

Reporte 5: Uso de un modelo SIR cerrado para describir el comportamiento poblacional para los casos de reinfección y vacunación

Introducción

A lo largo de la historia la humanidad se ha enfrentado a un sin fin de enfermedades epidemiológicas, la más reciente siendo la del COVID-19 en el 2020, y todas estas han causado grandes retos a los sistemas de salud pública. Es por ello que surgió la necesidad de entender y describir las características y comportamientos de estas enfermedades para así poder evitar el colapso de los sistemas de salud.

La epidemiología matemática nos permite modelar la propagación de enfermedades infecciosas dentro de una población para así poder entender que mecanismos hacen posible que se lleve a cabo esta infección a nivel poblacional (Abelló-Ugalde et al. 2020). El modelo SIR es uno de los modelos epidemiológicos más básicos que nos permite describir muchas de las características típicas que se presentan en un brote epidemiológico. En este modelo la población bajo estudio se divide en las siguientes clases epidemiológicas:

- **Susceptibles:** Individuos de la población que se encuentran sanos, pero son susceptibles a contraer la enfermedad.
- **Infecciosos:** Individuos que están infectados con la enfermedad.
- **Recuperados:** Individuos que contrajeron la enfermedad, pero se recuperaron y ya se encuentran sanos de nuevo.

De igual manera existe un flujo entre estas clases que representa que los individuos pueden estar cambiando de una clase a otra. Como se presenta en la siguiente imagen:



Figura 1. Representación del modelo básico SIR

Donde β es la tasa de contagio y δ es la fracción de infectados que pasa a recuperados por unidad de tiempo.

Este modelo al ser básico asume que la población total se mantiene constante en el tiempo, sin embargo una de las ventajas de este modelo es que debido a su simplicidad este se puede modificar para agregarle nuevos flujos como pueden ser los de natalidad y mortandad o se puede crear un sistema cerrado donde se agreguen flujos que describan la posibilidad de reinfección o como se comporta la población si se lleva a cabo la vacunación de esta (Ballesteros et al. 2020).

Es por ello que en este estudio se optó por realizar dos modelos SIR cerrados, uno donde se observa el comportamiento de la población cuando existe la posibilidad de que los individuos recuperados puedan volver a ser infectados y otro modelo que describa el comportamiento de la población con reinfección y aparte el uso de la vacunación para tratar la enfermedad. De igual manera se busca comprobar como el uso de este modelo puede ayudar a predecir el comportamiento de enfermedades epidemiológicas, como el COVID 19, y como puede ayudar a prevenir el colapso del sistema de salud nacional.

Metodología

Modelo SIR cerrado con reinfección

Se partió de un modelo SIR cerrado donde no se toman en cuenta los nacimientos y las muertes y donde observamos que puede existir la reinfección por lo que se observara un flujo entre los recuperados y los susceptibles representado por la variable ϵR :

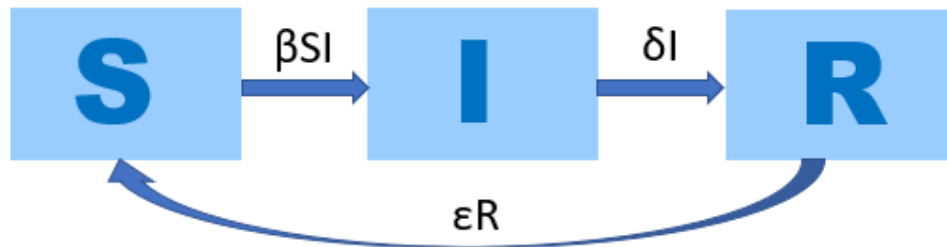


Figura 2. Representación del modelo SIR cerrado con reinfección

A partir de esto obtenemos el siguiente sistema de ecuaciones:

$$S^\circ = \epsilon R - \beta SI$$

$$I^\circ = \beta SI - \delta I$$

$$R^\circ = \delta I - \epsilon R$$

Sin embargo para poder encontrar los estados estacionarios necesitamos reducir este sistema a uno de dos ecuaciones por lo cual se lleva a cabo la siguiente sustitución:

$$P = S + I + R$$

$$R = P - S - I$$

Donde P es la población total

Dejando solo las siguientes ecuaciones:

$$S^\circ = \epsilon(P - S - I) - \beta SI$$

$$I^\circ = (\beta S - \delta)I$$

Posteriormente se realiza la normalización y se obtiene la forma reducida de las ecuaciones anteriores:

$$s' = \frac{\epsilon}{\delta}(1 - s - i) - siR_0$$

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

Donde el valor de R_0 se refiere al número reproductivo básica y está dado por:

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

Ya que contamos con las ecuaciones normalizadas se procede a realizar el análisis de estabilidad:

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

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

En caso de que $i = 0$ el primer estado estacionario sería:

$$i^* = 0$$

$$s^* = 1$$

Por otro lado, en el caso de que $s = \frac{1}{R_0}$ el segundo estado estacionario quedaría:

$$i^* = \frac{(R_0 - 1)\varepsilon}{R_0(\varepsilon + \delta)}$$

$$s^* = \frac{1}{R_0}$$

A partir de esto se obtiene una matriz jacobiana general la cual quedaría de la siguiente manera:

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} - iR_0 & -\frac{\varepsilon}{\delta} - sR_0 \\ R_0 i & R_0 s - 1 \end{pmatrix}$$

Tomando en cuenta esta jacobiana general para nuestro primer estado estacionario los valores de traza y determinante serían:

$$\tau = (R_0 - 1) - \frac{\varepsilon}{\delta}$$

$$\Delta = \frac{\varepsilon}{\delta}(-R_0 + 1)$$

Obteniendo los siguientes estados de estabilidad:

Si $R_0 = 1$, se obtiene un punto silla

Si $R_0 > 1$, se obtiene un punto silla

Si $R_0 < 1$, el estado de estabilidad es inestable

De igual manera partiendo de la jacobiana general se obtienen los siguientes valores para la traza y determinante del segundo estado estacionario:

$$\tau = -\frac{\varepsilon}{\delta} - \frac{(R_0 - 1)\varepsilon R_0}{R_0(\varepsilon + \delta)}$$

$$\Delta = -\frac{\varepsilon(R_0 - 1)}{(\varepsilon + \delta)}\left(\frac{\varepsilon}{\delta} + 1\right)$$

Obteniendo los siguientes estados de estabilidad:

Si $R_0 = 1$, se obtiene un punto silla

Si $R_0 > 1$, se obtiene un punto silla

Si $R_0 < 1$, el estado de estabilidad es inestable

Modelo SIR cerrado con reinfección aplicando vacunación

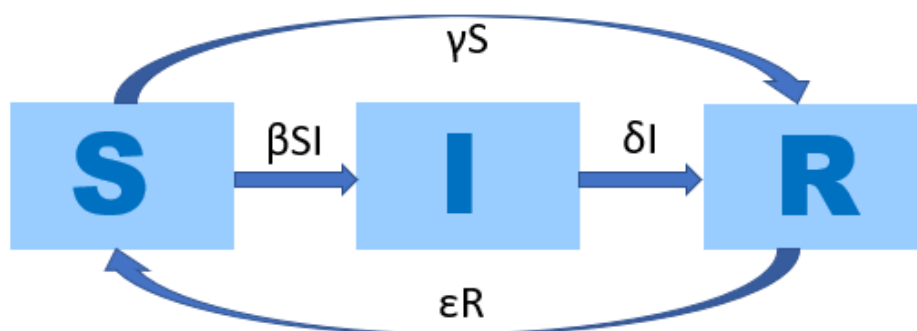


Figura 3. Representación del modelo SIR cerrado con flujos de reinfección y aplicando vacunación

Este modelo es similar al anterior simplemente se agrega un flujo que va desde susceptibles a recuperados para representar lo que ocurriría si se vacunara a la población, a este flujo se le asigno la variable γS y el sistema de ecuaciones que representa este modelo sería:

$$S^\circ = \varepsilon R - \beta SI - \gamma S$$

$$I^\circ = \beta SI - \delta I$$

$$R^\circ = \delta I + \gamma S - \varepsilon R$$

Sin embargo como se especifico anteriormente para encontrar los estados de estabilidad se recomienda trabajar con un sistema de dos ecuaciones por lo cual también llevaremos a cabo la sustitución del valor de R como se realizo en el modelo anterior, obteniendo las siguientes ecuaciones:

$$S^\circ = \varepsilon(P - S - I) - \beta SI - \gamma S$$

$$I^\circ = (\beta S - \delta)I$$

Al momento de normalizar nos quedan las siguientes ecuaciones:

$$s' = \frac{\varepsilon}{\delta}(1 - s - i) - siR_0 - \frac{\gamma}{\delta}s$$

$$i' = (R_0s - 1)i$$

Aquí el valor de R_0 también equivale a:

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

Continuando con el análisis de estabilidad igualamos las ecuaciones a 0 obteniendo:

$$\frac{\varepsilon}{\delta}(1 - s - i) - siR_0 - \frac{\gamma}{\delta}s = 0$$

$$(R_0s - 1)i = 0$$

Y a partir de estas obtenemos los estados estacionarios. En el caso de que $i = 0$ el primer estado estacionario sería:

$$i^* = 0$$

$$s^* = \frac{\varepsilon}{\varepsilon + \gamma}$$

Y en el caso de que $s = \frac{1}{R_0}$ el segundo estado estacionario quedaría:

$$i^* = \frac{R_0\varepsilon + \varepsilon + \gamma}{R_0(\varepsilon + \delta)}$$

$$s^* = \frac{1}{R_0}$$

A partir de esto se obtiene una matriz jacobiana general la cual quedaría de la siguiente manera:

$$J = \begin{pmatrix} -\frac{\varepsilon}{\delta} - iR_0 - \frac{\gamma}{\delta} & -\frac{\varepsilon}{\delta} - sR_0 \\ R_0i & R_0s - 1 \end{pmatrix}$$

Tomando en cuenta esta jacobiana general para nuestro primer estado estacionario los valores de traza y determinante serian:

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

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

Obteniendo los siguientes estados de estabilidad:

Si $R_0 = 1$, el estado de estabilidad es inestable

Si $R_0 > 1$, el estado de estabilidad es inestable

Si $R_0 < 1$, se obtiene un punto silla

De igual manera partiendo de la jacobiana general se obtienen los siguientes valores para la traza y determinante del segundo estado estacionario:

$$\tau = \left(\frac{-\varepsilon}{\delta} \right) - R_0 \left(\frac{R_0 \varepsilon + \varepsilon + \gamma}{R_0(\varepsilon + \delta)} \right) - \frac{\gamma}{\delta}$$

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

Obteniendo los siguientes estados de estabilidad:

Si $R_0 = 1$, se obtiene un punto silla

Si $R_0 > 1$, se obtiene un punto silla

Si $R_0 < 1$, se obtiene un punto silla

Resultados

Modelo SIR cerrado con reinfección

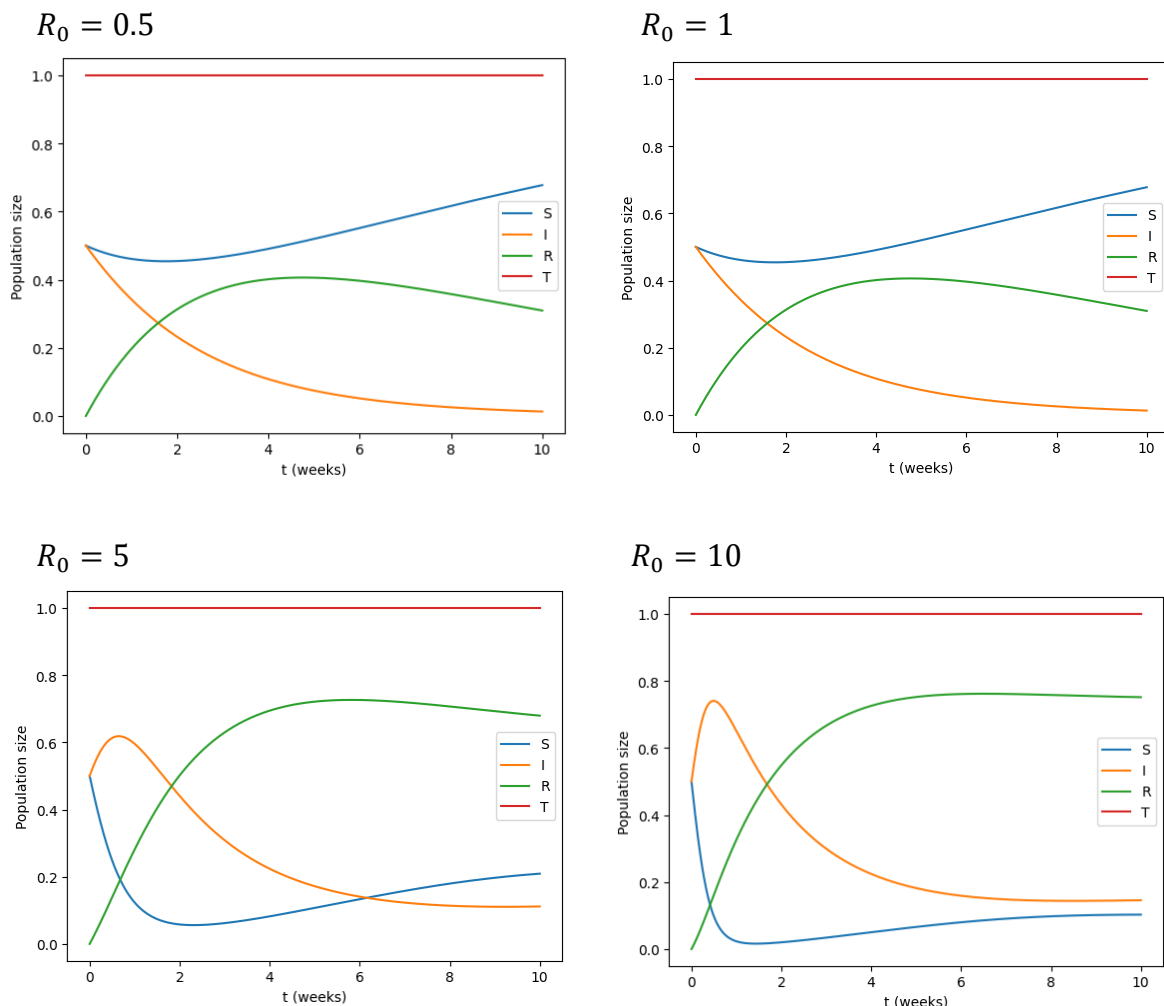


Figura 4. Graficas para el modelo SIR cerrado con flujos de reinfección variando los valores de R_0 en un transcurso de 10 semanas.

Modelo SIR cerrado con reinfección aplicando vacunación

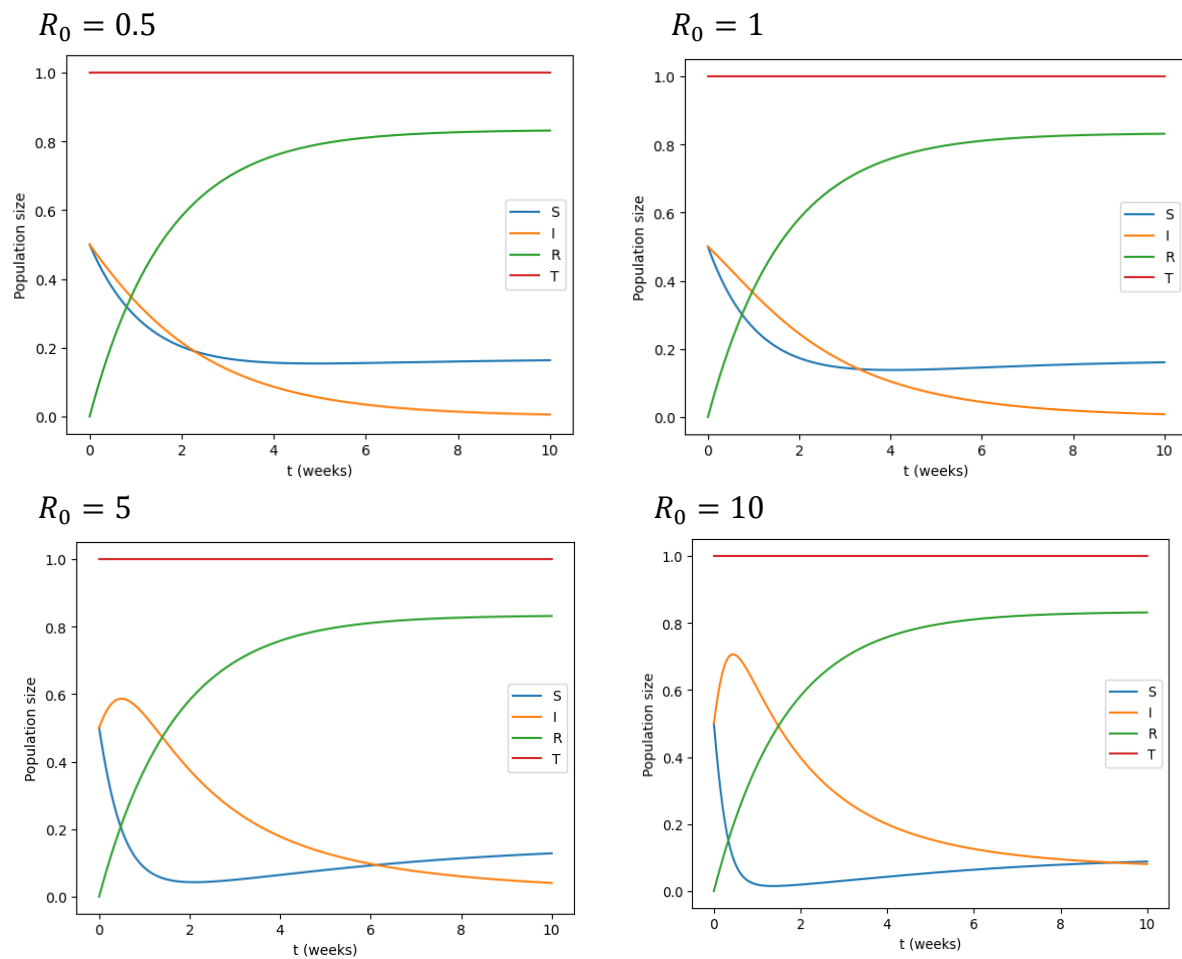


Figura 5. Graficas para el modelo SIR cerrado con flujos de reinfección y aplicación de vacunas variando los valores de R_0 en un transcurso de 10 semanas.

Discusión

El modelo SIR es uno de los modelos epidemiológicos más utilizados debido a que ha logrado predecir exitosamente características importantes relacionadas con el comportamiento poblacional durante una epidemia, incluyendo el caso más reciente la pandemia del COVID-19. A este modelo se le realizaron varias modificaciones para tratar de explicar de manera más específica el comportamiento de esta enfermedad. En las graficas de la figura 4 observamos cómo se comporta la población cuando el modelo se modifica para agregar un flujo de reinfección. Las gráficas que presentan un R_0 igual a 0.5 o 1 muestran un aumento en los individuos susceptibles conforme aumenta el tiempo, aunque al principio se ve una disminución debido al flujo que existe entre esta población y la población infectada esta disminución es baja dado que la tasa de contagio β es directamente proporcional al número reproductivo básico R_0 por lo tanto al presentar valores bajos de este los individuos infectados no van a aumentar de manera descontrolada; de igual manera conforme disminuyen los individuos infectados se ve un aumento en el número individuos recuperados debido al flujo que existe entre estos, sin embargo dado que se incluyó la reinfección en el modelo llega un punto en el que los individuos recuperados empiezan a disminuir ya que vuelven a ser susceptibles a la enfermedad y es por ello que mientras los individuos recuperados disminuyen los susceptibles aumentan. Sin embargo, al aumentar la R_0 a valores de 5 o 10 el comportamiento es diferente ya que ahora los individuos infectados aumentarían con mayor rapidez disminuyendo así la cantidad de individuos susceptibles, aunque al mismo tiempo los individuos recuperados aumentan y al final de las graficas podemos observar que existe un punto donde el número de individuos recuperados disminuye y los susceptibles aumentan debido a la reinfección.

Este comportamiento nos muestra que el número básico de reproducción es la medición clave que permite conocer la habilidad que posee un nuevo patógeno de propagarse, si este valor es mayor a uno esto significa que la epidemia está creciendo y se deben de tomar medidas de mitigación para evitar tener un problema de salud mayor (Achaiah et al. 2020). A principios del 2020 la Organización Mundial de la Salud estimó que el valor de R_0 se encontraba en un rango de entre 1.5 a 6.68, al ser este número mayor a uno se observaría un aumento acelerado de individuos infectados y por ello es de suma importancia el realizar estrategias de mitigación para disminuir este número (Linka et al. 2020).

Una de las principales medidas de mitigación realizadas durante la pandemia fue el vacunar al mayor número de individuos posibles. Este caso se representaría como el modelo SIR cerrado con reinfección y aplicación de vacunación.

La principal diferencia que observamos en las graficas para este modelo (Figura 5) es que cuando R_0 presenta valores bajos de entre 0.5-1 se observa un claro aumento en los individuos recuperados, los cuales desde la segunda semana sobrepasan tanto a los individuos susceptibles como a los infectados, y se observa que conforme aumenta el tiempo el número de individuos infectados se acerca más al 0. Mientras que en las gráficas que presentan valores de R_0 más elevados, aunque al principio

si existe un aumento en el número de infectados se observa que cuando estos bajan llegan a valores menores que cuando no se aplicaba la vacunación, de igual manera, aunque si se observa un aumento de los individuos susceptibles este aumento no ocasiona una baja tan marcada en los individuos recuperados.

Al aplicar este tipo de medidas de mitigación se espera que el valor de R_0 disminuya, lo cual coincide con lo reportado por (Dhungel et al. 2022) que menciona que para el 2022 el valor de R_0 se encontraba alrededor del 2.66. Esto demuestra que el predecir el comportamiento de las enfermedades epidemiológicas puede prevenir el colapso de los sistemas de salud ya que permite anticipar y tomar las medidas necesarias, como lo es el vacunar a la población, para que aun y cuando la enfermedad posea un valor alto de R_0 esta se pueda controlar.

Conclusiones

Tanto el modelo SIR como el valor de R_0 son de suma importancia para entender y predecir el comportamiento de las enfermedades epidemiológicas, esto se comprobó en la pandemia del COVID-19 ya que ambas herramientas fueron utilizadas para planear las medidas de mitigación y así evitar el colapso de los sistemas de salud de varias naciones. La simplicidad del modelo SIR nos permite modificarlo para así adecuarlo a la enfermedad estudiada y tener una mayor asertividad al momento de tomar decisiones para contrarrestarla.

Bibliografías:

- Abelló Ugalde, I. A., Guinovart Díaz, R., Morales Lezca, W. (2020). El modelo SIR básico y políticas antiepidémicas de salud pública para la COVID-19 en Cuba. *Revista Cubana de Salud Pública*, 46(1).
- Achaiah, N. C., Subbarajasetty, S. B., & Shetty, R. M. (2020). R_0 and R_e of COVID-19: Can We Predict When the Pandemic Outbreak will be Contained?. *Indian Society of Critical Care Medicine*, 24(11), 1125–1127.
- Ballesteros, A., Blasco, A., Gutierrez-Sagredo, I. (2020). Exact closed-form solution of a modified SIR model. *ArXiv: Cornell University*.
- Dhungel B, Rahman MS, Rahman MM, Bhandari AKC, Le PM, Biva NA, Gilmour S. (2022). Reliability of Early Estimates of the Basic Reproduction Number of COVID-19: A Systematic Review and Meta-Analysis. *International Journal of Environmental Research and Public Health*. 19(18):11613.
- Linka, K., Peirlinck, M., & Kuhl, E. (2020). The reproduction number of COVID-19 and its correlation with public health interventions. *medRxiv : the preprint server for health sciences*.