

# **Modelamiento SIR para la propagación del COVID-19 en las Regiones del Perú**

**Israel N. Chaparro-Cruz**

**Department of Computer Science and Systems Engineering**

**Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann**

**Tacna - Perú**

# Introducción I

- En diciembre de 2019, se identificó una nueva cepa de coronavirus (SARS-CoV-2) en Wuhan, provincia de Hubei, China, que causa un síndrome respiratorio grave y potencialmente mortal, es decir, COVID-19.
- La OMS publicó en su sitio web directrices preliminares con atención de salud pública para que los países afronten la pandemia [3]. Desde entonces, la enfermedad infecciosa se ha convertido en una amenaza para la salud pública.
- Millones de personas se ven obligadas por los gobiernos nacionales a permanecer en autoaislamiento y en condiciones difíciles.
- La enfermedad ha crecido rápidamente en muchos países de todo el mundo. El distanciamiento social, la autocuarentena, la cuarentena y el uso de una mascarilla surgieron como la estrategia más utilizada para la mitigación y el control de la pandemia.
- En este contexto, se requieren modelos matemáticos para estimar la transmisión de la enfermedad, la recuperación, las muertes y otros parámetros significativos por separado para varios regiones, es decir, para diferentes regiones específicas de casos de COVID-19 reportados de alto a bajo.

# Introducción II

- Es imperativo que se desarrollen modelos matemáticos para proporcionar información y hacer predicciones sobre la pandemia, para planificar estrategias y políticas de control efectivas [15].
- Los enfoques de modelado [18], [19], [20], [21] son útiles para comprender y predecir la posibilidad y la gravedad del brote de la enfermedad y brindan información clave para determinar la intensidad de la intervención contra la enfermedad COVID-19.
- El modelo susceptible-infectado-eliminado (SIR) y sus modificaciones extendidas [22], como el modelo matemático extendido-susceptible-infectado-eliminado (eSIR) en varias formas se han utilizado en estudios previos [26] para modelar la propagación de COVID-19 dentro de las regiones.
- Aquí, proponemos el uso de un nuevo modelo SIR con diferentes características. Uno de los principales supuestos del modelo SIR clásico es que existe una mezcla homogénea de las poblaciones infectadas y susceptibles y que la población total es constante en el tiempo. En el modelo SIR clásico, la población susceptible disminuye monótonamente hacia cero.
- Sin embargo, estas suposiciones no son válidas en el caso de la propagación del virus COVID-19, ya que surgen nuevos epicentros en todo el mundo en diferentes momentos.

# Introducción III

- Para tener esto en cuenta, el modelo SIR que proponemos aquí no considera la población total y toma a la población susceptible como una variable que puede ajustarse en varios momentos para tener en cuenta la propagación de nuevos individuos infectados por una comunidad, lo que resulta en un aumento de la población susceptible, es decir, los llamados picos.
- Es importante destacar que se puede utilizar para hacer predicciones del número de infecciones y muertes que pueden ocurrir en el futuro y proporcionar una estimación de la escala de tiempo para la duración del virus dentro de una comunidad. También nos proporciona información sobre cómo podemos reducir el impacto del virus, lo que es casi imposible de discernir solo a partir de los datos registrados.
- En consecuencia, nuestro modelo SIR puede proporcionar un marco teórico y predicciones que pueden ser utilizadas por las autoridades gubernamentales para controlar la propagación de COVID-19.

# Modelo SIR I

- El mundo que nos rodea es sumamente complicado. El modelo SIR clásico, que es bastante simplista y no puede tener en cuenta los aumentos repentinos en el número de individuos susceptibles.
- Aquí, proponemos el uso de un modelo SIR modificado con características, basado en el modelo SIR clásico. En particular, uno de los principales supuestos del modelo SIR clásico es que existe una mezcla homogénea de las poblaciones infectadas I y susceptibles S y que la población total N es constante en el tiempo. Además, en el modelo SIR, la población susceptible S disminuye monótonamente hacia cero.
- Para tener esto en cuenta, presentamos aquí un modelo SIR que no considera la población total N, sino que toma a la población susceptible S como una variable que puede ajustarse en varios momentos para tener en cuenta la propagación de nuevos individuos infectados por una comunidad, lo que resulta en su aumento.
- Por lo tanto, nuestro modelo puede adaptarse a los aumentos repentinos en el número de individuos susceptibles en el tiempo, cuando sea que ocurran y como lo demuestran los datos publicados, como los de [29] que consideramos aquí.

# Modelo SIR II

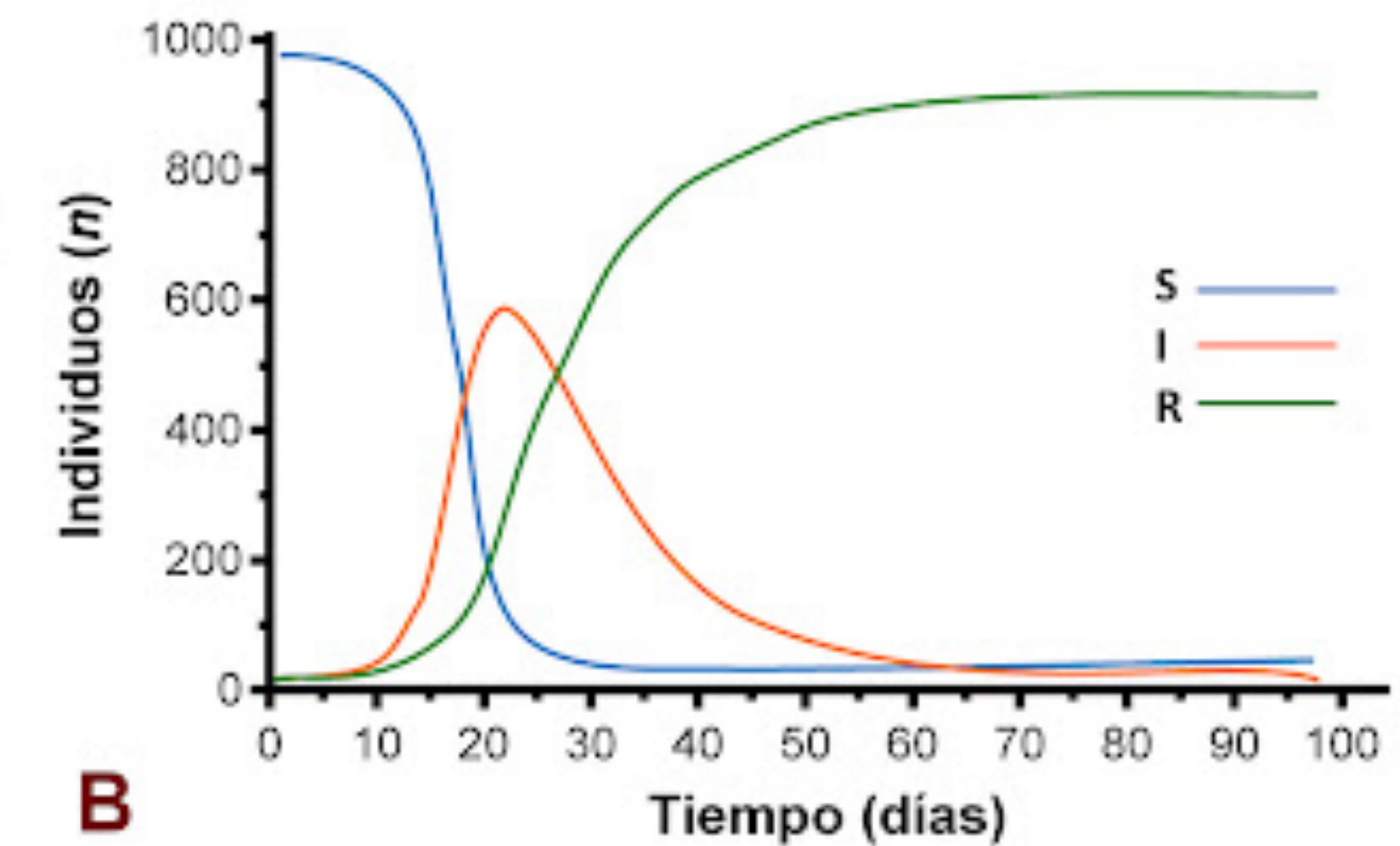
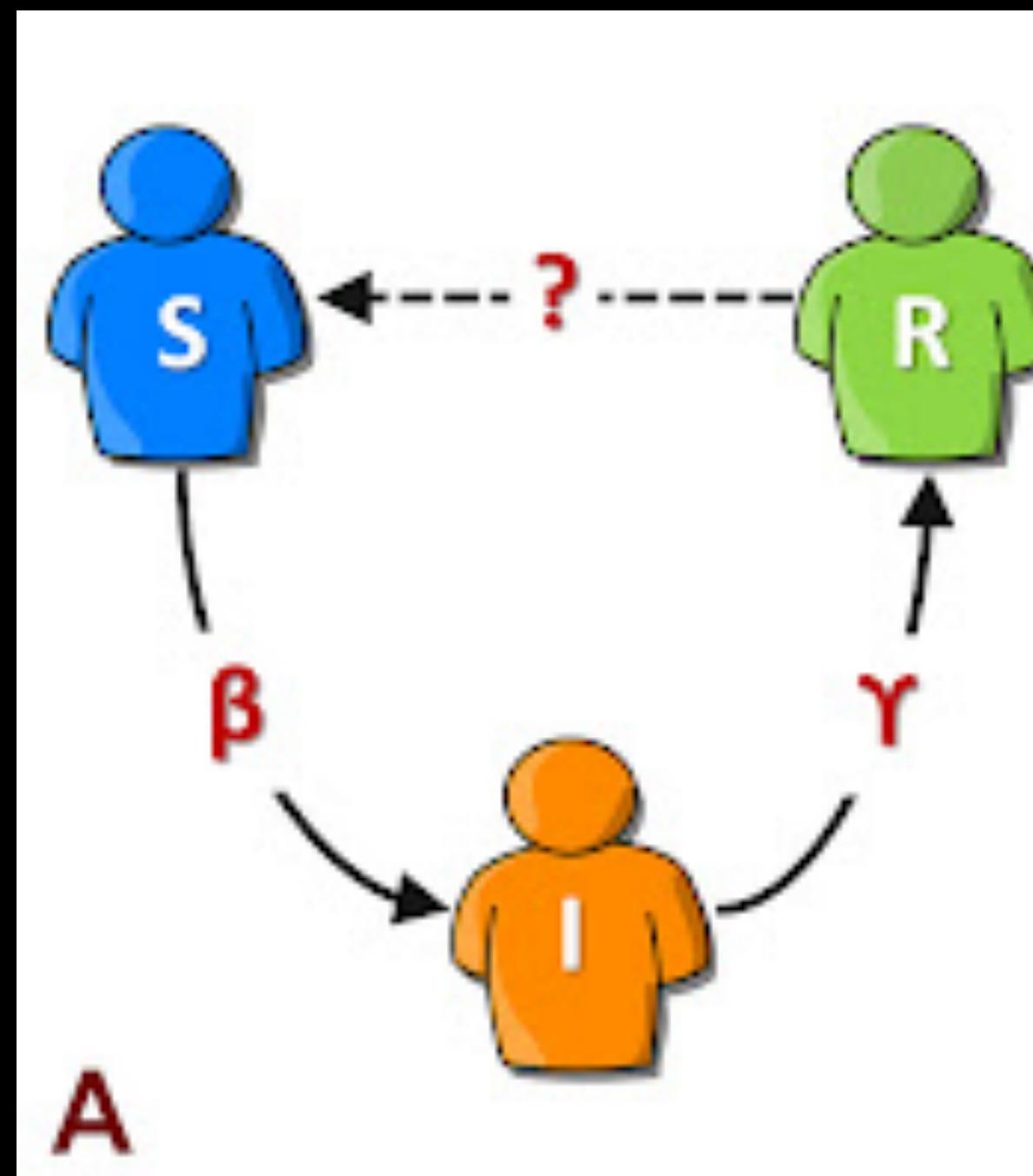
- Nuestro modelo SIR está dado por el mismo sistema simple de tres ecuaciones diferenciales ordinarias (EDO). Es un sistema dinámico que se da mediante tres EDO acopladas que describen la evolución temporal de las siguientes tres poblaciones:
  - Individuos susceptibles,  $S(t)$ .
  - Individuos infectados,  $I(t)$ .
  - Individuos eliminados,  $R_m(t)$ :
- Con base en estos supuestos y conceptos, las tasas de cambio de las tres poblaciones están regidas por el siguiente sistema de EDO, que constituye el modelo SIR utilizado en este estudio (1) donde  $a$  y  $b$  son parámetros reales, positivos, del crecimiento exponencial inicial y la disminución exponencial final de la población infectada  $I$ .

# Modelo SIR III

$$\frac{dS}{dt} = -\beta SI$$

$$\frac{dI}{dt} = +\beta SI - \gamma I$$

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



# Metodología I

- Los datos en [29] para Perú (regiones) están organizados en forma de series de tiempo donde las filas son registros en el tiempo (de enero a junio de 2020), y las tres columnas son, el total de casos (primera columna), número de individuos infectados Id (segunda columna) y muertes Dd (tercera columna). En consecuencia, el número de eliminaciones se puede estimar a partir de los datos por:

$$R_m^d = I_{tot}^d - I^d - D^d.$$

# Metodología II

- Lo que es importante al estudiar la propagación de un virus es el número de muertes D y recuperaciones R en el tiempo. Como estos números no son proporcionados directamente por el modelo SIR (1), los estimamos primero, graficndo los datos de muertes Dd vs las eliminaciones donde y luego ajustando los datos graficados con la función no lineal.

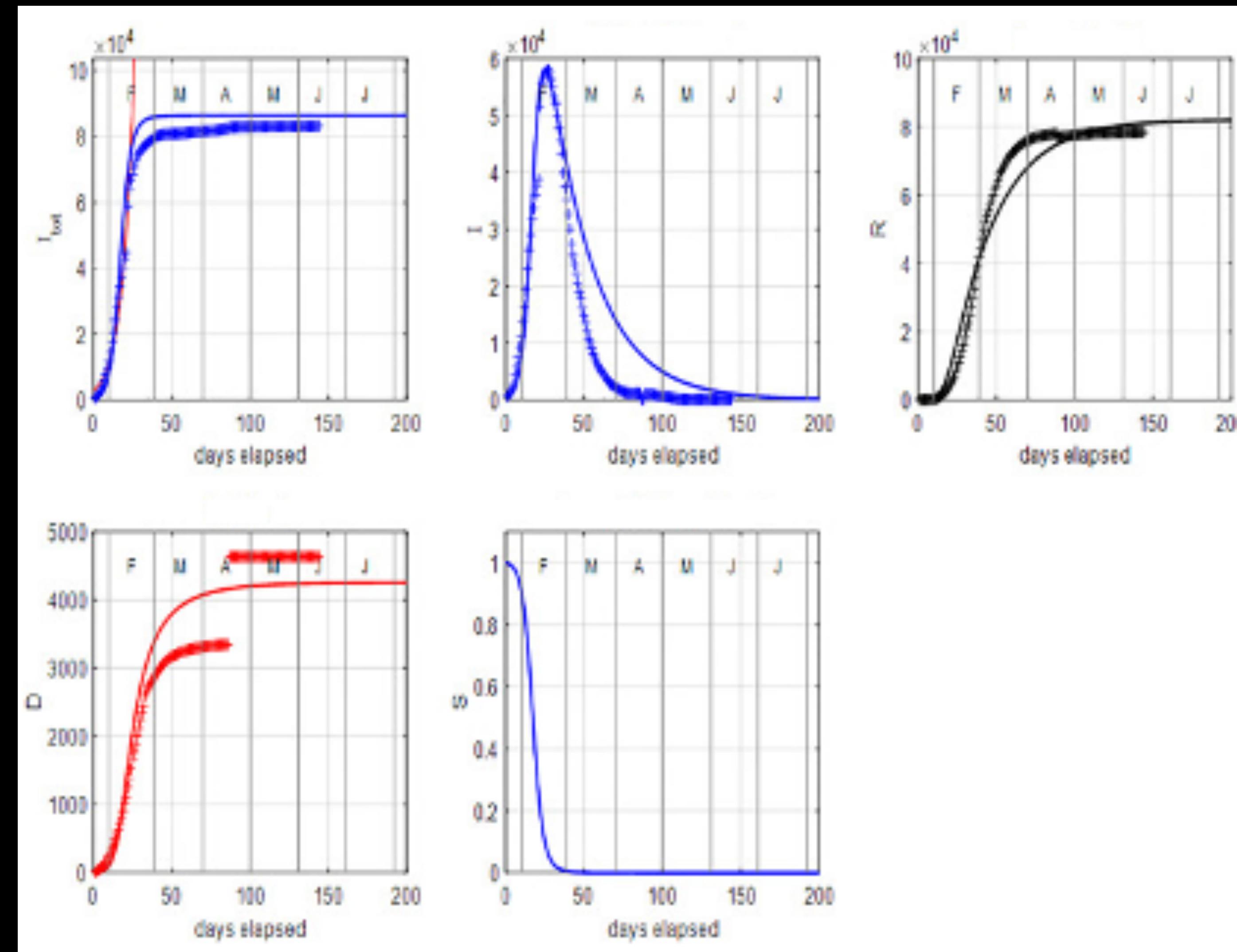
$$D = D_0 \left(1 - e^{-kR_m}\right)$$

# Metodología III

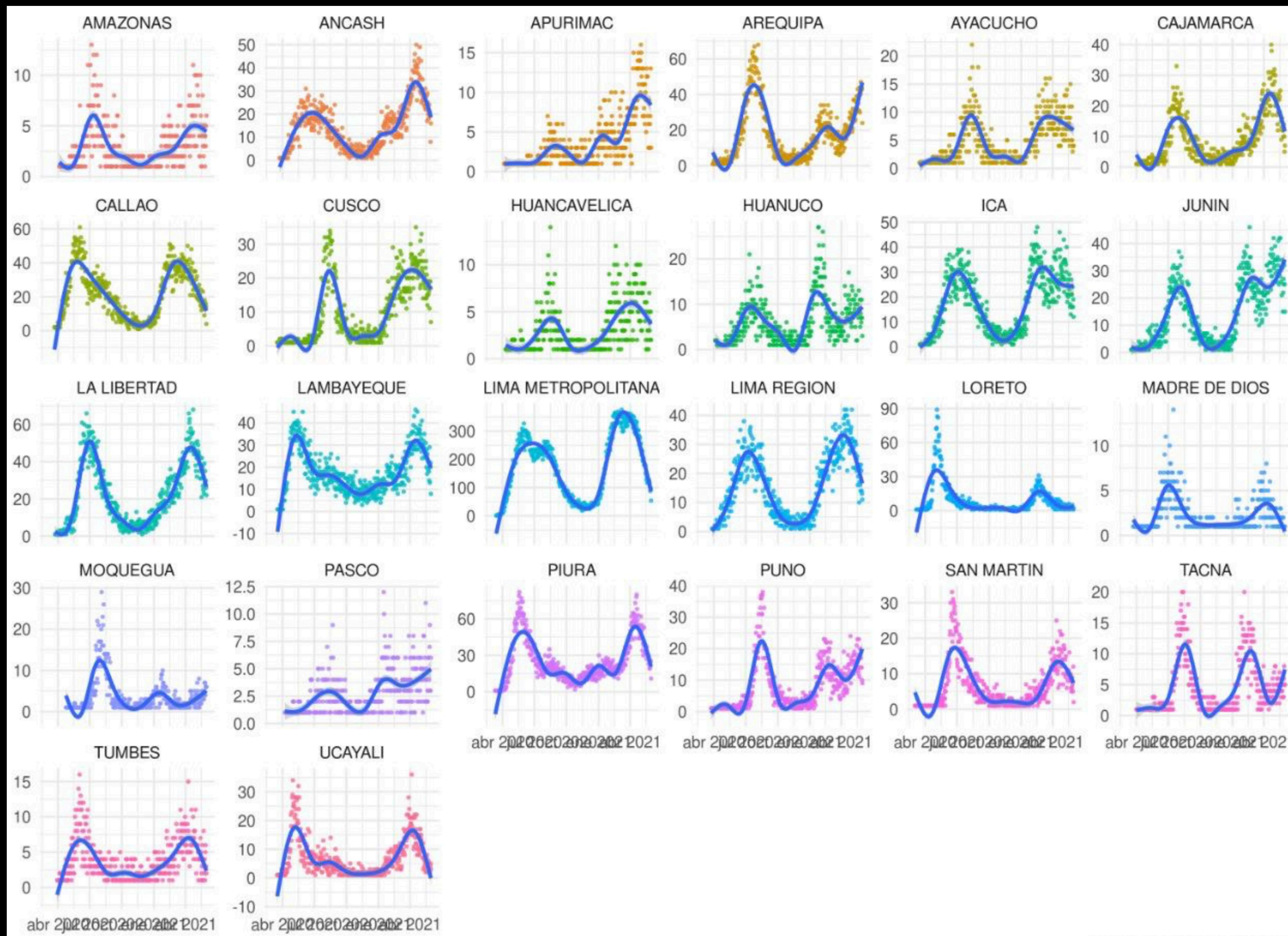
- Así, habiendo obtenido D del ajuste no lineal, el número de recuperaciones R se puede describir en el tiempo mediante la simple observación de que está dado por las eliminaciones escaladas,  $R_m$  del modelo SIR (1), menos el número de muertes, D de la ecuación (3).

$$R = R_m - D.$$

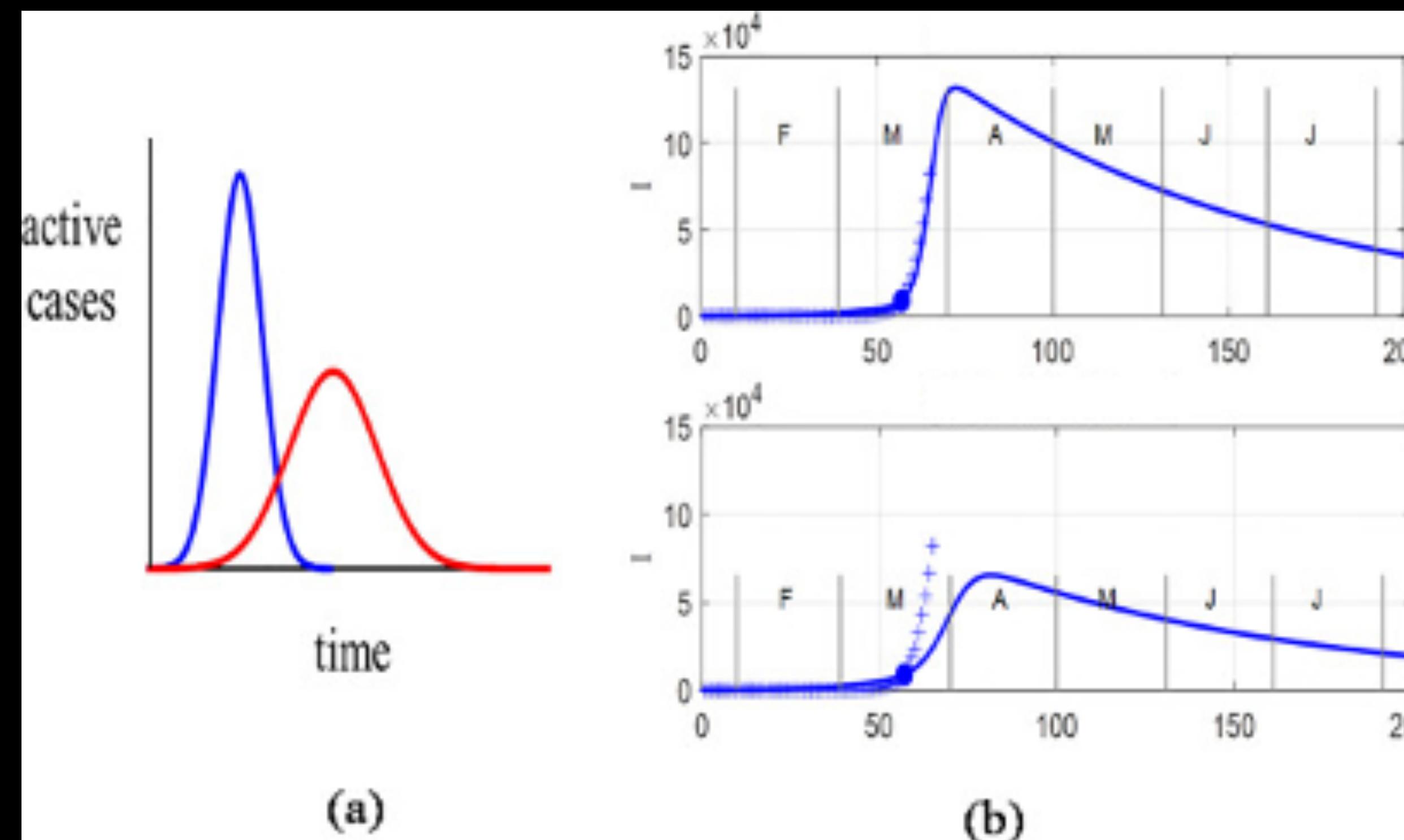
# Resultados I



# Resultados II



# Resultados III



# Discusión

- Las teorías de modelado matemático son herramientas eficaces para abordar la evolución temporal y los patrones de los brotes de enfermedades. Nos proporcionan predicciones útiles en el contexto del impacto de la intervención en la disminución del número de tasas de incidencia de personas infectadas y susceptibles [30], [31], [32].

# Conclusiones

- En este trabajo, hemos aumentado el modelo SIR clásico con la capacidad de adaptarse a los aumentos repentinos en el número de personas susceptibles, complementadas con datos registrados de diferentes regiones del Perú para proporcionar información sobre la propagación de COVID-19 en las regiones.
- En todos los casos, las predicciones del modelo se pudieron ajustar a los datos publicados razonablemente bien, y algunas se ajustaron mejor que otras.
- En el caso de Tacna, el número real de infecciones cayó más rápidamente que la predicción del modelo, lo que es una indicación del éxito de las medidas implementadas por el gobierno chino. Hubo un salto en el número de muertes notificadas a mediados de abril en Tacna, lo que da como resultado una estimación menos sólida del número de muertes predichas por el modelo SIR.
- Por lo tanto, nuestro modelo SIR proporciona un marco teórico para investigar la propagación del virus COVID-19 dentro de las regiones. El modelo puede brindar información sobre la evolución temporal de la propagación del virus que los datos por sí solos no permiten. En este contexto, se puede aplicar a las regiones, siempre que se disponga de datos fiables.

# Gracias