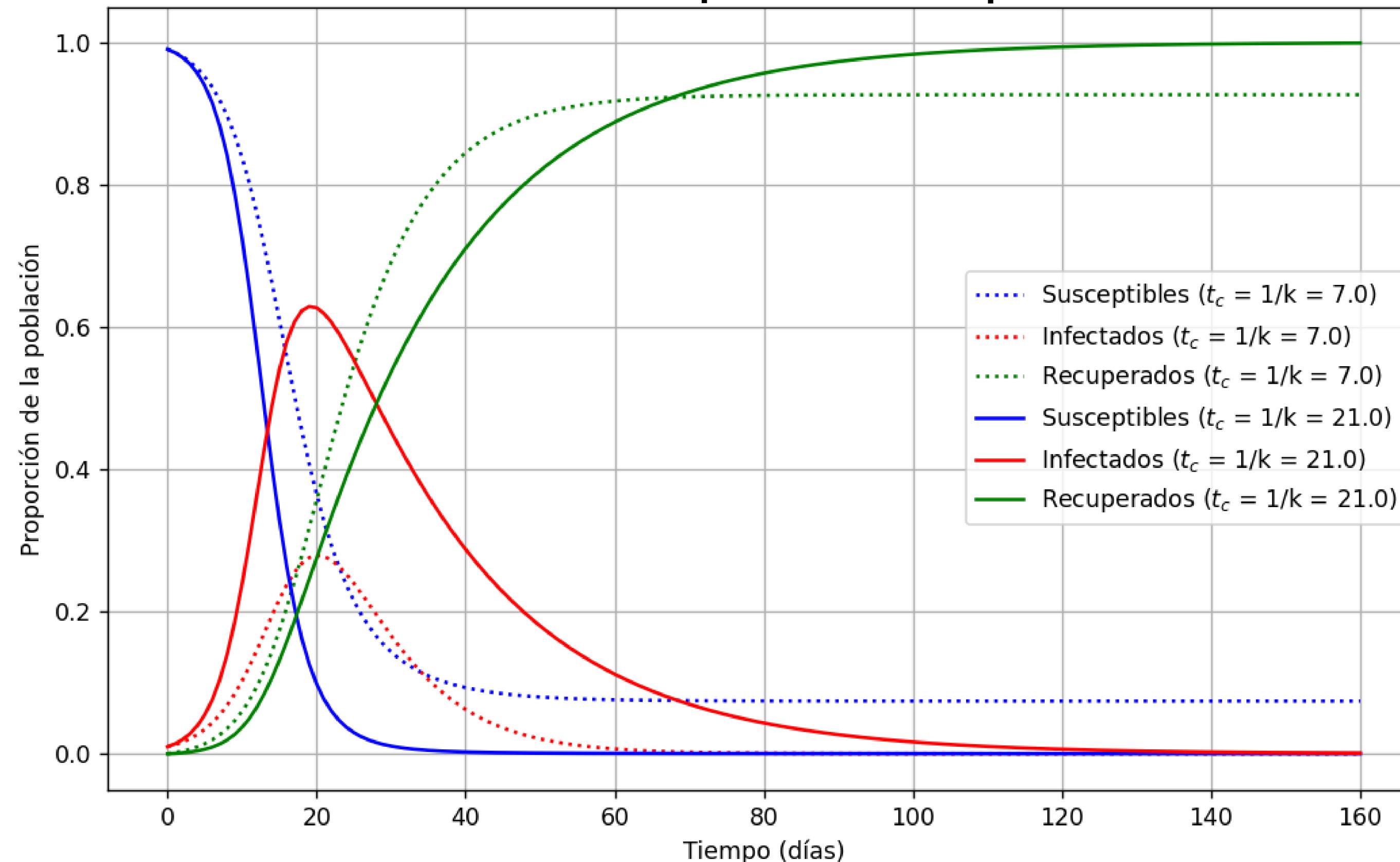
Modelo SIR Determinista (EDOs)

Ejemplo: $t_p = 1/k = 21$ días ; $b_1 = 0.3$ y $b_2 = 0.6$



Modelo SIR Determinista (EDOs)

Ejemplo: $b = 0.4$; $t_{p1} = 7$ días y $t_{p2} = 21$ días





MODELOS SIR: APROXIMACIÓN DE CAMPO MEDIO

Modelo SIR de campo medio - Método de Monte Carlo

1. Inicializar el sistema: creamos una matriz “network” con el estado de cada individuo

- **Susceptible:** $\text{network}[i,j] = 1$
- **Infectado:** $\text{network}[i,j] = 2$
- **Recuperado:** $\text{network}[i,j] = 3$

1.1 Proporción inicial de infectados:
elegimos aleatoriamente una
proporción de individuos
infectados inicial $i_0 = 0.01$

1	1	1	1
2	1	1	1
1	1	2	1
1	1	1	1

Ejemplo: matriz inicial

Modelo SIR de campo medio - Método de Monte Carlo

2. Paso Monte Carlo

2.1 Recorremos la red individuo a individuo

2.2 Si el individuo es **susceptible**, lo infectamos según la probabilidad P_i

2.3 Si el individuo está **infectado**, lo recuperamos según la probabilidad P_r

3. Iteramos hasta t_{\max}

A diagram illustrating the Monte Carlo time step formula:

$$P_i(t) = b \cdot \Delta t \cdot i(t)$$

Annotations:

- A green circle surrounds Δt .
- An orange circle surrounds $i(t)$.
- A green arrow labeled "paso de tiempo MC" points to Δt .
- An orange arrow labeled "proporción de infectados" points to $i(t)$.

A diagram illustrating the recovery probability formula:

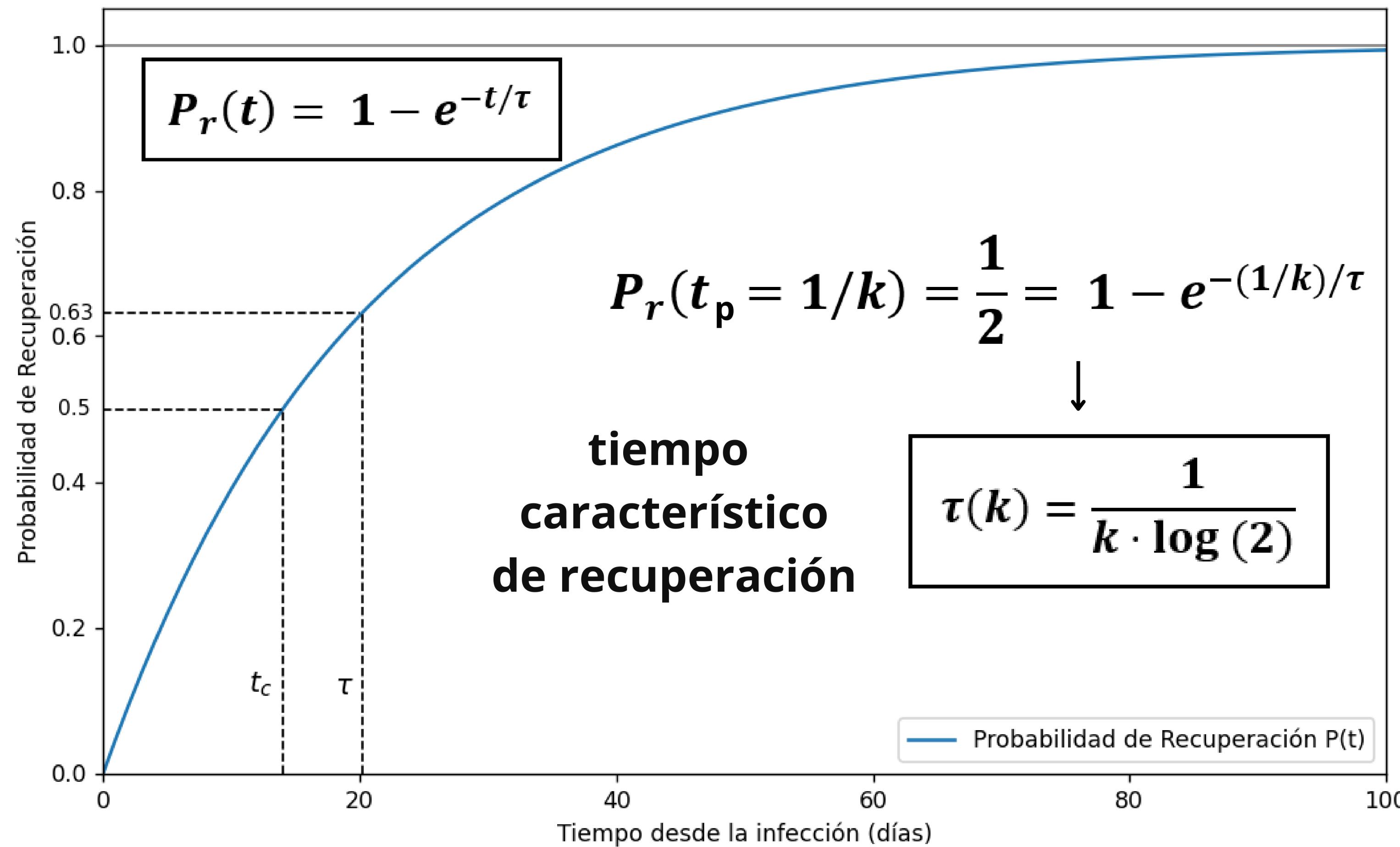
$$P_r(t) = 1 - e^{-t/\tau}$$

Annotations:

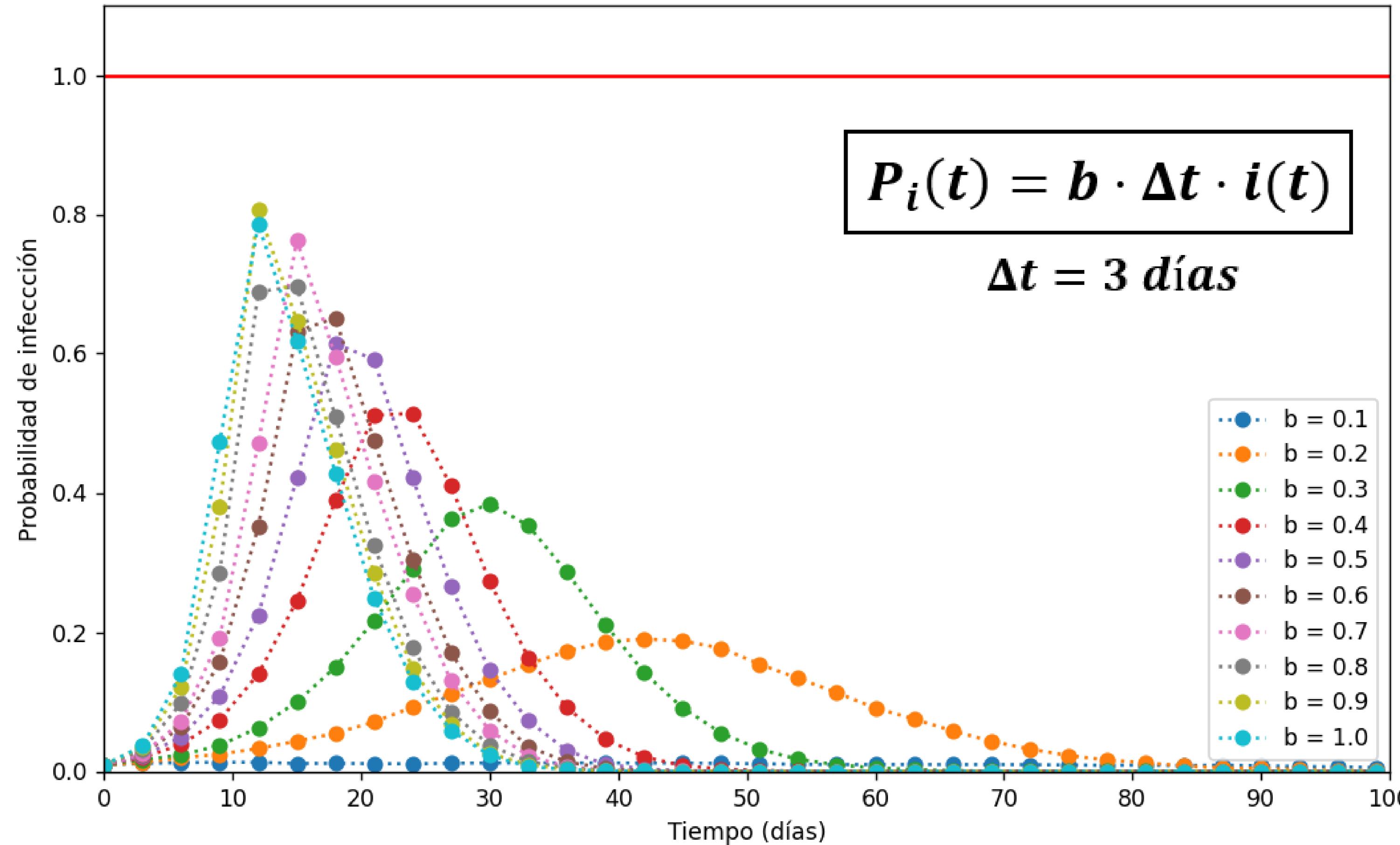
- A blue circle surrounds τ .
- A blue arrow points to τ with the label "tiempo característico de recuperación".

tiempo característico
de recuperación

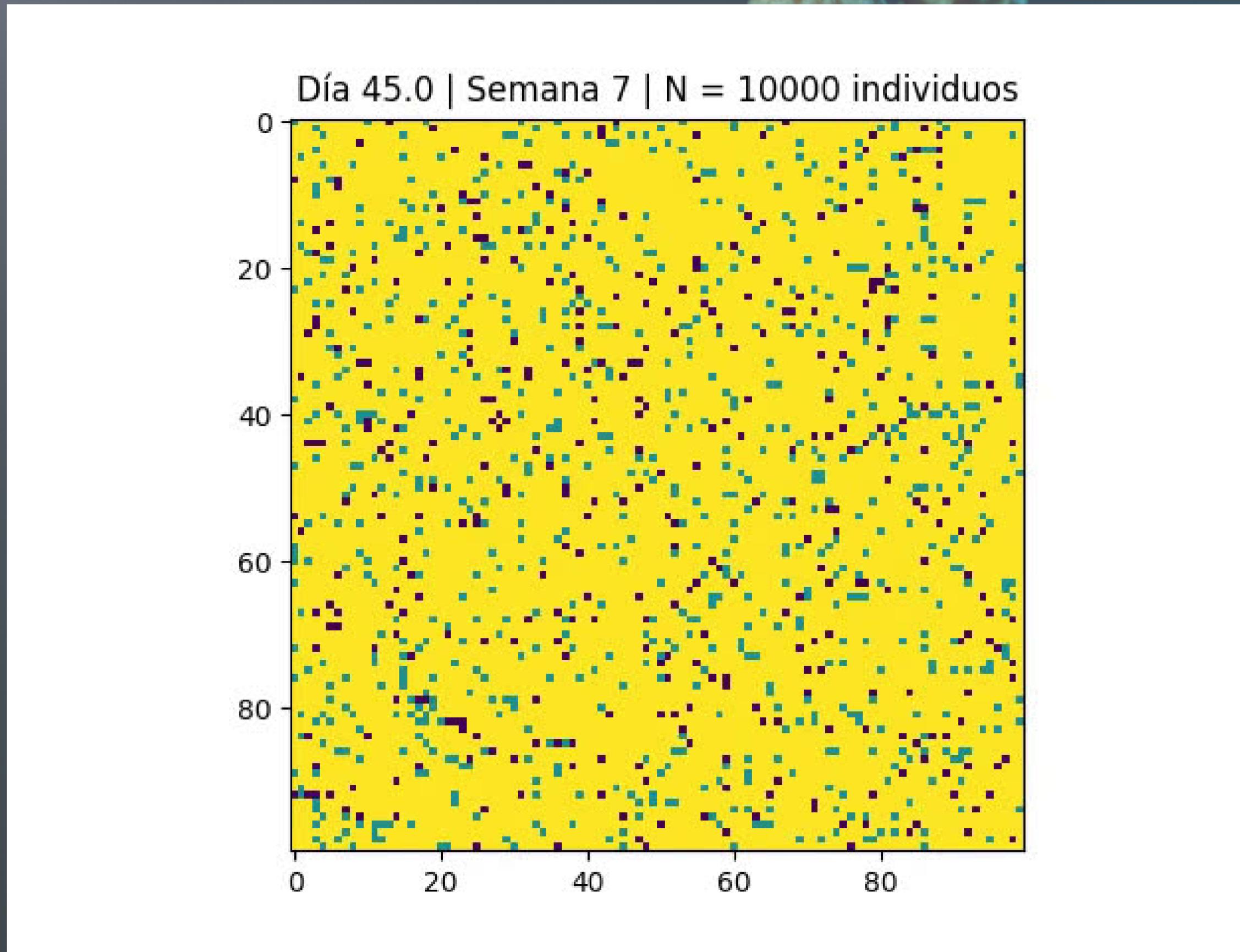
Probabilidad de recuperación - normalización ✓



Probabilidad de infección - normalización ✓

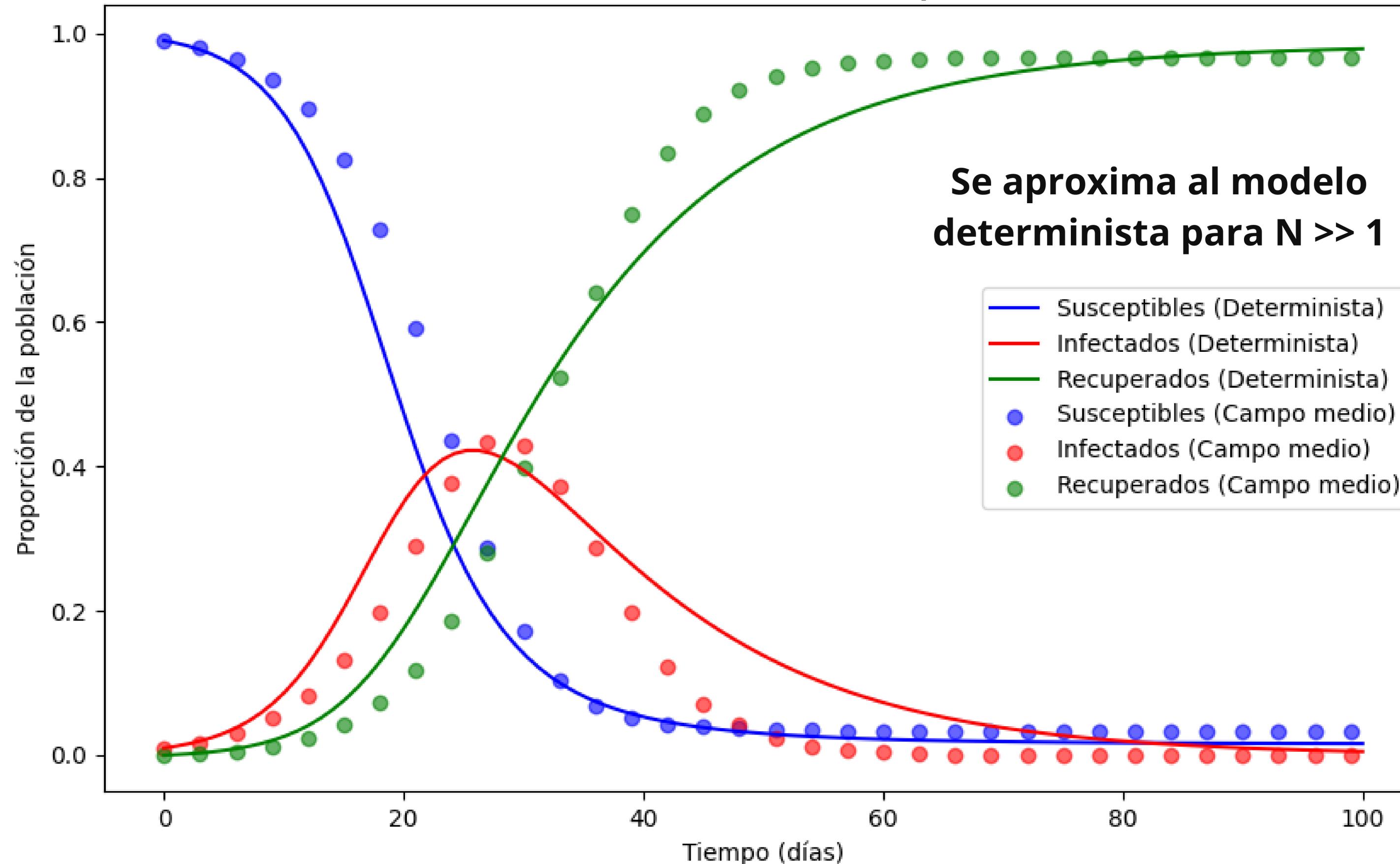


Modelo SIR de campo medio - Animación hasta 100 días



Modelo de campo medio - comparación con determinista

Ejemplo: $N = 10.000$ individuos; $b = 0,3$; $t_p = 14$ días; $dt = 3$ días





MODELOS SIR: MODELO DISCRETO DE RED

Modelo SIR de red - Método de Monte Carlo

1. Inicializar la red fija de individuos: elegimos aleatoriamente una proporción de individuos infectados inicial $i_0 = 0.01$

2. Paso Monte Carlo

2.1 Recorremos la red individuo a individuo

2.2 Si el individuo está **sano**, lo infectamos según la probabilidad P_c

2.3 Si el individuo está **infectado**, lo recuperamos según la probabilidad P_r

3. Iteramos hasta t_{\max}

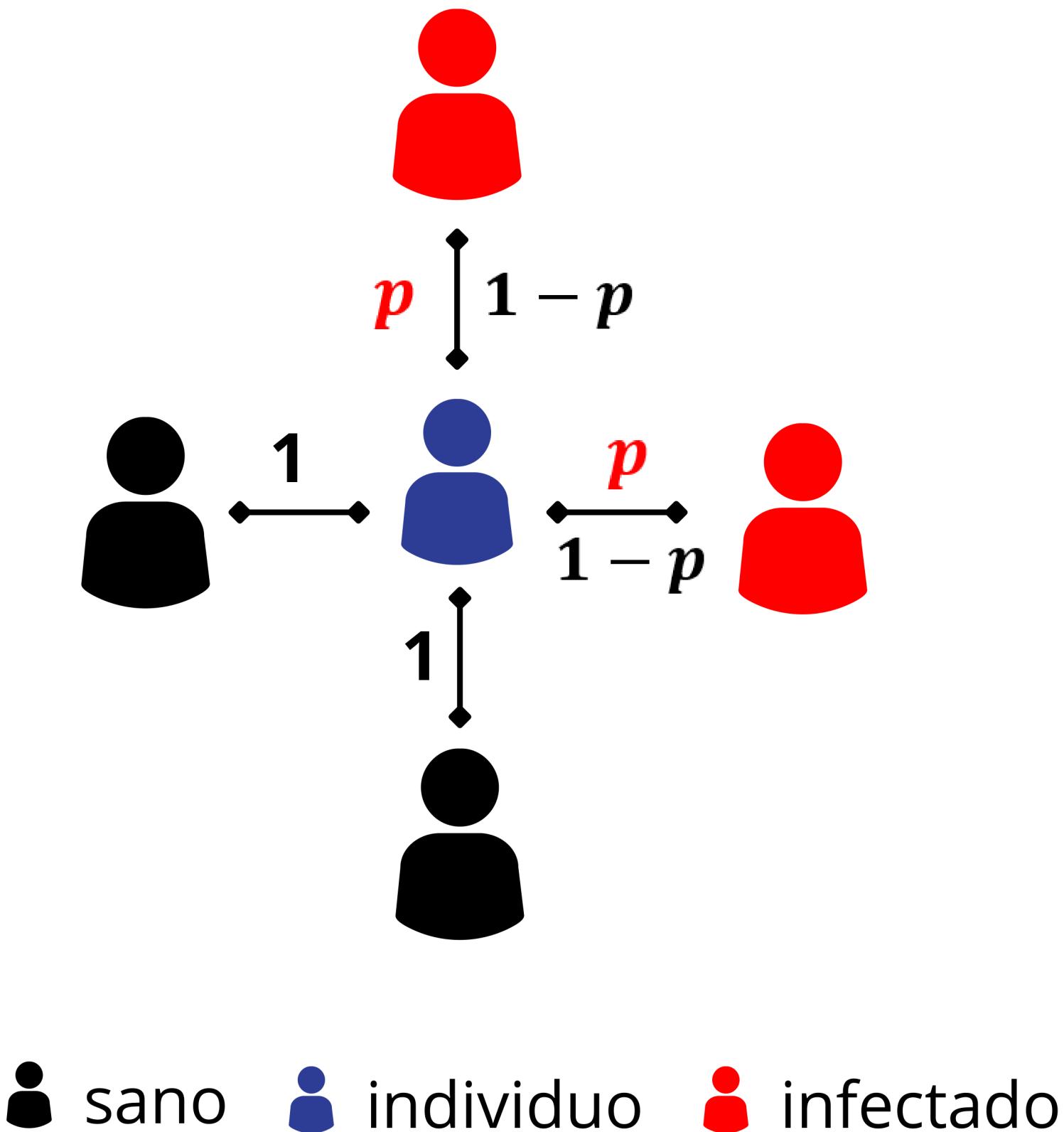
probabilidad de
infectarse
en un contacto

$$P_c = 1 - (1 - p)^v$$

$$P_r(t) = 1 - e^{-t/\tau}$$

tiempo característico
de recuperación

Probabilidad de infección: 4 vecinos - normalización ✓



Ejemplo: 2 vecinos infectados

p = probabilidad de contagiarse

$1 - p$ = probabilidad de no contagiarse

$$P_{No\;c} = (1 - p) \cdot (1 - p) \cdot 1 \cdot 1$$

$$P_c = 1 - P_{No\;c} = 1 - (1 - p)^2$$

para
 v vecinos
infectados

$$P_c = 1 - (1 - p)^v$$

Probabilidad de contagio

Probabilidad de infección: relación entre b y p (4 vecinos)

Parámetro b
(tasa infección)

- Número de contactos promedio de cada individuo
- Probabilidad de contagio en 1 contacto (p)
 - Infectividad del virus
 - Sistema inmunológico de la población
 - etc

v vecinos
infectados

Para que la probabilidad de contagio dependa de b:

Si fijamos 4 contactos → tenemos que variar p

Probabilidad de contagio

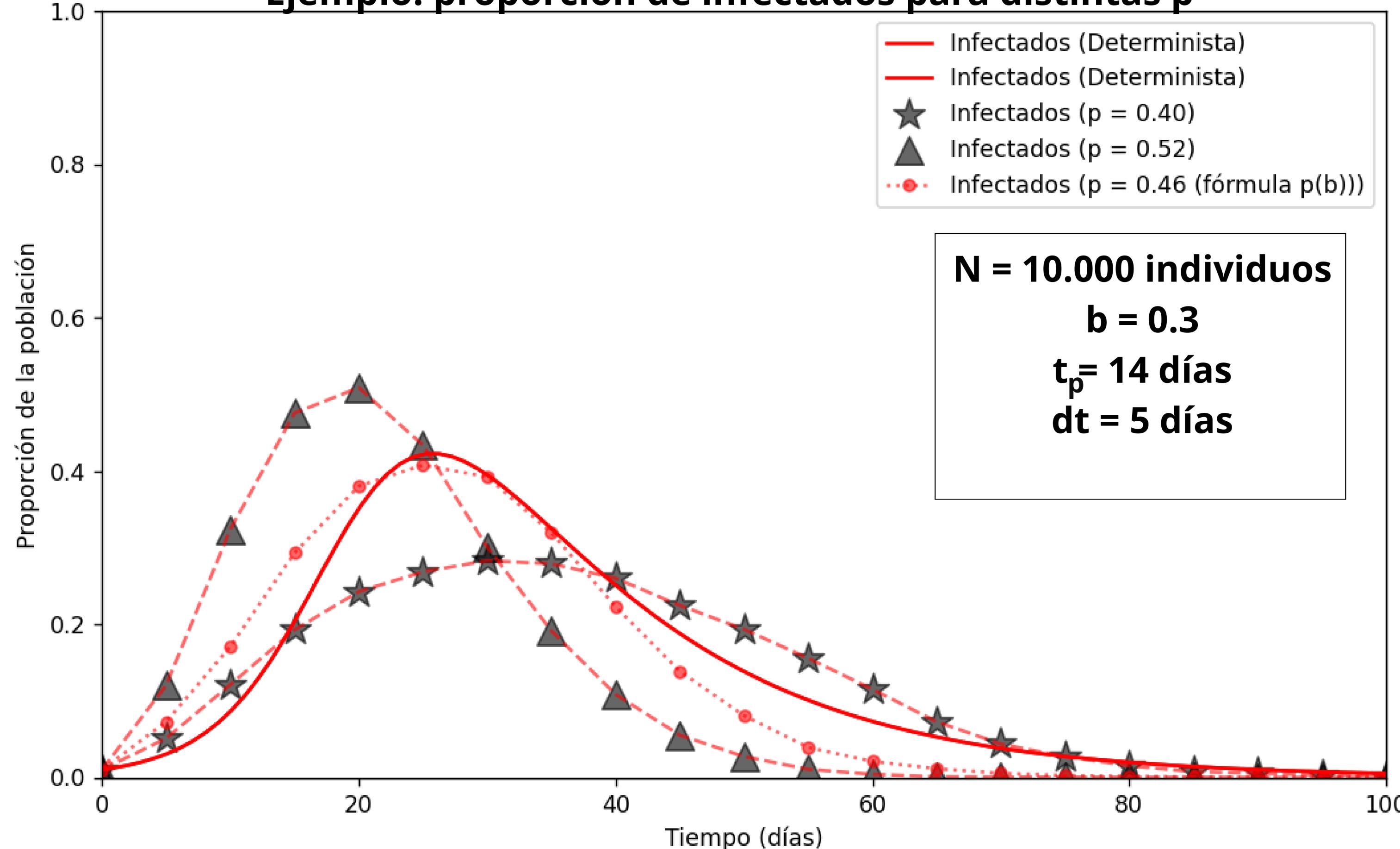
$$P_C = 1 - (1 - p)^v$$

¿Cómo relacionamos b y p?

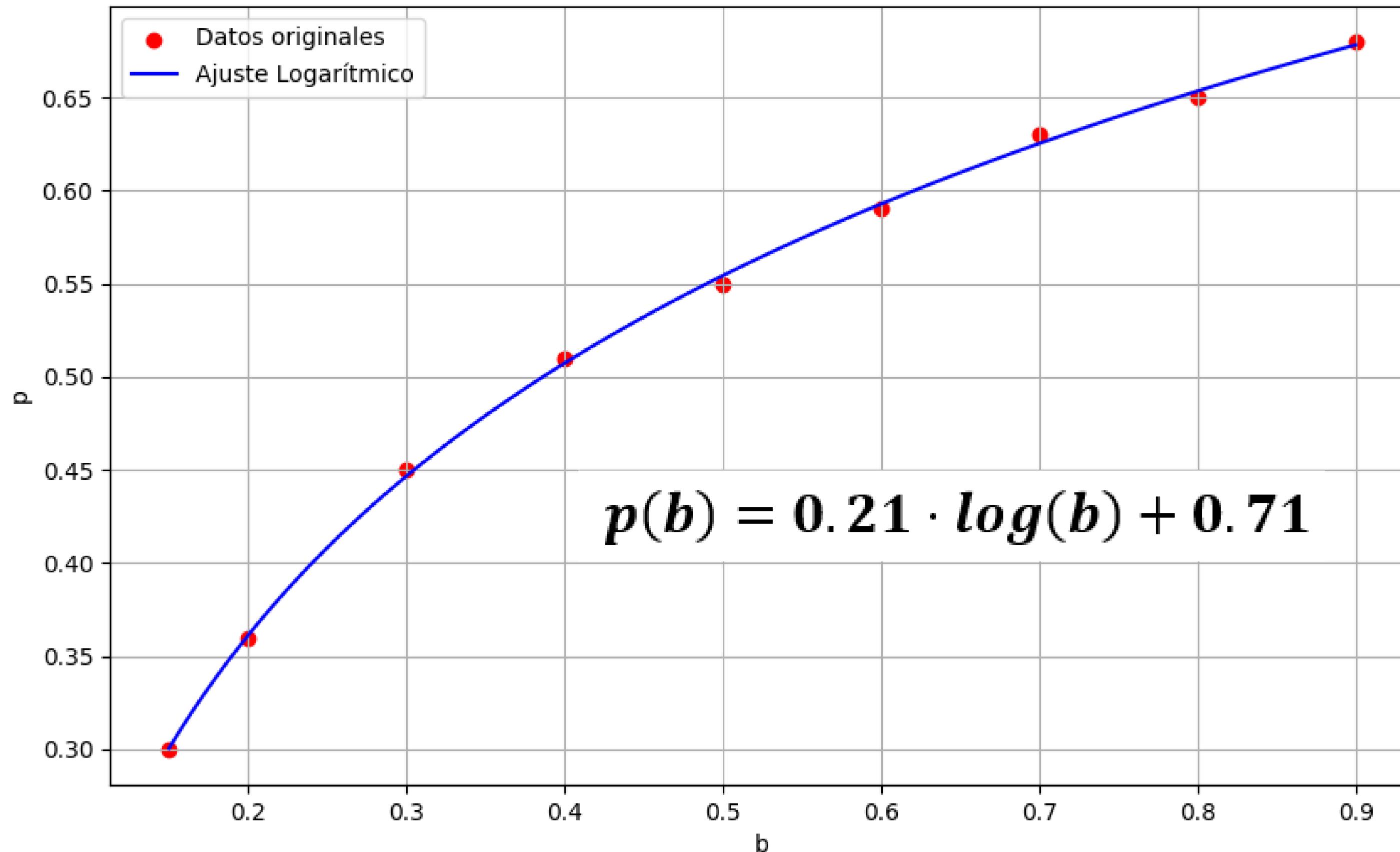
1. Representamos las proporciones SIR para el modelo determinista, usando un b arbitrario
2. Modificamos p en el modelo discreto de red hasta que las gráficas de ambos modelos sean muy similares
3. Repetimos este proceso para varias p y b, y ajustamos los datos para obtener p(b)

Probabilidad de infección: relación entre b y p (4 vecinos)

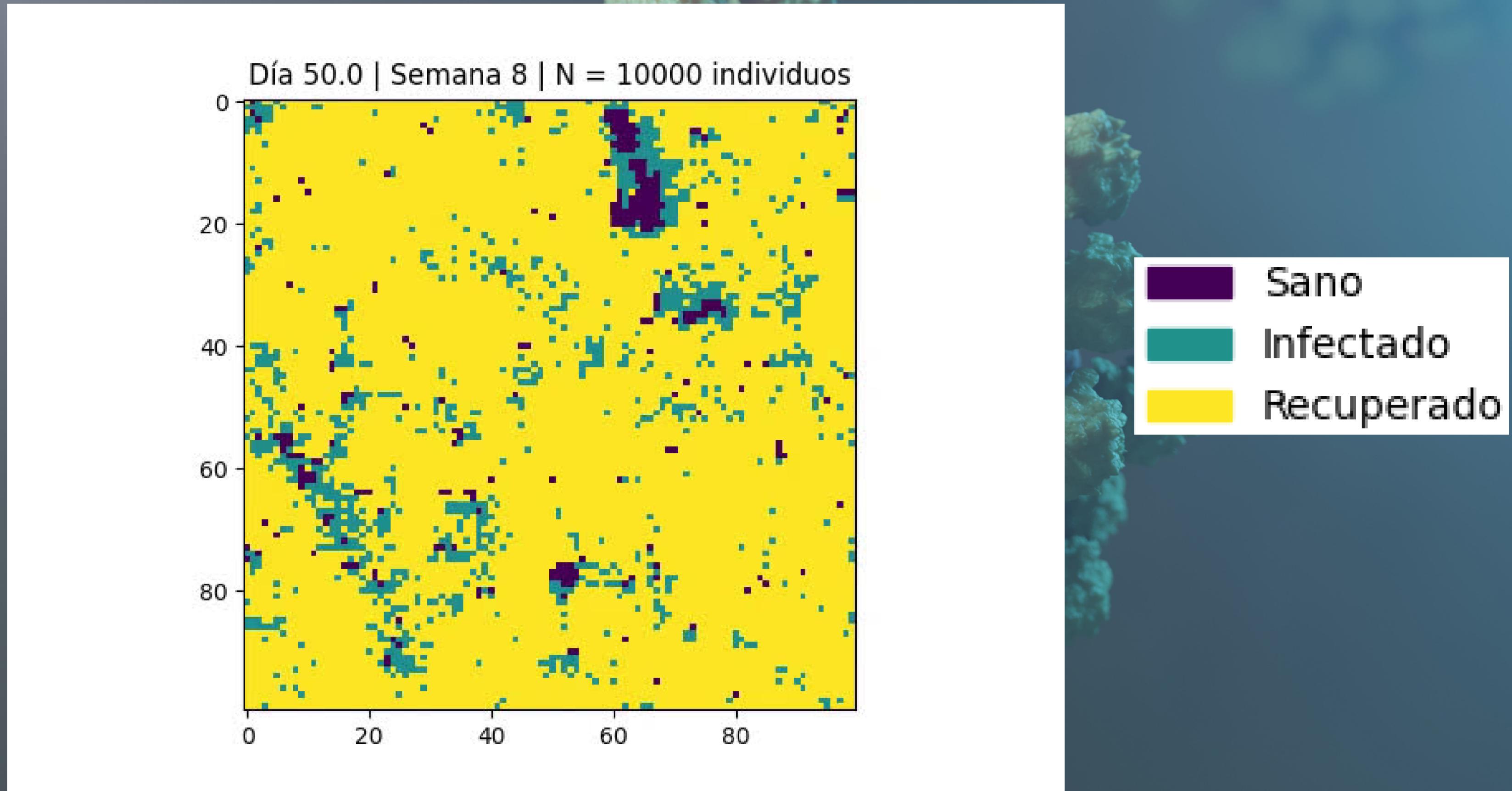
Ejemplo: proporción de infectados para distintas p



Probabilidad de infección: relación entre b y p (4 vecinos)

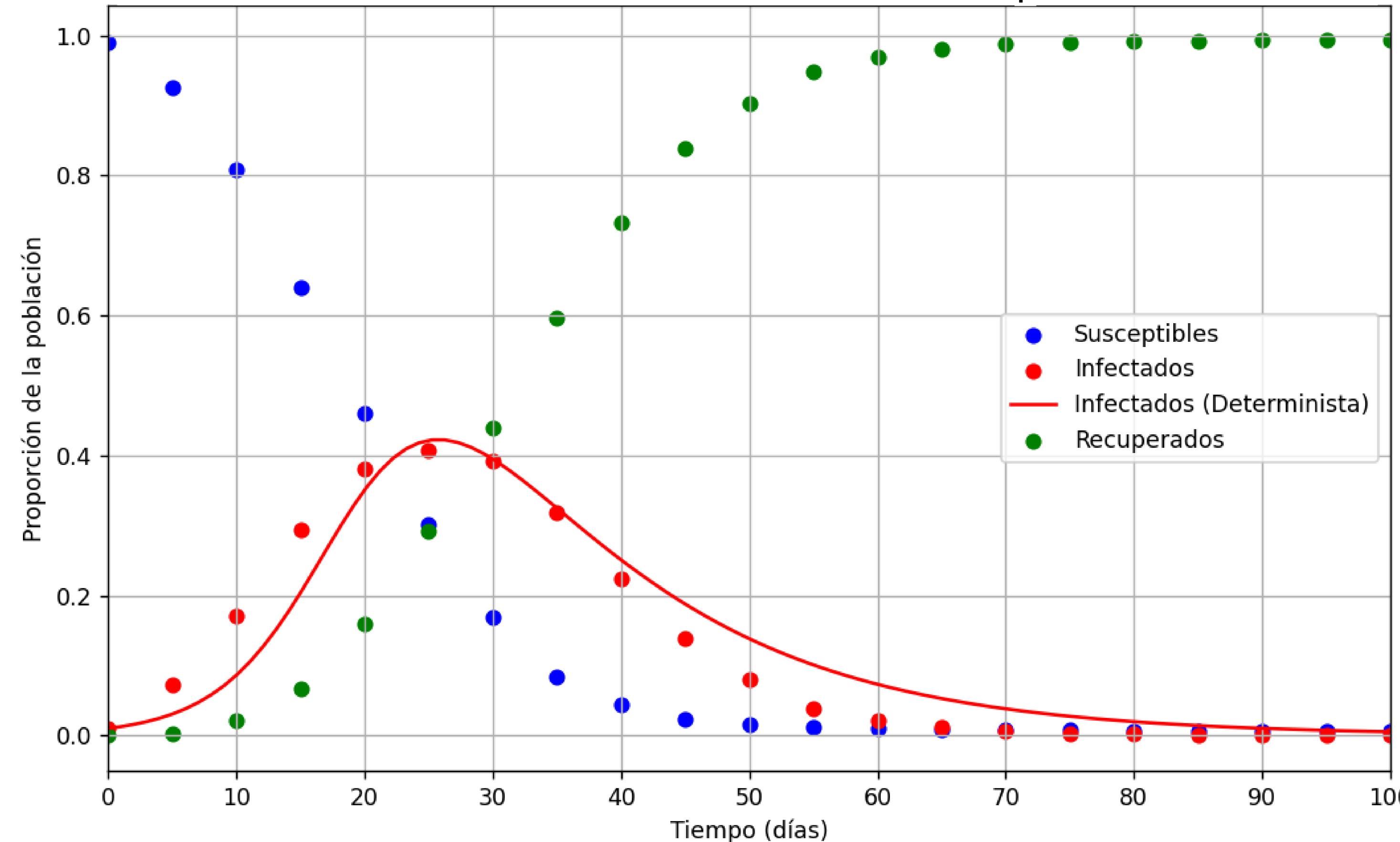


Modelo SIR de red (4 vecinos) - Animación hasta 100 días



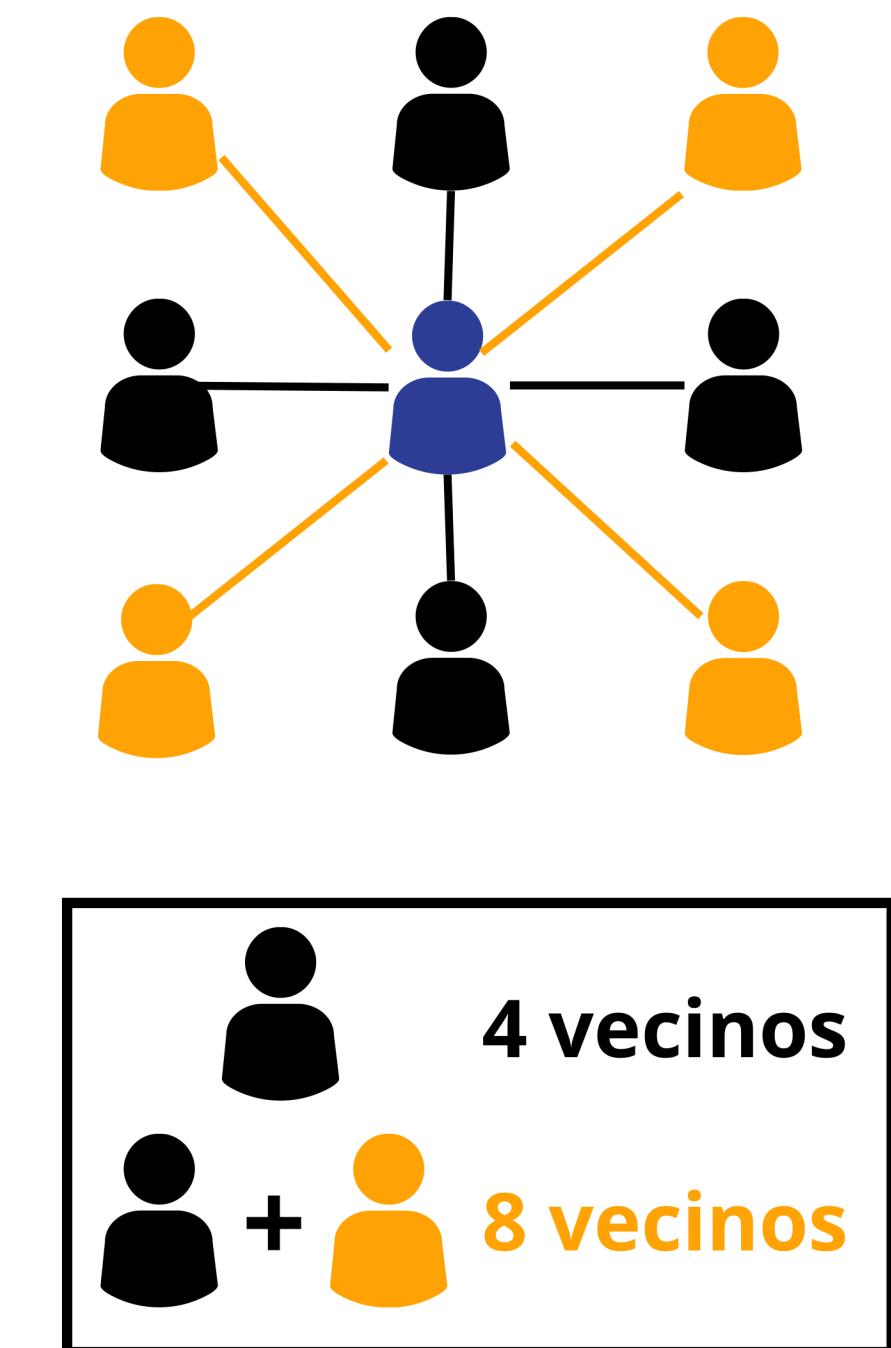
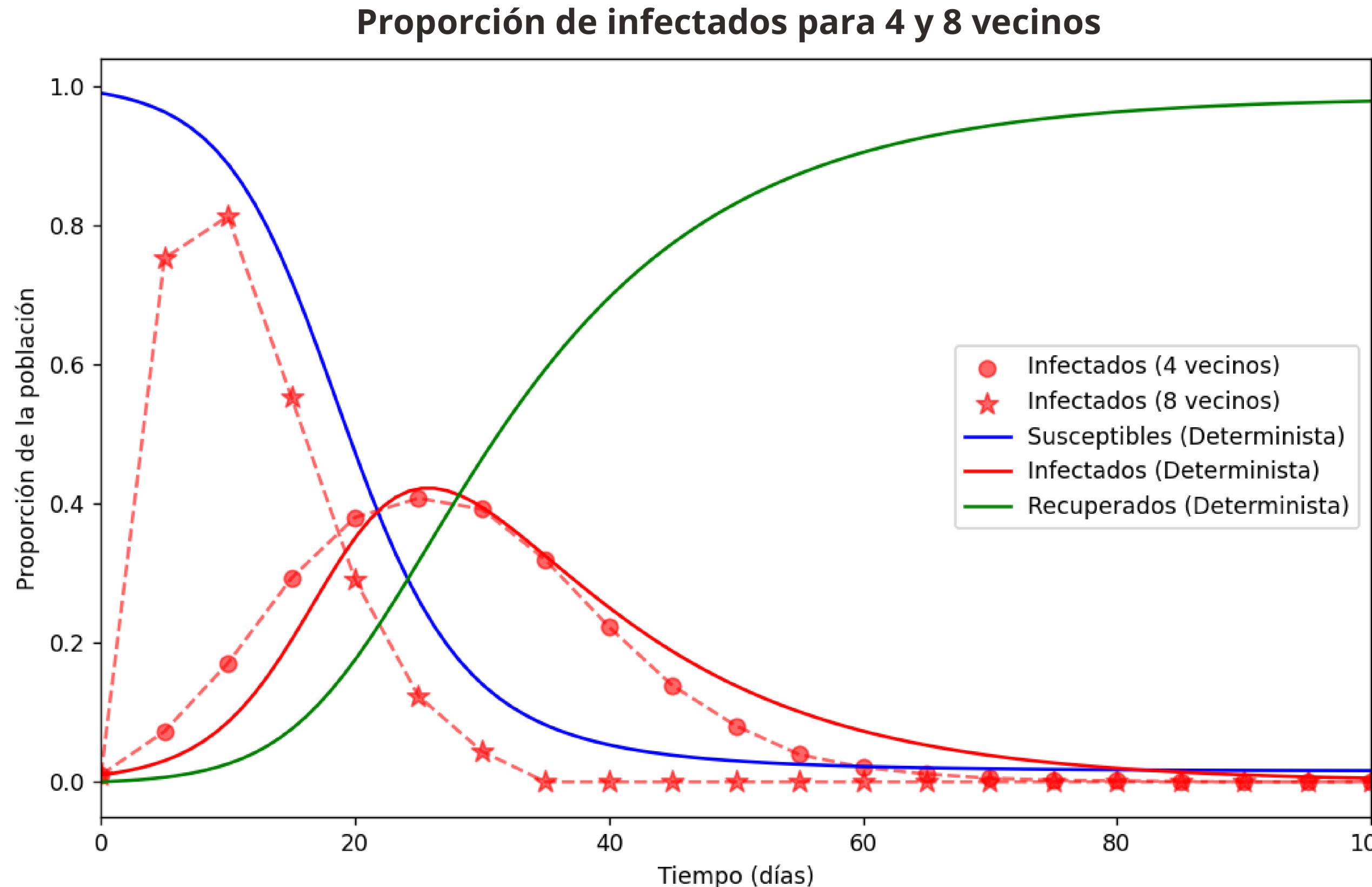
Modelo SIR de red (4 vecinos) - comparación con determinista

Ejemplo: # vecinos = 4; N = 10.000 individuos; b = 0,3; $t_p = 14$ días; dt = 5 días



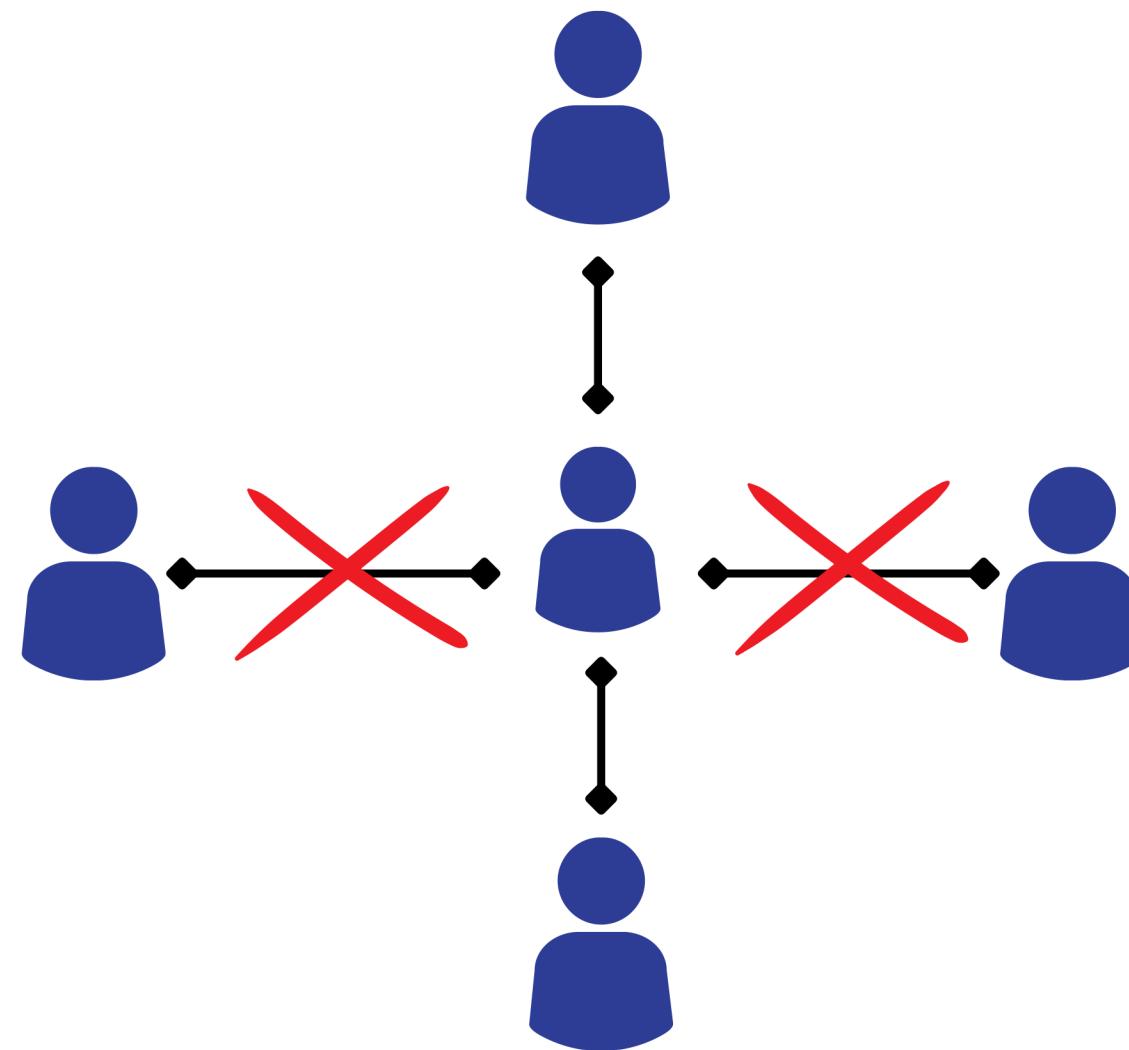
Modelo SIR de red - 4 vecinos v.s. 8 vecinos

- ¿Cómo aumentar los contactos? → Más vecinos
- Usamos la expresión de $p(b)$ obtenida para 4 vecinos

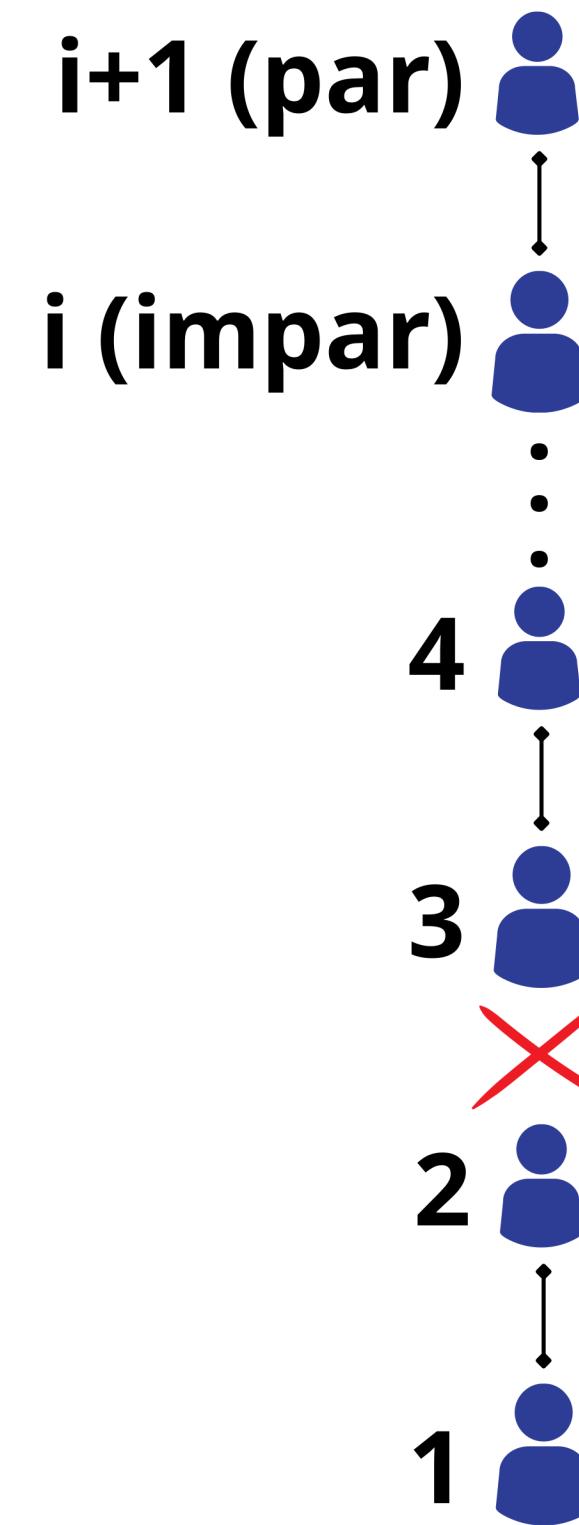


Modelo SIR discreto de red: Confinamiento

Permisivo: En columnas (2 vecinos)

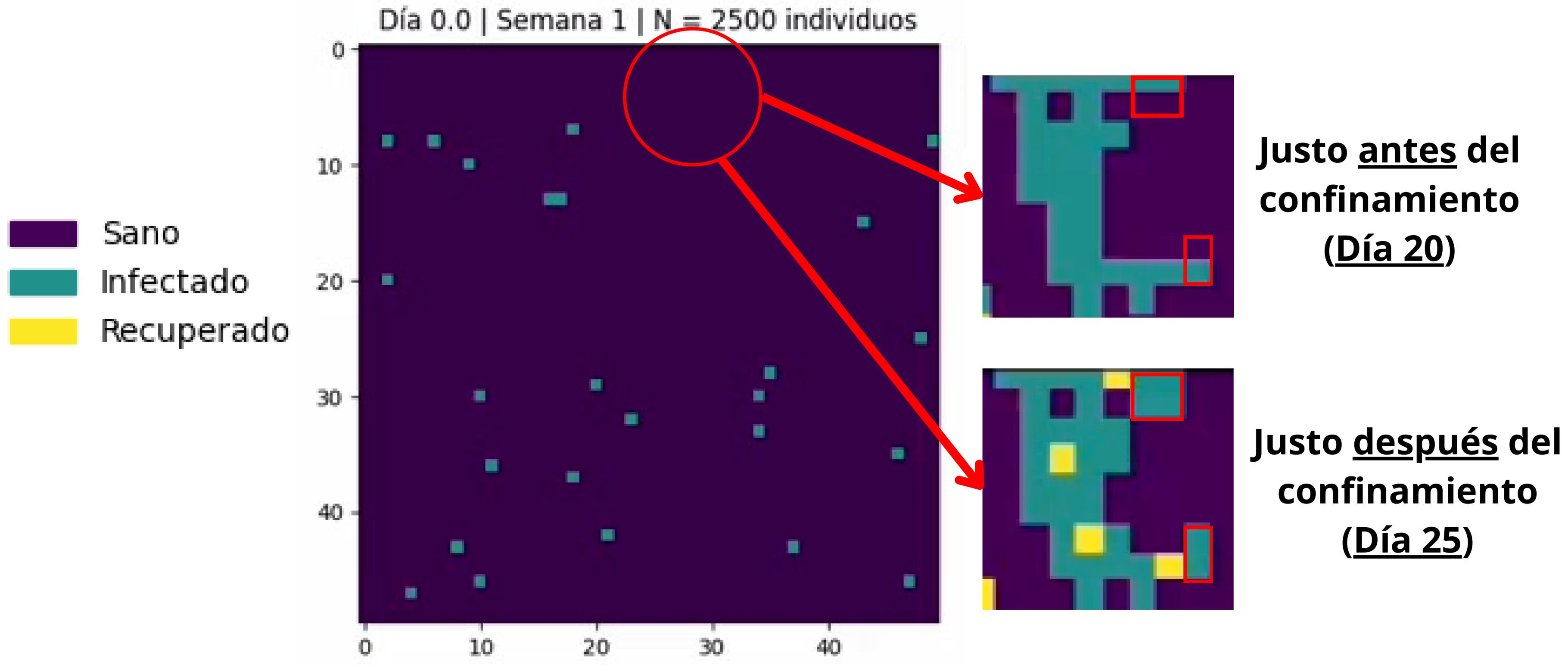


Estricto En columnas y parejas (1 vecino)



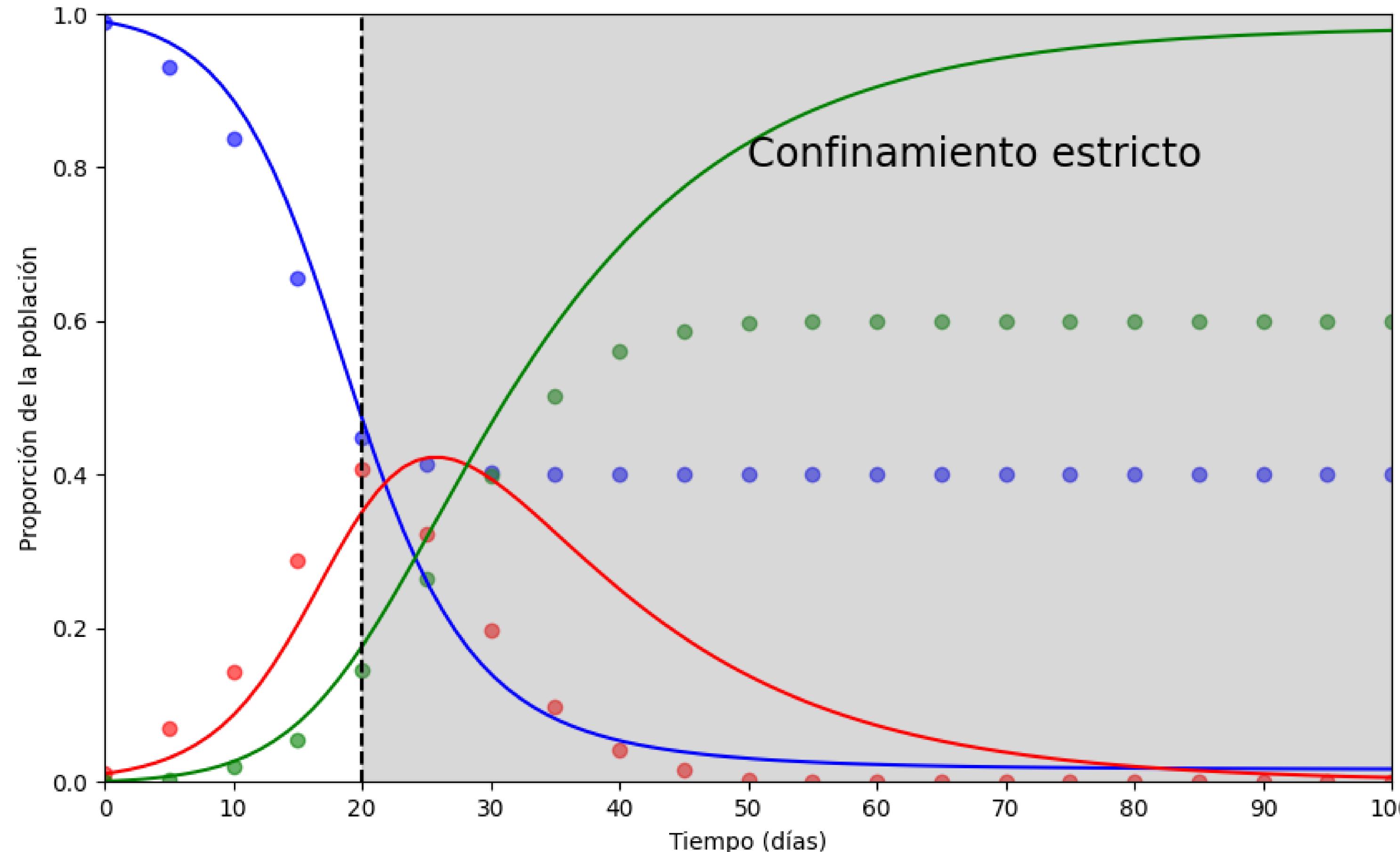
Modelo SIR de red: Confinamiento estricto (parejas)

- Propagación del virus en parejas, dentro de la misma columna
- Simula el efecto de un **confinamiento real** → núcleos familiares (parejas)



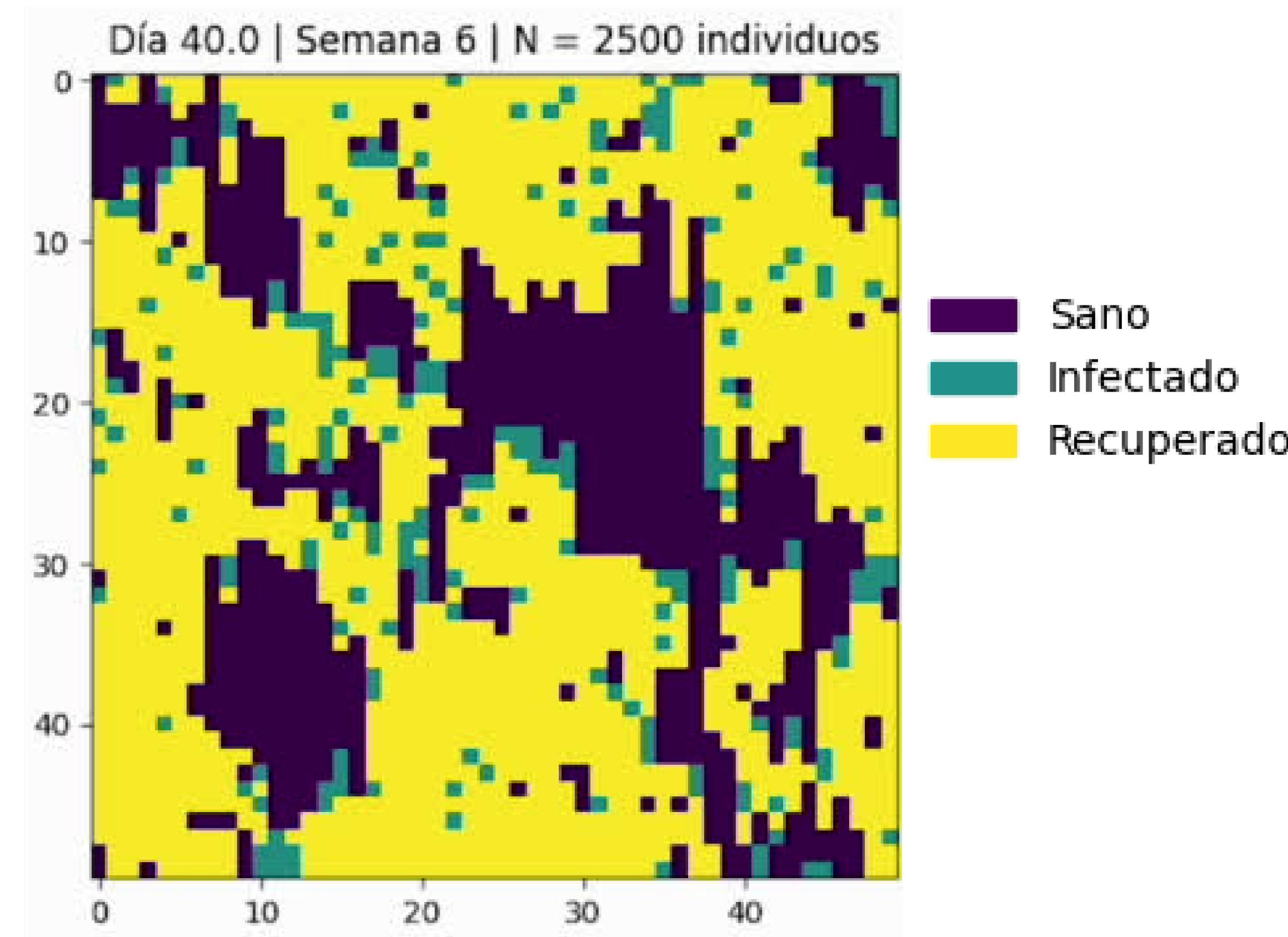
Modelo SIR de red: Confinamiento estricto (parejas)

Ejemplo de confinamiento estricto a partir del día 20



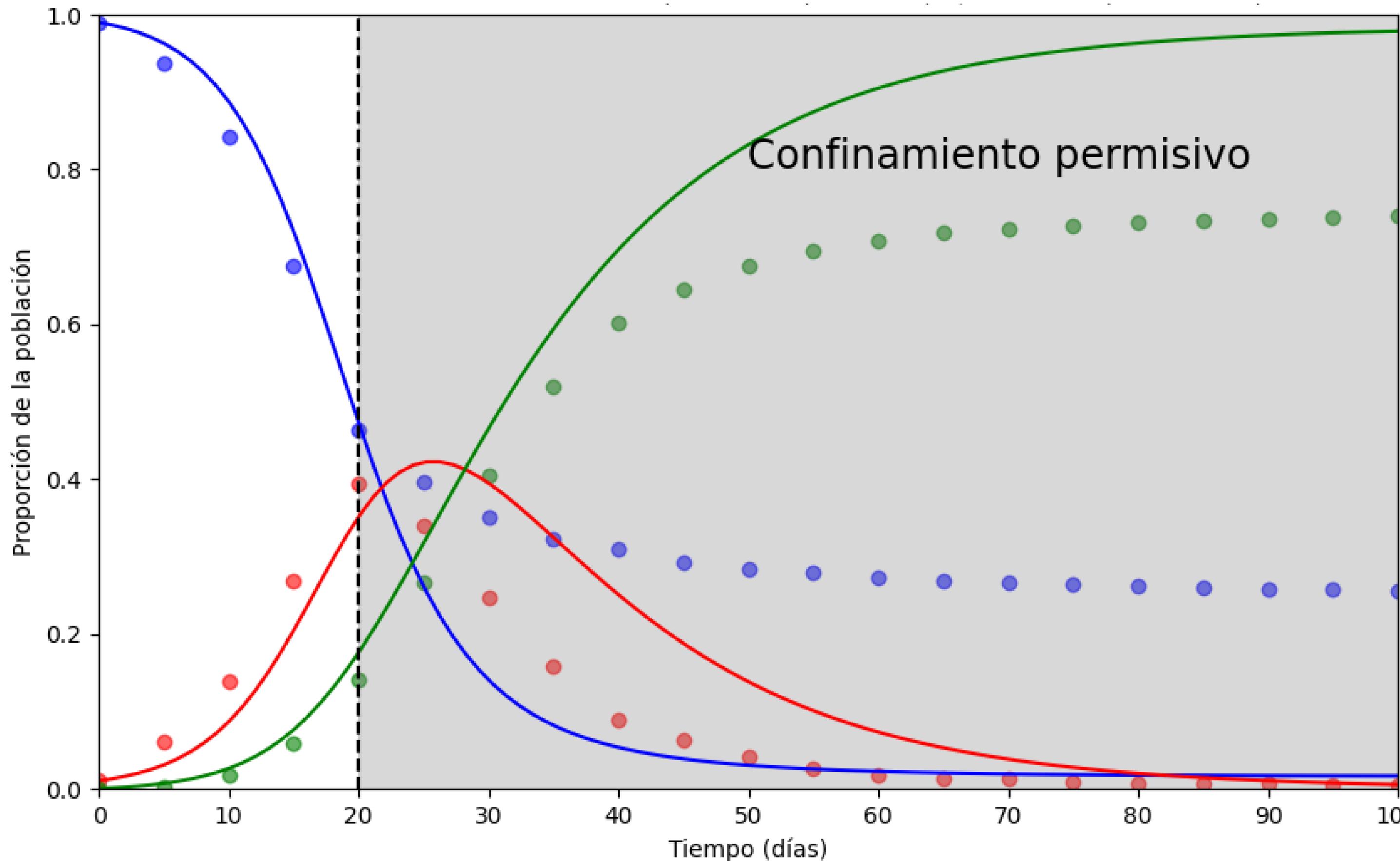
Modelo SIR de red: Confinamiento permisivo (columnas)

- Propagación del virus en columnas



Modelo SIR de red: Confinamiento permisivo (columnas)

Ejemplo de confinamiento permisivo a partir del día 20



Modelo SIR de red: Diferencias entre confinamientos

Diferencias entre proporción de infectados

