

Modelo SIR: Evidencia Final

Equipo 2: José A. Govea¹, Jessica Dong¹, José F. Gutiérrez¹, Diego Vértiz¹

¹A01639096, A01638962, A01707914, A01638881

Abstract. *Se implementa el modelo SIR se implementa para mapear la propagación de infecciones considerando interacciones entre habitantes, distancias euclidianas y un radio de infección. Mediante simulaciones, se visualizan las dinámicas de contagio y recuperación en diversas ubicaciones geográficas.*

1. Descripción del Problema Planteado

Se ha planteado un modelo de salud mediante el uso de un sistema de ecuaciones diferenciales y su visualización mediante la programación, con el fin de resolver un supuesto problema global o regional de infecciones.

Durante el transcurso de semestre se ha trabajado en diversos problemas, desde averiguar las fluctuaciones de infectados y recuperados tras una dificultad sanitaria, hasta la modelación de ciudades con diferentes formas y distribuciones.

2. Principales Supuestos

2.1. Definición de Parámetros del Modelo

Susceptibles: Población que es susceptible a contrar la infección. Infectados: Población que es susceptible a ser Infectada. Recuperados: Población dentro del sistema que ha sido recuperada de dicha Infección.

2.2. Población Cerrada

Se asume que la población total (N) es constante durante todo el modelo, es decir, no hay nacimientos ni muertes en la duración de la simulación.

$$N = S + I + R$$

2.2.1. Transiciones Definidas

Las personas (variables) solo pueden pasar de un compartimento definido a otro:

- Susceptibles a Infectados
- Infectados a Recuperados

1. **Axioma 1:** La población Susceptible no puede recuperarse directamente. *Pasar a ser recuperado.*
2. **Axioma 2:** La población Recuperada no puede volver a volver a infectarse *pasar de nuevo a susceptible.*

3. Modelo

Este modelo se fundamenta en un sistema de ecuaciones diferenciales que describe la dinámica de transición de las personas entre los tres grupos definidos.

El modelo propuesto en el que se ha trabajado el problema planteado es el modelo de infección SIR (Suscetibles, Infectados, Recuperados), el cual está basado en sistemas de ecuaciones diferenciales.. Se ha definido una población constante, tasa de infección (β) y tasa de recuperación (γ). El modelo se ve de la siguiente manera:

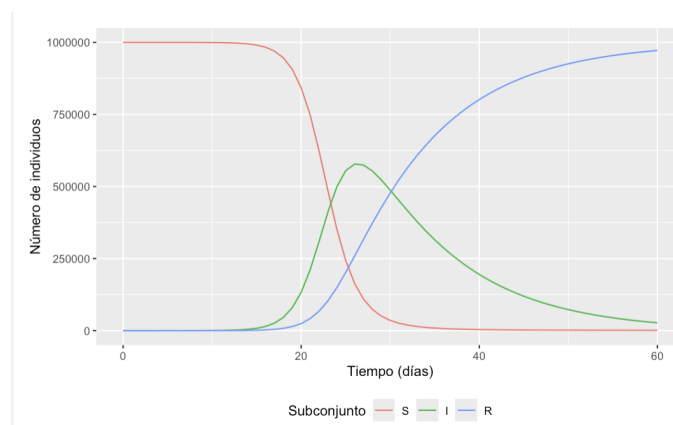
$$\begin{aligned}\frac{dS}{dt} &= -\beta \frac{I}{N} S \\ \frac{dI}{dt} &= \beta \frac{I}{N} S - \gamma I \\ \frac{dR}{dt} &= \gamma I\end{aligned}$$

Lo primero que se analizó fue la dinámica de contagio. Con el objetivo de encontrar una relación entre los parámetros y determinar si las variables tienen un punto de corte dónde ocurre una dificultad sanitaria.

- La primera ecuación diferencial representa el cambio en la población susceptible, dónde β es la tasa de transmisión, y $-\beta SI$ describe la interacción entre los susceptibles e infectados.
- La segunda ecuación diferencial representa el aumento de infectados dada la variable βSI , mientras que $-\gamma I$ explica la disminución de infectados dado la recuperación de las personas.
- La tercera ecuación diferencial representa la tasa de recuperación γI

3.0.1. Primer Modelo: Fluctuaciones de SIR

En el primer modelo se describe una población de 1,000,000 habitantes, los cuáles 999,999 serán susceptibles y una persona infectada. Dónde por consecuencia se obtiene lo siguiente:



(a) Primer propuesta de modelo.

Variando β y γ , observamos que una mayor tasa de infección (β) acelera la epidemia, mientras que una mayor tasa de recuperación (γ) la ralentiza. La dinámica depende del número de reproducción básico:

$$R_0 = \frac{\beta}{\gamma}$$

Una epidemia ocurre si $R_0 > 1$.

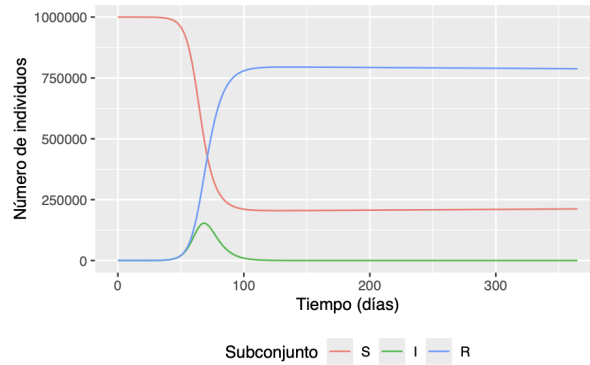
3.0.2. Fase 2

Se han incluido términos que consideran nacimientos y muertes $-\mu S, -\mu I, -\mu R$,

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

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

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



(a) Segunda actualización y mejora del Modelo.

Sin embargo, tras un programa de vacunación, con el supuesto que la persona quedará inmune a la infección, entonces tenemos el siguiente modelo:

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

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

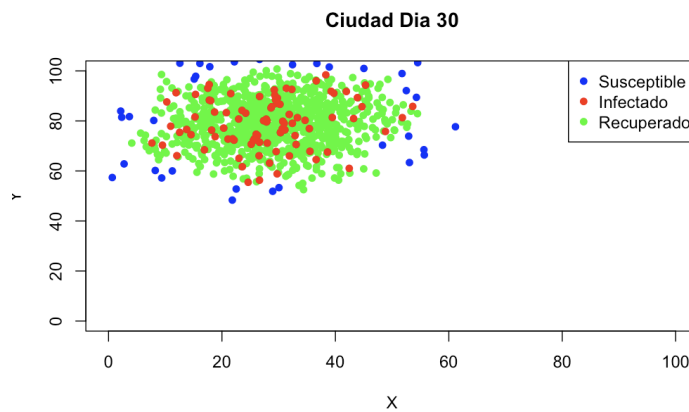
$$\frac{dR}{dt} = \gamma I + vS$$

3.0.3. Fase 3

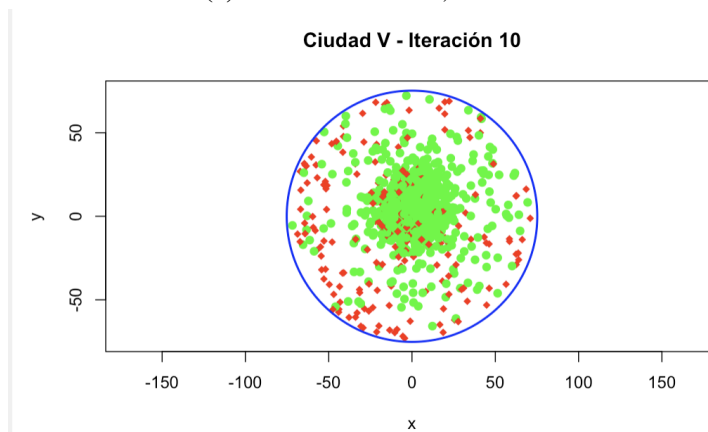
Dónde se han creado simulaciones, que comienzan con un infectado. Los escenarios son los siguientes:

- Las ciudades tienen distribución uniforme de personas.
 - Una ciudad cuadrada de lado D .
 - Una ciudad circular de radio $D/2$
- Las ciudades tienen distribución de forma agrupada. *Clusters, basado en distribución normal*
 - Una ciudad cuadrada de lado D .
 - Una ciudad circular de radio $D/2$

Estas proyecciones pueden ser apreciadas en las siguientes figuras.



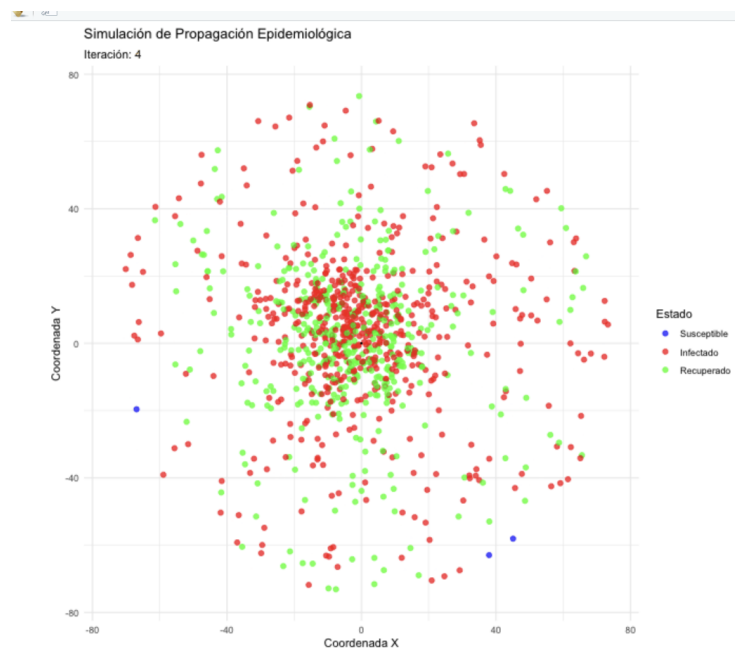
(a) Ciudad con lado D , en cluster



(b) Ciudad con radio $D/2$, en Cluster

3.0.4. Fase 4

Finalmente se toma en cuenta el movimiento e interacción de las personas, este representa el escenario más apegado a la realidad. Para realizar esto, cada persona tiene un desplazamiento que se simula cada iteración, mediante vectores generados aleatoriamente



(a) Modelo Final Animado Dinámico

tras una distribución normal, con una variable que ajusta su permanencia dentro de los límites de la zona geográfica. Esto se ha creado con la ayuda de la librería ggAnimate.

La simulación permite observar como se propaga la enfermedad, a su vez destaca la importancia de contar con un radio de infección, y la probabilidad de recuperación. sí

4. Conclusiones

El modelo SIR con su respectiva solución, simulaciones y visualizaciones propone una forma de entender como evoluciona una enfermedad con el tiempo. Cabe aclarar que se ha tratado con un modelo simplificado y básico dados los principales supuestos. Para poder brindar una visión más realista, se necesitarían factores cómo la probabilidad de infección o el comportamiento de las epidemias.

El modelo SIR, es una manera útil para comprender los sistemas dinámicos de enfermedades y su evolución en el tiempo. Es por esta razón que debe de ser comprendida a través de simulaciones y visualizaciones, creadas con ayuda de programas como R o Python.

5. Referencias

- Kermack William Ogilvy and McKendrick A. G. 1927A contribution to the mathematical theory of epidemicsProc. R. Soc. Lond. A115700–721 <http://doi.org/10.1098/rspa.1927.0118>
- Galindo Uribarri, S., Rodríguez Meza, M. A., / Cervantes Cota, J. L. (2013). Las matemáticas de las epidemias: caso México 2009 y otros. CIENCIA ergo-sum, Revista Científica Multidisciplinaria de Prospectiva, 20(3), 238-246.
- Brauer, F., Castillo-Chavez, C. (2012). Mathematical models in population biology and epidemiology (2nd ed.). Springer. <https://doi.org/10.1007/978-1-4614-1686-9>

- Diekmann, O., Heesterbeek, H., Britton, T. (2013). Mathematical tools for understanding infectious disease dynamics. Princeton University Press.