

Universidad Nacional de Río Cuarto
Facultad de Ciencias Exactas, Físico-Químicas y Naturales
Departamento de Computación

Trabajo Práctico Sistemas Continuos
Población infectada por un virus o bacteria
El Modelo SIR

Simulación
Prof. Gonzalez, Ariel
Año 2024

Autores
Balestra, Edgar Agustín
Bernardi Quiroga, Matías

1 Introducción

El modelo SIR es un modelo matemático utilizado para describir la propagación de enfermedades infecciosas. Consiste en dividir la población en tres grupos: susceptibles (S), infectados (I) y recuperados (R). A continuación se detallan las ecuaciones que rigen este modelo:

$$\frac{dS(t)}{dt} = -\beta \cdot S(t) \cdot I(t), \quad S(0) = S_0 \quad (1)$$

$$\frac{dI(t)}{dt} = \beta \cdot S(t) \cdot I(t) - \nu \cdot I(t), \quad I(0) = I_0 \quad (2)$$

$$\frac{dR(t)}{dt} = \nu \cdot I(t), \quad R(0) = R_0 \quad (3)$$

donde β es la tasa de transmisión y ν es la tasa de recuperación. Este modelo no tiene una solución analítica, por lo que se utiliza simulación para estudiar su comportamiento.

2 Simulación

Para simular el modelo SIR, se utilizaron dos métodos monopaso de Runge-Kutta vistos: el método forward Euler y el método de Heun. El objetivo de estos métodos de integración numérica es obtener una solución aproximada en los diferentes instantes de tiempo

2.1 Método de Euler

El método de Euler es un método monopaso de primer orden que aproxima las soluciones de las ecuaciones diferenciales mediante la fórmula:

$$x_{k+1} = x_k + h \cdot f(x_k, t_k) \quad (4)$$

donde h es el paso de integración.

2.2 Método de Heun

El método de Heun es un método monopaso de segundo orden que mejora la precisión del método de Euler. Utiliza la siguiente formula:

$$k_1 = f(x_k, t_k), \tag{5}$$

$$k_2 = f(x_k + h \cdot k_1, t_k + h), \tag{6}$$

$$x_{k+1} = x_k + 0.5 \cdot h \cdot (k_1 + k_2) \tag{7}$$

donde h es el paso de integración.

3 Implementación en Python

El código que se encuentra adjunto contiene la implementación en Python de como modelamos esta simulación con los mencionados métodos. En el mismo, se utilizaron tecnicas de programacion aprendidas a lo largo de la carrera como lo es 'Memoization' ya que los metodos provistos dan muy buenas aproximaciones, pero son extremadamente ineficientes debido a su recursividad que incrementa de manera exponencial. Adjunto al código se encuentra un archivo README.md en el cual se pueden ver los pasos a seguir para ejecutar la simulación con los parametros requeridos, como asi también, que se debe instalar y que comandos correr para que todo funcione correctamente.

4 Experimentos

A continuación, se muestran experimentos realizados con ambos métodos cambiando los valores de las variables: tasa per-capita de la transmision de la enfermedad (β) y la tasa de retiro (ν).

4.1 Primer experimento

Tomando como parámetros $\beta = 0.0022$ y $\nu = 0.4477$ y como valores iniciales $S_0 = 763$, $I_0 = 1$ y $R_0 = 0$

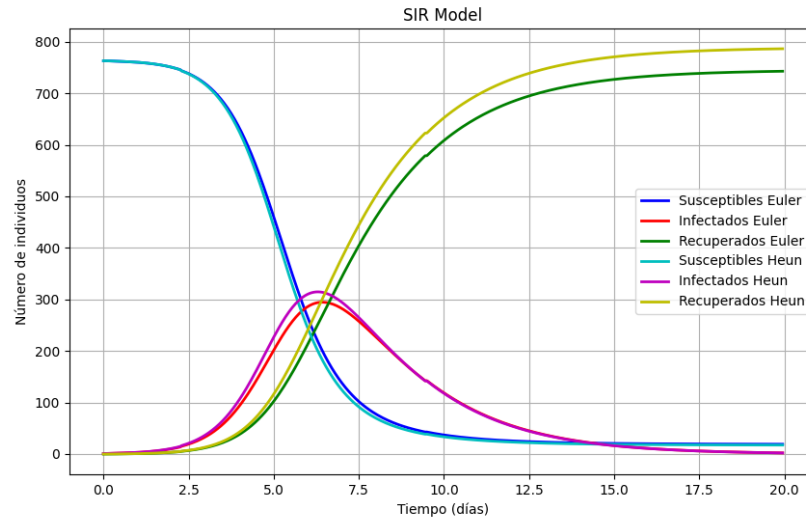


Figure 1: Simulación con los parámetros provistos en el tp.

4.1.1 Conclusiones

Con una tasa de transmisión de 0.0022 y una tasa de retiro de 0.4477 con una población inicial de 763 personas, se puede apreciar como se infectó únicamente menos de la mitad de la población, a los 6 días aproximadamente. Y como 6 días después, ya casi el total de la población se encontraba recuperada.

4.2 Segundo experimento

Tomando como parámetros $\beta = 0.005$ y $\nu = 0.4477$ y como valores iniciales $S_0 = 763$, $I_0 = 1$ y $R_0 = 0$. Se busca en este experimento analizar que ocurre con una tasa de transmisión mas alta, de poco mas del doble que la anterior

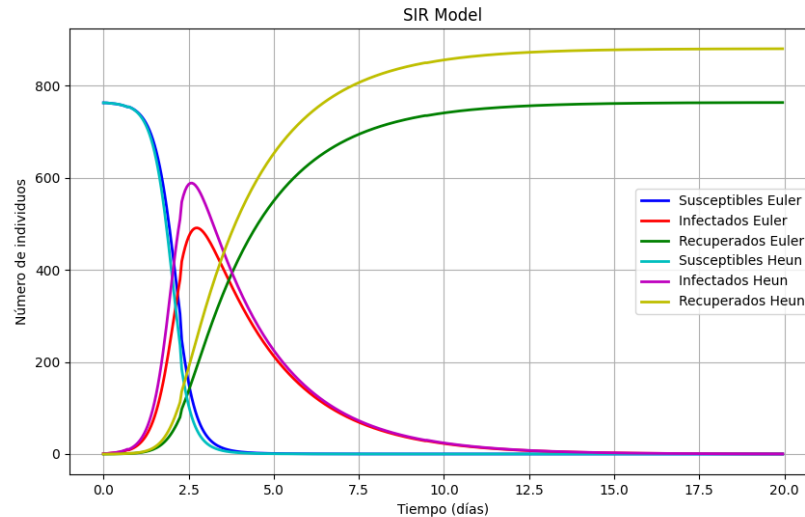


Figure 2: Simulación con tasa de transmisión mayor.

4.2.1 Conclusiones

Con una tasa de transmisión de 0.005, y una población inicial de 763 personas, se puede apreciar como en solamente en 2 días y medio, entre 500 y 600 personas se vieron afectadas por la enfermedad. Esto claramente tiene un impacto mucho mas marcado a la hora de ver la cantidad de recuperados/muertos, que en 10 dias aproximadamente fueron casi el total de la población. Concluimos que esta tasa de transmisión es bastante alta, la enfermedad es muy contagiosa, pero a su vez, la tasa de retiro lo es en cierto modo también.

4.3 Tercer experimento

Tomando como parámetros $\beta = 0.0022$ y $\nu = 0.111925$ y como valores iniciales $S_0 = 763$, $I_0 = 1$ y $R_0 = 0$. Se busca en este experimento analizar que ocurre con una tasa de retiro mas baja, siendo esta exactamente $1/4$ de la inicial aproximadamente

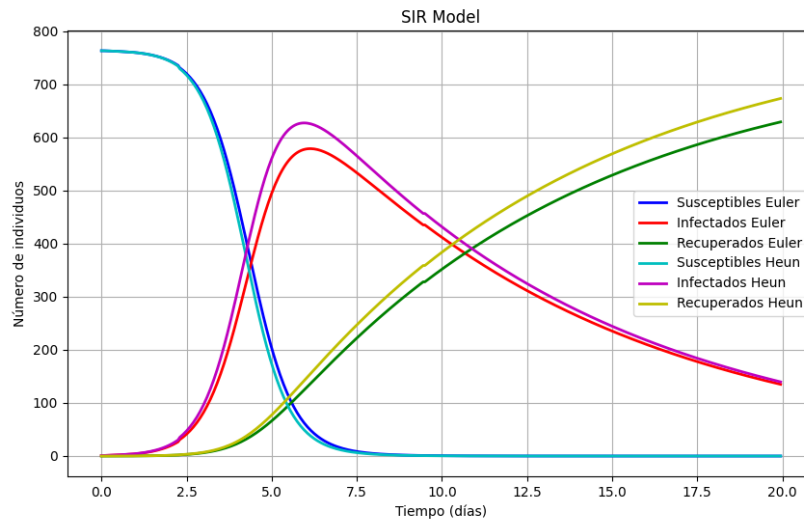


Figure 3: Simulación con tasa de retiro menor.

4.3.1 Conclusiones

Con una tasa de retiro de 0.111925, y una población inicial de 763 personas, se puede apreciar como a los 6 días aproximadamente 600 personas estaban contagiadas. El mismo numero de personas que se recuperaron/murieron, se alcanzó aproximadamente al final de la simulación, cuando pasaron 20 días, es decir, 14 días después de infectarse. Concluimos que esta tasa de retiro juega un papel crucial en la dinámica de la enfermedad. En este caso, se observó que esta tasa permitió que la mayoría de los individuos infectados eventualmente se recuperaran o fallecieran dentro de un período de 20 días.

5 Conclusiones finales

En conclusión, el modelo SIR es una herramienta poderosa para estudiar la propagación de enfermedades infecciosas. Los métodos de Euler y Heun permiten simular de manera efectiva la evolución de las poblaciones de susceptibles, infectados y recuperados a lo largo del tiempo, proporcionando importantes resultados para la planificación de intervenciones sanitarias como lo fue por ejemplo en la pandemia del COVID. Si se cuenta con ciertos datos, pueden realizarse simulaciones para alertar a la población de como irá evolucionando la enfermedad a lo largo del tiempo