

Actividad 2: Modelo SIR

A. Govea, D. Vértiz, F. Gutiérrez, J. Dong

2024-10-30

El modelo SIR

Consideremos un modelo para describir la dinámica de un grupo de individuos de una población con exposición a una enfermedad que puede contagiarse entre los miembros de la población. Esto puede modelarse como un sistema dinámico denominado SIR para una población de N individuos en la que se considera la interacción entre un conjunto de S individuos *susceptibles* de contraer la enfermedad, un conjunto I de individuos *infectados* y uno conjunto R de individuos *recuperados* de la enfermedad.

Este modelo tiene los siguientes supuestos:

- la probabilidades de infectarse son iguales para todos los individuos de la población;
- la población es homogénea, es decir que los riesgos de infectarse son iguales para todos los susceptibles y que los tiempos para recuperarse son iguales para todos los infectados; y
- el tamaño N de la población es constante.

El modelo maneja los diferentes conjuntos S , I y R como si fueran compartimentos bien separados y considera que los individuos pueden pasar de uno a otro en el caso de que se enfermen (cambio $S \rightarrow I$) o que una vez enfermos se recuperen (cambio $I \rightarrow R$). Además, se asume que un individuo no puede pasar del conjunto de susceptibles directamente al conjunto de recuperados.

Con estos supuestos y consideraciones, las ecuaciones diferenciales del modelo SIR son:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S$$

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

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I$$

donde:

- $N = S + R + I$
- la cantidad $\beta \frac{I}{N}$ representa la razón con que las personas salen del compartimento S (se infectan);
- en la primera ecuación dS representa el cambio debido a las personas que salen del compartimento S (el signo negativo se debe a que las personas salen)
- en la segunda ecuación dI representa el cambio debido a las personas que salen del compartimento I (una parte se debe a las personas que del compartimento S pasan al compartimento I , y otra parte se debe a las personas que salen del compartimento I porque se recuperan);
- la cantidad γ representa la razón con que las personas se recuperan.

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                          #
                          I = 1,      # Se inicia con una persona infectada
                          R = 0)      #

#razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta = 1,          # razón de infección
                gamma = 0.1)       # razón de recuperación

#valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 60 días
times <- seq(from = 0, to = 60, by = 1)

sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de variables a
                                        # partir de inputs de estados y parametros

    N <- S+I+R
    lambda <- beta * I/N
    dS <- -lambda * S
    dI <- lambda * S - gamma * I
    dR <- gamma * I
    return(list(c(dS, dI, dR)))
  })
}
```

```

}

# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

```

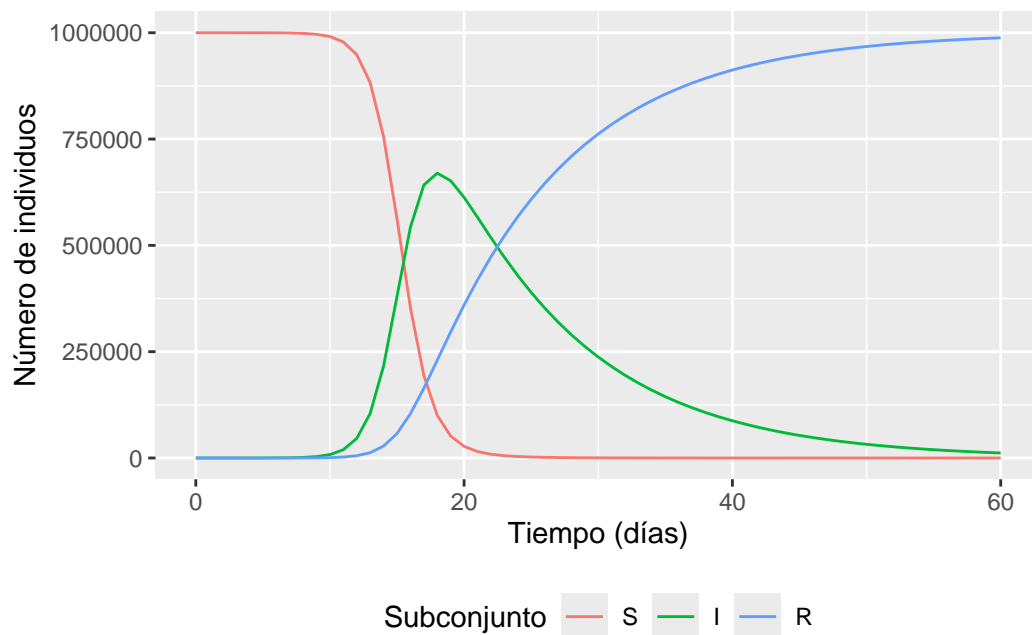
Gráficos de la evolución del sistema

```

output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

ggplot(data = output_long,
       aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
  geom_line() +
  xlab("Tiempo (días)") +
  ylab("Número de individuos") +
  labs(colour = "Subconjunto") +
  theme(legend.position = "bottom")

```



Con el modelo SIR se define la constante $R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$ que representa el número de personas que cada contagiado infecta. Para que la enfermedad analizada logre dispararse en forma de una epidemia debe cumplirse que $R_0 > 1$.

También se define $R_{\text{eff}} = R_0 \frac{S}{N}$ que corresponde al número promedio de personas que cada contagiado infecta. Este segundo valor R_{eff} toma en cuenta de que durante la evolución de la pandemia, al aumentar del número de personas inmunes en la población cada persona contagiada infectará a un número de personas cada vez menor.

Pregunta 1

Haga cambios en el modelo para tomar en cuenta el hecho de que la población no es constante:

- agregar un término de incremento en dS para tomar en cuenta los individuos nacidos $+bN$
- agregar un término de decremento en dS para tomar en cuenta las personas susceptibles que mueren $-\mu S$
- agregar un término de decremento en dI para tomar en cuenta las personas infectadas que mueren $-\mu I$
- agregar un término de decremento en dR para tomar en cuenta las personas recuperadas que fallecen $-\mu R$

Usar ahora los parámetros

$$\begin{aligned}\beta &= 0.4 \text{days}^{-1} &= (0.4 \times 365) \text{years}^{-1} \\ \gamma &= 0.2 \text{days}^{-1} &= (0.2 \times 365) \text{years}^{-1} \\ \mu &= \frac{1}{70} \text{years}^{-1} \\ b &= \frac{1}{70} \text{years}^{-1}\end{aligned}$$

y considerar una duración de 1 año.

Solución:

Cambios en el modelo para tomar en cuenta una población que no es constante:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S + bN$$

Los nacimientos solo afectan a los individuos susceptibles, porque no están ni infectados ni recuperados, entonces $+bN$ representa la tasa a la cual aumenta en número de personas de la población susceptible.

Para considerar las muertes entre la población susceptible, se agrega $-\mu S$ a la ecuación de dS :

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

Así se refleja la tasa de mortalidad de los individuos susceptibles, reduciendo este número de personas.

Agregando términos de decremento para tomar en cuenta también a las personas que mueren de la población infectada y recuperada se obtienen las siguientes ecuaciones:

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

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

Por lo que el nuevo modelo queda de la siguiente manera:

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

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

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

Ahora, modificando los parámetros en el código considerando una duración de 1 año:

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

# Valores iniciales del sistema:
initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                          I = 1,      # Se inicia con una persona infectada
                          R = 0)

# Parámetros, considerando una duración de un año ^-1
parameters <- c(beta = 0.4,          # Razón de infección
```

```

        gamma = 0.2,      # Razón de recuperación
        b = (1/70)/365,   # Tasa de nacimientos
        mu = (1/70)/365)  # Tasa de mortalidad

# Valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 365 días en intervalos diarios
times <- seq(from = 0, to = 365, by = 1)

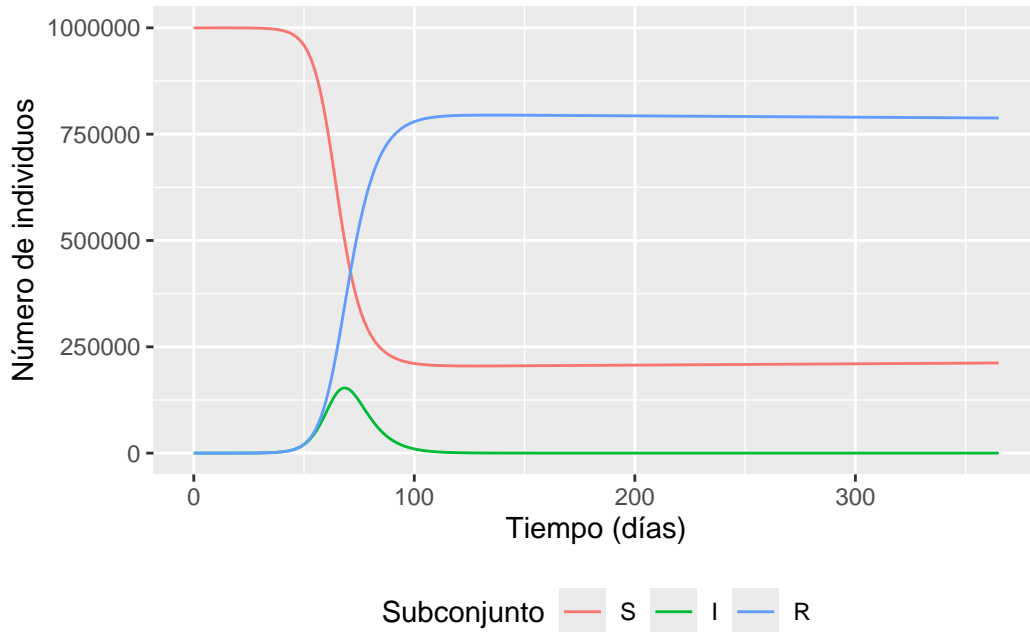
# Modificación del modelo que considera una población no constante
sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {
    N <- S + I + R
    lambda <- beta * I / N
    dS <- -lambda * S + b * N - (mu * S)
    dI <- lambda * S - gamma * I - (mu * I)
    dR <- gamma * I - (mu * R)

    return(list(c(dS, dI, dR)))
  })
}

# Solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))
output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

ggplot(data = output_long,
       aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
  geom_line() +
  xlab("Tiempo (días)") +
  ylab("Número de individuos") +
  labs(colour = "Subconjunto") +
  theme(legend.position = "bottom")

```



En esta gráfica, se puede observar que los individuos recuperados e infectados crece, al mismo tiempo que se reduce el número de las personas susceptibles, de forma similar a la gráfica que toma en cuenta una población constante. Sin embargo, cabe destacar que durante este año, la población de individuos infectados no crece mucho más allá de 150,000 debido a la tasa anual de mortalidad de $\mu = \frac{1}{70} \text{years}^{-1}$. También, dado que la tasa de nacimientos es igual que la de mortalidad, el comportamiento de la población susceptible y recuperada es similar.

Pregunta 2

Considerando el modelo *SIR* básico, haga cambios para tomar en cuenta un programa de vacunación. Suponga que una fracción v de susceptibles se vacuna de manera que queda inmune (y entra ahora directamente en el conjunto de los recuperados). Calcule la dinámica de la epidemia en este caso usando los parámetros $\beta = 0.4$, $\gamma = 0.1$ y considere un periodo de 2 años.

Su modelo debe ser capaz de mostrar que si la fracción v es suficiente, no es necesario vacunar a todos los susceptibles para evitar la epidemia. A este efecto se le conoce como *inmunidad de rebaño* y se refiere a que si un sector grande de la población es inmune, entonces los contagios se mantienen a un nivel en el que la enfermedad es eliminada.

¿Cómo se puede calcular la fracción mínima v de personas que se deben vacunar para poder evitar una epidemia? La inmunidad de rebaño ocurre cuando $R_{\text{eff}} < 1$.

Solución:

El primer paso es modificar el modelo SIR incluyendo un parametro que reste del grupo de los susceptibles a las personas vacunadas y que a su vez las sume en el grupo de los recuperados. Esto nos queda de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S(1-v) - vS$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N} S(1-v) - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + vS$$

El siguiente paso es encontrar la fraccion minima de v que nos permita encontrar la inmunidad de rebaño. Sabemos que la inmunidad de rebaño ocurre cuando $R_{eff} < 1$, siendo $R_{eff} = R_0(1-v)$. Por lo que es necesario que $R_0(1-v) < 1$. El primer paso es obtener el valor de R_0 :

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} \rightarrow R_0 = \frac{0.4}{0.1} = 4$$

Obteniendo que $R_0 = 4$, podemos despejar $R_0(1-v) < 1$ para encontrar el valor minimo de v para obtener la inmunidad de rebaño:

$$R_0(1-v) < 1$$

$$1-v < \frac{1}{R_0}$$

$$-v < \frac{1}{R_0} - 1$$

$$v > 1 - \frac{1}{R_0}$$

$$v > 1 - \frac{1}{4}$$

$$v > 0.75$$

Con esto sabemos que la fraccion minima de v para obtener la inmunidad de rebaño tiene que ser $v = 0.75$

Utilizando los parametros $\beta = 0.4$, $\gamma = 0.1$ y $v = 0.75$. Obtenemos el siguiente comportamiento de la epidemia:


```

# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                          #
                          I = 1,      # Se inicia con una persona infectada
                          R = 0)      #

#razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta = 0.4,          # razón de infección
                gamma = 0.1,
                v=0.75)              # razón de recuperación

#valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 60 días
times <- seq(from = 0, to = 730, by = 1)

sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de variables a
                                        # partir de inputs de estados y parametros

    N <- S+I+R
    lambda <- beta * I/N
    dS <- -(lambda * S)*(1-v) - (v * S)
    dI <- (lambda * S)*(1-v) - (gamma * I)
    dR <- (gamma * I) + (v * S)
    return(list(c(dS, dI, dR)))
  })
}

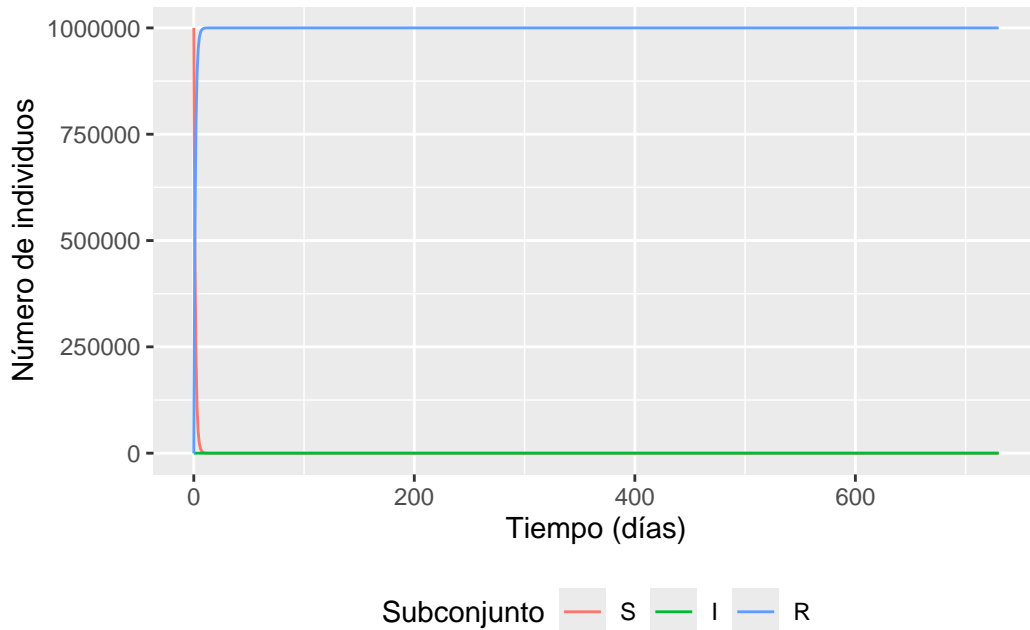
# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

ggplot(data = output_long,
       aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +

```

```
geom_line() +
  xlab("Tiempo (días)") +
  ylab("Número de individuos") +
  labs(colour = "Subconjunto") +
  theme(legend.position = "bottom")
```



Observamos que en el modelo modificado tomando en cuenta un coeficiente de vacunacion, el numero de infectados se mantiene constante cercano al 0. A medida que transcurre el tiempo, la población susceptible disminuye de manera rapida, mientras que la población recuperada crece correspondientemente. Ambas poblaciones alcanzan sus respectivos mínimos y máximos alrededor del día 8, lo que indica que la epidemia se controla efectivamente sin que ocurra un brote significativo, gracias al efecto de inmunidad de rebaño.

Pregunta 3

Haga cambios en el modelo para tomar en cuenta de que la población no es constante:

- agregar un término de incremento en dS para tomar en cuenta los nacidos $+bN$
- agregar un término de decremento en dS para tomar en cuenta las personas susceptibles que mueren $-\mu S$

- agregar un término de decremento en dI para tomar en cuenta las personas infectadas que mueren $-\mu I$
- agregar un término de decremento en dR para tomar en cuenta las personas recuperadas que fallecen $-\mu R$

Use los parámetros

$$\beta = 0.4 \text{days}^{-1} = (0.4 \times 365) \text{years}^{-1}$$

$$\gamma = 0.2 \text{days}^{-1} = (0.2 \times 365) \text{years}^{-1}$$

$$\mu = \frac{1}{70} \text{years}^{-1}$$

$$b = \frac{1}{70} \text{years}^{-1}$$

y considere una duración de 400 años en sus cálculos.

Solución

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

# Initial states

initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                          #
                          I = 1,      # Se inicia con una persona infectada
                          R = 0)

# razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta = 0.4,          # razón de infección
                gamma = 0.2,         # razón de recuperación
                mu = (1/70)/365,     # tasa de crecimiento,
                b = (1/70)/365)     # tasa de muerte

# valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 365 días
times <- seq(from = 0, to = 365*400, by = 1)

# Solución del modelo
sir_model <- function(time, state, parameters) {
```

```

    with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de variables a
                                          # partir de inputs de estados y parametros

        N <- S+I+R
        lambda <- beta * I/N
        dS <- -lambda * S + b * N - mu * S
        dI <- lambda * S - gamma * I - mu * I
        dR <- gamma * I - mu * R
        return(list(c(dS, dI, dR)))
    })
}

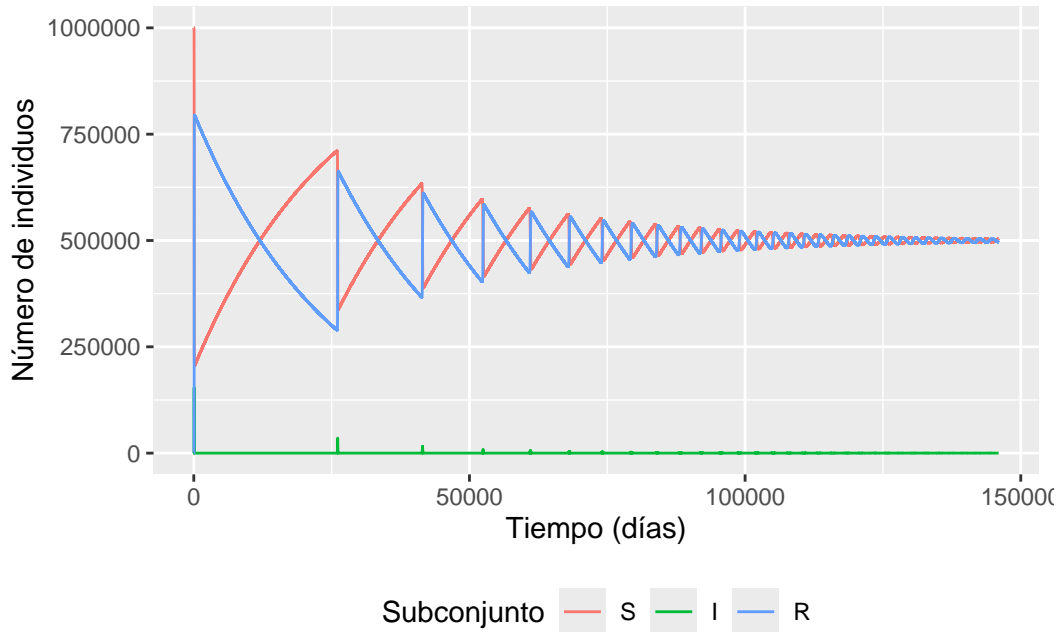
# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe

output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

ggplot(data = output_long,
       aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
  geom_line() +
  xlab("Tiempo (días)") +
  ylab("Número de individuos") +
  labs(colour = "Subconjunto") +
  theme(legend.position = "bottom")

```



Podemos apreciar que la tendencia a tener personas tanto susceptibles, como recuperadas tenderán a cero conforme pasen los años. Esta tendencia a sufrir una pandemia es claramente cíclica, pues conforme pasa el tiempo existirá un punto de inflexión donde los recuperados son personas nuevamente susceptibles a infectarse, es por esta razón que el sistema tiende a un equilibrio, donde la cantidad de nuevos infectados y recuperados se mantiene constante en números muy bajos cuando el tiempo tiende a cuatrocientos años.

Pregunta 4

Considerando el modelo *SIR* básico, haga cambios para tomar en cuenta un programa de vacunación. Suponga que una fracción v de susceptibles se vacuna de manera que queda inmune (y entra ahora directamente en el conjunto de los recuperados), mientras que la fracción $(1 - v)$ sigue siendo susceptible.

Calcule la dinámica de la epidemia en este caso, estudiando cómo cambia la dinámica variando la fracción v . Utilice $\beta = 0.6$, $\gamma = 0.1$ y considere un periodo de 2 años.

Su modelo debe ser capaz de mostrar que si la fracción v es suficiente, no es necesario vacunar a todos los susceptibles para evitar la epidemia. A este efecto se le conoce como *inmunidad de rebaño* y se refiere a que si un sector grande de la población es inmune, entonces los contagios se mantienen a un nivel en el que la enfermedad es eliminada.

¿Cómo se puede calcular la fracción mínima v de personas que se deben vacunar para poder evitar una epidemia? La inmunidad de rebaño ocurre cuando $R_{\text{eff}} < 1$.

Solución

Primero, para calcular R_0 en este caso debemos tomar nuestra $\beta = 0.6$ y $\gamma = 0.1$, que, sustituyendo, se vería así:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma} = \frac{0.6}{0.1} = 6$$

Esto significa que $R_0 = 6 > 1$ por lo tanto, inicialmente, la enfermedad se disparará. Véase aquí la gráfica tomando 2 años:

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                          #
                          I = 1,      # Se inicia con una persona infectada
                          R = 0)      #

#razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta = 0.6,          # razón de infección
                gamma = 0.1)         # razón de recuperación

#valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 730 días
times <- seq(from = 0, to = 730, by = 1)

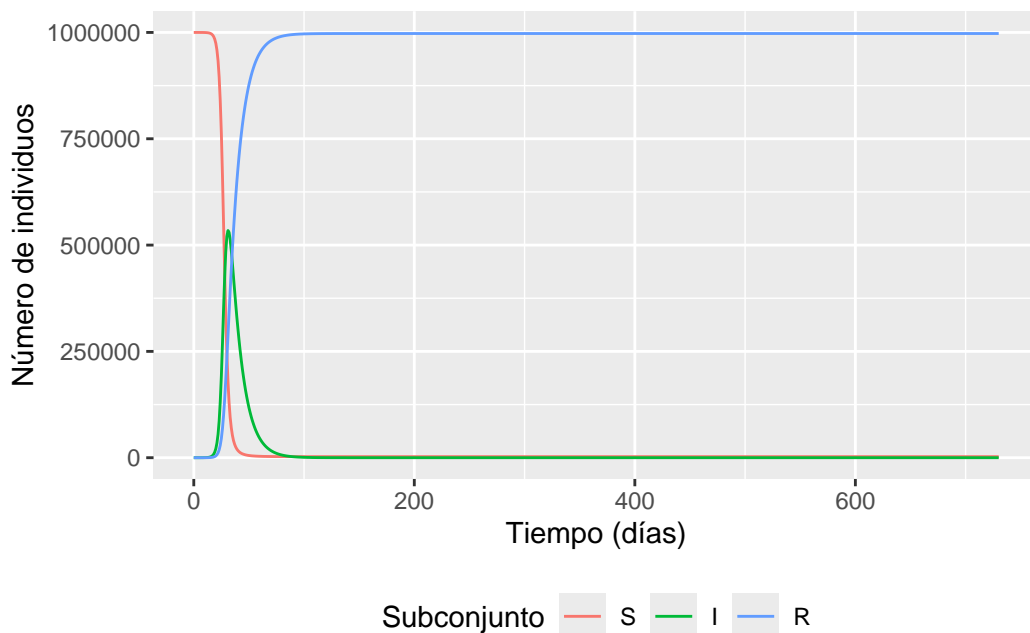
sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de variables a
                                        # partir de inputs de estados y parametros

    N <- S+I+R
    lambda <- beta * I/N
    dS <- -lambda * S
    dI <- lambda * S - gamma * I
    dR <- gamma * I
    return(list(c(dS, dI, dR)))
  })
}
```

```
# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

ggplot(data = output_long,
       aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
  geom_line() +
  xlab("Tiempo (días)") +
  ylab("Número de individuos") +
  labs(colour = "Subconjunto") +
  theme(legend.position = "bottom")
```



Como podemos observar, esta gráfica nos presenta que la enfermedad va a dispararse, como pudimos predecir, pero fue un disparo temprano y muy agresivo, ya que rápidamente, la tasa de infectados subió, alcanzó un pico y ya después es que disminuye y “domina” la tasa de recuperados.

Pero ahora se debe tomar un factor de vacunación, como en la pregunta 2.

Entonces cambia el sistema inicial, tomando una razón v como los que se vacunarán:

$$\frac{dS}{dt} = -\beta \frac{I}{N} S(1-v) - vS$$

$$\frac{dI}{dt} = \beta \frac{I}{N} S(1-v) - \gamma I$$

$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + vS$$

Y para calcular v , tomamos en cuenta nuestra R_0 :

$$R_0(1-v) < 1$$

$$1-v < \frac{1}{R_0}$$

$$-v < \frac{1}{R_0} - 1$$

$$v > 1 - \frac{1}{R_0}$$

$$v > 1 - \frac{1}{6}$$

$$v > 0.834$$

Es decir v debe ser mayor a 0.834 para alcanzar la *inmunidad de rebaño* y evitar una epidemia, como respuesta a la pregunta.

Y ahora, el sistema también cambia en el código:

```
# PACKAGES:
library(deSolve)
library(reshape2)
library(ggplot2)

initial_state_values <- c(S = 999999, # Número de susceptibles inicial
                          #
                          I = 1,      # Se inicia con una persona infectada
                          R = 0)      #

#razones en unidades de días^-1
parameters <- c(beta = 0.6,          # razón de infección
                gamma = 0.1,
```



```

        v = 0.834 )    # razón de recuperación

#valores de tiempo para resolver la ecuación, de 0 a 730 días
times <- seq(from = 0, to = 730, by = 1)

sir_model <- function(time, state, parameters) {
  with(as.list(c(state, parameters)), {# R obtendrá los nombres de variables a
                                         # partir de inputs de estados y parametros

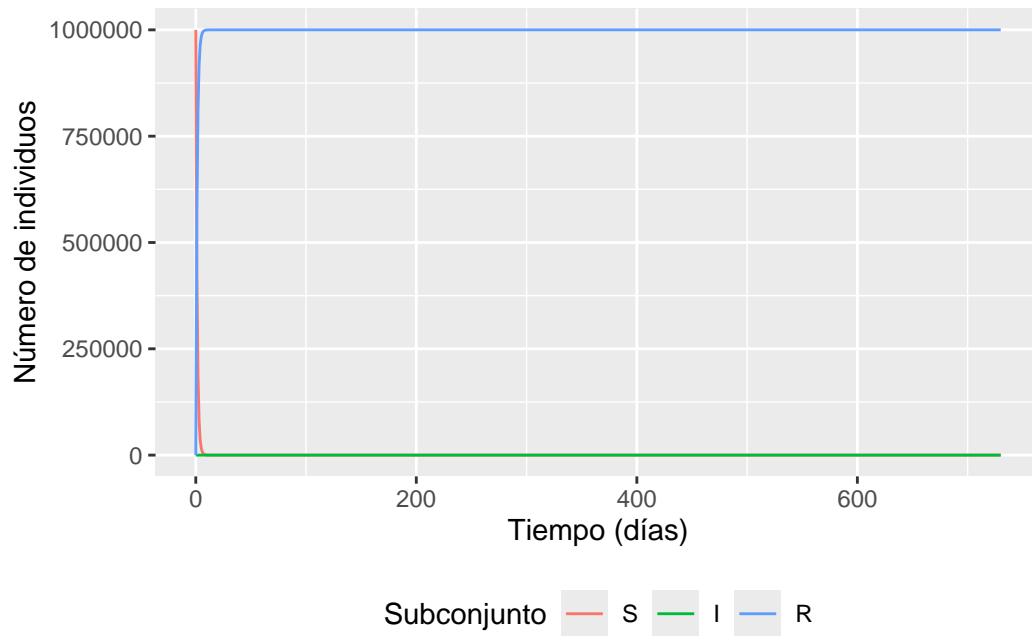
    N <- S+I+R
    lambda <- beta * I/N
    dS <- -lambda * S*(1-v) -v*S
    dI <- lambda * S*(1-v) - gamma * I
    dR <- gamma * I + v*S
    return(list(c(dS, dI, dR)))
  })
}

# poner la solución del sistema de ecuaciones en forma de un dataframe
output <- as.data.frame(ode(y = initial_state_values,
                           times = times,
                           func = sir_model,
                           parms = parameters))

output_long <- melt(as.data.frame(output), id = "time")

ggplot(data = output_long,
       aes(x = time, y = value, colour = variable, group = variable)) +
  geom_line() +
  xlab("Tiempo (días)") +
  ylab("Número de individuos") +
  labs(colour = "Subconjunto") +
  theme(legend.position = "bottom")

```



Una explicación es que debemos pensar en el modelo de vacunación como previo a esta infección. Es decir, se vacunó con una razón de $v = 0.834$ antes de cualquier enfermedad, como prevención, y cuando sucede la primera infección ($I = 1$), los susceptibles pasan rápidamente a ser recuperados por estar vacunados.