

Jorge Luis Fernández López
Modelo SIR (Susceptibles, infecciosos y recuperados) de
enfermedades contagiosas adaptado para el caso de que la
inmunidad de las personas no sea de por vida y se puedan reinfectar

Introducción

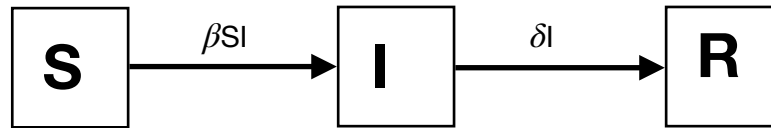


El modelo SIR (Susceptibles, infecciosos y recuperados) fue publicado por primera vez en el año 1927 por los científicos Kermack y McKendrick. Durante el paso del tiempo, se ha utilizado para observar el comportamiento de varias enfermedades infecciosas que se han propagado a lo largo de la historia de la humanidad, incluyendo la actual infección de Covid-19 causada por el virus Sars-Cov-2; la cual hasta el día de escritura de este trabajo, la Organización Mundial de la Salud la sigue catalogando como una pandemia de alerta máxima a nivel mundial.

Este modelo se ha ido adaptando a las necesidades de cada investigador o grupo de investigadores conforme van observando la propagación y el comportamiento de las personas a cada enfermedad. Esto debido a que ayuda a tener una noción aproximada de lo que pudiera ocurrir con la propagación de la enfermedad y lograr tomar las medidas necesarias para que los sistemas de salud no se vean sobrepasados y puedan atender a la mayor cantidad de personas posibles.

En especial, para los objetivos finales de este trabajo, vamos a tomar en cuenta un sistema cerrado, donde no existen nacimientos ni muertes por la enfermedad u otra

causa. De manera gráfica, nuestro modelo de flujo se puede presentar de la siguiente manera:



Para saber cómo funciona este modelo, debemos de imaginar que una cierta cantidad de personas que salen del cuadro de susceptibles (S) se infectan y pasan al cuadro de infecciosos (I) y estos después pasan a recuperarse (R). Tomando en cuenta esta aseveración, se pueden utilizar tres ecuaciones diferenciales para modelar el cambio del número de susceptibles (S) a infecciosos (I) y también de número de recuperados (R) con respecto al tiempo (t) de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\beta SI \quad (1)$$

El término βSI es negativo debido a que se están perdiendo susceptibles que se están infectando.

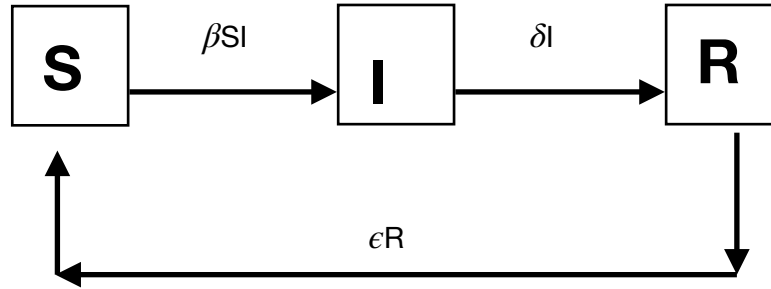
$$\frac{dI}{dt} = \dot{I} = \beta SI - \delta I \quad (2)$$

En este caso, βSI es positivo ya que este compartimiento está ganando personas infectadas. De ahí, δI es negativo ya que una vez recuperados pierden a esas personas y pasan a la “caja” de recuperados. Por lo tanto, la última ecuación es la siguiente:

$$\frac{dR}{dt} = \dot{R} = \delta I \quad (3)$$

Aquí, delta es positivo ya que ese compartimiento gana personas que se recuperan de la enfermedad.

Hay que tomar en cuenta, que este modelo no contempla el hecho de que la inmunidad a la mayoría de las enfermedades es temporal y en algún momento las personas vuelven a estar susceptibles a volverse a enfermar. Por ejemplo, según datos de Mayo Clinic, la inmunidad al Covid-19 dura aproximadamente 6 meses. Por lo tanto, para tomar en cuenta la reinfección, se hace lo siguiente:



De ahí, las ecuaciones anteriores se vuelven a escribir de la siguiente manera (tomando en cuenta la reinfección):

$$\frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\beta SI + \epsilon R \quad (4)$$

Aquí ϵR es positiva ya que ese compartimiento vuelve a ganar personas que se pueden volver a infectar.

$$\frac{dI}{dt} = \dot{I} = \beta SI - \delta I$$

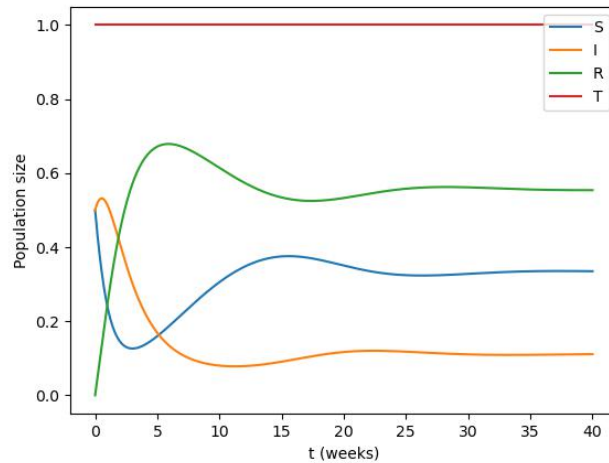
En este caso, la ecuación (2) se conserva. De ahí, la ecuación (3) pasa a ser de la siguiente forma:

$$\frac{dR}{dt} = \dot{R} = \delta I - \epsilon R \quad (5)$$

Aquí, los recuperados pierden personas inmunes (representado por ϵR negativo), los cuales pasan a ser susceptibles.

Desarrollo

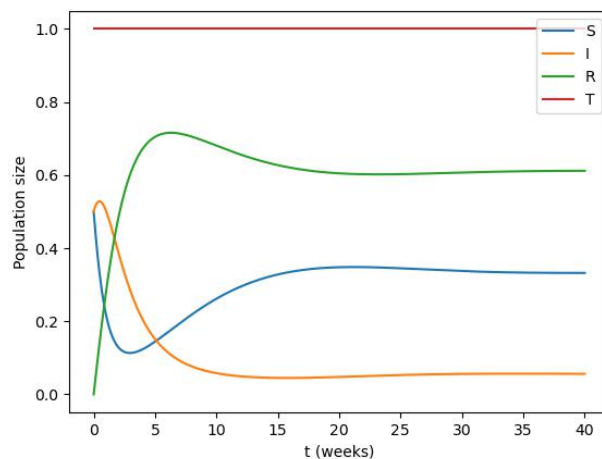
Introduciendo las ecuaciones (4), (2) y (5) al lenguaje de programación python para resolverlas y que nos proporcionen el comportamiento de los susceptibles, infecciosos y recuperados; se obtiene lo siguiente:



Gráfica 1.-

La gráfica 1.- nos menciona que aproximadamente a las 25 semanas el número de recuperados, infecciosos y susceptibles va a estabilizarse en tres líneas rectas. Esto significa que la enfermedad nunca se va a erradicar y se va a volver endémica. Sin embargo, analizando este modelo aplicando la vacunación, se obtiene lo siguiente:

¿con qué parámetros se hicieron estas simulaciones?



Grafica 2.-

En este caso, la gráfica 2.- nos dice que la enfermedad va a tener el mismo comportamiento a ser endémica como en el primer caso. Sin embargo, hay que destacar que gracias a la vacunación, el tiempo en el cual se vuelve endémica es menor al del caso anterior donde no existe la vacunación y las personas solo adquieren la enfermedad por medio la infección. Por lo tanto, pasamos de que se vuelva endémica de la semana 25 a la semana 15. Esto trae como consecuencia beneficios al sistema

de salud pública, debido a que menos cantidad de personas va a requerir atención médica hospitalaria y subsecuente debido a las secuelas que pudiera dejar la enfermedad.

Para saber la estabilidad de este modelo, se realiza el siguiente procedimiento:

$$\frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\beta SI + \epsilon R \quad (4)$$

$$\frac{dI}{dt} = \dot{I} = \beta SI - \delta I$$

$$\frac{dR}{dt} = \dot{R} = \delta I - \epsilon R \quad (5)$$

De ahí, sabemos lo siguiente:

$$S+I+R=N$$

Siendo N el número total de personas dentro de este sistema cerrado. Se despeja R, obteniendo lo siguiente:

$$R=N-I-S$$

De ahí la ecuación (4) queda de la siguiente manera:

$$\frac{dS}{dt} = \dot{S} = -\beta SI + \epsilon(N - I - S)$$

De ahí, utilizamos las dos primeras ecuaciones de la siguiente manera:

$$0 = -\beta SI + \epsilon(N - I - S)$$

$$0 = \beta SI - \delta I$$

Igualando a 0, obtenemos los puntos críticos de la siguiente manera:

$$0 = \dot{I} = \beta SI - \delta I$$

$$0 = \dot{I} = (\beta S - \delta)I$$

Por lo tanto, se tienen dos casos aquí:

Caso 1

$$I=0$$

Caso 2

$$\beta S - \delta = 0$$

$$\beta S = \delta$$

$$S = \frac{\delta}{\beta}$$

Sustituimos ambos casos en la primera ecuación, obteniendo lo siguiente:

Caso 1

$$I=0$$

$$0 = \epsilon(N - S)$$

$$0 = N - S$$

$$N = S$$

Por lo tanto, nuestro primer punto crítico es el siguiente:

$$P_1=(N,0)$$

Cómo podemos observar, en este punto existen 0 infecciosos. Por lo tanto, este es el estado en donde no existe enfermedad.

Caso 2

$$S = \frac{\delta}{\beta}$$

$$0 = -\beta \frac{\delta}{\beta} I + \epsilon(N - I - \frac{\delta}{\beta})$$

$$0 = -\delta I + \epsilon(N - I - \frac{\delta}{\beta})$$

$$0 = -\delta I + \epsilon N - \epsilon I - \epsilon \frac{\delta}{\beta}$$

$$\delta I + \epsilon I = +\epsilon N - \epsilon \frac{\delta}{\beta}$$

$$(\delta + \epsilon)I = \epsilon(N - \frac{\delta}{\beta})$$

$$I = \frac{\epsilon(N - \frac{\delta}{\beta})}{(\delta + \epsilon)}$$

Por lo tanto, el otro punto crítico es el siguiente:

$$P2 = (\frac{\delta}{\beta}, \frac{\epsilon(N - \frac{\delta}{\beta})}{(\delta + \epsilon)})$$

Para obtener la estabilidad, se obtiene el jacobiano, teniendo como resultado lo siguiente:

$$J = \begin{pmatrix} -\beta I - \epsilon & -\beta S - \epsilon \\ \beta I & \beta S - \delta \end{pmatrix}$$

Se evalúa P1, obteniendo lo siguiente:

$$J = \begin{pmatrix} -\epsilon & -\beta N - \epsilon \\ 0 & \beta N - \delta \end{pmatrix}$$

$$\tau = \beta N - \epsilon - \delta$$

$$\Delta = -\epsilon(\beta N + \delta)$$

Como el determinante es negativo, este punto es un punto silla. El análisis está mal. Este punto fijo a veces es estable ya veces inestable. El determinante está mal calculado.

Evaluando P2, se obtiene lo siguiente:

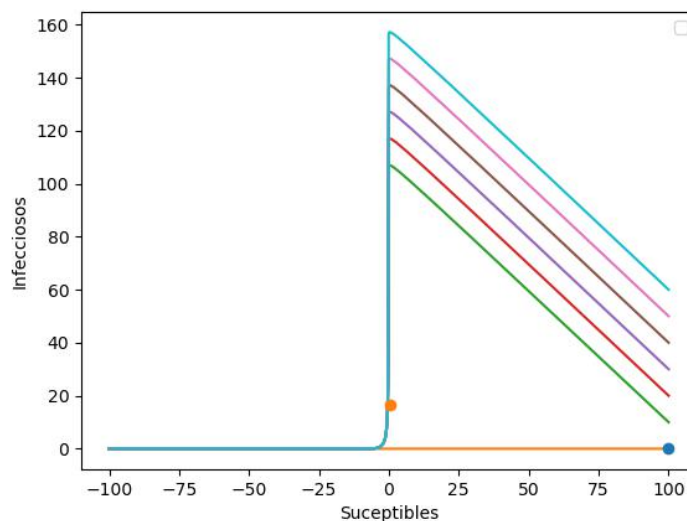
$$j = \begin{pmatrix} -\frac{\beta\epsilon N - \delta\epsilon}{\epsilon + \delta} - \epsilon & -\delta - \epsilon \\ \frac{\beta\epsilon N - \delta\epsilon}{\epsilon + \delta} & 0 \end{pmatrix}$$

$$\tau = -\frac{\beta\epsilon N - \delta\epsilon}{\epsilon + \delta} - \epsilon$$

$$\Delta = (\beta\epsilon N - \delta\epsilon)$$

el determinante no es siempre positivo, y la traza no siempre negativa

Debido a que la traza es negativa y a que el determinante es positivo, este es un punto de equilibrio estable.



Gráfica 3.-

Aquí se puede observar la estabilidad de los dos puntos a valores constantes. En este caso, se supuso que $N=100$, por eso el punto azul es el $P1=(N,0)=(100,0)$. Aquí se puede observar que es un punto silla, ya que cuando no hay infecciosos, lo cual está representado por la línea naranja, está se ve atraída por ese punto. Sin embargo,

cuando empieza a ver infecciosos, se puede observar que las demás líneas se van alejando del punto azul y tienden al punto naranja (el cual es el P2).

Conclusión

Eventualmente, cuando una enfermedad que no genera inmunidad de por vida entra a una población, esta va a permanecer por siempre en la misma generando brotes endémicos. Aparte, la vacunación es fundamental para que se llegué la enfermedad se vuelva endémica en menor tiempo y no provoque tanto daño a la población.

Bibliografía

MAYO CLINIC . (Septiembre de 2022). Obtenido de <https://www.mayoclinic.org/es-es/diseases-conditions/coronavirus/in-depth/herd-immunity-and-coronavirus/art-20486808>

Pliego, Emilene Carmelita. (2011). Modelos Epidemiológicos de Enfermedades Virales Infecciosas. [Tesis de licenciatura, Benemérita Universidad Autónoma de Puebla]. <https://www.fcfm.buap.mx/assets/docs/docencia/tesis/matematicas/EmileneCarmelitaPliegoPliego.pdf>