

IV. PROPAGACIÓN DE ENFERMEDADES

Andrés Felipe Valencia

andres.valencia.fonseca@correounivalle.edu.co

Nicolás Aguilera García

nicolas.aguilera@correounivalle.edu.co

Resumen—

Palabras clave—

Abstract

Key words

I. INTRODUCCIÓN

EL presente trabajo es el desarrollo numérico, bajo el uso de lenguaje *C++*, orientado al análisis matemático del modelo epidemiológico Ross [1] y McKendrick [2] a nivel poblacional conocido como modelo *SIR*. Es a través de la modelación de procesos biológicos que la epidemiología teórica recibe su mayor aporte. Así que se opta por solucionar mediante el método de *Runge-Kutta 4* el conjunto de ecuaciones acopladas del modelo, considerando de manera particular las condiciones iniciales, y los parámetros propios de la enfermedad.

I-A. Modelo de Kermack y McKendrick

El estudio fundamental de Kermack [1] y McKendrick [2] ha sido de gran importancia en las últimas décadas. Su modelo *SIR*, susceptible-infeccioso-recuperado, y sus variaciones, se han convertido en modelos básicos para sistemas no lineales que son utilizados no solo por estudiantes interesados en aplicaciones matemáticas en biología, sino también para explicar a responsables de políticas, epidemiólogos y expertos en salud pública la importancia del estudio de dinámica en enfermedades contagiosas.

Los campos de salud pública y epidemiología han sido dominados, con buenas razones, por el uso de modelos estadísticos, sin embargo, se espera, que el uso de modelos dinámicos aporte una nueva perspectiva, ya que permite a teóricos y prácticos formular nuevas preguntas dentro de un marco que permite explorar el impacto de intervenciones en la dinámica de transmisión de enfermedades contagiosas. Además, los modelos utilizados deben dar cuenta de los mecanismos responsables de los patrones observados en la transmisión de una enfermedad contagiosa. Este proceso ayuda a identificar, cuantificar, evaluar e implementar políticas de intervención dirigidas a reducir el impacto de la epidemia o incluso brotes pandémicos a través de la reducción del impacto de estos mecanismos.

El presente documento corresponde al artículo final del proyecto de Física computacional

I-B. Modelos de Compartimentos

Los modelos compartimentales constituyen una técnica para simplificar la modelización matemática que describe el flujo de material en sistemas biológicos [3]. Estos modelos, se dividen en un número de compartimentos por los que circula el material con flujos de entrada y salida. Este modelo sirve para simular diferentes interacciones, entre ellas una de sus aplicaciones se da en la epidemiología. Por lo general, un modelo epidemiológico de compartimientos, se divide en clases y subclases de individuos, y se estiman tasas de transición, para modelar el comportamiento en base a un sistema de ecuaciones diferenciales.

En particular si la población se clasifica, en susceptibles *S*, infectados *I* y recuperados *R*, se tienen los siguientes tipos de modelos;

1. *SI* la enfermedad del SIDA es un ejemplo que se ajusta a este modelo [4], aunque actualmente se está desarrollando modelos mucho mas complejos para tratar esta enfermedad.
2. *SIR* Sirve para describir enfermedades virales, como la rubéola o la sarampión [5].
3. *SIS* Modela el caso en que los individuos infectados pueden retornar a la clase susceptible, es decir no adquieren inmunidad. El dengue [6] es una enfermedad de este tipo.
4. *SIRS* Es un modelo con capacidad de soporte, esto significa que el número de susceptibles no crece indefinidamente, puede modelar la influenza [7].
5. *SIRS-V* Recoge los modelos anteriores, y además modela la capacidad de vacunación sobre la población [8], siendo este modelo uno de los mas completos.

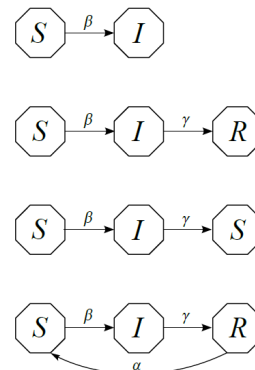


Figura 1. Modelos tipo SI, SIR, SIS y SIRS de compartimentos

I-C. Modelo SIR

Según este modelo [9] los individuos de la población sobre la cual actúa la enfermedad, que en principio se considera constante, se clasifican en los siguientes grupos:

- **Susceptibles**, son aquellos individuos sanos pero que en potencia se pueden enfermar.
- **Infectados**, son los individuos enfermos.
- **Removidos**, son aquellos que se han recuperado, y permanecen inmune a la misma sin poder propagarla.

Se denota por $S(t)$, $I(t)$ y $R(t)$ el número de individuos susceptibles, infectados y removidos respectivamente. En su versión más simple el modelo **SIR** supone la siguiente retroalimentación $S \rightarrow I \rightarrow R$.

Si consideramos una relación mas simple, que nos da cuenta de la relación entre cada población con la población total N , de este modo;

$$\begin{aligned}s(t) &= \frac{s(t)}{N}, \\ i(t) &= \frac{i(t)}{N}, \\ r(t) &= \frac{r(t)}{N},\end{aligned}$$

Para describir entonces la dinámica de la enfermedad se propone el siguiente sistema:

$$\begin{aligned}\frac{ds}{dt} &= -bs(t)i(t), \\ \frac{di}{dt} &= bs(t)i(t) - ki(t), \\ \frac{dr}{dt} &= ki(t),\end{aligned}\tag{1}$$

Donde b y k , son parámetros de la enfermedad, más estrictamente; k es la tasa de remoción de individuos infectados, quiere decir, una número de miembros infectados que pasa a la clase de removidos por unidad de tiempo.

Mientras b es la tasa de contacto, representa la capacidad de infectar que posee la enfermedad. En el modelo que estamos considerando los parámetros depende de la enfermedad particular que se estudié, y por lo tanto, puede también depender de factores sociales y de comportamiento. En general es difícil estimar ambas constantes.

I-C1. Hipótesis: Este modelo, se sustenta bajo ciertas suposiciones, que limitan la capacidad de aplicación del mismo, lo que lo convierte en un modelo sencillo, más sin embargo superar estas suposiciones involucra mejorar el modelo, en la sección I-B se muestran algunos ejemplos. En el caso del modelo **SIR** 1 sobre el que se trabaja, se parte bajo los siguientes supuestos;

1. El tamaño de la población N es constante, es decir no se consideran muertes, ni se tiene en cuenta los nacimientos dentro de la población durante la epidemia, esto implica la relación;

$$\frac{d(s + i + r)}{dt} = 0$$

Esta hipótesis se consigue de manera razonable en epidemias de corta duración.

2. La enfermedad únicamente se propaga, bajo la ley de acción de masas entre la población de susceptibles e infectados, como tambien se supone que la transmisión se rige por la incidencia común, entre las mismas poblaciones, lo que se refleja en el parámetro b , una tasa constante de contagios que es proporcional al numero de contactos entre los individuos susceptibles e infectados.
3. La tasa de recuperación de individuos infectados k , no varia bajo la dinámica de las poblaciones ni de la enfermedad, es decir es una constante.

II. METODOLOGÍA

III. SOLUCIÓN PROPUESTA

IV. SIMULACIONES Y PRUEBAS

testbench o pruebas realizadas

V. IMPLEMENTACIÓN DE LA SOLUCIÓN

VI. RESULTADOS

VII. CONCLUSIONES

REFERENCIAS

- [1] Ross R.. The prevention of malaria (2nd edition, with Addendum). John Murray, London. 1911.
- [2] Kermack, W. O. and McKendrick, A. G. . A Contribution to the Mathematical Theory of Epidemics Royal Society of London Proceedings Series A. 1927;115:700–721.
- [3] Driessche P. Wu J. (Eds.). Mathematical Epidemiology (Lecture Notes in Mathematics / Mathematical Biosciences Subseries). Springer 2008
- [4] Driessche P. Wu J. (Eds.). Mathematical Epidemiology (Lecture Notes in Mathematics / Mathematical Biosciences Subseries). Springer 2008.
- [5] Brauer, F. and Castillo-Chávez, C. . Mathematical Models in Population Biology and Epidemiology. Springer, New York 2012.
- [6] Esteva L. Vargas C.. Analysis of a dengue disease transmission model. Mathematical Biosciences. 1998;150:131–151.
- [7] Pava E. De. Modelado Matemático de la transmisión de gripe AH1N1. Matemáticas Enseñanza Universitaria.. 2010;XVIII:1–10.
- [8] Hernández, M. E. (2021). Vacunación óptima para un modelo SIRS. Revista De Educación Matemática, 29(2). Recuperado a partir de <https://revistas.unc.edu.ar/index.php/REM/article/view/10055>.
- [9] Anderson R. M.. Population Dynamics of infectious diseases: Theory and Application. Chapman Hall, London 1982.