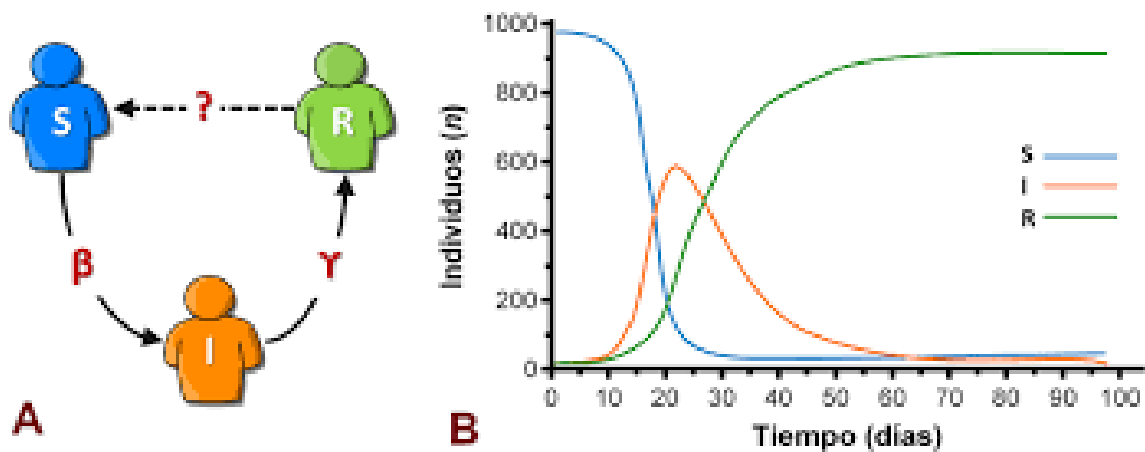


BIOLOGÍA MATEMÁTICA

MODELO EPIDEMIOLÓGICO SIRS



CATEDRÁTICO: Dr. MOISÉS SANTILLÁN ZERÓN

SEMESTRE 1

ALUMNO: CARLOS ALBERTO CULEBRO GAMBOA

31 DE ENERO DE 2023

INTRODUCCION

Los modelos epidemiológicos se han dado origen desde tiempos remotos, mediante las ecuaciones diferenciales, las cuales han ayudado a poder predecir y entender el comportamiento que los procesos biológicos e infecciones pueden tener en la vida cotidiana. En las fuentes bibliográficas no se tiene de forma concisa quien contribuyo de manera inicial el estudio de ello mediante dichas ecuaciones, pero matemáticamente se puede encontrar un comportamiento adecuado a estas, pudiendo así tomar acciones preventivas o correctivas que sirven en beneficio de la sociedad en materia de salud y de otros campos. Las ecuaciones diferenciales están formadas mediante su expresión algebraica el cual involucra la derivada de cierta función con una o más incógnitas, estas están catalogadas por el orden y grado. Dado esto es posible poder adentrarse al tema del modelo epidemiológicos SIR el cual detalla un problema global de carácter importante ante la sociedad y la medicina, ya que a través de esto podemos canalizar la propagación, el control o la frecuencia con la cual una enfermedad o virus puede llegar a proliferarse y expandirse ante la sociedad, o poder determinar qué tan infecciosa o contagiosa puede llegar a ser esta; siendo el medio o transeúnte de contagio de dicha enfermedad un individuo hacia otro (ejemplos más comunes como el VIH o el SARs-COV), es por ello que en este trabajo trataremos de entender de forma algebraica y analítica como será el comportamiento de un grupo delimitado de personas en cierto tiempo hacia el enfrentamiento de x enfermedad que podrá tener una inhibición mas no una cura ya que la población podría verse afectada a nuevos contagios. Determinando cual será la solución óptima para poder mitigar los contagios.

ANTECEDENTES

El modelo epidemiológico SIR fue propuesto por Kemack y Mckendrick en el año 1927, el cual describe un modelo de sectores en donde el número de la población se divide en tipos epidemiológicos, describiendo un flujo de entrada y salida correlacionados entre ellos, esto fue considerado para un tipo de enfermedad que puede ser desarrollada en cierto tiempo, entre tres tipos de individuos específicamente.

- S: es la representación de los individuos susceptibles, que son aquellos que no han sido infectados y tienen una gran probabilidad de adquirir cierta enfermedad.
- I: es la representación de los individuos infectados y son quienes tienen la capacidad de poder infectar a nuevos individuos del grupo anterior.
- R: es la representación de los individuos recuperados de la enfermedad.

Este último tiene de acuerdo con el planteamiento de la problemática de este trabajo, tienen la capacidad de poder volver a contagiarse, generando una recirculación a poder volver a ser susceptibles.

La representación gráfica es considerada de la siguiente forma:



Este modelo sigue las siguientes características de forma ideal, las cuales son:

- El tamaño de la población es constante.
- La población se considera de forma cerrada, no hay migración e inmigración de la población.
- Los individuos infecciosos saldrán de ese estado en una forma constante para poder ser individuos recuperados.
- Los individuos recuperados pueden volver a formar parte del grupo de susceptibles, generando así un nuevo comienzo en el diagrama.

Con base en lo anterior, la finalidad de ello es poder determinar R_0 , el cual representará el número de infecciones secundarias producidas por un individuo que se encuentra de forma contagiada en su etapa de contagio, en un grupo donde todos son vulnerables a poder adquirir cierta enfermedad, si el valor de R_0 cuantitativamente es menor a 1, podemos determinar que no existirá un brote epidemiológico. Pero si R_0 tiende a ser mayor a 1, entonces podremos pronosticar que podrá haber un brote de contagios que en su inicio tendrá un crecimiento rápido de forma exponencial, esto nos indica que todo podrá ser generado de forma rápida en cierto lapso de tiempo, analíticamente podemos especificar que la epidemia puede llegar a su fin cuando S o I tienden a cero, lo que significa que todo aquel individuo susceptible deja de serlo, pasando a ser infectado o de forma contraria cuando todos los infectados pueden recuperarse y volverse inmunes.

Después de lo antes descrito podemos realizar el análisis matemático, en el cual podremos encontrar los puntos estacionarios de los contagiados y no contagiados en el sistema SIRS.

ANÁLISIS MATEMÁTICO

$$\dot{S} = -\beta SI + \epsilon R$$

$$\dot{I} = \beta SI - \sigma I$$

$$\dot{R} = \sigma I - \epsilon R$$

$$P = S + I + R \quad \therefore \quad R = P - S - I$$

$$\dot{S} = -\beta SI + \epsilon(P - S - I)$$

$$\dot{I} = \beta SI - \sigma I = (\beta S - \sigma)I$$

$$s\dot{P} = \epsilon rP - \beta sPiP \quad \therefore \quad \dot{s} = \epsilon r - \beta sPi$$

$$i\dot{P} = \beta p^2 si - \sigma pi \quad \therefore \quad \dot{i} = \beta psi - \sigma i$$

$$y\dot{p} = \sigma pi - \epsilon rp \quad \therefore \quad \dot{r} = \sigma i - \epsilon r$$

$$s\dot{P} = \epsilon(P - sP - iP) - \beta sPiP$$

$$\dot{s} = \frac{\epsilon P(1 - s - i)}{P} - \frac{\beta sPiP}{P}$$

$$\dot{s} = \epsilon(1 - s - i) - \beta sPi$$

$$i\dot{P} = (\beta sP - \sigma)iP$$

$$\dot{i} = \frac{(\beta sP - \sigma)iP}{P}$$

$$\dot{i} = (\beta sP - \sigma)i$$

$$s\dot{P} = \frac{\epsilon(1 - s - i)}{\sigma} - \frac{\beta sPi}{\sigma}$$

$$s\dot{P} = \frac{\epsilon(1 - s - i)}{\sigma} - R_0 si$$

$$\dot{i} = \frac{(\beta s P - \sigma)i}{\sigma} = \frac{\beta s P i}{\sigma} - \frac{\sigma i}{\sigma}$$

$$\dot{i} = R_0 s i - i$$

$$\dot{i} = (R_0 s - 1)i$$

$$\dot{s} = \frac{\epsilon(1-s-i)}{\sigma} - \frac{\beta s P i}{\sigma} = 0$$

$$\dot{i} = (R_0 s - 1)i = 0$$

$$i = 0$$

Es muy difícil entender qué estás haciendo si sólo pones ecuaciones sin explicar nada. ¿De dónde sale R_0 ? ¿Por qué al final igualas a 0?

Primer estado estacionario

$$R_0 s - 1 = 0 \quad \therefore \quad s = \frac{1}{R_0} \text{ determinan estados libres de enfermedad}$$

Cuando $i = 0$

$$\dot{s} = \frac{\epsilon}{\sigma}(1-s-0) - R_0 s(0) = 0$$

$$i = 0. \quad \dot{s} = 1$$

$$\text{cuando } s = \frac{1}{R_0}$$

$$i = \frac{\epsilon}{\sigma}(1-s-i) - s i R_0 = 0$$

$$i = \frac{\epsilon}{\sigma} \left(1 - \frac{1}{R_0} - i \right) - \frac{1}{R_0} i R_0 = 0$$

$$i = \frac{\epsilon}{\sigma} - \frac{\epsilon}{\sigma R_0} - \frac{i \epsilon}{\sigma} - i = 0$$

$$i = \frac{\epsilon}{\sigma} - \frac{\epsilon}{\sigma R_0} - i \left(\frac{\epsilon}{\sigma} + 1 \right) = 0$$

$$i = \frac{\frac{\epsilon}{\sigma} - \frac{\epsilon}{\sigma R_0}}{\frac{\epsilon}{\sigma} + 1} = \frac{\frac{\epsilon \sigma R_0 - \epsilon \sigma}{\sigma R_0 \sigma}}{\frac{\epsilon + \sigma}{\sigma}}$$

$$i = \frac{\frac{\epsilon R_0 - \epsilon}{R_0 \sigma}}{\frac{\epsilon + \sigma}{\sigma}} = \frac{(\epsilon R_0 - \epsilon) \sigma}{(R_0 \sigma)(\epsilon + \sigma)} = \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{R_0(\epsilon + \sigma)}$$

Segundo estado estacionario

$$i = \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{R_0(\epsilon + \sigma)} \quad s = \frac{1}{R_0} \quad \text{determinan estados endemicos}$$

Realizando el análisis de estabilidad encontramos que para el primer estado estacionario:

$$J = \begin{bmatrix} -\frac{\epsilon}{\sigma} - iR_0 & -\frac{\epsilon}{\sigma} - sR_0 \\ iR_0 & sR_0 - 1 \end{bmatrix}$$

$$i^* = 0, \quad s^* = 1$$

$$J = \begin{bmatrix} -\frac{\epsilon}{\sigma} & -\frac{\epsilon}{\sigma} - R_0 \\ 0 & R_0 - 1 \end{bmatrix}$$

$$\tau = (R_0 - 1) - \frac{\epsilon}{\sigma}$$

$$\Delta = \frac{\epsilon}{\sigma}(-R_0 + 1)$$

Calculando el segundo estado estacionario:

$$i = \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{R_0(\epsilon + \sigma)} \quad s = \frac{1}{R_0}$$

$$J = \begin{bmatrix} -\left(\frac{\epsilon}{\sigma} + \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{\epsilon + \sigma}\right) & -\left(\frac{\epsilon}{\sigma} + 1\right) \\ \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{\epsilon + \sigma} & 0 \end{bmatrix}$$

$$\tau = - \left(-\frac{\epsilon}{\sigma} + \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{\epsilon + \sigma} \right)$$

$$\Delta = \frac{\epsilon(R_0 - 1)}{\sigma}$$

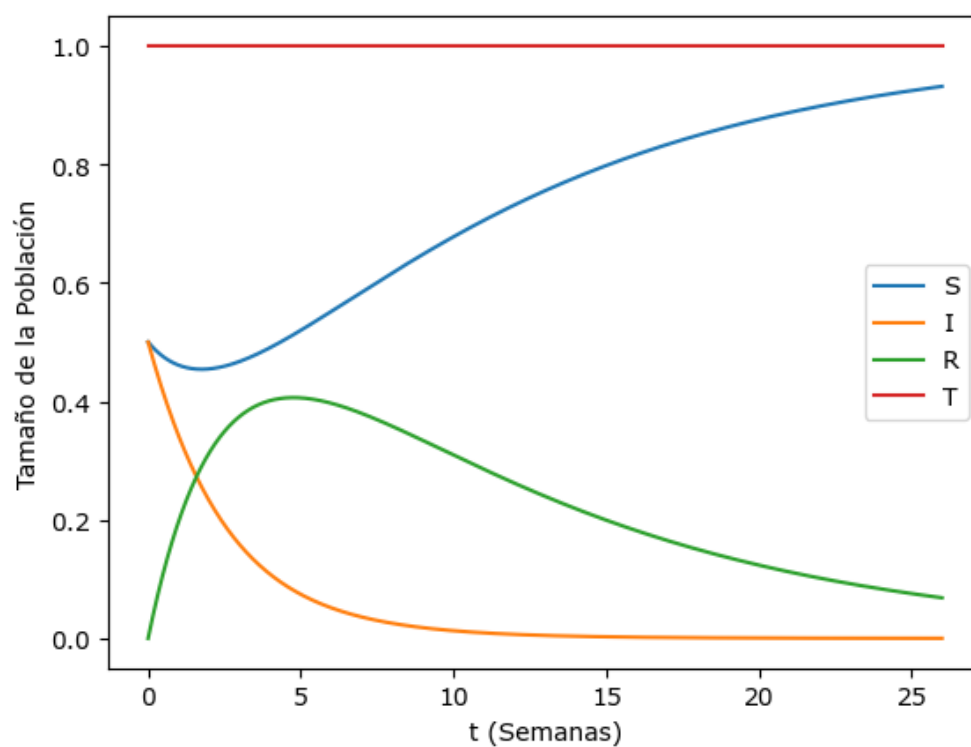
Con estos puntos se puede determinar que cuando $R_0 = 1$ son puntos fijos estables y para $R_0 = 1$ son espirales estables

Esta oración no tiene sentido.

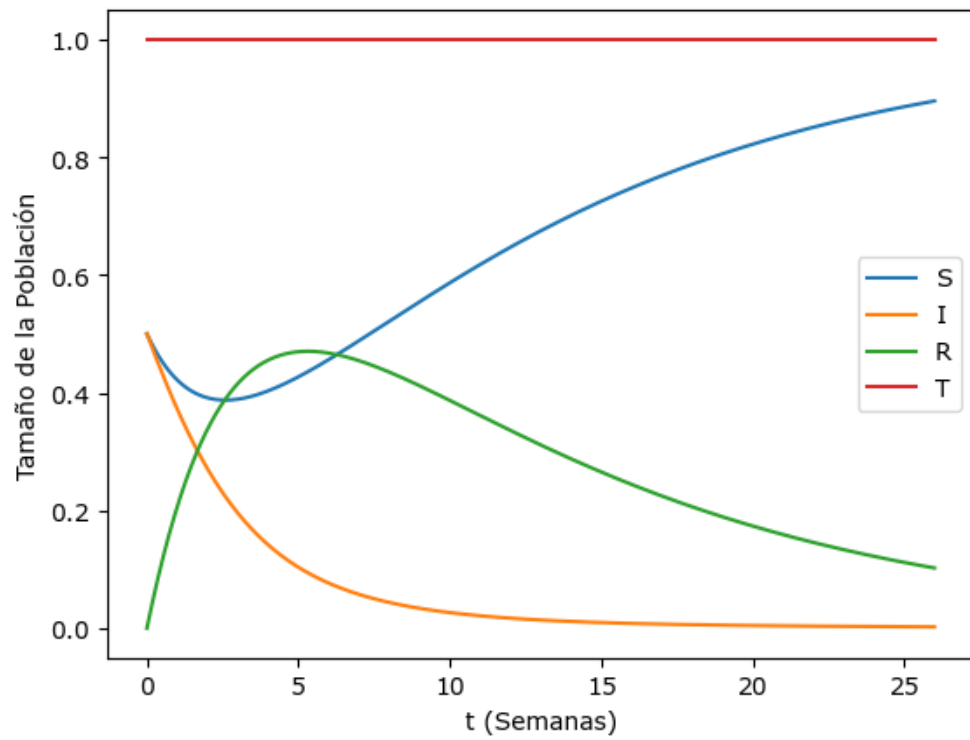
RESULTADOS

Designando un cuadro de ventana de 26 semanas para el análisis del comportamiento SIRs mediante Python®, y generando la variabilidad del R_0 tenemos que:

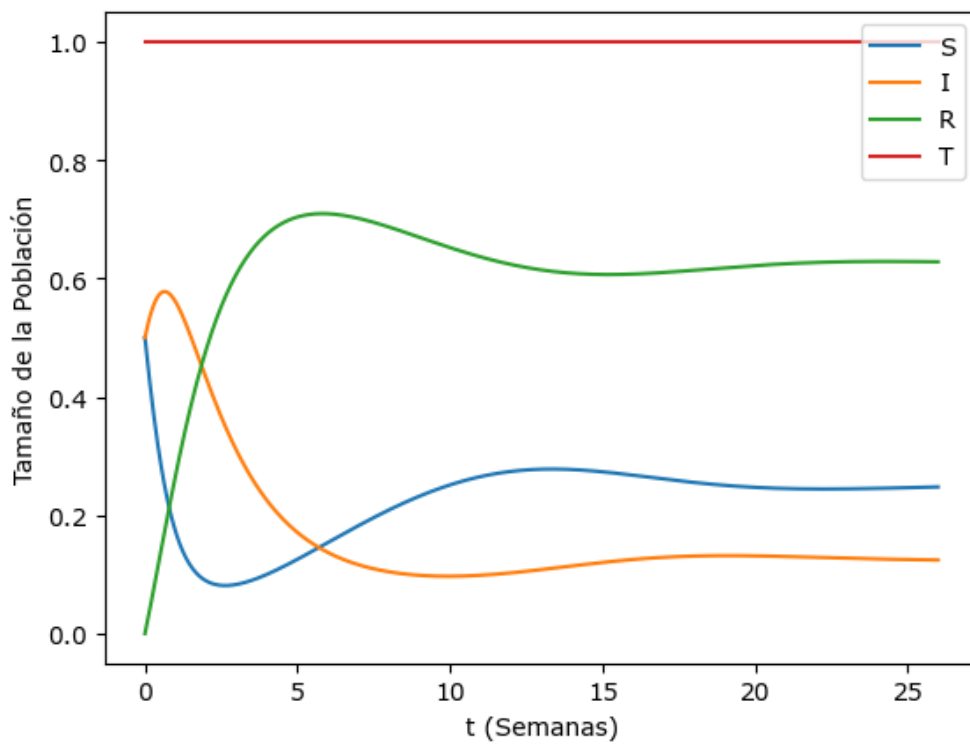
Cuando R_0 vale =0.5



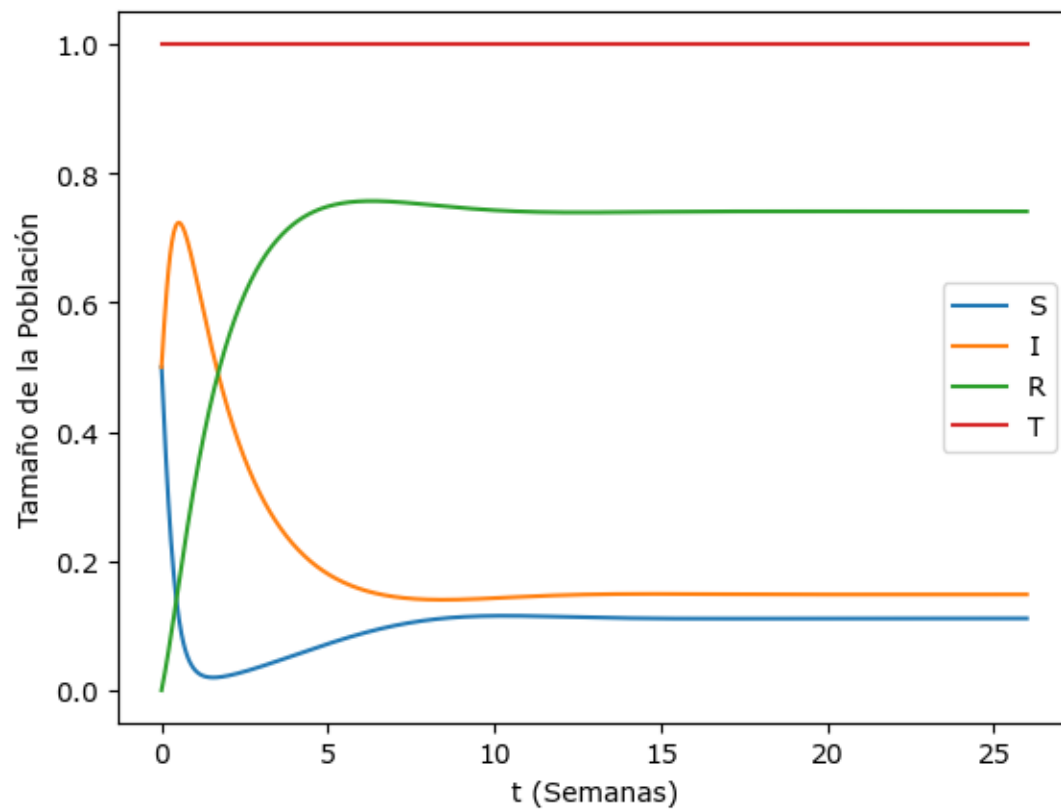
Cuando R_0 vale = 0.9



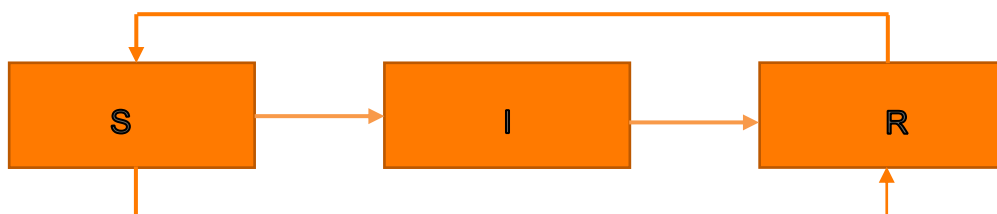
Cuando R_0 vale = 4



Cuando R_0 vale = 9



Modelo SIR cerrado con reinfecciones y sistema de vacunación



Para el desarrollo del modelo SIR con reinfecciones y vacunación el cual da la pauta a que las personas susceptibles puedan pasar de una forma directa al bloque de recuperación sin haber presentado infección alguna, tendremos un bloque de personas vacunadas las cuales tendrán una nueva variable, teniendo un nuevo sistema de ecuaciones.

$$\dot{S} = \epsilon R - \beta SI - \gamma R$$

$$\dot{I} = \beta SI - \sigma I$$

$$\dot{R} = \sigma I + \gamma S - \epsilon R$$

$$P = S + I + R \quad \therefore \quad R = P - S - I$$

$$\dot{S} = \epsilon(P - S - I) - \beta SI - \gamma R$$

$$\dot{I} = \beta SI - \sigma I = (\beta S - \sigma)I$$

$$\dot{s} = \frac{\epsilon}{\sigma}(1 - s - i) - siR_0 - \frac{\gamma}{\sigma}s$$

$$i = (R_0 s - 1)i$$

$$R_0 = \frac{\beta P}{\sigma}$$

$$\frac{\epsilon}{\sigma}(1 - s - i) - siR_0 - \frac{\gamma}{\sigma}s = 0$$

$$(R_0 s - 1)i = 0$$

Primer estado estacionario

$$i = 0$$

$$\dot{s} = \frac{\epsilon}{\epsilon + \gamma}$$

Cuando $s = \frac{1}{R_0}$ tenemos que

$$i = \frac{R_0 + \epsilon + \gamma}{R_0(\epsilon + \sigma)} \quad s = \frac{1}{R_0}$$

Realizando el análisis de estabilidad encontramos que para el primer estado estacionario:

$$J = \begin{bmatrix} -\frac{\epsilon}{\sigma} - iR_0 - \frac{\gamma}{\sigma} & -\frac{\epsilon}{\sigma} - sR_0 \\ iR_0 & sR_0 - 1 \end{bmatrix}$$

Para un análisis de estado libre de enfermedad tenemos que

$$J = \begin{bmatrix} -\left(\frac{\epsilon + \gamma}{\sigma}\right) & -\frac{\epsilon}{\sigma} - R_0 \frac{\epsilon}{\epsilon + \gamma} \\ 0 & R_0 \frac{\epsilon}{\epsilon + \gamma} - 1 \end{bmatrix}$$

$$\tau = -\left(\frac{\epsilon + \gamma}{\sigma}\right) + R_0 \left(\frac{\epsilon}{\epsilon + \gamma}\right) - 1$$

$$\Delta = \left(\frac{\epsilon(1 - R_0) + \gamma}{\sigma}\right)$$

Cuando $R_0 < 1$ es un estado estable

$R_0 = 1$ es un estado estable

$R_0 > 1$ es un estado inestable

El análisis de estabilidad del segundo punto estacionario seria

$$J = \begin{bmatrix} -\left(\frac{\epsilon + \gamma}{\sigma} + \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \gamma}{\epsilon + \sigma}\right) & -\left(\frac{\epsilon}{\sigma} + 1\right) \\ \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \gamma}{\epsilon + \sigma} & 0 \end{bmatrix}$$

$$\tau = -\left(\frac{\epsilon + \gamma}{\sigma} + \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \gamma}{\epsilon + \gamma}\right)$$

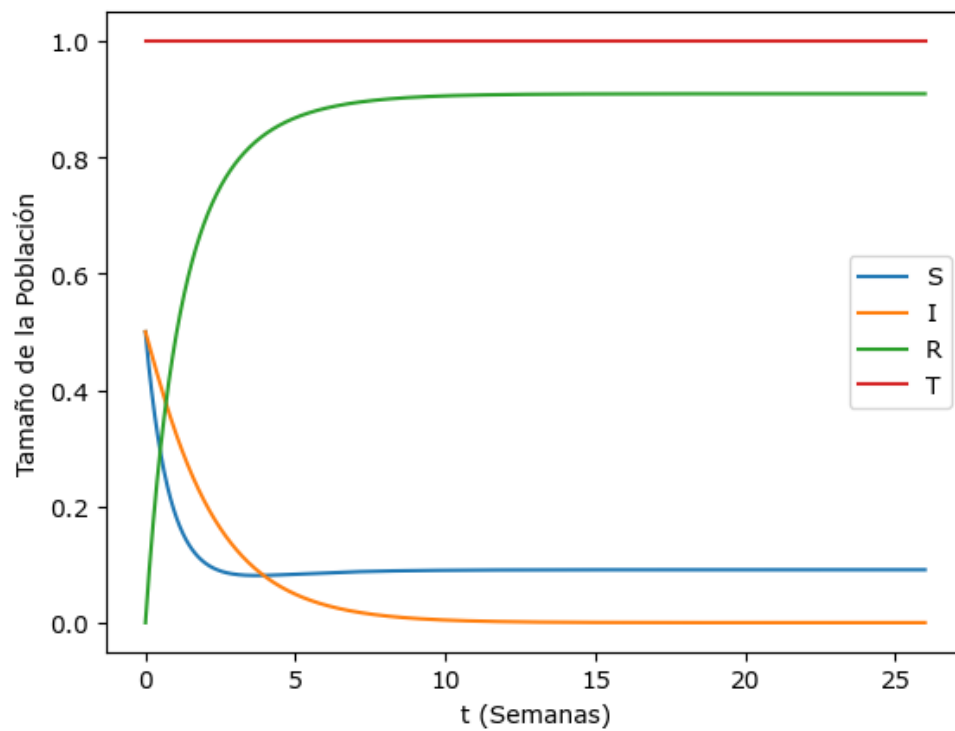
$$\Delta = \frac{\epsilon(R_0 - 1) - \gamma}{\sigma}$$

Cuando $R_0 < 1$ es un estado estable

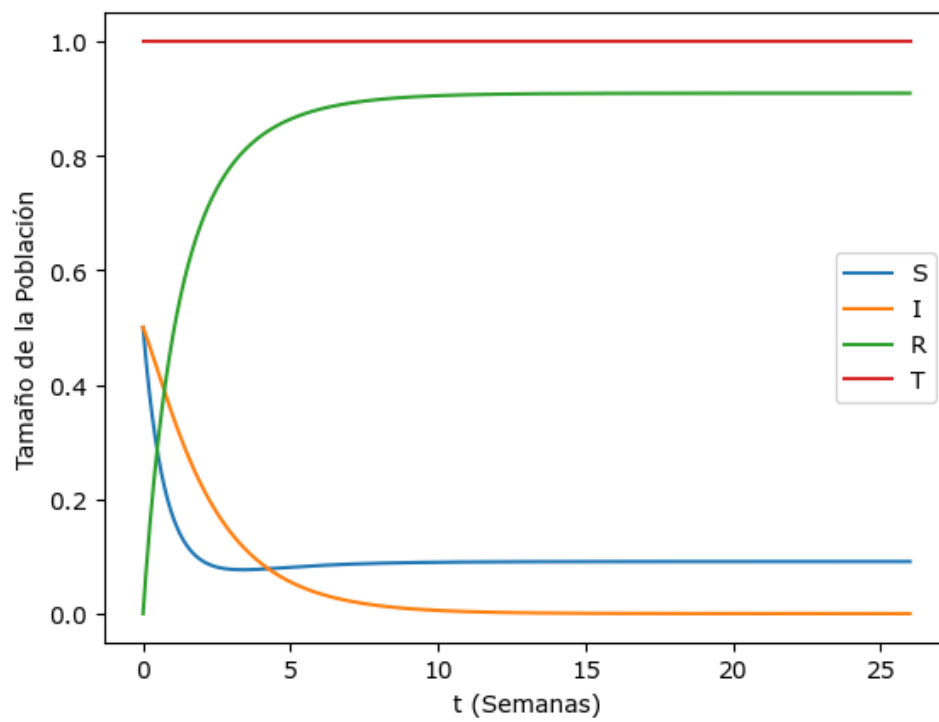
$R_0 = 1$ es un estado estable

$R_0 > 1$ es un estado estable

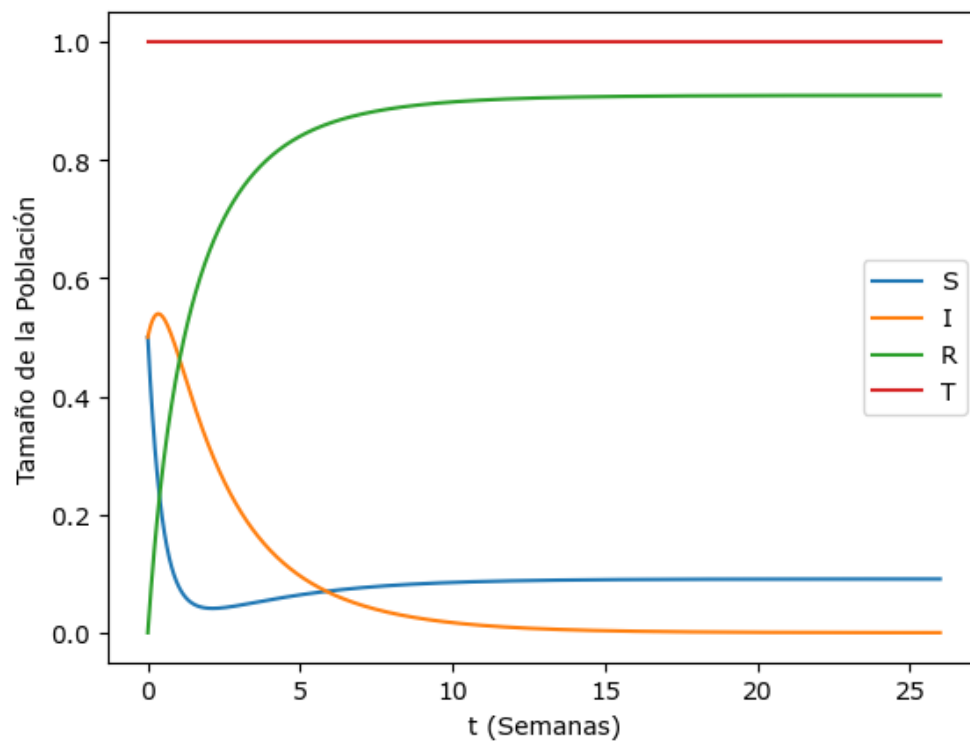
Cuando R_0 vale ≈ 0.5



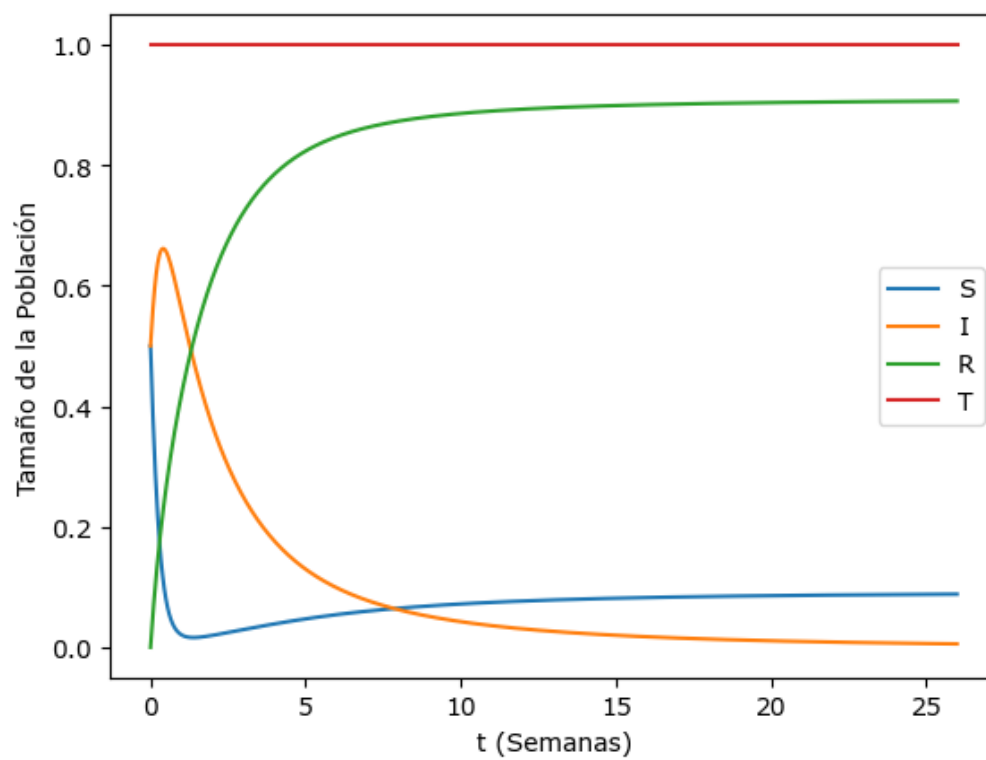
Cuando R_0 vale ≈ 0.9



Cuando R_0 vale =4



Cuando R_0 vale =9



CONCLUSIÓN

Al realizar el análisis del modelo matemático SIR que se presenta en este tipo de diagrama de flujos podemos ver que permite la elaboración de un sistema de ecuaciones diferenciales ordinarios que permiten el realizar el cálculo de R_0 . Dando una solución global que puede premeditar la cantidad de contagios y la cantidad de reinfecciones que se podrán alcanzar con cierto número de la población. Dando así soluciones tempranas a lo que ocurre, una vez analizada las gráficas el comportamiento que tienen estas mediante la modificación de R_0 podemos determinar que si R_0 es menor a 1 no habrá una proliferación de infecciosos, descartando un brote epidemiológico. Para el comportamiento en donde R_0 es mayor a 1 podemos determinar que se genera una epidemia global, el cual por métodos secundarios como lo es una campaña de vacunación o alternativas de cuarentena estas pueden ser controladas, manteniendo una estabilidad.

BIBLIOGRAFIA

- www.epidemiologia.vet.ulpgc.es
- Rojas Montoya William. - Inmunología, Corporación para investigaciones biológicas CIB, Décima tercera edición 2004.
- Martín Barroso Víctor. - Una breve introducción al modelo SIR aplicado el caso COVID-19.- 2020.
- Abelló Ugalde Isidro. – Guinovart Díaz Raúl. – Morales Lezca Wilfredo. -The Basic SIR Model and Antiepidemic Policies in Public Health against COVID-19 in Cuba.
- Delgado JA. -Dynamic Modelo of COVID-19 Pandemic.- 2021